

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
2	SA018_12_116175861	SA018	12	116175861	12,116175861,G,T	D871E	NOS1	12q24.2-q24.31	DOMAIN // 760 // 940 // Flavodoxin-like.	G:575490	T:90004	665494	0.135243894	0	TRUE	G:612236	A:47	612283	7.68E-05	1	FALSE	-1	12:116175821-116176046	Basal	FALSE
3	SA018_17_70120448	SA018	17	70120448	17,70120448,A,G	L186P	CD300E	17q25.1	TRANSMEM // 174 // 194 // Helical; (Potential).	A:533437	G:109501	642938	0.170313467	0	TRUE	A:659863	G:75	659938	0.000113647	1	FALSE	-1	17:70120410-70120635	Basal	FALSE
4	SA018_6_7176347	SA018	6	7176347	6,7176347,C,A	Q1006K	RREB1	6p25	COMPBias // 969 // 1064 // Pro-rich.	C:374691	A:93216	467907	0.199219076	0	TRUE	C:452419	A:410	452829	0.000905419	1	FALSE	1	6:7176152-7176378	Basal	FALSE
5	SA030_12_70702459	SA030	12	70702459	12,70702459,C,A	T361K	TPH2	12q21.1		C:62138	A:5545	67683	0.081926038	0	TRUE	C:40501	A:4	40505	9.88E-05	1	FALSE	1	12:70702422-70702681	Other	FALSE
6	SA030_19_18239109	SA030	19	18239109	19,18239109,G,T	R81S	KIAA1683	19p13.1		G:42605	T:9359	51964	0.180105458	0	TRUE	G:67837	A:32	67869	0.000471497	1	FALSE	-1	19:18239068-18239296	Other	FALSE
7	SA030_22_15453170	SA030	22	15453170	22,15453170,G,A	R91W	CCT8L2	22q11.1		G:28429	A:9532	37961	0.251099813	0	TRUE	G:94541	T:23	94564	0.000243222	1	FALSE	-1	22:15453138-15453356	Other	FALSE
8	SA031_10_60753841	SA031	10	60753841	10,60753841,T,A	E119V	FAM13C1	10q21.1		T:415509	A:84911	500420	0.169679469	0	TRUE	T:465549	G:408	465957	0.000875617	1	FALSE	-1	10:60753800-60754032	Basal	FALSE
9	SA031_11_74824231	SA031	11	74824231	11,74824231,G,T	T596N	GDPD5	11q13.4-q13.5	TOPO_DOM // 518 // 605 // Cytoplasmic (Potential).	G:151484	T:92900	244384	0.380139453	0	TRUE	G:254936	T:147	255083	0.000576283	1	FALSE	-1	11:74824190-74824414	Basal	FALSE
10	SA031_12_130188669	SA031	12	130188669	12,130188669,G,T	W824L	GPR133	12q24.33	TOPO_DOM // 806 // 874 // Cytoplasmic (Potential).	G:75076	T:9383	84459	0.111095324	0	TRUE	G:390978	A:40	391018	0.000102297	1	FALSE	1	12:130188645-130188856	Basal	FALSE
11	SA051_19_11331516	SA051	19	11331516	19,11331516,C,T	A92V	LPPR2	19p13.2		C:251532	T:79025	330557	0.239066182	0	TRUE	C:561762	T:208	561970	0.000370127	1	FALSE	1	19:11331491-11331710	Basal	FALSE
12	SA051_22_41944327	SA051	22	41944327	22,41944327,C,T	G590D	SCUBE1	22q13		C:259486	T:188841	448327	0.421212642	0	TRUE	C:457145	A:92	457237	0.000201209	1	FALSE	-1	22:41944287-41944516	Basal	FALSE
13	SA051_5_140182178	SA051	5	140182178	5,140182178,A,G	I212V	PCDHA5	5q31	DOMAIN // 156 // 241 // Cadherin 2. /// TOPO_DOM // 29 // 696 // Extracellular (Potential).	A:130032	G:87777	217809	0.402999876	0	TRUE	A:135096	G:72	135168	0.00053267	1	FALSE	1,1,1	5:140182139-140182370	Basal	FALSE
14	SA051_9_701024	SA051	9	701024	9,701024,G,C	W86C	ANKRD15	9p24.3		G:87627	C:6680	94307	0.070832494	0	TRUE	G:69887	T:52	69939	0.000743505	1	FALSE	1	9:700983-701218	Basal	FALSE
15	SA052_1_39679297	SA052	1	39679297	1,39679297,G,T	E4604D	MACF1	1p32-p31	COILED // 4586 // 4720 // Potential. /// REPEAT // 4551 // 4653 // Spectrin 24.	G:3060	T:3492	6552	0.532967033	0	TRUE	G:404	N:0	404	0	1	FALSE	1	1:39679261-39679485	Basal	FALSE
16	SA052_16_53919208	SA052	16	53919208	16,53919208,A,G	N208S	IRX6	16q11.2-q13	DNA_BIND // 144 // 207 // Homeobox; TALE-type.	A:59997	G:17839	77836	0.229187009	0	TRUE	A:22395	G:2	22397	8.93E-05	1	FALSE	1	16:53918997-53919248	Basal	FALSE
17	SA052_17_32556826	SA052	17	32556826	17,32556826,G,C	Q1946E	ACACA	17q21	DOMAIN // 1698 // 2194 // Carboxyltransferase.	G:122017	C:50266	172283	0.291764132	0	TRUE	G:178254	T:110	178364	0.000616716	1	FALSE	-1	17:32556798-32557010	Basal	FALSE
18	SA052_19_17515343	SA052	19	17515343	19,17515343,G,T	S517L	FAM129C	19p13.11		C:145831	T:18587	164418	0.113047233	0	TRUE	C:149275	T:14	149289	9.38E-05	1	FALSE	1	19:17515311-17515523	Basal	FALSE
19	SA052_20_50202897	SA052	20	50202897	20,50202897,C,T	R414Q	ZFP64	20q13.2		C:84522	T:70935	155457	0.456299813	0	TRUE	C:159807	A:20	159827	0.000125135	1	FALSE	-1	20:50202861-50203108	Basal	FALSE
20	SA052_6_31633931	SA052	6	31633931	6,31633931,G,C	R237P	NFKB11	6p21.3	CONFLICT // 238 // 239 // QQ->HE (in Ref. 1; CAA54867).	G:22948	C:16518	39466	0.418537475	0	TRUE	G:116388	A:14	116402	0.000120273	1	FALSE	1	6:31633906-31634121	Basal	FALSE
21	SA053_1_246911973	SA053	1	246911973	1,246911973,G,A	R86C	ORSBU1	1q44	TOPO_DOM // 77 // 92 // Extracellular (Potential).	G:281096	A:189581	470677	0.40278365	0	TRUE	G:358280	A:36	358316	0.00010047	1	FALSE	-1	1:246911940-246912210	Basal	FALSE
22	SA054_10_117694260	SA054	10	117694260	10,117694260,C,G	R1374G	ATRNL1	10q26	TOPO_DOM // 1252 // 1379 // Cytoplasmic (Potential).	C:88919	G:14058	102977	0.136515921	0	TRUE	C:127020	A:21	127041	0.000165301	1	FALSE	1	10:117694236-117694448	Basal	FALSE
23	SA054_10_124581937	SA054	10	124581937	10,124581937,A,C	H557Q	CUZD1	10q26.13	TOPO_DOM // 25 // 568 // Extracellular (Potential).	A:15124	C:3128	18252	0.171378479	0	TRUE	A:5025	N:0	5025	0	1	FALSE	-1,1	10:124581907-124582174	Basal	FALSE
24	SA054_1_155080955	SA054	1	155080955	1,155080955,G,C	S887C	INSRR	1q21-q23	DOMAIN // 815 // 909 // Fibronectin type-III 3. /// TOPO_DOM // 747 // 921 // Extracellular (Potential).	G:82910	C:7995	90905	0.087948958	0	TRUE	G:72402	A:34	72436	0.00046938	1	FALSE	1,-1	1:155080933-155081152	Basal	FALSE
25	SA054_11_56225134	SA054	11	56225134	11,56225134,G,C	G232A	OR9G1		TOPO_DOM // 222 // 239 // Cytoplasmic (Potential).	G:81158	C:6582	87740	0.075017096	0	TRUE	G:61714	T:39	61753	0.000631548	1	FALSE	1	11:56225106-56225344	Basal	FALSE
26	SA054_1_158371578	SA054	1	158371578	1,158371578,G,C	V662L	ATP1A2	1q21-q23	TOPO_DOM // 337 // 769 // Cytoplasmic (Potential).	G:30012	C:10375	40387	0.256889593	0	TRUE	G:55608	T:7	55615	0.000125865	1	FALSE	1	1:158371545-158371774	Basal	FALSE
27	SA054_1_173601892	SA054	1	173601892	1,173601892,C,G	D687H	TNR	1q24	DOMAIN // 685 // 772 // Fibronectin type-III 5.	C:173080	G:34407	207487	0.165827257	0	TRUE	C:192978	T:26	193004	0.000134712	1	FALSE	-1	1:173601860-173602072	Basal	FALSE
28	SA054_12_12224157	SA054	12	12224157	12,12224157,C,G	E467Q	LRP6	12p11-p13	REGION // 328 // 589 // Beta-propeller 2. /// REPEAT // 458 // 501 // LDL-receptor class B 8. /// TOPO_DOM // 20 // 1370 // Extracellular (Potential). TOPO_DOM // 1 // 264 // Cytoplasmic (Potential). /// TRANSMEM // 265 // 288 // Helical; Anchor for type IV membrane protein; (Potential).	C:66857	G:6723	73580	0.091369937	0	TRUE	C:42607	T:15	42622	0.000351931	1	FALSE	-1,1	12:12224128-12224352	Basal	FALSE
29	SA054_12_129846610	SA054	12	129846610	12,129846610,C,G	W265C	STX2	12q24.33		C:72015	G:7918	79933	0.099057961	0	TRUE	C:74343	T:11	74354	0.000147941	1	FALSE	-1	12:129846572-129846824	Basal	FALSE
30	SA054_1_31428021	SA054	1	31428021	1,31428021,A,G	F159L	NKAIN1	1p35.2	TRANSMEM // 147 // 167 // Helical; (Potential).	A:126686	G:26117	152803	0.170919419	0	TRUE	A:106682	G:6	106688	5.62E-05	1	FALSE	-1	1:31427984-31428212	Basal	FALSE
31	SA054_1_32890201	SA054	1	32890201	1,32890201,C,G	A39G	RBBP4	1p35.1	STRAND // 32 // 39 //	C:36592	G:3550	40142	0.088436052	0	TRUE	C:19249	A:4	19253	0.00020776	1	FALSE	1	1:32890166-32890407	Basal	FALSE
32	SA054_17_10240483	SA054	17	10240483	17,10240483,G,T	D1514E	MYH8	17p13.1	COILED // 842 // 1937 // Potential.	G:122794	T:10747	133541	0.080477157	0	TRUE	G:80603	T:59	80662	0.000731447	1	FALSE	-1	17:10240442-10240677	Basal	FALSE
33	SA054_17_30616027	SA054	17	30616027	17,30616027,G,C	K617N	SLFN5	17q12		G:134459	C:8074	142533	0.05646531	0	TRUE	G:88135	A:5	88140	5.67E-05	1	FALSE	1	17:30615995-30616215	Basal	FALSE
34	SA054_19_13862103	SA054	19	13862103	19,13862103,G,T	S189Y	C19orf57	19p13.12		G:74233	T:18153	92386	0.19649081	0	TRUE	G:147617	A:18	147635	0.000121922	1	FALSE	-1	19:13862078-13862300	Basal	FALSE
35	SA054_19_34793305	SA054	19	34793305	19,34793305,G,C	K70N	POP4	19q12	COMPBias // 65 // 74 // Poly-Lys.	G:56130	C:27493	83623	0.328773184	0	TRUE	G:206120	A:11	206131	5.34E-05	1	FALSE	1	19:34793267-34793485	Basal	FALSE
36	SA054_19_35732111	SA054	19	35732111	19,35732111,C,G	P1249A	ZNF536	19q12		C:66464	G:10753	77217	0.139256899	0	TRUE	C:75480	T:38	75518	0.000503191	1	FALSE	1	19:35732075-35732299	Basal	FALSE
37	SA054_3_199125211	SA054	3	199125211	3,199125211,G,T	Q276K	IQCG	3q29		G:145639	T:13913	159552	0.087200411	0	TRUE	G:211534	T:109	211643	0.000515018	1	FALSE	-1	3:199125182-199125399	Basal	FALSE
38	SA054_3_48583689	SA054	3	48583689	3,48583689,T,G	K2365N	COL7A1	3p21.1	REGION // 1254 // 2784 // Triple-helical region. /// VARIANT // 2366 // 2366 // G->S (in DEB; recessive; mitis type).	T:191368	G:26771	218139	0.122724501	0	TRUE	T:185896	G:36	185932	0.000193619	1	FALSE	-1	3:48583659-48583877	Basal	FALSE
39	SA054_5_70884826	SA054	5	70884826	5,70884826,G,C	D2375H	BDP1	5q13		G:22481	C:2676	25157	0.106371984	0	TRUE	G:1642	N:0	1642	0	1	FALSE	1	5:70884799-70885080	Basal	FALSE
40	SA054_6_129746059	SA054	6	129746059	6,129746059,C,T	R1687W	LAMA2	6q22-q23	COILED // 1630 // 2150 // Potential. /// REGION // 1574 // 2144 // Domain II and I.	C:197972	T:17640	215612	0.081813628	0	TRUE	C:154493	G:45	154538	0.000291191	1	FALSE	1	6:129746034-129746255	Basal	FALSE
41	SA054_6_26342949	SA054	6	26342949	6,26342949,C,G	K64N	HIST1H1D	6p21.3	DOMAIN // 37 // 110 // H15.	C:124409	G:15750	140159	0.112372377	0	TRUE	C:141935	G:10	141945	7.04E-05	1	FALSE	-1	6:26342913-26343134	Basal	FALSE
42	SA054_7_124252574	SA054	7	124252574	7,124252574,A,G	M587T	POT1	7q31.33		A:3353	G:651	4004	0.162587413	0	TRUE	A:110	N:0	110	0	1	FALSE	-1	7:124252535-124252763	Basal	FALSE
43	SA054_7_7591920	SA054	7	7591920	7,																				

	A	B	C	D	E	I	J	K		P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
65	SA065_2_54709820	SA065	2	54709820	2,54709820,C,T	A682V	SPTBN1	2p21	REPEAT // 609 // 714 // Spectrin 4.	C:12139	T:5808	17947	0.323619546	0	TRUE	C:58187	G:34	58221	0.000583982	1	FALSE		1 2:54709779-54709998	Basal	FALSE
66	SA065_2_96733762	SA065	2	96733762	2,96733762,T,C	L1998P	FER1L5	2q11.2	TRANSMEM // 1998 // 2018 // Helical; (Potential).	T:2699	C:2026	4725	0.428783069	0	TRUE	T:6913	N:0	6913	0	1	FALSE		1 2:96733722-96733949	Basal	FALSE
67	SA065_4_157048327	SA065	4	157048327	4,157048327,A,C	Y79S	TDO2	4q31-q32		A:356	C:30	386	0.077720207	7.46E-40	TRUE	A:712	N:0	712	0	1	FALSE		1 4:157048287-157048539	Basal	FALSE
68	SA065_6_43622361	SA065	6	43622361	6,43622361,C,G	S756T	XPO5	6p21.1		C:34722	G:7492	42214	0.177476667	0	TRUE	C:35164	T:18	35182	0.000511625	1	FALSE		-1 6:43622335-43622552	Basal	FALSE
69	SA065_5_73990733	SA065	6	73990733	6,73990733,C,G	E58Q	LOC100129128			C:25728	G:9562	35290	0.270954945	0	TRUE	C:67389	A:6	67395	8.90E-05	1	FALSE		-1 6:73990703-73990914	Basal	FALSE
70	SA065_7_128221726	SA065	7	128221726	7,128221726,G,T	Q35H	CCDC136	7q33	COMPMIAS // 5 // 337 // Glu-rich.	G:14003	T:5166	19169	0.269497626	0	TRUE	G:49268	T:14	49282	0.000284079	1	FALSE		1 7:128221685-128221904	Basal	FALSE
71	SA065_8_110502025	SA065	8	110502025	8,110502025,A,G	Q876R	PKHD1L1	8q23.1-q23.2	TOPO_DOM // 21 // 4210 // Extracellular (Potential).	A:51	G:10	61	0.163934426	1.27E-16	TRUE	A:86	N:0	86	0	1	FALSE		1 8:110501985-110502241	Basal	FALSE
72	SA067_10_49079392	SA067	10	49079392	10,49079392,C,A	K613N	FRMPD2	10q11.22	DOMAIN // 342 // 642 // FERM.	C:193114	A:21627	214741	0.100712021	0	TRUE	C:188363	T:35	188398	0.000185777	1	FALSE		-1 10:49079359-49079589	Basal	FALSE
73	SA067_1_120099668	SA067	1	120099668	1,120099668,G,C	F364L	HMGCS2	1p13-p12	HELIX // 350 // 367 //	G:108108	C:13100	121208	0.108078675	0	TRUE	G:109337	T:41	109378	0.000374847	1	FALSE		-1 1:120099629-120099859	Basal	FALSE
74	SA067_1_50713763	SA067	1	50713763	1,50713763,C,T	W610	FAF1	1p33	DOMAIN // 569 // 646 // UBX. /// STRAND // 610 // 617 //	C:15085	T:2160	17245	0.125253697	0	TRUE	C:20356	A:24	20380	0.001177625	0.581240867	FALSE		-1 1:50713580-50713794	Basal	FALSE
75	SA067_15_32427606	SA067	15	32427606	15,32427606,T,G	V54G	C15orf55	15q14	COMPMIAS // 10 // 182 // Pro-rich.	T:79236	G:7524	86760	0.086721992	0	TRUE	T:120877	C:31	120908	0.000256393	1	FALSE		1 15:32427571-32427793	Basal	FALSE
76	SA067_16_66202384	SA067	16	66202384	16,66202384,C,G	V50L	CTCF	16q21-q22.3		G:107567	C:21337	128904	0.165526283	0	TRUE	G:124465	A:11	124476	8.84E-05	1	FALSE		1 16:66202349-66202568	Basal	FALSE
77	SA067_17_23926414	SA067	17	23926414	17,23926414,G,T	R60S	ALDOC	17cen-q12	HELIX // 53 // 64 //	G:100007	T:19245	119252	0.161380941	0	TRUE	G:122537	A:78	122615	0.000636138	1	FALSE		-1 17:23926375-23926599	Basal	FALSE
78	SA067_17_36109804	SA067	17	36109804	17,36109804,T,A	E372V	KRT24	17q11.2	REGION // 140 // 452 // Rod. /// REGION // 314 // 452 // Coil 2.	T:102768	A:31775	134543	0.236169849	0	TRUE	T:125067	C:12	125079	9.59E-05	1	FALSE		-1 17:36109771-36110017	Basal	FALSE
79	SA067_18_13045906	SA067	18	13045906	18,13045906,C,G	S510C	CEP192	18p11.21		C:24885	G:3165	28050	0.112834225	0	TRUE	C:22350	G:15	22365	0.000670691	1	FALSE		1 18:13045867-13046089	Basal	FALSE
80	SA067_19_4992173	SA067	19	4992173	19,4992173,T,G	F115V	KDM4B	19p13.3		T:5791	G:2119	7910	0.267888748	0	TRUE	T:8122	G:12	8134	0.001475289	0.418337924	FALSE		1 19:4991984-4992199	Basal	FALSE
81	SA067_19_60795781	SA067	19	60795781	19,60795781,C,G	E446D	FIZ1	19q13.42	ZN_FING // 442 // 464 // C2H2-type 10.	C:25565	G:4826	30391	0.158797012	0	TRUE	C:30824	A:6	30830	0.000194616	1	FALSE		-1 19:60795744-60796080	Basal	FALSE
82	SA067_2_159734090	SA067	2	159734090	2,159734090,T,G	W344G	TANC1	2q24.1-q24.2		T:152842	G:19357	172199	0.112410641	0	TRUE	T:180657	C:25	180682	0.000138365	1	FALSE		1 2:159734050-159734275	Basal	FALSE
83	SA067_2_197420107	SA067	2	197420107	2,197420107,T,C	L672	PGAP1	2q33.1	TRANSMEM // 669 // 689 // Helical; (Potential).	A:54	C:12	66	0.181818182	3.19E-21	TRUE	A:1005	N:0	100	0	1	FALSE		-1 2:197420078-197420344	Basal	FALSE
84	SA067_2_234415389	SA067	2	234415389	2,234415389,G,A	T259I	HJURP	2q37.1		G:58324	A:11392	69716	0.163405818	0	TRUE	G:60945	C:8	60953	0.000131249	1	FALSE		-1 2:234415356-234415585	Basal	FALSE
85	SA067_4_156500813	SA067	4	156500813	4,156500813,G,C	S336C	MAP9	4q32.1		G:1101	C:156	1257	0.124105012	2.24E-247	TRUE	G:789	A:2	791	0.002528445	1	FALSE		-1 4:156500772-156501002	Basal	FALSE
86	SA067_4_83568537	SA067	4	83568537	4,83568537,C,T	C177Y	HNRPDL	4q13-q21	DOMAIN // 148 // 230 // RRM 1.	C:32347	T:6625	38972	0.169993842	0	TRUE	C:39599	T:14	39613	0.000353419	1	FALSE		-1 4:83568340-83568573	Basal	FALSE
87	SA067_5_139819080	SA067	5	139819080	5,139819080,C,G	S543C	ANKHD1	5q31.3	REPEAT // 534 // 563 // ANK 11.	C:126862	G:26545	153407	0.173036432	0	TRUE	C:138850	A:10	138860	7.20E-05	1	FALSE		1 5:139819042-139819277	Basal	FALSE
88	SA067_5_940546	SA067	5	940546	5,940546,T,C	N216S	BRD9	5p15.33	DOMAIN // 153 // 223 // Bromo. /// HELIX // 198 // 215 //	T:124322	C:17403	141725	0.122794144	0	TRUE	T:123109	G:61	123170	0.00049525	1	FALSE		-1 5:940517-940730	Basal	FALSE
89	SA067_6_64447895	SA067	6	64447895	6,64447895,G,T	V94F	PHF3	6q12		G:78571	T:6796	85367	0.079609217	0	TRUE	G:68830	A:3	68833	4.36E-05	1	FALSE		1 6:64447861-64448092	Basal	FALSE
90	SA067_8_122695655	SA067	8	122695655	8,122695655,G,C	L512V	HAS2	8q24.12	TRANSMEM // 511 // 531 // Helical; Name=7; (Potential).	G:74698	C:14312	89010	0.160790922	0	TRUE	G:72304	T:32	72336	0.00044238	1	FALSE		-1 8:122695618-122695865	Basal	FALSE
91	SA068_19_22063969	SA068	19	22063969	19,22063969,G,A	R526H	ZNF257	19q13	ZN_FING // 515 // 537 // C2H2-type 13. /// CONFLICT // 526 // 526 // R->T (in Ref. 1; AAD20957).	G:1889089	A:384904	2273993	0.169263494	0	TRUE	G:1162004	T:602	1162606	0.000517802	1	FALSE		1 19:22063784-22064008	Basal	FALSE
92	SA069_10_13304182	SA069	10	13304182	10,13304182,G,A	A115V	C10orf49	10p13	COILED // 90 // 122 // Potential. /// MOD_RES // 114 // 114 // 4-carboxyglutamate (By similarity).	G:146407	A:16859	163266	0.103260936	0	TRUE	G:93304	T:17	93321	0.000182167	1	FALSE		-1 10:13304000-13304222	Basal	FALSE
93	SA069_10_32675759	SA069	10	32675759	10,32675759,A,G	Y31H	EPC1	10p11		A:79430	G:18330	97760	0.1875	0	TRUE	A:70709	C:86	70795	0.000121475	1	FALSE		-1 10:32675736-32676004	Basal	FALSE
94	SA069_1_169888210	SA069	1	169888210	1,169888210,A,T	S55R	MYOC	1q23-q24		A:75731	T:13257	88988	0.148975143	0	TRUE	A:265601	G:299	265900	0.001124483	1	FALSE		-1 1:169888188-169888403	Basal	FALSE
95	SA069_12_51127832	SA069	12	51127832	12,51127832,C,T	C474Y	KRT6B	12q12-q13	REGION // 473 // 564 // Tail.	C:267179	T:48439	315618	0.153473503	0	TRUE	C:321935	G:279	322214	0.000865884	1	FALSE		-1 12:51127791-51128069	Basal	FALSE
96	SA069_1_34102507	SA069	1	34102507	1,34102507,G,C	R43T	HMG8A	1p35.1	DNA_BIND // 9 // 79 // HMG box 1.	G:30332	C:9369	39701	0.235989018	0	TRUE	G:14949	N:0	14949	0	1	FALSE	1,-1	1:34102473-34102698	Basal	FALSE
97	SA069_19_35732182	SA069	19	35732182	19,35732182,G,C	S1272R	ZNF536	19q12		T:285338	G:18719	304057	0.061564115	0	TRUE	T:368149	G:77	368226	0.000209111	1	FALSE		1 19:35732149-35732366	Basal	FALSE
98	SA069_19_51803970	SA069	19	51803970	19,51803970,G,C	E105Q	CALM3	19q13.2-q13.3	CA_BIND // 94 // 105 // 3. /// DOMAIN // 81 // 116 // EF-hand 3. /// HELIX // 103 // 112 //	G:109226	C:17364	126590	0.137167233	0	TRUE	G:248306	T:54	248360	0.000217426	1	FALSE		1 19:51803940-51804163	Basal	FALSE
99	SA069_20_62118620	SA069	20	62118620	20,62118620,C,G	T542S	PRPF6	20q13.33		C:2858	G:913	3771	0.242110846	0	TRUE	C:9715	T:2	9717	0.000205825	1	FALSE	-1,1	20:62118593-62118810	Basal	FALSE
100	SA069_2_54730332	SA069	2	54730332	2,54730332,A,C	H1760P	SPTBN1	2p21	REGION // 1563 // 2093 // Interaction with ANK2. /// REPEAT // 1669 // 1775 // Spectrin 14.	A:121072	C:12651	133723	0.094606014	0	TRUE	A:266525	C:31	266556	0.000116298	1	FALSE		1 2:54730292-54730510	Basal	FALSE
101	SA071_11_100848202	SA071	11	100848202	11,100848202,T,G	N694T	TRPC6	11q21-q22	TOPO_DOM // 658 // 706 // Extracellular (Potential).	T:1059	G:750	1809	0.414593698	0	TRUE	T:1139	A:1	1140	0.000877193	1	FALSE		-1 11:100848171-100848430	Basal	FALSE
102	SA071_11_117156486	SA071	11	117156486	11,117156486,T,A	N99I	DSCAML1	-	DISULFID // 47 // 103 // By similarity. /// DOMAIN // 19 // 119 // Ig-like C2-type 1. /// TOPO_DOM // 19 // 1591 // Extracellular (Potential).	T:72562	A:40154	112716	0.356240463	0	TRUE	T:259972	G:238	260210	0.000914646	1	FALSE		-1 11:117156464-117156683	Basal	FALSE
103	SA071_11_20915930	SA071	11	20915930	11,20915930,A,C	K340N	NELL1	11p15.2-p15.1	DOMAIN // 335 // 390 // VWFC 2.	A:10199	C:1831	12030	0.152202826	0	TRUE	A:6634	G:5	6639	0.000753125	1	FALSE		1 11:20915895-20916122	Basal	FALSE
104	SA071_1_214238906	SA071	1	214238906	1,214238906,C,A	Q2201H	USH2A	1q41	DOMAIN // 2142 // 2236 // Fibronectin type-III 8. /// TOPO_DOM // 32 // 5042 // Extracellular (Potential).	C:188113	A:94698	282811	0.334845533	0	TRUE	C:247340	T:10	247350	4.04E-05	1	FALSE		-1 1:214238711-214238940	Basal	FALSE
105	SA071_1_40987896	SA071	1	40987896	1,40987896,C,T	T81I	NYFC	1p32 1p32	HELIX // 64 // 90 //	C:124169	T:55695	179864	0.309650625	0	TRUE	C:177828	G:145	177973	0.00081473	1	FALSE		1 1:40987868-40988109	Basal	FALSE
106	SA071_14_68991362	SA071	14	68991362	14,68991362,C,G	H185D	SLC39A9	14q24.1	TRANSMEM // 176 // 196 // Helical; (Potential).	C:128248	G:12314	140562													

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.statistic.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
125	SA072_2_27655838	SA072	2	27655838	2,27655835,T,G	F965L	C2orf16	2p23.3		T:34935	G:3631	38566	0.094150288	0	TRUE	T:22353	G:17	22370	0.000759946	1	FALSE	1	2:27655799-27656033	Basal	FALSE
126	SA072_3_130872459	SA072	3	130872459	3,130872459,C,A	K305N	TMCC1	3q21.3	COILED // 228 // 313 // Potential.	C:138720	A:15340	154060	0.099571595	0	TRUE	C:130606	G:101	130707	0.000772721	1	FALSE	-1	3:130872431-130872651	Basal	FALSE
127	SA072_4_126547513	SA072	4	126547513	4,126547513,T,C	I1779T	FAT4	4q28.1	DOMAIN // 1741 // 1841 // Cadherin 17. /// TOPO_DOM // 39 // 4504 // Extracellular (Potential).	T:72502	C:9256	81758	0.113212163	0	TRUE	T:58510	C:9	58519	0.000153796	1	FALSE	1	4:126547478-126547708	Basal	FALSE
128	SA072_8_126156455	SA072	8	126156455	8,126156455,A,C	N315K	KIAA0196	8q24.13		A:6569	C:546	7115	0.076739283	0	TRUE	A:1723	G:2	1725	0.00115942	1	FALSE	-1	8:126156205-126156486	Basal	FALSE
129	SA072_9_72615971	SA072	9	72615971	9,72615971,G,A	P175L	TRPM3	9q21.11-q21.12		G:68587	A:41186	109773	0.375192443	0	TRUE	G:63720	A:7	63727	0.000109844	1	FALSE	-1	9:72615937-72616152	Basal	FALSE
130	SA072_X_11693811	SA072	X	11693811	X,11693811,G,A	V405M	MSL3L1	Xp22.3		G:87709	A:9839	97548	0.100863165	0	TRUE	G:64716	A:39	64755	0.00060227	1	FALSE	1	X:11693770-11694007	Basal	FALSE
131	SA072_X_153936121	SA072	X	153936121	X,153936121,C,G	L184V	FUNDC2	Xq28		C:57261	G:6567	63828	0.102885881	0	TRUE	C:56438	G:11	56449	0.000194866	1	FALSE	1	X:153936092-153936310	Basal	FALSE
132	SA072_X_50675782	SA072	X	50675782	X,50675782,T,A	L205H	BMP15	Xp11.2	PROPEP // 19 // 267 // VARIANT // 206 // 206 // R->H (in POF4).	T:98520	A:10308	108828	0.094718271	0	TRUE	T:81040	G:51	81091	0.000628923	1	FALSE	1	X:50675741-50675979	Basal	FALSE
133	SA073_11_46682500	SA073	11	46682500	11,46682500,C,G	S225C	ZNF408	11p11.2		C:80208	G:8905	89113	0.099929303	0	TRUE	C:135241	A:42	135283	0.00031046	1	FALSE	1	11:46682474-46682685	Basal	FALSE
134	SA073_1_39903890	SA073	1	39903890	1,39903890,C,G	R108T	NT5C1A	1p34.3-p33		C:60712	G:7926	68638	0.115475393	0	TRUE	C:74670	G:67	74737	0.000896477	1	FALSE	-1	1:39903849-39904095	Basal	FALSE
135	SA073_17_15901608	SA073	17	15901608	17,15901608,G,C	Q2113E	NCOR1	17p11.2	REGION // 1501 // 2440 // Interaction with C1D (By similarity). /// REGION // 2032 // 2115 // ID1 (By similarity).	G:86548	C:11160	97708	0.114217874	0	TRUE	G:65353	T:35	65388	0.000535266	1	FALSE	-1	17:15901569-15901802	Basal	FALSE
136	SA074_17_29507577	SA074	17	29507577	17,29507577,G,A	R30C	ACCN1	17q12	TOPO_DOM // 1 // 37 // Cytoplasmic (By similarity).	G:246419	A:34230	280649	0.121967297	0	TRUE	G:1098591	A:561	1099152	0.000510393	1	FALSE	-1	17:29507555-29507758	Other	FALSE
137	SA075_11_16296696	SA075	11	16296696	11,16296696,C,A	S106I	SOX6	11p15.3		C:658163	A:132459	790622	0.167537711	0	TRUE	C:408143	A:85	408228	0.000208217	1	FALSE	-1	11:16296669-16296887	Other	FALSE
138	SA075_1_66881115	SA075	1	66881115	1,66881115,T,G	I885	SGIP1	1p31.3		T:448836	G:93573	542409	0.17251373	0	TRUE	T:531916	C:131	532047	0.000246219	1	FALSE	1	1:66881089-66881297	Other	FALSE
139	SA076_11_47790556	SA076	11	47790556	11,47790556,C,G	E652Q	NUP160	11p11.2		C:131588	G:13294	144882	0.09175743	0	TRUE	C:117505	T:16	117521	0.000136146	1	FALSE	-1	11:47790522-47790745	Other	FALSE
140	SA076_1_184328907	SA076	1	184328907	1,184328907,C,A	S3302R	HMCN1	1q25.3-q31.1	DISULFID // 3268 // 3319 // By similarity. /// DOMAIN // 3245 // 3335 // lg-like C2-type 31.	C:313841	A:21138	334979	0.063102463	0	TRUE	C:256819	A:45	256864	0.00017519	1	FALSE	1	1:184328880-184329102	Other	FALSE
141	SA076_1_41225648	SA076	1	41225648	1,41225648,G,C	D119N	CTPS	1p34.1	HELIX // 116 // 128 //	G:48086	A:3364	51450	0.06538368	0	TRUE	G:58680	T:25	58705	0.000425858	1	FALSE	1	1:41225607-41225835	Other	FALSE
142	SA076_15_69931572	SA076	15	69931572	15,69931572,G,A	P2144S	MYO9A	15q22-q23	DOMAIN // 2063 // 2251 // Rho-GAP. /// REGION // 1163 // 2511 // Tail.	G:123531	A:8693	132224	0.065744494	0	TRUE	G:167795	T:107	167902	0.000637277	0.567018582	FALSE	-1	15:69931535-69931803	Other	FALSE
143	SA076_19_36461366	SA076	19	36461366	19,36461366,A,T	C391	TSZH3	19q12	ZN_FING // 386 // 404 // C2H2-type 3; atypical.	A:517036	T:86277	603313	0.143005372	0	TRUE	A:766635	C:281	766916	0.000366403	1	FALSE	-1	19:36461342-36461545	Other	FALSE
144	SA076_2_234191598	SA076	2	234191598	2,234191598,C,T	A169V	UGT1A8	2q37		C:89195	T:15015	104210	0.144084061	0	TRUE	C:150427	T:102	150529	0.00067761	0.214953836	FALSE	1	2:234191559-234191787	Other	FALSE
145	SA076_2_27761549	SA076	2	27761549	2,27761549,A,T	S673C	SLC4A1AP	2p23.2	COMPBias // 644 // 715 // Glu-rich.	A:20332	T:3095	23427	0.13211252	0	TRUE	A:35847	G:9	35856	0.000251004	1	FALSE	1	2:27761336-27761575	Other	FALSE
146	SA077_11_60658132	SA077	11	60658132	11,60658132,C,T	E73K	VPS37C	11q12.2		C:95390	T:69338	164728	0.42092419	0	TRUE	C:175104	G:33	175137	0.000188424	1	FALSE	-1	11:60658108-60658348	Other	FALSE
147	SA077_16_57313665	SA077	16	57313665	16,57313665,C,T	A89T	GOT2	16q21	MOD_RES // 90 // 90 // N6-acetyllysine.	C:22211	T:19232	41443	0.464059069	0	TRUE	C:46393	T:43	46436	0.000926006	1	FALSE	-1	16:57313624-57313848	Other	FALSE
148	SA077_16_67413522	SA077	16	67413522	16,67413522,A,T	Q610L	CDH1	16q22.1	DOMAIN // 594 // 697 // Cadherin 5. /// TOPO_DOM // 155 // 709 // Extracellular (Potential).	A:136615	T:8104	144719	0.055998176	0	TRUE	A:142381	C:152	142533	0.00106642	1	FALSE	1	16:67413496-67413718	Other	FALSE
149	SA077_19_21269047	SA077	19	21269047	19,21269047,C,G	E187D	ZNF708	-	ZN_FING // 168 // 190 // C2H2-type 2.	C:131716	G:12788	144504	0.08849582	0	TRUE	C:89790	T:9	89799	0.000100224	1	FALSE	-1	19:21269011-21269244	Other	FALSE
150	SA077_19_22732725	SA077	19	22732725	19,22732725,C,G	R518T	ZNF99	19p12	ZN_FING // 502 // 524 // C2H2-type 13.	C:42299	G:8603	50902	0.169011041	0	TRUE	C:28611	T:4	28615	0.000139787	1	FALSE	-1	19:22732691-22732927	Other	TRUE
151	SA077_19_41632645	SA077	19	41632645	19,41632645,G,A	R111C	ZNF566	19q13.12		G:211	A:14	225	0.06222222	2.51E-14	TRUE	G:81	N:0	81	0	1	FALSE	-1	19:41632608-41632828	Other	FALSE
152	SA077_2_220078483	SA077	2	220078483	2,220078483,G,A	R272Q	GMPPA	2q35		G:249799	A:44721	294520	0.151843678	0	TRUE	G:226080	A:26	226106	0.00011499	1	FALSE	1	2:220078449-220078680	Other	FALSE
153	SA077_3_133658814	SA077	3	133658814	3,133658814,G,A	R454H	DNAJC13	3q22.1		G:2804	A:382	3186	0.119899561	0	TRUE	G:2374	A:2	2376	0.000841751	1	FALSE	1	3:133658577-133658843	Other	FALSE
154	SA080_1_169319798	SA080	1	169319798	1,169319798,G,T		LOC646804			G:689948	T:112400	802348	0.140088839	0	TRUE	G:748896	T:94	748990	0.000125502	1	FALSE	1	1:169319762-169319990	Other	FALSE
155	SA080_1_84717716	SA080	1	84717716	1,84717716,C,T	S55L	BXDC5	1p22.3		G:897107	T:282089	1179196	0.23922147	0	TRUE	C:1261052	T:374	1261426	0.00029649	1	FALSE	1	1:84717528-84717742	Other	FALSE
156	SA083_11_387564	SA083	11	387564	11,387564,G,C	A324P	PKP3	11p15	REPEAT // 305 // 348 // ARM 1.	G:28223	C:3563	31786	0.112093374	0	TRUE	G:48631	A:23	48654	0.000472726	1	FALSE	1	11:387536-387744	Basal	FALSE
157	SA083_1_150017998	SA083	1	150017998	1,150017998,C,T	D224N	TDRKH			C:248915	T:29334	278249	0.105423559	0	TRUE	C:317596	A:44	317640	0.000138522	1	FALSE	-1	1:150017964-150018184	Basal	FALSE
158	SA083_1_159446588	SA083	1	159446588	1,159446588,G,C	D256H	NDUFS2	1q23		G:276470	C:14604	291074	0.050172808	0	TRUE	G:242711	T:192	242903	0.000790439	0.000538691	FALSE	1	1:159446558-159446780	Basal	FALSE
159	SA083_1_214436679	SA083	1	214436679	1,214436679,A,G	F1364L	USH2A	1q41	TOPO_DOM // 32 // 5042 // Extracellular (Potential).	A:135478	G:41512	176990	0.234544325	0	TRUE	A:181785	G:12	181797	6.60E-05	1	FALSE	-1	1:214436643-214436916	Basal	FALSE
160	SA083_14_20556809	SA083	14	20556809	14,20556809,G,C	P256A	NDRG2	14q11.2		G:201718	C:30353	232071	0.13079187	0	TRUE	G:242335	T:19	242354	7.84E-05	1	FALSE	-1	14:20556771-20557006	Basal	FALSE
161	SA083_15_41715607	SA083	15	41715607	15,41715607,G,C	I315M	CATSPER2	15q14	TOPO_DOM // 304 // 320 // Extracellular (Potential). DISULFID // 30 // 455 // By similarity. /// DOMAIN // 131 // 329 // VWFA. /// TOPO_DOM // 28 // 710 // Extracellular (Potential).	G:145085	C:19417	164502	0.118035039	0	TRUE	G:130538	T:30	130568	0.000229765	1	FALSE	-1,-1	15:41715566-41715924	Basal	FALSE
162	SA083_17_71238113	SA083	17	71238113	17,71238113,G,A	R312H	ITGB4	17q25		G:1273	A:151	1424	0.106039326	1.13E-225	TRUE	G:4331	T:2	4333	0.000461574	1	FALSE	1	17:71238072-71238308	Basal	FALSE
163	SA083_18_46054162	SA083	18	46054162	18,46054162,G,A	R406	MBD1	18q21		G:192932	A:22097	215029	0.102762883	0	TRUE	G:338806	A:57	338863	0.00016821	1	FALSE	-1	18:46053971-46054187	Basal	FALSE
164	SA083_2_165184569	SA083	2	165184569	2,165184569,T,A	K66N	GRB14	2q22-q24		T:50271	A:7668	57939	0.132346088	0	TRUE	T:8658	G:7	8665	0.000807848	1	FALSE	-1	2:165184528-165184797	Basal	FALSE
165	SA083_2_27445072	SA083	2	27445072	2,27445072,C,G	D151H	E1F2B4	2p23.3		C:279180	G:47185	326365	0.14457739	0	TRUE	C:251253	A:83	251336	0.000330235	1	FALSE	-1	2:27444881-27445113	Basal	FALSE
166	SA084_10_115976950	SA084	10	115976950	10,115976950,A,C	K1102T	TDRD1	10q25.3		A:148846	C:62860	211706	0.296921202	0	TRUE	A:115240	G:17	115257	0.000147496	1	FALSE	1	10:115976920-115977141		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI	
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site	
191	SA090_18_13057947	SA090	18	13057947	18,13057947,A,G	I940V	CEP192	18p11.21		A:450344	G:62052	512396	0.121101648	0	TRUE	A:306373	C:27	306400	8.81E-05	1	FALSE		1	18:13057907-13058132	Other	FALSE
192	SA090_18_14096306	SA090	18	14096306	18,14096306,T,G	N78T	ZNF519	18p11.21	DOMAIN // 4 // 78 // KRAB.	T:27295	G:4635	31930	0.14516129	0	TRUE	T:8420	A:1	8421	0.000118751	1	FALSE	-1	18:14096273-14096500	Other	FALSE	
193	SA090_19_56217640	SA090	19	56217640	19,56217640,C,G	W274C	KLK11	19q13.3-q13.4	DOMAIN // 53 // 280 // Peptidase S1.	C:392055	G:25289	417344	0.060595097	0	TRUE	C:289471	G:183	289654	0.000631788	0.623922532	FALSE	-1	19:56217601-56217824	Other	FALSE	
194	SA090_2_169771187	SA090	2	169771187	2,169771187,C,G	S2430T	LRP2	2q24-q31	REPEAT // 2431 // 2477 // LDL-receptor class B 25. /// TOPO_DOM // 26 // 4423 // Extracellular (Potential).	C:600385	G:69637	670022	0.103932408	0	TRUE	C:445242	G:321	445563	0.000720437	0.000627654	FALSE	-1	2:169771146-169771377	Other	FALSE	
195	SA092_10_106966765	SA092	10	106966765	10,106966765,G,T	D877Y	SORCS3	10q23-q25	DOMAIN // 827 // 917 // PKD. /// TOPO_DOM // 34 /// 1125 // Lumenal (Potential).	G:14099	T:5837	19936	0.292786918	0	TRUE	G:41300	T:4	41304	9.68E-05	1	FALSE	1	10:106966741-106966960	Other	FALSE	
196	SA092_10_3814085	SA092	10	3814085	10,3814085,A,C	S142A	KLf6	10p15		A:10858	C:1910	12768	0.149592732	0	TRUE	A:14393	G:8	14401	0.000555517	1	FALSE	-1	10:3814046-3814295	Other	FALSE	
197	SA092_10_51256382	SA092	10	51256382	10,51256382,G,A	D602N	NCOA4	10q11.2		G:17941	A:4083	22024	0.185388667	0	TRUE	G:19510	T:17	19527	0.000870589	1	FALSE	1	10:51256343-51256577	Other	FALSE	
198	SA092_10_5488143	SA092	10	5488143	10,5488143,A,G	I431V	NET1	10p15	DOMAIN // 386 // 501 // PH.	A:21521	G:2205	23726	0.09293602	0	TRUE	A:22411	C:7	22418	0.000312249	1	FALSE	1	10:5488119-5488339	Other	FALSE	
199	SA092_10_76605942	SA092	10	76605942	10,76605942,C,T	T302I	SAMD8	10q22.2		C:42784	T:4492	47276	0.095016499	0	TRUE	C:44857	A:6	44863	0.00013374	1	FALSE	1	10:76605902-76606124	Other	FALSE	
200	SA092_11_111252836	SA092	11	111252836	11,111252836,C,A	V147L	LOC91893			C:31001	A:6573	35658	0.130601828	0	TRUE	C:31463	G:20	31483	0.000635263	1	FALSE	-1	11:111252795-111253022	Other	FALSE	
201	SA092_11_47263646	SA092	11	47263646	11,47263646,G,T	R827L	MADD	11p11.2		G:23545	T:7023	30568	0.229750065	0	TRUE	G:38425	A:3	38428	7.81E-05	1	FALSE	1	11:47263457-47263673	Other	FALSE	
202	SA092_11_59455540	SA092	11	59455540	11,59455540,A,G	F254S	LOC390084		TRANSMEM // 247 // 267 // Helical; Name=6; (Potential).	A:32731	G:5408	38139	0.141797111	0	TRUE	A:51964	G:49	52013	0.000942072	1	FALSE	-1	11:5945499-5945724	Other	FALSE	
203	SA092_11_60454593	SA092	11	60454593	11,60454593,C,G	A301G	TMEM132A	11q12.2	TOPO_DOM // 36 // 852 // Extracellular (Potential).	C:4216	G:12237	16453	0.743754938	0	TRUE	C:7362	A:1	7363	0.000135814	1	FALSE	1	11:60454555-60454781	Other	FALSE	
204	SA092_11_64611065	SA092	11	64611065	11,64611065,G,T	G191C	ZFPL1	11q13	TOPO_DOM // 1 // 266 // Cytoplasmic (Potential).	G:1017	T:737	1754	0.42018244	0	TRUE	G:1322	N:0	1322	0	1	FALSE	1	11:64611027-64611257	Other	FALSE	
205	SA092_1_195336556	SA092	1	195336556	1,195336556,C,G	R2816S	ASPM	1q31		C:18353	G:3255	21608	0.150638652	0	TRUE	C:19733	A:5	19738	0.000253318	1	FALSE	-1	1:195336367-195336596	Other	FALSE	
206	SA092_1_205712760	SA092	1	205712760	1,205712760,C,G	P531A	CR2	1q32	DISULFID // 527 // 576 // By similarity. /// DOMAIN // 525 // 595 // Sushi 9. /// TOPO_DOM // 21 // 971 // Extracellular (Potential).	C:20706	G:1621	22327	0.072602678	0	TRUE	C:21132	A:3	21135	0.000141945	1	FALSE	1	1:205712735-205712957	Other	FALSE	
207	SA092_12_116950209	SA092	12	116950209	12,116950209,G,C	V288L	RFC5	12q24.2-q24.3	HELIX // 278 // 290 //	G:5498	C:1496	6994	0.213897627	0	TRUE	G:4147	N:0	4147	0	1	FALSE	1	12:116950018-116950247	Other	FALSE	
208	SA092_12_121624869	SA092	12	121624869	12,121624869,T,C	S791P	KNTC1	12q24.31		T:29262	C:5762	35024	0.164515761	0	TRUE	T:23716	G:3	23719	0.000126481	1	FALSE	1	12:121624837-121625052	Other	FALSE	
209	SA092_12_39212301	SA092	12	39212301	12,39212301,C,A		LOC730512			C:24689	A:10251	34940	0.293388666	0	TRUE	C:24457	A:17	24474	0.000694615	1	FALSE	1	12:39212106-39212342	Other	FALSE	
210	SA092_1_33006060	SA092	1	33006060	1,33006060,C,A	N48K	KIAA1522	1p35.1		C:2145	A:201	2346	0.085677749	1.21E-232	TRUE	C:7341	A:1	7344	0.000408497	1	FALSE	1	1:33006034-33006253	Other	FALSE	
211	SA092_13_41774275	SA092	13	41774275	13,41774275,G,C	E1131D	AKAP11	13q14.11		G:33195	C:6876	40071	0.171595418	0	TRUE	G:37467	T:6	37473	0.000160115	1	FALSE	1	13:41774250-41774471	Other	FALSE	
212	SA092_15_29081438	SA092	15	29081438	15,29081438,T,G	Q1564P	TRPM1	15q13-q14	TOPO_DOM // 1127 // 1603 // Cytoplasmic (Potential).	T:38550	G:8462	47012	0.179996597	0	TRUE	T:52893	C:19	52912	0.000359087	1	FALSE	-1	15:29081411-29081621	Other	FALSE	
213	SA092_15_40159239	SA092	15	40159239	15,40159239,G,T	H369N	PLA2G4D	15q15.1	DOMAIN // 273 // 818 // PLA2c. REPEAT // 202 // 222 // LRR 8.	G:13438	T:2704	16121	0.167513319	0	TRUE	G:39319	T:19	39338	0.000482994	1	FALSE	-1	15:40159202-40159419	Other	FALSE	
214	SA092_15_40624635	SA092	15	40624635	15,40624635,A,G	C204R	LRRCS7	15q15.1		A:2434	G:681	3115	0.218619583	0	TRUE	A:3292	C:1	3293	0.000303674	1	FALSE	-1	15:40624602-40624871	Other	FALSE	
215	SA092_16_18992853	SA092	16	18992853	16,18992853,C,T	A121V	COQ7	16p13.11-p12.3	REPEAT // 48 // 129 // 1. /// REGION // 48 // 217 // 2 X approximate tandem repeats.	C:3144	T:643	3787	0.169791392	0	TRUE	C:4097	T:2	4099	0.000487924	1	FALSE	1	16:18992815-18993088	Other	FALSE	
216	SA092_17_16534689	SA092	17	16534689	17,16534689,G,C	L84V	CCDC144A			C:3250	G:493	3743	0.13171253	0	TRUE	C:5144	G:1	5145	0.000194363	1	FALSE	1	17:16534660-16535063	Other	FALSE	
217	SA092_17_39816839	SA092	17	39816839	17,39816839,A,G	M316T	ITGA2B	17q21.32	REPEAT // 311 // 371 // FG-GAP 5. /// TOPO_DOM // 32 // 993 // Extracellular (Potential).	A:5736	G:1917	7653	0.250490004	0	TRUE	A:31010	C:41	31051	0.001320408	1	FALSE	-1	17:39816813-39817022	Other	FALSE	
218	SA092_17_58919790	SA092	17	58919790	17,58919790,G,T	W785C	ACE	17q23.3	HELIX // 780 // 793 // /// REGION // 631 // 1232 // Peptidase M2 2. /// TOPO_DOM // 30 // 1256 // Extracellular (Potential).	G:10370	T:1432	11802	0.121335367	0	TRUE	G:18744	T:9	18753	0.000479923	1	FALSE	1	17:58919761-58919976	Other	FALSE	
219	SA092_17_7517810	SA092	17	7517810	17,7517810,C,T	E285K	TP53	17p13.1	/// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 256 // 294 // Interaction with E4F1. /// VARIANT // 284 // 284 // T->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 284 // 284 // T->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 284 // 284 // T->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 284 // 284 // T->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 285 // 285 // E->A (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 285 // 285 // E->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 285 // 285 // E->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 306 // 475 // VWFA.	C:18288	T:7082	25370	0.279148601	0	TRUE	C:33670	A:4	33674	0.000118786	1	FALSE	-1	17:7517607-7517843	Other	FALSE	
220	SA092_1_86727395	SA092	1	86727395	1,86727395,G,C	L437F	CLCA1	1p31-p22	DOMAIN // 306 // 475 // VWFA.	G:29669	C:7801	37470	0.208193221	0	TRUE	G:33492	A:2	33494	5.97E-05	1	FALSE	1	1:86727357-86727589	Other	FALSE	
221	SA092_1_89199758	SA092	1	89199758	1,89199758,A,T	R187K	CCBL2	1p22.2		C:16775	T:5926	22701	0.261045769	0	TRUE	C:19672	G:21	19693	0.001066369	1	FALSE	-1	1:89199717-89199992	Other	FALSE	
222	SA092_19_2060091	SA092	19	2060091	19,2060091,A,C	F1094V	AP3D1	19p13.3		A:28855	C:4545	27400	0.165875912	0	TRUE	A:33770	G:13	33783	0.000384809	1	FALSE	-1	19:2060063-2060283	Other	FALSE	
223	SA092_19_21031439	SA092	19	21031439	19,21031439,A,G	Y162C	ZNF430	19p12		A:815	G:319	1134	0.281305115	0	TRUE	A:901	N:0	901	0	1	FALSE	1	19:21031407-21031634	Other	FALSE	
224	SA092_19_4261561	SA092	19	4261561	19,4261561,G,A	R153Q	FSD1	19p13.3	DOMAIN // 105 // 162 // COS.	G:495	A:49	544	0.090073529	5.35E-58	TRUE	G:1062	C:1	1063	0.000940734	1	FALSE	1	19:4261530-4261792	Other	FALSE	
225	SA092_20_187835	SA092	20	187835	20,187835,A,G		DEFB132	20p13		A:35735	G:2078	37813	0.054954645	0	TRUE	A:39821	G:30	39851	0.000752804	1	FALSE	1	20:187794-188019	Other	FALSE	
226	SA092_20_31118342	SA092	20	31118342	20,31118342,G,A	E326K	C20orf185	20q11.21		G:47515	A:7555	55070	0.137189032	0	TRUE	G:50163	A:2	50165	3.99E-05	1	FALSE	1	20:31118308-31118537	Other	FALSE	
227	SA092_20_36790296	SA092	20	36790296	20,36790296,C,G	S393C	SLC32A1	20q11.23	TRANSMEM // 384 // 404 // Helical; (Potential).	C:31864	G:2874	34738	0.082733606	0	TRUE	C:46991	A:3	46994	6.38E-05	1	FALSE	1	20:36790264-36790488	Other	FALSE	
228	SA092_21_31520080	SA092	21	31520080	21,31520080,T,G	T548P	TIAM1	21q22.1 21q22.11	DOMAIN // 434 // 549 // PH 1.	T:20670	G:2719	23389	0.116251229	0	TRUE	T:29601	C:9	29610	0.000303951	1	FALSE	-1	21:31520045-31520266	Other	FALSE	
229	SA092_2_137530481	SA092	2	137530481	2,137530481,G,C	G54A	THSD7B	2q21-q22	DOMAIN // 40 // 98 // TSP type-1 1. /// TOPO_DOM // 32 // 1557 // Extracellular (Potential).	G:27017	C:12792	39809	0.321334372	0	TRUE	G:41412	T:34	41446	0.000820345	1	FALSE	1	2:137530440-137530678	Other	FALSE	
230	SA092_2_165929918	SA092	2	165929918	2,165929918,C,A	S1140	SCN2A	2q23-q24		C:7657	A:1769	9426	0.187672396	0	TRUE	C:13526	T:2	13528	0.000147842	1	FALSE	1	2:165929729-165929943	Other	FALSE	
231	SA092_2_173042249	SA092	2	173042249	2,173042249,A,T	R180	ITGA6	2q31.1	DISULFID // 175 // 188 // By similarity. /// REPEAT // 176 // 229 // FG-GAP 3. /// TOPO_DOM // 24 // 1050 // Extracellular (Potential).	A:4756	T:1789	6545	0.273338426	0	TRUE	A:5977	G:2	5979	0.000334504							

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
247	SA092_6_11113619	SA092	6	11113619	6,11113619,G,A	T76I	ELOVL2	6p24.2	TRANSMEM // 67 // 87 // Helical; (Potential).	G:10335	A:2358	12693	0.185771685	0	TRUE	G:14879	T:5	14884	0.000335931	1	FALSE	-1	6:11113587-11113814	Other	FALSE
248	SA092_6_13429235	SA092	6	13429235	6,13429235,G,A	L89F	TBC1D7	6p24.1	DOMAIN // 50 // 231 // Rab-GAP TBC.	G:60388	A:7050	67438	0.104540467	0	TRUE	G:69847	T:79	69926	0.001129766	1	FALSE	-1	6:13429204-13429419	Other	FALSE
249	SA092_6_151936174	SA092	6	151936174	6,151936174,T,C	V316A	C6orf97	6q25.1		T:19740	C:3122	22862	0.136558481	0	TRUE	T:24893	G:3	24896	0.000120501	1	FALSE	1	6:151936139-151936371	Other	FALSE
250	SA092_7_149188602	SA092	7	149188602	7,149188602,C,G	P474A	LOC643641		ZN_FING // 461 // 544 // TTF-type 2.	C:41261	G:4663	45924	0.101537323	0	TRUE	C:40674	A:1	40675	2.46E-05	1	FALSE	1	7:149188570-149188783	Other	FALSE
251	SA092_7_22273110	SA092	7	22273110	7,22273110,G,C	S112C	RAPGEF5	7p15.3		G:7426	C:1125	8551	0.13156356	0	TRUE	G:8753	A:1	8754	0.000114233	1	FALSE	-1	7:22273075-22273444	Other	FALSE
252	SA092_7_43444134	SA092	7	43444134	7,43444134,G,C	S270T	HECW1	7p14.1-p13	DOMAIN // 192 // 302 // C2.	G:13921	C:2108	16029	0.131511635	0	TRUE	G:19469	A:1	19470	5.14E-05	1	FALSE	1	7:43444102-43444319	Other	FALSE
253	SA092_7_6440949	SA092	7	6440949	7,6440949,C,A	S216I	DAGLB	7p22.1	TOPO_DOM // 154 // 672 // Cytoplasmic (Potential).	C:37884	A:7894	45778	0.17244091	0	TRUE	C:44929	A:34	44963	0.000756177	1	FALSE	-1	7:6440923-6441142	Other	FALSE
254	SA092_8_105505780	SA092	8	105505780	8,105505780,A,C	M369R	DPY5	8q22	STRAND // 347 // 383 //	A:8466	C:1188	9654	0.1230578	0	TRUE	A:11255	C:3	11258	0.000266477	1	FALSE	-1	8:105505746-105505966	Other	FALSE
255	SA092_8_124336700	SA092	8	124336700	8,124336700,T,C	E223G	ZHX1	8q24.13		T:14269	C:1231	15500	0.079419355	0	TRUE	T:16408	C:1	16409	6.09E-05	1	FALSE	-1	8:124336666-124336894	Other	FALSE
256	SA092_8_133968160	SA092	8	133968160	8,133968160,C,G	A454G	TG	8q24		C:35512	G:3571	39083	0.091369649	0	TRUE	C:30432	A:72	30504	0.002360346	0.007559387	FALSE	1	8:133968129-133968345	Other	FALSE
257	SA092_8_72408913	SA092	8	72408913	8,72408913,C,T	G59R	EYA1	8q13.3		C:176	T:18	194	0.092783505	1.32E-21	TRUE	C:200	N:0	200	0	1	FALSE	-1	8:72408874-72409169	Other	FALSE
258	SA092_9_134543854	SA092	9	134543854	9,134543854,C,T	L343F	GTF3C4	9q34.13		C:31918	T:9049	40967	0.220885103	0	TRUE	C:30771	T:3	30774	9.75E-05	1	FALSE	1	9:134543818-134544041	Other	FALSE
259	SA092_9_6003794	SA092	9	6003794	9,6003794,T,G	D605A	RANBP6	9p24.1		T:29996	G:6848	36844	0.185864727	0	TRUE	T:41358	C:4	41362	9.67E-05	1	FALSE	-1	9:6003756-6003982	Other	FALSE
260	SA092_9_74721810	SA092	9	74721810	9,74721810,C,A	G294V	ALDH1A1	9q21.13		C:372	A:54	426	0.126760563	3.51E-72	TRUE	C:513	G:1	514	0.001945525	1	FALSE	-1	9:74721785-74722002	Other	FALSE
261	SA092_X_134310794	SA092	X	134310794	X,134310794,G,C	V150L	ZNF449	Xq26.3		G:26460	C:11992	38452	0.311869344	0	TRUE	G:42858	A:19	42877	0.000443128	1	FALSE	1	X:134310755-134310989	Other	FALSE
262	SA093_16_56555940	SA093	16	56555940	16,56555940,G,C	E57	CNGB1		COMPBias // 23 // 63 // Glu-rich.	C:348276	A:44755	393031	0.113871425	0	TRUE	C:832788	G:93	832881	0.000111661	1	FALSE	-1	16:56555905-56556121	Basal	FALSE
263	SA093_17_41677901	SA093	17	41677901	17,41677901,G,A		LOC644253			G:151692	A:51998	203690	0.255280082	0	TRUE	G:278078	A:457	278535	0.001640727	1	FALSE	1	17:41677879-41678182	Basal	FALSE
264	SA093_19_9439834	SA093	19	9439834	19,9439834,T,G	K263N	ZNF560	19p13.2		T:52747	G:166825	219572	0.759773559	0	TRUE	T:232581	C:19	232600	8.17E-05	1	FALSE	-1	19:9439799-9440024	Basal	FALSE
265	SA094_1_10444262	SA094	1	10444262	1,10444262,C,T	E290K	DFFA	1p36.3-p36.2	CONFLICT // 291 // 291 // R->W (in Ref. 7; AAH07721). /// HELIX // 279 // 297 // MOTIF // 89 // 96 // Cysteine switch (By similarity). /// PROPEP // 18 // 98 // Activation peptide (By similarity).	C:478568	T:141050	619618	0.227640256	0	TRUE	C:466135	G:423	466558	0.00090664	1	FALSE	-1	1:10444221-10444451	Other	FALSE
266	SA094_11_102080536	SA094	11	102080536	11,102080536,C,A	D95Y	MMP27	11q24		C:319674	A:209217	528891	0.395576782	0	TRUE	C:312954	A:30	312984	9.59E-05	1	FALSE	-1	11:102080506-102080725	Other	FALSE
267	SA094_12_10974566	SA094	12	10974566	12,10974566,C,T	Q47	PRH2	12p13.2	REGION // 17 // 46 // Inhibits hydroxyapatite formation, binds to hydroxyapatite and calcium.	C:129157	T:26399	155556	0.169707372	0	TRUE	C:245893	A:25	245918	0.00010166	1	FALSE	1	12:10974534-10974758	Other	FALSE
268	SA094_12_14986817	SA094	12	14986817	12,14986817,G,C	T171R	ARHGDIB	12p12.3	CONFLICT // 169 // 170 // RG->QD (in Ref. 3; L07916). /// STRAND // 170 // 179 //	G:523813	C:48100	571913	0.084103701	0	TRUE	G:630485	A:220	630705	0.000348816	1	FALSE	-1	12:14986789-14986999	Other	FALSE
269	SA094_16_29910133	SA094	16	29910133	16,29910133,C,G	P738A	TAOK2	16p11.2		C:237487	G:47595	285082	0.166951965	0	TRUE	C:213397	G:46	213443	0.000215514	1	FALSE	1	16:29910104-29910370	Other	FALSE
270	SA096_10_129797629	SA096	10	129797629	10,129797629,T,A	D822V	MKI67	10q25-qter		T:376077	A:84702	460779	0.183823482	0	TRUE	T:316055	C:31	316086	9.81E-05	1	FALSE	-1	10:129797589-129797812	Other	FALSE
271	SA096_10_53701144	SA096	10	53701144	10,53701144,C,T	T386M	PRKG1		DOMAIN // 360 // 619 // Protein kinase.	C:254372	T:43240	297612	0.14528984	0	TRUE	C:295330	G:107	295437	0.000362175	1	FALSE	1	10:53701115-53701341	Other	FALSE
272	SA096_11_75884979	SA096	11	75884979	11,75884979,C,G	T394S	C11orf30	11q13.5	COMPBias // 395 // 464 // Gln-rich. /// REGION // 1 // 478 // Interaction with BRCA2.	C:149840	G:34199	184039	0.185824744	0	TRUE	C:269164	A:14	269178	5.20E-05	1	FALSE	1	11:75884943-75885162	Other	FALSE
273	SA096_1_29504508	SA096	1	29504508	1,29504508,T,C	I944T	PTPRU	1p35.3-p35.1	DOMAIN // 888 // 1144 // Tyrosine-protein phosphatase 1. /// TOPO_DOM // 771 // 1446 // Cytoplasmic (Potential).	T:317971	C:54343	372314	0.14596013	0	TRUE	T:385589	C:32	385621	8.30E-05	1	FALSE	1	1:29504468-29504700	Other	FALSE
274	SA096_1_97317256	SA096	1	97317256	1,97317256,G,T	T981N	DPYD	1p22	DOMAIN // 978 // 1007 // 4Fe-4S ferredoxin-type 3.	G:425457	T:88990	514447	0.172981862	0	TRUE	G:480107	A:48	480155	1.00E-04	1	FALSE	-1	1:97317064-97317286	Other	FALSE
275	SA096_3_126433960	SA096	3	126433960	3,126433960,G,A	S767L	ZNF148	3q21		G:202002	A:35444	237446	0.149271834	0	TRUE	G:190948	A:25	190973	0.000130909	1	FALSE	-1	3:126433920-126434155	Other	FALSE
276	SA096_6_26297071	SA096	6	26297071	6,26297071,G,A		HIST1H4D	6p21.3		G:247995	A:71101	319096	0.222820092	0	TRUE	G:200568	A:14	200582	6.98E-05	1	FALSE	-1,1	6:26297035-26297263	Other	FALSE
277	SA096_X_107325009	SA096	X	107325009	X,107325009,G,A	P304S	COL4A6	Xq22	REGION // 47 // 1463 // Triple-helical region.	G:96499	A:5693	102192	0.055708862	0	TRUE	G:163175	T:179	163354	0.00109578	1	FALSE	-1	X:107324968-107325206	Other	FALSE
278	SA097_10_61222751	SA097	10	61222751	10,61222751,G,A	T452M	CCDC6	10q21	MOTIF // 442 // 451 // SH3-binding (Potential).	G:101803	A:36243	138046	0.26254292	0	TRUE	G:221153	A:115	221268	0.000519732	1	FALSE	-1	10:61222715-61222942	Basal	FALSE
279	SA097_10_6593160	SA097	10	6593160	10,6593160,T,A	N41Y	PRKCQ	10p15	DOMAIN // 8 // 123 // C2. /// STRAND // 42 // 52 //	T:282518	A:19180	301698	0.063573507	0	TRUE	T:267281	C:16	267297	5.99E-05	1	FALSE	-1	10:6593120-6593342	Basal	FALSE
280	SA097_10_74726871	SA097	10	74726871	10,74726871,G,C	L597V	TTC18	10q22.2		G:39688	C:3215	42903	0.074936485	0	TRUE	G:14760	A:1	14761	6.77E-05	1	FALSE	-1	10:74726839-74727055	Basal	FALSE
281	SA097_11_124048789	SA097	11	124048789	11,124048789,C,A	G9V	SIAE	11q24	SIGNAL // 1 // 23 // Potential.	C:45171	A:26035	71206	0.365629301	0	TRUE	C:68332	T:48	68380	0.00070196	1	FALSE	-1	11:124048766-124049026	Basal	FALSE
282	SA097_1_154973152	SA097	1	154973152	1,154973152,G,T	E471	C1orf66	1q23.1		G:133699	T:28691	162390	0.176679598	0	TRUE	G:111849	C:4	111853	3.58E-05	1	FALSE	1	1:154973114-154973389	Basal	FALSE
283	SA097_1_194913255	SA097	1	194913255	1,194913255,C,A	P152T	CFH	1q32	DISULFID // 146 // 192 // By similarity. /// DOMAIN // 144 // 207 // Sushi 3.	C:529407	A:81460	610867	0.13335145	0	TRUE	C:458272	A:45	458317	9.82E-05	1	FALSE	1	1:194913228-194913447	Basal	FALSE
284	SA097_1_233412510	SA097	1	233412510	1,233412510,T,A	R783W	ARID4B	1q42.1-q43		T:51213	A:43839	95052	0.461210706	0	TRUE	T:49477	C:4	49481	8.08E-05	1	FALSE	-1	1:233412314-233412542	Basal	FALSE
285	SA097_1_241571003	SA097	1	241571003	1,241571003,C,T	Q421	SDCCAG8	1q43-q44	REGION // 216 // 713 // Sufficient for homodimerization (By similarity). /// COILED // 348 // 707 // Potential.	C:81353	T:4488	85841	0.052282709	0	TRUE	C:56505	G:6	56511	0.000106174	1	FALSE	1	1:241570976-241571195	Basal	FALSE
286	SA097_1_3340153	SA097	1	3340153	1,3340153,C,G	S1250C	PRDM16	1p36.23-p33	REGION // 739 // 1276 // Mediates interaction with SKI and regulation of TGF-beta signaling.	C:40813	G:17868	58681	0.304493788	0	TRUE	C:232344	A:28	232372	0.000120496	1	FALSE	1	1:3340118-3340330	Basal	FALSE
287	SA097_19_15236428	SA097	19	15236428	19,15236428,C,G	K333N	BRD4	19p13.1		C:132533	G:38335	170868	0.224354472	0	TRUE	C:233174	G:168	233342	0.000719973	1	FALSE	-1	19:15236387-15236616	Basal	FALSE
288	SA097_21_39954498	SA097	21	39954498	21,39954498,C,G	P48A	B3GALT5	21q22.3	TOPO_DOM // 29 // 310 // Lumenal (Potential).	C:49710	G:55296	105006	0.52659848	0	TRUE	C:140106	A:21	140127	0.000149864	1	FALSE	1	21:39954458-39954682	Basal	FALSE
289</																									

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI			
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions,position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site				
									/// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 251 // 258 // /// VARIANT // 249 // 249 // R->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->I (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->N (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 249 // 249 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934571). /// VARIANT // 249 // 249 // R->T (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 250 // RP->SA (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 250 // RP->SS (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->F (in sporadic cancers; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 250 // 250 // P->H (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->N (in sporadic cancers; somatic mutation; requires																			
295	SA102_17_7518257	SA102	17	7518257	17,7518257,G,A	P250L	TP53	17p13.1		G:28050	A:12540	40590	0.308943089	0	TRUE	G:130928	T:100	131028	0.000763196	1	FALSE	-1	17:7518229-7518442	Other	FALSE			
296	SA102_1_77870651	SA102	1	77870651	1,77870651,G,C	A326G	ZZZ3	1p31.1		G:189716	C:38902	228618	0.17016158	0	TRUE	G:201700	T:161	201861	0.000797579	1	FALSE	-1	1:77870622-77870837	Other	FALSE			
297	SA102_18_58187037	SA102	18	58187037	18,58187037,G,T	D303Y	TNFRSF11A	18q22.1	TOPO_DOM // 234 // 616 // Cytoplasmic (Potential).	G:129955	T:9538	139493	0.068376191	0	TRUE	G:145403	A:6	145409	4.13E-05	1	FALSE	1	18:58186999-58187230	Other	FALSE			
298	SA102_19_43726103	SA102	19	43726103	19,43726103,C,A	A3957D	RYR1	19q13.1		C:38204	A:6798	45002	0.151059953	0	TRUE	C:214073	A:31	214104	0.000144789	1	FALSE	1	19:43726068-43726279	Other	FALSE			
299	SA102_20_33804795	SA102	20	33804795	20,33804795,G,A		LOC729608			G:266175	A:18773	284948	0.065882196	0	TRUE	G:249154	T:17	249171	6.82E-05	1	FALSE	1	20:33804757-33804984	Other	FALSE			
300	SA102_2_128655089	SA102	2	128655089	2,128655089,C,A	D1352E	UGCG1	2q14.3	REGION // 1244 // 1555 // Glucosyltransferase (By similarity).	C:2899	A:267	3166	0.084333544	0	TRUE	C:658	N:0	658	0	1	FALSE	1	2:128655054-128655321	Other	FALSE			
301	SA102_2_157824290	SA102	2	157824290	2,157824290,G,A	A484T	GALNT5	2q24.1	TOPO_DOM // 36 // 940 // Luminal (Potential).	G:217338	A:51132	268470	0.190457034	0	TRUE	G:256825	T:37	256862	0.000144046	1	FALSE	1	2:157824265-157824480	Other	FALSE			
302	SA102_2_196301188	SA102	2	196301188	2,196301188,T,C	L736P	SLC39A10	2q32.3	TRANSMEM // 732 // 752 // Helical; (Potential).	T:35087	C:7026	42113	0.166836844	0	TRUE	T:21094	C:8	21102	0.000379111	1	FALSE	1	2:196300955-196301224	Other	FALSE			
303	SA102_2_219028629	SA102	2	219028629	2,219028629,C,A	D924Y	USP37	2q35		C:101071	A:13474	114545	0.117630626	0	TRUE	C:104605	T:10	104615	9.56E-05	1	FALSE	-1	2:219028597-219028833	Other	FALSE			
304	SA103_14_52592175	SA103	14	52592175	14,52592175,C,T	R733Q	DDHD1	14q21	DOMAIN // 611 // 886 // DDHD.	C:42473	T:3692	46165	0.079974006	0	TRUE	C:32231	T:3	32234	9.31E-05	1	FALSE	-1	14:52592137-52592369	Other	FALSE			
305	SA103_18_59412578	SA103	18	59412578	18,59412578,A,T	K161M	SERPINB13	18q21.3-q22		A:335	T:193	528	0.365530303	0	TRUE	A:284	T:4	288	0.013888889	0.000849483	1	FALSE	1	18:59412541-59412771	Other	FALSE		
306	SA103_19_61061413	SA103	19	61061413	19,61061413,C,T	P281L	NLRP4	19q13.42	DOMAIN // 149 // 472 // NACHT.	C:130917	T:11652	142569	0.081728847	0	TRUE	C:167359	A:17	167376	0.000101568	1	FALSE	1	19:61061386-61061593	Other	FALSE			
307	SA106_10_21138777	SA106	10	21138777	10,21138777,C,G	D859H	NEBL	10p12	REGION // 836 // 953 // Linker.	C:88794	G:10372	99166	0.1045923	0	TRUE	C:25326	G:3	25329	0.000118441	1	FALSE	-1	10:21138740-21138971	Basal	FALSE			
308	SA106_10_26476372	SA106	10	26476372	10,26476372,T,C	Y838F	MYO3A	10p11.1	DOMAIN // 340 // 1041 // Myosin head-like.	A:24333	T:1834	26167	0.070088279	0	TRUE	A:21507	C:8	21515	0.000371834	1	FALSE	1	10:26476155-26476401	Basal	FALSE			
309	SA106_10_38409386	SA106	10	38409386	10,38409386,G,T		LOC340947			G:64072	T:3857	67929	0.056779873	0	TRUE	G:59554	A:23	59577	0.000386055	1	FALSE	-1	10:38409358-38409712	Basal	FALSE			
310	SA106_10_79286579	SA106	10	79286579	10,79286579,T,C	I151V	DLG5	10q23		T:18169	C:2501	20670	0.120996613	0	TRUE	T:50716	A:7	50723	0.000138004	1	FALSE	-1	10:79286547-79286762	Basal	FALSE			
311	SA106_1_108099595	SA106	1	108099595	1,108099595,A,G	F384L	VAV3	1p13.3		A:98359	G:19268	117627	0.163805929	0	TRUE	A:84169	G:13	84182	0.000154427	1	FALSE	-1	1:108099406-108099635	Basal	FALSE			
312	SA106_1_111758956	SA106	1	111758956	1,111758956,G,T	P564T	OVGP1	1p13		G:77219	T:22114	99333	0.222624908	0	TRUE	G:121744	T:30	121774	0.000246358	1	FALSE	-1	1:111758916-111759139	Basal	FALSE			
313	SA106_1_117369722	SA106	1	117369722	1,117369722,C,A	R833S	IGSF2	1p13	DISULFID // 834 // 909 // By similarity. /// DOMAIN // 808 // 925 // Ig-like C2-type 7. /// TOPO_DOM // 21 // 954 // Extracellular (Potential).	C:64217	A:25409	89626	0.283500324	0	TRUE	C:231339	G:63	231402	0.000272253	1	FALSE	1	1:117369693-117369906	Basal	FALSE			
314	SA106_1_143590426	SA106	1	143590426	1,143590426,G,C	L1461V	PDE4DIP	1q12		G:86599	C:9497	96096	0.098828255	0	TRUE	G:266141	A:36	266177	0.000135248	1	FALSE	-1	1:143590402-143590612	Basal	FALSE			
315	SA106_1_149329621	SA106	1	149329621	1,149329621,T,G	L75W	MGC29891	1q21.2	REPEAT // 70 // 99 // ANK 3.	T:148925	G:13467	162392	0.082928962	0	TRUE	T:187385	C:23	187408	0.000122727	1	FALSE	1	1:149329589-149329814	Basal	FALSE			
316	SA106_1_153305951	SA106	1	153305951	1,153305951,G,C	D79H	EFNA4	1q21-q22	DISULFID // 58 // 99 // By similarity.	G:10166	T:10751	0.054413543		0	TRUE	G:31472	T:24	31496	0.000762002	1	FALSE	1	1:153305923-153306131	Basal	FALSE			
317	SA106_1_153717317	SA106	1	153717317	1,153717317,C,G	L656F	ASH1L	1q22		C:19910	G:5469	25379	0.215493124	0	TRUE	C:2098	T:1	2099	0.000476417	1	FALSE	-1	1:153717277-153717504	Basal	FALSE			
318	SA106_1_155822704	SA106	1	155822704	1,155822704,C,T	R338H	FCRL4	1q21	DISULFID // 310 // 359 // By similarity. /// DOMAIN // 275 // 374 // Ig-like C2-type 4. /// TOPO_DOM // 20 // 387 // Extracellular (Potential).	C:63782	T:11486	75268	0.152601371	0	TRUE	C:149967	A:29	149996	0.000193338	1	FALSE	-1	1:155822680-155822892	Basal	FALSE			
319	SA106_1_156591873	SA106	1	156591873	1,156591873,T,G	L172R	CD1E	1q22-q23		T:37568	G:8601	46169	0.186293834	0	TRUE	T:10862	G:10	10872	0.000919794	1	FALSE	1	1:156591845-156592063	Basal	FALSE			
320	SA106_1_158860520	SA106	1	158860520	1,158860520,C,A	L260F	SLAMF1	1q22-q23	TOPO_DOM // 259 // 335 // Cytoplasmic (Potential).	C:34783	A:5067	39850	0.127151819	0	TRUE	C:60590	A:13	60603	0.000214511	1	FALSE	-1	1:158860495-158860701	Basal	FALSE			
321	SA106_1_160823934	SA106	1	160823934	1,160823934,C,G	R294G	UAP1	1q23.3	STRAND // 291 // 295 //	C:33039	G:3267	36306	0.089985126	0	TRUE	C:4747	T:2	4749	0.000421141	1	FALSE	1	1:160823905-160824122	Basal	FALSE			
322	SA106_1_176678808	SA106	1	176678808	1,176678808,A,G	K287E	RASAL2	1q24		A:151540	G:41885	193425	0.21654388	0	TRUE	A:150891	T:16	150907	0.000106026	1	FALSE	1	1:176678771-176679001	Basal	FALSE			
323	SA106_12_100547397	SA106	12	100547397	12,100547397,A,C	N53T	MYBPC1	12q23.2		A:30727	C:9245	39972	0.231286901	0	TRUE	A:26441	C:3	26444	0.000113447	1	FALSE	1	12:100547356-100547594	Basal	FALSE			
324	SA106_1_226945851	SA106	1	226945851	1,226945851,T,C	I173T	RHOJ	1q42.11-q42.3	HELIX // 169 // 176 //	T:56497	C:9218	65715	0.140272388	0	TRUE	T:57639	A:6	57645	0.000104085	1	FALSE	1	1:226945813-226946034	Basal	FALSE			
325	SA106_12_7791199	SA106	12	7791199	12,7791199,C,T	E5K	CLEC4C	12p13.2-p12.3	TOPO_DOM // 1 // 21 // Cytoplasmic (Potential).	C:49182	T:21930	71112	0.30838677	0	TRUE	C:118419	T:14	118433	0.00011821	1	FALSE	-1	12:7791162-7791389	Basal	FALSE			
326	SA106_1_43165379	SA106	1	43165379	1,43165379,A,G	F467L	SLC2A1	1p35-p31.3	HELIX // 431 // 470 // /// TOPO_DOM // 451 // 492 // Cytoplasmic (Potential).	A:67032	G:19166	86198	0.222348546	0	TRUE	A:113303	G:2	113305	1.77E-05	1	FALSE	-1	1:43165342-43165569	Basal	FALSE			
327	SA106_1_46257859	SA106	1	46257859	1,46257859,A,G	H398R	MAST2	1p34.1		A:75690	G:6439	82129	0.078401052	0	TRUE	A:80376	C:27	80403	0.000335808	1	FALSE	1	1:46257819-46258046	Basal	FALSE			
328	SA106_1_53331806	SA106	1	53331806	1,53331806,G,A	R238C	SLC1A7	1p32.3	TRANSMEM // 217 // 237 // Helical; (Potential).	G:22859	A:8440	31299	0.269657178	0	TRUE	G:41514	A:8	41522	0.000192669	1	FALSE	-1	1:53331766-53331991	Basal	FALSE			
329	SA106_15_38908002	SA106	15	38908002	15,38908002,C,G	D44H	PPP1R14D	15q15.1		C:59905	G:29921	89826	0.333099548	0	TRUE	C:191465	A:58	191523	0.000302836	1	FALSE	-1	15:38907979-38908190	Basal	FALSE			
330	SA106_1_55295718	SA106	1	55295718	1,55295718,T,G	C375G	PSCK9	1p32.3	DOMAIN // 161 // 431 // Peptidase S8. /// VARIANT // 374 // 374 // D->H (in FH3). /// VARIANT // 374 //	T:19810	G:1959	21769	0.08990353	0	TRUE	T:100431	G:16	100447	0.000159288	1	FALSE	1	1:55295695-55295902	Basal	FALSE			
331	SA106_16_30983101	SA106	16	30983101	16,30983101,C,G	E61Q	ZNF668	16p11.2		C:11724	G:2773	14497	0.191280955	0	TRUE	C:100203	T:45	100248	0.000448887	1	FALSE	-1	16:30983076-30983281	Basal	FALSE			
332	SA106_17_21260231	SA106	17	21260231	17,21260231,G,T	E328D	KCNJ12	17p11.1	TOPO_DOM // 180 // 433 // Cytoplasmic (By similarity).	G:87389	T:25477	112866	0.225727854	0	TRUE	G:162731	T:44	162775	0.000270312	1	FALSE	1	17:21260201-21260440	Basal	FALSE			
333	SA106_17_30826303	SA106	17	30826303	17,30826303,T,G	T539P	SIFN12L			T:10524	G:1822	12346	0.147578163	0	TRUE	T:1285	G:9	1294	0.006955178	0.256854705	FALSE	-1	17:30826108-30826334	Basal	FALSE			
334	SA106_1_85348366	SA106	1	85348366	1,85348366,G,C	K582N	WDR63	1p22.3		G:52643	C:7110	59753	0.118989842	0	TRUE	G:36473	T:3	364										

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI	
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site	
343	SA210_16_69155377	SA210	16	69155377	16,69155377,A,G	N796D	SF3B3	16q22.1		A:562611	G:172894	735505	0.235068422	0	TRUE	A:652039	G:45	652084	6.90E-05	1	FALSE		1	16:69155347-69155571	Other	FALSE
344	SA210_18_58029396	SA210	18	58029396	18,58029396,G,C	S186C	KIAA1468	18q21.33	MOD_RES // 186 // 186 // Phosphoserine.	C:672468	G:214814	887282	0.242103412	0	TRUE	C:875294	T:142	875436	0.000162205	1	FALSE		1	18:58029369-58029645	Other	FALSE
345	SA212_1_153715217	SA212	1	153715217	1,153715217,C,A	M1356I	ASHIL	1q22	DNA_BIND // 1347 // 1359 // A.T hook 2.	C:521308	A:50492	571800	0.088303603	0	TRUE	C:619610	T:47	619657	7.58E-05	1	FALSE		-1	1:153715192-153715413	Basal	FALSE
346	SA212_1_222558171	SA212	1	222558171	1,222558171,C,G	K279N	NVL	1q41-q42.2		C:245577	G:68036	313613	0.216942537	0	TRUE	C:265916	A:114	266030	0.000428523	1	FALSE		-1	1:222558148-222558365	Basal	FALSE
347	SA212_12_94892152	SA212	12	94892152	12,94892152,C,A	E655	HAL	12q22-q24.1		C:224798	A:33396	258194	0.129344601	0	TRUE	C:174840	T:27	174867	0.000154403	1	FALSE		-1	12:94891938-94892185	Basal	FALSE
348	SA212_1_35353064	SA212	1	35353064	1,35353064,T,G	F1016V	ZMYM1	1p34.3		T:115615	G:46266	161881	0.285802534	0	TRUE	T:78043	G:75	78118	0.000960086	1	FALSE		1	1:35353025-35353258	Basal	FALSE
349	SA212_17_43984468	SA212	17	43984468	17,43984468,G,A	S123F	HOBX3	17q21.3		G:67939	A:29742	97681	0.304480912	0	TRUE	G:224384	T:27	224411	0.000120315	1	FALSE		-1	17:43984438-43984646	Basal	FALSE
350	SA212_18_9547358	SA212	18	9547358	18,9547358,G,C	A684G	PPP4R1	18p11.22		G:270541	C:27198	297739	0.091348463	0	TRUE	G:165842	T:77	165919	0.000464082	1	FALSE		-1	18:9547328-9547555	Basal	FALSE
351	SA212_2_238926209	SA212	2	238926209	2,238926209,C,A	S485	TRAF3IP1	2q37.3	REGION // 223 // 691 // DISC1-interaction domain.	C:716699	A:48918	765617	0.063893566	0	TRUE	C:880164	A:161	880325	0.000182887	1	FALSE		1	2:238926027-238926234	Basal	FALSE
352	SA212_2_38830681	SA212	2	38830681	2,38830681,G,A	A63V	SFRS7	2p22.1	DOMAIN // 11 // 84 // RRM. /// HELIX // 57 // 69 //	G:70693	A:8711	79404	0.109704801	0	TRUE	G:84722	T:94	84816	0.001108281	1	FALSE		-1	2:38830650-38830878	Basal	FALSE
353	SA212_2_65285852	SA212	2	65285852	2,65285852,G,T		LOC729317			G:161988	T:12126	174114	0.069644026	0	TRUE	G:287244	T:200	287444	0.000695788	1	FALSE		1	2:65285815-65286046	Basal	FALSE
354	SA212_2_69027880	SA212	2	69027880	2,69027880,G,T	S73Y	GKN2	2p14	DOMAIN // 54 // 151 // BRICHOS.	G:1390	T:93	1483	0.062710722	4.88E-100	TRUE	G:4811	T:3	4814	0.000623182	1	FALSE		-1	2:69027839-69028074	Basal	FALSE
355	SA212_3_150409853	SA212	3	150409853	3,150409853,C,G	D206H	CP	3q23-q25	DOMAIN // 20 // 357 // F5/8 type A 1. /// STRAND // 205 // 210 //	C:664	G:103	767	0.134289439	1.03E-145	TRUE	C:1269	N:0	1269	0	1	FALSE		-1	3:150409818-150410039	Basal	FALSE
356	SA212_3_187772717	SA212	3	187772717	3,187772717,C,G	L70V	DNAJB11	3q27.3	DOMAIN // 25 // 90 // 1.	C:269086	G:19854	288940	0.068713228	0	TRUE	C:394754	G:35	394789	8.87E-05	1	FALSE		1	3:187772692-187772901	Basal	FALSE
357	SA213_1_143642856	SA213	1	143642856	1,143642856,C,A	R70R	PDE4DIP	1q12		C:526388	A:95479	621867	0.153536045	0	TRUE	C:1123591	T:110	1123701	9.79E-05	1	FALSE		-1	1:143642676-143642883	Basal	FALSE
358	SA213_13_45620520	SA213	13	45620520	13,45620520,G,A	P316S	LCP1	13q14.3	DOMAIN // 106 // 379 // Actin-binding 1. /// DOMAIN // 264 // 375 // CH 2.	G:138609	A:26686	165295	0.161444669	0	TRUE	G:17591	T:13	17604	0.000738469	1	FALSE		-1	13:45620479-45620736	Basal	FALSE
359	SA213_17_36896299	SA213	17	36896299	17,36896299,G,C	P420R	KRT36	17q12-q21	REGION // 401 // 467 // Tail.	G:43731	C:321341	365072	0.88021267	0	TRUE	G:502886	C:40	502926	7.95E-05	1	FALSE		-1	17:36896266-36896485	Basal	FALSE
360	SA213_22_17504889	SA213	22	17504889	22,17504889,G,A	V328F	DGCR14	22q11.21 22q11.2		C:355042	G:47931	429973	0.174269082	0	TRUE	C:343818	A:85	343930	0.000247163	1	FALSE		-1	22:17504855-17505084	Basal	FALSE
361	SA214_10_116692481	SA214	10	116692481	10,116692481,G,A	R125Q	TRUB1	10q25.3		G:24064	A:3237	27301	0.118567085	0	TRUE	G:29111	T:12	29123	0.000412045	1	FALSE		1	10:116692453-116692672	Other	FALSE
362	SA214_10_14936159	SA214	10	14936159	10,14936159,C,T	A255V	HSPA14	10p13		C:902	T:562	1464	0.383879781	0	TRUE	C:593	T:2	595	0.003361345	1	FALSE		1	10:14935963-14936184	Other	FALSE
363	SA214_10_5878758	SA214	10	5878758	10,5878758,A,G	L76S	GD12	10p15		A:10504	G:989	11493	0.08605238	0	TRUE	A:10452	G:6	10458	0.000573723	1	FALSE		-1	10:5878730-5878972	Other	FALSE
364	SA214_10_76458349	SA214	10	76458349	10,76458349,G,A	R1254H	MYST4	10q22.2		G:25038	A:2339	27377	0.08543668	0	TRUE	G:42221	A:6	42227	0.000142089	1	FALSE		1	10:76458325-76458532	Other	FALSE
365	SA214_10_99190964	SA214	10	99190964	10,99190964,A,G	Y89H	EXOSC1	10q24	DOMAIN // 66 // 147 // S1 motif. /// STRAND // 80 // 89 //	A:18224	G:1874	20098	0.093243109	0	TRUE	A:24439	G:5	24444	0.000204549	1	FALSE		-1	10:99190935-99191154	Other	FALSE
366	SA214_11_101298622	SA214	11	101298622	11,101298622,C,T	R57C	KIAA1377	11q22.1	COILED // 49 // 121 // Potential.	C:794	T:54	848	0.063679245	8.05E-64	TRUE	C:1370	N:0	1370	0	1	FALSE		1	11:101298587-101298815	Other	FALSE
367	SA214_1_111694283	SA214	1	111694283	1,111694283,C,T	P141L	C1orf88	1p13.2		C:9689	T:1065	10754	0.099032918	0	TRUE	C:20416	A:7	20423	0.000342751	1	FALSE		1	1:111694256-111694468	Other	FALSE
368	SA214_11_12272375	SA214	11	12272375	11,12272375,C,T	A274V	MICALCL	11p15.3		C:26797	T:2388	29185	0.081282854	0	TRUE	C:33237	A:2	33239	6.02E-05	1	FALSE		1	11:12272338-12272563	Other	FALSE
369	SA214_1_115064781	SA214	1	115064781	1,115064781,C,T	V652I	CSDE1	1p22	DOMAIN // 610 // 670 // CSD 8.	C:470	A:43	513	0.083820663	5.19E-56	TRUE	C:910	A:1	911	0.001097695	1	FALSE		-1	1:115064740-115065049	Other	FALSE
370	SA214_1_118410943	SA214	1	118410943	1,118410943,G,A	R830C	SPAG17	1p12		G:28205	A:4328	32533	0.13303415	0	TRUE	G:33818	A:12	33830	0.000354715	1	FALSE		-1	1:118410902-118411128	Other	FALSE
371	SA214_1_153848652	SA214	1	153848652	1,153848652,C,T	A245V	MSTO1	1q22		C:9087	T:798	9885	0.080728376	0	TRUE	C:18688	A:15	18703	0.00080201	1	FALSE		1	1:153848624-153848838	Other	FALSE
372	SA214_1_154509818	SA214	1	154509818	1,154509818,C,T	E198K	SMG5	1q21.2		C:25754	T:7125	32879	0.216703671	0	TRUE	C:29420	G:20	29440	0.000679348	1	FALSE		-1	1:154509777-154510007	Other	FALSE
373	SA214_11_60397288	SA214	11	60397288	11,60397288,C,T	A397V	ZP1	11q12.2	DOMAIN // 279 // 553 // ZP. /// TOPO_DOM // 26 // 601 // Extracellular (Potential).	C:11862	T:2297	14159	0.162228971	0	TRUE	C:17101	A:4	17105	0.00023385	1	FALSE		1	11:60397254-60397475	Other	FALSE
374	SA214_11_60862100	SA214	11	60862100	11,60862100,C,T	R39C	DAK	11q12.2	DOMAIN // 9 // 336 // DhaK.	C:8385	T:1214	9599	0.126471507	0	TRUE	C:26406	T:4	26410	0.000151458	1	FALSE		1	11:60861910-60862125	Other	FALSE
375	SA214_11_6369893	SA214	11	6369893	11,6369893,G,A	R339H	SMPD1	11p15.4-p15.1		G:17894	A:2419	20313	0.119086299	0	TRUE	G:41803	A:17	41820	0.000406504	1	FALSE	-1,1	1	11:6369870-6370088	Other	FALSE
376	SA214_1_66039976	SA214	11	66039976	11,66039976,G,A	R196Q	BBS1	11q13.1		G:28821	A:1948	30769	0.063310475	0	TRUE	G:36176	A:14	36190	0.000386847	1	FALSE		1	11:66039948-66040171	Other	FALSE
377	SA214_1_169227967	SA214	1	169227967	1,169227967,C,T	A356V	C1orf129	1q24.3		C:18423	T:3685	22108	0.166681744	0	TRUE	C:25197	A:5	25202	0.000198397	1	FALSE		1	1:169227930-169228154	Other	FALSE
378	SA214_11_76504975	SA214	11	76504975	11,76504975,G,A	V317M	CAPN5	11q14	DOMAIN // 26 // 343 // Calpain catalytic.	G:15647	A:2129	17776	0.119768227	0	TRUE	G:34208	A:41	34249	0.001197115	1	FALSE		1	11:76504934-76505157	Other	FALSE
379	SA214_1_184595642	SA214	1	184595642	1,184595642,G,A	A434V	TPR	1q25	COILED // 423 // 602 // Potential.	G:3154	A:268	3422	0.078316774	0	TRUE	G:4321	C:1	4322	0.000231374	1	FALSE		-1	1:184595605-184595855	Other	FALSE
380	SA214_1_196988445	SA214	1	196988445	1,196988445,G,A	V1142I	PTPRC	1q31-q32	DOMAIN // 942 // 1226 // Tyrosine-protein phosphatase 2. /// HELIX // 1132 // 1143 // /// TOPO_DOM // 598 // 1304 // Cytoplasmic (Potential).	G:8990	A:589	9579	0.061488673	0	TRUE	G:8066	A:2	8068	0.000247893	1	FALSE		1	1:196988415-196988671	Other	FALSE
381	SA214_1_199327743	SA214	1	199327743	1,199327743,C,T	R174Q	CACNA15	1q32	REPEAT // 38 // 337 // 1. /// TRANSMEM // 161 // 179 // Helical; Name=S4 of repeat 1 (Potential).	C:15525	T:4754	20279	0.234429706	0	TRUE	C:21827	T:3	21830	0.000137426	1	FALSE		-1	1:199327709-199327932	Other	FALSE
382	SA214_1_202484598	SA214	1	202484598	1,202484598,G,A	R600C	PLEKHA6	1q32.1		G:15439	A:1360	16799	0.0809572	0	TRUE	G:20420	T:12	20432	0.000587314	1	FALSE	-1,-1	1	1:202484559-202484780	Other	FALSE
383	SA214_1_203547495	SA214	1	203547495	1,203547495,A,G	S105P	NUAK2	1q32.1	DOMAIN // 53 // 303 // Protein kinase.	A:6958	G:836	7794	0.107261996	0	TRUE	A:26854	C:46	26900	0.001710037	0.024482095			-1	1:203547469-203547676	Other	FALSE
384	SA214_1_210256929	SA214	1	210256929	1,210256929,C,T	R144H	INTS7	1p36.13-q42.3		G:7297	T:816	8113	0.100579317	0	TRUE	T:7										

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
412	SA214_15_46872851	SA214	15	46872851	15,46872851,C,T	R264H	CEP152	15q21.1	COILED // 234 // 490 // Potential. /// VARIANT // 265 // 265 // Q->P (in MCPH4).	C:8847	T:723	9570	0.075548589	0	TRUE	C:11664	A:5	11669	0.000428486	1	FALSE	-1	15:46872661-46872892	Other	FALSE
413	SA214_15_48327801	SA214	15	48327801	15,48327801,C,T	R358H	HDC	15q21-q22		C:13474	T:1328	14802	0.089717606	0	TRUE	C:30684	T:10	30694	0.000325797	1	FALSE	-1	15:48327774-48327988	Other	FALSE
414	SA214_15_54513654	SA214	15	54513654	15,54513654,G,A	R415C	MNS1	15q21.3		G:9508	A:663	10171	0.065185331	0	TRUE	G:15048	T:5	15053	0.00033216	1	FALSE	-1,1	15:54513626-54513844	Other	FALSE
415	SA214_15_73285788	SA214	15	73285788	15,73285788,A,G	S116G	C15orf39	15q24.2		A:13641	G:925	14566	0.063504051	0	TRUE	A:26527	C:2	26529	7.54E-05	1	FALSE	1	15:73285755-73285984	Other	FALSE
416	SA214_16_23009557	SA214	16	23009557	16,23009557,G,A	T435I	USP31	16p12.1		G:2566	A:224	2790	0.080286738	1.11E-287	TRUE	G:2265	N:0	2265	0	1	FALSE	-1	16:23009523-23009873	Other	FALSE
417	SA214_16_2446774	SA214	16	2446774	16,2446774,G,A	V705Y	CCNF	16p13.3	REGION // 582 // 766 // PEST.	G:8850	A:651	9501	0.068519103	0	TRUE	G:22428	T:8	22436	0.00035657	1	FALSE	1	16:2446746-2446971	Other	FALSE
418	SA214_16_2751878	SA214	16	2751878	16,2751878,C,T	H450Y	SRRM2	16p13.3	COMPBias // 177 // 2731 // Ser-rich. /// MOD_RES // 449 // 449 // Phosphoserine.	C:30347	T:2848	33195	0.085796054	0	TRUE	C:39441	G:37	39478	0.000937231	1	FALSE	1	16:2751837-2752061	Other	FALSE
419	SA214_16_27670579	SA214	16	27670579	16,27670579,G,A	D1129N	KIAA0556	16p12.1-p11.2		G:12829	A:1199	14028	0.085471913	0	TRUE	G:33297	A:7	33304	0.000210185	1	FALSE	1	16:27670543-27670759	Other	FALSE
420	SA214_16_30958608	SA214	16	30958608	16,30958608,G,A	V293I	STX4	16p11.2	TRANSMEM // 276 // 296 // Helical; Anchor for type IV membrane protein; (Potential). /// REGION // 154 // 297 // Interaction with CENPF (By similarity).	G:3303	A:434	3737	0.116135938	0	TRUE	G:18031	A:4	18035	0.000221791	1	FALSE	1	16:30958570-30958785	Other	FALSE
421	SA214_16_3748891	SA214	16	3748891	16,3748891,G,A	R1112W	CREBBP	16p13.3	DOMAIN // 1103 // 1175 // Bromo.	G:21845	A:2581	24426	0.105666094	0	TRUE	G:29088	T:22	29110	0.000755754	1	FALSE	-1	16:3748850-3749088	Other	FALSE
422	SA214_1_64841079	SA214	1	64841079	1,64841079,T,A	F138Y	CACHD1	1p31.3	TOPO_DOM // 36 // 1095 // Extracellular (Potential).	T:8190	A:605	8795	0.068789085	0	TRUE	T:18066	G:3	18069	0.00016603	1	FALSE	1	1:64840886-64841113	Other	FALSE
423	SA214_16_60408995	SA214	16	60408995	16,60408995,G,A	P389L	CDH8	16q22.1	DOMAIN // 277 // 391 // Cadherin 3. /// TOPO_DOM // 62 // 621 // Extracellular (Potential).	G:25413	A:2333	27746	0.084084192	0	TRUE	G:30821	A:4	30825	0.000129765	1	FALSE	-1	16:60408957-60409188	Other	FALSE
424	SA214_16_65170268	SA214	16	65170268	16,65170268,A,G	I125V	CMTM1	16q21	DOMAIN // 17 // 135 // MARVEL. /// TRANSMEM // 110 // 130 // Helical; (Potential).	A:8266	G:804	9070	0.088643881	0	TRUE	A:20685	G:5	20690	0.000241663	1	FALSE	1	16:65170238-65170453	Other	FALSE
425	SA214_17_10383329	SA214	17	10383329	17,10383329,C,T	R445H	MYH2		DOMAIN // 1 // 786 // Myosin head-like.	C:14712	T:1026	15738	0.065192528	0	TRUE	C:17766	T:13	17779	0.0007312	1	FALSE	-1	17:10383290-10383560	Other	FALSE
426	SA214_17_35894708	SA214	17	35894708	17,35894708,G,A	R456	TNS4	17q21.2	DOMAIN // 449 // 556 // SH2.	G:9064	A:601	9665	0.062183135	0	TRUE	G:13054	A:3	13057	0.000229762	1	FALSE	-1	17:35894679-35894898	Other	FALSE
427	SA214_1_74442677	SA214	1	74442677	1,74442677,C,T	R120	FPGT	1p31.1		C:3839	T:208	4047	0.051396096	1.60E-226	TRUE	C:2171	A:2	2173	0.000920387	1	FALSE	1	1:74442638-74442894	Other	FALSE
428	SA214_17_59349494	SA214	17	59349494	17,59349494,C,T	A39T	GH1	17q24.2	CONFLICT // 40 // 40 // M->S (in Ref. 3; CAA23779). /// HELIX // 33 // 61 //	C:14213	T:2674	16887	0.158346657	0	TRUE	C:22229	T:5	22234	0.000224881	1	FALSE	-1	17:59349457-59349689	Other	FALSE
429	SA214_17_59645054	SA214	17	59645054	17,59645054,C,T	A86T	TEX2	17q23.3		C:19876	T:2588	22464	0.115206553	0	TRUE	C:28549	G:20	28569	0.00070006	1	FALSE	-1	17:59645013-59645234	Other	FALSE
430	SA214_17_62168247	SA214	17	62168247	17,62168247,C,T	A444V	PRKCA	17q22-q23.2	DOMAIN // 339 // 597 // Protein kinase.	C:14498	T:1232	15730	0.078321678	0	TRUE	C:30560	T:15	30575	0.000490597	1	FALSE	1	17:62168213-62168430	Other	FALSE
431	SA214_17_65683698	SA214	17	65683698	17,65683698,C,T	T308M	KCNJ2	17q23.1-q24.2	TOPO_DOM // 179 // 427 // Cytoplasmic (By similarity).	C:7781	T:410	8191	0.050054938	0	TRUE	C:12231	T:5	12236	0.00040863	1	FALSE	1	17:65683663-65683922	Other	FALSE
432	SA214_17_7518257	SA214	17	7518257	17,7518257,G,T	P250H	TP53	17p13.1	// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 251 // 258 // /// VARIANT // 249 // 249 // R->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->I (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->N (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 249 // 249 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934571). /// VARIANT // 249 // 249 // R->T (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 249 // R->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 250 // RP->SA (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 249 // 250 // RP->SS (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->F (in sporadic cancers; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 250 // 250 // P->H (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 250 // 250 // P->N (in sporadic cancers; somatic mutation; requires	G:7502	T:530	8032	0.065986056	0	TRUE	G:18987	T:9	18996	0.000473784	1	FALSE	-1	17:7518229-7518442	Other	FALSE
433	SA214_18_12496507	SA214	18	12496507	18,12496507,C,T	R314H	SPIRE1	18p11.21	DOMAIN // 305 // 323 // WH2 1.	C:1727	T:118	1845	0.06395664	9.82E-140	TRUE	C:2800	T:3	2803	0.001070282	1	FALSE	-1	18:12496481-12496724	Other	FALSE
434	SA214_18_14747912	SA214	18	14747912	18,14747912,C,T		ANKRD30B			T:5499	C:1140	6639	0.171712607	0	TRUE	T:6158	C:1	6159	0.000162364	1	FALSE	1	18:14747886-14748108	Other	FALSE
435	SA214_1_82145364	SA214	1	82145364	1,82145364,C,T	R50	LPHN2	1p31.1	DOMAIN // 41 // 130 // SUEL-type lectin. /// TOPO_DOM // 39 // 851 // Extracellular (Potential).	C:7948	T:680	8628	0.078813166	0	TRUE	C:15384	G:14	15398	0.000909209	1	FALSE	1	1:82145323-82145549	Other	FALSE
436	SA214_18_2903121	SA214	18	2903121	18,2903121,G,A	E961K	EMILIN2	18p11.3	DOMAIN // 901 // 1053 // C1q.	G:5555	A:601	6156	0.09762833	0	TRUE	G:20547	A:2	20549	9.73E-05	1	FALSE	1	18:2903094-2903311	Other	FALSE
437	SA214_18_8133737	SA214	18	8133737	18,8133737,G,A	V754M	PTPRM	18p11.2	TRANSMEM // 743 // 764 // Helical; (Potential).	G:11123	A:1129	12252	0.092148221	0	TRUE	G:13613	A:2	13615	0.000146897	1	FALSE	1	18:8133704-8133932	Other	FALSE
438	SA214_19_12637184	SA214	19	12637184	19,12637184,G,A	R140	MAN2B1	19cen-q13.1	DISULFID // 55 // 358 // By similarity.	G:13806	A:816	14622	0.055806319	0	TRUE	G:26678	A:5	26683	0.000187385	1	FALSE	-1	19:12637144-12637366	Other	FALSE
439	SA214_19_15886613	SA214	19	15886613	19,15886613,G,A	T403M	CYP4F11	19p13.1		G:19388	A:1965	21353	0.09202454	0	TRUE	G:28716	T:5	28721	0.000174089	1	FALSE	-1	19:15886590-15886797	Other	FALSE
440	SA214_19_18997028	SA214	19	18997028	19,18997028,G,A	H377Y	SFRS14	19p12		G:10496	A:849	11345	0.074834729	0	TRUE	G:15340	A:2	15342	0.000130361	1	FALSE	-1	19:18996845-18997065	Other	FALSE
441	SA214_19_47723105	SA214	19	47723105	19,47723105,C,A	G118	CEACAM1	19q13.2	DOMAIN // 35 // 142 // Ig-like V-type. /// STRAND // 118 // 126 // /// TOPO_DOM // 35 // 428 // Extracellular (Potential).	C:29178	A:2704	31882	0.084812747	0	TRUE	C:28591	T:2	28593	6.99E-05	1	FALSE	-1	19:47723067-47723312	Other	FALSE
442	SA214_19_56320311	SA214	19	56320311	19,56320311,C,T	R90	SIGLEC9	19q13.41	DISULFID // 36 // 170 // By similarity. /// DISULFID // 41 // 102 // By similarity. /// DOMAIN // 20 // 140 // Ig-like V-type. /// TOPO_DOM // 18 // 348 // Extracellular (Potential).	C:15454	T:1213	16667	0.072778544	0	TRUE	C:24426	G:25	24451	0.001022453	1	FALSE	1	19:56320289-56320503	Other	FALSE
443	SA214_19_57901480	SA214	19	57901480	19,57901480,T,C	N214D	ZNF611	19q13.41		T:10630	C:605	11235	0.053849577	0	TRUE	T:12505	A:1	12506	8.00E-05	1	FALSE	-1,-1	19:57901442-57901756	Other	FALSE
444	SA214_20_18091151	SA214	20	18091151	20,18091151,G,T	K411N	CSRP2BP	20p11.23		G:17981	T:1848	19829	0.093196833	0	TRUE	G:24459	T:10	24469	0.00040868	1	FALSE	1	20:18091112-18091332	Other	FALSE
445	SA214_20_35269150	SA214	20	35269150	20,35269150,G,A	E251K	RPN2	20q12-q13.1	TOPO_DOM // 23 // 540 // Lumenal (Potential).	G:7291	A:880	8171	0.107697956	0	TRUE	G:32208	T:17	32225	0.000527541	1	FALSE	1	20:35269121-35269334	Other	FALSE
446	SA214_20_35921775	SA214	20	35921775	20,35921775,C,T	R485C	CTNNB1	20q11.23-q12		C:11030	T:795	11825	0.067230444	0	TRUE	C:28792	G:13	28805	0.000451311	1	FALSE	1	20:35921746-35921967	Other	FALSE
447	SA214_20_42983716	SA214	20	42983716	20,42983716,G,A	R269H	PABPC1L		DOMAIN // 191 // 268 // RRM 3.	G:20873	A:2158	23031	0.093699796	0	TRUE	G:26344	T:3	26347	0.000113865	1	FALSE	1	20:42983521-42983749	Other	FALSE
448	SA214_2_100273205	SA214	2	100273205	2,100273205,G,A	R623C	LONRF2	2q11.2		G:17050	A:1208	18258	0.066162778	0	TRUE	G:11880	A:2	11882	0.000168322	1	FALSE	-1	2:100273170-100273387	Other	FALSE
449	SA214_2_108642549	SA214	2	108642549	2,108642549,G,T	A18V	LIMS1	2q12.3-q13	DOMAIN // 10 // 62 // LIM zinc-binding 1.	C:8713	T:579	9292	0.062311666	0	TRUE	C:10658	T:19	10677	0.001779526	0.328955117	FALSE	1	2:108642336-108642582	Other	FALSE
450	SA214_2_120516115	SA214	2	120516115	2,120516115,G,A	D82N	EPB41L5	2q14.2		G:34409	A:4640	39049	0.118825066	0	TRUE	G:30903	A:8	30911	0.000258808	1	FALSE	1	2:120516090-120516311	Other	FALSE
451	SA214_2_135461318	SA214	2	135461318	2,135461318,C	N532D	YSK4	2q21.3	DOMAIN // 43 // 327 // FERM.	T:17278	C:1202	18480	0.06504329	0	TRUE	T:18418	A:3	18421	0.000162858	1	FALSE	-1	2:135461282-135461506	Other	FALSE
452	SA214_2_144872415	SA214	2	14																					

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
456	SA214_2_201839615	SA214	2	201839615	2,201839615,T,C	L54S	CASP8	2q33-q34	DOMAIN // 2 // 80 // DED 1. /// PROPEP // 1 // 216 //	T:30447	C:2865	33312	0.086005043	0	TRUE	T:28045	A:3	28048	0.000106959	1	FALSE	1	2:201839589-201839810	Other	FALSE
457	SA214_2_206735527	SA214	2	206735527	2,206735527,C,T	A156V	EEF1B2	2q33-q34	HELIX // 155 // 164 //	C:13603	T:946	14549	0.065021651	0	TRUE	C:11425	A:12	11437	0.001049226	1	FALSE		2:206735331-206735566	Other	FALSE
458	SA214_2_218465974	SA214	2	218465974	2,218465974,G,A	R117	TNS1	2q35-q36	DOMAIN // 4 // 176 // Phosphatase tensin-type.	G:5257	A:519	5776	0.089854571	0	TRUE	G:14026	A:4	14030	0.000285103	1	FALSE	-1	2:218465948-218466162	Other	FALSE
459	SA214_22_20649678	SA214	22	20649678	22,20649678,G,A	R308C	TOP3B	22q11.22		G:7708	A:703	8411	0.083581025	0	TRUE	G:16017	T:2	16019	0.000124852	1	FALSE	-1	22:20649644-20649867	Other	FALSE
460	SA214_22_23048687	SA214	22	23048687	22,23048687,A,C	K580T	SPECC1L	22q11.23	COILED // 487 // 807 // Potential.	A:21446	C:2088	23534	0.088722699	0	TRUE	A:31316	G:2	31318	6.39E-05	1	FALSE	1,1	22:23048650-23048871	Other	FALSE
461	SA214_2_26852015	SA214	2	26852015	2,26852015,G,A	D168N	C2orf18	2p23.3		G:8515	A:1744	10259	0.169997076	0	TRUE	G:24812	A:7	24819	0.000282042	1	FALSE	1	2:26851991-26852211	Other	FALSE
462	SA214_2_74450876	SA214	2	74450876	2,74450876,G,T	R411H	DCTN1	2p13	COILED // 213 // 547 // Potential.	C:8970	T:1044	10014	0.104254044	0	TRUE	C:36406	G:10	36416	0.000274605	1	FALSE	-1	2:74450847-74451058	Other	FALSE
463	SA214_2_99088466	SA214	2	99088466	2,99088466,G,A	R113	TSGA10	2q11.2		G:7963	A:584	8547	0.068328068	0	TRUE	G:16521	A:3	16524	0.000181554	1	FALSE	-1	2:99088432-99088703	Other	FALSE
464	SA214_3_101547212	SA214	3	101547212	3,101547212,C,T	P144S	NIT2	3q12.2	DOMAIN // 4 // 270 // CN hydrolase. /// MOD_RES // 145 // 145 // Phosphotyrosine.	C:20317	T:3619	23936	0.151194853	0	TRUE	C:21201	A:4	21205	0.000188635	1	FALSE	1	3:101547178-101547403	Other	FALSE
465	SA214_3_102530016	SA214	3	102530016	3,102530016,G,A	R954	SEN7	3q12	HELIX // 946 // 965 // /// REGION // 760 // 1050 // Protease.	G:10004	A:655	10659	0.061450417	0	TRUE	G:4889	C:1	4890	0.000204499	1	FALSE	-1	3:102529982-102530207	Other	FALSE
466	SA214_3_19549987	SA214	3	19549987	3,19549987,C,T	R906W	KCNH8	3p24.3	TOPO_DOM // 470 // 1107 // Cytoplasmic (Potential).	C:24020	T:5559	29579	0.187937388	0	TRUE	C:33101	A:9	33110	0.000271821	1	FALSE	1	3:19549954-19550177	Other	FALSE
467	SA214_3_38773527	SA214	3	38773527	3,38773527,G,A	R360C	SCN10A	3p22-p21	REPEAT // 125 // 400 // I.	G:16258	A:3483	19741	0.176434831	0	TRUE	G:22999	A:2	23001	8.70E-05	1	FALSE	-1	3:38773491-38773711	Other	FALSE
468	SA214_4_120666183	SA214	4	120666183	4,120666183,T,G	N583T	PDE5A	4q25-q27	HELIX // 584 // 587 //	T:24325	G:2022	26347	0.07674498	0	TRUE	T:33353	G:28	33381	0.000838801	1	FALSE	-1	4:120666154-120666366	Other	FALSE
469	SA214_5_137055971	SA214	5	137055971	5,137055971,A,G	L143P	KLHL3	5q31		A:25506	G:3482	28988	0.12011867	0	TRUE	A:16622	C:18	16640	0.001081731	1	FALSE	-1	5:137055945-137056167	Other	FALSE
470	SA214_5_160045731	SA214	5	160045731	5,160045731,T,C	M135V	ATP10B		TOPO_DOM // 133 // 316 // Cytoplasmic (Potential).	T:24019	C:2084	26103	0.079837567	0	TRUE	T:29892	C:6	29898	0.000200682	1	FALSE	-1	5:160045705-160045942	Other	FALSE
471	SA215_10_105937160	SA215	10	105937160	10,105937160,G,T	L590M	C10orf79	10q25.1		G:2708	T:225	2933	0.076713263	0	TRUE	G:705	N:0	705	0	1	FALSE	-1	10:105937124-105937348	Other	FALSE
472	SA215_14_61281270	SA215	14	61281270	14,61281270,C,T	Q730	HIF1A	14q21-q24	REGION // 576 // 785 // ID.	C:146722	T:14602	161324	0.090513501	0	TRUE	C:86417	T:16	86433	0.000185114	1	FALSE	1	14:61281237-61281506	Other	FALSE
473	SA215_19_45272909	SA215	19	45272909	19,45272909,T,C	N427S	ZNF780A	19q13.2	ZN_FING // 417 // 439 // C2H2-type 10.	T:605043	C:32615	637658	0.051148108	0	TRUE	T:572648	G:68	572716	0.000118732	1	FALSE	-1	19:45272877-45273097	Other	FALSE
474	SA216_10_96008597	SA216	10	96008597	10,96008597,G,T	G1202V	PLCE1	10q23		G:501991	T:31855	533846	0.059670766	0	TRUE	G:388754	T:15	388769	3.86E-05	1	FALSE	1	10:96008557-96008794	Other	FALSE
475	SA216_11_32910153	SA216	11	32910153	11,32910153,C,G	P129R	QSER1	11p13	COMPIAS // 120 // 527 // Ser-rich.	C:216439	G:29010	245449	0.118191559	0	TRUE	C:255718	A:12	255730	4.69E-05	1	FALSE	1	11:32910116-32910346	Other	FALSE
476	SA216_11_36571820	SA216	11	36571820	11,36571820,G,T	R159S	RAG2	11p13		G:289411	T:30351	319762	0.09491747	0	TRUE	G:218809	A:43	218852	0.00019648	1	FALSE	-1	11:36571785-36572011	Other	FALSE
477	SA216_1_16331244	SA216	1	16331244	1,16331244,G,C	R743G	EPHA2	1p36	DOMAIN // 613 // 875 // Protein kinase. /// HELIX // 742 // 744 // /// TOPO_DOM // 559 // 976 // Cytoplasmic (Potential).	G:214466	C:16553	231019	0.071652115	0	TRUE	G:270873	T:62	270935	0.000228837	1	FALSE	-1	1:16331214-16331459	Other	FALSE
478	SA216_11_83354027	SA216	11	83354027	11,83354027,C,G	D292H	DLG2	11q14.1		C:79907	G:15049	94956	0.158483929	0	TRUE	C:67157	G:59	67216	0.000877767	0.680673881	FALSE	-1	11:83353986-83354224	Other	FALSE
479	SA216_14_49858012	SA216	14	49858012	14,49858012,G,C	W34C	ATP5S	14q22.1	TRANSIT // 1 // 40 // Mitochondrion.	G:207577	C:27460	235037	0.116832669	0	TRUE	G:169634	T:168	169802	0.000989388	0.00156844	FALSE	1	14:49857971-49858208	Other	FALSE
480	SA216_14_55171104	SA216	14	55171104	14,55171104,C,T	A479V	KTNN	14q22.1	COILED // 330 // 1356 // Potential. /// TOPO_DOM // 30 // 1357 // Luminal (Potential).	C:345250	T:21837	367087	0.059487261	0	TRUE	C:314779	T:34	314813	0.000108001	1	FALSE	1	14:55171072-55171300	Other	FALSE
481	SA216_17_11806071	SA216	17	11806071	17,11806071,G,C	G4336R	DNAH9	17p12		G:388449	C:35064	423513	0.082793208	0	TRUE	G:467386	A:15	467401	3.21E-05	1	FALSE	1	17:11806033-11806262	Other	FALSE
482	SA216_17_37727970	SA216	17	37727970	17,37727970,T,C	I653V	STAT3	17q21.31	DOMAIN // 580 // 670 // SH2.	T:336660	C:51056	387716	0.131684016	0	TRUE	T:335509	G:31	335540	9.24E-05	1	FALSE	-1	17:37727938-37728204	Other	FALSE
483	SA216_17_65640236	SA216	17	65640236	17,65640236,G,C	C138S	KCNJ16	17q23.1-q24.2	TOPO_DOM // 137 // 145 // Extracellular (By similarity).	G:464087	C:45393	509480	0.089096726	0	TRUE	G:457497	A:50	457547	0.000109278	1	FALSE	1	17:65640198-65640418	Other	FALSE
484	SA216_17_65640241	SA216	17	65640241	17,65640241,A,T	T140S	KCNJ16	17q23.1-q24.2	TOPO_DOM // 137 // 145 // Extracellular (By similarity).	A:463808	T:45532	509340	0.089394118	0	TRUE	A:455253	T:58	455311	0.000127385	1	FALSE	1	17:65640198-65640418	Other	FALSE
485	SA216_2_176896380	SA216	2	176896380	2,176896380,G,A	M50I	MTX2	2q31.1		G:24694	A:2089	26783	0.077997237	0	TRUE	G:24335	T:31	24366	0.001272265	0.026349538	FALSE	1	2:176896349-176896565	Other	FALSE
486	SA217_12_4525792	SA217	12	4525792	12,4525792,G,A	S106	RAD51AP1	12p13.2-p13.1		C:1736	A:173	1909	0.090623363	7.65E-221	TRUE	C:605	N:0	605	0	1	FALSE	1	12:4525605-4525829	Other	FALSE
487	SA217_14_91979510	SA217	14	91979510	14,91979510,C,T	T182M	SLC24A4	14q32.12	TOPO_DOM // 177 // 183 // Extracellular (Potential).	C:83492	T:18432	101924	0.180840626	0	TRUE	C:534470	T:68	534538	0.000127213	1	FALSE	1	14:91979485-91979693	Other	FALSE
488	SA217_17_7517849	SA217	17	7517849	17,7517849,C,A	V272L	TP53	17p13.1	// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 256 // 294 // Interaction with E4F1. /// REGION // 273 // 280 // Interaction with DNA. /// STRAND // 264 // 274 // /// VARIANT // 271 // 271 // E->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 271 // 271 // E->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 271 // 271 // E->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 271 // 271 // E->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 271 // 271 // E->P (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 271 // 271 // E->Q (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 271 // 271 // E->R (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 271 // 271 // E->V (in an osteosarcoma with no family history; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->A (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->E (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->L (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation)	C:100718	A:84632	185350	0.45660642	0	TRUE	C:268000	A:26	268026	9.70E-05	1	FALSE	-1	17:7517782-7518000	Other	FALSE
489	SA217_18_32552422	SA217	18	32552422	18,32552422,G,C	V863L	FHOD3	18q12	COMPIAS // 827 // 872 // Pro-rich.	G:529124	C:67688	596812	0.11341595	0	TRUE	G:518163	T:86	518249	0.000165943	1	FALSE	1	18:32552386-32552614	Other	FALSE
490	SA217_2_68947132	SA217	2	68947132	2,68947132,T,C	H137R	BMP10	2p14	PROPEP // 22 // 316 // Potential.	T:264137	C:29329	293466	0.099940027	0	TRUE	T:258379	G:138	258517	0.000533814	1	FALSE	-1	2:68947091-68947325	Other	FALSE
491	SA218_10_114214368	SA218	10	114214368	10,114214368,A,C	S76R	VTI1A	10q25.2	COILED // 31 // 92 // Potential.	A:13264	C:2099	15363	0.136626961	0	TRUE	A:11687	C:21	11708	0.001793645	0.23744698	FALSE	1	10:114214337-114214597	Other	FALSE
492	SA218_10_14856409	SA218	10	14856409	10,14856409,T		FAM107B	10p13		C:4669	T:614	5283	0.116221844	0	TRUE	C:9063	N:0	9063	0	1	FALSE	-1	10:14856385-14856588	Other	FALSE
493	SA218_10_84734920	SA218	10	84734920	10,84734920,G,A	S581N	NRG3	10q22-q23	TOPO_DOM // 382 // 720 // Cytoplasmic (Potential).	G:14583	A:5332	19915	0.267737886	0	TRUE	G:11444	N:0	11444	0	1	FALSE	1	10:84734885-84735103	Other	FALSE
494	SA218_10_97806610	SA218	10	97806610	10,97806610,C,T	A148V	CCN1	10pter-q26.12		C:50042	T:3139	53181	0.05902484	0	TRUE	C:32108	G:2	32110	6.23E-05	1	FALSE	1	10:97806578-97806806	Other	FALSE
495	SA218_11_123521254	SA218	11	123521254	11,123521254,C,T	A752V	LOH11CR2A	11q23		C:13112	T:964	14076	0.068485365	0	TRUE	C:14959	A:2	14961	0.000133681	1	FALSE	1	11:123521220-123521438	Other	FALSE
496	SA218_11_125275294	SA218	11	125275294	11,125275294,C,T	A274V	HVLS1	11q24.2																	

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
503	SA218_1_23062153	SA218	1	23062153	1,23062153,A,G	D283G	EPHB2	1p36.1-p35	COMPBias // 184 // 324 // Cys-rich. /// TOPO_DOM // 19 // 543 // Extracellular (Potential).	A:14067	G:4279	18346	0.233238853	0	TRUE	A:13633	G:9	13642	0.000659727	1	FALSE	1	1:23062114-23062344	Other	FALSE
504	SA218_12_53054074	SA218	12	53054074	12,53054074,G,T	A104D	ZNF385A	12q13.13		G:14046	T:2191	16237	0.13493872	0	TRUE	G:15779	T:4	15783	0.000253437	1	FALSE	-1	12:53054035-53054267	Other	FALSE
505	SA218_12_54767879	SA218	12	54767879	12,54767879,G,C	G216A	ERBB3	12q13	DISULFID // 210 // 218 // /// DISULFID // 214 // 226 // /// STRAND // 214 // 216 // /// TOPO_DOM // 20 // 643 // Extracellular (Potential).	G:15879	C:3360	19239	0.174645252	0	TRUE	G:25192	A:3	25195	0.000119071	1	FALSE	1	12:54767841-54768065	Other	FALSE
506	SA218_12_75273860	SA218	12	75273860	12,75273860,G,T	D870E	OSBPL8	12q14		G:9471	T:1256	10727	0.117087723	0	TRUE	G:4943	N:0	4943	0	1	FALSE	-1	12:75273828-75274069	Other	FALSE
507	SA218_12_89969298	SA218	12	89969298	12,89969298,C,T	A339T	KERA	12q22	DISULFID // 303 // 343 // By similarity.	C:38062	T:6177	44239	0.13962793	0	TRUE	C:32100	A:1	32101	3.12E-05	1	FALSE	-1	12:89969268-89969484	Other	FALSE
508	SA218_12_93251435	SA218	12	93251435	12,93251435,A,G	R503	CCDC41	12q22	COILED // 32 // 626 // Potential.	G:12523	A:1606	14129	0.13666926	0	TRUE	G:9541	A:4	9545	0.000419068	1	FALSE	-1	12:93251397-93251618	Other	FALSE
509	SA218_13_107679659	SA218	13	107679659	13,107679659,T,A	L31	ABHD13	13q33.3		T:870	A:108	978	0.110429448	3.35E-150	TRUE	T:542	N:0	542	0	1	FALSE	1	13:107679632-107679855	Other	FALSE
510	SA218_1_32565189	SA218	1	32565189	1,32565189,C,T	H140Y	HDAC1	1p34	REGION // 9 // 321 // Histone deacetylase. /// ACT_SITE // 141 // 141 // /// MUTAGEN // 141 // 141 // H->A: Abolishes histone deacetylase activity.	C:27154	T:2371	29525	0.080304826	0	TRUE	C:30924	G:6	30930	0.000193986	1	FALSE	1	1:32565154-32565371	Other	FALSE
511	SA218_13_34948136	SA218	13	34948136	13,34948136,A,G	V47A	MAB21L1	13q13		A:15661	G:3594	19255	0.186652817	0	TRUE	A:18920	C:9	18929	0.000475461	1	FALSE	-1,1	13:34948101-34948325	Other	FALSE
512	SA218_13_44666129	SA218	13	44666129	13,44666129,T,G	N192H	KCTD4	13q14.12		T:19640	G:3660	23300	0.157081545	0	TRUE	T:15419	G:3	15422	0.000194527	1	FALSE	-1,1	13:44665947-44666163	Other	FALSE
513	SA218_14_24113319	SA218	14	24113319	14,24113319,T,C	D189G	CTSG	14q11.2	DISULFID // 142 // 207 // /// DOMAIN // 21 // 243 // Peptidase S1.	T:7516	C:439	7955	0.055185418	0	TRUE	T:31805	G:22	31827	0.000691237	1	FALSE	-1	14:24113296-24113497	Other	FALSE
514	SA218_14_35203711	SA218	14	35203711	14,35203711,T,C	E1233G	GARNL1	14q13.2		T:18097	C:4216	22313	0.188948147	0	TRUE	T:12765	A:1	12766	7.83E-05	1	FALSE	-1	14:35203677-35203945	Other	FALSE
515	SA218_14_60259862	SA218	14	60259862	14,60259862,A,C	Y228	SIX4	14q23	DNA_BIND // 223 // 282 // Homeobox. REPEAT // 222 // 263 // PFTB 3. /// MUTAGEN // 249 // 249 // G->V: Reduced catalytic efficiency. /// HELIX // 249 // 261 //	A:3325	C:706	4031	0.175142645	0	TRUE	A:9594	G:5	9599	0.000520888	1	FALSE	-1	14:60259840-60260051	Other	FALSE
516	SA218_14_64577317	SA218	14	64577317	14,64577317,G,A	G250D	FNTB	14q23-q24		G:22694	A:2316	25010	0.092602959	0	TRUE	G:26465	A:9	26474	0.000339956	1	FALSE	1,-1	14:64577289-64577500	Other	FALSE
517	SA218_14_67319292	SA218	14	67319292	14,67319292,T,A	S1444C	ZFVFE26	14q24.1		T:23828	A:2602	26430	0.098448733	0	TRUE	T:23036	G:19	23055	0.000824116	1	FALSE	-1	14:67319264-67319485	Other	FALSE
518	SA218_15_29451622	SA218	15	29451622	15,29451622,G,A	C232Y	KLF13	15q12	ZN_FING // 227 // 249 // C2H2-type 3.	G:3632	A:1102	4734	0.232784115	0	TRUE	G:15768	T:7	15775	0.00044374	1	FALSE	1	15:29451599-29451817	Other	FALSE
519	SA218_15_37855996	SA218	15	37855996	15,37855996,G,T	L8I	FSP1	15q14		G:11986	T:931	12917	0.072075559	0	TRUE	G:8145	T:6	8151	0.000736106	1	FALSE	-1	15:37855955-37856184	Other	FALSE
520	SA218_15_40401467	SA218	15	40401467	15,40401467,A,G	N417S	GANC	15q15.2		A:1937	G:294	2231	0.131779471	0	TRUE	A:1386	C:1	1387	0.000720981	1	FALSE	1	15:40401439-40401681	Other	FALSE
521	SA218_15_64573871	SA218	15	64573871	15,64573871,G,C		SNAPC5	15q22.31		G:22481	C:1732	24213	0.071531822	0	TRUE	G:12961	T:5	12966	0.000385624	1	FALSE	-1	15:64573846-64574060	Other	FALSE
522	SA218_15_70809049	SA218	15	70809049	15,70809049,G,A	A228T	BBS4	15q22.3-q23	REPEAT // 203 // 235 // TPR 5. /// REGION // 101 // 337 // Interaction with PCM1.	G:12352	A:3132	15484	0.202273314	0	TRUE	G:10267	A:4	10271	0.000389446	1	FALSE	1	15:70809020-70809240	Other	FALSE
523	SA218_1_62683514	SA218	1	62683514	1,62683514,G,A	G359R	USP1	1p31.3		G:16446	A:3024	19470	0.155315871	0	TRUE	G:12738	A:8	12746	0.000627648	1	FALSE	1	1:62683473-62683744	Other	FALSE
524	SA218_16_2808783	SA218	16	2808783	16,2808783,T,C	V121A	PRSS21	16p13.3	DISULFID // 33 // 157 // Potential. /// DOMAIN // 42 // 286 // Peptidase S1.	T:11021	C:1476	12497	0.118108346	0	TRUE	T:14063	A:3	14066	0.00021328	1	FALSE	1	16:2808756-2808973	Other	FALSE
525	SA218_16_71389946	SA218	16	71389946	16,71389946,G,A	T1379M	ZFHx3	16q22.3-q23.1	ZN_FING // 1360 // 1385 // C2H2-type 12.	G:21031	A:1211	22242	0.054446543	0	TRUE	G:20929	T:5	20934	0.000238846	1	FALSE	-1	16:71389753-71389973	Other	FALSE
526	SA218_1_70419480	SA218	1	70419480	1,70419480,G,C	D180H	LRRCA0	1p31.1	REPEAT // 175 // 196 // LRR 5.	C:3470	G:530	4000	0.1325	0	TRUE	G:7818	T:2	7820	0.000255754	1	FALSE	-1	1:70419446-70419697	Other	FALSE
527	SA218_17_24055036	SA218	17	24055036	17,24055036,G,C	K254N	PROCA1	17q11.2	COMPBias // 226 // 272 // Lys-rich.	C:21289	G:4145	25434	0.162970826	0	TRUE	C:21787	A:5	21792	0.000229442	1	FALSE	-1	17:24055000-24055240	Other	FALSE
528	SA218_17_39830472	SA218	17	39830472	17,39830472,T,C	H1500R	GPATCH8	17q21.31		T:12515	C:1961	14476	0.135465598	0	TRUE	T:256	N:0	256	0	1	FALSE	-1	17:39830443-39830668	Other	FALSE
529	SA218_17_49255551	SA218	17	49255551	17,49255551,A,G	N53S	KIF2B	17q22		A:17097	G:3811	20908	0.182274727	0	TRUE	A:14342	C:13	14355	0.000905608	1	FALSE	1	17:49255525-49255746	Other	FALSE
530	SA218_17_59349000	SA218	17	59349000	17,59349000,C,T	R103H	GH1	17q24.2	DISULFID // 79 // 191 // /// VARIANT // 103 // 103 // R->C (in KWKS; loss of activity; no difference in the binding affinity or bioactivity between wild-type and mutant; no difference found in the extent of subcellular localization within endoplasmic reticulum Golgi or secretory vesicles between wild-type and mutant; reduced capability of the mutant to induce GHR/GHBP gene transcription rate when compared to wild-type). /// HELIX // 98 // 112 //	C:43290	T:3003	46293	0.064869419	0	TRUE	C:36191	T:8	36199	0.000221001	1	FALSE	-1	17:59348970-59349179	Other	FALSE
531	SA218_17_64623162	SA218	17	64623162	17,64623162,C,T	G519D	ABCA6	17q24.3	DOMAIN // 478 // 713 // ABC transporter 1. /// NP_BIND // 514 // 521 // ATP 1 (Potential).	C:21134	T:2298	23432	0.098071014	0	TRUE	C:14815	T:15	14830	0.001011463	1	FALSE	-1	17:64623122-64623346	Other	FALSE
532	SA218_17_7768499	SA218	17	7768499	17,7768499,G,T	L224I	KCNAB3	17p13.1		G:10572	T:2434	13006	0.187144395	0	TRUE	G:15516	T:13	15529	0.000837143	1	FALSE	-1	17:7768458-7768694	Other	FALSE
533	SA218_17_77995663	SA218	17	77995663	17,77995663,G,A	A131V	C17orf62			G:2893	A:534	3427	0.155821418	0	TRUE	G:14280	T:11	14291	0.000769715	1	FALSE	-1	17:77995624-77995850	Other	FALSE
534	SA218_1_82145364	SA218	1	82145364	1,82145364,C,T	R50	LPHN2	1p31.1	DOMAIN // 41 // 130 // SUEL-type lectin. /// TOPO_DOM // 39 // 851 // Extracellular (Potential).	C:10900	T:2162	13062	0.165518297	0	TRUE	C:7693	A:6	7699	0.000779322	1	FALSE	1	1:82145323-82145549	Other	FALSE
535	SA218_18_74855968	SA218	18	74855968	18,74855968,C,T	R997C	SALL3	18q23	ZN_FING // 977 // 999 // C2H2-type 6.	C:60	T:19	79	0.240506329	3.28E-33	TRUE	C:603	G:1	604	0.001655629	1	FALSE	1	18:74855939-74856146	Other	FALSE
536	SA218_19_12727534	SA218	19	12727534	19,12727534,C,T	P274S	BEST2	19p13.13	TRANSMEM // 271 // 291 // Helical; (Potential).	C:6999	T:381	7380	0.051626016	0	TRUE	C:21928	A:16	21944	0.000729129	1	FALSE	1	19:12727508-12727719	Other	FALSE
537	SA218_19_22832603	SA218	19	22832603	19,22832603,C,T		LOC646864			C:21218	T:2216	23434	0.094563455	0	TRUE	C:23509	A:10	23519	0.000425188	1	FALSE	1	19:22832564-22832795	Other	FALSE
538	SA218_19_38292696	SA218	19	38292696	19,38292696,G,A	A507T	GPATCH1	19q13.11		G:12968	A:1247	14215	0.087724235	0	TRUE	G:9821	T:6	9827	0.000610563	1	FALSE	1	19:38292668-38292893	Other	FALSE
539	SA218_19_45999043	SA218	19	45999043	19,45999043,G,T	W242C	EGLN2	19q13.2		G:7681	T:2002	9683	0.206754105	0	TRUE	G:16379	T:6	16385	0.000366189	1	FALSE	1	19:45999020-45999229	Other	FALSE
540	SA218_19_57611152	SA218	19	57611152	19,57611152,G,A	S412N	ZNF528	19q13	ZN_FING // 409 // 431 // C2H2-type 8.	G:19302	A:3427	22729	0.150776541	0	TRUE	G:14808	N:0	14808	0	1	FALSE	1	19:57611120-57611365	Other	FALSE
541	SA218_19_9537671	SA218	19	9537671	19,9537671,C,T	C373Y	ZNF121	19p	ZN_FING // 368 // 390 // C2H2-type 11.	C:7048	T:532	7580	0.070184697	0	TRUE	C:4976	A:2	4978	0.000401768	1	FALSE	-1	19:9537634-9537918	Other	FALSE
542	SA218_19_9582240	SA218	19	9582240	19,9582240,T,C	Q366R	ZNF561	19p13.2	ZN_FING // 365 // 387 // C2H2-type 9.	T:20496	C:2408	22904	0.105134474	0	TRUE	T:22885	C:5	22890	0.000218436	1	FALSE	-1	19:9582210-9582432	Other	FALSE
543	SA218_20_3750904	SA218	20	3750904	20,3750904,G,T	R47M	C20orf29	20p13		G:17276	T:2124	19400	0.109484536	0	TRUE	G:18835	T:16	18851	0.000848761	1	FALSE	1	20:3750865-3751092	Other	FALSE
544	SA218_20_3793218	SA218	20	3793218	20,3793218,C,T	A314V	MAVS	20p13	TOPO_DOM // 1 // 513 // Cytoplasmic (Probable).	C:10379	T:1967	12346	0.159322858	0	TRUE	C:14059	G:5	14064	0.000355518	1	FALSE	1	20:3793190-37934		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.testStrand	primer	PAM50	Splice.site	
559	SA218_3_143578045	SA218	3	143578045	3,143578045,C,A	G933	XRN1	3q23		C:414	A:26	440	0.059090909	6.84E-29	TRUE	C:202	N:0	202	0	1	FALSE	-1	3:143578010-143578233	Other	FALSE
560	SA218_3_143749330	SA218	3	143749330	3,143749330,G,A	S1095L	ATR	3q22-q24		G:25954	A:4581	30535	0.150024562	0	TRUE	G:17884	A:4	17888	0.000223614	1	FALSE	-1	3:143749297-143749546	Other	FALSE
561	SA218_3_150028326	SA218	3	150028326	3,150028326,C,T	T9I	CPB1	3q24	SIGNAL // 1 // 15 //	C:16940	T:1369	18309	0.07477197	0	TRUE	C:22659	A:1	22660	4.41E-05	1	FALSE	1	3:150028296-150028508	Other	FALSE
562	SA218_3_180434779	SA218	3	180434779	3,180434779,A,G	H1047R	PIK3CA	3q26.3	DOMAIN // 797 // 1068 // PI3K/PI4K. /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->L (in cancer). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->R (in KERSEB; shows an increase in lipid kinase activity; oncogenic in vivo). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->Y (in cancer). /// HELIX // 1032 // 1047 //	A:4451	G:2054	6505	0.31575711	0	TRUE	A:3316	C:2	3318	0.000602773	1	FALSE	1	3:180434587-180434820	Other	FALSE
563	SA218_3_51942780	SA218	3	51942780	3,51942780,C,T	V440I	RRP9	3p21.1	REPEAT // 419 // 460 // WD 7.	C:11261	T:2277	13538	0.168193234	0	TRUE	C:14200	A:5	14205	0.000351989	1	FALSE	-1	3:51942747-51942967	Other	FALSE
564	SA218_4_106867297	SA218	4	106867297	4,106867297,G,T	G336V	GSTCD	4q24		G:18477	T:2141	20618	0.103841304	0	TRUE	G:12481	A:1	12482	8.01E-05	1	FALSE	1	4:106867259-106867513	Other	FALSE
565	SA218_4_138670445	SA218	4	138670445	4,138670445,G,A	P750S	PCDH18	4q31	TOPO_DOM // 721 // 1135 // Cytoplasmic (Potential).	G:30199	A:5212	35411	0.147185903	0	TRUE	G:22207	A:4	22211	0.000180091	1	FALSE	-1	4:138670411-138670636	Other	FALSE
566	SA218_4_157049561	SA218	4	157049561	4,157049561,G,A	V126M	TD02	4q31-q32		G:18670	A:7092	25762	0.275289186	0	TRUE	C:13045	A:1	13046	7.67E-05	1	FALSE	1	4:157049528-157049751	Other	FALSE
567	SA218_4_166181890	SA218	4	166181890	4,166181890,C,T	L406F	TRIM60	4q32.3	DOMAIN // 277 // 470 // B30.2/SPRY.	C:22383	T:3733	26116	0.142939194	0	TRUE	C:16274	A:4	16278	0.00024573	1	FALSE	-1	4:166181850-166182075	Other	FALSE
568	SA218_4_57044154	SA218	4	57044154	4,57044154,A,G	I306M	SRP72	4q11		A:985	G:89	1074	0.082867784	2.59E-112	TRUE	A:684	N:0	684	0	1	FALSE	1	4:57044113-70444391	Other	FALSE
569	SA218_4_70395876	SA218	4	70395876	4,70395876,G,A	A98V	UGT2B4	4q13		G:16864	A:2667	19531	0.136552148	0	TRUE	G:10072	A:4	10076	0.000396983	1	FALSE	-1	4:70395844-70396070	Other	FALSE
570	SA218_5_167769551	SA218	5	167769551	5,167769551,G,A	R305H	WWC1	5q35.1	COILED // 293 // 431 // Potential.	G:23174	A:5377	28551	0.188329656	0	TRUE	G:17590	A:8	17598	0.000454597	1	FALSE	1	5:167769522-167769768	Other	FALSE
571	SA218_5_175043231	SA218	5	175043231	5,175043231,T,C	V130A	HRH2	5q35.2	DISULFID // 91 // 174 // By similarity. /// TOPO_DOM // 115 // 134 // Cytoplasmic (Potential).	T:36551	C:6927	43478	0.159321956	0	TRUE	T:36814	G:10	36824	0.000271562	1	FALSE	1	5:175043191-175043420	Other	FALSE
572	SA218_5_179197322	SA218	5	179197322	5,179197322,G,T	P236H	LOC51149	5q35.3		G:18926	T:3735	22661	0.164820617	0	TRUE	G:19094	A:8	19102	0.000418804	1	FALSE	-1,1	5:179197283-179197511	Other	FALSE
573	SA218_5_37057947	SA218	5	37057947	5,37057947,G,T	R1789L	NIPBL	5p13.2	REPEAT // 1767 // 1805 // HEAT 1. /// VARIANT // 1789 // 1789 // R->L (in CDLS1).	G:27148	T:4359	31507	0.138350208	0	TRUE	G:19767	A:5	19772	0.000252883	1	FALSE	1	5:37057912-37058142	Other	FALSE
574	SA218_5_64303310	SA218	5	64303310	5,64303310,C,T	A356V	SDCCAG10	5q12.3	COILED // 306 // 377 // Potential.	C:1463	T:365	1828	0.199671772	0	TRUE	C:989	G:1	990	0.001010101	1	FALSE	1	5:64303278-64303584	Other	FALSE
575	SA218_5_78362566	SA218	5	78362566	5,78362566,C,G	R510P	DMG0H	5q14.1		C:13560	G:2036	15596	0.130546294	0	TRUE	C:9578	A:1	9579	0.000104395	1	FALSE	-1	5:78362526-78362781	Other	FALSE
576	SA218_5_81644227	SA218	5	81644227	5,81644227,G,T	W58L	LOC92270	5q14.2		G:22659	T:3883	26542	0.146296436	0	TRUE	G:25918	A:3	25921	0.000115736	1	FALSE	1	5:81644193-81644416	Other	FALSE
577	SA218_6_114009492	SA218	6	114009492	6,114009492,A,G		LOC728590			A:14872	G:1591	16463	0.096640952	0	TRUE	A:10102	G:1	10103	9.90E-05	1	FALSE	1	6:114009460-114009766	Other	FALSE
578	SA218_6_117794001	SA218	6	117794001	6,117794001,C,T	V915I	ROS1	6q22	TOPO_DOM // 28 // 1859 // Extracellular (Potential).	C:27439	T:3435	30874	0.111258664	0	TRUE	C:21776	A:4	21780	0.000183655	1	FALSE	-1	6:117793976-117794192	Other	FALSE
579	SA218_6_168094953	SA218	6	168094953	6,168094953,C,T	P1350L	MLLT4	6q27	COMPBIA5 // 1346 // 1392 // Pro-rich.	C:5877	T:477	6354	0.075070822	0	TRUE	C:4604	A:3	4607	0.000651183	1	FALSE	1	6:168094928-168095144	Other	FALSE
580	SA218_6_41358164	SA218	6	41358164	6,41358164,G,T	P118H	TREM1	6p21.1	DOMAIN // 26 // 134 // Ig-like V-type. /// TOPO_DOM // 21 // 205 // Extracellular (Potential).	G:13135	T:2640	15775	0.167353407	0	TRUE	G:27883	T:7	27890	0.000250986	1	FALSE	-1	6:41358141-41358356	Other	FALSE
581	SA218_6_69703225	SA218	6	69703225	6,69703225,C,T	P321L	BAI3	6q12	DISULFID // 303 // 336 // By similarity. /// DISULFID // 307 // 342 // By similarity. /// DISULFID // 318 // 326 // By similarity. /// DOMAIN // 291 // 343 // TSP type-1.1. /// TOPO_DOM // 25 // 880 // Extracellular (Potential).	C:15241	T:2160	17401	0.124130797	0	TRUE	C:10651	A:1	10652	9.39E-05	1	FALSE	1	6:69703042-69703265	Other	FALSE
582	SA218_6_74533233	SA218	6	74533233	6,74533233,G,A	A455T	CD109	6q13		G:38826	A:5759	44585	0.129169003	0	TRUE	G:25082	C:1	25083	3.99E-05	1	FALSE	1	6:74533201-74533430	Other	FALSE
583	SA218_6_84291047	SA218	6	84291047	6,84291047,C,T	R390C	PRSS35	6q14.2	DOMAIN // 124 // 408 // Peptidase S1.	C:18787	T:5849	24636	0.237416788	0	TRUE	C:14307	T:8	14315	0.000558854	1	FALSE	1	6:84291013-84291234	Other	FALSE
584	SA218_6_90662079	SA218	6	90662079	6,90662079,G,A	D391N	GJA10	6q15-q16	TOPO_DOM // 231 // 543 // Cytoplasmic (Potential).	G:41717	A:8341	50058	0.166626713	0	TRUE	G:32204	A:2	32206	6.21E-05	1	FALSE	1	6:90662039-90662274	Other	FALSE
585	SA218_7_1098968	SA218	7	1098968	7,1098968,A,G	I360V	GPER	7p22.3	TOPO_DOM // 328 // 375 // Cytoplasmic (Potential).	A:17146	G:1970	19116	0.103055032	0	TRUE	A:20868	G:3	20871	0.00014374	1	FALSE	1,-1	7:1098931-1099167	Other	FALSE
586	SA218_7_121479221	SA218	7	121479221	7,121479221,T,C	Y2082H	PTPRZ1	7q31.3	DOMAIN // 2023 // 2282 // Tyrosine-protein phosphatase 2. /// TOPO_DOM // 1663 // 2315 // Cytoplasmic (Potential).	T:33745	C:5980	39725	0.150534928	0	TRUE	T:28596	A:4	28600	0.00013986	1	FALSE	1	7:121479196-121479422	Other	FALSE
587	SA218_7_131510127	SA218	7	131510127	7,131510127,G,A	R1323W	PLXNA4		TOPO_DOM // 1259 // 1894 // Cytoplasmic (Potential).	G:26354	A:4875	31229	0.156104902	0	TRUE	G:20991	A:21	21012	0.000999429	1	FALSE	-1	7:131510092-131510321	Other	FALSE
588	SA218_7_139901906	SA218	7	139901906	7,139901906,C,A	R679M	DENND2A	7q34	DOMAIN // 660 // 844 // DENN.	C:13365	A:3677	17042	0.215761061	0	TRUE	C:8770	T:1	8771	0.000114012	1	FALSE	-1	7:139901870-139902099	Other	FALSE
589	SA218_7_43625813	SA218	7	43625813	7,43625813,G,C	E219D	STK17A	7p12-p14	DOMAIN // 61 // 321 // Protein kinase.	G:10662	C:2825	13487	0.209460962	0	TRUE	G:6564	A:3	6567	0.00045683	1	FALSE	1	7:43625623-43625840	Other	FALSE
590	SA218_7_44519633	SA218	7	44519633	7,44519633,C,A	G1340C	NPC1L1	7p13	TOPO_DOM // 1258 // 1359 // Cytoplasmic (Potential).	C:16467	A:3411	19878	0.17159674	0	TRUE	C:26021	A:4	26025	0.000153698	1	FALSE	-1	7:44519608-44519830	Other	FALSE
591	SA218_7_44585676	SA218	7	44585676	7,44585676,A,T	V204D	TMED4	7p13	TRANSMEM // 195 // 212 // Helical; (Potential).	A:5751	T:796	6547	0.121582404	0	TRUE	A:21165	G:6	21171	0.000283407	1	FALSE	-1	7:44585652-44585862	Other	FALSE
592	SA218_7_5727257	SA218	7	5727257	7,5727257,C,T	R469H	RNF216	7p22.1		C:50312	T:7561	57873	0.130648143	0	TRUE	C:37916	A:6	37922	0.00015822	1	FALSE	-1	7:5727219-5727440	Other	FALSE
593	SA218_8_113423005	SA218	8	113423005	8,113423005,C,T	V2177I	CSMD3	8q23.3	DOMAIN // 2111 // 2219 // CUB 12. /// TOPO_DOM // 64 // 3630 // Extracellular (Potential).	C:22510	T:1243	23753	0.052330232	0	TRUE	C:13485	A:2	13487	0.000148291	1	FALSE	-1	8:113422971-113423217	Other	FALSE
594	SA218_8_133653812	SA218	8	133653812	8,133653812,C,T	R442Q	LRRC6	8q24.22		C:14259	T:792	15051	0.052621088	0	TRUE	C:7798	A:5	7803	0.000640779	1	FALSE	-1	8:133653771-133654000	Other	FALSE
595	SA218_8_22920757	SA218	8	22920757	8,22920757,G,A	D352N	RHOBTB2	8p21.3	DOMAIN // 266 // 442 // BTB 1.	G:2363	A:1040	3403	0.305612695	0	TRUE	G:15974	A:3	15977	0.00018777	1	FALSE	1	8:22920732-22920936	Other	FALSE
596	SA218_8_39032400	SA218	8	39032400	8,39032400,G,A	G515S	ADAM9	8p11.23	COMPBIA5 // 505 // 634 // Cys-rich. /// TOPO_DOM // 29 // 697 // Extracellular (Potential).	G:20143	A:1123	21266	0.052807298	0	TRUE	G:13257	T:3	13260	0.000226244	1	FALSE	1	8:39032370-39032593	Other	FALSE
597	SA218_8_87295786	SA218	8	87295786	8,87295786,A,T	I462N	SLC7A13	8q21.3	TOPO_DOM // 443 // 470 // Cytoplasmic (Potential).	A:44296	T:7243	51539	0.140534353	0	TRUE	A:33207	G:3	33210	9.03E-05	1	FALSE	-1	8:87295759-87295975	Other	FALSE
598	SA218_9_105941310	SA218	9	105941310	9,105941310,G,T	D1163V	SMC2	9q31.1		G:7779	T:781	8560	0.091238318	0	TRUE	G:6511	C:1	6512	0.000153563	1	FALSE	1	9:105941276-105941542	Other	FALSE
599	SA218_9_116143757	SA218	9	116143757	9,116143757,G,A	A1315V	AKNA	9q32		G:25726	A:3019	28745	0.105026961	0	TRUE	G:21980	A:2	21982	9.10E-05	1	FALSE	-1	9:116143717-116143953	Other	FALSE
600	SA218_9_130852063	SA218	9	130852063	9,130852063,G,T	E225D	FAM73B	9q34.11	MOD_RES // 224 // 224 // Phosphoserine.	G:11045	T:1144	12189	0.093855115	0	TRUE	G:10704	A:2	10706	0.000186811	1	FALSE	1	9:1308		

	A	B	C	D	E	I	J	K		P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.statistic.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.statistic	Strand	primer	PAM50	Splice.site
614	SA219_1_151847150	SA219	1	151847150	1,151847150,G,C	S34R	S100A16	1q21	CA_BIND // 23 // 36 // 1; low affinity (Potential). /// DOMAIN // 12 // 47 // EF-hand 1. /// HELIX // 35 // 45 ///	G:54274	C:6756	61030	0.110699656	0	TRUE	G:38697	A:4	38701	0.000103357	1	FALSE	-1	1:151847110-151847342	Basal	FALSE
615	SA219_12_38020425	SA219	12	38020425	12,38020425,C,A	E707	KIF21A	12q12		C:33400	A:19411	52811	0.367556002	0	TRUE	C:4024	T:2	4026	0.000496771	1	FALSE	-1	12:38020241-38020452	Basal	FALSE
616	SA219_12_42056665	SA219	12	42056665	12,42056665,T,A	H1685L	ADAMTS20	12q12	DOMAIN // 1654 // 1710 // TSP type-1 15.	T:41936	A:10056	51992	0.193414371	0	TRUE	T:56490	C:5	56495	8.85E-05	1	FALSE	-1	12:42056633-42056852	Basal	FALSE
617	SA219_1_27062421	SA219	1	27062421	1,27062421,T,A	L44H	SFN	1p36.11	HELIX // 38 // 66 ///	T:22900	A:5246	28146	0.186385277	0	TRUE	T:53707	G:6	53713	0.000111705	1	FALSE	1	1:27062396-27062613	Basal	FALSE
618	SA219_12_97445871	SA219	12	97445871	12,97445871,A,G	D119G	TMPO	12q22	DOMAIN // 109 // 153 // LEM. /// REGION // 2 // 410 // Nucleoplasmic (Potential).	A:17599	G:6692	24291	0.275492981	0	TRUE	A:22620	C:22	22642	0.000971646	1	FALSE	1	12:97445626-97445912	Basal	FALSE
619	SA219_14_54888149	SA219	14	54888149	14,54888149,G,C	D430H	FBXO34	14q22.3		G:14414	C:9430	23844	0.395487334	0	TRUE	G:22933	T:11	22944	0.000479428	1	FALSE	1	14:54888110-54888340	Basal	FALSE
620	SA219_14_80679206	SA219	14	80679206	14,80679206,C,G	H351D	TSHR	14q31	TOPO_DOM // 21 // 413 // Extracellular (Potential).	C:42944	G:29421	72365	0.406563947	0	TRUE	C:52054	G:37	52091	0.000710295	1	FALSE	1	14:80679165-80679397	Basal	FALSE
621	SA219_15_73728558	SA219	15	73728558	15,73728558,C,G	S20R	SH3PX3	15q24.2	DOMAIN // 1 // 61 // SH3.	C:21052	G:5290	26342	0.200819983	0	TRUE	C:35461	A:9	35470	0.000253736	1	FALSE	1	15:73728531-73728753	Basal	FALSE
622	SA219_15_89254349	SA219	15	89254349	15,89254349,A,G	Y467C	MAN2A2	15q26.1	TOPO_DOM // 27 // 796 // Lumenal (Potential).	A:18174	G:13096	31270	0.418803965	0	TRUE	A:39317	T:12	39329	0.000305118	1	FALSE	1	15:89254325-89254539	Basal	FALSE
623	SA219_16_23131953	SA219	16	23131953	16,23131953,C,A	D487E	SCNN1G	16p12	TOPO_DOM // 80 // 523 // Extracellular (By similarity).	C:8925	A:6173	15098	0.408862101	0	TRUE	C:10772	G:10	10782	0.000927472	1	FALSE	1	16:23131912-23132150	Basal	FALSE
624	SA219_16_65789020	SA219	16	65789020	16,65789020,G,C	E351Q	E2F4	16q21-q22	REGION // 337 // 413 // Transactivation (Potential).	G:16574	C:6032	22606	0.266831815	0	TRUE	G:23085	T:2	23087	8.66E-05	1	FALSE	1	16:65788993-65789214	Basal	FALSE
625	SA219_16_79276470	SA219	16	79276470	16,79276470,G,A	R28	CDYL2	16q23.2	DOMAIN // 7 // 67 // Chromo.	G:62756	A:13772	76528	0.179960276	0	TRUE	G:72992	T:30	73022	0.000410835	1	FALSE	-1	16:79276441-79276665	Basal	FALSE
626	SA219_16_9765918	SA219	16	9765918	16,9765918,G,A	T995M	GRIN2A	16p13.2	TOPO_DOM // 838 // 1464 // Cytoplasmic (Potential).	G:36060	A:19276	55336	0.348344658	0	TRUE	G:39647	A:17	39664	0.0004286	1	FALSE	-1	16:9765877-9766109	Basal	FALSE
627	SA219_17_34817996	SA219	17	34817996	17,34817996,G,C	S1335C	MED1	17q12-q21.1	REGION // 1249 // 1421 // Interaction with TP53. /// COMPBIAS // 1078 // 1482 // Ser-rich.	G:10993	C:15356	26349	0.582792516	0	TRUE	G:28767	T:14	28781	0.000486432	1	FALSE	-1	17:34817967-34818187	Basal	FALSE
628	SA219_17_54142222	SA219	17	54142222	17,54142222,C,T	R237	RAD51C	17q22-q23		C:854	T:1234	2088	0.590996169	0	TRUE	C:1690	A:2	1692	0.001182033	1	FALSE	1	17:54142027-54142259	Basal	FALSE
629	SA219_1_76552141	SA219	1	76552141	1,76552141,G,A	V28I	ST6GALNAC3	1p31.1	TOPO_DOM // 29 // 305 // Lumenal (Potential). /// TRANSMEM // 9 // 28 // Helical; Signal-anchor for type II membrane protein; (Potential).	G:59606	A:7856	67462	0.116450743	0	TRUE	G:66807	A:24	66831	0.000359115	1	FALSE	1	1:76552100-76552325	Basal	FALSE
630	SA219_17_6951346	SA219	17	6951346	17,6951346,G,T	L147I	ASGR2	17p	TOPO_DOM // 80 // 311 // Extracellular (Potential).	G:15877	T:3354	19231	0.174405907	0	TRUE	G:39950	A:6	39956	0.000150165	1	FALSE	-1	17:6951319-6951539	Basal	FALSE
631	SA219_17_70438573	SA219	17	70438573	17,70438573,C,G	F416L	OTOP2	17q25.1		C:15301	G:14809	30110	0.491829957	0	TRUE	C:34662	G:29	34691	0.000835952	1	FALSE	1	17:70438532-70438769	Basal	FALSE
632	SA219_17_7517824	SA219	17	7517824	17,7517824,C,T	R280K	TP53	17p13.1	/// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 256 // 294 // Interaction with E4F1. /// REGION // 273 // 280 // Interaction with DNA. /// VARIANT // 279 // 279 // G->E (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 279 // 279 // G->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 279 // 279 // G->V (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 279 // 279 // G->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->K (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->P (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->T (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->E (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->G (in a brain tumor with no family history; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D-TRANSMEM // 169 // 190 // Helical; Name=4; (Potential). /// REPEAT // 100 // 193 // Solcar 2.	C:4911	T:5184	10095	0.513521545	0	TRUE	C:8176	G:2	8178	0.000244559	1	FALSE	-1	17:7517782-7518000	Basal	FALSE
633	SA219_17_8135407	SA219	17	8135407	17,8135407,G,A	S188L	SLC25A35	17p13.1	TOPO_DOM // 929 // 952 // Cytoplasmic (Potential). /// TRANSMEM // 953 // 973 // Helical; Name=4; (Potential).	G:22954	A:26236	49190	0.533360439	0	TRUE	G:55753	A:35	55788	0.000627375	1	FALSE	-1	17:8135385-8135600	Basal	FALSE
634	SA219_1_82208723	SA219	1	82208723	1,82208723,C,G	Y953	LPHN2	1p31.1		C:21465	G:7698	29163	0.263964613	0	TRUE	C:22069	T:2	22071	9.06E-05	1	FALSE	1	1:82208527-82208756	Basal	FALSE
635	SA219_2_16606834	SA219	2	16606834	2,16606834,G,A	Q119	FAM49A	2p24.3		G:36823	A:6846	43669	0.156770249	0	TRUE	G:30622	C:35	30657	0.001141664	1	FALSE	-1	2:16606812-16607029	Basal	FALSE
636	SA219_4_156354948	SA219	4	156354948	4,156354948,T,A	V136E	NPY2R	4q31	DISULFID // 123 // 203 // By similarity. /// TRANSMEM // 125 // 145 // Helical; Name=3; (Potential).	T:27046	A:18667	45713	0.40835211	0	TRUE	T:43878	G:29	43907	0.000660487	1	FALSE	1	4:156354912-156355135	Basal	FALSE
637	SA219_4_3487718	SA219	4	3487718	4,3487718,C,G	E253Q	LRPAP1	4p16.3	COILED // 219 // 310 // Potential. /// REGION // 237 // 353 // LDL receptor binding (Potential).	C:12087	G:5083	17170	0.296039604	0	TRUE	C:52590	G:67	52657	0.001272385	0.83367326	FALSE	-1	4:3487696-3487913	Basal	FALSE
638	SA219_4_5069526	SA219	4	5069526	4,5069526,C,G	V89L	CYTL1	4p16-p15		C:45220	G:7737	52957	0.146099666	0	TRUE	C:73159	G:6	73165	8.20E-05	1	FALSE	-1	4:5069489-5069719	Basal	FALSE
639	SA219_4_52623171	SA219	4	52623171	4,52623171,A,T	D113V	SPATA18	4q12		A:24182	T:4657	28839	0.161482714	0	TRUE	A:38364	G:2	38366	5.21E-05	1	FALSE	-1	4:52623134-52623360	Basal	FALSE
640	SA219_5_33917243	SA219	5	33917243	5,33917243,G,C	T76R	ADAMTS12	5q35	PROPEP // 26 // 240 // By similarity.	G:65987	C:9247	75234	0.122909855	0	TRUE	G:62202	T:42	62244	0.000674764	1	FALSE	-1	5:33917062-33917301	Basal	FALSE
641	SA219_6_143116193	SA219	6	143116193	6,143116193,A,T	L2362Q	HIVEP2	6q23-q24		A:32906	T:5246	38152	0.137502621	0	TRUE	A:55602	G:13	55615	0.00023375	1	FALSE	-1	6:143116166-143116378	Basal	FALSE
642	SA219_6_24958910	SA219	6	24958910	6,24958910,C,T	R231Q	C6orf32	6p22.3-p21.32		C:23507	T:6087	29594	0.205683585	0	TRUE	C:44020	T:3	44023	6.81E-05	1	FALSE	-1	6:24958880-24959094	Basal	FALSE
643	SA219_7_107543714	SA219	7	107543714	7,107543714,G,A	Q55	LAMB4	7q22-q31.2	DOMAIN // 24 // 264 // Laminin N-terminal.	G:63473	A:6043	69516	0.086929628	0	TRUE	G:82928	T:124	83052	0.001493041	0.001964069	FALSE	-1	7:107543683-107543899	Basal	FALSE
644	SA219_7_125960358	SA219	7	125960358	7,125960358,C,T	G772S	GRM8	7q31.3-q32.1	TOPO_DOM // 769 // 781 // Cytoplasmic (Potential).	C:17241	T:3155	20396	0.154687194	0	TRUE	C:22343	G:3	22346	0.000134252	1	FALSE	-1	7:125960329-125960552	Basal	FALSE
645	SA219_7_86407292	SA219	7	86407292	7,86407292,G,A	P273S	KIAA1324L	7q21.12	TOPO_DOM // 48 // 929 // Extracellular (Potential).	G:16262	A:2902	19164	0.151429764	0	TRUE	G:12450	C:2	12452	0.000160617	1	FALSE	-1	7:86407097-86407319	Basal	FALSE
646	SA219_8_133084710	SA219	8	133084710	8,133084710,A,G	I786V	EFR3A	8q24.22		A:66733	G:5678	72411	0.078413501	0	TRUE	A:46240	C:84	46324	0.001813315	5.39E-05	FALSE	1	8:133084684-133084915	Basal	FALSE
647	SA219_8_139232803	SA219	8	139232803	8,139232803,A,C	L1033V	FAM135B	8q24.23		A:54065	C:11940	66005	0.180895387	0	TRUE	A:73668	G:41	73709	0.000556241	1	FALSE	-1	8:139232762-139232988	Basal	FALSE
648	SA219_X_135307767	SA219	X	135307767	X,135307767,C,A	T2749N	GPR112	Xq26.3	TRANSMEM // 2742 // 2762 // Helical; Name=1; (Potential).	C:18169	A:1880	20049	0.093770263	0	TRUE	C:21663	A:2	21665	9.23E-05	1	FALSE	1	X:135307580-135307792	Basal	FALSE
649	SA219_X_18734557	SA219	X	18734557	X,18734557,C,A	A456E	PPEF1	Xp22.2-p22.1	REGION // 121 // 455 // Catalytic.	C:13787	A:2288	16075	0.14232815	0	TRUE	C:23404	G:17	23421	0.000725844	1	FALSE	1	X:18734516-18734763	Basal	FALSE
650	SA219_X_34058110	SA219	X	34058110	X,34058110,G,A	P736L	FAM47A	Xp21.1		G:71121	A:11410	82531	0.138251081	0	TRUE	G:59585	C:5	59590	8.39E-05	1	FALSE	-1	X:34058072-34058299	Basal	FALSE
651	SA219_X_49848296	SA219	X	49848296	X,49848296,T,C	K88E	AKAP4	Xp11.2	PROPEP // 1 // 188 // Potential.	T:42425	C:8103	50528	0.160366529	0	TRUE	T:35936	G:29	35965	0.000806339	1	FALSE	-1	X:49848255-49848530	Basal	FALSE
652	SA220_10_17211676	SA220	10	17211676	10,17211676,T,C	R32K	CUBN	10p12.31	PROPEP // 24 // 35 // Removed in mature form.	C:14382	T:5136	19518	0.263141715	0	TRUE	C:53988	A:6	53994	0.000111123	1	FALSE	-1	10:17211636-17211871	Basal	FALSE
653	SA220_10_26522184	SA220	10	26522184	10,26522184,C,T	R149S	MYO3A	10p11.1		C:82326	T:35073	117399	0.298750415	0	TRUE	C:142094	G:28	142122	0.000197014	1	FALSE	1	10:26522155-26522376	Basal	FALSE

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand		primer	PAM50	Splice.site
656	SA220_18_27683594	SA220	18	27683594	18,27683594,G,T	T1223K	KIAA1012	18q12.1		G:905	T:777	1682	0.461950059	0	TRUE	G:3907	T:1	3908	0.000255885	1	FALSE	-1	18:27683568-27683827	Basal	FALSE
657	SA220_19_10999550	SA220	19	10999550	19,10999550,C,G	F1102L	SMARCA4	19p13.2	DOMAIN // 1084 // 1246 // Helicase C-terminal.	C:20903	G:27046	47949	0.564057645	0	TRUE	C:66540	T:11	66551	0.000165287	1	FALSE	1	19:10999523-10999726	Basal	FALSE
658	SA220_19_57319001	SA220	19	57319001	19,57319001,G,T	N42K	ZNF616	19q13.33	DOMAIN // 7 // 84 // KRAB.	G:46278	T:29123	75401	0.386241562	0	TRUE	G:77121	A:4	77125	5.19E-05	1	FALSE	-1	19:57318967-57319196	Basal	FALSE
659	SA220_20_49523947	SA220	20	49523947	20,49523947,G,T	T562N	NFATC2	20q13.2-q13.3	DOMAIN // 392 // 574 // RHD. /// STRAND // 557 // 563 //	G:81718	T:21053	102771	0.204853509	0	TRUE	G:92807	T:20	92827	0.000215455	1	FALSE	-1	20:49523921-49524139	Basal	FALSE
660	SA220_21_30907935	SA220	21	30907935	21,30907935,G,A		KRTAP6-1	21q22.1		G:9755	A:17643	27398	0.643952113	0	TRUE	G:48441	A:11	48452	0.000227029	1	FALSE	-1	21:30907911-30908132	Basal	FALSE
661	SA220_3_143706719	SA220	3	143706719	3,143706719,C,G	R1716S	ATR	3q22-q24	DOMAIN // 1640 // 2185 // FAT.	C:4640	G:619	5259	0.117702985	0	TRUE	C:5030	A:3	5033	0.000596066	1	FALSE	-1	3:143706691-143706909	Basal	FALSE
662	SA220_3_51644663	SA220	3	51644663	3,51644663,G,A	R386H	RAD54L2	3p21.2	DOMAIN // 292 // 512 // Helicase ATP-binding.	G:33343	A:17550	50893	0.344841137	0	TRUE	G:47154	A:8	47162	0.000169628	1	FALSE	1	3:51644623-51644847	Basal	FALSE
663	SA220_3_64501813	SA220	3	64501813	3,64501813,A,C	I1840S	ADAMTS9	3p14.3-p14.2	DOMAIN // 1735 // 1935 // GON.	A:5560	C:3128	8688	0.360036832	0	TRUE	A:11961	G:1	11962	8.36E-05	1	FALSE	-1	3:64501781-64501993	Basal	FALSE
664	SA220_3_71109798	SA220	3	71109798	3,71109798,G,C	P407A	FOXP1	3p14.1		G:9987	C:7337	17324	0.423516509	0	TRUE	G:52186	A:4	52190	7.66E-05	1	FALSE	-1	3:71109760-71109985	Basal	FALSE
665	SA220_3_77754076	SA220	3	77754076	3,77754076,A,G	Q1188R	ROBO2	3p12.3	TOPO_DOM // 881 // 1378 // Cytoplasmic (Potential).	A:80289	G:48587	128876	0.377005804	0	TRUE	A:118571	G:11	118582	9.28E-05	1	FALSE	1	3:77753896-77754101	Basal	FALSE
666	SA220_5_178242444	SA220	5	178242444	5,178242444,G,C	E129Q	ZNF354B	5q35.3		G:148	C:70	218	0.321100917	2.04E-130	TRUE	G:414	N:0	414	0	1	FALSE	1	5:178242247-178242481	Basal	FALSE
667	SA220_6_89873683	SA220	6	89873683	6,89873683,G,A	R27C	SRP35	6q15	DOMAIN // 10 // 88 // RRM.	G:46979	A:23904	70883	0.337231776	0	TRUE	G:75684	A:41	75725	0.000541433	1	FALSE	-1	6:89873653-89873898	Basal	FALSE
668	SA222_1_154522362	SA222	1	154522362	1,154522362,C,T	R241C	TMEM79	1q22		C:271426	T:104414	375840	0.277815028	0	TRUE	C:337994	T:102	338096	0.000301689	1	FALSE	-1,1	1:154522335-154522558	Other	FALSE
669	SA222_1_183328825	SA222	1	183328825	1,183328825,A,C	E86D	RNF2	1q25.3	ZN_FING // 51 // 91 // RING-type. /// REGION // 1 // 179 // Interaction with HIP2.	A:218878	C:36442	255320	0.142730691	0	TRUE	A:134399	G:13	134412	9.67E-05	1	FALSE	1	1:183328792-183329010	Other	FALSE
670	SA222_12_6841956	SA222	12	6841956	12,6841956,G,A	G579S	USP5		DISULFID // 195 // 816 //	G:20690	A:22112	42802	0.516611373	0	TRUE	G:18722	T:5	18727	0.000266994	1	FALSE	1	12:6841927-6842193	Other	FALSE
671	SA222_14_33339213	SA222	14	33339213	14,33339213,C,T	T650M	NPAS3	14q12-q13		C:342	T:122	464	0.262931034	8.62E-210	TRUE	C:397	G:1	398	0.002512563	1	FALSE	1	14:33339191-33339409	Other	FALSE
672	SA222_17_53698565	SA222	17	53698565	17,53698565,G,A	M524I	LPO	17q23.1		G:586400	T:46877	633277	0.0740229	0	TRUE	G:487557	A:121	487678	0.000248115	1	FALSE	1	17:53698539-53698749	Other	FALSE
673	SA222_6_29072323	SA222	6	29072323	6,29072323,C,G	W145C	ZNF311	6p22.1		C:162397	G:30862	193259	0.159692433	0	TRUE	C:161786	A:43	161829	0.000265713	1	FALSE	-1	6:29072283-29072580	Other	FALSE
674	SA223_11_122436170	SA223	11	122436170	11,122436170,A,T	V143E	HSPA8	11q24.1	STRAND // 141 // 146 //	A:71982	T:29850	101832	0.293129861	0	TRUE	A:73093	C:8	73101	0.000109438	1	FALSE	-1	11:122436134-122436357	Other	FALSE
675	SA223_11_36468358	SA223	11	36468358	11,36468358,C,T	R392H	TRAF6	11p12	DOMAIN // 350 // 499 // MATH. /// STRAND // 388 // 395 //	C:99540	T:27219	126759	0.214730315	0	TRUE	C:137521	G:135	137656	0.000980706	1	FALSE	-1	11:36468330-36468542	Other	FALSE
676	SA223_15_68748272	SA223	15	68748272	15,68748272,C,T	R602Q	UACA	15q22-q24	COILED // 438 // 1386 // Potential.	C:88985	T:43598	132583	0.328835522	0	TRUE	C:120149	A:21	120170	0.000174752	1	FALSE	-1	15:68748237-68748459	Other	FALSE
677	SA223_19_48371266	SA223	19	48371266	19,48371266,G,C	S302C	PSG5	19q13.2	DISULFID // 261 // 301 // Probable. /// DOMAIN // 239 // 317 // Ig-like C2-type 2.	G:67357	C:23523	90880	0.258835827	0	TRUE	G:67568	A:9	67577	0.000133181	1	FALSE	-1	19:48371228-48371446	Other	FALSE
678	SA223_19_60935993	SA223	19	60935993	19,60935993,G,A	T339M	NLRP9	19q13.42	DOMAIN // 146 // 465 // NACHT.	G:160511	A:37865	198376	0.190874904	0	TRUE	G:129839	T:17	129856	0.000130914	1	FALSE	-1	19:60935815-60936033	Other	FALSE
679	SA223_20_43945633	SA223	20	43945633	20,43945633,C,A	A332D	ZSWIM1	20q13.12		C:88001	A:68970	156971	0.439380523	0	TRUE	C:143910	T:108	144018	0.000749906	1	FALSE	1	20:43945594-43945814	Other	FALSE
680	SA223_22_20387685	SA223	22	20387685	22,20387685,A,C	C82G	YPEL1	22q11.2		A:9406	C:14424	23830	0.605287453	0	TRUE	A:40361	G:10	40371	0.000247703	1	FALSE	-1	22:20387652-20387875	Other	FALSE
681	SA223_3_180434779	SA223	3	180434779	3,180434779,A,G	H1047R	PIK3CA	3q26.3	DOMAIN // 797 // 1068 // PI3K/PI4K. /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->L (in cancer). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->R (in KERSEB; shows an increase in lipid kinase activity; oncogenic in vivo). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->Y (in cancer). /// HELIX // 1032 // 1047 //	A:11304	G:22031	33335	0.660896955	0	TRUE	A:29375	C:14	29389	0.000476369	1	FALSE	1	3:180434587-180434820	Other	FALSE
682	SA223_4_155724884	SA223	4	155724884	4,155724884,C,T	A815T	FGA	4q28	DOMAIN // 623 // 864 // Fibrinogen C-terminal. /// STRAND // 814 // 816 //	C:62503	T:9162	71665	0.127844834	0	TRUE	C:33407	T:5	33412	0.000149647	1	FALSE	-1	4:155724854-155725070	Other	FALSE
683	SA223_4_158503522	SA223	4	158503522	4,158503522,C,T	A843V	GRIA2		TOPO_DOM // 834 // 883 // Cytoplasmic (Potential).	C:154580	T:49421	204001	0.242258616	0	TRUE	C:155209	T:38	155247	0.000244771	1	FALSE	1	4:158503495-158503715	Other	FALSE
684	SA223_5_140943936	SA223	5	140943936	5,140943936,C,A	R114M	DIAPH1	5q31	DOMAIN // 84 // 449 // GBD/FH3.	C:5446	A:30708	36154	0.849366598	0	TRUE	C:40120	A:5	40125	0.000124611	1	FALSE	-1	5:140943900-140944151	Other	FALSE
685	SA223_6_150089850	SA223	6	150089850	6,150089850,A,G	V364A	NUP43	6q25.1		A:25104	G:33050	58154	0.568318602	0	TRUE	A:55772	G:13	55785	0.000233038	1	FALSE	-1	6:150089821-150090036	Other	FALSE
686	SA223_6_160248021	SA223	6	160248021	6,160248021,C,T	T15M	MAS1	6q25.3-q26	CARBOHYD // 16 // 16 // N-linked (GlcNAc...) (Potential). /// TOPO_DOM // 1 // 36 // Extracellular (Potential).	C:48733	T:22918	71651	0.319855969	0	TRUE	C:109031	T:16	109047	0.000146726	1	FALSE	1	6:160247996-160248204	Other	FALSE
687	SA223_8_57291513	SA223	8	57291513	8,57291513,C,A	CHCHD7		8q12.1		C:15207	A:2457	17664	0.139096467	0	TRUE	C:22295	A:3	22298	0.000134541	1	FALSE	1,1	8:57291481-57291700	Other	FALSE
688	SA223_8_77928337	SA223	8	77928337	8,77928337,G,A	D2164N	ZFXH4	8q21.11		G:51366	A:39903	91269	0.437202117	0	TRUE	G:74590	T:52	74642	0.000696659	1	FALSE	1	8:77928126-77928363	Other	FALSE
689	SA223_9_89442758	SA223	9	89442758	9,89442758,A,T	Q122L	DAPK1	9q34.1	DOMAIN // 13 // 275 // Protein kinase. /// HELIX // 113 // 132 //	A:54821	T:12747	67568	0.188654393	0	TRUE	A:69019	C:20	69039	0.000289691	1	FALSE		9:89442718-89442950	Other	FALSE
690	SA224_10_102711651	SA224	10	102711651	10,102711651,G,C	D1172H	C10orf6	10q24.31		G:5305	G:5869	7279	0.271191098	0	TRUE	G:5869	C:1	5870	0.000170358	1	FALSE	1	10:102711618-102711867	Basal	FALSE
691	SA224_10_88759450	SA224	10	88759450	10,88759450,C,G	D487E	KIAA1975		REPEAT // 487 // 516 // ANK 1.	C:1786	G:10	196	0.051020408	1.57E-09	TRUE	C:218	G:6	224	0.026785714	2.96E-05	FALSE	1,1	10:88759418-88759691	Basal	FALSE
692	SA224_11_20761831	SA224	11	20761831	11,20761831,C,T	H72Y	NELL1	11p15.2-p15.1		C:7753	T:2299	10052	0.228710704	0	TRUE	C:7843	A:2	7845	0.000254939	1	FALSE	1	11:20761796-20762019	Basal	FALSE
693	SA224_1_12708540	SA224	1	12708540	1,12708540,A,T	K348M	AADACL3			A:19329	T:17928	37257	0.481198164	0	TRUE	A:37721	G:9	37730	0.000238537	1	FALSE	1	1:12708504-12708737	Basal	FALSE
694	SA224_1_152493181	SA224	1	152493181	1,152493181,C,G	Q616E	UBAP2L	1q21.3		C:27719	G:10218	37937	0.269341276	0	TRUE	C:30332	T:4	30336	0.000131857	1	FALSE	1	1:152493151-152493372	Basal	FALSE
695	SA224_1_16232307	SA224	1	16232307	1,16232307,G,T	G662V	CLCNK	1p36	DOMAIN // 626 // 684 // CBS 2. /// STRAND // 663 // 669 //	G:13711	T:6092	19803	0.307630157	0	TRUE	G:18668	A:2	18670	0.000107124	1	FALSE	1	1:16232267-16232520	Basal	FALSE
696	SA224_1_174831231	SA224	1	174831231	1,174831231,G,A	R623H	PAPPA2	1q23-q25	DISULFID // 499 // 793 // By similarity. /// DISULFID // 504 // 828 // By similarity. /// REGION // 442 // 754 // Metalloprotease.	G:347	A:365	712	0.512640449	0	TRUE	G:709	N:0	709	0	1	FALSE	1	1:174831210-174831421	Basal	FALSE
697	SA224_11_9976412	SA224	11	9976412	11,9976412,G,A	Q318	SBF2	11p15.4		G:2663	A:1131	3794	0.298102267	0	TRUE	G:4541	T:3								

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
717	SA224_3_4684132	SA224	3	4684132	3,4684132,C,G	I595M	ITPR1	3p26-p25	TOPO_DOM // 1 // 2282 // Cytoplasmic (Potential).	C:55541	G:13744	69285	0.198369055	0	TRUE	C:70210	G:20	70230	0.000284779	1	FALSE		1 3:4684103-4684318	Basal	FALSE
718	SA224_4_126461172	SA224	4	126461172	4,126461172,T,C	Y1386H	FAT4	4q28.1	DOMAIN // 1316 // 1420 // Cadherin 13. /// TOPO_DOM // 39 // 4504 // Extracellular (Potential).	T:14958	C:5446	20404	0.266908449	0	TRUE	T:18106	G:11	18117	0.000607165	1	FALSE	1	4:126460989-126461211	Basal	FALSE
719	SA224_4_130002771	SA224	4	130002771	4,130002771,C,G	Q482E	PHF17	4q26-q27		C:43122	G:17556	60678	0.289330565	0	TRUE	C:74177	T:8	74185	0.000107839	1	FALSE	1	4:130002741-130002959	Basal	FALSE
720	SA224_4_1613089	SA224	4	1613089	4,1613089,G,A	T315I	FAM53A	4p16.3		G:5455	A:9805	15260	0.642529489	0	TRUE	G:15154	N:0	15154	0	1	FALSE	-1	4:1613053-1613269	Basal	FALSE
721	SA224_5_158071806	SA224	5	158071806	5,158071806,C,T	A495T	EBF1	5q34	COMPBias // 462 // 550 // Pro/Ser/Thr-rich.	C:23207	T:8204	31411	0.261182388	0	TRUE	C:35458	T:23	35481	0.000648234	1	FALSE	-1	5:158071765-158071998	Basal	FALSE
722	SA224_5_40889632	SA224	5	40889632	5,40889632,C,A	T814K	CARD6	5p13.1		C:36918	A:15932	52850	0.301456954	0	TRUE	C:66863	A:35	66898	0.000523185	1	FALSE	1	5:40889603-40889825	Basal	FALSE
723	SA224_5_61035468	SA224	5	61035468	5,61035468,C,T	P82S	FLJ37543	5q12.1		C:450	T:155	605	0.256198347	3.58E-263	TRUE	C:433	T:1	434	0.002304147	1	FALSE	1	5:61035435-61035654	Basal	FALSE
724	SA224_6_1875399	SA224	6	1875399	6,1875399,T,A	E236D	GMD5	6p25		T:54306	A:18282	72588	0.251859812	0	TRUE	T:60643	G:9	60652	0.000148388	1	FALSE	-1	6:1875362-1875580	Basal	FALSE
725	SA224_7_100471732	SA224	7	100471732	7,100471732,T,C	S3439P	MUC17	7q22.1	COMPBias // 84 // 3836 // Ser-rich. /// REGION // 185 // 3727 // 59 X approximate tandem repeats. /// REPEAT // 3427 // 3485 // 56. /// TOPO_DOM // 26 // 4393 // Extracellular (Potential).	T:18489	C:4475	22964	0.194870232	0	TRUE	T:13902	C:8	13910	0.000575126	1	FALSE	1	7:100471692-100471945	Basal	FALSE
726	SA224_7_150812770	SA224	7	150812770	7,150812770,C,G	D60H	RHEB	7q36	MUTAGEN // 60 // 60 // D->I: Deficient in guanine nucleotide binding. Unable to rescue S6K1 from inactivation by amino-acid withdrawal. /// STRAND // 52 // 60 //	C:17580	G:9918	27498	0.360680777	0	TRUE	C:17691	A:2	17693	0.000113039	1	FALSE	-1	7:150812734-150812953	Basal	FALSE
727	SA224_7_93885039	SA224	7	93885039	7,93885039,A,G	E644G	COL1A2	7q22.1		A:60282	G:15508	75790	0.204618023	0	TRUE	A:63628	G:11	63639	0.00017285	1	FALSE	1	7:93885005-93885232	Basal	FALSE
728	SA224_9_106622069	SA224	9	106622069	9,106622069,G,G	L1021F	ABCA1	9q31.1	DOMAIN // 899 // 1131 // ABC transporter 1.	C:7711	G:2635	10346	0.254687802	0	TRUE	C:7140	A:7	7147	0.000979432	1	FALSE	-1	9:106622041-106622261	Basal	FALSE
729	SA224_9_137518279	SA224	9	137518279	9,137518279,G,A	L701	KIAA0649	9q34.3		T:6856	G:1515	8371	0.180981962	0	TRUE	T:20186	G:20	20206	0.000989805	1	FALSE	1	9:137518248-137518462	Basal	FALSE
730	SA224_X_105039807	SA224	X	105039807	X,105039807,G,C	Q506H	NRK	Xq22.3	COMPBias // 402 // 570 // Gln-rich.	G:41062	C:21467	62529	0.343312703	0	TRUE	G:48033	T:20	48053	0.000416207	1	FALSE	1	X:105039766-105039986	Basal	FALSE
731	SA224_X_56608306	SA224	X	56608306	X,56608306,G,C	Q425H	UBQLN2	Xp11.23-p11.1		G:28164	C:26497	54661	0.484751468	0	TRUE	G:53269	T:5	53274	9.39E-05	1	FALSE	1	X:56608266-56608498	Basal	FALSE
732	SA224_X_9824322	SA224	X	9824322	X,9824322,G,A	G792S	SHROOM2	Xp22.3		G:13625	A:2586	16211	0.159521313	0	TRUE	G:28654	A:4	28658	0.000139577	1	FALSE	1	X:9824295-9824514	Basal	FALSE
733	SA225_10_102239853	SA225	10	102239853	10,102239853,G,C	A956G	SEC31B	10q24.31	COMPBias // 821 // 1073 // Pro-rich.	G:5887	C:4587	10474	0.437945157	0	TRUE	G:37567	A:1	37568	2.66E-05	1	FALSE	-1	10:102239821-102240034	Basal	FALSE
734	SA225_10_102722733	SA225	10	102722733	10,102722733,G,C	R25T	SEMA4G	10q24.31	TOPO_DOM // 18 // 675 // Extracellular (Potential).	G:8276	C:6352	14628	0.434235712	0	TRUE	G:22764	A:5	22769	0.000219597	1	FALSE	1	10:102722710-102722925	Basal	FALSE
735	SA225_1_150458277	SA225	1	150458277	1,150458277,G,G	G818R	HRNR	1q21.3	REPEAT // 748 // 836 // 8.	G:4408	G:3532	7940	0.444836272	0	TRUE	C:14729	G:3	14732	0.000203638	1	FALSE	-1	1:150458237-150458460	Basal	FALSE
736	SA225_1_152380566	SA225	1	152380566	1,152380566,G,T	N177K	NUP210L	1q21.3		G:5616	T:4316	9932	0.434554974	0	TRUE	G:6029	T:2	6031	0.00033162	1	FALSE	-1	1:152380537-152380823	Basal	FALSE
737	SA225_1_153273557	SA225	1	153273557	1,153273557,G,C	W28C	DCST1	1q21.3	TOPO_DOM // 1 // 48 // Cytoplasmic (Potential).	G:7965	C:4927	12982	0.382174992	0	TRUE	G:10262	A:6	10268	0.00058434	1	FALSE	1	1:153273516-153273754	Basal	FALSE
738	SA225_1_17593075	SA225	1	17593075	1,17593075,C,T		PADI6	1p36.13		C:2405	T:1735	4140	0.419082126	0	TRUE	C:6180	A:2	6182	0.00032352	1	FALSE	1	1:17593035-17593254	Basal	FALSE
739	SA225_1_181804921	SA225	1	181804921	1,181804921,G,C	P231R	NCF2	1q25		G:6531	C:2220	8751	0.253685293	0	TRUE	G:4889	C:4	4893	0.000817494	1	FALSE	-1	1:181804679-181804962	Basal	FALSE
740	SA225_1_195713419	SA225	1	195713419	1,195713419,G,T	L1336F	CRB1	1q31-q32.1	TOPO_DOM // 26 // 1347 // Extracellular (Potential).	G:984	T:256	1240	0.206451613	0	TRUE	G:1878	A:3	1881	0.001594896	1	FALSE	1	1:195713393-195713603	Basal	FALSE
741	SA225_1_198643770	SA225	1	198643770	1,198643770,G,A	Q563	ZNF281	1q32.1		G:35645	A:15076	50721	0.297233887	0	TRUE	G:37512	T:11	37523	0.000293154	1	FALSE	-1	1:198643740-198643957	Basal	FALSE
742	SA225_1_201296140	SA225	1	201296140	1,201296140,G,T	A413I	PPFIA4	1q32.1		G:9276	T:1680	10956	0.153340635	0	TRUE	G:26632	A:7	26639	0.000262773	1	FALSE	1	1:201296113-201296324	Basal	FALSE
743	SA225_12_124036713	SA225	12	124036713	12,124036713,C,A	G53V	DHX37	12q24.31		C:5433	A:4061	9494	0.427743838	0	TRUE	C:21466	T:5	21471	0.000232872	1	FALSE	-1	12:124036686-124036898	Basal	FALSE
744	SA225_12_129501730	SA225	12	129501730	12,129501730,G,A	S139L	RIMBP2	12q24.33		G:17040	A:13060	30100	0.433887043	0	TRUE	G:46107	A:3	46110	6.51E-05	1	FALSE	-1	12:129501695-129501913	Basal	FALSE
745	SA225_1_221635091	SA225	1	221635091	1,221635091,G,A	E551K	C1orf65	1q41	COILED // 534 // 573 // Potential.	G:31543	A:14393	45936	0.313327238	0	TRUE	G:39915	A:11	39926	0.00027551	1	FALSE	1	1:221635065-221635281	Basal	FALSE
746	SA225_1_24327319	SA225	1	24327319	1,24327319,C,T	G190D	IL22RA1	1p36.11	DISULFID // 128 // 217 // /// DOMAIN // 141 // 221 // Fibronectin type-III 2. /// TOPO_DOM // 16 // 228 // Extracellular (Potential).	C:18162	T:13087	31249	0.418797402	0	TRUE	C:35992	A:3	35995	8.33E-05	1	FALSE	-1	1:24327295-24327515	Basal	FALSE
747	SA225_12_52167127	SA225	12	52167127	12,52167127,G,A	R73	PAMP3K12	12q13		G:2447	A:1776	4223	0.420554108	0	TRUE	G:10828	A:7	10835	0.000646054	1	FALSE	-1	12:52167105-52167318	Basal	FALSE
748	SA225_13_18291468	SA225	13	18291468	13,18291468,G,C		LOC645626			G:1551	C:530	2081	0.254685247	0	TRUE	G:1273	T:1	1274	0.000784929	1	FALSE	-1	13:18291427-18291721	Basal	FALSE
749	SA225_1_35246975	SA225	1	35246975	1,35246975,C,G	D544H	ZMYM6	1p34.2	ZN_FING // 538 // 572 // MYM-type 8.	C:223	G:178	401	0.443890274	0	TRUE	C:200	N:0	200	0	1	FALSE	-1	1:35246936-35247164	Basal	FALSE
750	SA225_1_46431898	SA225	1	46431898	1,46431898,C,G	R317S	POMGNT1	1p34.1	TOPO_DOM // 59 // 660 // Lumenal (Potential).	C:25315	G:18602	43917	0.423571738	0	TRUE	C:47105	A:9	47114	0.000191026	1	FALSE	-1	1:46431875-46432085	Basal	FALSE
751	SA225_15_38702066	SA225	15	38702066	15,38702066,T,G	V797G	CASC5	15q14		T:6814	G:28829	35643	0.808826418	0	TRUE	T:31326	C:10	31336	0.000319122	1	FALSE	1	15:38702039-38702255	Basal	FALSE
752	SA225_15_60841241	SA225	15	60841241	15,60841241,G,C	A1570P	TLN2	15q15-q21		G:41680	C:27881	69561	0.400813674	0	TRUE	G:54291	T:2	54293	3.68E-05	1	FALSE	1	15:60841203-60841426	Basal	FALSE
753	SA225_15_62755233	SA225	15	62755233	15,62755233,G,A	K1043E	ZNF609	15q22.31		A:16031	G:10763	26794	0.401694409	0	TRUE	A:28876	G:1	28877	3.46E-05	1	FALSE	1	15:62755208-62755428	Basal	FALSE
754	SA225_16_3223680	SA225	16	3223680	16,3223680,T,C	K26R	ZNF200	16p13.3		T:4278	C:4856	9134	0.531640026	0	TRUE	T:9600	G:7	9607	0.000728635	1	FALSE	-1	16:3223649-3223868	Basal	FALSE
755	SA225_1_65083787	SA225	1	65083787	1,65083787,G,C	Y704	JAK1	1p32.3-p31.3	DOMAIN // 583 // 855 // Protein kinase 1.	G:6253	C:23075	29328	0.78679078	0	TRUE	G:29881	T:13	29894	0.00043487	1	FALSE	-1	1:65083750-65083984	Basal	FALSE
756	SA225_17_8379878	SA225	17	8379878	17,8379878,C,T	G558S	MYH10	17p13	DOMAIN // 2 // 785 // Myosin head-like.	C:1680	T:5135	6815	0.75348496	0	TRUE	C:6455	T:3	6458	0.00046454	1	FALSE	-1	17:8379655-8379906	Basal	FALSE
757	SA225_1_93470598	SA225	1	93470598	1,93470598,A,G	I773V	CCDC18	1p22.1	COILED // 508 // 1309 // Potential.	A:4105	G:4428	8533	0.518926521	0	TRUE	A:7686	T:3	7689	0.000390168	1	FALSE	1	1:93470565-93470846	Basal	FALSE
758	SA225_19_40410876	SA225	19	40410876	19,40410876,C,G	G183A	TMEM162	19q13.12	TOPO_DOM // 18 // 335 // Extracellular (Potential).	C:22062	G:21340	43402	0.491682411	0	TRUE	C:41333	G:8	41341	0.000193512	1	FALSE	-1	19:40410852-40411072	Basal	FALSE
759	SA225_19_59000458	SA225	19	59000458	19,59000458,C,T	A768T	NLRP12	19q13.41		C:9161	T:3530	12691	0.27												

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.teststatus	Strand	primer	PAM50	Splice.site
779	SA225_4_37528239	SA225	4	37528239	4,37528239,C,A	C484	PGM2	4p14		C:478	A:389	867	0.448673587	0	TRUE	C:995	G:2	997	0.002006018	1	FALSE		1 4:37528198-37528434	Basal	FALSE
780	SA225_5_6676385	SA225	5	6676385	5,6676385,C,G	R160P	NSUN2	5p15.31		C:4453	G:12439	16892	0.736384087	0	TRUE	C:21072	T:6	21078	0.000284657	1	FALSE	-1	5:6676360-6676594	Basal	FALSE
781	SA225_6_117220893	SA225	6	117220893	6,117220893,C,A	G629V	GPRC6A	6q22.2	TOPO_DOM // 616 // 631 // Cytoplasmic (Potential). REGION // 260 // 606 // Interaction with PPP1R8. /// REGION // 501 // 659 // Interaction with DAPK3 (By similarity).	C:15098	A:20262	35360	0.573020362	0	TRUE	C:25457	G:25	25482	0.000981085	1	FALSE		6:117220852-117221088	Basal	FALSE
782	SA225_6_44500287	SA225	6	44500287	6,44500287,G,C	A520P	CDCSL	6p21		G:21	C:61	82	0.743902439	2.50E-133	TRUE	G:173	N:0	173	0	1	FALSE	1	6:44500259-44500557	Basal	FALSE
783	SA225_6_7526785	SA225	6	7526785	6,7526785,A,G	Q1788R	DSP	6p24	REGION // 1057 // 1945 // Central fibrous rod domain. /// COILED // 1018 // 1945 // Potential.	A:4279	G:14891	19170	0.776786646	0	TRUE	A:14163	G:12	14175	0.000846561	1	FALSE	1	6:7526744-7526999	Basal	FALSE
784	SA225_7_100473384	SA225	7	100473384	7,100473384,G,C	K3989N	MUC17	7q22.1	TOPO_DOM // 26 // 4393 // Extracellular (Potential). TOPO_DOM // 1 // 68 // Extracellular (Potential).	G:3293	C:14478	17771	0.814698104	0	TRUE	G:26269	T:21	26290	0.000798783	1	FALSE	1	7:100473345-100473568	Basal	FALSE
785	SA225_7_5293987	SA225	7	5293987	7,5293987,G,A	G5E	SLC29A4	7p22.1		G:300	A:279	579	0.481865285	0	TRUE	G:600	N:0	600	0	1	FALSE	1	7:5293949-5294200	Basal	FALSE
786	SA225_7_6196685	SA225	7	6196685	7,6196685,G,A	P13S	PSCD3	7p22.1		G:306	A:347	653	0.531393568	0	TRUE	G:642	N:0	642	0	1	FALSE	-1	7:6196651-6196882	Basal	FALSE
787	SA225_8_146127752	SA225	8	146127752	8,146127752,C,A	D409Y	ZNF16	8q24	ZN_FING // 405 // 427 // C2H2-type 8.	C:35878	A:26069	61947	0.420827482	0	TRUE	C:55595	G:55	55650	0.00098832	1	FALSE	-1	8:146127713-146127939	Basal	FALSE
788	SA225_8_146142369	SA225	8	146142369	8,146142369,C,T	E10K	ZNF16	8q24		C:4336	T:19886	21422	0.820989183	0	TRUE	C:32257	A:10	32267	0.000309914	1	FALSE	-1	8:146142345-146142566	Basal	FALSE
789	SA225_8_41699857	SA225	8	41699857	8,41699857,G,C	H284Q	ANK1	8p11.1	REGION // 2 // 827 // 89 kDa domain. /// REPEAT // 271 // 300 // ANK 8.	G:25873	C:10893	36766	0.296279171	0	TRUE	G:32492	T:3	32495	9.23E-05	1	FALSE	-1	8:41699660-41699895	Basal	FALSE
790	SA225_9_114851965	SA225	9	114851965	9,114851965,C,A	K47N	ZFP37	9q32	DOMAIN // 32 // 103 // KRAB.	C:8199	A:46552	54751	0.850249311	0	TRUE	C:56033	A:5	56038	8.92E-05	1	FALSE	-1	9:114851781-114852000	Basal	FALSE
791	SA225_9_134211540	SA225	9	134211540	9,134211540,A,G	F106S	SETX	9q34.13		A:3146	G:7747	10893	0.711190673	0	TRUE	A:10907	T:1	10908	9.17E-05	1	FALSE	-1	9:134211502-134211721	Basal	FALSE
792	SA225_9_99173776	SA225	9	99173776	9,99173776,G,T	E1512	KIAA1529	9q22.33		G:1883	T:9634	11517	0.836502561	0	TRUE	G:10566	A:2	10568	0.000189251	1	FALSE	1	9:99173741-99174051	Basal	FALSE
793	SA225_X_101511223	SA225	X	101511223	X,101511223,C,T		NXF2B			C:13731	T:8655	22386	0.38662557	0	TRUE	C:20651	A:3	20654	0.00014525	1	FALSE	-1	X:101511183-101511417	Basal	FALSE
794	SA225_X_118141608	SA225	X	118141608	X,118141608,G,A	S149F	KIAA1210			G:17	A:33	50	0.66	5.57E-69	TRUE	G:68	N:0	68	0	1	FALSE	-1	X:118141569-118141836	Basal	FALSE
795	SA225_X_21665610	SA225	X	21665610	X,21665610,C,G		SMPX	Xp22.1		C:33146	G:11890	45036	0.264011013	0	TRUE	C:29447	A:20	29467	0.000678725	1	FALSE	-1	X:21665428-21665639	Basal	FALSE
796	SA225_X_46919433	SA225	X	46919433	X,46919433,C,G	Q192E	RBM10	Xp11.23	DOMAIN // 129 // 209 // RRM 1.	C:4028	G:3495	7523	0.464575302	0	TRUE	C:12778	A:5	12783	0.000391144	1	FALSE	1	X:46919406-46919628	Basal	FALSE
797	SA225_X_53294130	SA225	X	53294130	X,53294130,C,G	E815Q	IQSEC2		DOMAIN // 736 // 929 // SEC7.	C:27547	G:18459	46006	0.401230274	0	TRUE	C:42278	A:6	42284	0.000141898	1	FALSE	-1	X:53294105-53294334	Basal	FALSE
798	SA226_10_27375442	SA226	10	27375442	10,27375442,G,C	Q610E	ANKRD26	10pter-q22.1		G:8705	C:1315	10020	0.131237525	0	TRUE	G:8017	T:4	8021	0.000498691	1	FALSE	-1	10:27375401-27375647	Basal	FALSE
799	SA226_1_152473757	SA226	1	152473757	1,152473757,T,G	S116A	UBAP2L	1q21.3		T:435955	G:187929	623884	0.301224266	0	TRUE	T:585038	G:62	585100	0.000105965	1	FALSE	1	1:152473702-152473970	Basal	FALSE
800	SA226_15_71641330	SA226	15	71641330	15,71641330,T,C	N391D	NPTN	15q22	TOPO_DOM // 361 // 398 // Cytoplasmic (Potential).	T:945062	C:83993	1029055	0.081621488	0	TRUE	T:922527	G:60	922587	6.50E-05	1	FALSE	-1	15:71641298-71641559	Basal	FALSE
801	SA227_10_128182933	SA227	10	128182933	10,128182933,C,G	E276Q	C10orf90	10q26.2		C:40367	G:7505	47872	0.156772226	0	TRUE	C:51626	G:41	51667	0.000793543	1	FALSE	-1	10:128182892-128183123	Basal	FALSE
802	SA227_10_89682759	SA227	10	89682759	10,89682759,A,G	Y88C	PTEN	10q23.3	DOMAIN // 14 // 185 // Phosphatase tensin-type. /// STRAND // 85 // 90 ///	A:9491	G:17764	27255	0.651770317	0	TRUE	A:28529	C:2	28531	7.01E-05	1	FALSE	1	10:89682726-89682945	Basal	FALSE
803	SA227_10_89707599	SA227	10	89707599	10,89707599,T,C	F215S	PTEN	10q23.3	DOMAIN // 190 // 350 // C2 tensin-type. /// STRAND // 213 // 219 ///	T:63	C:94	157	0.598726115	6.80E-203	TRUE	T:166	G:1	167	0.005988024	1	FALSE	1	10:89707568-89707792	Basal	FALSE
804	SA227_12_29488415	SA227	12	29488415	12,29488415,C,G	E983Q	OVCH1	12p11.22		C:13503	G:1499	15002	0.099920011	0	TRUE	C:13798	A:8	13806	0.000579458	1	FALSE	-1	12:29488389-29488596	Basal	FALSE
805	SA227_14_43659419	SA227	14	43659419	14,43659419,T,G		LOC645086			T:35558	G:15263	50821	0.300328604	0	TRUE	T:44963	G:37	45000	0.000822222	1	FALSE	-1	14:43659380-43659630	Basal	FALSE
806	SA227_16_75081152	SA227	16	75081152	16,75081152,A,T		CNTNAP4	16q23.1		A:27856	T:37336	65192	0.572708308	0	TRUE	A:74333	G:9	74342	0.000121062	1	FALSE	1	16:75081117-75081334	Basal	FALSE
807	SA227_17_36202242	SA227	17	36202242	17,36202242,A,G	M453T	KRT28	17q21.2	REGION // 398 // 464 // Tail. // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 214 // 219 // /// VARIANT // 219 // 219 // P->C (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 219 // 219 // P->H (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->R (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->S (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->T	A:7540	G:2721	10261	0.265178832	0	TRUE	A:12648	C:1	12649	7.91E-05	1	FALSE	-1	17:36202210-36202498	Basal	FALSE
808	SA227_17_7518915	SA227	17	7518915	17,7518915,T,C	Y220C	TP53	17p13.1		T:28075	C:37888	65963	0.574382608	0	TRUE	T:80021	G:16	80037	0.000199908	1	FALSE	-1	17:7518885-7519107	Basal	FALSE
809	SA227_18_19999078	SA227	18	19999078	18,19999078,T,C	Q900R	OSBPL1A	18q11.1	COILED // 877 // 913 // Potential.	T:4689	C:4826	9515	0.507199159	0	TRUE	T:11005	G:1	11006	9.09E-05	1	FALSE	-1	18:19999043-19999265	Basal	FALSE
810	SA227_19_36460782	SA227	19	36460782	19,36460782,G,A	T586M	TSZH3	19q12		G:11284	A:15554	26838	0.579551382	0	TRUE	G:21153	A:4	21157	0.000189063	1	FALSE	-1	19:36460749-36460974	Basal	FALSE
811	SA227_2_23768174	SA227	2	23768174	2,23768174,C,A	A182D	KLHL29		DOMAIN // 109 // 181 // 8TB.	C:18293	A:14580	32873	0.443525081	0	TRUE	C:61366	G:78	61444	0.001269449	1	FALSE	1	2:23768152-23768370	Basal	FALSE
812	SA227_3_130693707	SA227	3	130693707	3,130693707,G,C	E676Q	IFT122	3q21		G:20187	C:8361	28548	0.292875158	0	TRUE	G:26546	A:2	26548	7.53E-05	1	FALSE	1	3:130693674-130693901	Basal	FALSE
813	SA227_3_143660888	SA227	3	143660888	3,143660888,C,T	R2407H	ATR	3q22-q24	DOMAIN // 2322 // 2567 // PI3K/PI4K. DOMAIN // 898 // 949 // FF 4. /// HELIX // 918 // 927 ///	C:6070	T:2648	8718	0.30373939	0	TRUE	C:6787	G:8	6795	0.001177336	1	FALSE	-1	3:143660860-143661081	Basal	FALSE
814	SA227_5_145866818	SA227	5	145866818	5,145866818,G,A	R922H	TCERG1	5q31		G:74	A:67	141	0.475177305	5.83E-135	TRUE	G:175	N:0	175	0	1	FALSE	1	5:145866783-145867031	Basal	FALSE
815	SA227_6_88911418	SA227	6	88911418	6,88911418,C,G	G99R	CNR1	6q14-q15	TOPO_DOM // 1 // 116 // Extracellular (Potential). DOMAIN // 96 // 313 // Fibrinogen C-terminal. /// TURN // 258 // 262 ///	C:47273	G:19646	66919	0.293578804	0	TRUE	C:72289	A:6	72295	8.30E-05	1	FALSE	-1	6:88911380-88911603	Basal	FALSE
816	SA227_9_136918920	SA227	9	136918920	9,136918920,G,A	M260I	FCN2	9q34.3		G:15015	A:20721	35736	0.57983546	0	TRUE	G:49942	T:12	49954	0.000240221	1	FALSE	1	9:136918890-136919112	Basal	FALSE
817	SA228_18_40785894	SA228	18	40785894	18,40785894,C,T	T864M	SETBP1	18q21.1		C:566562	T:125235	691797	0.181028539	0	TRUE	C:392154	G:248	392402	0.000632005	1	FALSE	1	18:40785853-40786088	Basal	FALSE
818	SA228_2_237942320	SA228	2	237942320	2,237942320,T,C	R1509G	COL6A3	2q37	DOMAIN // 1436 // 1609 // VWF 8. /// REGION // 26 // 2038 // Nonhelical region.	T:603607	C:200127	803734	0.248996559	0	TRUE	T:554273	G:222	554495	0.000400364	1	FALSE	-1	2:237942279-237942516	Basal	FALSE
819	SA228_8_98804424	SA228	8	98804424	8,98804424,G,A	V555M	MTDH	8q22.1	TOPO_DOM // 70 // 582 // Cytoplasmic (Potential).	G:487415	A:110054	597469	0.184200352	0	TRUE	G:329908	T:163	330071	0.000493833	1	FALSE	1	8:98804383-98804621	Basal	FALSE
820	SA229_10_11407811	SA229	10	11407811	10,11407811,A,C	E421A	CUGBP2	10p13	REGION // 357 // 508 // Necessary for RNA-binding, TNNT2 exon 5 and NMDA R1 exon 21 inclusion.	A:77461	C:20324	97785	0.207843739	0	TRUE	A:127481	C:28	127509	0.000219592						

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI	
1		id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
833		SA229_12_54954863	SA229	12	54954863	12,54954863,G,C	R329G	CS	12q13.2-q13.3		G:15556	C:4359	19915	0.218880241	0	TRUE	G:18110	A:5	18115	0.000276014	1	FALSE	-1	12:54954823-54955056	Basal	FALSE
834		SA229_12_63371582	SA229	12	63371582	12,63371582,A,G	T175A	RASSF3	12q14.2	DOMAIN // 79 // 186 // Ras-associating.	A:61731	G:17560	79291	0.221462713	0	TRUE	A:55412	G:18	55430	0.000324734	1	FALSE	1	12:63371543-63371799	Basal	FALSE
835		SA229_12_8867143	SA229	12	8867143	12,8867143,T,G	V54G	AZML1	12p13.31	DISULFID // 40 // 78 // By similarity.	T:95599	G:21081	116680	0.180673637	0	TRUE	T:102708	C:16	102724	0.000155757	1	FALSE	1	12:8867109-8867340	Basal	FALSE
836		SA229_13_47937162	SA229	13	47937162	13,47937162,G,T	E747	RB1	13q14.2	REGION // 373 // 771 // Pocket, blinds T and E1A. /// REGION // 640 // 771 // Domain B. /// VARIANT // 746 // 746 // E->G (in dbSNP:rs3092905). /// STRAND // 745 // 747 ///	G:55964	T:25177	81141	0.310287031	0	TRUE	G:68125	T:34	68159	0.000498834	1	FALSE	1	13:47937121-47937352	Basal	FALSE
837		SA229_14_93489508	SA229	14	93489508	14,93489508,G,A	Q145	ASB2	14q31-q32	REPEAT // 123 // 152 // ANK 3.	G:38109	A:40310	78419	0.514033589	0	TRUE	G:70976	T:8	70984	0.000112701	1	FALSE	-1	14:93489475-93489703	Basal	FALSE
838		SA229_16_24866364	SA229	16	24866364	16,24866364,G,A	M394T	ARHGAP17	16p12.1	DOMAIN // 252 // 442 // Rho-GAP.	A:129881	G:26450	156331	0.169192291	0	TRUE	A:120306	C:154	120460	0.001278433	0.144415865	FALSE	-1	16:24866338-24866561	Basal	FALSE
839		SA229_16_46956839	SA229	16	46956839	16,46956839,C,G		SIAH1	16q12		C:137	G:32	169	0.189349112	3.29E-50	TRUE	C:159	N:0	159	0	1	FALSE	-1	16:46956798-46957049	Basal	FALSE
840		SA229_16_54074460	SA229	16	54074460	16,54074460,C,T	R98W	MMP2	16q13-q21	PROPEP // 30 // 109 // Activation peptide.	C:50930	T:20273	71203	0.284721149	0	TRUE	C:143352	T:82	143434	0.000571692	1	FALSE	1	16:54074433-54074651	Basal	FALSE
841		SA229_16_55971065	SA229	16	55971065	16,55971065,C,T	T30M	CK3CL1	16q13	REGION // 25 // 100 // Chemokine. /// TOPO_DOM // 25 // 341 // Extracellular (Potential).	C:157701	T:54245	211946	0.255937833	0	TRUE	C:173122	G:115	173237	0.00066383	1	FALSE	1	16:55971024-55971252	Basal	FALSE
842		SA229_16_66665518	SA229	16	66665518	16,66665518,G,T	Q297H	DUS2L	16q22.1		G:119790	T:35068	154858	0.226452621	0	TRUE	G:149805	T:79	149884	0.000527074	1	FALSE	1	16:66665479-66665704	Basal	FALSE
843		SA229_17_17016749	SA229	17	17016749	17,17016749,T,G	M775R	M-RIP	17p11.2	REGION // 546 // 824 // interaction with RHOA. /// COILED // 673 // 977 // Potential.	T:71693	G:10399	82092	0.12667495	0	TRUE	T:57986	C:9	57995	0.000155186	1	FALSE	1,1	17:17016716-17016960	Basal	FALSE
844		SA229_17_35711754	SA229	17	35711754	17,35711754,A,T	N553I	CDC6	17q21.3		A:41333	T:20893	62226	0.335759972	0	TRUE	A:37944	C:16	37960	0.000421496	1	FALSE	1	17:35711570-35711795	Basal	FALSE
845		SA229_17_64411209	SA229	17	64411209	17,64411209,C,A	A769S	ABCA8	17q24		C:101933	A:24663	126596	0.194816582	0	TRUE	C:80117	A:10	80127	0.000124802	1	FALSE	-1	17:64411172-64411438	Basal	FALSE
846		SA229_18_28603783	SA229	18	28603783	18,28603783,G,A	A257V	KLHL14	18q12.1		G:9866	A:2282	12148	0.187849852	0	TRUE	G:86417	A:96	86513	0.00110966	1	FALSE	-1	18:28603761-28603962	Basal	FALSE
847		SA229_2_102330931	SA229	2	102330931	2,102330931,T,G	I355M	IL1RL1	2q12	TOPO_DOM // 350 // 556 // Cytoplasmic (Potential).	T:340	G:123	463	0.265658747	2.48E-213	TRUE	T:578	N:0	578	0	1	FALSE	1,1	2:102330895-102331116	Basal	FALSE
848		SA229_2_179343450	SA229	2	179343450	2,179343450,C,G		TTN	2q31		C:95467	G:20051	115518	0.173574681	0	TRUE	C:97946	A:62	98008	0.000632601	1	FALSE	-1	2:179343424-179343643	Basal	FALSE
849		SA229_2_219083100	SA229	2	219083100	2,219083100,C,T	V291I	USP37	2q35		C:5428	T:1938	7366	0.263100733	0	TRUE	C:9383	A:5	9388	0.000532595	1	FALSE	-1	2:219083060-219083290	Basal	FALSE
850		SA229_22_33811504	SA229	22	33811504	22,33811504,C,G	P186A	ISX	22q12.3		C:69742	G:45348	115090	0.39402207	0	TRUE	C:113529	G:131	113660	0.00115256	1	FALSE	1	22:33811482-33811699	Basal	FALSE
851		SA229_22_45159217	SA229	22	45159217	22,45159217,T,A	N2257I	CELSR1	22q13.3	CARBOHYD // 2257 // 2257 // N-linked (GlcNAc...) (Potential). /// TOPO_DOM // 22 // 2469 // Extracellular (Potential).	T:55327	A:38928	94255	0.413007268	0	TRUE	T:69589	G:99	69688	0.001420618	0.038471513	FALSE	-1	22:45159176-45159403	Basal	FALSE
852		SA229_2_44024471	SA229	2	44024471	2,44024471,G,A	S788F	LRPPRC	2p21	REPEAT // 785 // 820 // PPR 12.	G:3825	A:2264	6089	0.371818033	0	TRUE	G:5301	A:1	5302	0.0000188608	1	FALSE	-1	2:44024436-44024681	Basal	FALSE
853		SA229_3_17230831	SA229	3	17230831	3,17230831,C,G	V542L	TBC1D5	3p24.3	MOD_RES // 541 // 541 // Phosphoserine.	C:46312	G:34147	80459	0.424402491	0	TRUE	C:58166	A:8	58174	0.000137518	1	FALSE	-1	3:17230795-17231016	Basal	FALSE
854		SA230_1_156910751	SA230	1	156910751	1,156910751,G,A	R448W	SPTA1	1q21	REPEAT // 370 // 474 // Spectrin 5.	G:93168	A:23869	117037	0.203944052	0	TRUE	G:65991	A:7	65998	0.000106064	1	FALSE	-1	1:156910717-156910948	Other	FALSE
855		SA230_1_25657517	SA230	1	25657517	1,25657517,A,G	N234S	TMEM57	1p36.11	1p36.11	A:15921	G:6158	22079	0.278907559	0	TRUE	A:1105	N:0	1105	0	1	FALSE	1	1:25657490-25657734	Other	FALSE
856		SA230_1_26266481	SA230	1	26266481	1,26266481,G,A	T31N	TRIM63	1p34-p33	ZN_FING // 23 // 79 // RING-type.	G:66817	T:19860	86677	0.229126527	0	TRUE	G:155122	T:100	155222	0.000644239	1	FALSE	-1	1:26266440-26266659	Other	FALSE
857		SA230_1_26674204	SA230	1	26674204	1,26674204,A,G		HMGN2	1p36.1		A:19340	G:2143	21483	0.099753293	0	TRUE	A:647	C:1	648	0.00154321	1	FALSE	1	1:26674165-26674391	Other	FALSE
858		SA230_14_31631014	SA230	14	31631014	14,31631014,A,T	Y463F	ARHGAP5	14q12	DOMAIN // 427 // 482 // FF 3.	A:48441	T:3115	51556	0.060419738	0	TRUE	A:49629	T:131	49760	0.002632637	1	FALSE	1	14:31630988-31631322	Other	FALSE
859		SA230_16_67734735	SA230	16	67734735	16,67734735,C,T	T227M	CIRH1A	16q22.1	REPEAT // 193 // 231 // WD 5.	C:71251	T:45268	116519	0.388503163	0	TRUE	C:85926	A:62	85988	0.000721031	1	FALSE	1	16:67734709-67734930	Other	FALSE
860		SA230_22_18507288	SA230	22	18507288	22,18507288,C,T	R144	ZDHHC8	22q11.21	TOPO_DOM // 74 // 148 // Cytoplasmic (Potential). /// ZN_FING // 104 // 154 // DHHC-type.	C:51425	T:35498	86923	0.408384432	0	TRUE	C:198168	T:26	198194	0.000131185	1	FALSE	1	22:18507256-18507484	Other	FALSE
861		SA230_6_46934915	SA230	6	46934915	6,46934915,G,A	S895L	GPR116	6p12.3	TOPO_DOM // 22 // 1006 // Extracellular (Potential).	G:204934	A:30336	235270	0.128941216	0	TRUE	G:210647	C:151	210798	0.000716326	1	FALSE	-1	6:46934876-46935098	Other	FALSE
862		SA230_7_28810465	SA230	7	28810465	7,28810465,C,T	S276L	CREB5	7p15.1		C:147692	T:65805	213497	0.308224472	0	TRUE	C:245444	A:52	245496	0.000211816	1	FALSE	-1	7:28810438-28810679	Other	FALSE
863		SA230_8_139234092	SA230	8	139234092	8,139234092,T,A	N603I	FAM135B	8q24.23		T:210181	A:88039	298220	0.295214942	0	TRUE	T:277125	A:23	277148	8.30E-05	1	FALSE	-1	8:139234065-139234289	Other	FALSE
864		SA230_X_17653762	SA230	X	17653762	X,17653762,G,A	E518K	NHS	Xp22.13		G:114825	A:11924	126749	0.094075693	0	TRUE	A:11924	T:110	275503	0.00039927	1	FALSE	-1	X:17653733-17653955	Other	FALSE
865		SA230_X_79169004	SA230	X	79169004	X,79169004,C,T	T260M	TBX22	Xq21.1	DNA_BIND // 96 // 283 // T-box. /// VARIANT // 260 // 260 // T->M (in CPX).	C:51930	T:21875	73805	0.296389134	0	TRUE	C:29083	A:9	29092	0.000309363	1	FALSE	1	X:79168971-79169211	Other	FALSE
866		SA231_1_115377561	SA231	1	115377561	1,115377561,A,T	M19L	TSHB	1p13	SIGNAL // 1 // 20 //	A:12694	T:8223	20917	0.393125209	0	TRUE	A:12820	T:3	12823	0.000233955	1	FALSE	1	1:115377524-115377772	Basal	FALSE
867		SA231_1_11692089	SA231	1	11692089	1,11692089,G,A	V208I	C1orf187	1p36.22		G:3238	A:15525	18763	0.827426318	0	TRUE	G:28231	A:11	28242	0.000389491	1	FALSE	1	1:11692063-11692276	Basal	FALSE
868		SA231_1_152841074	SA231	1	152841074	1,152841074,G,C	S223	ADAR	1q21.1-q21.2		G:51609	C:8759	60368	0.145093427	0	TRUE	G:34496	T:2	34498	5.80E-05	1	FALSE	-1	1:152841042-152841263	Basal	FALSE
869		SA231_1_157513280	SA231	1	157513280	1,157513280,T,C	W57R	LOC649458			T:10803	C:27742	38545	0.719730189	0	TRUE	T:25680	C:6	25686	0.00023359	1	FALSE	1	1:157513240-157513477	Basal	FALSE
870		SA231_11_65076107	SA231	11	65076107	11,65076107,G,T	F481L	LTPB3	11q12		G:14012	T:6017	20029	0.300414399	0	TRUE	T:25876	T:9	25885	0.000347692	1	FALSE	-1	11:65076070-65076291	Basal	FALSE
871		SA231_11_75885098	SA231	11	75885098	11,75885098,C,G	Q434E	C11orf30	11q13.5	COMPBIAS // 395 // 464 // Gln-rich. /// REGION // 1 // 478 // Interaction with BRCA2.	C:17024	G:5716	22740	0.251363237	0	TRUE	C:20979	T:25	21004	0.001190249	1	FALSE	1	11:75884943-75885162	Basal	FALSE
872		SA231_1_22095342	SA231	1	22095342	1,22095342,T,A	I38L	HSPG2	1p36.1-p34		T:8373	A:23901	32274	0.740565161	0	TRUE	T:23593	G:20	23613	0.000846991	1	FALSE	-1	1:22095303-22095529	Basal	FALSE
873		SA231_1_229411445	SA231	1	229411445	1,229411445,T,C	V650A	TRIM67	1q42.2	DOMAIN // 589 // 780 // B30.2/SPRY.	T:7419	C:4333	11752	0.368703199	0	TRUE	T:44470	G:21	44491	0.000472006	1	FALSE	1	1:229411422-229411627	Basal	FALSE
874		SA231_12_30763326	SA231	12	30763326	12,30763326,C,A	S750I	CAPRIN2	12p11		C:19891	A:10465	30356	0.344742638	0											

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.status	Strand	primer	PAM50	Splice.site
896	SA233_16_67751851	SA233	16	67751851	16,67751851,C,A	N512K	CIRH1A	16q22.1	REPEAT // 482 // 521 // WD 10.	C:263	A:37	300	0.123333333	4.17E-62	TRUE	C:244	N:0	244	0	1	FALSE		1 16:67751810-67752068	Basal	FALSE
897	SA233_17_2550777	SA233	17	2550777	17,2550777,C,G	R335P	KIAA0664	17p13.3		C:15669	G:2587	18256	0.141706836	0	TRUE	C:19892	A:8	19900	0.00040201	1	FALSE	-1	17:2550750-2550982	Basal	FALSE
898	SA233_1_91178316	SA233	1	91178316	1,91178316,C,T	D395N	ZNF644	1p22.2		C:29522	T:9863	39385	0.250425289	0	TRUE	C:25776	T:2	25778	7.76E-05	1	FALSE	-1	1-91178280-91178512	Basal	FALSE
899	SA233_3_137353311	SA233	3	137353311	3,137353311,C,T	A368T	MSL2L1	3q22.2		C:14445	T:2492	16937	0.147133495	0	TRUE	C:11146	G:10	11156	0.000896379	1	FALSE	-1	3:137353270-137353506	Basal	FALSE
900	SA233_5_142759492	SA233	5	142759492	5,142759492,C,A	G369V	NR3C1	5q31.3	REGION // 1 // 420 // Modulating.	C:429	A:102	531	0.192090395	1.06E-192	TRUE	C:228	A:1	229	0.004366812	1	FALSE	-1	5:142759453-142759680	Basal	FALSE
901	SA233_9_8365963	SA233	9	8365963	9,8365963,T,A	D1545V	PTPRD	9p23-p24.3	DOMAIN // 1357 // 1612 // Tyrosine-protein phosphatase 1. /// TOPO_DOM // 1291 // 1912 // Cytoplasmic (Potential).	T:23917	A:17111	41028	0.417056644	0	TRUE	T:47881	G:4	47885	8.35E-05	1	FALSE	-1	9:8365931-8366144	Basal	FALSE
902	SA234_10_115399889	SA234	10	115399889	10,115399889,A,C	V262G	NRAP	10q24-q26	REPEAT // 246 // 273 // Nebulin 5. /// CONFLICT // 261 // 261 // D->G (in Ref. 3; CAD89910).	A:538	C:314	852	0.368544601	0	TRUE	A:55	G:1	56	0.017857143	1	FALSE	-1	10:115399849-115400085	Basal	FALSE
903	SA234_1_10636835	SA234	1	10636835	1,10636835,C,G	K622N	CAS21	1p36.22	ZN_FING // 610 // 634 // C2H2-type 2.	C:57165	G:24795	81960	0.302525622	0	TRUE	C:71994	T:8	72002	0.000111108	1	FALSE	-1	1:10636797-10637019	Basal	FALSE
904	SA234_11_62047346	SA234	11	62047346	11,62047346,T,G	I3707L	AHNAK	11q12.2		T:96444	G:8402	104846	0.080136581	0	TRUE	T:57828	G:62	57890	0.001070997	1	FALSE	-1	11:62047139-62047372	Basal	FALSE
905	SA234_12_131834579	SA234	12	131834579	12,131834579,C,T	R381K	KIAA0692			C:19556	T:5523	25079	0.202224092	0	TRUE	C:45247	A:4	45251	8.84E-05	1	FALSE	-1	12:131834555-131834796	Basal	FALSE
906	SA234_1_214240407	SA234	1	214240407	1,214240407,G,C	P2149R	USH2A	1q41	DOMAIN // 2142 // 2236 // Fibronectin type-III 8. /// TOPO_DOM // 32 // 5042 // Extracellular (Potential).	G:76360	C:19272	95632	0.201522503	0	TRUE	G:46727	A:10	46737	0.000213963	1	FALSE	-1	1:214240372-214240596	Basal	FALSE
907	SA234_12_4790780	SA234	12	4790780	12,4790780,G,A	V438M	KCNA6	12p13	TRANSMEM // 437 // 457 // Helical; Name=Segment S6; (Potential).	G:15067	A:4256	19323	0.220255654	0	TRUE	G:81525	A:9	81534	0.000110383	1	FALSE	1	12:4790748-4790960	Basal	FALSE
908	SA234_1_63877042	SA234	1	63877042	1,63877042,A,C	E376A	PGM1	1p31		A:49750	C:17700	67450	0.262416605	0	TRUE	A:82590	G:92	82682	0.001112697	1	FALSE	1	1:63877020-63877239	Basal	FALSE
909	SA234_17_10486471	SA234	17	10486471	17,10486471,C,T	A626T	MYH3	17p13.1	DOMAIN // 1 // 781 // Myosin head-like.	C:101669	T:16911	118580	0.142612582	0	TRUE	C:116219	T:22	116241	0.000189262	1	FALSE	-1	17:10486436-10486668	Basal	FALSE
910	SA234_17_70451328	SA234	17	70451328	17,70451328,T,G	L240R	OTOP3	17q25.1	TRANSMEM // 227 // 247 // Helical; (Potential).	T:57289	G:8146	65435	0.124489952	0	TRUE	T:69853	C:3	69856	4.29E-05	1	FALSE	1	17:70451294-70451518	Basal	FALSE
911	SA234_17_7518990	SA234	17	7518990	17,7518990,A,C	I195S	TP53	17p13.1	// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 194 // 199 // /// VARIANT // 194 // 194 // L->F (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 194 // 194 // L->H (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 194 // 194 // L->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 194 // 194 // L->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 194 // 194 // L->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 194 // 194 // L->V (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 195 // 195 // I->F (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 195 // 195 // I->I (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 195 // 195 // I->N (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 195 // 195 // I->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 195 // 195 // I->T (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 195 // 195 // I->V (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 195 // 195 // I->Y (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 196 // 196 // R->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 196 // 196 // R->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT	A:77687	C:28947	106634	0.27146126	0	TRUE	A:114346	G:101	114447	0.000882505	1	FALSE	-1	17:7518949-7519177	Basal	FALSE
912	SA234_19_40742645	SA234	19	40742645	19,40742645,C,A	V320L	ATP4A	19q13.1	TOPO_DOM // 320 // 331 // Lumenal (Potential). /// TRANSMEM // 300 // 319 // Helical; (Potential).	C:34504	A:8894	43398	0.20494032	0	TRUE	C:108700	A:25	108725	0.000229938	1	FALSE	-1	19:40742616-40742853	Basal	FALSE
913	SA234_19_45046148	SA234	19	45046148	19,45046148,C,A	Q5387H	FCGBP	19q13.1	DOMAIN // 5234 // 5405 // VWFD 13.	C:24872	A:2617	27489	0.095201717	0	TRUE	C:115513	A:8	115521	6.93E-05	1	FALSE	-1	19:45046111-45046331	Basal	FALSE
914	SA234_20_33599751	SA234	20	33599751	20,33599751,T,G	I179M	ERGIC3	20pter-q12	TOPO_DOM // 47 // 341 // Lumenal (Potential).	T:34943	G:9862	44805	0.220109363	0	TRUE	T:91437	C:1	91438	1.09E-05	1	FALSE	1	20:33599717-33599943	Basal	FALSE
915	SA234_2_158105919	SA234	2	158105919	2,158105919,G,T	S385Y	ACVR1C	2q24.1	DOMAIN // 195 // 485 // Protein kinase. /// TOPO_DOM // 135 // 493 // Cytoplasmic (Potential).	G:61325	T:19667	80992	0.242826452	0	TRUE	G:41757	T:5	41762	0.000119726	1	FALSE	-1	2:158105887-158106150	Basal	FALSE
916	SA234_2_179318816	SA234	2	179318816	2,179318816,C,G	G800A	TTN	2q31		C:68779	G:20722	89501	0.231528139	0	TRUE	C:55371	A:6	55377	0.000108348	1	FALSE	-1	2:179318782-179319000	Basal	FALSE
917	SA234_2_219221871	SA234	2	219221871	2,219221871,G,C	A335G	ZNF142	2q34-q35	ZN_FING // 316 // 340 // C2H2-type 5.	G:26045	C:9341	35386	0.263974453	0	TRUE	G:103301	A:34	103335	0.000329027	1	FALSE	-1	2:219221846-219222057	Basal	FALSE
918	SA234_3_75797676	SA234	3	75797676	3,75797676,C,T	R215W	FRG2C			C:113818	T:9278	123096	0.075372067	0	TRUE	C:127447	G:37	127484	0.000290232	1	FALSE	1	3:75797635-75797869	Basal	FALSE
919	SA234_5_54492636	SA234	5	54492636	5,54492636,G,A	G88R	LOC493869	5q11.2		G:40048	A:11007	51055	0.215591029	0	TRUE	G:79776	T:11	79787	0.000137867	1	FALSE	-1,1	5:54492602-54492827	Basal	FALSE
920	SA234_6_26216009	SA234	6	26216009	6,26216009,C,G	V98L	HIST1H1T	6p21.3	DOMAIN // 40 // 113 // H15.	C:112257	G:11438	123695	0.09246938	0	TRUE	C:153783	G:112	153895	0.000727769	1	FALSE	1,-1	6:26215968-26216189	Basal	FALSE
921	SA234_9_35065492	SA234	9	35065492	9,35065492,G,A	A468V	FANCG	9p13	REPEAT // 453 // 486 // TPR 3.	G:58651	A:23818	82469	0.288811553	0	TRUE	G:65079	T:11	65090	0.000168997	1	FALSE	-1	9:35065459-35065671	Basal	FALSE
922	SA234_9_85114313	SA234	9	85114313	9,85114313,T,G	K295T	FRMD3	9q21.32	DOMAIN // 32 // 312 // FERM.	T:57769	G:3840	61609	0.062328556	0	TRUE	T:42634	G:6	42640	0.000140713	1	FALSE	-1	9:85114288-85114544	Basal	FALSE
923	SA234_X_102817905	SA234	X	102817905	X,102817905,C,A	G236V	MORF4L2	Xq22		C:72490	A:23467	95957	0.244557458	0	TRUE	C:59484	G:39	59523	0.000655209	1	FALSE	-1	X:102817864-102818088	Basal	FALSE
924	SA234_X_70695953	SA234	X	70695953	X,70695953,C,G	H572D	OGT	Xq13		C:95258	G:28828	124086	0.232322744	0	TRUE	C:77267	G:67	77334	0.000866372	1	FALSE	1	X:70695925-70696134	Basal	FALSE
925	SA235_10_5831311	SA235	10	5831311	10,5831311,C,T	T1974S	C10orf18			C:23807	G:3971	27778	0.142954856	0	TRUE	C:48598	A:71	48669	0.001458834	0.568890502	FALSE	1	10:5831289-5831490	Basal	FALSE
926	SA235_11_36554554	SA235	11	36554554	11,36554554,G,T	E1042	RAG1	11p13		G:56040	T:8731	64771	0.134797981	0	TRUE	G:39538	A:3	39541	7.59E-05	1	FALSE	1	11:36554518-36554746	Basal	FALSE
927	SA235_12_2838158	SA235	12	2838158	12,2838158,C,G	K733N	FOXM1	12p13		C:19549	G:2662	22211	0.119850525	0	TRUE	C:30379	T:2	30381	6.58E-05	1	FALSE	-1	12:2838128-2838349	Basal	FALSE
928	SA235_17_59231647	SA235	17	59231647	17,59231647,G,A	G187R	DDX42	17q23.3		G:14744	A:5733	20477	0.279972652	0	TRUE	G:11513	A:1	11514	8.69E-05	1	FALSE	1	17:59231613-59231858	Basal	FALSE
929	SA235_17_62575251	SA235	17	62575251	17,62575251,G,C	N839K	HELZ	17q24.2		G:19576	C:5562	25138	0.221258652	0	TRUE	G:30839	T:3	30842	9.73E-05	1	FALSE	-1	17:62575219-62575441	Basal	FALSE
930	SA235_19_11546998	SA235	19	11546998	19,11546998,G,A	R269W	ACPS	19p13.3-p13.2		G:17847	A:3338	21185	0.157564314	0	TRUE	G:28093	T:26	28119	0.000924642	1	FALSE	-1	19:11546967-11547192	Basal	FALSE
931	SA235_19_42852856	SA235	19	42852856	19,42852856,C,A	A12S	ZNF781	19q13.12		C:116	A:30	146	0.205479452	2.59E-52	TRUE	C:71	N:0	71	0	1	FALSE	-1	19:42852818-42853053	Basal	FALSE
932	SA235_22_18282749	SA235	22	18282749	22,18282749,T,A	R193S	TXNRD2			T:10804	A:3332	14136	0.235710243	0	TRUE	T:15998	G:2	16000	0.000125	1	FALSE	-1	22:18282716-18282965	Basal	FALSE
933	SA235_22_25190325	SA235	22	25190325	22,25190325,C,T	S424N	HPS4	22cen-q12.3		C:27107	T:4539	31646	0.143430449	0	TRUE	C:44894	A:8	44902	0.000178166	1	FALSE	-1	22:25190292-25190520	Basal	FALSE
934	SA235_2_85662226	SA235	2	85662226	2,85662226,C,T	T60M	VAMP8	2p12-p11.2	TOPO_DOM // 1 // 75 // Cytoplasmic (Potential). /// DOMAIN // 12 // 72 // v-SNARE coiled-coil homology.	C:35929	T:6553	42482	0.154253566	0	TRUE	C:32470	T:2	32472	6.16E-05	1	FALSE	1	2:85662196-85662420	Basal	FALSE
935	SA235_3_23927353	SA235	3	23927353	3,23927353,C,G	G16V	NKIRAS1	3p24.2	NP_BIND // 11 // 18 // GTP (By similarity).	C:13815	A:2243	16058	0.139681156	0	TRUE	C:16444	G:2	16446	0.00012161	1	FALSE	-1	3:23927171-23927379	Basal	FALSE
936	SA235_3_52412627	SA235	3	52412627	3,52412627,G,C	S525C	BAP1	3p21.31-p21.2		G:7016	C:1749	8765	0.199543639	0	TRUE	G:2									

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
944	SA235_X_53579100	SA235	X	53579100	X_53579100,C,T	V4207I	HUWE1	Xp11.22	DOMAIN // 4038 // 4374 // HECT. /// HELIX // 4203 // 4215 //	C:14838	T:2884	17722	0.162735583	0	TRUE	C:27818	G:4	27822	0.000143771	1	FALSE	-1	X:53579062-53579283	Basal	FALSE
945	SA235_X_54798204	SA235	X	54798204	X_54798204,G,A	S1058F	ITIHS1	Xp11.21		G:26069	A:4185	30254	0.138328816	0	TRUE	G:27308	T:13	27321	0.000475824	1	FALSE	-1	X:54798163-54798383	Basal	FALSE
946	SA236_10_6183311	SA236	10	6183311	10,6183311,C,G	D65E	RBM17	10p15.1		C:9653	G:13065	22718	0.575094639	0	TRUE	C:21764	A:3	21767	0.000137823	1	FALSE	1	10:6183276-6183508	Basal	FALSE
947	SA236_1_114945098	SA236	1	114945098	1,114945098,C,A	D608Y	DENND2C	1p13.2	DOMAIN // 586 // 770 // DENN.	C:12718	A:5932	18650	0.318069705	0	TRUE	C:15478	G:5	15483	0.000322935	1	FALSE	-1	1:114945061-114945373	Basal	FALSE
948	SA236_11_62099846	SA236	11	62099846	11,62099846,T,C	R641G	TUT1	11q12.2		T:10975	C:5167	16142	0.320096642	0	TRUE	T:27685	G:25	27710	0.000902201	1	FALSE	-1,-1	11:62099818-62100037	Basal	FALSE
949	SA236_11_64321578	SA236	11	64321578	11,64321578,G,C	L381V	MAP4K2	11q13		G:515	C:184	699	0.26323319	1.28753507306229e-320	TRUE	G:1837	C:1	1838	0.00054407	1	FALSE	-1	11:64321537-64321795	Basal	FALSE
950	SA236_12_34070300	SA236	12	34070300	12,34070300,C,A	A202E	ALG10	12p11.1	TOPO_DOM // 197 // 249 // Cytoplasmic (Potential).	C:7670	A:4817	12487	0.385761192	0	TRUE	C:13528	G:8	13536	0.000591017	1	FALSE	1	12:34070259-34070625	Basal	FALSE
951	SA236_12_44530628	SA236	12	44530628	12,44530628,C,T	Q819	ARID2	12q12	COMPMIAS // 793 // 1128 // Gln-rich.	C:25460	T:26903	52363	0.513778813	0	TRUE	C:71332	G:43	71375	0.000602452	1	FALSE	1	12:44530600-44530819	Basal	FALSE
952	SA236_12_56249051	SA236	12	56249051	12,56249051,G,C	E251D	KIF5A	12q13.13	DOMAIN // 2 // 330 // Kinesin-motor. /// REGION // 174 // 315 // Microtubule-binding. /// VARIANT // 251 // 251 // E->K (in SPG10; complicated form).	G:12190	C:15312	27502	0.556759508	0	TRUE	G:36388	T:25	36413	0.000686568	1	FALSE	1	12:56249010-56249230	Basal	FALSE
953	SA236_12_6623865	SA236	12	6623865	12,6623865,C,T	E215K	ACRBP	12p13.31		C:5739	T:12909	18648	0.692245817	0	TRUE	C:17413	N:0	17413	0	1	FALSE	-1	12:6623828-6624059	Basal	FALSE
954	SA236_13_27529544	SA236	13	27529544	13,27529544,G,T	L142I	FLT3	13q12	TOPO_DOM // 27 // 543 // Extracellular (Potential).	G:6329	T:2465	8794	0.280304753	0	TRUE	G:8768	C:2	8770	0.00022805	1	FALSE	-1	13:27529511-27529738	Basal	FALSE
955	SA236_13_27529545	SA236	13	27529545	13,27529545,G,T	Y14I	FLT3	13q12	TOPO_DOM // 27 // 543 // Extracellular (Potential).	G:6382	T:2487	8869	0.280414928	0	TRUE	G:8811	A:1	8812	0.000113482	1	FALSE	-1	13:27529511-27529738	Basal	FALSE
956	SA236_14_74339104	SA236	14	74339104	14,74339104,A,G	N1303S	YLPM1			A:16523	G:19054	35577	0.535570734	0	TRUE	A:30557	G:2	30559	6.54E-05	1	FALSE	1	14:74339072-74339300	Basal	FALSE
957	SA236_14_91157802	SA236	14	91157802	14,91157802,C,G	W721C	CATSPERB	14q32.12		C:31883	G:35990	67873	0.530255035	0	TRUE	C:66084	G:11	66095	0.000166427	1	FALSE	-1	14:91157767-91157983	Basal	FALSE
958	SA236_15_76964410	SA236	15	76964410	15,76964410,G,A	E68K	MORF4L1	15q24	HELIX // 51 // 92 //	G:1525	A:1844	3369	0.547343425	0	TRUE	G:3178	T:2	3180	0.000628931	1	FALSE	1	15:76964377-76964594	Basal	FALSE
959	SA236_16_1248364	SA236	16	1248364	16,1248364,G,A	V239M	TPSD1	16p13.3	DOMAIN // 38 // 242 // Peptidase S1.	G:7691	A:1793	9484	0.189055251	0	TRUE	G:21127	A:1	21128	4.73E-05	1	FALSE	1,-1	16:1248331-1248561	Basal	FALSE
960	SA236_16_48915090	SA236	16	48915090	16,48915090,G,T	T451K	BRD7	16q12		G:1798	T:454	2252	0.201598579	0	TRUE	G:1438	T:1	1439	0.000694927	1	FALSE	-1	16:48915027-48915270	Basal	FALSE
961	SA236_16_69441950	SA236	16	69441950	16,69441950,C,T	E4185K	HYDIN	16q22.2-q22.3		C:9434	T:16502	25936	0.636258482	0	TRUE	C:21721	T:5	21726	0.000230139	1	FALSE	-1	16:69441910-69442162	Basal	FALSE
962	SA236_17_7518915	SA236	17	7518915	17,7518915,T,C	Y220C	TP53	17p13.1	// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 214 // 219 // /// VARIANT // 219 // 219 // P->C (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 219 // 219 // P->H (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->R (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->S (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->T	T:13379	C:17319	30698	0.564173562	0	TRUE	T:61005	G:12	61017	0.000196667	1	FALSE	-1	17:7518885-7519107	Basal	FALSE
963	SA236_1_78774904	SA236	1	78774904	1,78774904,T,G	L342V	PTGFR	1p31.1	TOPO_DOM // 308 // 359 // Cytoplasmic (Potential).	T:1741	G:630	2371	0.265710671	0	TRUE	T:1326	N:0	1326	0	1	FALSE	1	1:78774875-78775117	Basal	FALSE
964	SA236_18_7070364	SA236	18	7070364	18,7070364,G,A	L52F	LAMA1	18p11.31	DOMAIN // 18 // 269 // Laminin N-terminal.	G:6633	A:10069	16702	0.602861933	0	TRUE	G:23966	T:5	23971	0.000208585	1	FALSE	-1	18:7070341-7070548	Basal	FALSE
965	SA236_1_93785018	SA236	1	93785018	1,93785018,G,C	E128Q	FNBP1L	1p22.1		G:376	C:261	637	0.409733124	0	TRUE	G:269	N:0	269	0	1	FALSE	1	1:93784986-93785211	Basal	FALSE
966	SA236_19_53217299	SA236	19	53217299	19,53217299,A,G	N192S	ELSPBP1	19q13.32	DOMAIN // 177 // 223 // Fibronectin type-II 4. /// DISULFID // 182 // 208 // By similarity.	A:35487	G:10916	46403	0.235243411	0	TRUE	A:49007	G:28	49035	0.000571021	1	FALSE	1	19:53217260-53217484	Basal	FALSE
967	SA236_19_54858271	SA236	19	54858271	19,54858271,T,C	T132A	IRF3	19q13.3-q13.4		T:26774	C:4460	31234	0.14279311	0	TRUE	T:45147	G:14	45161	0.000310002	1	FALSE	-1	19:54858233-54858454	Basal	FALSE
968	SA236_19_8931290	SA236	19	8931290	19,8931290,G,A	A5721V	MUC16	19p13.2	COMPMIAS // 14 // 12085 // Thr-rich. /// TOPO_DOM // 1 // 22096 // Extracellular (Potential).	G:25620	A:17449	43069	0.405140588	0	TRUE	G:39097	T:14	39111	0.000357956	1	FALSE	-1	19:8931249-8931484	Basal	FALSE
969	SA236_21_46490727	SA236	21	46490727	21,46490727,Z,G	L1523F	MCM3AP	21q22.3		C:7838	G:4627	12465	0.371199358	0	TRUE	G:5979	A:6	5985	0.001002506	1	FALSE	-1,1	21:46490541-46490758	Basal	FALSE
970	SA236_2_179314122	SA236	2	179314122	2,179314122,A,C		TTN	2q31		A:42502	C:26826	69328	0.386943226	0	TRUE	A:66946	G:8	66954	0.000119485	1	FALSE	-1	2:179314090-179314312	Basal	FALSE
971	SA236_2_203369915	SA236	2	203369915	2,203369915,C,G	E310Q	ICAIL	2q33.1		C:2902	G:892	3794	0.235108065	0	TRUE	C:4178	G:5	4183	0.001195314	1	FALSE	-1	2:203369874-203370209	Basal	FALSE
972	SA236_22_27521358	SA236	22	27521358	22,27521358,C,T		XBP1	22q12.1 22q12		C:10226	T:7547	17773	0.42463287	0	TRUE	C:13683	A:1	13684	7.31E-05	1	FALSE	-1	22:27521328-27521548	Basal	FALSE
973	SA236_2_227913268	SA236	2	227913268	2,227913268,G,C	R149T	C2orf33	2q36.3	TOPO_DOM // 1 // 322 // Cytoplasmic (Potential).	G:643	C:213	856	0.248831776	0	TRUE	G:1012	T:1	1013	0.000987167	1	FALSE	1	2:227913243-227913503	Basal	FALSE
974	SA236_3_142731253	SA236	3	142731253	3,142731253,G,C	I123M	RASA2	3q22-q23	DOMAIN // 25 // 122 // C2 1.	C:1100	G:307	1407	0.218194741	0	TRUE	C:608	N:0	608	0	1	FALSE	1	3:142731218-142731490	Basal	FALSE
975	SA236_3_174317931	SA236	3	174317931	3,174317931,C,G	K95N	SPATA16	3q26.31		C:38196	G:19869	58065	0.342185482	0	TRUE	C:41352	G:7	41359	0.00016925	1	FALSE	-1	3:174317899-174318128	Basal	FALSE
976	SA236_3_186889937	SA236	3	186889937	3,186889937,T,G	D193N	IGF2BP2	3q27.2	DOMAIN // 193 // 258 // KH 1.	C:22233	T:15098	37331	0.404435992	0	TRUE	C:35982	A:4	35986	0.000111154	1	FALSE	-1	3:186889900-186890118	Basal	FALSE
977	SA236_3_21581122	SA236	3	21581122	3,21581122,C,T	R75Q	ZNF385D	3p24.3		C:3674	T:7229	10903	0.663028524	0	TRUE	C:7849	T:3	7852	0.000382068	1	FALSE	-1	3:21581093-21581317	Basal	FALSE
978	SA236_4_2804569	SA236	4	2804569	4,2804569,G,C	E515Q	SH3BP2	4p16.3	DOMAIN // 457 // 555 // SH2. /// STRAND // 514 // 516 //	G:651	C:890	1541	0.577547047	0	TRUE	G:2048	N:0	2048	0	1	FALSE	1	4:2804529-2804765	Basal	FALSE
979	SA236_4_81340281	SA236	4	81340281	4,81340281,G,C	R8P	PRDM8		DOMAIN // 8 // 135 // SET.	G:34364	C:20695	55059	0.375869522	0	TRUE	G:45915	T:8	45923	0.000174205	1	FALSE	1	4:81340251-81340498	Basal	FALSE
980	SA236_4_85861668	SA236	4	85861668	4,85861668,T,G	Q2508P	WDFY3	4q21.23		T:19193	G:9265	28458	0.325567503	0	TRUE	T:26657	C:11	26668	0.000412479	1	FALSE	-1	4:85861631-85861882	Basal	FALSE
981	SA236_5_73204754	SA236	5	73204754	5,73204754,G,T	R914L	RGNEF	5q13.2	DOMAIN // 849 // 1044 // DH.	G:16420	T:6032	22452	0.268662035	0	TRUE	G:19069	C:2	19071	0.000104871	1	FALSE	1	5:73204714-73204987	Basal	FALSE
982	SA236_6_46931720	SA236	6	46931720	6,46931720,G,C	S1304C	GPR116	6p12.3	TOPO_DOM // 1266 // 1346 // Cytoplasmic (Potential).	G:1320	C:150	1470	0.102040816	1.94E-194	TRUE	G:584	N:0	584	0	1	FALSE	-1	6:46931684-46931934	Basal	FALSE
983	SA236_6_48143933	SA236	6	48143933	6,48143933,C,G	E140Q	C6orf138	6p12.3		C:29840	G:17707	47547	0.372410457	0	TRUE	G:51809	T:3	51812	5.79E-05	1	FALSE	-1	6:48143903-48144117	Basal	FALSE
984	SA236_7_102367117	SA236	7	102367117	7,102367117,G,C	L259F	LRRC17	7q22.1	DOMAIN // 225 // 268 // LRRNT.	G:13288	C:7736	21024	0.367960426	0	TRUE	G:22251	C:8	22259	0.000359405	1	FALSE	1,-1	7:102366931-102367149	Basal	FALSE
985	SA236_7_157106899	SA236	7	157106899	7,157106899,C,T	A754T	PTPRN2	7q36	DOMAIN // 745 // 1005 // Tyrosine-protein phosphatase. /// HELIX // 742 // 754 // /// TOPO_DOM // 637 // 1015 // Cytoplasmic (Potential).	C:19751	T:9563	29314	0.326226376	0	TRUE	C:64466	T:10								

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
999	SA237_11_14858653	SA237	11	14858653	11,14858653,T,G	Y202S	CYP2R1	11p15.2		T:20484	G:10574	31058	0.340459785	0	TRUE	T:23450	G:18	23468	0.000767002	1	FALSE	-1	11:14858625-14858845	Other	FALSE
1000	SA237_1_144250435	SA237	1	144250435	1,144250435,A,C	Q1006H	ITGA10	1q21	TOPO_DOM // 23 // 1122 // Extracellular (Potential).	A:570	C:385	955	0.403141361	0	TRUE	A:1948	N:0	1948	0	1	FALSE	1	1:144250406-144250632	Other	FALSE
1001	SA237_1_152566923	SA237	1	152566923	1,152566923,C,T		ATP8B2	1q21.3		C:492	T:341	833	0.409637345	0	TRUE	C:3835	N:0	3835	0	1	FALSE	1	1:152566896-152567099	Other	FALSE
1002	SA237_1_157178607	SA237	1	157178607	1,157178607,A,G	K266E	PYHIN1	1q23.1	DOMAIN // 199 // 399 // HIN-200.	A:224	G:171	395	0.432911392	0	TRUE	A:645	N:0	645	0	1	FALSE	1	1:157178566-157178800	Other	FALSE
1003	SA237_1_158921595	SA237	1	158921595	1,158921595,A,G	V31L	CD48	1q21.3-q22	DOMAIN // 29 // 127 // Ig-like C2-type 1.	C:19900	A:12064	31964	0.377424603	0	TRUE	C:34297	G:15	34312	0.000437165	1	FALSE	-1	1:158921554-158921786	Other	FALSE
1004	SA237_11_7021149	SA237	11	7021149	11,7021149,C,G	T439S	NLRP14	11p15.4	DOMAIN // 177 // 499 // NACHT.	C:16612	G:9663	26275	0.367764034	0	TRUE	C:34452	A:6	34458	0.000174125	1	FALSE	1	11:7021124-7021333	Other	FALSE
1005	SA237_1_181463395	SA237	1	181463395	1,181463395,T,C	C470R	LAMC2	1q25-q31	DISULFID // 462 // 470 // By similarity. /// DISULFID // 464 // 481 // By similarity. /// DOMAIN // 462 // 516 // Laminin EGF-like 6.	T:20399	C:13594	33993	0.399905863	0	TRUE	T:35354	C:10	35364	0.000282773	1	FALSE	1	1:181463365-181463592	Other	FALSE
1006	SA237_11_93766399	SA237	11	93766399	11,93766399,T,C	I183V	GPR83	11q21	DISULFID // 144 // 224 // By similarity. /// TOPO_DOM // 168 // 186 // Cytoplasmic (Potential). DISULFID // 410 // 453 // By similarity. /// DISULFID // 439 // 466 // By similarity. /// DOMAIN // 409 // 468 // Sushi 7. /// TOPO_DOM // 21 // 971 // Extracellular (Potential).	T:36417	C:11193	47610	0.235097669	0	TRUE	T:42537	G:44	42581	0.001033325	1	FALSE	-1	11:93766368-93766582	Other	FALSE
1007	SA237_1_205710815	SA237	1	205710815	1,205710815,C,A	L445M	CR2	1q32		C:4568	A:3378	7946	0.425119557	0	TRUE	C:10331	A:3	10334	0.000290304	1	FALSE	1	1:205710632-205710840	Other	FALSE
1008	SA237_12_120139379	SA237	12	120139379	12,120139379,C,T	T65M	P2RX4	12q24.32	TOPO_DOM // 55 // 338 // Extracellular (Potential).	C:37237	T:9555	46792	0.204201573	0	TRUE	C:43432	G:25	43457	0.000575281	1	FALSE	1	12:120139338-120139572	Other	FALSE
1009	SA237_12_29499500	SA237	12	29499500	12,29499500,G,G	V796L	OVC11	12p11.22	DOMAIN // 575 // 812 // Peptidase S1 2.	C:18889	G:5409	24298	0.222610914	0	TRUE	C:25688	G:9	25697	0.000350235	1	FALSE	-1	12:29499471-29499686	Other	FALSE
1010	SA237_15_35116332	SA237	15	35116332	15,35116332,C,G	R292T	MEIS2	15q14	DNA_BIND // 276 // 338 // Homeobox; TALE-type. /// HELIX // 285 // 297 //	C:15709	G:5238	20947	0.250059674	0	TRUE	C:29339	G:6	29345	0.000204464	1	FALSE	-1	15:35116303-35116519	Other	FALSE
1011	SA237_15_36639374	SA237	15	36639374	15,36639374,C,A	G54	RASGRP1	15q15	DOMAIN // 53 // 176 // N-terminal Ras-GEF.	C:23208	A:5401	28609	0.188786745	0	TRUE	C:28086	A:3	28089	0.000106803	1	FALSE	-1	15:36639339-36639570	Other	FALSE
1012	SA237_15_81143191	SA237	15	81143191	15,81143191,C,G	E460Q	AP3B2	15q		C:12801	G:8035	20836	0.385630639	0	TRUE	C:29339	A:2	29341	6.82E-05	1	FALSE	-1	15:81143159-81143379	Other	TRUE
1013	SA237_16_3956705	SA237	16	3956705	16,3956705,T,A	K1045M	ADCY9	16p13.3	TOPO_DOM // 997 // 1353 // Cytoplasmic (Potential).	T:18692	A:6365	25057	0.254020833	0	TRUE	T:38130	C:4	38134	0.000104893	1	FALSE	-1	16:3956675-3956900	Other	FALSE
1014	SA237_16_54289925	SA237	16	54289925	16,54289925,G,A	G478D	SLC6A2	16q12.2	TRANSMEM // 478 // 498 // Helical; Name=10; (Potential). /// VARIANT // 478 // 478 // G->S (in dbSNP:rs1805067).	G:32308	A:13659	45967	0.297147954	0	TRUE	G:52036	T:24	52060	0.000461007	1	FALSE	1	16:54289888-54290109	Other	FALSE
1015	SA237_17_39315935	SA237	17	39315935	17,39315935,C,G	E129D	MPP2	17q12-q21	DOMAIN // 84 // 142 // L27 2.	C:1568	G:977	2545	0.38388998	0	TRUE	C:13487	A:13	13500	0.000962963	1	FALSE	-1	17:39315913-39316117	Other	FALSE
1016	SA237_17_60480110	SA237	17	60480110	17,60480110,G,C	A161G	GNA13	17q24.3		G:25144	C:7776	32920	0.236208991	0	TRUE	G:30797	T:4	30801	0.000129866	1	FALSE	-1	17:60480077-60480298	Other	FALSE
1017	SA237_19_5592817	SA237	19	5592817	19,5592817,G,A	E136K	SAFB	19p13.3-p13.2		G:7521	A:3195	10716	0.298152296	0	TRUE	G:24044	T:6	24050	0.00024948	1	FALSE	1	19:5592633-5592846	Other	FALSE
1018	SA237_19_56789322	SA237	19	56789322	19,56789322,T,C	K22R	FLJ30403			T:23476	C:11410	34886	0.327065298	0	TRUE	T:33472	C:3	33475	8.96E-05	1	FALSE	-1	19:56789285-56789507	Other	FALSE
1019	SA237_19_63773676	SA237	19	63773676	19,63773676,G,C	L143V	MZF1	19q13.2-q13.4		G:10614	C:11410	15778	0.327291165	0	TRUE	G:45785	T:31	45816	0.00067662	1	FALSE	-1	19:63773648-63773857	Other	FALSE
1020	SA237_20_19625493	SA237	20	19625493	20,19625493,C,A	T515N	SLC24A3	20p13	TRANSMEM // 511 // 531 // Helical; (Potential).	C:4123	A:885	5008	0.176717252	0	TRUE	C:12442	G:10	12452	0.000803084	1	FALSE	1	20:19625454-19625685	Other	FALSE
1021	SA237_2_10181422	SA237	2	10181422	2,10181422,G,A	E143K	RRM2	2p25-p24	HELIK // 122 // 147 //	G:3380	A:1037	4417	0.234774734	0	TRUE	G:3595	N:0	3595	0	1	FALSE	1	2:10181390-10181613	Other	FALSE
1022	SA237_2_223172902	SA237	2	223172902	2,223172902,T,G	K536T	FAR5B	2q36.1	STRAND // 534 // 537 //	T:16603	G:7976	24579	0.324504658	0	TRUE	T:30162	G:14	30176	0.000463945	1	FALSE	-1	2:223172873-223173087	Other	FALSE
1023	SA237_22_40592970	SA237	22	40592970	22,40592970,C,T	T93I	SREBF2	22q13	TOPO_DOM // 1 // 479 // Cytoplasmic (Potential). /// COMPBIAS // 52 // 124 // Gly/Pro/Ser-rich.	C:14407	T:3954	18361	0.215347748	0	TRUE	C:32530	A:6	32536	0.000184411	1	FALSE	1	22:40592936-40593151	Other	FALSE
1024	SA237_2_3496700	SA237	2	3496700	2,3496700,C,T	R59K	AD1I	2p25.3		C:31696	T:9577	41273	0.232040317	0	TRUE	C:27228	G:1	27229	3.67E-05	1	FALSE	-1	2:3496670-3496915	Other	FALSE
1025	SA237_2_42850812	SA237	2	42850812	2,42850812,C,G	Q153H	HAAO	2p21	HELIK // 152 // 156 //	C:13733	G:5976	19709	0.303211731	0	TRUE	C:18856	G:1	18857	5.30E-05	1	FALSE	-1	2:42850782-42851087	Other	FALSE
1026	SA237_2_63074238	SA237	2	63074238	2,63074238,T,A	F1006I	EHBP1	2p15		T:6178	A:2085	8263	0.252329662	0	TRUE	T:8986	C:3	8989	0.000333741	1	FALSE	1	2:63073994-63074270	Other	FALSE
1027	SA237_2_9392358	SA237	2	9392358	2,9392358,C,A	P243T	DDEF2	2p251p24		C:624	A:2185	839	0.256257449	0	TRUE	C:594	N:0	594	0	1	FALSE	1	2:9392320-9392550	Other	FALSE
1028	SA237_3_51721626	SA237	3	51721626	3,51721626,G,A	R183H	GRM2	3p21.1	TOPO_DOM // 19 // 567 // Extracellular (Potential).	G:1596	A:797	2393	0.333054743	0	TRUE	G:13446	A:23	13469	0.001707625	0.207565511	FALSE	1	3:51721601-51721804	Other	FALSE
1029	SA237_3_52063387	SA237	3	52063387	3,52063387,C,A	E136D	DUSP7	3p21	DOMAIN // 17 // 136 // Rhodanese.	C:28048	A:8086	36134	0.223778159	0	TRUE	C:34721	A:9	34730	0.000259142	1	FALSE	-1	3:52063358-52063601	Other	FALSE
1030	SA237_4_144839150	SA237	4	144839150	4,144839150,G,A	T710I	FREM3		REPEAT // 684 // 811 // CSPG 4.	G:32252	A:8001	40253	0.198767794	0	TRUE	G:37836	A:5	37841	0.000132132	1	FALSE	-1	4:144839110-144839346	Other	FALSE
1031	SA237_4_68790062	SA237	4	68790062	4,68790062,G,C	L22V	TMPRSS11B	4q13.2	TRANSMEM // 18 // 38 // Helical; Signal-anchor for type II membrane protein; (Potential).	G:14269	C:15376	29645	0.518670939	0	TRUE	G:25575	C:1	25576	3.91E-05	1	FALSE	-1	4:68790027-68790256	Other	FALSE
1032	SA237_5_179372801	SA237	5	179372801	5,179372801,G,T	P187T	RNF130	5q35.3	TOPO_DOM // 28 // 194 // Extracellular (Potential).	G:33265	T:14384	47649	0.301874121	0	TRUE	G:39436	T:53	39489	0.001342146	0.403194909	FALSE	-1	5:179372770-179372997	Other	FALSE
1033	SA237_5_77497232	SA237	5	77497232	5,77497232,C,G	L396F	AP3B1	5q14.1	VARIANT // 390 // 410 // Missing (in HP52).	C:594	G:382	976	0.391393443	0	TRUE	C:2503	N:0	2503	0	1	FALSE	-1	5:77497191-77497429	Other	FALSE
1034	SA237_6_152594387	SA237	6	152594387	6,152594387,C,G	K6957N	SYNE1	6q25	TOPO_DOM // 1 // 8746 // Cytoplasmic (Potential).	C:1759	G:566	2325	0.24344086	0	TRUE	C:3985	A:3	3988	0.000752257	1	FALSE	-1	6:152594346-152594644	Other	FALSE
1035	SA237_6_54315993	SA237	6	54315993	6,54315993,C,G	P212R	TINAG	6p11.2-p12		C:199	G:42	241	0.174273859	2.64E-65	TRUE	C:173	N:0	173	0	1	FALSE	1	6:54315954-54316190	Other	FALSE
1036	SA237_6_90458992	SA237	6	90458992	6,90458992,G,T	P3493H	MDN1	6q15		G:28345	T:12690	41035	0.309248203	0	TRUE	G:40325	T:6	40331	0.000148769	1	FALSE	-1	6:90458956-90459187	Other	FALSE
1037	SA237_7_151522053	SA237	7	151522053	7,151522053,C,G	T154S1	MLL3	7q36.1		G:30306	A:10269	40575	0.253086876	0	TRUE	G:35838	T:4	35842	0.000111601	1	FALSE	-1	7:151521857-151522093	Other	FALSE
1038	SA237_7_36414010	SA237	7	36414010	7,36414010,C,G	S339C	ANLN	7p15-p14	REGION // 231 // 676 // Interaction with F-actin.	C:40292	G:10459	50751	0.206084609	0	TRUE	C:39243	A:6	39249	0.00015287	1	FALSE	1	7:36413976-36414206	Other	FALSE
1039	SA237_7_43317974	SA237	7	43317974	7,43317974,C,A	L39I	HECW1	7p14.1-p13		C:25168	A:5677	30845	0.184049279	0	TRUE	C:34903	G:19	34922	0.00054407	1	FALSE	1	7:43317933-43318168	Other	FALSE
1040	SA237_7_76708957	SA237	7	76708957	7,76708957,G,T	E85	CCDC146	7q11.23		G:13246	T:2706	15952	0.169633902	0	TRUE	G:23764	A:4	23768	0.000168294	1	FALSE	1	7:76708930-76709144	Other	FALSE
1041	SA237_8_103376469	SA237	8	103376469																					

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand		primer	PAM50	Splice.site
1062	SA018_18_42813998	SA018	18	42813998	18,42813998,C,T	D546N	TCEB3B	18q21.1	REGION // 500 // 659 // Activation domain (By similarity).	C:10359	T:1822	12181	0.14957721	0	TRUE	C:10381	A:2	10383	0.000192623	1	FALSE	1,-1	18:42813960-42814177	Basal	FALSE
1063	SA018_1_150458096	SA018	1	150458096	1,150458096,G,A	S878L	HRNR	1q21.3	REPEAT // 876 // 965 // 10.	G:10597	A:1996	12593	0.158500754	0	TRUE	G:7573	C:1	7574	0.000132031	1	FALSE	-1	1:150458067-150458291	Basal	FALSE
1064	SA018_1_225249194	SA018	1	225249194	1,225249194,C,T	G1674S	CDC428PA	1q42.11		C:22379	T:4333	26712	0.16221174	0	TRUE	C:33468	A:3	33471	8.96E-05	1	FALSE	-1	1:225249169-225249395	Basal	FALSE
1065	SA018_1_57170133	SA018	1	57170133	1,57170133,C,A	R520L	C8B	1p32	DOMAIN // 505 // 535 // EGF-like.	C:36106	A:6833	42939	0.159132723	0	TRUE	C:25918	T:6	25924	0.000231446	1	FALSE	-1	1:57170107-57170316	Basal	FALSE
1066	SA018_22_40258099	SA018	22	40258099	22,40258099,C,G	G102R	POLR3H	22q13.2		C:4805	G:2099	6904	0.304026651	0	TRUE	C:1698	N:0	1698	0	1	FALSE	-1	22:40257903-40258125	Basal	FALSE
1067	SA018_2_178587312	SA018	2	178587312	2,178587312,A,G	I345T	PDE11A	2q31.2	DOMAIN // 217 // 370 // GAF 1.	A:1385	G:331	1716	0.192890443	0	TRUE	A:365	N:0	365	0	1	FALSE	-1	2:178587274-178587501	Basal	FALSE
1068	SA018_2_203722044	SA018	2	203722044	2,203722044,A,G	Q1768R	NBEAL1			A:1101	G:388	1489	0.260577569	0	TRUE	A:2687	G:1	2688	0.000372024	1	FALSE	1	2:203721813-203722074	Basal	FALSE
1069	SA018_2_232034657	SA018	2	232034657	2,232034657,C,T	D151N	NCL	2q12-qter	COMPBIAS // 143 // 171 // Asp/Glu-rich (acidic).	C:5054	T:1312	6366	0.206094879	0	TRUE	C:6564	N:0	6564	0	1	FALSE	-1	2:232034631-232034839	Basal	FALSE
1070	SA018_2_232034681	SA018	2	232034681	2,232034681,C,T	E143K	NCL	2q12-qter	COMPBIAS // 143 // 171 // Asp/Glu-rich (acidic).	C:31605	T:3081	34686	0.088825463	0	TRUE	C:17495	A:1	17496	5.72E-05	1	FALSE	-1	2:232034643-232034874	Basal	FALSE
1071	SA018_2_37121940	SA018	2	37121940	2,37121940,C,A	K899	HEATR5B	2p22.2		C:245270	A:63845	309115	0.206541255	0	TRUE	C:318340	G:68	318408	0.000213562	1	FALSE	-1	2:37121913-37122129	Basal	TRUE
1072	SA018_4_134293123	SA018	4	134293123	4,134293123,C,G	S793C	PCDH10	4q28.3	TOPO_DOM // 737 // 1040 // Cytoplasmic (Potential).	C:2958	G:1610	4568	0.352451839	0	TRUE	C:4849	T:1	4850	0.000206186	1	FALSE	1	4:134293086-134293305	Basal	FALSE
1073	SA018_5_178980579	SA018	5	178980579	5,178980579,T,C	D106G	HNRPH1	5q35.3	MOD_RES // 107 // 107 // Phosphothreonine.	T:8327	C:4096	12423	0.32971102	0	TRUE	T:7376	C:3	7379	0.000406559	1	FALSE	-1	5:178980549-178980766	Basal	FALSE
1074	SA018_6_102444265	SA018	6	102444265	6,102444265,G,A	D528N	GRIK2	6q16.3-q21	TOPO_DOM // 32 // 561 // Extracellular (Potential).	G:775	A:1117	1892	0.59038055	0	TRUE	G:1561	A:1	1562	0.000640205	1	FALSE		6:102444225-102444450	Basal	FALSE
1075	SA018_6_26216141	SA018	6	26216141	6,26216141,C,T	V54M	HIST1H1T	6p21.3	DOMAIN // 40 // 113 // H15.	C:1513	T:200	1713	0.116754232	8.39E-249	TRUE	C:463	N:0	463	0	1	FALSE	1,-1	6:26216106-26216337	Basal	FALSE
1076	SA018_6_45029071	SA018	6	45029071	6,45029071,C,A	S334I	SUPT3H	6p21.1-p21.3		C:7042	A:1407	8449	0.166528583	0	TRUE	C:5765	A:1	5766	0.00017343	1	FALSE	-1	6:45029042-45029264	Basal	FALSE
1077	SA018_6_56589207	SA018	6	56589207	6,56589207,A,C		DST	6p12.1		A:10315	C:2540	12855	0.197588487	0	TRUE	A:17834	C:4	17838	0.00022424	1	FALSE	-1	6:56589168-56589395	Basal	FALSE
1078	SA018_7_150819018	SA018	7	150819018	7,150819018,G,T	T23K	RHEB	7q36	HELIX // 19 // 28 //	G:659	T:130	789	0.164765526	2.77E-182	TRUE	G:1176	A:1	1177	0.000849618	1	FALSE	-1	7:150818985-150819272	Basal	FALSE
1079	SA018_9_35795626	SA018	9	35795626	9,35795626,G,A	R669Q	NPR2	9p21-p12	DOMAIN // 513 // 786 // Protein kinase. /// TOPO_DOM // 479 // 1047 // Cytoplasmic (Potential).	G:14073	A:1702	15775	0.107892235	0	TRUE	G:9552	C:9	9561	0.000941324	1	FALSE		9:35795588-35795823	Basal	FALSE
1080	SA018_X_116917311	SA018	X	116917311	X,116917311,G,A	A519V	KLHL13	Xq23-q24	REPEAT // 490 // 535 // Kelch 4.	G:761	A:1909	2670	0.714981273	0	TRUE	G:4696	A:2	4698	0.000425713	1	FALSE	-1	X:116917270-116917545	Basal	FALSE
1081	SA029_11_85044324	SA029	11	85044324	11,85044324,G,A	G107R	TMEM126A	11q14.1		G:20517	A:4712	25229	0.186769194	0	TRUE	G:78048	A:9	78057	0.0001153	1	FALSE	1	11:85044284-85044513	Other	FALSE
1082	SA029_13_47931834	SA029	13	47931834	13,47931834,T,C	L657P	RB1	13q14.2	REGION // 373 // 771 // Pocket; binds T and E1A. /// REGION // 640 // 771 // Domain B. /// VARIANT // 657 // 657 // L->P (in RB). /// HELIX // 646 // 669 //	T:283	C:239	522	0.457854406	0	TRUE	T:270	N:0	270	0	1	FALSE	1	13:47931807-47932023	Other	FALSE
1083	SA029_16_20284279	SA029	16	20284279	16,20284279,C,T	V401I	PDILT	16p12.3	DOMAIN // 388 // 451 // Thioredoxin.	C:11585	T:3137	14722	0.213082462	0	TRUE	C:34100	T:8	34108	0.000234549	1	FALSE	-1	16:20284247-20284492	Other	FALSE
1084	SA029_20_47690501	SA029	20	47690501	20,47690501,G,C	P239A	B4GALT5	20q13.1-q13.2	DISULFID // 229 // 248 // By similarity. /// TOPO_DOM // 36 // 388 // Lumenal (Potential).	G:24989	C:7525	32514	0.231438765	0	TRUE	G:40699	A:6	40705	0.000147402	1	FALSE	-1	20:47690471-47690684	Other	FALSE
1085	SA029_22_25179285	SA029	22	25179285	22,25179285,C,T	G681S	HPS4	22cen-q12.3		C:35117	T:10407	45524	0.228604692	0	TRUE	C:48855	A:11	48866	0.000225105	1	FALSE	-1	22:25179254-25179479	Other	FALSE
1086	SA029_2_61577624	SA029	2	61577624	2,61577624,C,T	R261Q	XPO1	2p16	REPEAT // 241 // 277 // HEAT 2. /// REGION // 1 // 679 // Necessary for HTLV-1 Rex-mediated mRNA export.	C:9176	T:2399	11575	0.207257019	0	TRUE	C:30269	T:11	30280	0.000363276	1	FALSE	-1	2:61577590-61577829	Other	FALSE
1087	SA029_3_139326287	SA029	3	139326287	3,139326287,C,G	E178Q	A4GNT	3p14.3	TOPO_DOM // 26 // 340 // Lumenal (Potential).	C:1190	G:352	1542	0.228274968	0	TRUE	C:1280	N:0	1280	0	1	FALSE	-1	3:139326246-139326469	Other	FALSE
1088	SA029_3_188423662	SA029	3	188423662	3,188423662,C,T	V586I	MASP1	3q27-q28	DOMAIN // 449 // 696 // Peptidase S1.	C:2274	T:475	2749	0.127290105	0	TRUE	C:3279	N:0	3279	0	1	FALSE	-1	3:188423626-188423847	Other	FALSE
1089	SA029_3_41927824	SA029	3	41927824	3,41927824,C,G	M358I	ULK4			C:32219	G:9435	41654	0.226508859	0	TRUE	C:111016	G:10	111026	9.01E-05	1	FALSE	-1	3:41927643-41927855	Other	FALSE
1090	SA029_6_143116035	SA029	6	143116035	6,143116035,C,T	V2415M	HIVEP2	6q23-q24		C:7142	T:2005	9147	0.219197551	0	TRUE	C:8820	T:3	8823	0.00034002	1	FALSE	-1	6:143116006-143116266	Other	FALSE
1091	SA029_X_134817276	SA029	X	134817276	X,134817276,A,G	Q339R	SAGE1	Xq26		A:24578	G:7845	32423	0.241957869	0	TRUE	A:45317	C:24	45341	0.000529322	1	FALSE	1	X:134817238-134817467	Other	FALSE
1092	SA030_10_105129445	SA030	10	105129445	10,105129445,A,G	K402E	TAF5	10q24-q25.2	COMPBIAS // 399 // 407 // Poly-Lys.	A:5537	G:990	6527	0.151677647	0	TRUE	A:18492	C:1	18493	5.41E-05	1	FALSE	1	10:105129404-105129642	Other	FALSE
1093	SA030_10_124033384	SA030	10	124033384	10,124033384,T,G	F66V	BTBD16	10q26.13		T:833	G:308	1141	0.26993865	0	TRUE	T:1243	N:0	1243	0	1	FALSE	1	10:124033346-124033576	Other	FALSE
1094	SA030_10_5809050	SA030	10	5809050	10,5809050,G,A	G149S	C10orf18			G:30232	A:4424	34656	0.127654663	0	TRUE	G:66280	A:8	66288	0.000120685	1	FALSE	1	10:5809020-5809241	Other	FALSE
1095	SA030_12_54765169	SA030	12	54765169	12,54765169,A,G	M120V	ERBB3	12q13	STRAND // 115 // 120 // /// TOPO_DOM // 20 // 643 // Extracellular (Potential).	A:17492	G:8134	25626	0.317412003	0	TRUE	A:42670	C:11	42681	0.000257726	1	FALSE	1	12:54765135-54765365	Other	FALSE
1096	SA030_14_62244107	SA030	14	62244107	14,62244107,C,G	V947L	KCNH5	14q23.1	REGION // 909 // 948 // CAD (involved in subunit assembly) (By similarity). /// TOPO_DOM // 468 // 988 // Cytoplasmic (Potential).	C:1193	G:787	1980	0.397474747	0	TRUE	C:1520	G:1	1521	0.000657462	1	FALSE	-1	14:62244076-62244300	Other	FALSE
1097	SA030_14_63661604	SA030	14	63661604	14,63661604,C,A	P4493T	SYNE2	14q23.2	COILED // 4493 // 4536 // Potential. /// TOPO_DOM // 1 // 6834 // Cytoplasmic (Potential).	C:49184	A:6894	56078	0.122935911	0	TRUE	C:78929	A:14	78943	0.000177343	1	FALSE	1	14:63661564-63661786	Other	FALSE
1098	SA030_15_55332936	SA030	15	55332936	15,55332936,C,T	A458V	TCF12	15q21		C:52931	T:6561	59492	0.110283736	0	TRUE	C:168602	T:41	168643	0.000243117	1	FALSE	1	15:55332895-55333125	Other	FALSE
1099	SA030_1_157950133	SA030	1	157950133	1,157950133,C,T	G161S	CRP	1q21-q23	DOMAIN // 19 // 224 // Pentaxin.	C:26296	T:2646	28942	0.091424228	0	TRUE	C:40849	A:6	40855	0.000146861	1	FALSE	-1	1:157950107-157950330	Other	FALSE
1100	SA030_1_205152957	SA030	1	205152957	1,205152957,G,A	H143Y	FAIM3	1q32.1	TOPO_DOM // 18 // 251 // Extracellular (Potential). TOPO_DOM // 18 // 251 // Extracellular (Potential). /// DOMAIN // 33 // 105 // Ig-like. /// DISULFID // 37 // 104 // By similarity.	G:771	A:185	956	0.193514644	3.18442919170663E-312	TRUE	G:297	N:0	297	0	1	FALSE	-1,1	1:205152931-205153147	Other	FALSE
1101	SA030_1_205153936	SA030	1	205153936	1,205153936,G,T	S55Y	FAIM3	1q32.1		G:18664	T:5114	23778	0.215072756	0	TRUE	G:36378	A:9	36387	0.000247341	1	FALSE	-1,1	1:205153910-205154120	Other	FALSE
1102	SA030_20_36280059	SA030	20	36280059	20,36280059,C,A					C:151882	A:33684	185566	0.181520322	0	TRUE	C:110441	A:16	110457	0.000144853	1	FALSE	-1	20:36280029-36280241	Other	TRUE
1103	SA030_20_44012527	SA030	20	44012527	20,44012527,G,C	P1102A	ZNF335	20q11.21-q13.12	ZN_FING // 1103 // 1126 // C2H2-type 13.	G:7251	C:1344	8595	0.156369983	0	TRUE	G:10332	A:1	10333	9.68E-05	1	FALSE	-1	20:44012486-44012708	Other	FALSE
1104	SA030_2_27143865	SA030																							

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.testStrand		primer	PAM50	Splice.site
1117	SA031_18_53175626	SA031	18	53175626	18,53175626,T,A	F263I	STR8IA3	18q21.31	DISULFID // 162 // 313 // By similarity. /// TOPO_DOM // 34 // 380 // Lumenal (Potential).	T:4841	A:1497	6338	0.236194383	0	TRUE	T:13790	N:0	13790	0	1	FALSE	1	18:53175586-53175821	Basal	FALSE
1118	SA031_19_51526303	SA031	19	51526303	19,51526303,G,A	G588E	HIF3A	19q13.32		G:17460	A:3843	21303	0.180397127	0	TRUE	G:27356	C:4	27360	0.000146199	1	FALSE	1	19:51526266-51526498	Basal	FALSE
1119	SA031_1_115060235	SA031	1	115060235	1,115060235,T,G	I24L	NRAS	1p13.2	HELIX // 17 // 25 //	T:18703	G:3135	21838	0.143557102	0	TRUE	T:63410	C:9	63419	0.000141913	1	FALSE	-1	1:115060196-115060430	Basal	FALSE
1120	SA031_1_143642662	SA031	1	143642662	1,143642662,T,G	Y135S	PDE4DIP	1q12		T:13150	G:962	14112	0.068168934	0	TRUE	T:15253	C:3	15256	0.000196644	1	FALSE	-1	1:143642623-143642857	Basal	FALSE
1121	SA031_1_180822252	SA031	1	180822252	1,180822252,C,T	V105M	RNASEL	1q25	REPEAT // 91 // 120 // ANK 3. /// HELIX // 105 // 113 //	C:7830	T:1311	9141	0.143419757	0	TRUE	C:13923	T:5	13928	0.000358989	1	FALSE	-1	1:180822221-180822437	Basal	FALSE
1122	SA031_1_26645437	SA031	1	26645437	1,26645437,G,A	D123N	DHDD5	1p36.11		G:2383	A:539	2922	0.184462697	0	TRUE	G:4179	C:1	4180	0.000239234	1	FALSE	1	1:26645403-26645631	Basal	FALSE
1123	SA031_1_62886498	SA031	1	62886498	1,62886498,T,C	N200S	DOCK7	1p31.3		T:121	C:17	138	0.123188406	5.27E-22	TRUE	T:446	N:0	446	0	1	FALSE	-1	1:62886466-62886696	Basal	FALSE
1124	SA031_1_62886502	SA031	1	62886502	1,62886502,T,G	K199Q	DOCK7	1p31.3		T:121	G:17	138	0.123188406	5.27E-22	TRUE	T:446	N:0	446	0	1	FALSE	-1	1:62886466-62886696	Basal	FALSE
1125	SA031_1_72513069	SA031	1	72513069	1,72513069,G,A		LOC100132353			G:4236	A:724	4960	0.145967742	0	TRUE	G:7890	C:1	7891	0.000126727	1	FALSE	1,-1	1:72513045-72513254	Basal	FALSE
1126	SA031_20_2256892	SA031	20	2256892	20,2256892,C,A	T405N	TGM3	20q11.2	TURN // 404 // 407 //	C:1290	A:606	1896	0.319620253	0	TRUE	C:5475	A:1	5476	0.000182615	1	FALSE	1	20:2256867-2257072	Basal	FALSE
1127	SA031_2_115999978	SA031	2	115999978	2,115999978,C,T	P134L	DPP10	2q14.1	MOD_RES // 133 // 133 // Phosphoserine. /// TOPO_DOM // 56 // 796 // Extracellular (Potential). DOMAIN // 606 // 663 // VWFC 3. /// TOPO_DOM // 35 // 939 // Extracellular (Potential).	C:5394	T:1004	6398	0.156924039	0	TRUE	C:22859	A:8	22867	0.000349849	1	FALSE	1	2:115999946-116000184	Basal	FALSE
1128	SA031_2_36594308	SA031	2	36594308	2,36594308,G,T	C629F	CRIM1	2p21		G:17581	T:4186	21767	0.192309459	0	TRUE	G:21988	C:6	21994	0.000272802	1	FALSE	1	2:36594268-36594502	Basal	FALSE
1129	SA031_2_48811936	SA031	2	48811936	2,48811936,A,G	L56P	LHCGR	2p21	DOMAIN // 27 // 66 // LRNT. /// STRAND // 53 // 55 // /// TOPO_DOM // 27 // 363 // Extracellular (Potential).	A:12519	G:2885	15404	0.187289016	0	TRUE	A:24092	G:5	24097	0.000207495	1	FALSE	-1,1	2:48811910-48812126	Basal	FALSE
1130	SA031_6_151202701	SA031	6	151202701	6,151202701,T,G	I1045S	PLEKHG1	6q25.1		T:15710	G:4555	20265	0.224771774	0	TRUE	T:14813	C:4	14817	0.00026996	1	FALSE	1	6:151202672-151202891	Basal	FALSE
1131	SA031_6_41225597	SA031	6	41225597	6,41225597,C,G	G220A	TREML1	6p21.1	TOPO_DOM // 184 // 311 // Cytoplasmic (Potential). /// COMPBias // 221 // 270 // Pro-rich.	C:1680	G:477	2157	0.221140473	0	TRUE	C:2437	G:1	2438	0.000410172	1	FALSE	-1	6:41225568-41225781	Basal	FALSE
1132	SA031_6_97668430	SA031	6	97668430	6,97668430,G,T	E226D	KLHL32	6q16.1		G:2339	T:1128	3467	0.325353331	0	TRUE	G:4318	C:3	4321	0.000694284	1	FALSE	1	6:97668396-97668618	Basal	FALSE
1133	SA031_7_116196934	SA031	7	116196934	7,116196934,G,A					G:209569	A:87634	297203	0.294862434	0	TRUE	G:270980	A:24	271004	8.86E-05	1	FALSE	1	7:116196741-116196967	Basal	TRUE
1134	SA031_7_140123259	SA031	7	140123259	7,140123259,T,G	H539P	BRAF	7q34	DOMAIN // 457 // 717 // Protein kinase. /// HELIX // 537 // 542 //	T:32198	G:4637	36835	0.125885707	0	TRUE	T:50034	C:50	50084	0.000998323	1	FALSE	-1	7:140123221-140123451	Basal	FALSE
1135	SA031_7_30668931	SA031	7	30668931	7,30668931,A,G	W201R	CRHR2	7p15.1	TRANSMEM // 186 // 209 // Helical; Name=3; (Potential).	A:1824	G:1509	3333	0.452745275	0	TRUE	A:3820	G:2	3822	0.000523286	1	FALSE	-1	7:30668905-30669127	Basal	FALSE
1136	SA031_7_41696591	SA031	7	41696591	7,41696591,C,A	V155F	INHBA	7p15-p13	PROPEP // 21 // 310 //	C:25296	A:3044	28340	0.107410021	0	TRUE	C:25709	A:6	25715	0.000233327	1	FALSE	-1	7:41696565-41696798	Basal	FALSE
1137	SA031_7_55427079	SA031	7	55427079	7,55427079,G,C	A102P	LANCL2	7q31.1-q31.33		G:28475	C:5526	34001	0.162524632	0	TRUE	G:35210	A:8	35218	0.000227157	1	FALSE	1	7:55427052-55427287	Basal	FALSE
1138	SA031_7_6430947	SA031	7	6430947	7,6430947,C,G	E367D	DAGLB	7p22.1	TOPO_DOM // 154 // 672 // Cytoplasmic (Potential). COMPBias // 451 // 1607 // Pro-rich. /// COMPBias // 481 // 1603 // Gly-rich. /// DOMAIN // 526 // 565 // Collagen-like 2.	C:24259	G:4382	28641	0.152997451	0	TRUE	C:12715	G:2	12717	0.00015727	1	FALSE	-1	7:6430912-6431140	Basal	FALSE
1139	SA031_8_139862354	SA031	8	139862354	8,139862354,T,A	R550	COL22A1	8q24.23		T:2601	A:989	3590	0.275487465	0	TRUE	T:4197	A:2	4199	0.000476304	1	FALSE	-1	8:139862329-139862545	Basal	FALSE
1140	SA031_8_69596604	SA031	8	69596604	8,69596604,A,G	N175S	C8orf34	8q13		A:787	G:190	977	0.194472876	8.36E-291	TRUE	A:1301	C:1	1302	0.000768049	1	FALSE	1	8:69596571-69596792	Basal	FALSE
1141	SA031_8_74395778	SA031	8	74395778	8,74395778,C,A	L228I	RDH10	8q21.11		C:176	A:56	232	0.24137931	2.77E-91	TRUE	C:1248	N:0	1248	0	1	FALSE	1	8:74395751-74395975	Basal	FALSE
1142	SA031_8_92376944	SA031	8	92376944	8,92376944,C,A	A105D	SLC26A7	8q23	TOPO_DOM // 97 // 144 // Extracellular (Potential).	C:21448	A:3058	24506	0.124785767	0	TRUE	C:41909	T:6	41915	0.000143147	1	FALSE	1	8:92376903-92377139	Basal	FALSE
1143	SA031_9_32620508	SA031	9	32620508	9,32620508,C,A	L1690F	TAF1L	9p21.1		C:18742	A:4013	22755	0.176356845	0	TRUE	C:80211	A:27	80238	0.000336499	1	FALSE	-1	9:32620467-32620723	Basal	FALSE
1144	SA031_9_5154175	SA031	9	5154175	9,5154175,T,C	K127R	INSL6	9p24	PROPEP // 55 // 168 // Connecting peptide (Potential). /// DISULFID // 33 // 179 // By similarity. /// DISULFID // 45 // 192 // By similarity. DOMAIN // 13 // 275 // Protein kinase. /// STRAND // 86 // 94 //	T:3815	C:1081	4896	0.220792484	0	TRUE	T:14095	C:5	14100	0.00035461	1	FALSE	-1	9:5153978-5154201	Basal	FALSE
1145	SA031_9_89409891	SA031	9	89409891	9,89409891,G,A	V89I	DAPK1	9q34.1		G:4261	A:2803	7064	0.396800068	0	TRUE	G:13728	A:5	13733	0.000364087	1	FALSE	1	9:89409865-89410077	Basal	FALSE
1146	SA031_X_100286791	SA031	X	100286791	X,100286791,T,G	L550V	CENPI	Xq22.1		T:362	G:44	406	0.108374384	3.65E-55	TRUE	T:615	N:0	615	0	1	FALSE	1	X:100286768-100286983	Basal	FALSE
1147	SA031_X_106971164	SA031	X	106971164	X,106971164,A,T	M205L	MID2	Xq22	ZN_FING // 190 // 232 // B box-type 2.	A:17726	T:2207	19933	0.110720915	0	TRUE	A:13870	G:4	13874	0.000288309	1	FALSE	1	X:106971133-106971356	Basal	FALSE
1148	SA031_X_128976189	SA031	X	128976189	X,128976189,C,A	T587N	BCORL1	Xq25-q26.1	COMPBias // 198 // 649 // Pro-rich.	C:1679	A:493	2172	0.226979742	0	TRUE	C:4012	A:1	4013	0.00024919	1	FALSE	1	X:128975999-128976213	Basal	FALSE
1149	SA031_X_135257972	SA031	X	135257972	X,135257972,C,T	L1481F	GPR112	Xq26.3	TOPO_DOM // 28 // 2741 // Extracellular (Potential).	C:247	T:45	292	0.154109589	1.21E-63	TRUE	C:2768	N:0	2768	0	1	FALSE	1	X:135257936-135258168	Basal	FALSE
1150	SA031_X_149150976	SA031	X	149150976	X,149150976,A,T		LOC389901			A:26097	T:1810	27907	0.064858279	0	TRUE	A:39092	G:10	39102	0.000255741	1	FALSE	-1	X:149150947-149151166	Basal	FALSE
1151	SA031_X_34558472	SA031	X	34558472	X,34558472,C,G	S142T	TMEM47	Xp11.4		C:535	G:155	690	0.224637681	6.05E-248	TRUE	C:2040	N:0	2040	0	1	FALSE	-1	X:34558431-34558666	Basal	FALSE
1152	SA031_X_41088518	SA031	X	41088518	X,41088518,G,T	G316V	DDX3X	Xp11.3-p11.23	DOMAIN // 211 // 403 // Helicase ATP-binding. /// REGION // 260 // 517 // Necessary for interaction with XPO1.	G:5910	T:1498	7408	0.202213823	0	TRUE	G:18659	A:2	18661	0.000107175	1	FALSE	1	X:41088487-41088726	Basal	FALSE
1153	SA031_X_77897692	SA031	X	77897692	X,77897692,T,A	S224T	GPR23	Xq13-q21.1	TOPO_DOM // 225 // 254 // Cytoplasmic (Potential). /// TRANSMEM // 204 // 224 // Helical; Name=5; (Potential).	T:178	A:30	208	0.144230769	2.31E-41	TRUE	T:2098	C:1	2099	0.000476417	1	FALSE	1	X:77897655-77897889	Basal	FALSE
1154	SA051_10_105142186	SA051	10	105142186	10,105142186,C,A		USMG5	10q24.33		C:324	A:170	494	0.344129555	4.61E-234	TRUE	C:455	N:0	455	0	1	FALSE	-1	10:105141972-105142217	Basal	FALSE
1155	SA051_10_31850488	SA051	10	31850488	10,31850488,C,G	P740R	ZEB1	10p11.2		C:578	G:382	960	0.397916667	0	TRUE	C:1117	N:0	1117	0	1	FALSE	1	10:31850456-31850675	Basal	FALSE
1156	SA051_10_33585402	SA051	10	33585402	10,33585402,C,A	G221V	NRP1	10p12	DISULFID // 206 // 228 // /// DOMAIN // 147 // 265 // CUB 2. /// TOPO_DOM // 22 // 856 // Extracellular (Potential). /// TURN // 218 // 220 //	C:896	A:596	1492	0.399463807	0	TRUE	C:1027	N:0	1027	0	1	FALSE	-1	10:33585369-33585591	Basal	FALSE
1157	SA051_12_74710933	SA051	12	74710933	12,74710933,G,C	R286G	PHLDA1	12q15		G:1816	C:1326	3142	0.422024188	0	TRUE	G:3132	N:0	3132	0	1	FALSE	-1	12:74710907-74711113	Basal	FALSE
1158	SA051_13_99553196	SA051	13	99553196	13,99553196,G,C	G55A	PCCA	13q32		G:561	C:401	962	0.416839917	0	TRUE	G:949	N:0	949	0	1	FALSE	1	13:99553171-99553388	Basal	FALSE
1159	SA051_14_34315220	SA051	14	34315220	14,34315220,G,A	S830F	BAZ1A	14q12-q13	REGION // 667 // 933 // Interaction with SMARCA5.	G:1215	A:605	1820	0.332417582	0	TRUE</										

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.statistic.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test	Strand	primer	PAM50	Splice.site
1168	SA051_2_201858234	SA051	2	201858234	2,201858234,G,C	G418A	CASP8	2q33-q34	TURN // 415 // 417 //	G:2106	C:1209	3315	0.364705882	0	TRUE	G:4312	N:0	4312	0	1	FALSE	1	2:201858207-201858426	Basal	FALSE
1169	SA051_2_27159975	SA051	2	27159975	2,27159975,G,C	L678V	EMILIN1	2p23.3-p23.2		C:1243	G:924	2167	0.426395939	0	TRUE	C:1893	A:1	1894	0.000527983	1	FALSE	1	2:27159937-27160160	Basal	FALSE
1170	SA051_2_95623596	SA051	2	95623596	2,95623596,G,A	S33N	TRIM43	2q11.1	ZN_FING // 15 // 56 // RING-type.	G:4706	A:2476	7182	0.344750766	0	TRUE	G:1596	C:4	15600	0.00025641	1	FALSE	1	2:95623559-95623884	Basal	FALSE
1171	SA051_3_197421931	SA051	3	197421931	3,197421931,A,G	F74S	ZDHHC19	3q29	TRANSMEM // 59 // 79 // Helical; (Potential).	A:9138	G:3503	12641	0.277114152	0	TRUE	A:17077	C:6	17083	0.000351226	1	FALSE	-1	3:197421895-197422112	Basal	FALSE
1172	SA051_4_148676585	SA051	4	148676585	4,148676585,G,C	R285T	EDNRA	4q31.23	TOPO_DOM // 279 // 306 // Cytoplasmic (Potential). REGION // 734 // 894 // 5 X 4 AA repeats of P-X-X-P. /// TOPO_DOM // 719 // 950 // Cytoplasmic (Potential).	G:355	C:151	506	0.298418972	4.09E-253	TRUE	G:537	N:0	537	0	1	FALSE	1	4:148676546-148676837	Basal	FALSE
1173	SA051_5_140148322	SA051	5	140148322	5,140148322,C,T	R755W	PCDHA1	5q31	DOMAIN // 35 // 484 // Sema. /// TOPO_DOM // 23 // 968 // Extracellular (Potential).	C:131	T:125	256	0.48828125	3.54E-243	TRUE	C:213	N:0	213	0	1	FALSE	1	5:140148297-140148572	Basal	FALSE
1174	SA051_5_9277881	SA051	5	9277881	5,9277881,G,C	A184G	SEMA5A	5p15.2		G:2691	C:1078	3769	0.286017511	0	TRUE	G:3845	A:2	3847	0.000519886	1	FALSE	-1	5:9277856-9278065	Basal	FALSE
1175	SA051_5_9682783	SA051	5	9682783	5,9682783,C,G	R121T	TAS2R1	5p15	TOPO_DOM // 103 // 124 // Cytoplasmic (Potential).	C:3806	G:1481	5287	0.280121052	0	TRUE	C:3435	A:1	3436	0.000291036	1	FALSE	-1	5:9682752-9682978	Basal	FALSE
1176	SA051_6_46908941	SA051	6	46908941	6,46908941,G,A	R439Q	MEP1A	6p12-p11	CARBOHYD // 440 // 440 // N-linked (GlcNAc...) (Potential). /// DOMAIN // 434 // 593 // MATH. /// TOPO_DOM // 66 // 712 // Extracellular (Potential). CARBOHYD // 2115 // 2115 // N-linked (GlcNAc...) (Potential). /// TOPO_DOM // 24 // 3858 // Extracellular (Potential).	G:2572	A:1729	4301	0.401999535	0	TRUE	G:6159	C:3	6162	0.000486855	1	FALSE	1	6:46908900-46909170	Basal	FALSE
1177	SA051_6_51884699	SA051	6	51884699	6,51884699,A,C	F2116C	PKHD1	6p12.2		A:3252	C:2511	5763	0.435710567	0	TRUE	A:10654	G:2	10656	0.000187688	1	FALSE	-1	6:51884662-51884889	Basal	FALSE
1178	SA051_6_90451368	SA051	6	90451368	6,90451368,C,T	R3926Q	MDN1	6q15		C:814	T:572	1386	0.412698413	0	TRUE	C:1058	N:0	1058	0	1	FALSE	-1	6:90451343-90451558	Basal	FALSE
1179	SA051_9_130022148	SA051	9	130022148	9,130022148,G,A	R217H	DNM1	9q34		G:534	A:293	827	0.354292624	0	TRUE	G:805	A:1	806	0.001240695	1	FALSE	1	9:130022121-130022330	Basal	FALSE
1180	SA051_X_128754038	SA051	X	128754038	X,128754038,C,T	P166S	CXorf9	Xq26		C:18113	T:8387	26500	0.316490566	0	TRUE	C:62170	A:15	62185	0.000241216	1	FALSE	1	X:128754009-128754273	Basal	FALSE
1181	SA052_14_93664670	SA052	14	93664670	14,93664670,C,T	A45T	FAM14A	14q32.13		C:509	T:213	722	0.29501385	0	TRUE	C:542	T:1	543	0.001841621	1	FALSE	-1	14:93664630-93664889	Basal	FALSE
1182	SA052_15_62749669	SA052	15	62749669	15,62749669,G,T	D349Y	ZNF609	15q22.31		G:815	T:424	1239	0.342211461	0	TRUE	G:1543	T:1	1544	0.000647668	1	FALSE	1	15:62749643-62749851	Basal	FALSE
1183	SA052_16_22051894	SA052	16	22051894	16,22051894,G,A	R682H	VWA3A		DOMAIN // 511 // 708 // VWFA 1. STRAND // 18 // 20 // /// VARIANT // 19 // 19 // P->L (in dbSNP:rs10797300).	G:31955	A:19602	51557	0.380200555	0	TRUE	G:63188	A:26	63214	0.000411301	1	FALSE	1	16:22051860-22052088	Basal	FALSE
1184	SA052_16_28514701	SA052	16	28514701	16,28514701,C,A	V18F	SULT1A2	16p12.1		C:1331	A:280	1611	0.17380509	0	TRUE	C:1072	N:0	1072	0	1	FALSE	-1	16:28514675-28514939	Basal	FALSE
1185	SA052_17_37348458	SA052	17	37348458	17,37348458,C,T	R250W	TTC25	17q21.2		C:11718	T:12904	24622	0.524084152	0	TRUE	C:37878	T:18	37896	0.000474984	1	FALSE	1	17:37348427-37348638	Basal	FALSE
1186	SA052_1_109835414	SA052	1	109835414	1,109835414,C,T	S569F	ATXN7L2	1p13.3		C:543	T:610	1153	0.52905464	0	TRUE	C:772	T:3	775	0.003870968	1	FALSE	1	1:109835375-109835603	Basal	FALSE
1187	SA052_1_210865243	SA052	1	210865243	1,210865243,A,G	H134R	FAM71A	1q32.3		A:1462	G:2219	3681	0.602825319	0	TRUE	A:2741	G:6	2747	0.002184201	1	FALSE	1	1:210865205-210865430	Basal	FALSE
1188	SA052_2_31343024	SA052	2	31343024	2,31343024,G,A	E520K	EHD3	2p21	DOMAIN // 444 // 532 // EH.	G:1794	A:1776	3570	0.497478992	0	TRUE	G:2355	A:6	2361	0.002541296	1	FALSE	1	2:31342985-31343218	Basal	FALSE
1189	SA052_5_179400239	SA052	5	179400239	5,179400239,C,G	G88R	RNF130	5q35.3	TOPO_DOM // 28 // 194 // Extracellular (Potential).	C:1126	G:1017	2143	0.474568362	0	TRUE	C:4019	G:7	4026	0.001738698	1	FALSE	-1	5:179400207-179400431	Basal	FALSE
1190	SA052_6_25708867	SA052	6	25708867	6,25708867,C,T	R1156W	LRRC16	6p22.2		C:1962	T:477	2439	0.195571956	0	TRUE	C:1370	N:0	1370	0	1	FALSE	1	6:25708832-25709077	Basal	FALSE
1191	SA053_17_7518264	SA053	17	7518264	17,7518264,G,A	R248W	TP53	17p13.1	DNA_BIND // 102 // 292 // /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 241 // 248 // Interacts with the 53BP2 SH3 domain. /// TURN // 243 // 248 // /// VARIANT // 247 // 247 // N->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 247 // N->F (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 247 // 247 // N->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 247 // N->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 247 // N->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 247 // N->T (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 247 // N->Y (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->IP (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 247 // 248 // NR->KW (in sporadic cancers; som																

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.testStrand		primer	PAM50	Splice.site
1212	SA054_17_10299092	SA054	17	10299092	17,10299092,T,G	T776P	MYH4	17p13.1	DOMAIN // 1 // 784 // Myosin head-like. /// REGION // 761 // 775 // Actin-binding (By similarity).	T:11906	G:1915	13821	0.138557268	0	TRUE	T:18095	C:4	18099	0.000221007	1	FALSE	-1	17:10299061-10299280	Basal	FALSE
1213	SA054_17_20157950	SA054	17	20157950	17,20157950,T,A	Y1063N	SPECC1	17p11.2	DOMAIN // 962 // 1064 // CH.	T:1464	A:466	1930	0.241450777	0	TRUE	T:1211	C:1	1212	0.000825083	1	FALSE	1	17:20157917-20158133	Basal	FALSE
1214	SA054_17_3575620	SA054	17	3575620	17,3575620,G,A	E548K	G5G2	17p13	DOMAIN // 484 // 798 // Protein kinase.	G:5960	A:662	6622	0.099969798	0	TRUE	G:4053	C:1	4054	0.00024667	1	FALSE	-1,1	17:35755585-3575810	Basal	FALSE
1215	SA054_18_50747050	SA054	18	50747050	18,50747050,G,A	S221F	CCDC68	18q21	COILED // 101 // 305 // Potential.	G:21960	A:3219	25179	0.127844632	0	TRUE	G:25488	T:4	25492	0.000156912	1	FALSE	-1	18:50747012-50747246	Basal	FALSE
1216	SA054_19_55911530	SA054	19	55911530	19,55911530,G,T	N91K	SHANK1	19q13.3		G:5949	T:2199	8148	0.26988218	0	TRUE	G:1973	N:0	1973	0	1	FALSE	-1	19:55911490-55911710	Basal	FALSE
1217	SA054_1_100359676	SA054	1	100359676	1,100359676,A,G	V110A	SAS56	p21.2		A:12579	G:1738	14317	0.121394147	0	TRUE	A:21198	C:2	21200	9.43E-05	1	FALSE	-1	1:100359648-100359869	Basal	FALSE
1218	SA054_1_9000908	SA054	1	9000908	1,9000908,G,C	Q184E	SLC2A7	1p36.2	TRANSMEM // 173 // 193 // Helical; (Potential).	G:578	C:857	1435	0.597212544	0	TRUE	G:1341	T:2	1343	0.001489203	1	FALSE	-1	1:9000884-9001126	Basal	FALSE
1219	SA054_2_108755446	SA054	2	108755446	2,108755446,G,C	R2697T	RANBP2	2q12.3	REGION // 2633 // 2761 // 2 X 50 AA approximate repeats. /// REGION // 2633 // 2710 // Required for E3 SUMO-ligase activity. /// REGION // 2686 // 2761 // Interaction with SUMO1.	G:6998	C:1063	8061	0.131869495	0	TRUE	G:15154	C:2	15156	0.000131961	1	FALSE	1	2:108755411-108755638	Basal	FALSE
1220	SA054_2_166243864	SA054	2	166243864	2,166243864,G,C	E371D	FAM130A2	2q24.3	COMPBias // 318 // 383 // Glu-rich.	G:21536	C:6513	28049	0.232200791	0	TRUE	G:20164	T:2	20166	9.92E-05	1	FALSE	1	2:166243836-166244053	Basal	FALSE
1221	SA054_2_166606104	SA054	2	166606104	2,166606104,C,G	M766I	SCN1A	2q24.3	REPEAT // 750 // 1022 // 11. /// TRANSMEM // 763 // 787 // Helical; Name=S1 of repeat II; (By similarity).	C:124	G:21	145	0.144827586	1.46E-29	TRUE	C:279	N:0	279	0	1	FALSE	-1	2:166606069-166606336	Basal	FALSE
1222	SA054_2_201802043	SA054	2	201802043	2,201802043,G,A	V520I	CASP10	2q33-q34		G:2276	A:993	3269	0.303762619	0	TRUE	G:3772	N:0	3772	0	1	FALSE	1	2:20180206-201802228	Basal	FALSE
1223	SA054_2_21085413	SA054	2	21085413	2,21085413,G,T	T2611N	APOB	2p24-p23		G:32131	T:11547	43678	0.2643665	0	TRUE	G:19015	A:3	19018	0.000157745	1	FALSE	-1	2:21085385-21085598	Basal	FALSE
1224	SA054_2_99407101	SA054	2	99407101	2,99407101,A,T	Y541N	REV1	2q11.1-q11.2	DOMAIN // 419 // 653 // UmuC.	A:5594	T:519	6113	0.084901031	0	TRUE	A:9360	C:2	9362	0.00021363	1	FALSE	-1	2:99407064-99407289	Basal	FALSE
1225	SA054_3_174125935	SA054	3	174125935	3,174125935,A,G	S375P	SPATA16	3q26.31		A:132	G:32	164	0.195121951	8.09E-50	TRUE	A:224	N:0	224	0	1	FALSE	-1	3:174125902-174126149	Basal	FALSE
1226	SA054_3_52429961	SA054	3	52429961	3,52429961,C,A	S139	PHF7	3p21.1	ZN_FING // 95 // 145 // PHD-type; atypical.	C:2138	A:1042	3180	0.327672956	0	TRUE	C:3483	N:0	3483	0	1	FALSE	1	3:52429935-52430158	Basal	FALSE
1227	SA054_4_65913374	SA054	4	65913374	4,65913374,A,T	F731Y	EPHA5	4q13.1	DOMAIN // 675 // 936 // Protein kinase. /// TOPO_DOM // 595 // 1037 // Cytoplasmic (Potential).	A:10816	T:2955	13771	0.214581367	0	TRUE	A:15821	G:3	15824	0.000189585	1	FALSE	-1	4:65913340-65913603	Basal	FALSE
1228	SA054_6_6119865	SA054	6	6119865	6,6119865,G,A	P565L	F13A1	6p25.3-p24.3	STRAND // 565 // 578 // /// VARIANT // 565 // 565 // P->L (in allele F13A*1A, allele F13A*2A and allele F13*(2)A; dbSNP:rs5982).	G:2356	A:1321	3677	0.359260267	0	TRUE	G:4917	A:1	4918	0.000203335	1	FALSE	-1	6:6119838-6120054	Basal	FALSE
1229	SA054_6_76120105	SA054	6	76120105	6,76120105,C,G	E167Q	FILIP1	6q14.1		C:15404	G:2804	18208	0.153998243	0	TRUE	C:29422	A:4	29426	0.000135934	1	FALSE	-1	6:76120064-76120289	Basal	FALSE
1230	SA054_6_90585987	SA054	6	90585987	6,90585987,C,A	E21	MDN1	6q15		C:2703	A:1408	4111	0.342495743	0	TRUE	C:3706	N:0	3706	0	1	FALSE	-1	6:90585955-90586172	Basal	FALSE
1231	SA054_7_150132419	SA054	7	150132419	7,150132419,G,T	V198F	TMEM176A	7q36.1	TRANSMEM // 193 // 213 // Helical; (Potential).	G:30525	T:6051	36576	0.165436352	0	TRUE	G:30160	A:3	30163	9.95E-05	1	FALSE	1	7:150132384-150132612	Basal	FALSE
1232	SA054_8_103377148	SA054	8	103377148	8,103377148,C,A	W1235L	UBR5	8q22	ZN_FING // 1177 // 1245 // UBR-type.	C:944	A:501	1445	0.346712803	0	TRUE	C:483	N:0	483	0	1	FALSE	-1	8:103377109-103377383	Basal	FALSE
1233	SA054_X_100500082	SA054	X	100500082	X,100500082,C,A	G325V	BTB	Xq21.33-q22	DOMAIN // 281 // 377 // SH2. /// STRAND // 315 // 326 //	C:161795	A:83387	245182	0.340102455	0	TRUE	C:197049	A:22	197071	0.000111635	1	FALSE	-1	X:100500050-100500267	Basal	TRUE
1234	SA054_X_119393262	SA054	X	119393262	X,119393262,T,A	N190K	ATP1B4	Xq24	TOPO_DOM // 132 // 357 // Perinuclear space (Potential).	T:2956	A:1046	4002	0.261369315	0	TRUE	T:1766	C:1	1767	0.000565931	1	FALSE	1	X:119393233-119393447	Basal	FALSE
1235	SA054_X_12816196	SA054	X	12816196	X,12816196,G,A	R883H	TLR7	Xp22.3	TOPO_DOM // 861 // 1049 // Cytoplasmic (Potential).	G:4694	A:873	5567	0.156816957	0	TRUE	G:5178	T:1	5179	0.000193087	1	FALSE	1	X:12816165-12816379	Basal	FALSE
1236	SA054_X_30622487	SA054	X	30622487	X,30622487,G,T	R155L	GK	Xp21.3		G:3652	T:398	4050	0.098271605	0	TRUE	G:4003	T:1	4004	0.00024975	1	FALSE	1	X:30622447-30622680	Basal	FALSE
1237	SA055_3_47427608	SA055	3	47427608	3,47427608,C,A	P1106T	PTPN23	3p21.3	COMPBias // 716 // 1108 // Pro-rich. /// REGION // 770 // 1130 // His.	C:133	A:19	152	0.125	1.21E-20	TRUE	C:2915	A:3	2918	0.001028101	1	FALSE	1	3:47427551-47427787	Basal	FALSE
1238	SA055_5_135422780	SA055	5	135422780	5,135422780,G,T	G594V	TGFB1	5q31	DOMAIN // 502 // 632 // FAS1 4. /// VARIANT // 594 // 594 // G->V (in lattice corneal dystrophy; unclassified form). /// STRAND // 591 // 595 //	G:12592	T:8771	21363	0.410569677	0	TRUE	G:36620	C:10	36630	0.000273	1	FALSE	1	5:135422754-135422971	Basal	FALSE
1239	SA055_9_108731487	SA055	9	108731487	9,108731487,G,T	E1825	ZNF462	9q31.2		G:54310	T:9608	63918	0.150317594	0	TRUE	G:73113	C:8	73121	0.000109408	1	FALSE	1	9:108731462-108731665	Basal	FALSE
1240	SA056_17_7517743	SA056	17	7517743	17,7517743,C,T					C:436804	T:175339	612143	0.286434706	0	TRUE	C:451199	A:164	451363	0.000363344	0.650005537	FALSE	-1	17:7517710-7517927	Basal	TRUE
1241	SA056_1_103917889	SA056	1	103917889	1,103917889,G,C	A184P	AMYZB	1p21		G:125809	C:19132	144941	0.131998537	0	TRUE	G:149047	A:24	149071	0.000160997	1	FALSE	1	1:103917851-103918080	Basal	FALSE
1242	SA056_1_151271653	SA056	1	151271653	1,151271653,C,T		SPRR1B	1q21-q22		C:7764	T:4993	12757	0.391392961	0	TRUE	C:1766	N:0	1766	0	1	FALSE	1	1:151271626-151271863	Basal	FALSE
1243	SA056_3_180434779	SA056	3	180434779	3,180434779,A,G	H1047R	PIK3CA	3q26.3	DOMAIN // 797 // 1068 // PI3K/PI4K. /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->L (in cancer). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->R (in KERSEB; shows an increase in lipid kinase activity; oncogenic in vivo). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->Y (in cancer). /// HELIX // 1032 // 1047 //	A:22086	G:17032	39118	0.435400583	0	TRUE	A:65242	G:10	65252	0.000153252	1	FALSE	1	3:180434587-180434820	Basal	FALSE
1244	SA056_6_129654493	SA056	6	129654493	6,129654493,C,G	H931D	LAMA2	6q22-q23	DISULFID // 918 // 930 // By similarity. /// DISULFID // 920 // 937 // By similarity. /// DOMAIN // 918 // 966 // Laminin EGF-like 9.	C:19170	G:4577	23747	0.192740136	0	TRUE	C:68615	A:26	68641	0.000378782	1	FALSE	1	6:129654461-129654682	Basal	FALSE
1245	SA056_6_136638741	SA056	6	136638741	6,136638741,C,T	A539T	BCLAF1	6q22-q23		C:20076	T:4169	24245	0.17195298	0	TRUE	C:71520	A:8	71528	0.000111844	1	FALSE	-1	6:136638712-136638954	Basal	FALSE
1246	SA056_6_152716118	SA056	6	152716118	6,152716118,C,A	M3742I	SYNE1	6q25	TOPO_DOM // 1 // 8746 // Cytoplasmic (Potential).	C:836	A:187	1023	0.182795699	1.21E-293	TRUE	C:590	N:0	590	0	1	FALSE	-1	6:152716091-152716302	Basal	FALSE
1247	SA056_6_35362119	SA056	6	35362119	6,35362119,A,G	D66G	ZNF76	6p21.3-p21.2	REPEAT // 62 // 73 // 2. /// REGION // 34 // 99 // 3 X 12 AA approximate repeats.	A:16994	G:10369	27363	0.378942367	0	TRUE	A:24145	G:5	24150	0.000207039	1	FALSE	1	6:35362080-35362300	Basal	FALSE

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI		
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions,position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site			
									/// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 241 // 248 // Interacts with the 53BP2 SH3 domain. /// TURN // 243 // 248 // /// VARIANT // 245 // 245 // G->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 245 // 245 // G->C (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 245 // 245 // G->D (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 245 // 245 // G->E (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 245 // 245 // G->F (in sporadic cancers; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 245 // 245 // G->H (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 245 // 245 // G->L (in sporadic cancers; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 245 // 245 // G->N (in sporadic cancers; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 245 // 245 // G->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 245 // 245 // G->S (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934575). /// VARIANT // 245 // 245 // G->V (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 246 // 246 // M->I (in sporadic cancers; somatic																		
1248	SA063_17_7518269	SA063	17	7518269	17,7518269,A,G	M246T	TP53	17p13.1		A:6886	G:11207	18093	0.619410822	0	TRUE	A:19119	C:12	19131	0.000627254	1	FALSE	-1	17:7518223-7518461	Basal	FALSE		
1249	SA065_10_120857563	SA065	10	120857563	10,120857563,C,G	T50R	FAM45A			C:58283	G:25236	83519	0.30215879	0	TRUE	C:84918	A:33	84951	0.000388459	1	FALSE	1	10:120857525-120857777	Basal	FALSE		
1250	SA065_10_18282251	SA065	10	18282251	10,18282251,T,G	L14V	SLC39A12	10p12.33	TOPO_DOM // 1 // 202 // Extracellular (Potential).	T:19231	G:5494	24725	0.222204247	0	TRUE	T:11911	C:2	11913	0.000167884	1	FALSE	1	10:18282218-18282433	Basal	FALSE		
1251	SA065_10_25901779	SA065	10	25901779	10,25901779,C,G	F570L	GPR158	10p12.1	TOPO_DOM // 550 // 579 // Extracellular (Potential).	C:493	G:409	902	0.453436807	0	TRUE	C:740	N:0	740	0	1	FALSE	1	10:25901741-25901968	Basal	FALSE		
1252	SA065_10_27392983	SA065	10	27392983	10,27392983,C,A	D435Y	ANKRD26	10pter-q22.1		C:195	A:43	238	0.180672269	6.62E-57	TRUE	C:551	T:1	552	0.001811594	1	FALSE	-1	10:27392961-27393173	Basal	FALSE		
1253	SA065_10_47991151	SA065	10	47991151	10,47991151,G,T	G205C	ZNF488	10q11.22		G:108458	T:31449	139907	0.224785036	0	TRUE	G:44102	C:4	44106	9.07E-05	1	FALSE	1	10:47991120-47991344	Basal	FALSE		
1254	SA065_10_70935967	SA065	10	70935967	10,70935967,A,G	M234V	TSPAN15	10q21.3	TOPO_DOM // 115 // 235 // Extracellular (Potential).	A:1839	G:2027	3866	0.524314537	0	TRUE	A:3045	N:0	3045	0	1	FALSE	1	10:70935939-70936161	Basal	FALSE		
1255	SA065_10_74928946	SA065	10	74928946	10,74928946,G,C	S150I	USP54	10q22.2		G:87054	C:26761	113815	0.23512718	0	TRUE	G:117609	C:18	117627	0.000153026	1	FALSE	-1	10:74928917-74929158	Basal	FALSE		
1256	SA065_11_111080972	SA065	11	111080972	11,111080972,G,A	V334M	SNF1LK2	11q23.1	DOMAIN // 295 // 335 // UBA.	G:8881	A:1834	10715	0.171161923	0	TRUE	G:15422	A:1	15423	6.48E-05	1	FALSE	1	11:111080932-111081162	Basal	FALSE		
1257	SA065_11_118796167	SA065	11	118796167	11,118796167,C,G	K59N	THY1	11q22.3-q23	DISULFID // 28 // 130 // By similarity. /// DISULFID // 38 // 104 // By similarity. /// DOMAIN // 20 // 126 // Ig-like V-type.	C:87473	G:15567	103040	0.151077252	0	TRUE	C:41073	A:10	41083	0.00024341	1	FALSE	-1	11:118796111-118796335	Basal	FALSE		
1258	SA065_11_478590	SA065	11	478590	11,478590,A,T	E266V	PTDSS2	11p15	TOPO_DOM // 263 // 313 // Cytoplasmic (Potential). COMMBIAS // 1572 // 1729 // Arg/Glu/Lys-rich (charged). /// MOD_RES // 1616 // 1616 // Phosphoserine.	A:250	T:119	369	0.322493225	7.68E-185	TRUE	A:460	N:0	460	0	1	FALSE	1	11:478564-478772	Basal	FALSE		
1259	SA065_11_56825978	SA065	11	56825978	11,56825978,C,T	R1617Q	TNKS1BP1	11q12.1		C:1746	T:739	2485	0.297384306	0	TRUE	C:1983	N:0	1983	0	1	FALSE	-1	11:56825942-56826156	Basal	FALSE		
1260	SA065_12_119382139	SA065	12	119382139	12,119382139,C,A	H135Q	GATC	12q24.31		C:61470	A:20532	82002	0.250384137	0	TRUE	C:58573	T:9	58582	0.000153631	1	FALSE	1	12:119382110-119382317	Basal	FALSE		
1261	SA065_13_74821345	SA065	13	74821345	13,74821345,G,C	P457R	TBC1D4	13q22.2	DOMAIN // 312 // 468 // PID 2.	G:474	C:230	704	0.326704545	0	TRUE	G:649	N:0	649	0	1	FALSE	-1	13:74821318-74821535	Basal	FALSE		
1262	SA065_14_30645895	SA065	14	30645895	14,30645895,C,T	D2312N	HECTD1	14q12	DOMAIN // 2151 // 2610 // HECT.	C:1865	T:304	2169	0.140156754	0	TRUE	C:492	N:0	492	0	1	FALSE	-1	14:30645864-30646087	Basal	FALSE		
1263	SA065_14_35839781	SA065	14	35839781	14,35839781,C,G					C:18244	G:7066	25310	0.27917819	0	TRUE	C:14051	N:0	14051	0	1	FALSE	-1	14:35839746-35839973	Basal	TRUE		
1264	SA065_14_37794204	SA065	14	37794204	14,37794204,G,T	L259I	CLEC14A	14q21.1	DOMAIN // 245 // 287 // EGF-like. /// TOPO_DOM // 22 // 397 // Extracellular (Potential).	G:20341	T:7390	27731	0.266488767	0	TRUE	G:20113	A:4	20117	0.000198837	1	FALSE	-1	14:37794180-37794381	Basal	FALSE		
1265	SA065_15_69322466	SA065	15	69322466	15,69322466,C,T	Q297	THSD4	15q23	DOMAIN // 53 // 307 // TSP type-1 I.	C:141	T:615	756	0.813492063	0	TRUE	C:812	N:0	812	0	1	FALSE	1	15:69322425-69322649	Basal	FALSE		
1266	SA065_15_70430572	SA065	15	70430572	15,70430572,A,C	S210A	HEXA	15q23-q24	VARIANT // 210 // 210 // S->F (in GM2G1; infantile). /// VARIANT // 211 // 211 // F->S (in GM2G1; infantile).	A:178124	C:62268	240392	0.259026923	0	TRUE	A:76266	G:17	76283	0.000222854	1	FALSE	-1	15:70430533-70430758	Basal	FALSE		
1267	SA065_15_98087153	SA065	15	98087153	15,98087153,G,C	H197D	LYSMD4	15q26.3	TOPO_DOM // 1 // 217 // Extracellular (Potential).	G:1154	C:945	2099	0.450214388	0	TRUE	G:2502	T:1	2503	0.000399521	1	FALSE	-1,-1	15:98087112-98087349	Basal	FALSE		
1268	SA065_16_30983133	SA065	16	30983133	16,30983133,G,C	S50C	ZNF668	16p11.2		G:369	C:745	1114	0.668761221	0	TRUE	G:1423	N:0	1423	0	1	FALSE	-1	16:30983092-30983328	Basal	FALSE		
1269	SA065_16_67930893	SA065	16	67930893	16,67930893,C,A	E22	COG8	16q22.1		C:323	A:179	502	0.356573705	3.25E-287	TRUE	C:646	T:1	647	0.001545595	1	FALSE	-1	16:67930872-67931090	Basal	FALSE		
1270	SA065_17_30703795	SA065	17	30703795	17,30703795,A,G	F800S	SLFN11			A:105	G:205	310	0.661290323	0	TRUE	A:271	N:0	271	0	1	FALSE	-1	17:30703764-30703982	Basal	FALSE		
1271	SA065_17_30773380	SA065	17	30773380	17,30773380,C,G	E261Q	SLFN12	17q12		C:15013	G:2409	17422	0.138273447	0	TRUE	C:21036	A:4	21040	0.000190114	1	FALSE	-1	17:30773346-30773595	Basal	FALSE		
1272	SA065_17_34921344	SA065	17	34921344	17,34921344,C,A	Y90I	CRKRS		DOMAIN // 727 // 1020 // Protein kinase. DOMAIN // 720 // 987 // Protein kinase. /// TOPO_DOM // 676 // 1255 // Cytoplasmic (Potential).	C:2283	A:3519	5802	0.606514995	0	TRUE	C:24082	A:3	24085	0.000124559	1	FALSE	1	17:34921304-34921534	Basal	FALSE		
1273	SA065_17_35134838	SA065	17	35134838	17,35134838,A,T	Y835F	ERBB2	17q11.2-q12 17q21.1		A:30134	T:52347	82481	0.634655254	0	TRUE	A:101443	C:66	101509	0.000650189	1	FALSE	1	17:35134802-35135032	Basal	FALSE		
1274	SA065_17_36040603	SA065	17	36040603	17,36040603,C,A	E306	SMARCE1	17q21.2	COILED // 220 // 319 // Potential.	C:9717	A:5080	14797	0.343312834	0	TRUE	C:11455	A:7	11462	0.000610714	1	FALSE	-1,-1	17:36040566-36040878	Basal	FALSE		
1275	SA065_17_37590889	SA065	17	37590889	17,37590889,G,C	K7N	HCRT	17q21	SIGNAL // 1 // 33 // By similarity.	C:10076	A:3127	13203	0.236840112	0	TRUE	C:3947	A:1	3948	0.000253293	1	FALSE	-1	17:37590858-37591083	Basal	FALSE		
1276	SA065_17_59231599	SA065	17	59231599	17,59231599,G,C	G171R	DDX42	17q23.3		G:404	C:350	754	0.464190981	0	TRUE	G:1029	N:0	1029	0	1	FALSE	1	17:59231573-59231793	Basal	FALSE		
1277	SA065_17_70751148	SA065	17	70751148	17,70751148,G,T	D133E	GGA3	17q25.1	DOMAIN // 16 // 146 // VHS. /// REGION // 1 // 313 // Binds to ARF1 (in long isoform). /// HELIX // 129 // 140 //	G:19419	T:9481	28900	0.328062284	0	TRUE	G:29895	C:5	29900	0.000167224	1	FALSE	-1	17:70751123-70751325	Basal	FALSE		
1278	SA065_17_7517622	SA065	17	7517622	17,7517622,G,A	Q317	TP53	17p13.1	MOTIF // 305 // 321 // Bipartite nuclear localization signal. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 300 // 393 // Interaction with CARM1. /// VARIANT // 316 // 316 // P->L (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 316 // 316 // P->T (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 317 // 317 // Q->H (																		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
1279	SA065_18_75760472	SA065	18	75760472	18,75760472,C,T	P357S	KCNG2	18q22-q23	INTRAMEM // 357 // 377 // Pore-forming; Name=Segment H5; (Potential).	C:179	T:289	468	0.617521368	0	TRUE	C:372	N:0	372	0	1	FALSE	1	18-75760284-75760500	Basal	FALSE
1280	SA065_19_10433667	SA065	19	10433667	19,10433667,C,T	R579C	PDE4A	19p13.2	HELIX // 576 // 591 // /// REGION // 330 // 723 // Catalytic.	C:494	T:244	738	0.330623306	0	TRUE	C:865	N:0	865	0	1	FALSE	1	19-10433634-10433850	Basal	FALSE
1281	SA065_19_15330871	SA065	19	15330871	19,15330871,C,G	L510F	AKAP8	19p13.1		C:265	G:119	384	0.309895833	2.14E-182	TRUE	C:381	T:1	382	0.002617801	1	FALSE	-1	19-15330830-15331068	Basal	FALSE
1282	SA065_19_17705172	SA065	19	17705172	19,17705172,G,A	E987K	MAP1S	19p13.11	REGION // 666 // 1059 // Necessary for interaction with RASSF1 isoform A and isoform C. /// REGION // 960 // 1059 // Necessary for association with actin (By similarity). /// REGION // 967 // 991 // Necessary for the mitochondrial aggregation and genome destruction.	G:46365	A:23406	69771	0.335468891	0	TRUE	G:76365	C:23	76388	0.000301094	1	FALSE	1	19-17705131-17705369	Basal	FALSE
1283	SA065_19_5102454	SA065	19	5102454	19,5102454,A,G	S1075G	KDM4B	19p13.3		A:3088	G:15792	18880	0.836440678	0	TRUE	A:22892	G:13	22905	0.000567562	1	FALSE	1	19-5102269-5102494	Basal	FALSE
1284	SA065_19_57749713	SA065	19	57749713	19,57749713,C,G	Q578E	ZNF808	19q13.41	ZN_FING // 567 // 589 // C2H2-type 13.	C:27901	G:13614	41515	0.327929664	0	TRUE	C:41010	G:4	41014	9.75E-05	1	FALSE	1	19-57749679-57749919	Basal	FALSE
1285	SA065_19_62415911	SA065	19	62415911	19,62415911,G,A	G545E	ZNF264	19q13.4	ZN_FING // 539 // 561 // C2H2-type 13.	G:1104	A:390	1494	0.261044177	0	TRUE	G:1840	N:0	1840	0	1	FALSE	1	19-62415874-62416129	Basal	FALSE
1286	SA065_1_150460579	SA065	1	150460579	1,150460579,A,T	D50E	HRNR	1q21.3	DOMAIN // 49 // 84 // EF-hand 2. /// REGION // 1 // 81. // S-100-like.	A:1421	T:549	1970	0.278680203	0	TRUE	A:180	G:1	181	0.005524862	1	FALSE	-1	1-150460538-150460767	Basal	FALSE
1287	SA065_1_158051954	SA065	1	158051954	1,158051954,G,C	S395T	FCRL6	1q23.2	TOPO_DOM // 329 // 434 // Cytoplasmic (Potential).	G:49981	C:13964	63945	0.218375166	0	TRUE	G:31373	T:4	31377	0.000127482	1	FALSE	1	1-158051913-158052134	Basal	TRUE
1288	SA065_1_213915086	SA065	1	213915086	1,213915086,C,T	E4264K	USH2A	1q41	DOMAIN // 4265 // 4351 // Fibronectin type-III 28. /// TOPO_DOM // 32 // 5042 // Extracellular (Potential).	C:98452	T:77672	176124	0.441007472	0	TRUE	C:104821	T:16	104837	0.000152618	1	FALSE	-1	1-213915059-213915280	Basal	FALSE
1289	SA065_1_31969120	SA065	1	31969120	1,31969120,C,A	Q1416H	BAI2	1p35	TOPO_DOM // 1175 // 1584 // Cytoplasmic (Potential).	C:135	A:607	742	0.818059299	0	TRUE	C:606	A:1	607	0.001647446	1	FALSE	-1	1-31969088-31969301	Basal	FALSE
1290	SA065_20_1386870	SA065	20	1386870	20,1386870,C,T		NSFL1C	20p13		C:3906	T:1281	5187	0.246963563	0	TRUE	C:5044	N:0	5044	0	1	FALSE	-1	20-1386833-1387055	Basal	FALSE
1291	SA065_21_29170663	SA065	21	29170663	21,29170663,T,G	K187T	N6AMT1	21q21.3		T:34193	G:12115	46308	0.261617863	0	TRUE	T:52108	C:13	52121	0.00024942	1	FALSE	-1	21-29170622-29170860	Basal	FALSE
1292	SA065_22_35728008	SA065	22	35728008	22,35728008,G,C	S102W	C22orf33	22q12-q13		G:2150	C:728	2878	0.25295344	0	TRUE	G:2870	N:0	2870	0	1	FALSE	-1	22-35727986-35728196	Basal	FALSE
1293	SA065_2_120617163	SA065	2	120617163	2,120617163,G,C	E572Q	EPB41L5	2q14.2		G:418	C:226	644	0.350931677	0	TRUE	G:834	N:0	834	0	1	FALSE	1	2-120617134-120617381	Basal	FALSE
1294	SA065_2_165655027	SA065	2	165655027	2,165655027,T,T	S1961N	SCN3A	2q24		C:348	T:803	1151	0.697654214	0	TRUE	C:1691	N:0	1691	0	1	FALSE	-1	2-165655001-165655221	Basal	FALSE
1295	SA065_2_234245421	SA065	2	234245421	2,234245421,T,A	D34E	UGT1A9	2q37	VARIANT // 33 // 33 // M->T.	T:932	A:1948	2880	0.676388889	0	TRUE	T:3201	A:1	3202	0.000312305	1	FALSE	1	2-234245389-234245612	Basal	FALSE
1296	SA065_3_160005848	SA065	3	160005848	3,160005848,A,C	M74L	MFS01	3q25.33		A:35117	C:2015	37132	0.054265862	0	TRUE	A:14815	G:1	14816	6.75E-05	1	FALSE	1	3-160005664-160005875	Basal	FALSE
1297	SA065_4_55655816	SA065	4	55655816	4,55655816,G,A	R961W	KDR	4q11-q12	DOMAIN // 834 // 1162 // Protein kinase. /// TOPO_DOM // 790 // 1356 // Cytoplasmic (Potential).	G:52953	A:28240	81193	0.347813235	0	TRUE	G:59469	A:10	59479	0.000168127	1	FALSE	-1	4-55655780-55656013	Basal	FALSE
1298	SA065_5_140243016	SA065	5	140243016	5,140243016,A,C	N327H	PCDHA13	5q31	DOMAIN // 243 // 350 // Cadherin 3. /// TOPO_DOM // 30 // 697 // Extracellular (Potential).	A:1108	C:2489	3597	0.691965527	0	TRUE	A:4491	N:0	4491	0	1	FALSE	1,1,1,1,1,1	5-140242987-140243196	Basal	FALSE
1299	SA065_5_39038425	SA065	5	39038425	5,39038425,G,C	L121V	RICTOR	5p13.1		G:7389	C:3059	10448	0.292783308	0	TRUE	G:3965	N:0	3965	0	1	FALSE	-1	5-39038211-39038453	Basal	FALSE
1300	SA065_6_112778084	SA065	6	112778084	6,112778084,G,A	G161S	RFPL4B	6q21	DOMAIN // 76 // 263 // B30.2/SPRY.	G:574	A:526	1100	0.478181818	0	TRUE	G:1155	N:0	1155	0	1	FALSE	1	6-112778050-112778340	Basal	FALSE
1301	SA065_6_44192298	SA065	6	44192298	6,44192298,G,T	P10H	MRPL14	6p21.3	TRANSIT // 1 // 30 // Mitochondrion (By similarity).	G:47419	T:12204	59623	0.204686111	0	TRUE	G:63606	C:11	63617	0.00017291	1	FALSE	-1	6-44192264-44192515	Basal	FALSE
1302	SA065_7_101866495	SA065	7	101866495	7,101866495,G,A	W29	ORAI2	7q22.1		G:44100	A:12987	57087	0.227494876	0	TRUE	G:40206	T:4	40210	9.95E-05	1	FALSE	1	7-101866470-101866687	Basal	FALSE
1303	SA065_7_122550491	SA065	7	122550491	7,122550491,T,G	K425N	SLC13A1	7q31-q32		T:36969	G:14718	51687	0.284752452	0	TRUE	T:48916	C:9	48925	0.000183955	1	FALSE	-1	7-122550451-122550684	Basal	FALSE
1304	SA065_7_151491559	SA065	7	151491559	7,151491559,G,C	L3346V	MLL3	7q36.1	COMPBIAS // 3012 // 3509 // Gln-rich. /// COMPBIAS // 3277 // 3381 // Pro-rich.	G:53237	C:18747	71984	0.260432874	0	TRUE	G:76819	C:16	76835	0.000208238	1	FALSE	-1	7-151491535-151491736	Basal	FALSE
1305	SA065_8_103369573	SA065	8	103369573	8,103369573,T,C	E1604G	UBR5	8q22		T:87	C:275	362	0.759668508	0	TRUE	T:1777	C:1	1778	0.00056243	1	FALSE	-1	8-103369536-103369805	Basal	FALSE
1306	SA065_8_99787923	SA065	8	99787923	8,99787923,G,A	S211F	STK3	8q22.2	DOMAIN // 27 // 278 // Protein kinase.	G:187442	A:72643	260085	0.279304843	0	TRUE	G:96256	C:8	96264	8.31E-05	1	FALSE	-1	8-99787895-99788108	Basal	FALSE
1307	SA065_9_116179300	SA065	9	116179300	9,116179300,C,G	S203T	AKNA	9q32		C:122965	G:67451	190416	0.354229687	0	TRUE	C:89533	A:16	89549	0.000178673	1	FALSE	-1	9-116179260-116179496	Basal	FALSE
1308	SA065_X_109581412	SA065	X	109581412	X,109581412,C,G	S304C	RGAG1	Xq22.3		C:49241	G:14557	63798	0.228173297	0	TRUE	C:43839	A:16	43855	0.000364839	1	FALSE	1	X:109581380-109581589	Basal	FALSE
1309	SA065_X_135218634	SA065	X	135218634	X,135218634,A,G	Y11C	GPR112	Xq26.3	SIGNAL // 1 // 27 // Potential.	A:39081	G:16880	55961	0.301638641	0	TRUE	A:9719	G:3	9722	0.000308578	1	FALSE	1	X:135218601-135218820	Basal	FALSE
1310	SA065_X_54972503	SA065	X	54972503	X,54972503,C,G	T874R	TRO	Xp11.22-p11.21	REGION // 751 // 1430 // 62 X 10 AA approximate tandem repeats.	C:101792	G:25267	127059	0.198860372	0	TRUE	C:51697	A:11	51708	0.000212733	1	FALSE	1	X:54972462-54972686	Basal	FALSE
1311	SA065_X_69815424	SA065	X	69815424	X,69815424,G,T	N414K	TEX11	Xq13.1		G:76910	T:19478	96388	0.202079097	0	TRUE	G:39780	A:5	39785	0.000125676	1	FALSE	-1	X:69815385-69815613	Basal	FALSE
1312	SA065_X_84412776	SA065	X	84412776	X,84412776,G,A	M524I	ZNF711	Xq21.1-q21.2	ZN_FING // 505 // 527 // C2H2-type 4. /// VARIANT // 524 // 524 // M->T.	G:56752	A:46491	103243	0.450306558	0	TRUE	G:36010	A:6	36016	0.000166593	1	FALSE	1	X:84412739-84412962	Basal	FALSE
1313	SA067_17_7519259	SA067	17	7519259	17,7519259,C,A	K132N	TP53	17p13.1	/// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 132 // 135 // /// TURN // 128 // 131 // /// VARIANT // 131 // 131 // N->D (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 131 // 131 // N->H (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 131 // 131 // N->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 131 // 131 // N->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 131 // 131 // N->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 131 // 131 // N->T (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 131 // 131 // N->Y (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 132 // 132 // K->E (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 132 // 132 // K->L (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 132 // 132 // K->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 132 // 132 // K->N (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 132 // 132 // K->Q (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 132 // 132 // K->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 132 // 132 // K->T (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 132 // 132 // K->W (in a sporadic cancer; somatic mutation).	C:7452	A:1838	9290	0.197847147	0	TRUE	C:18510	G:2	18512	0.000108038	1	FALSE	-1	17-7519078-7519316	Basal	FALSE
1314	SA067_21_46903243	SA067	21	46903243	21,46903243,C,G	F271L	PRMT2	21q22.3	REGION // 133 // 275 // Interaction with ESR1.	C:12078	G:1142	13220	0.086384266	0	TRUE	C:18878	A:14	18892	0.000741054	1	FALSE	1	21-46903202-46903440	Basal	FALSE
1315	SA068_12_10657367	SA068	12	10657367	12,10657367,T,C	Y11C	FLJ10292	12p13.2		T:41520	C:9444	50964	0.185307276	0	TRUE	T:124421	C:230	124651	0.001845152	1	FALSE	-1	12-10657328-10657554	Basal	FALSE
1316	SA068_1_71316727	SA068	1	71316727	1,71316727,T,T					C:4231	T:1288	5519	0.233375612	0	TRUE	C:12489	G:2	12491	0.000160115	1	FALSE	-1	1-71316494-71316767	Basal	TRUE
1317	SA068_20_37065819	SA068	20	37065819	20,37065819,C,A	T289N	DHX35	20q11.22-q12	DOMAIN // 261 // 438 // Helicase C-terminal.	C:3246	A:1388	4634	0.299525248	0	TRUE	C:4829	N:0	4829	0	1	FALSE	1	20-37065783-37066012	Basal	FALSE
1318	SA068_4_69845710	SA068	4	69845710	4,69845710,A,G	I256T	UGT2A3	4q13.2	TOPO_DOM // 24 // 491 // Extracellular (Potential).	A:161	G:81	242	0.334710744	1.68E-128	TRUE	A:312	N:0	312	0	1	FALSE	-1	4-69845671-69845895	Basal	FALSE
1319	SA068_5_131572728	SA068	5	131572728	5,131572728,A,T					A:189696	T:77112	266808	0.289016821	0	TRUE	A:415691	G:79</								

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
1320	SA069_10_5812578	SA069	10	5812578	10,5812578,A,C	T204P	C10orf18		CA_BIND // 179 // 190 // 3 (Potential). /// DOMAIN // 166 // 201 // EF-hand 3. /// VARIANT // 188 // 188 // R->P (in dbSNP.rs1061080).	A:4067	C:1067	5134	0.207830152	0	TRUE	A:1669	N:0	1669	0	1	FALSE	1	10:5812549-5812769	Basal	FALSE
1321	SA069_11_32076582	SA069	11	32076582	11,32076582,A,T	T187S	RCN1	11p13		A:40655	T:12793	53448	0.239354139	0	TRUE	A:28217	G:6	28223	0.000212593	1	FALSE	1	11:32076551-32076767	Basal	FALSE
1322	SA069_12_116080197	SA069	12	116080197	12,116080197,C,G	V468L	FBXO21	12q24.22		C:9960	G:1670	11630	0.143594153	0	TRUE	C:16316	A:1	16317	6.13E-05	1	FALSE	-1	12:116080160-116080387	Basal	FALSE
1323	SA069_12_25152940	SA069	12	25152940	12,25152940,T,G	K654Q	CASC1	12p12.1		T:179	G:22	201	0.109452736	2.41E-25	TRUE	T:249	N:0	249	0	1	FALSE	-1	12:25152905-25153130	Basal	FALSE
1324	SA069_14_64323220	SA069	14	64323220	14,64323220,G,T	D1072E	SPT8	14q23-q24.2	REPEAT // 1032 // 1138 // Spectrin 8. /// HELIX // 1065 // 1085 ///	G:1283	T:539	1822	0.29582876	0	TRUE	G:1966	N:0	1966	0	1	FALSE	-1	14:64323185-64323401	Basal	FALSE
1325	SA069_14_74584520	SA069	14	74584520	14,74584520,C,G	S531T	MLH3	14q24.3		C:8368	G:1866	10234	0.182333398	0	TRUE	C:19283	T:3	19286	0.000155553	1	FALSE	-1	14:74584495-74584737	Basal	FALSE
1326	SA069_16_23609657	SA069	16	23609657	16,23609657,C,T	R926K	ERN2	16p12.2	TOPO_DOM // 452 // 926 // Cytoplasmic (Potential).	C:1898	T:314	2212	0.141952984	0	TRUE	C:3529	N:0	3529	0	1	FALSE	-1	16:23609621-23609842	Basal	FALSE
1327	SA069_16_27281598	SA069	16	27281598	16,27281598,C,G	P475R	IL4R	16p12.1-p11.2	REGION // 437 // 557 // Required for IRS1 activation and IL4- induced cell growth. /// TOPO_DOM // 257 // 825 // Cytoplasmic (Potential).	C:455	G:81	536	0.151119403	8.64E-106	TRUE	C:250	N:0	250	0	1	FALSE	1	16:27281569-27281795	Basal	FALSE
1328	SA069_16_83039796	SA069	16	83039796	16,83039796,G,A	V554M	ATP2C2	16q24.1	TOPO_DOM // 353 // 750 // Extracellular (Potential).	G:31074	A:4720	35794	0.131865676	0	TRUE	G:29732	A:3	29735	0.000100891	1	FALSE	1	16:83039760-83039993	Basal	FALSE
1329	SA069_17_24075902	SA069	17	24075902	17,24075902,A,G	L166P	TLCD1	17q11.2	DOMAIN // 40 // 234 // TLC.	A:11097	G:3851	14948	0.257626438	0	TRUE	A:10842	T:2	10844	0.000184434	1	FALSE	-1	17:24075706-24075932	Basal	FALSE
1330	SA069_17_69989053	SA069	17	69989053	17,69989053,C,A	P220H	CD300A	17q25.1	TOPO_DOM // 202 // 299 // Cytoplasmic (Potential).	C:6233	A:1377	7610	0.180946124	0	TRUE	C:12552	A:4	12556	0.000318573	1	FALSE	1	17:69989029-69989237	Basal	FALSE
1331	SA069_18_66143848	SA069	18	66143848	18,66143848,A,C	I322L	SOC56	18q22.2		A:4479	C:583	5062	0.115171869	0	TRUE	A:1385	N:0	1385	0	1	FALSE	1	18:66143807-66144044	Basal	FALSE
1332	SA069_19_14378953	SA069	19	14378953	19,14378953,G,C	R763P	CD97	19p13	TOPO_DOM // 761 // 766 // Extracellular (Potential).	G:2113	C:408	2521	0.161840539	0	TRUE	G:4939	T:1	4940	0.000202429	1	FALSE	1	19:14378926-14379138	Basal	FALSE
1333	SA069_19_42561955	SA069	19	42561955	19,42561955,A,G	M43V	ZNF527		DOMAIN // 14 // 123 // KRAB.	A:20703	G:2272	22975	0.098890098	0	TRUE	A:29142	G:8	29150	0.000274443	1	FALSE	1	19:42561758-42561994	Basal	FALSE
1334	SA069_1_158278489	SA069	1	158278489	1,158278489,A,G	L153P	KCNJ10	1q22-q23	TRANSMEM // 143 // 164 // Helical; Name=M2; (By similarity).	A:1815	G:701	2516	0.278616852	0	TRUE	A:1607	G:1	1608	0.000621891	1	FALSE	-1	1:158278462-158278686	Basal	FALSE
1335	SA069_1_207849826	SA069	1	207849826	1,207849826,C,A	D252E	CAMK1G	1q32-q41	DOMAIN // 23 // 277 // Protein kinase. /// HELIX // 248 // 258 ///	C:21471	A:4043	25514	0.158462021	0	TRUE	C:15876	T:5	15881	0.000314842	1	FALSE	1	1:207849790-207850009	Basal	FALSE
1336	SA069_1_44892966	SA069	1	44892966	1,44892966,A	E229V	TMEM53	1p34.1		T:61864	A:9563	71427	0.133884945	0	TRUE	T:31374	A:4	31378	0.000127478	1	FALSE	-1	1:44892776-44893000	Basal	FALSE
1337	SA069_20_33704594	SA069	20	33704594	20,33704594,C,G	G689R	RBM12	20q11.21	COMPBias // 631 // 855 // Pro-rich. /// COMPBias // 635 // 854 // Gly-rich.	C:1080	G:224	1304	0.171779141	0	TRUE	C:1643	N:0	1643	0	1	FALSE	-1	20:33704553-33704785	Basal	FALSE
1338	SA069_20_60993799	SA069	20	60993799	20,60993799,C,G	K1110N	DIDO1	20q13.33		C:5190	G:963	6153	0.15650902	0	TRUE	C:3641	A:1	3642	0.000274574	1	FALSE	-1	20:60993602-60993840	Basal	FALSE
1339	SA069_22_30828132	SA069	22	30828132	22,30828132,C,T	H525Y	SLC5A1	22q13.1 22q12.3	TOPO_DOM // 506 // 526 // Extracellular (Potential).	C:1969	T:394	2363	0.166737198	0	TRUE	C:1155	N:0	1155	0	1	FALSE	1	22:30828092-30828364	Basal	FALSE
1340	SA069_2_148964213	SA069	2	148964213	2,148964213,G,C	E1281D	MBD5	2q23.1		G:692	C:168	860	0.195348837	1.16E-239	TRUE	G:267	N:0	267	0	1	FALSE	1	2:148964172-148964402	Basal	FALSE
1341	SA069_2_237961527	SA069	2	237961527	2,237961527,G,T	S250	COL6A3	2q37	CARBOHYD // 251 // 251 // N-linked (GlcNAc...) (Potential). /// DOMAIN // 242 // 419 // VWFA 2. /// REGION // 26 // 2038 // Nonhelical region.	G:5965	T:1152	7117	0.161865955	0	TRUE	G:12813	A:5	12818	0.000390076	1	FALSE	-1	2:237961487-237961771	Basal	FALSE
1342	SA069_2_41900619	SA069	2	41900619	2,41900619,T,C		LDHAL3			T:6159	C:1294	7453	0.173621361	0	TRUE	T:9310	C:3	9313	0.00032213	1	FALSE	1	2:41900589-41900881	Basal	FALSE
1343	SA069_3_184354492	SA069	3	184354492	3,184354492,G,C	T144R	LAMP3	3q26.3-q27	COMPBias // 74 // 215 // Thr-rich. /// CONFLICT // 145 // 145 // T->A (in Ref. 1; BAA34533). /// TOPO_DOM // 28 // 381 // Lumenal (Potential).	G:33907	C:2566	36473	0.070353412	0	TRUE	G:29301	C:9	29310	0.000307062	1	FALSE	-1	3:184354453-184354680	Basal	FALSE
1344	SA069_3_49666383	SA069	3	49666383	3,49666383,C,A	P1464T	BSN	3p21.31		C:2283	A:567	2850	0.198947368	0	TRUE	C:3809	N:0	3809	0	1	FALSE	1	3:49666347-49666579	Basal	FALSE
1345	SA069_4_139321392	SA069	4	139321392	4,139321392,G,T	H373Q	SLC7A11	4q28-q32	TRANSMEM // 365 // 385 // Helical; (Potential).	G:4352	T:942	5294	0.177937287	0	TRUE	G:8231	C:1	8232	0.000121477	1	FALSE	-1	4:139321352-139321582	Basal	FALSE
1346	SA069_4_72535805	SA069	4	72535805	4,72535805,G,A	M415I	SLC4A4		TOPO_DOM // 1 // 468 // Cytoplasmic (Potential).	G:523	A:215	738	0.291327913	0	TRUE	G:529	C:1	530	0.001886792	1	FALSE	1	4:72535768-72536000	Basal	FALSE
1347	SA069_5_168950786	SA069	5	168950786	5,168950786,G,A	V106M	CCDC99	5q35.1	COILED // 2 // 442 // Potential. /// CONFLICT // 107 // 107 // N->H (in Ref. 3; BAB85022).	G:1442	A:647	2089	0.309717568	0	TRUE	G:2256	N:0	2256	0	1	FALSE	1	5:168950759-168950967	Basal	FALSE
1348	SA069_6_152511040	SA069	6	152511040	6,152511040,G,C	S8270	SYNE1	6q25	MOD_RES // 8270 // 8270 // Phosphoserine. /// TOPO_DOM // 1 // 8746 // Cytoplasmic (Potential).	G:16217	C:3388	19605	0.172813058	0	TRUE	G:18954	C:4	18958	0.000210993	1	FALSE	-1	6:152511005-152511223	Basal	FALSE
1349	SA069_6_15605293	SA069	6	15605293	6,15605293,C,T	R620C	JARID2	6p24-p23	DOMAIN // 621 // 713 // ARID.	C:5000	T:786	5786	0.135845143	0	TRUE	C:5435	G:2	5437	0.00036785	1	FALSE	1	6:15605264-15605473	Basal	FALSE
1350	SA069_6_160412934	SA069	6	160412934	6,160412934,C,G	N1482K	IGF2R	6q26	REPEAT // 1385 // 1532 // 10. /// TOPO_DOM // 41 // 2304 // Lumenal (Potential).	C:17904	G:3592	21496	0.167100856	0	TRUE	C:17915	T:4	17919	0.000223227	1	FALSE	1	6:160412906-160413129	Basal	FALSE
1351	SA069_6_28651644	SA069	6	28651644	6,28651644,A,T	L273M	ZNF452	6p22.1	COILED // 246 // 275 // Potential.	A:34974	T:18092	53066	0.340933931	0	TRUE	A:34407	G:1	34408	2.91E-05	1	FALSE	-1	6:28651455-28651677	Basal	FALSE
1352	SA069_7_106296333	SA069	7	106296333	7,106296333,A	K364M	PIK3CG	7q22.3	STRAND // 359 // 369 ///	A:1857	T:7024	2581	0.28051143	0	TRUE	A:2589	G:2	2591	0.000771903	1	FALSE	1	7:106296308-106296519	Basal	FALSE
1353	SA069_7_142758906	SA069	7	142758906	7,142758906,G,T	G898V	CLCN1	7q32-qter 7q35	TOPO_DOM // 574 // 988 // Cytoplasmic (By similarity).	G:1582	T:707	2289	0.308868502	0	TRUE	G:2423	N:0	2423	0	1	FALSE	1	7:142758876-142759098	Basal	FALSE
1354	SA069_7_148432700	SA069	7	148432700	7,148432700,A,G	I399T	ZNF425	7q36.1	ZN_FING // 386 // 408 // C2H2-type 7.	A:853	G:245	1098	0.223132969	0	TRUE	A:1028	N:0	1028	0	1	FALSE	-1	7:148432661-148432877	Basal	FALSE
1355	SA069_7_43560770	SA069	7	43560770	7,43560770,T,A	F1522Y	HECW1	7p14.1-p13	DOMAIN // 1271 // 1606 // HECT.	T:564	A:161	725	0.222068966	1.35E-239	TRUE	T:194	N:0	194	0	1	FALSE	1	7:43560731-43560962	Basal	FALSE
1356	SA069_7_43560771	SA069	7	43560771	7,43560771,C,A	F1522L	HECW1	7p14.1-p13	DOMAIN // 1271 // 1606 // HECT.	C:563	A:161	724	0.222375691	1.08E-239	TRUE	C:194	N:0	194	0	1	FALSE	1	7:43560731-43560962	Basal	FALSE
1357	SA069_9_134762536	SA069	9	134762536	9,134762536,G,A	A944V	TSC1	9q34	COILED // 721 // 997 // Potential.	G:10110	A:2112	12222	0.172803142	0	TRUE	G:11563	C:4	11567	0.000345811	1	FALSE	-1	9:134762496-134762721	Basal	FALSE
1358	SA069_9_27940482	SA069	9	27940482	9,27940482,T,C	D63G	LINGO2	9p21.2-p21.1	REPEAT // 58 // 79 // LRR 1. /// TOPO_DOM // 28 // 545 // Extracellular (Potential).	T:20883	C:3613	24496	0.147493468	0	TRUE	T:20359	C:22	20381	0.001079437	1	FALSE	-1	9:27940443-27940678	Basal	FALSE
1359	SA069_X_17655314	SA069	X	17655314	X,17655314,T,C	V1035A	NHS	Xp22.13		T:8410	C:1733	10143	0.170856748	0	TRUE	T:14178	C:18	14196	0.001267963	1	FALSE	1	X:17655285-17655528	Basal	FALSE
1360	SA071_10_102738642	SA071	10	102738642	10,102738642,G,C	D229H	C10orf2	10q23.3-q24.3		G:4946	C:882	5828	0.151338367	0	TRUE	G:1833	N:0	1833	0	1	FALSE	1	10:102738613-102738822	Basal	FALSE
1361	SA071_10_24929866	SA071	10	24929866	10,24929866,C,A					C:232707	A:120195	352902	0.340590306	0	TRUE	C:609470	A:84	609554	0.000137806	1	FALSE	-1	10:24929830-24930056		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
1377	SA071_14_22965094	SA071	14	22965094	14,22965094,C,T	R694H	MYH7	14q12	DOMAIN // 1 // 780 // Myosin head-like. /// VARIANT // 694 // 694 // R->C (in CMH1). /// VARIANT // 694 // 694 // R->H (in CMH1). /// HELIX // 686 // 696 //	C:327	T:156	483	0.322981366	1.10E-256	TRUE	C:578	N:0	578	0	1	FALSE	-1	14:22965053-22965282	Basal	FALSE
1378	SA071_14_99682871	SA071	14	99682871	14,99682871,G,C	L318V	DEGS2	14q32.2		G:1524	C:1402	2926	0.479152427	0	TRUE	G:4174	A:1	4175	0.000239521	1	FALSE	-1	14:99682694-99682899	Basal	FALSE
1379	SA071_15_48671820	SA071	15	48671820	15,48671820,G,C	L1302V	TRPM7	15q21	TOPO_DOM // 1096 // 1865 // Cytoplasmic (Potential).	G:52	C:113	165	0.684848485	1.57E-236	TRUE	G:103	N:0	103	0	1	FALSE	-1	15:48671781-48672017	Basal	FALSE
1380	SA071_16_80626694	SA071	16	80626694	16,80626694,T,C	F555	HSD17B2	16q24.1-q24.2		T:351	C:137	488	0.280737705	1.20E-215	TRUE	T:919	N:0	919	0	1	FALSE	-1	16:80626667-80626914	Basal	FALSE
1381	SA071_16_83668556	SA071	16	83668556	16,83668556,A,G	E200G	KIAA0513	16q24.1		A:206	G:29	235	0.123404255	1.27E-33	TRUE	A:164	N:0	164	0	1	FALSE	-1	16:83668519-83668749	Basal	FALSE
1382	SA071_17_11495115	SA071	17	11495115	17,11495115,T,C	I701T	DNAH9	17p12	REGION // 1 // 1831 // Stem (By similarity).	T:45745	C:10890	56635	0.192283923	0	TRUE	T:74264	C:20	74284	0.000269237	1	FALSE	-1	17:11495088-11495318	Basal	FALSE
1383	SA071_17_23628466	SA071	17	23628466	17,23628466,G,T	P46T	FLN40504	17q11.2		G:7909	T:4682	12591	0.371852911	0	TRUE	G:35182	C:6	35188	0.000170513	1	FALSE	-1	17:23628436-23628655	Basal	FALSE
1384	SA071_17_36978333	SA071	17	36978333	17,36978333,G,A	H375Y	KRT9	17q21.1-q21.2	REGION // 153 // 461 // Rod. /// REGION // 323 // 461 // Coil 2.	G:1597	A:4914	6511	0.754722777	0	TRUE	G:7721	A:5	7726	0.000647165	1	FALSE	-1	17:36978298-36978527	Basal	FALSE
1385	SA071_18_68568397	SA071	18	68568397	18,68568397,T,A	N474I	NETO1	18q22-q23	TOPO_DOM // 366 // 533 // Cytoplasmic (Potential).	T:17808	A:3627	21435	0.169209237	0	TRUE	T:15342	C:4	15346	0.000260654	1	FALSE	-1	18:68568361-68568581	Basal	FALSE
1386	SA071_18_8623287	SA071	18	8623287	18,8623287,T,A	F130I	RAB12	18p11.22	HELIX // 127 // 131 //	T:3796	A:566	4362	0.129756992	0	TRUE	T:3234	N:0	3234	0	1	FALSE	-1	18:8623100-8623322	Basal	FALSE
1387	SA071_19_22289454	SA071	19	22289454	19,22289454,T,A	C465	LOC100130518		ZN_FING // 460 // 482 // C2H2-type 11.	T:6889	A:3986	10875	0.366528736	0	TRUE	T:28379	C:22	28401	0.000774621	1	FALSE	-1	19:22289425-22289640	Basal	FALSE
1388	SA071_19_39379479	SA071	19	39379479	19,39379479,T,G	V129G	LSM14A	19q13.11		T:453	G:119	572	0.208041958	6.97E-168	TRUE	T:2824	N:0	2824	0	1	FALSE	-1	19:39379444-39379669	Basal	FALSE
1389	SA071_19_58454336	SA071	19	58454336	19,58454336,G,T	C299F	VN1R2	19q13.41	TOPO_DOM // 289 // 316 // Cytoplasmic (Potential).	G:17110	T:9301	26411	0.352163871	0	TRUE	G:13593	A:3	13596	0.000220653	1	FALSE	-1	19:58454296-58454517	Basal	FALSE
1390	SA071_1_103263951	SA071	1	103263951	1,103263951,C,A	G309V	COL11A1	1p21		C:94	A:42	136	0.308823529	3.28E-67	TRUE	C:144	N:0	144	0	1	FALSE	-1	1:103263920-103264148	Basal	FALSE
1391	SA071_1_152207735	SA071	1	152207735	1,152207735,T,A	V37D	CREB3L4	1q21.3	TOPO_DOM // 1 // 295 // Cytoplasmic (Potential).	T:174	A:143	317	0.451104101	2.68E-261	TRUE	T:360	G:1	361	0.002770083	1	FALSE	-1	1:152207701-152207916	Basal	FALSE
1392	SA071_1_177100838	SA071	1	177100838	1,177100838,G,C	L233V	ANGPTL3	1q25.2		G:18847	C:6445	25292	0.25482366	0	TRUE	G:15668	A:1	15669	6.38E-05	1	FALSE	-1,1	1:177100812-177101020	Basal	FALSE
1393	SA071_1_20096709	SA071	1	20096709	1,20096709,C,G	D191E	OTUD3			C:4843	G:2570	7413	0.34668825	0	TRUE	C:27434	A:5	27439	0.000182222	1	FALSE	-1	1:20096675-20096925	Basal	FALSE
1394	SA071_1_204159342	SA071	1	204159342	1,204159342,G,T	Q507K	SLC26A9	1q31-q32		G:8432	T:2916	11348	0.256961579	0	TRUE	G:18657	A:7	18664	0.000375054	1	FALSE	-1	1:204159145-204159374	Basal	FALSE
1395	SA071_1_207872568	SA071	1	207872568	1,207872568,G,A	P269S	LAMB3	1q32	CONFLICT // 269 // 269 // Missing (in Ref. 1; AAA61834). /// DISULFID // 252 // 279 // By similarity. /// DOMAIN // 250 // 315 // Laminin EGF- like 1.	G:1592	A:813	2405	0.338045738	0	TRUE	G:3050	N:0	3050	0	1	FALSE	-1	1:207872539-207872765	Basal	FALSE
1396	SA071_1_60293643	SA071	1	60293643	1,60293643,T,C	T55A	C1orf87	1p32.1		T:512	C:223	735	0.303401361	0	TRUE	T:772	C:1	773	0.001293661	1	FALSE	-1	1:60293617-60293832	Basal	FALSE
1397	SA071_22_30884998	SA071	22	30884998	22,30884998,T,A	T69S	LOC150297	22q12.3		T:21798	A:5473	27271	0.200689377	0	TRUE	T:23323	C:14	23337	0.000599906	1	FALSE	-1	22:30884971-30885204	Basal	FALSE
1398	SA071_2_100465197	SA071	2	100465197	2,100465197,T,G	D147E	NMS	2q11.2	PROPEP // 144 // 153 //	T:561	G:165	726	0.227272727	6.90E-240	TRUE	T:405	N:0	405	0	1	FALSE	-1	2:100465172-100465376	Basal	FALSE
1399	SA071_2_237968497	SA071	2	237968497	2,237968497,A,T	F61I	COL6A3	2q37	DOMAIN // 39 // 213 // VWFA 1. /// REGION // 26 // 2038 // Nonhelical region.	A:3634	T:835	4469	0.186842694	0	TRUE	A:10044	C:2	10046	0.000199084	1	FALSE	-1	2:237968459-237968710	Basal	FALSE
1400	SA071_2_26652377	SA071	2	26652377	2,26652377,A,G	S60G	LOC339778			A:17299	G:4774	22073	0.216282336	0	TRUE	A:15260	C:4	15264	0.000262055	1	FALSE	-1	2:26652336-26652585	Basal	FALSE
1401	SA071_2_27654869	SA071	2	27654869	2,27654869,T,C	E642D	C2orf16	2p23.3		A:15342	T:4427	19769	0.223936466	0	TRUE	A:22425	C:6	22431	0.000267487	1	FALSE	-1	2:27654835-27655063	Basal	FALSE
1402	SA071_2_27656944	SA071	2	27656944	2,27656944,C,T	T1334I	C2orf16	2p23.3		C:10751	T:3665	14416	0.25423141	0	TRUE	C:9482	C:5	9487	0.000527037	1	FALSE	-1	2:27656911-27657140	Basal	FALSE
1403	SA071_2_29766649	SA071	2	29766649	2,29766649,T,C	Y434H	TAF1B	2p25		T:3103	C:1660	4763	0.34851984	0	TRUE	T:8300	C:1	8301	0.000120467	1	FALSE	-1	2:29766623-29766846	Basal	FALSE
1404	SA071_3_10322369	SA071	3	10322369	3,10322369,C,G	C153S	SEC13	3p25-p24	REPEAT // 148 // 204 // WD 4.	C:1081	G:509	1590	0.320125786	0	TRUE	C:1832	N:0	1832	0	1	FALSE	-1	3:10322331-10322557	Basal	FALSE
1405	SA071_3_113085732	SA071	3	113085732	3,113085732,C,T	P40S	PHLDB2	3q13.2		C:302	T:123	425	0.289411765	1.66E-193	TRUE	C:781	N:0	781	0	1	FALSE	-1	3:113085700-113085925	Basal	FALSE
1406	SA071_3_114858663	SA071	3	114858663	3,114858663,A,C	V1519G	KIAA2018	3q13.2	COMPIAS // 1415 // 1609 // Gln-rich.	A:1112	C:551	1663	0.331328924	0	TRUE	A:2052	G:1	2053	0.000487092	1	FALSE	-1	3:114858626-114858851	Basal	FALSE
1407	SA071_3_127620178	SA071	3	127620178	3,127620178,G,A	R174Q	CCDC37	3q21.2	COILED // 164 // 203 // Potential.	G:1069	A:533	1602	0.332709114	0	TRUE	G:2030	N:0	2030	0	1	FALSE	-1	3:127620154-127620365	Basal	FALSE
1408	SA071_3_32890383	SA071	3	32890383	3,32890383,G,T	G308C	TRIM71	3p22.3	ZN_FING // 273 // 314 // B box-type 2.	G:862	T:1116	1978	0.564206269	0	TRUE	G:2817	N:0	2817	0	1	FALSE	-1	3:32890342-32890574	Basal	FALSE
1409	SA071_3_77654662	SA071	3	77654662	3,77654662,A,T	S285C	ROBO2	3p12.3	DISULFID // 246 // 293 // Potential. /// DOMAIN // 225 // 309 // Ig-like C2-type 3. /// TOPO_DOM // 22 // 859 // Extracellular (Potential).	A:83	T:96	179	0.536312849	2.31E-185	TRUE	A:333	N:0	333	0	1	FALSE	-1	3:77654626-77654859	Basal	FALSE
1410	SA071_4_71102600	SA071	4	71102600	4,71102600,C,T	P205S	ODAM	4q13.3	COMPIAS // 62 // 206 // Gln-rich.	C:214	T:191	405	0.471604938	0	TRUE	C:721	N:0	721	0	1	FALSE	-1	4:71102562-71102825	Basal	FALSE
1411	SA071_5_1272669	SA071	5	1272669	5,1272669,C,A	N476K	SLC6A19	5p15.33	TRANSMEM // 457 // 477 // Helical; Name=9; (Potential).	C:853	A:396	1249	0.317053643	0	TRUE	C:1173	N:0	1173	0	1	FALSE	-1	5:1272635-1272854	Basal	FALSE
1412	SA071_5_149887767	SA071	5	149887767	5,149887767,C,T	A241V	NDST1	5q33.1	REGION // 40 // 598 // Heparan sulfate N- deacetylase 1. /// TOPO_DOM // 40 // 882 // Lumenal (Potential).	C:1863	T:1820	3683	0.494162368	0	TRUE	C:4385	T:1	4386	0.000227998	1	FALSE	-1	5:149887734-149887948	Basal	FALSE
1413	SA071_5_150390503	SA071	5	150390503	5,150390503,T,G					T:55115	G:58354	113469	0.514272621	0	TRUE	T:119084	C:19	119103	0.000159526	1	FALSE	-1	5:150390469-150390698	Basal	TRUE
1414	SA071_5_176654875	SA071	5	176654875	5,176654875,G,T	A2634S	NSD1	5q35.2-q35.3		G:729	T:875	1604	0.545511222	0	TRUE	G:2599	C:1	2600	0.000384615	1	FALSE	-1	5:176654854-176655064	Basal	FALSE
1415	SA071_5_24523851	SA071	5	24523851	5,24523851,T,C	E682G	CDH10	5p14-p13	TOPO_DOM // 635 // 788 // Cytoplasmic (Potential).	T:3207	C:1867	5074	0.367954277	0	TRUE	T:15024	C:5	15029	0.00033269	1	FALSE	-1	5:24523814-24524058	Basal	FALSE
1416	SA071_5_7855337	SA071	5	7855337	5,7855337,T,C	Y879H	ADCY2	5p15.3	TOPO_DOM // 822 // 1091 // Cytoplasmic (Potential).	T:27313	C:12122	39435	0.307391911	0	TRUE	T:21129	C:6	21135	0.000283889	1	FALSE	-1	5:78553304-7855527	Basal	FALSE
1417	SA071_6_114490624	SA071	6	114490624	6,114490624,G,T	L27I	HS3ST5	6q22.31	TRANSMEM // 13 // 32 // Helical; Signal-anchor for type II membrane protein; (Potential).	G:2141	T:1042	3183	0.327364122	0	TRUE	G:1243	N:0	1243	0	1	FALSE	-1	6:114490584-114490810	Basal	FALSE
1418	SA071_6_26312865	SA071	6	26312865	6,26312865,G,A		HIST1H4E	6p21.3		G:17342	A:9044	26386	0.342757523	0	TRUE	G:39921	A:46	39967	0.00115095	1	FALSE	1,1	6:26312828-26313049	Basal	FALSE
1419	SA071_6_33277507	SA071	6	33277507	6,33277507,G,T	G140V	SLC39A7	6p21.3	TRANSMEM // 138 // 158 // Helical; (Potential).																

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI				
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions,position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site				
									// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 156 // 165 // /// VARIANT // 154 // 154 // G->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 154 // 154 // G->C (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 154 // 154 // G->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 154 // 154 // G->I (in sporadic cancers; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 154 // 154 // G->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 154 // 154 // G->V (in a brain tumor with no family history; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 155 // 155 // T->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 155 // 155 // T->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 155 // 155 // T->M (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 155 // 155 // T->N (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 155 // 155 // T->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 155 // 155 // T->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 156 // 156 // R->C (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 156 // 156 // R->G (in sporadic cancers; somatic																				
1433	SA072_17_7519191	SA072	17	7519191	17,7519191,G,T	T155N	TP53	17p13.1		G:11512	T:2781	14293	0.194570769	0	TRUE	G:16911	C:8	16919	0.000472841	1	FALSE	-1	17:7519139-7519377	Basal	FALSE				
1434	SA072_19_17230190	SA072	19	17230190	19,17230190,G,C	H351D	USHBP1	19p13		G:2161	C:1386	3547	0.390752749	0	TRUE	G:4476	C:2	4478	0.000446628	1	FALSE	-1	19:17230161-17230386	Basal	FALSE				
1435	SA073_12_108736602	SA073	12	108736602	12,108736602,A,T	I28K	TRPV4	12q24.1	TOPO_DOM // 1 // 465 // Cytoplasmic (Potential).	A:28584	T:4832	33416	0.144601389	0	TRUE	A:34242	C:6	34248	0.000175193	1	FALSE	-1	12:108736571-108736790	Basal	FALSE				
1436	SA073_1_119730853	SA073	1	119730853	1,119730853,G,A	R216Q	HAO2	1p13.3-p13.1	DOMAIN // 1 // 351 // FMN hydroxy acid dehydrogenase.	G:3841	A:6782	10623	0.638426057	0	TRUE	G:5638	N:0	5638	0	1	FALSE	1	1:119730819-119731035	Basal	FALSE				
1437	SA073_1_120065465	SA073	1	120065465	1,120065465,G,C	M96I	PHGDH	1p12	STRAND // 94 // 96 //	G:3505	C:3469	6974	0.497418985	0	TRUE	G:3052	N:0	3052	0	1	FALSE	1	1:120065440-120065655	Basal	FALSE				
1438	SA073_1_156953988	SA073	1	156953988	1,156953988,A,T	L197	OR6K3	1q23.1	DISULFID // 113 // 205 // By similarity. /// TOPO_DOM // 177 // 212 // Extracellular (Potential).	A:9869	T:7472	17341	0.430886339	0	TRUE	A:21088	G:6	21094	0.000284441	1	FALSE	-1	1:156953961-156954173	Basal	FALSE				
1439	SA073_22_17416004	SA073	22	17416004	22,17416004,G,A	Q319	DGCR2	22q11.21	DOMAIN // 270 // 333 // VWFC. /// TOPO_DOM // 21 // 349 // Extracellular (Potential).	G:11117	A:1530	12647	0.120977307	0	TRUE	G:33758	A:5	33763	0.000148091	1	FALSE	-1	22:17415964-17416280	Basal	FALSE				
1440	SA073_2_79238310	SA073	2	79238310	2,79238310,C,G	G119A	REG3A	2p12	DOMAIN // 38 // 173 // C-type lectin. /// DISULFID // 68 // 171 // By similarity.	C:8290	G:989	9279	0.106584761	0	TRUE	C:9891	A:3	9894	0.000303214	1	FALSE	-1	2:79238284-79238503	Basal	FALSE				
1441	SA073_6_112567747	SA073	6	112567747	6,112567747,C,T	G1004S	LAMA4	6q21	DISULFID // 1005 // 1035 // By similarity. /// DOMAIN // 833 // 1035 // Laminin G-like 1.	C:18555	T:3634	22189	0.163774843	0	TRUE	C:23925	G:4	23929	0.000167161	1	FALSE	-1	6:112567720-112567930	Basal	FALSE				
1442	SA073_6_84855628	SA073	6	84855628	6,84855628,C,G	N109K	C6orf117	6q14.3		C:6763	G:1909	8672	0.220133764	0	TRUE	C:6762	T:5	6767	0.00073888	1	FALSE	1	6:84855599-84855824	Basal	FALSE				
1443	SA073_7_11117602	SA073	7	11117602	7,11117602,G,A	D919N	PHF14	7p21.3		G:378	A:80	458	0.174672489	2.26E-132	TRUE	G:648	N:0	648	0	1	FALSE	1	7:11117562-11117838	Basal	FALSE				
1444	SA073_7_21576330	SA073	7	21576330	7,21576330,G,C	R321T	DNAH11	7p21		G:1370	C:400	1770	0.225988701	0	TRUE	G:2912	N:0	2912	0	1	FALSE	1	7:21576137-21576366	Basal	FALSE				
1445	SA074_11_131521606	SA074	11	131521606	11,131521606,C,T	L130F	HNT	11q25		C:40785	T:8187	48972	0.167177162	0	TRUE	C:66937	A:9	66946	0.000134437	1	FALSE	1	11:131521571-131521799	Other	FALSE				
1446	SA074_12_103723140	SA074	12	103723140	12,103723140,G,C	L548V	SLC41A2	12q23.3	TRANSMEM // 544 // 564 // Helical; (Potential).	G:57897	C:10852	68749	0.157849569	0	TRUE	G:48955	C:9	48964	0.000183809	1	FALSE	-1	12:103723112-103723331	Other	FALSE				
1447	SA074_12_54503167	SA074	12	54503167	12,54503167,C,T	E530K	DNAJC14	12q13.2		C:50854	T:3407	54261	0.062789112	0	TRUE	C:32564	T:6	32570	0.000184219	1	FALSE	-1	12:54503131-54503354	Other	FALSE				
1448	SA074_14_37131150	SA074	14	37131150	14,37131150,T,C	Y197C	FOXA1	14q12-q13	DNA_BIND // 169 // 260 // Fork-head.	T:21740	C:5640	27380	0.205989774	0	TRUE	T:33614	C:51	33665	0.001514926	1	FALSE	-1	14:37131116-37131341	Other	FALSE				
1449	SA074_16_70330389	SA074	16	70330389	16,70330389,T,A	E742V	AP1G1	16q23	DOMAIN // 702 // 817 // GAE. /// STRAND // 741 // 743 //	T:1535	A:221	1756	0.125854214	1.91E-297	TRUE	T:597	N:0	597	0	1	FALSE	-1	16:70330350-70330600	Other	FALSE				
1450	SA074_19_41792745	SA074	19	41792745	19,41792745,C,T	A30V	ZNF382	19q13.12	DOMAIN // 7 // 78 // KRAB. /// REGION // 1 // 105 // Mediates interaction with TRIM28 (By similarity). /// REGION // 5 // 46 // Represses transcription (By similarity).	C:13386	T:1103	14489	0.076126717	0	TRUE	C:16436	G:9	16445	0.000547279	1	FALSE	1	19:41792704-41792942	Other	FALSE				
1451	SA074_19_59475500	SA074	19	59475500	19,59475500,G,A	R105W	LILRB2	19q13.4	DOMAIN // 27 // 110 // Ig-like C2-type 1. /// TOPO_DOM // 22 // 461 // Extracellular (Potential).	G:6224	A:1876	8100	0.231604938	0	TRUE	G:4357	A:1	4358	0.000229463	1	FALSE	-1	19:59475469-59475680	Other	FALSE				
1452	SA074_1_93452965	SA074	1	93452965	1,93452965,A,G	I524V	CCDC18	1p22.1	COILED // 508 // 1309 // Potential.	A:1815	G:269	2084	0.129078695	0	TRUE	A:459	N:0	459	0	1	FALSE	1	1:93452925-93453162	Other	FALSE				
1453	SA074_20_2584036	SA074	20	2584036	20,2584036,G,A	R212H	NOP56	20p13		G:20929	A:2357	23286	0.101219617	0	TRUE	G:15054	A:4	15058	0.00026564	1	FALSE	1	20:2584000-2584216	Other	FALSE				
1454	SA074_20_41521915	SA074	20	41521915	20,41521915,A,G	N116S	SFRS6	20q12-q13.1	DOMAIN // 110 // 183 // RRM 2.	A:4088	G:506	4594	0.110143666	0	TRUE	A:1644	G:1	1645	0.000607903	1	FALSE	1	20:41521720-41521950	Other	FALSE				
1455	SA074_20_51627127	SA074	20	51627127	20,51627127,T,C	D528G	ZNF217	20q13.2		T:11590	C:1262	12852	0.098148833	0	TRUE	T:13724	C:4	13728	0.000291375	1	FALSE	-1	20:51627097-51627331	Other	FALSE				
1456	SA074_2_118432467	SA074	2	118432467	2,118432467,G,C	R317G	CCDC93	2q14.1	COILED // 231 // 428 // Potential.	G:14404	C:2571	16975	0.151458027	0	TRUE	G:19826	T:3	19829	0.000151294	1	FALSE	-1	2:118432427-118432656	Other	FALSE				
1457	SA074_2_219217101	SA074	2	219217101	2,219217101,C,A	L794F	ZNF142	2q34-q35		C:18796	A:6839	25635	0.266783694	0	TRUE	C:15372	T:7	15379	0.000455166	1	FALSE	-1	2:219216920-219217141	Other	FALSE				
1458	SA074_3_150407969	SA074	3	150407969	3,150407969,C,T	A303T	CP	3q23-q25	DISULFID // 276 // 357 // Probable. /// DOMAIN // 20 // 357 // F5/8 type A 1. /// DOMAIN // 209 // 357 // Plastocyanin-like 2. /// STRAND // 304 // 306 //	C:8180	T:1675	9855	0.169964485	0	TRUE	C:13029	A:2	13031	0.00015348	1	FALSE	-1	3:150407928-150408201	Other	FALSE				
1459	SA074_6_43260253	SA074	6	43260253	6,43260253,G,T	C76F	PARC	6p21.1		G:7865	T:1325	9190	0.144178455	0	TRUE	G:8653	A:6	8659	0.000692921	1	FALSE	1	6:43260224-43260436	Other	FALSE				
1460	SA074_7_87237891	SA074	7	87237891	7,87237891,G,A	E247K	RUND3B	7q21.12		G:9598	A:1179	10777	0.109399647	0	TRUE	G:14969	A:3	14972	0.000200374	1	FALSE	1	7:87237866-87238122	Other	FALSE				
1461	SA074_9_85685087	SA074	9	85685087	9,85685087,T,G	N863T	KIF27	9q21.32	COILED // 705 // 886 // Potential.	T:1565	G:212	1777	0.119302195	3.51E-280	TRUE	T:2319	N:0	2319	0	1	FALSE	-1	9:85685046-85685382	Other	FALSE				
1462	SA074_X_70544230	SA074	X	70544230	X,70544230,A,G	M1396V	TAF1	Xq13.1	DOMAIN // 1397 // 1467 // Bromo 1. /// REGION // 1342 // 1629 // Interaction with ASF1A and ASF1B. /// DISULFID // 1364 // 1619 // /// HELIX // 1381 // 1397 //	A:14607	G:4252	18859	0.225462644	0	TRUE	A:25100	G:6	25106	0.000238987	1	FALSE	1	X:70544196-70544426	Other	FALSE				
1463	SA075_11_118425742	SA075	11	118425742	11,118425742,C,G	E561D	HYOU1	11q23.1-q23.3		C:14141	G:7073	21214	0.333411898	0	TRUE	C:8993	T:2	8995	0.000222346	1	FALSE	-1	11:118425707-118425939	Other	FALSE				
1464	SA075_11_128214979	SA075	11	128214979	11,128214979,C,A	G143	KCNJ1	11q24	INTRAMEM // 140 // 146 // Pore-forming; (By similarity). /// MOTIF // 141 // 146 // Selectivity filter (By similarity).	C:33555	A:14748	48303	0.305322651	0	TRUE	C:17397	A:4	17401	0.000229872	1	FALSE	-1	11:128214950-128215162	Other	FALSE				
1465	SA075_11_129317556	SA075	11	129317556	11,129317556,T,G	N314T	PRDM10	11q25	DOMAIN // 206 // 330 // SET. /// STRAND // 307 // 313 //	T:1022	G:295	1317	0.223993926	0	TRUE	T:3639	A:1	3640	0.000274725	1	FALSE	-1	11:129317520-129317773	Other	FALSE				
1466	SA075_12_47374052	SA075	12	47374052	12,47374052,C,A	K404N	CCNT1	12pter-qter	COILED // 384 // 425 // Potential.	C:67363	A:25447	92810	0.274183816	0	TRUE	C:20908	T:4	20912	0.000191278	1	FALSE	-1	12:47374017-47374235	Other	FALSE				
1467	SA075_17_7517743	SA075	17	7517743	17,7517743,C,T					C:214431	T:63957	278388	0.229740506	0	TRUE	C:278024	A:98	278122	0.000352363	1	FALSE	-1	17:7517710-7517927	Other	TRUE				
1468	SA075_18_59803341	SA075	18	59803341	18,59803341,C,G	A201G	SERPINB8	18q21.3		C:4066	G:1141	5207	0.219128097	0	TRUE	C:1700	A:2	1702	0.001175088	1	FALSE	1	18:59803310-59803536	Other	FALSE				
1469	SA075_1_150551555	SA075	1	150551555	1,150551555,C,T	G811R	FLG	1q21.3	COMPBIAS // 260 // 3955 // Ser-rich.	C:9777	T:4012	13789	0.29095656	0	TRUE	C:4708	N:0	4708	0	1	FALSE	-1	1:150551520-150551742	Other	FALSE				
1470	SA075_1_154395157	SA075	1	154395157	1,154395157,G,T	L162F	SEMA4A	1q22	DOMAIN // 36 // 494 // Sema. /// TOPO_DOM // 33 // 683 // Extracellular (Potential).	G:45490	T:12546	58036	0.216176167	0	TRUE	G:21984	T:4	21988	0.000181917	1	FALSE	1	1:154394973-154395181	Other	FALSE				
1471	SA075_1_224487816	SA075	1	224487816	1,224487816,T,A	D426V	LIN9	1q42.12		T:845	A:118	963	0.122533749	5.97E-162	TRUE	T:326	N:0	326	0	1	FALSE	-1	1:224487787-224488153	Other	FALSE				
1472	SA075_1_65041317	SA075	1	65041317	1,65041317,G,C	L392F	RAVER2	1p31.3		G:4919	C:688	5607	0.122703763	0	TRUE	G:3472	A:1												

table_S3

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
1523	SA077_22_19715623	SA077	22	19715623	22,19715623,C,G	W160S	SLC7A4	22q11.21	CONFLICT // 155 // 192 // THVGSWQVPLLGHYPDFLAAGIILLASAFVSCGARVSS -> DPRGFLAGAPPGPLPGLPGCWHHPWPVLPISPVEPACPP (in Ref. 1; CAA04263).	C:4834	G:846	5680	0.148943662	0	TRUE	C:2241	A:1	2242	0.00044603	1	FALSE	-1	22:19715585-19715804	Other	FALSE
1524	SA077_2_174528984	SA077	2	174528984	2,174528984,C,G	V168L	SP3	2q31	REGION // 138 // 237 // Transactivation domain (Gln-rich).	C:2934	G:1910	4844	0.39430223	0	TRUE	C:3418	A:1	3419	0.000292483	1	FALSE	-1	2:174528943-174529167	Other	FALSE
1525	SA077_2_198657289	SA077	2	198657289	2,198657289,T,C	I268T	PLCL1	2q33	T:1304	C:272	1576	0.172588832	0	TRUE	T:395	C:1	396	0.002525253	1	FALSE	1	2:198657249-198657484	Other	FALSE	
1526	SA077_2_27598855	SA077	2	27598855	2,27598855,C,T	R533	GCKR	2p23	C:10715	T:1965	12680	0.154968454	0	TRUE	C:2635	N:0	2635	0	1	FALSE	1	2:27598820-27599039	Other	FALSE	
1527	SA077_2_55376666	SA077	2	55376666	2,55376666,C,G	D1708H	CCDC88A	2p16.1	C:2650	G:534	3184	0.167713568	0	TRUE	C:4466	T:1	4467	0.000223864	1	FALSE	-1	2:55376629-55376882	Other	FALSE	
1528	SA077_3_12752093	SA077	3	12752093	3,12752093,G,C	Q215E	TMEM40	3p25.1	G:11520	C:2308	13828	0.166907723	0	TRUE	G:16746	C:3	16749	0.000179115	1	FALSE	-1	3:12752057-12752304	Other	FALSE	
1529	SA077_3_48562604	SA077	3	48562604	3,48562604,G,C	I55M	PFKB4	3p22-p21	REGION // 2 // 249 // 6-phosphofructo-2-kinase.	G:18331	C:4589	22920	0.20021815	0	TRUE	G:7876	N:0	7876	0	1	FALSE	-1	3:48562564-48562794	Other	FALSE
1530	SA077_3_89563141	SA077	3	89563141	3,89563141,C,T	S763F	EPHA3	3p11.2	DOMAIN // 621 // 882 // Protein kinase. /// STRAND // 760 // 762 // /// TOPO_DOM // 566 // 983 // Cytoplasmic (Potential).	C:304	T:83	387	0.214470284	4.89E-137	TRUE	C:472	N:0	472	0	1	FALSE	1	3:89563101-89563397	Other	FALSE
1531	SA077_4_77879561	SA077	4	77879561	4,77879561,G,T	W404L	SHROOM3	4q21.1	G:27790	T:5625	33415	0.168337573	0	TRUE	G:7124	C:2	7126	0.000280662	1	FALSE	1	4:77879521-77879738	Other	FALSE	
1532	SA077_5_13822176	SA077	5	13822176	5,13822176,C,G	D3264H	DNAH5	5p15.2	REGION // 3185 // 3482 // Stalk (By similarity). /// COILED // 3195 // 3302 // Potential.	C:1847	G:255	2102	0.121313035	0	TRUE	C:2837	N:0	2837	0	1	FALSE	-1	5:13822135-13822413	Other	FALSE
1533	SA077_5_140156850	SA077	5	140156850	5,140156850,C,T	A706V	PCDHA2	5q31	TRANSMEM // 698 // 718 // Helical; (Potential).	C:12032	T:4974	17006	0.292485005	0	TRUE	C:5681	T:3	5684	0.000527797	1	FALSE	1	5:140156817-140157043	Other	FALSE
1534	SA077_5_175937258	SA077	5	175937258	5,175937258,C,A	D455E	PCLKC	5q35.2	DOMAIN // 368 // 480 // Cadherin 4. /// TOPO_DOM // 21 // 1154 // Extracellular (Potential).	C:1393	A:845	2238	0.377569258	0	TRUE	C:1841	N:0	1841	0	1	FALSE	1	5:175937219-175948072	Other	FALSE
1535	SA077_5_40888450	SA077	5	40888450	5,40888450,T,C	M420T	CARD6	5p13.1	T:1787	C:828	2615	0.316634799	0	TRUE	T:1391	N:0	1391	0	1	FALSE	1	5:40888418-40888643	Other	FALSE	
1536	SA077_5_9207621	SA077	5	9207621	5,9207621,C,A	C487F	SEMA5A	5p15.2	DISULFID // 487 // 504 // By similarity. /// TOPO_DOM // 23 // 968 // Extracellular (Potential).	C:4330	A:712	5042	0.141213804	0	TRUE	C:3966	T:1	3967	0.00025208	1	FALSE	-1	5:9207596-9207806	Other	FALSE
1537	SA077_6_149760568	SA077	6	149760568	6,149760568,C,G	S580	MAP3K7IP2	6q25.1-q25.3	COILED // 532 // 619 // Potential.	C:6307	G:1253	7560	0.165740741	0	TRUE	C:7707	A:3	7710	0.000389105	1	FALSE	1	6:149760532-149760800	Other	FALSE
1538	SA077_6_167641334	SA077	6	167641334	6,167641334,G,A	V352I	UNC93A	6q27	TRANSMEM // 344 // 364 // Helical; (Potential).	G:2318	A:2275	4593	0.495318964	0	TRUE	G:4025	A:1	4026	0.000243885	1	FALSE	1	6:167641300-167641513	Other	FALSE
1539	SA077_6_31851750	SA077	6	31851750	6,31851750,C,A	Q161H	C6orf27	6p21.33	C:2398	A:816	3214	0.253889235	0	TRUE	C:2581	A:1	2582	0.000387297	1	FALSE	-1	6:31851721-31851930	Other	FALSE	
1540	SA077_6_74130017	SA077	6	74130017	6,74130017,G,A	A123T	C6orf221	6q13	G:847	A:193	1040	0.185576923	1.48E-305	TRUE	G:997	N:0	997	0	1	FALSE	1	6:74129977-74130199	Other	FALSE	
1541	SA077_7_113853887	SA077	7	113853887	7,113853887,G,A	A29T	FOXP2	7q31	CONFLICT // 29 // 29 // A->V (in Ref. 2; AAM60762).	G:23684	A:11349	35033	0.323951703	0	TRUE	G:27057	C:5	27062	0.000184761	1	FALSE	1	7:113853854-113854079	Other	FALSE
1542	SA077_7_139754105	SA077	7	139754105	7,139754105,A,C	RAB19		7q34	A:259	C:301	560	0.5375	0	TRUE	A:260	N:0	260	0	1	FALSE	1	7:139754081-139754291	Other	FALSE	
1543	SA077_7_30622045	SA077	7	30622045	7,30622045,C,G	T347R	GARS	7p15	NP_BIND // 341 // 346 // ATP. /// REGION // 346 // 350 // Substrate binding. /// STRAND // 344 // 355 // DOMAIN // 674 // 1571 // REJ. /// TOPO_DOM // 1 // 1748 // Extracellular (Potential).	C:4744	G:373	5117	0.072894274	0	TRUE	C:2898	A:1	2899	0.000344947	1	FALSE	1	7:30622015-30622238	Other	FALSE
1544	SA077_7_47872604	SA077	7	47872604	7,47872604,G,C	Q1344E	PKD1L1	7p12.3	G:26556	C:6247	32803	0.190439899	0	TRUE	G:21715	T:2	21717	9.21E-05	1	FALSE	-1	7:47872575-47872793	Other	FALSE	
1545	SA077_7_76663626	SA077	7	76663626	7,76663626,G,A	T409I	FGL2	7q11.23	DOMAIN // 204 // 436 // Fibrinogen C-terminal.	G:10273	A:1455	11728	0.124062074	0	TRUE	G:5698	A:2	5700	0.000350877	1	FALSE	-1,1	7:76663595-76663822	Other	FALSE
1546	SA077_8_57241976	SA077	8	57241976	8,57241976,A,G	F295L	PLAG1	8q12	REGION // 243 // 500 // Activates transcription; Inhibition of nuclear import due to lack of NLS and KPNA2 interaction. /// REGION // 243 // 384 // Repression domain; contains 3 sumoylation motifs and massively decrease transcription activity.	A:13760	G:3008	16768	0.179389313	0	TRUE	A:12949	C:3	12952	0.000231624	1	FALSE	-1	8:57241935-57242164	Other	FALSE
1547	SA077_9_116607995	SA077	9	116607995	9,116607995,C,T	C40Y	TNFSF15	9q32	TRANSMEM // 36 // 56 // Helical; Signal-anchor for type II membrane protein; (Potential).	C:250	T:126	376	0.335106383	1.98E-236	TRUE	C:135	N:0	135	0	1	FALSE	-1	9:116607956-116608180	Other	FALSE
1548	SA077_9_123562000	SA077	9	123562000	9,123562000,G,A	V211M	DAB2IP	9q33.1-q33.3	DOMAIN // 200 // 295 // C2.	G:1168	A:546	1714	0.318563092	0	TRUE	G:1504	N:0	1504	0	1	FALSE	1	9:123561972-123562222	Other	FALSE
1549	SA077_9_99807238	SA077	9	99807238	9,99807238,G,A	E167K	ANP32B	9q22.32	COMPBIAS // 146 // 251 // Asp/Glu-rich (highly acidic).	G:322	A:144	466	0.309012876	2.87E-231	TRUE	G:288	N:0	288	0	1	FALSE	1	9:99807209-99807426	Other	FALSE
1550	SA077_X_151910482	SA077	X	151910482	X,151910482,A,T	L106Q	PNMA5	Xq28	VARIANT // 107 // 107 // N->H (in dbSNP:rs3810655).	A:20182	T:12360	32542	0.379816852	0	TRUE	A:37122	G:14	37136	0.000376993	1	FALSE	-1	X:151910446-151910698	Other	FALSE
1551	SA080_13_93929421	SA080	13	93929421	13,93929421,C,A	M30I	DCT		TOPO_DOM // 24 // 472 // Lumenal, melanosome (Potential).	C:2153	A:347	2500	0.1388	0	TRUE	C:3221	N:0	3221	0	1	FALSE	-1	13:93929391-93929613	Other	FALSE
1552	SA080_15_46532138	SA080	15	46532138	15,46532138,G,A	R1820C	FBN1	15q21.1	DISULFID // 1812 // 1824 // By similarity. /// DISULFID // 1818 // 1833 // By similarity. /// DOMAIN // 1808 // 1848 // EGF-like 30; calcium-binding.	G:5113	A:603	5716	0.105493352	0	TRUE	G:11324	A:2	11326	0.000176585	1	FALSE	-1	15:46532103-46532330	Other	FALSE
1553	SA080_17_7518915	SA080	17	7518915	17,7518915,T,C	Y220C	TP53	17p13.1	// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 214 // 219 // /// VARIANT // 219 // 219 // P->C (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 219 // 219 // P->H (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->R (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->S (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 219 // 219 // P->T	T:119872	C:13282	133154	0.099749163	0	TRUE	T:161226	G:208	161434	0.001288452	1	FALSE	-1	17:7518885-7519107	Other	FALSE
1554	SA080_21_16168690	SA080	21	16168690	21,16168690,T,C	S925P	USP25	21q11.2	T:33069	C:7205	40274	0.178899538	0	TRUE	T:43826	C:12	43838	0.000273735	1	FALSE	1	21:16168654-16168878	Other	FALSE	
1555	SA083_10_24709856	SA083	10	24709856	10,24709856,C,T	P136L	KIAA1217		C:21198	T:3834	25032	0.15316395	0	TRUE	C:33122	T:3	33125	9.06E-05	1	FALSE	1	10:24709818-24710047	Basal	FALSE	
1556	SA083_10_26395929	SA083	10	26395929	10,26395929,A,G	K325E	MYO3A	10p11.1	A:2653	G:1447	4100	0.352926829	0	TRUE	A:3295	C:2	3297	0.000606612	1	FALSE	1	10:26395904-26396120	Basal	FALSE	
1557	SA083_11_65380133	SA083	11	65380133	11,65380133,C,G	E54Q	CFL1	11q13	DOMAIN // 4 // 153 // ADF-H. /// STRAND // 47 // 57 //	C:14428	G:2018	16446	0.122704609	0	TRUE	C:8356	T:1	8357	0.00011966	1	FALSE	-1	11:65380099-65380340	Basal	FALSE
1558	SA083_11_88026136	SA083	11	88026136	11,88026136,G,T	P332H	GRM5	11q14.2-q14.3	TOPO_DOM // 22 // 579 // Extracellular (Potential).	G:2986	T:734	3720	0.197311828	0	TRUE	G:3771	N:0	3771	0	1	FALSE	-1	11:88026101-88026333	Basal	FALSE
1559	SA083_14_72492017	SA083	14	72492017	14,72492017,G,A	E347K	WDR21A	14q24.3	G:2926	A:1008	3934	0.256227758	0	TRUE	G:5231	N:0	5231	0	1	FALSE	1	14:72491979-72492192	Basal	FALSE	
1560	SA083_15_65468237	SA083	15	65468237	15,65468237,G,A	V491I	IQCH	15q23	G:653	A:92	745	0.123489933	1.34E-128	TRUE	G:181	N:0	181	0	1	FALSE	1	15:65468204-65468432	Basal	FALSE	
1561	SA083_16_71379858	SA083	16	71379858	16,71379858,G,C	S3273	ZFHX3	16q22.3-q23.1	G:742	C:606	1348	0.449554896	0	TRUE	G:1146	N:0	1146	0	1	FALSE	-1	16:71379817-71380071	Basal	FALSE	
1562	SA083_17_10375739	SA083	17	10375739	17,10375739,T,C	E878G	MYH2	17p13.1	COILED // 845 // 1941 // Potential.	T:619	C:339	958	0.353862213	0	TRUE	T:1103	N:0	1103	0	1	FALSE	-1	17:10375711-10375935	Basal	FALSE
1563	SA083_19_50786269	SA083	19	50786269	19,50786269,G,C	I232M	GPR4	19q13.3	TRANSMEM // 225 // 245 // Helical; Name=6; (Potential).	G:436	C:185	621	0.297906602	5.40E-304	TRUE	G:605	N:0	605	0	1	FALSE	-1	19:50786229-50786461	Basal	FALSE
1564	SA083_19_58037198	SA083	19	58037198	19,58037198,A,G	M54T	ZNF468	19q13.41	DOMAIN // 8 // 80 // KRAB.	A:2965	G:1103	4068	0.27114061	0	TRUE	A:13076	C:2								

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.statistic.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
1567	SA083_1_159050868	SA083	1	159050868	1,159050868,G,C	E255D	LY9	1q21.3-q22	DOMAIN // 251 // 363 // Ig-like V-type 2. /// TOPO_DOM // 48 // 454 // Extracellular (Potential). STRAND // 92 // 94 /// /// TOPO_DOM // 51 // 183 // Extracellular (Potential).	G:6225	C:952	7177	0.132645952	0	TRUE	G:4674	C:1	4675	0.000213904	1	FALSE	1	1:159050840-159051053	Basal	FALSE
1568	SA083_1_171422555	SA083	1	171422555	1,171422555,G,T	S92	TNFSF4	1q25		G:4288	T:966	5254	0.183859916	0	TRUE	G:2792	A:1	2793	0.000358038	1	FALSE	-1	1:171422519-171422743	Basal	FALSE
1569	SA083_1_213860162	SA083	1	213860162	1,213860162,T,A	L676	KCTD3	1q41		T:358	A:296	654	0.452599388	0	TRUE	T:867	C:1	868	0.001152074	1	FALSE	1	1:213860125-213860353	Basal	FALSE
1570	SA083_1_245330571	SA083	1	245330571	1,245330571,T,A	S375C	ZNF669	1q44	ZN_FING // 362 // 384 // C2H2-type 7. REPEAT // 331 // 370 // HEAT 5. /// TURN // 350 // 353 ///	T:1950	A:1837	3787	0.485080539	0	TRUE	T:3654	A:1	3655	0.000273598	1	FALSE	-1	1:245330536-245330763	Basal	FALSE
1571	SA083_1_44194907	SA083	1	44194907	1,44194907,C,A	P351T	IPO13	1p34.1		C:29691	A:5250	34941	0.150253284	0	TRUE	C:2864	N:0	2864	0	1	FALSE	1	1:44194870-44195104	Basal	FALSE
1572	SA083_20_48926489	SA083	20	48926489	20,48926489,C,A	D138E	BCAS4	20q13.13		C:229	A:54	283	0.190812721	2.96E-86	TRUE	C:383	N:0	383	0	1	FALSE	1	20:48926461-48926694	Basal	FALSE
1573	SA083_2_108465222	SA083	2	108465222	2,108465222,G,C	E1076D	GCC2	2q12.3	COILED // 110 // 1618 // Potential.	G:2788	C:2047	4835	0.423371251	0	TRUE	G:10438	C:1	10439	9.58E-05	1	FALSE	1	2:108465192-108465437	Basal	FALSE
1574	SA083_2_55320726	SA083	2	55320726	2,55320726,T,G	I599L	MTIF2	2p14-p16		T:501	G:384	885	0.433898305	0	TRUE	T:3308	G:1	3309	0.000302206	1	FALSE	-1	2:55320698-55320949	Basal	FALSE
1575	SA083_3_134958393	SA083	3	134958393	3,134958393,C,G	D240E	TF	3q22.1	DISULFID // 156 // 350 /// /// DOMAIN // 25 // 347 // Transferrin-like 1. /// HELIX // 236 // 239 ///	C:2928	G:3716	6644	0.559301626	0	TRUE	C:7024	G:1	7025	0.000142349	1	FALSE	1	3:134958365-134958579	Basal	FALSE
1576	SA083_3_161508153	SA083	3	161508153	3,161508153,G,C	Y356	IFT80	3q26.1		G:307	C:30	337	0.089020772	3.27E-37	TRUE	G:1473	N:0	1473	0	1	FALSE	-1	3:161508125-161508466	Basal	FALSE
1577	SA083_4_57537952	SA083	4	57537952	4,57537952,G,C	S186W	C4orf14	4q12		G:232	C:31	263	0.117870722	4.13E-38	TRUE	G:4917	A:6	4923	0.001218769	1	FALSE	-1	4:57537919-57538166	Basal	FALSE
1578	SA083_6_107638457	SA083	6	107638457	6,107638457,T,A	D296V	PDS52	6q21		T:99	A:15	114	0.131578947	5.54E-21	TRUE	T:1402	N:0	1402	0	1	FALSE	-1	6:107638262-107638498	Basal	FALSE
1579	SA083_6_152739364	SA083	6	152739364	6,152739364,C,A	G3057C	SYNE1	6q25	TOPO_DOM // 1 // 8746 // Cytoplasmic (Potential).	C:695	A:406	1101	0.368755677	0	TRUE	C:4334	N:0	4334	0	1	FALSE	-1	6:152739333-152739607	Basal	FALSE
1580	SA083_6_42904435	SA083	6	42904435	6,42904435,G,A	S129N	KIAA0240	6p21.1		G:40814	A:11791	52605	0.224142192	0	TRUE	G:62765	A:6	62771	9.56E-05	1	FALSE	1,-1	6:42904396-42904625	Basal	FALSE
1581	SA083_7_117219002	SA083	7	117219002	7,117219002,G,T	A495E	CTTNBP2	7q31	COMPBias // 371 // 561 // Pro-rich.	G:39478	T:5798	45276	0.128059016	0	TRUE	G:32340	C:5	32345	0.000154583	1	FALSE	-1	7:117218973-117219196	Basal	FALSE
1582	SA083_7_47943011	SA083	7	47943011	7,47943011,C,A	E119	PKD1L1	7p12.3	TOPO_DOM // 1 // 1748 // Extracellular (Potential).	C:517	A:47	564	0.083333333	3.18E-57	TRUE	C:603	N:0	603	0	1	FALSE	-1	7:47942974-47943227	Basal	FALSE
1583	SA083_8_126514970	SA083	8	126514970	8,126514970,T,A	H197L	TRIB1	8q24.13	DOMAIN // 1 // 338 // Protein kinase. DNA_BIND // 9 // 84 // Nuclear receptor. /// ZN_FING // 12 // 32 // NR C4-type.	A:6057	T:829	6886	0.120389195	0	TRUE	A:4167	C:2	4169	0.000479731	1	FALSE	1	8:126514931-126515153	Basal	FALSE
1584	SA083_8_76618718	SA083	8	76618718	8,76618718,G,T	C32F	HNF4G	8q21.11		G:17289	T:6487	23776	0.272838156	0	TRUE	G:68427	A:15	68442	0.000219164	1	FALSE	1	8:76618680-76618915	Basal	FALSE
1585	SA083_9_138421620	SA083	9	138421620	9,138421620,G,A	S206L	SDCCAG3	9q34.3		G:311	A:222	333	0.066066066	1.20E-20	TRUE	G:320	A:7	327	0.021406728	0.002823553	FALSE	-1	9:138421585-138421811	Basal	FALSE
1586	SA083_9_138421626	SA083	9	138421626	9,138421626,C,G	G204A	SDCCAG3	9q34.3		C:310	G:22	332	0.06626506	1.13E-20	TRUE	C:316	G:7	323	0.021671827	0.002626689	FALSE	-1	9:138421585-138421811	Basal	FALSE
1587	SA083_9_17226494	SA083	9	17226494	9,17226494,C,G	R253G	C9orf39	9p22.2		C:119	G:56	175	0.32	8.37E-104	TRUE	C:1746	A:1	1747	0.00057241	1	FALSE	1	9:17226463-17226691	Basal	FALSE
1588	SA083_X_110906496	SA083	X	110906496	X,110906496,G,T	H875N	TRPC5	Xq23	TOPO_DOM // 625 // 973 // Cytoplasmic (Potential).	G:19609	T:6243	25852	0.24149002	0	TRUE	G:12860	C:4	12864	0.000310945	1	FALSE	-1	X:110906464-110906687	Basal	FALSE
1589	SA083_X_70511817	SA083	X	70511817	X,70511817,C,T	P163L	TAF1	Xq13.1	DOMAIN // 1 // 414 // Protein kinase 1. /// COMPBias // 157 // 165 // Pro-rich.	C:1801	T:1761	3562	0.494385177	0	TRUE	C:10173	T:3	10176	0.000294811	1	FALSE	1	X:70511780-70512062	Basal	FALSE
1590	SA083_X_84249588	SA083	X	84249588	X,84249588,T,G	Q161P	SATL1	Xq21.1	COMPBias // 8 // 336 // Gln-rich.	T:27625	G:4132	31757	0.130113046	0	TRUE	T:76812	C:9	76821	0.000117155	1	FALSE	-1	X:84249568-84249813	Basal	FALSE
1591	SA084_10_70587867	SA084	10	70587867	10,70587867,C,G	L149V	VPS26A	10q21.1	STRAND // 143 // 151 // DISULFID // 218 // 444 // Redox-active (By similarity).	C:264	G:248	512	0.484375	0	TRUE	C:299	N:0	299	0	1	FALSE	1	10:70587832-70588056	Basal	FALSE
1592	SA084_11_4099977	SA084	11	4099977	11,4099977,C,G	P357A	RRM1	11p15.5	DOMAIN // 370 // 509 // PID 1. /// HELIX // 382 // 385 ///	C:225	G:251	476	0.527310924	0	TRUE	C:462	N:0	462	0	1	FALSE	1	11:4099950-4100191	Basal	FALSE
1593	SA084_11_6380492	SA084	11	6380492	11,6380492,C,T	E382K	APBB1	11p15		C:1051	T:1334	2385	0.55932914	0	TRUE	C:1463	N:0	1463	0	1	FALSE	-1	11:6380451-6380672	Basal	FALSE
1594	SA084_11_85123065	SA084	11	85123065	11,85123065,C,G	E318Q	SYTL2	11q14		C:1631	G:1014	2645	0.383364839	0	TRUE	C:3859	T:2	3861	0.000518001	1	FALSE	-1	11:85123040-85123246	Basal	FALSE
1595	SA084_13_51446171	SA084	13	51446171	13,51446171,C,T	E396K	ATP7B	13q14.3	DOMAIN // 360 // 426 // HMA 4. /// TOPO_DOM // 1 // 653 // Cytoplasmic (Potential). REPEAT // 110 // 139 // ANK 2. /// MOTIF // 110 // 120 // Nuclear import signal.	C:758	T:589	1347	0.437268003	0	TRUE	C:979	N:0	979	0	1	FALSE	-1	13:51446137-51446358	Basal	FALSE
1596	SA084_14_34942654	SA084	14	34942654	14,34942654,A,C	L110R	NFKBIA	14q13		A:254	C:121	375	0.322666667	4.97E-210	TRUE	A:539	N:0	539	0	1	FALSE	-1	14:34942461-34942679	Basal	FALSE
1597	SA084_15_65283501	SA084	15	65283501	15,65283501,A,G	L252P	FLJ11506	15q22.33-q23		A:1758	G:2125	3883	0.547257275	0	TRUE	A:3545	N:0	3545	0	1	FALSE	-1	15:65283472-65283698	Basal	FALSE
1598	SA084_16_56290333	SA084	16	56290333	16,56290333,G,A	E92K	CCDC135	16q13		G:651	A:327	978	0.334355828	0	TRUE	G:948	N:0	948	0	1	FALSE	1	16:56290306-56290525	Basal	FALSE
1599	SA084_16_70668056	SA084	16	70668056	16,70668056,T,G	C208G	HPR	16q22.1	DOMAIN // 104 // 346 // Peptidase S1.	T:1709	G:797	2506	0.318036712	0	TRUE	T:3124	N:0	3124	0	1	FALSE	1	16:70668027-70668237	Basal	FALSE
1600	SA084_17_37295912	SA084	17	37295912	17,37295912,C,T	G684D	ACLY	17q12-q21		C:2627	T:1380	4007	0.344397305	0	TRUE	C:3862	N:0	3862	0	1	FALSE	-1	17:37295883-37296109	Basal	FALSE
1601	SA084_18_17370102	SA084	18	17370102	18,17370102,C,G	Q696	ESCO1	18q11.2		G:3369	A:3871	7240	0.534668508	0	TRUE	G:26438	A:3	26441	0.00011346	1	FALSE	-1	18:17370076-17370298	Basal	FALSE
1602	SA084_18_46057290	SA084	18	46057290	18,46057290,C,A	G101A	MBD1	18q21		C:4113	G:2446	6559	0.372922702	0	TRUE	C:4469	N:0	4469	0	1	FALSE	-1	18:46057264-46057473	Basal	FALSE
1603	SA084_19_2029493	SA084	19	2029493	19,2029493,C,A	E23	MOBK12A	19p13.3		C:13571	A:13591	27162	0.500368161	0	TRUE	C:30553	A:9	30562	0.000294483	1	FALSE	-1	19:2029460-2029687	Basal	FALSE
1604	SA084_19_4506098	SA084	19	4506098	19,4506098,A,C	L191R	SEMA6B		DOMAIN // 31 // 523 // Sema. /// TOPO_DOM // 26 // 603 // Extracellular (Potential).	A:1030	C:1195	2225	0.537078652	0	TRUE	A:1575	G:2	1577	0.001268231	1	FALSE	-1	19:4506063-4506282	Basal	FALSE
1605	SA084_19_9538032	SA084	19	9538032	19,9538032,C,G	E253Q	ZNF121	19p		C:322	G:192	514	0.373540856	0	TRUE	C:601	N:0	601	0	1	FALSE	-1	19:9538003-9538258	Basal	FALSE
1606	SA084_1_150596398	SA084	1	150596398	1,150596398,C,T	G163E	FLG2	1q21.3	COMPBias // 132 // 1289 // Ser-rich.	C:1357	T:892	2249	0.29662072	0	TRUE	C:1287	N:0	1287	0	1	FALSE	-1	1:150596369-150596592	Basal	FALSE
1607	SA084_1_22077659	SA084	1	22077659	1,22077659,C,G	E852D	HSPG2	1p36.1-p34	DISULFID // 842 // 851 // By similarity. /// DOMAIN // 814 // 871 // Laminin EGF-like 3.	C:1924	G:4006	5930	0.675548061	0	TRUE	C:3928	N:0	3928	0	1	FALSE	-1	1:22077639-22077845	Basal	FALSE
1608	SA084_1_36069625	SA084	1	36069625	1,36069625,G,T	Q287	EIF2C4	1p34.3	DOMAIN // 225 // 338 // PAZ.	C:391	T:460	851	0.540540541	0	TRUE	C:819	N:0	819	0	1	FALSE	1	1:36069442-36069651	Basal	FALSE
1609	SA084_1_39870939	SA084	1	39870939	1,39870939,G,A	S39L	HEYL	1p34.3		G:573	A:659	1232	0.534902597	0	TRUE	G:1253	N:0	1253	0	1	FALSE	-1	1:39870900-39871127	Basal	FALSE
1610	SA084_1_6452065	SA084	1	6452065	1,6452065,G,C	H712D	PLEKHG5																		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
1635	SA089_11_15168881	SA089	11	15168881	11,15168881,G,T	G260V	INSC	11p15.2		G:5826	T:3242	9068	0.357520953	0	TRUE	G:6116	N:0	6116	0	1	FALSE		11:15168843-15169069	Basal	FALSE
1636	SA089_12_105919238	SA089	12	105919238	12,105919238,C,A	G212C	CRY1	12q23-q24.1	REGION // 211 // 488 // FAD-binding.	C:14005	A:6454	20459	0.315460189	0	TRUE	C:53872	T:7	53879	0.000129921	1	FALSE	-1	12:105919200-105919430	Basal	FALSE
1637	SA089_12_39020456	SA089	12	39020456	12,39020456,G,C	K2014N	LRRK2	12q12	DOMAIN // 1879 // 2138 // Protein kinase.	G:102	C:41	143	0.286713287	1.34E-66	TRUE	G:134	N:0	134	0	1	FALSE		12:39020417-39020651	Basal	FALSE
1638	SA089_14_93173324	SA089	14	93173324	14,93173324,A,G	Q1948R	KIAA1409	14q32.13		A:31075	G:20023	51098	0.391854867	0	TRUE	A:46964	C:14	46978	0.000298012	1	FALSE		14:93173292-93173521	Basal	FALSE
1639	SA089_15_38351948	SA089	15	38351948	15,38351948,C,G	L364V	PAK6	15q14	REGION // 26 // 406 // Linker.	C:129	G:72	201	0.358208955	1.45E-125	TRUE	C:393	N:0	393	0	1	FALSE		15:38351925-38352123	Basal	FALSE
1640	SA089_16_1410133	SA089	16	1410133	16,1410133,C,G	LOC283951		16p13.3		C:12834	G:4309	17143	0.251356239	0	TRUE	C:12709	A:7	12716	0.000550488	1	FALSE	-1	16:1410101-1410329	Basal	FALSE
1641	SA089_16_20994372	SA089	16	20994372	16,20994372,A,G	I994T	DNAH3	16p12.2	REGION // 1 // 1390 // Stem (By similarity).	A:22610	G:11130	33740	0.329875519	0	TRUE	A:74425	G:16	74441	0.000214935	1	FALSE	-1	16:20994168-20994413	Basal	FALSE
1642	SA089_16_46280503	SA089	16	46280503	16,46280503,A,G	K894R	PHK8	16q12-q13		A:11164	G:4974	16138	0.308216632	0	TRUE	A:47316	C:4	47320	8.45E-05	1	FALSE		16:46280472-46280716	Basal	FALSE
1643	SA089_17_60287077	SA089	17	60287077	17,60287077,G,C	P1217A	LRRC37A3	17q24.1	TOPO_DOM // 36 // 1581 // Extracellular (Potential).	G:436	C:206	642	0.320872274	0	TRUE	G:2223	N:0	2223	0	1	FALSE	-1	17:60287038-60287267	Basal	FALSE
1644	SA089_17_7517653	SA089	17	7517653	17,7517653,T,C					T:138956	C:109824	248780	0.441450277	0	TRUE	T:145918	C:45	145963	0.000308297	1	FALSE	-1	17:7517626-7517845	Basal	TRUE
1645	SA089_19_39560297	SA089	19	39560297	19,39560297,A,T	D151V	GPI	19q13.1	STRAND // 151 // 155 //	A:623	T:320	943	0.339342524	0	TRUE	A:1711	C:1	1712	0.000584112	1	FALSE		19:39560268-39560483	Basal	FALSE
1646	SA089_19_47183972	SA089	19	47183972	19,47183972,A,G	Y105H	ATP1A3	19q13.31	TOPO_DOM // 99 // 121 // Extracellular (Potential).	A:2341	G:1016	3357	0.302651177	0	TRUE	A:3638	G:1	3639	0.000274801	1	FALSE	-1	19:47183937-47184157	Basal	FALSE
1647	SA089_1_152473829	SA089	1	152473829	1,152473829,C,T	R140W	UBAP2L	1q21.3		C:5927	T:5172	11099	0.465987927	0	TRUE	C:9443	N:0	9443	0	1	FALSE		1:152473798-152474015	Basal	FALSE
1648	SA089_1_154041402	SA089	1	154041402	1,154041402,C,T	W536	GON4L	1q22	COMPBias // 517 // 576 // Asp-rich.	C:31681	T:10324	42005	0.245780264	0	TRUE	C:25256	T:8	25264	0.000316656	1	FALSE	-1	1:154041374-154041588	Basal	FALSE
1649	SA089_1_213859163	SA089	1	213859163	1,213859163,A,C	Q598P	KCTD3	1q41		A:24010	C:7046	31056	0.226880474	0	TRUE	A:83111	G:14	83125	0.000168421	1	FALSE		1:213859124-213859358	Basal	FALSE
1650	SA089_1_214318096	SA089	1	214318096	1,214318096,G,T	Q1844K	USH2A	1q41	DOMAIN // 1714 // 1891 // Laminin G-like 2. /// TOPO_DOM // 32 // 5042 // Extracellular (Potential).	G:97690	T:28826	126516	0.227844699	0	TRUE	G:286904	A:77	286981	0.00026831	1	FALSE	-1	1:214318067-214318287	Basal	FALSE
1651	SA089_1_238322540	SA089	1	238322540	1,238322540,C,T	Q170	FMN2	1q43		C:17775	T:7440	25215	0.295062463	0	TRUE	C:19564	T:2	19566	0.000102218	1	FALSE		1:238322517-238322756	Basal	FALSE
1652	SA089_20_18454445	SA089	20	18454445	20,18454445,A,A	V235I	SEC23B	20p11.23		G:12564	A:7603	20167	0.377002033	0	TRUE	G:52492	T:13	52505	0.000247595	1	FALSE		1:20:18454234-18454483	Basal	FALSE
1653	SA089_22_42500212	SA089	22	42500212	22,42500212,G,T	L82M	EFCAB6	22q13.1-q13.33	DOMAIN // 70 // 105 // EF-hand 1.	G:6277	T:2183	8460	0.258037825	0	TRUE	G:11535	A:1	11536	8.67E-05	1	FALSE	-1	22:42500184-42500405	Basal	FALSE
1654	SA089_2_26057179	SA089	2	26057179	2,26057179,A,T	V371E	KIF3C	2p23	DOMAIN // 1 // 375 // Kinesin-motor. /// VARIANT // 370 // 370 // Q>R (in dbSNP:rs1465878).	A:1032	T:352	1384	0.25433526	0	TRUE	A:2111	N:0	2111	0	1	FALSE	-1	2:26057154-26057357	Basal	FALSE
1655	SA089_3_9886661	SA089	3	9886661	3,9886661,C,G	Q135H	CIDEC	3p25.3		C:614	G:535	1149	0.46562228	0	TRUE	C:1180	T:1	1181	0.00084674	1	FALSE	-1	3:9886638-9886838	Basal	FALSE
1656	SA089_4_170056258	SA089	4	170056258	4,170056258,A,T	E97I	PALLD	4q32.3		G:54467	T:7630	62097	0.12287228	0	TRUE	G:30405	A:3	30408	9.87E-05	1	FALSE		4:170056231-170056456	Basal	FALSE
1657	SA089_4_170056259	SA089	4	170056259	4,170056259,A,T	E971V	PALLD	4q32.3		A:54451	T:7626	62077	0.122847431	0	TRUE	A:30399	G:5	30404	0.000164452	1	FALSE		4:170056231-170056456	Basal	FALSE
1658	SA089_4_8268869	SA089	4	8268869	4,8268869,C,A	L205I	SH3TC1	4p16.1		C:5339	A:4397	9736	0.451622843	0	TRUE	C:10542	N:0	10542	0	1	FALSE		4:8268846-8269065	Basal	FALSE
1659	SA089_4_95420893	SA089	4	95420893	4,95420893,T,G	L849W	SMARCA4	4q22-q23		T:13359	G:5614	18973	0.295894165	0	TRUE	T:50044	C:7	50051	0.000139857	1	FALSE		4:95420833-95421084	Basal	FALSE
1660	SA089_5_131783526	SA089	5	131783526	5,131783526,C,T	P15S	LOC441108	5q31.1		C:495	T:1323	1818	0.727722772	0	TRUE	C:1686	N:0	1686	0	1	FALSE		5:131783493-131783749	Basal	FALSE
1661	SA089_5_140169073	SA089	5	140169073	5,140169073,C,T	A706V	PCDH4A	5q31	TRANSMEM // 698 // 718 // Helical; (Potential).	C:2003	T:4237	6240	0.67900641	0	TRUE	C:6257	A:1	6258	0.000159795	1	FALSE	1,1	5:140169041-140169266	Basal	FALSE
1662	SA089_5_56578016	SA089	5	56578016	5,56578016,G,T	G204V	GPBP1	5q11.2		G:52237	T:13156	65393	0.201183613	0	TRUE	G:178520	A:32	178552	0.000179219	1	FALSE		5:56577975-56578199	Basal	FALSE
1663	SA089_5_94890538	SA089	5	94890538	5,94890538,G,A	T306I	KIAA0372	5q15	REPEAT // 272 // 305 // TPR 3. /// REPEAT // 307 // 339 // TPR 4.	G:37513	A:39973	77486	0.515873835	0	TRUE	G:160670	A:37	160707	0.000230233	1	FALSE	-1	5:94890512-94890728	Basal	FALSE
1664	SA089_6_144917620	SA089	6	144917620	6,144917620,T,A	H2344Q	UTRN	6q24		T:12126	G:6808	18934	0.359564804	0	TRUE	T:46989	C:12	47001	0.000255314	1	FALSE		6:144917595-144917815	Basal	FALSE
1665	SA089_7_120759112	SA089	7	120759112	7,120759112,A,C	H164P	WNT16	7q31		A:32558	C:12950	45508	0.284565351	0	TRUE	A:51073	C:13	51086	0.000254473	1	FALSE		7:120759091-120759295	Basal	FALSE
1666	SA089_7_37265351	SA089	7	37265351	7,37265351,C,G	G125R	ELMO1	7p14.2		C:48567	G:21687	70254	0.308694167	0	TRUE	C:42594	A:7	42601	0.000164315	1	FALSE	-1	7:37265325-37265541	Basal	FALSE
1667	SA089_9_35551257	SA089	9	35551257	9,35551257,C,G	L1477V	RUSC2	9p13.3	DOMAIN // 1447 // 1506 // SH3.	C:2367	G:1107	3474	0.31865285	0	TRUE	C:3874	T:2	3876	0.000515996	1	FALSE		9:35551231-35551446	Basal	FALSE
1668	SA089_X_128776445	SA089	X	128776445	X,128776445,G,T	F165L	ZDHHCH9	Xq26.1	TOPO_DOM // 85 // 183 // Cytoplasmic (Potential). /// ZN_FING // 139 // 189 // DHHC-type.	G:478	T:202	680	0.297058824	0	TRUE	G:482	N:0	482	0	1	FALSE	-1	X:128776404-128776642	Basal	FALSE
1669	SA090_10_15929924	SA090	10	15929924	10,15929924,C,A	G40V	C10orf97	10p13		C:2205	A:329	2534	0.129834254	0	TRUE	C:3638	N:0	3638	0	1	FALSE	-1	10:15929896-15930131	Other	FALSE
1670	SA090_10_30642669	SA090	10	30642669	10,30642669,T,G	T542P	PAPD1	10p11.23		T:289	G:70	359	0.194986072	7.66E-123	TRUE	T:526	C:2	528	0.003787879	1	FALSE	-1	10:30642637-30642865	Other	FALSE
1671	SA090_10_96015435	SA090	10	96015435	10,96015435,G,A	M1365I	PLCE1	10q23		G:2194	A:134	2328	0.057560137	3.62E-161	TRUE	G:6815	C:1	6816	0.000146714	1	FALSE		10:96015397-96015651	Other	FALSE
1672	SA090_11_66769254	SA090	11	66769254	11,66769254,C,T	P528S	FBXL11	11q13.1		C:45810	T:4553	50363	0.090403669	0	TRUE	C:52723	A:35	52758	0.000663406	1	FALSE		11:66769213-66769445	Other	FALSE
1673	SA090_11_67683155	SA090	11	67683155	11,67683155,T,A	R412W	SUV420H1	11q13.2		T:9939	A:1808	11747	0.153911637	0	TRUE	T:31358	C:11	31369	0.000350665	1	FALSE	-1	11:67683121-67683352	Other	FALSE
1674	SA090_12_41144715	SA090	12	41144715	12,41144715,G,C	A463G	PRICKLE1	12q12		G:10120	C:1094	11214	0.097556626	0	TRUE	G:12950	A:5	12955	0.000385951	1	FALSE	-1	12:41144674-41144902	Other	FALSE
1675	SA090_16_87875737	SA090	16	87875737	16,87875737,G,A	L1572F	ANKRD11	16q24.3	COMPBias // 621 // 1655 // Lys-rich.	G:2333	A:724	3057	0.236833497	0	TRUE	G:5473	A:1	5474	0.000182682	1	FALSE	-1	16:87875702-87875916	Other	FALSE
1676	SA090_17_4007068	SA090	17	4007068	17,4007068,C,A	N246K	CYB5D2	17p13.2		C:14208	A:4496	18704	0.24037639	0	TRUE	C:22053	A:5	22058	0.000226675	1	FALSE		17:4007034-4007252	Other	FALSE
1677	SA090_19_49314268	SA090	19	49314268	19,49314268,G,A	E35K	ZNF225	19q13.2	DOMAIN // 8 // 78 // KRAB.	G:8121	A:3035	11156	0.272050914	0	TRUE	G:6361	N:0	6361	0	1	FALSE		19:49314241-49314461	Other	FALSE
1678	SA090_1_171812490	SA090	1	171812490	1,171812490,A,T	L279I	SLC9A11	1q25.1		A:11315	T:163														

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
1695	SA093_17_7520091	SA093	17	7520091	17,7520091,G,T	Y107	TP53	17p13.1	DNA_BIND // 102 // 292 // /// REGION // 66 // 110 // Interaction with WWOX. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// TURN // 105 // 108 // /// VARIANT // 106 // 106 // S->G (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 106 // 106 // S->R (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 107 // 107 // Y->C (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 107 // 107 // Y->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 107 // 107 // Y->H (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 108 // 108 // G->D (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 108 // 108 // G->S (in sporadic cancers; somatic mutation).	G:8886	T:28231	37117	0.760594876	0	TRUE	G:44533	A:14	44547	0.000314275	1	FALSE	-1	17:7520064-7520279	Basal	FALSE
1696	SA093_19_19122516	SA093	19	19122516	19,19122516,C,T	R10H	MEF2B	19p12	DOMAIN // 3 // 57 // MAD5-box. /// COMBIAS // 4 // 31 // Lys-rich (basic).	C:94	T:137	231	0.593073593	6.15E-303	TRUE	C:170	N:0	170	0	1	FALSE	-1	19:19122479-19122697	Basal	FALSE
1697	SA093_19_42795447	SA093	19	42795447	19,42795447,T,G	F476V	ZNF540	19q13.12	ZN_FING // 467 // 489 // C2H2-type 11.	T:6254	G:1666	7920	0.210353535	0	TRUE	T:2122	C:1	2123	0.000471032	1	FALSE	1	19:42795417-42795640	Basal	FALSE
1698	SA093_1_150549286	SA093	1	150549286	1,150549286,C,T	R1567Q	FLG	1q21.3	COMBIAS // 260 // 3955 // Ser-rich. /// REPEAT // 1552 // 1603 // Filaggrin 9.	C:16954	T:6399	23353	0.274011904	0	TRUE	C:30117	T:5	30122	0.000165992	1	FALSE	-1	1:150549258-150549551	Basal	FALSE
1699	SA093_2_20267312	SA093	2	20267312	2,20267312,G,A	R124	SDC1	2p24.1	TOPO_DOM // 23 // 254 // Extracellular (Potential).	G:2629	A:871	3500	0.248857143	0	TRUE	G:1607	N:0	1607	0	1	FALSE	-1	2:20267277-20267494	Basal	FALSE
1700	SA093_2_96769459	SA093	2	96769459	2,96769459,G,A	R16	LMAN2L	2q11.2	SIGNAL // 1 // 44 // Potential.	G:1576	A:1119	2695	0.415213358	0	TRUE	G:1732	A:3	1735	0.001729107	1	FALSE	-1	2:96769418-96769643	Basal	FALSE
1701	SA093_5_140190001	SA093	5	140190001	5,140190001,C,T	T714M	PCDHA6	5q31	TRANSMEM // 698 // 718 // Helical; (Potential).	C:858	T:1339	2197	0.609467456	0	TRUE	C:2800	T:2	2802	0.000713776	1	FALSE	1,1,1	5:140189979-140190194	Basal	FALSE
1702	SA093_6_18279621	SA093	6	18279621	6,18279621,G,A	E156K	AOF1	6p22.3	ZN_FING // 133 // 193 // CW-type.	G:879	A:375	1254	0.299043062	0	TRUE	G:1158	A:1	1159	0.000862813	1	FALSE	1	6:18279589-18279808	Basal	FALSE
1703	SA093_6_52727791	SA093	6	52727791	6,52727791,C,G	D61H	GSTA2	6p12.1	DOMAIN // 3 // 83 // GST N-terminal.	C:7734	G:701	8435	0.083106106	0	TRUE	C:26374	A:2	26376	7.58E-05	1	FALSE	-1	6:52727751-52728021	Basal	FALSE
1704	SA093_7_147500344	SA093	7	147500344	7,147500344,G,T	E951	CNTNAP2	7q35-q36	DISULFID // 936 // 963 // By similarity. /// DOMAIN // 799 // 963 // Laminin G-like 3. /// TOPO_DOM // 28 // 1262 // Extracellular (Potential).	G:2030	T:1325	3355	0.394932936	0	TRUE	G:2588	T:2	2590	0.000772201	1	FALSE	1	7:147500315-147500527	Basal	FALSE
1705	SA093_7_90423069	SA093	7	90423069	7,90423069,G,A	W316	PFTK1	7q21-q22	DOMAIN // 135 // 419 // Protein kinase.	G:194056	A:154270	348326	0.442889707	0	TRUE	G:234109	A:30	234139	0.000128129	1	FALSE	1	7:90423038-90423264	Basal	TRUE
1706	SA093_X_118607971	SA093	X	118607971	X,118607971,A,T	V482E	NKRF	Xq24	A:7957	T:5159	13116	0.393336383	0	TRUE	A:17070	G:4	17074	0.000234274	1	FALSE	-1	X:118607934-118608156	Basal	FALSE	
1707	SA093_X_79819273	SA093	X	79819273	X,79819273,C,A	D1634Y	BRWD3	Xq21.1	C:4597	A:3975	8572	0.463719085	0	TRUE	C:12049	A:1	12050	8.30E-045	1	FALSE	-1	X:79819242-79819469	Basal	FALSE	
1708	SA094_10_6593100	SA094	10	6593100	10,6593100,C,G	D61H	PRCKC	10p15	DOMAIN // 8 // 123 // C2. /// STRAND // 56 // 62 //	C:606	G:347	953	0.364113326	0	TRUE	C:2236	N:0	2236	0	1	FALSE	-1	10:6593063-6593296	Other	FALSE
1709	SA094_10_74854387	SA094	10	74854387	10,74854387,A,G	I438T	ZMYND17	10q22.2	A:2169	G:1376	3545	0.388152327	0	TRUE	A:2817	N:0	2817	0	1	FALSE	-1	10:74854360-74854579	Other	FALSE	
1710	SA094_14_91541262	SA094	14	91541262	14,91541262,C,G	K937N	TRIP11	14q31-q32	COILED // 52 // 1773 // Potential.	C:63433	G:24266	87699	0.276696428	0	TRUE	C:224659	A:23	224682	0.000102367	1	FALSE	-1	14:91541228-91541459	Other	FALSE
1711	SA094_16_3983499	SA094	16	3983499	16,3983499,C,G	C6335	ADCY9	16p13.3	TOPO_DOM // 302 // 786 // Cytoplasmic (Potential).	C:1439	G:518	1957	0.264690853	0	TRUE	C:1472	N:0	1472	0	1	FALSE	-1	16:3983465-3983693	Other	FALSE
1712	SA094_17_46428953	SA094	17	46428953	17,46428953,C,G	G647A	SPAG9	17q21.33	C:13391	G:3305	16696	0.197951605	0	TRUE	C:38501	A:5	38506	0.00012985	1	FALSE	-1	17:46428926-46429150	Other	FALSE	
1713	SA094_17_71800731	SA094	17	71800731	17,71800731,T,C	T392A	QRICH2	17q25.1	COMBIAS // 381 // 759 // Gln-rich.	T:2679	C:2322	5001	0.464307139	0	TRUE	T:3702	N:0	3702	0	1	FALSE	-1	17:71800704-71800919	Other	FALSE
1714	SA094_18_51050744	SA094	18	51050744	18,51050744,C,G	R477T	TCF4		C:487	G:266	753	0.353253652	0	TRUE	C:223	N:0	223	0	1	FALSE	-1	18:51050556-51050782	Other	FALSE	
1715	SA094_1_152221853	SA094	1	152221853	1,152221853,G,A	A127V	RAB13	1q21.2	G:9345	A:1249	10594	0.117896923	0	TRUE	G:11292	C:4	11296	0.000354108	1	FALSE	-1	1:152221828-152222041	Other	FALSE	
1716	SA094_1_183457752	SA094	1	183457752	1,183457752,C,G	S757C	C1orf26	1q25	C:3033	G:421	3454	0.121887666	0	TRUE	C:53047	T:13	53060	0.000245006	1	FALSE	1	1:183457728-183457949	Other	FALSE	
1717	SA094_20_23494655	SA094	20	23494655	20,23494655,C,T	D104N	CST9L	20p11.21	DISULFID // 98 // 108 // By similarity. REGION // 70 // 559 // Repeat-rich region. /// REPEAT // 201 // 260 // 2-2.	C:9020	T:1292	10312	0.125290923	0	TRUE	C:544	N:0	544	0	1	FALSE	-1	20:23494617-23494838	Other	FALSE
1718	SA094_20_43284441	SA094	20	43284441	20,43284441,G,C	D252H	SEMG2	20q12-q13.1	G:36142	C:13646	49788	0.274082108	0	TRUE	G:126955	C:24	126979	0.000189008	1	FALSE	1	20:43284403-43284644	Other	FALSE	
1719	SA094_2_44847101	SA094	2	44847101	2,44847101,G,C	R264P	C2orf34	2p21	G:31004	C:13337	44341	0.300782571	0	TRUE	G:131076	A:27	131103	0.000205945	1	FALSE	1	2:44847062-44847293	Other	FALSE	
1720	SA094_2_54336488	SA094	2	54336488	2,54336488,G,C	S102C	TSPYL6	2p16.2	G:21218	C:12166	33384	0.364426072	0	TRUE	G:57942	A:8	57950	0.00013805	1	FALSE	-1,1	2:54336447-54336682	Other	FALSE	
1721	SA094_4_68881133	SA094	4	68881133	4,68881133,G,A	S334	YTHDC1	4q13.2	G:17881	T:3516	21397	0.164322101	0	TRUE	G:279559	A:43	279602	0.00015379	1	FALSE	-1	4:68881103-68881328	Other	FALSE	
1722	SA094_7_127751863	SA094	7	127751863	7,127751863,G,C	L442V	RBM28	7q32.1	G:3543	C:1729	5272	0.327959029	0	TRUE	G:3978	N:0	3978	0	1	FALSE	-1	7:127751834-127752059	Other	FALSE	
1723	SA094_7_136732682	SA094	7	136732682	7,136732682,C,G	D988H	DGKI	7q32.3-q33	REPEAT // 958 // 990 // ANK 1.	C:15186	G:5909	21095	0.280113771	0	TRUE	C:79529	A:7	79536	8.80E-05	1	FALSE	-1	7:136732652-136732872	Other	FALSE
1724	SA094_8_19857748	SA094	8	19857748	8,19857748,G,C	E298Q	LPL	8p22	DISULFID // 291 // 310 // By similarity. /// VARIANT // 297 // 297 // F->L (in LPL deficiency and hyperlipidemia; synthesized as a catalytically inactive form; total amount is almost equal to that of the normal enzyme; non-releasable by heparin due to the abnormal structure of the mutant protein).	G:52851	C:19512	72363	0.269640562	0	TRUE	G:97235	C:8	97243	8.23E-05	1	FALSE	1	8:19857712-19857938	Other	FALSE
1725	SA094_X_150593136	SA094	X	150593136	X,150593136,C,A	S666Y	PASD1	Xq28	COMBIAS // 665 // 668 // Poly-Ser.	C:20039	A:1454	21493	0.067649933	0	TRUE	C:6313	N:0	6313	0	1	FALSE	1	X:150593097-150593327	Other	FALSE
1726	SA094_X_54179730	SA094	X	54179730	X,54179730,T,G	I393L	FAM120C	Xp11.22	T:25627	G:9344	34971	0.267192817	0	TRUE	T:34086	C:5	34091	0.000146666	1	FALSE	-1	X:54179704-54179912	Other	FALSE	
1727	SA096_14_87721907	SA096	14	87721907	14,87721907,C,T	G448R	KCNK10	14q31	TOPO_DOM // 320 // 538 // Cytoplasmic (Potential). DISULFID // 299 // 311 // By similarity. /// STRAND // 309 // 314 // /// TOPO_DOM // 23 // 652 // Extracellular (Potential).	C:2663	T:1194	3857	0.309567021	0	TRUE	C:4251	A:1	4252	0.000235183	1	FALSE	-1	14:87721867-87722085	Other	FALSE
1728	SA096_17_35121734	SA096	17	35121734	17,35121734,C,T	S310F	ERBB2	17q11.2-q12 17q21.1	C:60222	T:19189	79411	0.241641586	0	TRUE	C:93407	A:50	93457	0.000535005	1	FALSE	1	17:35121701-35121922	Other	FALSE	
1729	SA096_17_35133746	SA096	17	35133746	17,35133746,T,C	L755S	ERBB2	17q11.2-q12 17q21.1	T:23313	C:1555	24868	0.062530159	0	TRUE	T:31827	C:33	31860	0.001035782	1	FALSE		17:35133707-35133981	Other	FALSE	
1730	SA097_10_7658685	SA097	10	7658685	10,7658685,T,G	H572P	ITIH5	10p14	T:1040	G:470	1510	0.311258278	0	TRUE	T:850	G:2	852	0.002347418	1	FALSE	-1	10:7658653-7658869	Basal	FALSE	
1731	SA097_12_56178616	SA097	12	56178616	12,56178616,G,A	R345H	MARS	12q13.2	G:3690	A:2762	6452	0.428084315	0	TRUE	G:4081	A:1	4082	0.000244978	1	FALSE	1	12:56178588-56178807	Basal	FALSE	
1732	SA097_12_6844663	SA097	12	6844663	12,6844663,A,G	K825E	USP5		A:5514	G:1184	6698	0.176769185	0	TRUE	A:5178	N:0	5178	0	1	FALSE	1	12:6844637-6844841	Basal	FALSE	
1733	SA097_15_70428633	SA097	15	70428633	15,70428633,G,A	P276L	HEXA	15q23-q24	DISULFID // 277 // 328 // By similarity.	G:8815	A:4825	13640	0.353739003	0	TRUE	G:11639	A:1	11640	8.59E-05	1	FALSE	-1	15:70428607-70428816	Basal	FALSE
1734	SA097_15_79369903	SA097	15	79369903	15,79369903,T,G	F463I	IL16	15q26.3	T:35343	A:13103	48446	0.270466086	0	TRUE	T:104246	C:34	104280	0.000326045	1	FALSE	1	15:79369880-79370087	Basal	FALSE	
1735	SA097_16_15743029	SA097	16	15743029	16,15743029,T,A				T:86981	G:30307	117288	0.258398131	0	TRUE	T:90409	C:20	90429	0.000221168	1	FALSE	-1	16:15742994-15743215	Basal	TRUE	
1736	SA097_16_20472698	SA097	16	20472698	16,20472698,T,A	E214D	ACSM2B		T:43681	A:12809	56490	0.226748097	0	TRUE	T:106683	C:27	106710	0.000253022	1	FALSE	-1	16:20472671-20472918	Basal	FALSE	

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.statistic.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.statistic	Strand	primer	PAM50	Splice.site
1745	SA097_2_108890901	SA097	2	108890901	2,108890901,G,C	N270K	EDAR	2q11-q13	TOPO_DOM // 209 // 448 // Cytoplasmic (Potential).	G:2398	C:1976	4374	0.451760402	0	TRUE	G:4171	T:2	4173	0.000479272	1	FALSE	-1	2:108890713-108890932	Basal	FALSE
1746	SA097_2_73306431	SA097	2	73306431	2,73306431,G,C					G:82920	C:22831	105751	0.21589394	0	TRUE	G:68227	T:5	68232	7.33E-05	1	FALSE		2:73306396-73306628	Basal	TRUE
1747	SA097_3_50620287	SA097	3	50620287	3,50620287,G,A	P178S	CISH	3p21.3		G:4161	A:2740	6901	0.397043907	0	TRUE	G:7234	N:0	7234	0	1	FALSE	-1	3:50620252-50620471	Basal	FALSE
1748	SA097_5_175944153	SA097	5	175944153	5,175944153,G,C	E755D	PCLKC	5q35.2	DOMAIN // 696 // 808 // Cadherin 7. /// TOPO_DOM // 21 // 1154 // Extracellular (Potential).	G:3814	C:3151	6965	0.452404882	0	TRUE	G:9197	A:1	9198	0.000108719	1	FALSE		5:175944113-175944332	Basal	FALSE
1749	SA097_6_129517341	SA097	6	129517341	6,129517341,A,T					A:51684	T:17846	69530	0.256666187	0	TRUE	A:89314	G:24	89338	0.000268643	1	FALSE	1	6:129517149-129517375	Basal	TRUE
1750	SA097_6_24555132	SA097	6	24555132	6,24555132,G,A	S578F	GPLD1	6p22.3-p22.2	REPEAT // 563 // 623 // FG-GAP 4.	G:19743	A:3893	23636	0.16470638	0	TRUE	G:23414	A:4	23418	0.000170809	1	FALSE	-1	6:24555100-24555325	Basal	FALSE
1751	SA097_7_150566155	SA097	7	150566155	7,150566155,C,G	L592V	CSG1CA-T	7q36.1	TOPO_DOM // 30 // 772 // Lumenal (Potential).	C:135	G:21	156	0.134615385	1.04E-22	TRUE	C:111	N:0	111	0	1	FALSE	1	7:150566129-150566345	Basal	FALSE
1752	SA097_7_30982582	SA097	7	30982582	7,30982582,T,C	S330P	GHRHR	7p14	TOPO_DOM // 305 // 329 // Cytoplasmic (Potential).	T:6761	C:2234	8995	0.2483602	0	TRUE	T:9750	C:15	9765	0.001536098	1	FALSE	1	7:30982543-30982764	Basal	FALSE
1753	SA097_8_101341268	SA097	8	101341268	8,101341268,G,C	P606A	RNF19A	8q22	/// TRANSMEM // 330 // 348 // Helical; Name=6; (Potential). /// VARIANT // 329 // 329 // K->E (in IGHD18).	G:755	C:56	811	0.069050555	8.71E-45	TRUE	G:374	N:0	374	0	1	FALSE	-1	8:101341073-101341309	Basal	FALSE
1754	SA097_8_131218467	SA097	8	131218467	8,131218467,C,T					C:120876	T:26203	147079	0.178155957	0	TRUE	C:308427	A:49	308476	0.000158845	1	FALSE	-1	8:131218432-131218680	Basal	TRUE
1755	SA097_X_2961418	SA097	X	2961418	X,2961418,G,A	A561T	ARSH	Xp22.33		G:25216	A:7083	32299	0.219294715	0	TRUE	G:83644	C:23	83667	0.000274899	1	FALSE	1	X:2961381-2961600	Basal	FALSE
1756	SA097_X_84249861	SA097	X	84249861	X,84249861,T,C	N70S	SATL1	Xq21.1	COMPBIAS // 8 // 336 // Gln-rich.	T:7456	C:2821	10277	0.274496448	0	TRUE	T:10191	C:5	10196	0.000490388	1	FALSE	-1	X:84249836-84250048	Basal	FALSE
1757	SA098_10_26326170	SA098	10	26326170	10,26326170,G,C	G162A	MYO3A	10p11.1	DOMAIN // 21 // 287 // Protein kinase.	G:578	C:381	959	0.397288843	0	TRUE	G:840	N:0	840	0	1	FALSE	1	10:26326142-26326367	Other	FALSE
1758	SA098_12_106461979	SA098	12	106461979	12,106461979,C,T	H475Y	BTBD11	12q23.3		C:406	T:237	643	0.368584759	0	TRUE	C:1105	N:0	1105	0	1	FALSE	1	12:106461952-106462170	Other	FALSE
1759	SA098_17_57871710	SA098	17	57871710	17,57871710,A,G		METTL2A	17q23.2		A:43883	G:43241	87124	0.496315596	0	TRUE	A:129226	C:31	129257	0.000239832	1	FALSE	1	17:57871683-57871900	Other	FALSE
1760	SA098_19_23334272	SA098	19	23334272	19,23334272,C,G	E1117Q	ZNF91	19p13.1-p12	ZN_FING // 1106 // 1128 // C2H2-type 35.	C:27852	G:30071	57923	0.51915474	0	TRUE	C:89595	A:5	89600	5.58E-05	1	FALSE	-1	19:23334231-23334458	Other	FALSE
1761	SA098_19_23334293	SA098	19	23334293	19,23334293,C,G	E1110Q	ZNF91	19p13.1-p12	ZN_FING // 1106 // 1128 // C2H2-type 35.	C:28247	G:29610	57857	0.511779041	0	TRUE	C:89479	T:10	89489	0.000111746	1	FALSE	-1	19:23334231-23334458	Other	FALSE
1762	SA098_19_46041644	SA098	19	46041644	19,46041644,C,T	R461H	CYP2A6	19q13.2	STRAND // 460 // 466 // REPEAT // 380 // 426 // Kelch 3. /// STRAND // 395 // 400 //	C:1469	T:1091	2560	0.426171875	0	TRUE	C:2195	N:0	2195	0	1	FALSE	-1	19:46041614-46041839	Other	FALSE
1763	SA098_1_201130444	SA098	1	201130444	1,201130444,G,A	R398C	KLHL12	1q32.1		G:13867	A:13001	26868	0.483884174	0	TRUE	G:44101	A:9	44110	0.000204035	1	FALSE	-1	1:201130418-201130673	Other	FALSE
1764	SA098_1_232522532	SA098	1	232522532	1,232522532,G,A	V336I	SLC35F3	1q42.2	TRANSMEM // 326 // 346 // Helical; (Potential).	G:1799	A:2066	3865	0.53454075	0	TRUE	G:4094	A:1	4095	0.0002442	1	FALSE	1	1:232522496-232522720	Other	FALSE
1765	SA098_1_238438466	SA098	1	238438466	1,238438466,C,T	P1244L	FMN2	1q43	DOMAIN // 758 // 1268 // FH1. /// COMPBIAS // 758 // 1268 // Pro-rich.	C:2809	T:2055	4864	0.422491776	0	TRUE	C:2084	N:0	2084	0	1	FALSE	1	1:238438442-238438656	Other	FALSE
1766	SA098_1_7768155	SA098	1	7768155	1,7768155,T,G	F66V	PER3	1p36.23		T:492	G:524	1016	0.515748031	0	TRUE	T:936	N:0	936	0	1	FALSE	1,1	1:7768114-7768368	Other	FALSE
1767	SA098_20_34673841	SA098	20	34673841	20,34673841,C,G	D121M	C20orf24	20q11.23	CONFLICT // 114 // 137 // LFMVCVADSFTTGHLDHLHCHPL->IVHGHLLLLFTSH	C:7044	G:2933	9977	0.293976145	0	TRUE	C:6999	N:0	6999	0	1	FALSE	-1,1	20:34673804-34674022	Other	FALSE
1768	SA098_3_114670702	SA098	3	114670702	3,114670702,C,G	A229P	CCDC52	3q13.2	PYSMMVMSDSK (in Ref. 6; AAB50849).	C:1635	G:1151	2786	0.413137114	0	TRUE	C:2311	N:0	2311	0	1	FALSE	-1	3:114670517-114670734	Other	FALSE
1769	SA098_3_58083878	SA098	3	58083878	3,58083878,G,A	G1049S	FLN8	3p14.3	HELIX // 1048 // 1051 // /// REPEAT // 1035 // 1127 // Filamin 9.	G:1353	A:737	2090	0.352631579	0	TRUE	G:1962	A:1	1963	0.000509424	1	FALSE	1	3:58083843-58084069	Other	FALSE
1770	SA098_6_106660269	SA098	6	106660269	6,106660269,G,A	S514N	PRDM1	6q21-q22.1		G:45473	A:38659	84132	0.459504113	0	TRUE	G:203269	C:30	203299	0.000147566	1	FALSE	1	6:106660238-106660462	Other	FALSE
1771	SA098_6_25907109	SA098	6	25907109	6,25907109,C,A	W429C	SLC17A1	6p23-p21.3		C:1116	A:3649	2059	0.457989315	0	TRUE	C:1822	T:1	1823	0.000548546	1	FALSE	-1	6:25906928-25907130	Other	FALSE
1772	SA098_6_71619003	SA098	6	71619003	6,71619003,C,T	T235M	SMAP1	6q13		C:329	T:253	582	0.434707904	0	TRUE	C:339	N:0	339	0	1	FALSE	1	6:71618980-71619227	Other	FALSE
1773	SA098_8_2080062	SA098	8	2080062	8,2080062,A,G	Q1383R	MYOM2	8p23.3	DOMAIN // 1345 // 1434 // Ig-like C2-type 5.	A:3007	G:1756	4763	0.368675205	0	TRUE	A:4488	C:1	4489	0.000222767	1	FALSE	1	8:2080033-2080250	Other	FALSE
1774	SA098_8_41516636	SA098	8	41516636	8,41516636,A,C	K147T	GIN54	8p11.21	HELIX // 146 // 148 //	A:202	C:230	432	0.532407407	0	TRUE	A:121	N:0	121	0	1	FALSE	1	8:41516611-41516823	Other	FALSE
1775	SA098_X_70255979	SA098	X	70255979	X,70255979,G,A	G44D	MED12	Xq13		G:14776	A:33448	48224	0.693596549	0	TRUE	G:99305	C:18	99323	0.000181227	1	FALSE	1	X:70255951-70256172	Other	FALSE
1776	SA099_12_55859441	SA099	12	55859441	12,55859441,C,T	P1601S	LRP1	12q13-q14	TOPO_DOM // 20 // 4419 // Extracellular (Potential).	C:11609	T:2355	13964	0.168647952	0	TRUE	C:6191	A:4	6195	0.000645682	1	FALSE	1	12:55859407-55859626	Other	FALSE
1777	SA099_19_62709973	SA099	19	62709973	19,62709973,A,T	N233I	ZNF773	19q13.43	ZN_FING // 219 // 241 // C2H2-type 2.	A:46470	T:5626	52096	0.107992936	0	TRUE	A:36022	C:2	36024	5.55E-05	1	FALSE	1	19:62709932-62710182	Other	FALSE
1778	SA099_2_170074959	SA099	2	170074959	2,170074959,G,C	G142A	KBTBD10	2q31.1		G:53837	C:16429	70266	0.233811516	0	TRUE	G:16631	T:3	16634	0.000180353	1	FALSE	1	2:170074924-170075144	Other	FALSE
1779	SA099_4_157058801	SA099	4	157058801	4,157058801,G,A	G343S	TDO2	4q31-q32	BINDING // 342 // 342 // Substrate (By similarity).	G:52713	A:5329	58042	0.091812825	0	TRUE	G:11605	T:3	11608	0.000258442	1	FALSE	1	4:157058772-157058990	Other	FALSE
1780	SA099_4_71728934	SA099	4	71728934	4,71728934,G,T	S976I	ENAM	4q13.3		G:76910	T:15639	92549	0.168980756	0	TRUE	G:49990	C:6	49996	0.00012001	1	FALSE	1	4:71728894-71729125	Other	FALSE
1781	SA099_7_140099605	SA099	7	140099605	7,140099605,A,T	V600E	BRAF	7q34	DOMAIN // 457 // 717 // Protein kinase. /// VARIANT // 599 // 599 // T->R (in CFC syndrome). /// VARIANT // 600 // 600 // V->D (in a melanoma cell line; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 600 // 600 // V->E (in sarcoma, colorectal adenocarcinoma, metastatic melanoma, ovarian serous carcinoma, pilocytic astrocytoma; somatic mutation; most common mutation; constitutive and elevated kinase activity; efficiently induces cell transformation; suppression of mutation in melanoma causes growth arrest and promotes apoptosis). /// VARIANT // 601 // 601 // K->E (in colorectal cancer). /// VARIANT // 601 // 601 // K->Q (in CFC syndrome).	A:2801	T:576	3377	0.170565591	0	TRUE	A:2881	G:1	2882	0.000346981	1	FALSE	-1	7:140099564-140099880	Other	FALSE
1782	SA099_X_128887902	SA099	X	128887902	X,128887902,T,C	L650P	UTP14A	Xq25		T:51017	C:5510	56527	0.097475543	0	TRUE	T:15866	C:3	15869	0.000189048	1	FALSE	1	X:128887873-128888096	Other	FALSE
1783	SA101_11_19207839	SA101	11	19207839	11,19207839,A,C	V544G	E2F8	11p15.1		A:2772	C:3136	5908	0.530805687	0	TRUE	A:6742	C:1	6743	0.000148302	1	FALSE	-1	11:19207813-19208036	Other	FALSE
1784	SA101_11_77615342	SA101	11	77615342	11,77615342,C,A	A342S	GAB2	11q14.1		C:2429	A:3390	5819	0.582574325	0	TRUE	C:8031	T:1	8032	0.000124502	1	FALSE	-1	11:77615318-77615534	Other	FALSE
1785	SA101_15_27797943	SA101	15	27797943	15,27797943,T,C	H1232R	TJP1	15q13		T:2660	C:3500	6160	0.568181818	0	TRUE	T:8435	N:0	8435	0	1	FALSE	-1	15:27797907-27798138	Other	FALSE
1786	SA101_16_29663142	SA101	16	29663142	16,29663142,G,C	S21I	C16orf54	16p11.2		G:969	C:649	1618	0.401112485	0	TRUE	G:1583	N:0	1583	0	1	FALSE	-1	16:29663109-29663336	Other	FALSE
1787	SA101_17_10369890	SA101	17	10369890	17,10369890,C,A	A1406S	MYH2	17p13.1	COILED // 845 // 1941 // Potential. UNK_DOMAIN // 302 // 292 // /// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 2																

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
1790	SA101_18_46688552	SA101	18	46688552	18,46688552,G,C	S77T	ME2	6p25-p24 18q21	HELIX // 78 // 88 //	G:245	C:168	413	0.406779661	1.75038071074283e-318	TRUE	G:319	N:0	319	0	1	FALSE	1	18:46688520-46688805	Other	FALSE
1791	SA101_19_36461403	SA101	19	36461403	19,36461403,T,A	E379V	TSHZ3	19q12		T:2194	A:1205	3399	0.354516034	0	TRUE	T:2273	C:1	2274	0.000439754	1	FALSE	-1	19:36461375-36461598	Other	FALSE
1792	SA101_1_100276433	SA101	1	100276433	1,100276433,G,T	K19N	HIA11	1p21.2	TOPO_DOM // 1 // 40 // Extracellular (Potential).	G:179	T:310	489	0.63394683	0	TRUE	G:3126	T:1	3127	0.000319795	1	FALSE	1	1:100276204-100276473	Other	FALSE
1793	SA101_1_18935010	SA101	1	18935010	1,18935010,C,T	P485S	PAX7	1p36.2-p36.12		C:824	T:1851	2675	0.691962617	0	TRUE	C:3937	N:0	3937	0	1	FALSE	1	1:18934987-18935194	Other	FALSE
1794	SA101_2_210864038	SA101	2	210864038	2,210864038,C,G	V188L	MYL1	2q33-q34	DOMAIN // 162 // 194 // EF-hand 3.	C:42898	G:23326	66224	0.352228799	0	TRUE	C:71596	T:16	71612	0.000223426	1	FALSE	-1	2:210864011-210864228	Other	FALSE
1795	SA101_3_170316426	SA101	3	170316426	3,170316426,A,T	I455N	EV11	3q24-q28		A:20740	T:9650	30390	0.317538664	0	TRUE	A:21617	C:2	21619	9.25E-05	1	FALSE	-1	3:170316390-170316618	Other	FALSE
1796	SA101_6_27907087	SA101	6	27907087	6,27907087,C,T		HIST1H4K	6p22-p21.3		C:45969	T:10453	56422	0.185264613	0	TRUE	C:67564	T:13	67577	0.000192373	1	FALSE	-1,1	6:27907060-27907334	Other	FALSE
1797	SA101_7_137025197	SA101	7	137025197	7,137025197,T	A165T	DGKI	7q32.3-q33		C:212	T:122	334	0.365269461	2.45E-247	TRUE	C:229	N:0	229	0	1	FALSE	-1	7:137025163-137025378	Other	FALSE
1798	SA101_7_86920287	SA101	7	86920287	7,86920287,T,A	I149F	ABC84	7q21.1	DOMAIN // 57 // 359 // ABC transmembrane type-1 1. /// TOPO_DOM // 140 // 188 // Cytoplasmic (By similarity). /// VARIANT // 150 // 150 // R->K (in ICP).	T:537	A:312	849	0.367491166	0	TRUE	T:529	N:0	529	0	1	FALSE	-1	7:86920034-86920328	Other	FALSE
1799	SA101_8_95003494	SA101	8	95003494	8,95003494,C,G	L11V	PPM2C	8q22.1	TRANSIT // 1 // 71 // Mitochondrion (By similarity).	C:10348	G:6937	17285	0.401330633	0	TRUE	C:14604	A:3	14607	0.000205381	1	FALSE	1	8:95003464-95003681	Other	FALSE
1800	SA102_12_74710636	SA102	12	74710636	12,74710636,G,T	H385V	LOC100131830		REGION // 352 // 389 // 14 X 2 AA repeats of P-H.	G:966	T:755	1721	0.438698431	0	TRUE	G:1984	N:0	1984	0	1	FALSE	-1	12:74710454-74710660	Other	FALSE
1801	SA102_15_56627980	SA102	15	56627980	15,56627980,C,T	T323M	LIPC	15q21-q23		C:3735	T:555	4290	0.129370629	0	TRUE	C:4650	A:2	4652	0.000429923	1	FALSE	1	15:56627946-56628161	Other	FALSE
1802	SA102_15_57170611	SA102	15	57170611	15,57170611,T,C	I902T	RNF111	15q21		T:2010	C:327	2337	0.139922978	0	TRUE	T:11879	C:6	11885	0.000504838	1	FALSE	1	15:57170572-57170843	Other	FALSE
1803	SA102_16_65531881	SA102	16	65531881	16,65531881,G,A	D200N	CS2	16q22.1		G:35774	A:8570	44344	0.193261772	0	TRUE	G:44515	A:10	44525	0.000224593	1	FALSE	1	16:65531841-65532057	Other	FALSE
1804	SA102_17_23944129	SA102	17	23944129	17,23944129,G,C	S87	SPAG5	17q11.2		G:372	C:167	539	0.309833024	9.49E-257	TRUE	G:376	N:0	376	0	1	FALSE	-1,-1	17:23944091-23944353	Other	FALSE
1805	SA102_17_35442520	SA102	17	35442520	17,35442520,C,T	V282I	MED24	17q21.1		C:2874	T:2032	4906	0.41418671	0	TRUE	C:4284	A:1	4285	0.000233372	1	FALSE	-1	17:35442494-35442702	Other	FALSE
1806	SA102_20_23369006	SA102	20	23369006	20,23369006,G,C	K34N	CS11	20p11.21		G:104403	C:36928	141331	0.261287333	0	TRUE	G:451975	C:63	452038	0.000139369	1	FALSE	1	20:23368966-23369194	Other	FALSE
1807	SA102_22_16460985	SA102	22	16460985	22,16460985,G,T	Q169K	ATP6V1E1	2pter-q11.2 22q11.1		G:60773	T:13058	73831	0.176863377	0	TRUE	G:209526	A:30	209556	0.00014316	1	FALSE	-1	22:16460959-16461176	Other	FALSE
1808	SA102_4_20200433	SA102	4	20200433	4,20200433,T,A	C1053S	SLIT2	4p15.2	DISULFID // 1040 // 1053 // By similarity. /// DISULFID // 1047 // 1062 // By similarity. /// DOMAIN // 1036 // 1074 // EGF-like 4.	T:145	A:26	171	0.152046784	3.45E-40	TRUE	T:419	A:1	420	0.002380952	1	FALSE	1	4:20200394-20200680	Other	FALSE
1809	SA103_12_7235494	SA103	12	7235494	12,7235494,G,A	D127N	PEX5	12p13.3		G:6901	A:385	7286	0.052841065	0	TRUE	G:6933	C:1	6934	0.000144217	1	FALSE	1	12:7235469-7235684	Other	FALSE
1810	SA103_14_94630102	SA103	14	94630102	14,94630102,G,A	S1747L	DICER1	14q32.13	DOMAIN // 1666 // 1824 // RNase III 2. /// HELIX // 1742 // 1751 //	G:24560	A:6022	30582	0.196913217	0	TRUE	G:30038	A:10	30048	0.000332801	1	FALSE	-1	14:94630074-94630286	Other	FALSE
1811	SA103_2_162936655	SA103	2	162936655	2,162936655,G,A	S1174L	KCNH7	2q24.2	TOPO_DOM // 663 // 1196 // Cytoplasmic (Potential).	G:6770	A:1222	7992	0.152902903	0	TRUE	G:21854	A:3	21857	0.000137256	1	FALSE	-1	2:162936622-162936869	Other	FALSE
1812	SA103_4_90388355	SA103	4	90388355	4,90388355,C,G	E644Q	GPRIN3	4q22.1		C:312	G:174	486	0.358024691	9.38E-294	TRUE	C:445	G:7	452	0.015486726	0.008105613	FALSE	-1	4:90388135-90388376	Other	FALSE
1813	SA103_7_65343049	SA103	7	65343049	7,65343049,G,A	D68N	TPST1	7q11.21	TOPO_DOM // 26 // 370 // Luminal (Potential).	G:56161	A:15869	72030	0.220310982	0	TRUE	G:30026	C:4	30030	0.0001332	1	FALSE	1	7:65343020-65343240	Other	FALSE
1814	SA103_7_87011490	SA103	7	87011490	7,87011490,A,C	M701R	ABC81	7q21.1	TOPO_DOM // 347 // 710 // Cytoplasmic (Potential).	A:2176	C:256	2432	0.105263158	0	TRUE	A:2642	G:2	2644	0.00075643	1	FALSE	-1	7:87011449-87011798	Other	FALSE
1815	SA106_10_126673061	SA106	10	126673061	10,126673061,G,C	N249K	TBP2	10q26.13	NP_BIND // 243 // 249 // NAD.	G:206	C:13	219	0.059360731	5.26E-10	TRUE	G:253	C:4	257	0.015564202	0.227409575	FALSE	-1	10:126673029-126673257	Basal	FALSE
1816	SA106_10_37545309	SA106	10	37545309	10,37545309,G,G	Q1022E	ANKRD30A	10p11.21	COILED // 998 // 1188 // Potential.	C:3055	G:431	3486	0.123637407	0	TRUE	C:428	N:0	428	0	1	FALSE	1	10:37545278-37545521	Basal	FALSE
1817	SA106_10_55261147	SA106	10	55261147	10,55261147,G,A	A1379V	PCDH15	10q21.1	TRANSMEM // 1377 // 1397 // Helical; (Potential).	G:1787	A:835	2622	0.318459191	0	TRUE	G:874	N:0	874	0	1	FALSE	-1	10:55261117-55261419	Basal	FALSE
1818	SA106_10_64085226	SA106	10	64085226	10,64085226,C,G	Q74E	ZNF365	10q21.2		C:539	G:450	989	0.455005056	0	TRUE	C:881	N:0	881	0	1	FALSE	1	10:64085185-64085417	Basal	FALSE
1819	SA106_11_118284489	SA106	11	118284489	11,118284489,T,C	M38V	BCL9L	11q23.3		T:527	C:241	768	0.313802083	0	TRUE	T:186	N:0	186	0	1	FALSE	-1	11:118284464-118284668	Basal	FALSE
1820	SA106_11_120489562	SA106	11	120489562	11,120489562,G,A	V239I	TECTA	11q22-q24	DOMAIN // 98 // 252 // NIDO.	G:4895	A:3778	8673	0.43560475	0	TRUE	G:1303	N:0	1303	0	1	FALSE	-1	11:120489524-120489757	Basal	FALSE
1821	SA106_11_66129597	SA106	11	66129597	11,66129597,G,A	G210E	CCS	11q13	REGION // 88 // 234 // Superoxide dismutase-like. /// DISULFID // 141 // 227 //	G:8830	A:3244	12074	0.268676495	0	TRUE	G:4078	N:0	4078	0	1	FALSE	1	11:66129568-66129794	Basal	FALSE
1822	SA106_11_67681762	SA106	11	67681762	11,67681762,G,C	R876T	SUV420H1	11q13.2		C:754	G:199	953	0.208814271	0	TRUE	C:127	N:0	127	0	1	FALSE	-1	11:67681530-67681801	Basal	FALSE
1823	SA106_12_10042960	SA106	12	10042960	12,10042960,G,G	D3H6	CLEC1B		TOPO_DOM // 1 // 33 // Cytoplasmic (Potential).	C:37743	G:12158	49901	0.243642412	0	TRUE	C:13988	T:5	13993	0.000357322	1	FALSE	-1,1	12:10042921-10043169	Basal	FALSE
1824	SA106_12_107124310	SA106	12	107124310	12,107124310,G,T	R166L	WSCD2	12q23.3	DOMAIN // 127 // 219 // WSC 1.	G:3632	T:2704	6336	0.426767677	0	TRUE	G:6996	A:1	6997	0.000142918	1	FALSE	1	12:107124271-107124505	Basal	FALSE
1825	SA106_12_12209468	SA106	12	12209468	12,12209468,C,T	R525Q	LRP6	12p11-p13	REGION // 328 // 589 // Beta-propeller 2. /// REPEAT // 502 // 542 // LDL-receptor class B 9. /// TOPO_DOM // 20 // 1370 // Extracellular (Potential).	C:5001	T:1557	6558	0.237419945	0	TRUE	C:2828	N:0	2828	0	1	FALSE	-1,1	12:12209432-12209699	Basal	FALSE
1826	SA106_12_91682047	SA106	12	91682047	12,91682047,C,T	P294S	PLEKHG7	12q22	DOMAIN // 223 // 356 // PH.	C:24636	T:5393	30029	0.17959306	0	TRUE	C:11604	G:4	11608	0.00034459	1	FALSE	1	12:91681857-91682087	Basal	FALSE
1827	SA106_13_112778441	SA106	13	112778441	13,112778441,A,C	E520A	MCF2L		COILED // 503 // 529 // Potential.	A:5577	C:977	6554	0.149069271	0	TRUE	A:3640	C:1	3641	0.00027465	1	FALSE	1	13:112778406-112778621	Basal	FALSE
1828	SA106_13_113336298	SA106	13	113336298	13,113336298,C,G	I189M	TFDP1	13q34	DNA_BIND // 113 // 195 // Potential. /// MOTIF // 161 // 195 // DEF box.	C:3396	G:704	4100	0.171707317	0	TRUE	C:1656	N:0	1656	0	1	FALSE	1	13:113336114-113336338	Basal	FALSE
1829	SA106_13_26743848	SA106	13	26743848	13,26743848,G,C	G85A	RASL11A	-	NP_BIND // 81 // 85 // GTP (By similarity). /// REGION // 17 // 241 // Small GTPase-like.	G:1323	C:283	1606	0.176214197	0	TRUE	G:1244	N:0	1244	0	1	FALSE	1	13:26743813-26744036	Basal	FALSE
1830	SA106_14_103263947	SA106	14	103263947	14,103263947,C,T	L101F	ZFYVE21	14q32.33	ZN_FING // 44 // 104 // FYVE-type.	C:332	T:854	1186	0.720067454	0	TRUE	C:1793	N:0	1793	0	1	FALSE	1	14:103263907-103264140	Basal	FALSE
1831	SA106_14_61277634	SA106	14	61277634	14,61277634,G,A	V690M	HIF1A	14q21-q24	REGION // 576 // 785 // ID.	G:1269	A:495	1764	0.280612245	0	TRUE	G:1094	C:1	1095	0.000913242	1	FALSE	1	14:61277606-61277873	Basal	FALSE
1832	SA106_15_39138160	SA106	15	39138160	15,39138160,G,G	D652H	INOC1	15q15.1	DOMAIN // 530 // 701 // Helicase ATP-binding.	C:757	G:1745	2502	0.												

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
1858	SA106_1_23256618	SA106	1	23256618	1,23256618,C,G	L329V	AOF2	1p36.12	REGION // 300 // 852 // Demethylase activity. /// STRAND // 325 // 330 //	C:7070	G:2428	9498	0.255632765	0	TRUE	C:5576	A:1	5577	0.000179308	1	FALSE	1	1:23256586-23256833	Basal	FALSE
1859	SA106_1_28735899	SA106	1	28735899	1,28735899,G,C	G331R	RCC1	1p36.1	REPEAT // 312 // 362 // RCC1 6.	G:5330	C:4217	9547	0.441709438	0	TRUE	G:3935	T:1	3936	0.000254065	1	FALSE	1	1:28735711-28735931	Basal	FALSE
1860	SA106_1_31823674	SA106	1	31823674	1,31823674,G,C	A365	TINAGL1	1p35.2		G:167548	C:143775	311323	0.461819397	0	TRUE	G:172752	A:19	172771	0.000109972	1	FALSE	1	1:31823634-31823855	Basal	TRUE
1861	SA106_1_54196538	SA106	1	54196538	1,54196538,C,T	S201F	LRRC42	1p33-p32.1	REPEAT // 202 // 222 // LRR 3.	C:33020	T:12306	45326	0.271499801	0	TRUE	C:11960	A:1	11961	8.36E-05	1	FALSE	1	1:54196511-54196729	Basal	FALSE
1862	SA106_1_67201389	SA106	1	67201389	1,67201389,G,C		MIER1	1p31.3		G:83480	C:35767	119247	0.299940046	0	TRUE	G:53854	A:9	53863	0.000167091	1	FALSE	1	1:67201360-67201576	Basal	FALSE
1863	SA106_1_75984108	SA106	1	75984108	1,75984108,A,T	D210V	ACADM	1p31		A:47400	T:8069	55469	0.14546864	0	TRUE	A:22832	G:5	22837	0.000218943	1	FALSE	1	1:75983891-75984136	Basal	FALSE
1864	SA106_1_7720845	SA106	1	7720845	1,7720845,C,T	L1300F	CAMTA1	1p36.31-p36.23		C:33500	T:8130	41630	0.195291857	0	TRUE	C:5995	A:3	5998	0.000500167	1	FALSE	1	1:7720814-7721042	Basal	FALSE
1865	SA106_1_7769484	SA106	1	7769484	1,7769484,G,C					G:145553	C:56180	201733	0.278486911	0	TRUE	G:325063	C:29	325092	8.92E-05	1	FALSE	1,1	1:7769450-7769680	Basal	TRUE
1866	SA106_20_32513571	SA106	20	32513571	20,32513571,A,C	E477D	ITCH	20q11.22-q11.23	DOMAIN // 478 // 511 // WW 4.	A:25782	C:7975	33757	0.236247297	0	TRUE	A:22517	G:5	22522	0.000222005	1	FALSE	1	20:32513375-32513610	Basal	TRUE
1867	SA106_20_52208926	SA106	20	52208926	20,52208926,T,A	K378N	CYP24A1	20q13		T:313	A:181	494	0.366396761	1.32E-296	TRUE	T:353	N:0	353	0	1	FALSE	-1	20:52208890-52209170	Basal	FALSE
1868	SA106_20_5852138	SA106	20	5852138	20,5852138,G,T	E450	CHGB	20pter-p12	PEPTIDE // 440 // 513 // GAWK peptide.	G:4487	T:2494	6981	0.357255408	0	TRUE	G:6818	N:0	6818	0	1	FALSE	1	20:5852102-5852334	Basal	FALSE
1869	SA106_21_43063936	SA106	21	43063936	21,43063936,C,T	R549C	PDE9A	21q22.3		C:88238	T:31731	119969	0.264493327	0	TRUE	C:25101	T:8	25109	0.000318611	1	FALSE	1	21:43063901-43064127	Basal	FALSE
1870	SA106_22_17882541	SA106	22	17882541	22,17882541,C,G	S470R	CDC45L	22q11.21		C:13232	G:2819	16051	0.175627687	0	TRUE	C:3260	G:1	3261	0.000306654	1	FALSE	1	22:17882512-17882737	Basal	FALSE
1871	SA106_22_29666821	SA106	22	29666821	22,29666821,C,G	M276I	MORC2	22q12.2		C:231413	G:75133	306546	0.245095353	0	TRUE	C:37326	A:13	37339	0.000348161	1	FALSE	-1	22:29666796-29667005	Basal	FALSE
1872	SA106_2_136264821	SA106	2	136264821	2,136264821,C,T	E1738K	LCT	2q21	REGION // 87 // 1841 // 4 X approximate repeats. /// REPEAT // 1370 // 1841 // 4. /// TOPO_DOM // 20 // 1882 // Extracellular (Potential).	C:517	T:110	627	0.175438596	5.31E-140	TRUE	C:449	N:0	449	0	1	FALSE	-1	2:136264789-136265012	Basal	FALSE
1873	SA106_2_169805924	SA106	2	169805924	2,169805924,G,T	L1289I	LRP2	2q24-q31	DISULFID // 1278 // 1296 // By similarity. /// DISULFID // 1290 // 1305 // By similarity. /// DOMAIN // 1269 // 1307 // LDL-receptor class A 14. /// TOPO_DOM // 26 // 4423 // Extracellular (Potential).	G:2668	T:2768	5436	0.50919794	0	TRUE	G:4423	N:0	4423	0	1	FALSE	-1	2:169805890-169806111	Basal	FALSE
1874	SA106_2_43305982	SA106	2	43305982	2,43305982,C,G	K155N	ZFP36L2	2p22.3-p21	ZN_FING // 153 // 181 // C3H1-type 1. /// MOTIF // 153 // 158 // RNA-binding. /// TURN // 152 // 155 // /// STRAND // 156 // 158 //	C:139	G:176	315	0.558730159	0	TRUE	C:528	N:0	528	0	1	FALSE	-1	2:43305792-43306010	Basal	FALSE
1875	SA106_2_84630693	SA106	2	84630693	2,84630693,G,A					G:206583	A:39376	245959	0.160091723	0	TRUE	G:172617	A:17	172634	9.85E-05	1	FALSE	1	2:84630661-84630889	Basal	TRUE
1876	SA106_3_130786094	SA106	3	130786094	3,130786094,C,T	G618D	PLXND1	3q21.3	TOPO_DOM // 47 // 1271 // Extracellular (Potential). /// VARIANT // 617 // 617 // P->S (in dbSNP:rs2285372).	C:2540	T:2742	5282	0.519121545	0	TRUE	C:6245	T:4	6249	0.000640102	1	FALSE	-1	3:130785898-130786122	Basal	FALSE
1877	SA106_3_13402856	SA106	3	13402856	3,13402856,T,A	N246Y	NUP210	3p25.1	TOPO_DOM // 27 // 1808 // Lumenal (Probable).	T:1324	A:384	1708	0.224824356	0	TRUE	T:591	N:0	591	0	1	FALSE	-1	3:13402827-13403048	Basal	FALSE
1878	SA106_3_167030572	SA106	3	167030572	3,167030572,G,A	S315L	BCHE	3q26.1-q26.2		G:32151	A:14799	46950	0.315207668	0	TRUE	G:11683	C:5	11688	0.000427789	1	FALSE	-1	3:167030531-167030762	Basal	FALSE
1879	SA106_3_21442159	SA106	3	21442159	3,21442159,C,G	K227N	ZNF385D	3p24.3	ZN_FING // 204 // 234 // Matrin-type 2.	C:20709	G:12131	32840	0.369397077	0	TRUE	C:4877	N:0	4877	0	1	FALSE	-1	3:21442135-21442344	Basal	FALSE
1880	SA106_4_109088054	SA106	4	109088054	4,109088054,G,T	M400I	CYP2U1	4q25		G:6314	T:2626	8940	0.293736018	0	TRUE	G:3759	A:2	3761	0.000531773	1	FALSE	1	4:109088023-109088240	Basal	FALSE
1881	SA106_4_169839111	SA106	4	169839111	4,169839111,G,T	G381	PALLD	4q32.3		G:2294	T:1328	3622	0.366648261	0	TRUE	G:3779	A:2	3781	0.000528961	1	FALSE	1	4:169838922-169839142	Basal	FALSE
1882	SA106_5_180268383	SA106	5	180268383	5,180268383,T,C	Y81H	BTNL8	5q35.3	DISULFID // 40 // 114 // By similarity. /// DOMAIN // 19 // 132 // Ig-like V-type 1. /// TOPO_DOM // 18 // 238 // Extracellular (Potential).	T:46197	C:12748	58945	0.216269404	0	TRUE	T:8407	C:8	8415	0.000950683	1	FALSE	1	5:180268354-180268579	Basal	FALSE
1883	SA106_5_34064704	SA106	5	34064704	5,34064704,C,A	Q131H	C1QTNF3	-	DOMAIN // 113 // 246 // C1q.	C:166	A:54	220	0.245454545	1.57E-93	TRUE	C:152	N:0	152	0	1	FALSE	-1	5:34064675-34064898	Basal	FALSE
1884	SA106_5_9683045	SA106	5	9683045	5,9683045,C,T	D34N	TAS2R1	5p15	TOPO_DOM // 31 // 55 // Cytoplasmic (Potential).	C:5371	T:1741	7112	0.244797525	0	TRUE	C:14298	A:3	14301	0.000209776	1	FALSE	-1	5:9683010-9683228	Basal	FALSE
1885	SA106_6_116395412	SA106	6	116395412	6,116395412,T,C	K265R	FRK	6q21-q22.3	DOMAIN // 234 // 491 // Protein kinase.	T:18508	C:3436	21944	0.156580386	0	TRUE	T:2653	N:0	2653	0	1	FALSE	-1	6:116395387-116395603	Basal	FALSE
1886	SA106_6_150046956	SA106	6	150046956	6,150046956,G	S321T	LATS1	6q24-q25.1		C:6308	G:6792	13100	0.518473282	0	TRUE	C:10960	N:0	10960	0	1	FALSE	-1	6:150046917-150047144	Basal	FALSE
1887	SA106_6_26360203	SA106	6	26360203	6,26360203,A,G	T116A	HIST1H2BH	6p21.3		A:14200	G:1361	15561	0.087462245	0	TRUE	A:9783	C:2	9785	0.000204394	1	FALSE	1	6:26360170-26360393	Basal	FALSE
1888	SA106_6_43433108	SA106	6	43433108	6,43433108,G,T	P308T	ZNF318	6pter-p12.1	MOD_RES // 307 // 307 // Phosphoserine.	G:57176	T:18239	75415	0.241848439	0	TRUE	G:19736	T:2	19738	0.000101327	1	FALSE	-1	6:43433073-43433303	Basal	FALSE
1889	SA106_6_43716201	SA106	6	43716201	6,43716201,T,A	Y260N	MAD2L1BP	6p21.1	TURN // 254 // 259 // /// STRAND // 260 // 264 // REGION // 2747 // 2898 // Triple-helical region (COL2) with 1 imperfection.	T:18062	A:3809	21871	0.17415756	0	TRUE	T:7135	C:7	7142	0.000980118	1	FALSE	-1	6:43716167-43716384	Basal	FALSE
1890	SA106_6_75870224	SA106	6	75870224	6,75870224,G,T	P2763H	COL12A1	6q12-q13		G:703	T:1320	2023	0.652496293	0	TRUE	G:701	N:0	701	0	1	FALSE	-1	6:75870193-75870414	Basal	FALSE
1891	SA106_7_139301792	SA106	7	139301792	7,139301792,G,T	W202L	TBXAS1	7q34-q35	TOPO_DOM // 97 // 223 // Cytoplasmic (Potential).	G:185	T:409	594	0.688552189	0	TRUE	G:634	N:0	634	0	1	FALSE	1	7:139301598-139301820	Basal	FALSE
1892	SA106_7_23266755	SA106	7	23266755	7,23266755,G,C	G286R	GPNNMB	7p15	DOMAIN // 240 // 327 // PKD. /// TOPO_DOM // 22 // 486 // Extracellular (Potential).	G:387	C:158	545	0.289908257	1.16E-239	TRUE	G:706	N:0	706	0	1	FALSE	1	7:23266720-23266940	Basal	FALSE
1893	SA106_7_94879590	SA106	7	94879590	7,94879590,G,C	P113A	PON2	7q21.3	ACT_SITE // 114 // 114 // Proton acceptor (By similarity). /// DISULFID // 42 // 352 // By similarity.	G:76241	C:29323	105564	0.27777462	0	TRUE	G:47927	A:6	47933	0.000125175	1	FALSE	-1	7:94879560-94879802	Basal	FALSE
1894	SA106_8_111054139	SA106	8	111054139	8,111054139,T,C	E172G	KCNV1	8q22.3-q24.1	TOPO_DOM // 1 // 210 // Cytoplasmic (Potential).	T:10956	C:2194	13150	0.166844106	0	TRUE	T:2886	N:0	2886	0	1	FALSE	-1	8:111054111-111054353	Basal	FALSE
1895	SA106_8_113310260	SA106	8	113310260	8,113310260,T,A	Q3622L	CSMD3	8q23.3	TOPO_DOM // 64 // 3630 // Extracellular (Potential). /// VARIANT // 3621 // 3621 // N->H (in dbSNP:rs1592624).	T:115	A:73	188	0.388297872	8.77E-122	TRUE	T:101	N:0	101	0	1	FALSE	-1	8:113310229-113310484	Basal	FALSE
1896	SA106_8_25359658	SA106	8	25359658	8,25359658,G,C	S25C	KCTD9	8p21.1	DOMAIN // 3 // 82 // KHA.	G:21753	C:6953	28706	0.242214171	0	TRUE	G:10148	A:2	10150	0.000197044	1	FALSE	-1	8:25359617-25359841	Basal	FALSE
1897	SA106_9_103337567	SA106	9	103337567	9,103337567,G,T	G14V	RNF20	9q22		G:3294	T:831	4125	0.201454545	0	TRUE	G:1117	N:0	1117	0	1	FALSE	1	9:103337531-103337752	Basal	FALSE
1898	SA106_9_130931163	SA106	9	130931163	9,130931163,G,T	R134W	PPP2R4	9q34	STRAND // 134 // 136 //	C:1102	T:939	2041	0.460068594	0	TRUE	C:2217	T:1	2218	0.000450857	1	FALSE	1	9:130931127-130931412	Basal	FALSE
1899	SA208_10_13521272	SA208	10	13521272	10,13521272,G,A	S489L	C10orf30	10p13		G:54396	A:14411	68807	0.2094409	0	TRUE	G:63647	A:7	63654	0.00010997	1	FALSE	-1	10:13521235-13521455	Basal	FALSE
1900	SA208_11_62043991	SA208	11	62043991	11,62043991,A,C	I4825S	A																		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.status	Strand	primer	PAM50	Splice.site
1920	SA208_5_146760471	SA208	5	146760471	5,146760471,A,T	S363T	DPYSL3	5q32		A:3072	T:4278	7350	0.582040816	0	TRUE	A:7342	G:2	7344	0.000272331	1	FALSE		-1 5:146760430-146760659	Basal	FALSE
1921	SA208_5_67627003	SA208	5	67627003	5,67627003,G,C					G:111304	C:175838	287142	0.612372972	0	TRUE	G:174385	T:27	174412	0.000154806	1	FALSE		-1 5:67626809-67627028	Basal	TRUE
1922	SA208_6_90096395	SA208	6	90096395	6,90096395,A,G	Y227H	UBE2J1	6q15	TOPO_DOM // 1 // 282 // Cytoplasmic (Potential).	A:667	G:1189	1856	0.640625	0	TRUE	A:2330	C:1	2331	0.000429	1	FALSE		-1 6:90096364-90096606	Basal	FALSE
1923	SA208_8_120913953	SA208	8	120913953	8,120913953,C,G	M11I	TA2F	8q24.12		C:2653	G:1619	4272	0.378979401	0	TRUE	C:1808	N:0	1808	0	1	FALSE		-1 8:120913924-120914133	Basal	FALSE
1924	SA208_X_50393693	SA208	X	50393693	X,50393693,G,T	P707Q	SHROOM4	Xp11.22		G:29911	T:15242	45153	0.337563396	0	TRUE	G:44018	T:4	44022	9.09E-05	1	FALSE		-1 X:50393657-50393882	Basal	FALSE
1925	SA210_11_10777746	SA210	11	10777746	11,10777746,A,C	Y751	EIF4G2	11p15		A:9407	C:2511	11918	0.210689713	0	TRUE	A:21224	C:5	21229	0.000235527	1	FALSE		-1 11:10777705-10777940	Other	FALSE
1926	SA210_11_20825796	SA210	11	20825796	11,20825796,C,T	R143C	NELL1	11p15.2-p15.1	DOMAIN // 81 // 230 // TSP N-terminal.	C:1227	T:1645	2872	0.572771588	0	TRUE	C:1454	T:1	1455	0.000687285	1	FALSE		-1 11:20825757-20825992	Other	FALSE
1927	SA210_11_32573061	SA210	11	32573061	11,32573061,C,A	P215T	EIF3M	11p13		C:6205	A:2398	8603	0.278739974	0	TRUE	C:12026	T:2	12028	0.000166279	1	FALSE		1 11:32573029-32573255	Other	FALSE
1928	SA210_12_12375058	SA210	12	12375058	12,12375058,G,C	H156D	MANSC1	12p13.2	TOPO_DOM // 27 // 385 // Extracellular (Potential).	G:5350	C:1677	7027	0.238650918	0	TRUE	G:10447	C:2	10449	0.000191406	1	FALSE		-1 12:12375032-12375267	Other	FALSE
1929	SA210_12_5931849	SA210	12	5931849	12,5931849,G,A	P2695L	VWF	12p13.3		G:38520	A:8760	47280	0.185279188	0	TRUE	G:38228	C:5	38233	0.000130777	1	FALSE		-1 12:5931810-5932053	Other	FALSE
1930	SA210_12_79729463	SA210	12	79729463	12,79729463,G,T	T205I	LIN7A	12q21		G:2318	A:766	3084	0.248378729	0	TRUE	G:2375	T:1	2376	0.000420875	1	FALSE		-1 12:79729426-79729650	Other	FALSE
1931	SA210_12_97517988	SA210	12	97517988	12,97517988,T,C	C257R	SLC25A3	12q23	TOPO_DOM // 239 // 261 // Mitochondrial intermembrane (Potential).	T:31753	C:9816	41569	0.236137506	0	TRUE	T:37559	C:12	37571	0.000319395	1	FALSE		1 12:97517954-97518182	Other	FALSE
1932	SA210_13_51850516	SA210	13	51850516	13,51850516,G,T	Y530	THSD1	13q14.3	TOPO_DOM // 435 // 852 // Cytoplasmic (Potential).	G:6850	T:1624	8474	0.191645032	0	TRUE	G:5765	A:8	5773	0.001385761	1	FALSE		-1 13:51850484-51850709	Other	FALSE
1933	SA210_16_67400148	SA210	16	67400148	16,67400148,C,A	Q195K	CDH1	16q22.1	DOMAIN // 155 // 262 // Cadherin 1. /// STRAND // 188 // 195 // /// TOPO_DOM // 155 // 709 // Extracellular (Potential). /// TURN // 196 // 198 // ZN_FING // 389 // 417 // C2H2-type 5.	C:9667	A:2803	12470	0.224779471	0	TRUE	C:10820	T:3	10823	0.000277187	1	FALSE		1 16:67400119-67400329	Other	FALSE
1934	SA210_18_5281019	SA210	18	5281019	18,5281019,C,G	K396N	ZFP161			C:33491	G:9067	42558	0.213050425	0	TRUE	C:32747	A:4	32751	0.000122134	1	FALSE		-1 18:5280982-5281215	Other	FALSE
1935	SA210_19_11268037	SA210	19	11268037	19,11268037,G,C	V22L	TSPAN16	19p13.2	TRANSMEM // 14 // 34 // Helical; (Potential).	G:6049	C:1872	7921	0.236333796	0	TRUE	G:5452	T:2	5454	0.000366703	1	FALSE		-1 19:11267846-11268064	Other	FALSE
1936	SA210_19_6701327	SA210	19	6701327	19,6701327,C,G	R418G	TRIP10	19p13.3		C:557	G:155	712	0.217696629	1.16E-242	TRUE	C:1603	N:0	1603	0	1	FALSE		1 19:6701305-6701518	Other	FALSE
1937	SA210_1_109667145	SA210	1	109667145	1,109667145,C,G	Q652H	SORT1	1.3-p13.1 1p21.3-p13.1	DISULFID // 612 // 651 // /// DISULFID // 634 // 666 // /// REGION // 612 // 756 // Interactions with LRPAP1 and NGFB. /// TOPO_DOM // 78 // 755 // Extracellular (Potential).	C:45674	G:10106	55780	0.181176049	0	TRUE	C:30991	T:5	30996	0.000161311	1	FALSE		-1 1:109667115-109667320	Other	FALSE
1938	SA210_1_166008182	SA210	1	166008182	1,166008182,C,G	P102R	MPZL1	1q24.2	DISULFID // 58 // 135 // By similarity. /// DOMAIN // 36 // 146 // Ig-like V-type. /// TOPO_DOM // 36 // 162 // Extracellular (Potential).	C:18337	G:3589	21926	0.163686947	0	TRUE	C:19172	A:1	19173	5.22E-05	1	FALSE		1 1:166008143-166008371	Other	FALSE
1939	SA210_1_172467092	SA210	1	172467092	1,172467092,C,T	P173L	RABGAP1L	1q24	DOMAIN // 126 // 282 // PID.	C:78278	T:16136	94414	0.170906857	0	TRUE	C:57016	A:15	57031	0.000263015	1	FALSE		1 1:172467061-172467281	Other	FALSE
1940	SA210_1_210597191	SA210	1	210597191	1,210597191,A,C	K390Q	PPP2R5A	1q32.2-q32.3	CONFLICT // 389 // 389 // D->N (in Ref. 5; AAH22474).	A:3014	C:703	3717	0.18913102	0	TRUE	A:3327	N:0	3327	0	1	FALSE		1 1:210596986-210597225	Other	FALSE
1941	SA210_1_214310150	SA210	1	214310150	1,214310150,G,C	L1989V	USH2A	1q41	DOMAIN // 1954 // 2051 // Fibronectin type-III 6. /// TOPO_DOM // 32 // 5042 // Extracellular (Potential).	G:16831	C:4397	21228	0.20713209	0	TRUE	G:25651	C:3	25654	0.000116941	1	FALSE		-1 1:214310124-214310344	Other	FALSE
1942	SA210_1_214604928	SA210	1	214604928	1,214604928,C,G	Q258H	USH2A	1q41	TOPO_DOM // 32 // 5042 // Extracellular (Potential).	C:7276	G:1665	8941	0.186220781	0	TRUE	C:12193	T:4	12197	0.000327949	1	FALSE		-1 1:214604726-214604955	Other	FALSE
1943	SA210_1_27627945	SA210	1	27627945	1,27627945,G,C	R15G	WASF2	1p36.11-p34.3		G:1374	C:271	1645	0.164741641	0	TRUE	G:320	N:0	320	0	1	FALSE		-1 1:27627913-27628219	Other	FALSE
1944	SA210_1_35798690	SA210	1	35798690	1,35798690,C,G	D117E	NCDN	1p34.3		C:1866	G:1075	2941	0.365521931	0	TRUE	C:1867	N:0	1867	0	1	FALSE		1 1:35798670-35798872	Other	FALSE
1945	SA210_1_59021034	SA210	1	59021034	1,59021034,G,T	C99	JUN	1p32-p31		G:3477	T:1271	4748	0.26769166	0	TRUE	G:3773	A:3	3776	0.000794942	1	FALSE		-1 1:59021010-59021229	Other	FALSE
1946	SA210_22_30682433	SA210	22	30682433	22,30682433,G,A	R132H	YWHAH	22q12.3	SITE // 132 // 132 // Interaction with phosphoserine on interacting protein. /// HELIX // 117 // 137 //	G:19744	A:4839	24583	0.196843347	0	TRUE	G:19849	A:7	19857	0.000402881	1	FALSE		1 22:30682396-30682612	Other	FALSE
1947	SA210_2_113021555	SA210	2	113021555	2,113021555,G,C	K144N	POLR1B	2q13		G:40428	C:11757	52185	0.225294625	0	TRUE	G:74543	C:7	74550	9.39E-05	1	FALSE		1 2:113021514-113021787	Other	FALSE
1948	SA210_2_113452729	SA210	2	113452729	2,113452729,G,C	V15L	IL1F9	2q12-q21		G:8768	C:1935	10703	0.180790433	0	TRUE	G:10219	C:2	10221	0.000195676	1	FALSE		1 2:113452704-113452919	Other	FALSE
1949	SA210_2_130549096	SA210	2	130549096	2,130549096,C,T	E807K	A26C1B		REGION // 702 // 1075 // Actin-like.	C:4929	T:1010	5939	0.1700623	0	TRUE	C:4989	N:0	4989	0	1	FALSE		-1 2:130549068-130549281	Other	FALSE
1950	SA210_2_140799864	SA210	2	140799864	2,140799864,A,G	S4093P	LRP1B	2q21.2	REPEAT // 4083 // 4127 // LDL-receptor class B 36. /// TOPO_DOM // 25 // 4444 // Extracellular (Potential).	A:31247	G:7281	38528	0.188979444	0	TRUE	A:62337	C:13	62350	0.0002085	1	FALSE		-1 2:140799832-140800061	Other	FALSE
1951	SA210_2_172530566	SA210	2	172530566	2,172530566,T,C	C168R	HAT1	2q31.2-q33.1		T:21756	C:6789	28545	0.237834997	0	TRUE	T:25344	C:6	25350	0.000236686	1	FALSE		1 2:172530526-172530746	Other	FALSE
1952	SA210_2_237918157	SA210	2	237918157	2,237918157,G,C	Q2415E	COL6A3	2q37	DOMAIN // 2402 // 2581 // VWFA 11. /// REGION // 2376 // 3177 // Nonhelical region.	G:1950	C:622	2572	0.241835148	0	TRUE	G:1416	N:0	1416	0	1	FALSE		-1 2:237918118-237918348	Other	FALSE
1953	SA210_3_150728354	SA210	3	150728354	3,150728354,G,C	M288I	WWTR1	3q23-q24		C:5287	G:763	6050	0.126115702	0	TRUE	C:2162	N:0	2162	0	1	FALSE		-1 3:150728316-150728548	Other	FALSE
1954	SA210_3_18368683	SA210	3	18368683	3,18368683,G,G	L528F	SATB1	3p23	DNA_BIND // 484 // 571 // CUT 2.	C:19481	G:3977	23458	0.169537045	0	TRUE	C:30928	T:9	30937	0.000290914	1	FALSE		-1 3:18368654-18368868	Other	FALSE
1955	SA210_3_49854319	SA210	3	49854319	3,49854319,C,G	M187I	TRAIP	3p21.31		C:932	G:237	1169	0.202737382	0	TRUE	C:164	N:0	164	0	1	FALSE		-1 3:49854279-49854505	Other	FALSE
1956	SA210_3_53827110	SA210	3	53827110	3,53827110,C,T	D507N	CHDH	3p21.1		C:2796	T:850	3646	0.2331322	0	TRUE	C:4351	T:1	4352	0.000229779	1	FALSE		-1 3:53827079-53827291	Other	FALSE
1957	SA210_4_125812147	SA210	4	125812147	4,125812147,G,A	H579Y	ANKRD50	4q28.1	REPEAT // 577 // 606 // ANK 4.	G:23593	A:7124	30717	0.23192369	0	TRUE	G:35356	A:3	35359	8.48E-05	1	FALSE		-1 4:125812106-125812344	Other	FALSE
1958	SA210_4_74666422	SA210	4	74666422	4,74666422,G,A	L265F	RASSF6	4q13.3	DOMAIN // 218 // 306 // Ras-associating.	G:157	A:40	197	0.203045685	5.07E-61	TRUE	G:118	N:0	118	0	1	FALSE		-1 4:74666384-74666638	Other	FALSE
1959	SA210_5_64502234	SA210	5	64502234	5,64502234,G,T	S1070R	ADAMTS6	5q12	DOMAIN // 1018 // 1073 // TSP type-1 5.	G:444	T:101	545	0.185321101	3.11E-150	TRUE	G:275	N:0	275	0	1	FALSE		-1 5:64502196-64502489	Other	FALSE
1960	SA210_6_121644460	SA210	6	121644460	6,121644460,C,T	E513K	C6orf170	6q22.31		C:2628	T:394	3022	0.130377234	0	TRUE	C:1459	N:0	1459	0	1	FALSE		-1 6:121644263-121644492	Other	FALSE
1961	SA210_6_146761724	SA210	6	146761724	6,146761724,A,C	D619A	GRM1	6q24	TOPO_DOM // 616 // 629 // Cytoplasmic (Potential).	A:9088	C:1299	10387	0.125060171	0	TRUE	A:8058	C:2	8060	0.000248139	1	FALSE		1 6:146761684-146761920	Other	FALSE
1962	SA210_6_32519014	SA210	6	32519014	6,32519014,G,A	D135N	HLA-DRA	6p21.3	DISULFID // 132 // 188 // /// DOMAIN // 112 // 204 // Ig-like C1-type. /// REGION // 110 // 203 // Alpha-2. /// STRAND //																

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
1974	SA212_11_75885114	SA212	11	75885114	11,75885114,C,G	P439R	C11orf30	11q13.5	COMPBias // 395 // 464 // Gln-rich. /// REGION // 1 // 478 // Interaction with BRCA2.	C:6037	G:699	6736	0.103770784	0	TRUE	C:9375	A:3	9378	0.000319898	1	FALSE	1	11:75885079-75885311	Basal	FALSE
1975	SA212_11_77060791	SA212	11	77060791	11,77060791,C,T	R1232H	RSF1	11q14.1	COMPBias // 1146 // 1243 // Arg-rich.	C:2939	T:419	3358	0.124776653	0	TRUE	C:4664	A:2	4666	0.000428633	1	FALSE	-1	11:77060760-77061006	Basal	FALSE
1976	SA212_12_11041221	SA212	12	11041221	12,11041221,A,C	L174R	TAS2R49	12p13.2	TOPO_DOM // 147 // 178 // Extracellular (Potential).	A:18012	C:5278	23290	0.226620867	0	TRUE	A:37142	C:3	37145	8.08E-05	1	FALSE	-1,-1	12:11041181-11041412	Basal	FALSE
1977	SA212_12_122724147	SA212	12	122724147	12,122724147,A,T	R100S	TCTN2	12q24.31	TOPO_DOM // 26 // 668 // Extracellular (Potential). DOMAIN // 610 // 943 // Protein kinase. /// HELIX // 785 // 804 // /// TOPO_DOM // 564 // 993 // Cytoplasmic (Potential).	A:38287	T:4716	43003	0.109666767	0	TRUE	A:34532	G:7	34539	0.000202669	1	FALSE	1	12:122724115-122724330	Basal	FALSE
1978	SA212_13_27495543	SA212	13	27495543	13,27495543,G,T	L788I	FLT3	13q12		G:3484	T:381	3865	0.098576973	0	TRUE	G:7382	A:1	7383	0.000135446	1	FALSE	-1	13:27495508-27495733	Basal	FALSE
1979	SA212_14_70060228	SA212	14	70060228	14,70060228,C,A	V334F	ADAM20	14q24.1	DISULFID // 317 // 394 // By similarity. /// DOMAIN // 207 // 400 // Peptidase M12B. /// TOPO_DOM // 207 // 693 // Extracellular (Potential).	C:27606	A:10115	37721	0.268153018	0	TRUE	C:33613	A:10	33623	0.000297415	1	FALSE	-1	14:70060197-70060420	Basal	FALSE
1980	SA212_16_27658956	SA212	16	27658956	16,27658956,G,C	A613P	KIAA0556	16p12.1-p11.2	COILED // 613 // 643 // Potential.	G:11394	C:4452	15846	0.280954184	0	TRUE	G:21466	A:4	21470	0.000186306	1	FALSE	1	16:27658930-27659138	Basal	FALSE
1981	SA212_16_60416453	SA212	16	60416453	16,60416453,T,G	T267P	CDH8	16q22.1	DOMAIN // 168 // 276 // Cadherin 2. /// TOPO_DOM // 62 // 621 // Extracellular (Potential). DNA_BIND // 502 // 524 // TIR. REGION // 200 // 570 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 256 // 294 // Interaction with E4F1. /// REGION // 273 // 280 // Interaction with DNA. /// STRAND // 264 // 274 // /// VARIANT // 272 // 272 // V->A (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->E (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->L (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 272 // 272 // V->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 273 // 273 // R->C (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 273 // 273 // R->G (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). DOMAIN // 369 // 386 // WH2 2.	T:9852	G:4230	14082	0.300383468	0	TRUE	T:27046	C:17	27063	0.000628164	1	FALSE	-1	16:60416416-60416641	Basal	FALSE
1982	SA212_17_7517845	SA212	17	7517845	17,7517845,C,T	R273H	TP53	17p13.1		C:1347	T:830	2177	0.381258613	0	TRUE	C:3795	T:1	3796	0.000263435	1	FALSE	-1	17:7517823-7518040	Basal	FALSE
1983	SA212_18_12483134	SA212	18	12483134	18,12483134,C,A	E376	SPIRE1			C:5568	A:2061	7629	0.270153362	0	TRUE	C:15893	A:2	15895	0.000125826	1	FALSE	-1	18:12483101-12483317	Basal	FALSE
1984	SA212_19_11693779	SA212	19	11693779	19,11693779,G,G	E524Q	HSZFP36	19p13.2		C:207	G:87	294	0.295918367	4.97E-132	TRUE	C:448	T:2	450	0.004444444	1	FALSE	-1	19:11693750-11694044	Basal	FALSE
1985	SA212_19_11804155	SA212	19	11804155	19,11804155,G,C	R388S	ZNF440		ZN_FING // 368 // 390 // C2H2-type 9.	G:354	C:87	441	0.197278912	9.02E-115	TRUE	G:404	N:0	404	0	1	FALSE	1	19:11804114-11804361	Basal	FALSE
1986	SA212_19_19242890	SA212	19	19242890	19,19242890,A,T	L47H	TM6SF2	19p13.3-p12	TRANSMEM // 34 // 54 // Helical; (Potential).	A:8165	T:2239	10404	0.21520569	0	TRUE	A:14145	G:1	14146	7.07E-05	1	FALSE	-1,-1	19:19242865-19243071	Basal	FALSE
1987	SA212_19_57610713	SA212	19	57610713	19,57610713,G,A	E266K	ZNF528	19q13		G:2470	A:1089	3559	0.305984827	0	TRUE	G:2707	N:0	2707	0	1	FALSE	1	19:57610673-57610910	Basal	FALSE
1988	SA212_1_201731851	SA212	1	201731851	1,201731851,A,G	E32G	OPTC	1q32.1		A:10943	G:1868	12811	0.145812193	0	TRUE	A:13238	G:3	13241	0.000226569	1	FALSE	1	1:201731824-201732031	Basal	FALSE
1989	SA212_1_208658160	SA212	1	208658160	1,208658160,T,C	C242R	HHAT	1q32		T:4372	C:255	4627	0.055111303	1.30E-192	TRUE	T:4351	C:6	4357	0.001377094	1	FALSE	1	1:208658137-208658357	Basal	FALSE
1990	SA212_1_94318809	SA212	1	94318809	1,94318809,C,A	M304I	ABCA4	1p22.1-p21	DISULFID // 75 // 324 // By similarity. /// TOPO_DOM // 43 // 646 // Extracellular. REGION // 70 // 559 // Repeat-rich region. /// REPEAT // 501 // 559 // 3-2.	C:762	A:318	1080	0.294444444	0	TRUE	C:917	T:2	919	0.002176279	1	FALSE	-1	1:94318770-94319004	Basal	FALSE
1991	SA212_20_43285308	SA212	20	43285308	20,43285308,G,T	E541	SEMG2	20q12-q13.1		G:58815	T:9604	68419	0.140370365	0	TRUE	G:31500	C:6	31506	0.00019044	1	FALSE	1	20:43285277-43285492	Basal	FALSE
1992	SA212_21_33050527	SA212	21	33050527	21,33050527,T,C		C21orf66	21q21.3		T:4442	C:1787	6229	0.28688393	0	TRUE	T:5147	C:3	5150	0.000582524	1	FALSE	-1	21:33050494-33050709	Basal	FALSE
1993	SA212_2_24839063	SA212	2	24839063	2,24839063,A,C	N1357H	NCOA1	2p23		A:1412	C:695	2107	0.329852871	0	TRUE	A:1687	N:0	1687	0	1	FALSE	1	2:24838874-24839095	Basal	FALSE
1994	SA212_2_68946877	SA212	2	68946877	2,68946877,A,G	V222A	BMP10	2p14	PROPEP // 22 // 316 // Potential.	A:18079	G:5207	23286	0.223610753	0	TRUE	A:10568	G:1	10569	9.46E-05	1	FALSE	-1	2:68946852-68947063	Basal	FALSE
1995	SA212_2_71486868	SA212	2	71486868	2,71486868,G,C	D1035H	ZNF638	2p13.2-p13.1		G:6944	C:848	7792	0.108829569	0	TRUE	G:11288	A:3	11291	0.000265698	1	FALSE	1	2:71486841-71487081	Basal	FALSE
1996	SA212_3_101770467	SA212	3	101770467	3,101770467,G,T	V234F	TMEM45A	3q12.2	TRANSMEM // 218 // 238 // Helical; (Potential).	G:679	T:252	931	0.270676692	0	TRUE	G:1692	T:4	1696	0.002358491	1	FALSE	1	3:101770426-101770661	Basal	FALSE
1997	SA212_3_49123601	SA212	3	49123601	3,49123601,C,T	D1008N	USP19	3p21.31	TOPO_DOM // 1 // 1291 // Cytoplasmic (Potential).	C:604	T:708	1312	0.539634146	0	TRUE	C:2094	N:0	2094	0	1	FALSE	-1,1	3:49123560-49123782	Basal	FALSE
1998	SA212_3_50361194	SA212	3	50361194	3,50361194,G,T	F203L	TUSC4	3p21.3		G:290	T:202	492	0.410569106	0	TRUE	G:988	N:0	988	0	1	FALSE	-1	3:50361168-50361389	Basal	FALSE
1999	SA212_5_24573389	SA212	5	24573389	5,24573389,C,T	R128H	CDH10	5p14-p13	DOMAIN // 55 // 160 // Cadherin 1. /// TOPO_DOM // 55 // 613 // Extracellular (Potential).	C:748	T:346	1094	0.316270567	0	TRUE	C:1136	G:1	1137	0.000879507	1	FALSE	-1	5:24573357-24573616	Basal	FALSE
2000	SA212_5_43334564	SA212	5	43334564	5,43334564,A,C	I87M	HMGCS1		HELIX // 84 // 86 // /// STRAND // 87 // 93 //	A:502	C:247	749	0.329773031	0	TRUE	A:741	N:0	741	0	1	FALSE	-1	5:43334535-43334786	Basal	FALSE
2001	SA212_6_30659995	SA212	6	30659995	6,30659995,G,C	D384H	ABCF1	6p21.33	DOMAIN // 304 // 548 // ABC transporter 1.	G:6841	C:1718	8559	0.200724384	0	TRUE	G:6342	C:5	6347	0.000787774	1	FALSE	1	6:30659957-30660187	Basal	FALSE
2002	SA212_9_16542636	SA212	9	16542636	9,16542636,G,C	K187N	BNC2	9p22.3-p22.2		C:2593	A:518	3111	0.166505947	0	TRUE	C:3008	N:0	3008	0	1	FALSE	-1	9:16542609-16542818	Basal	FALSE
2003	SA212_X_27908511	SA212	X	27908511	X,27908511,G,C	P288A	WDR42B	Xp21.3	REPEAT // 284 // 324 // WD 3.	G:512	C:125	637	0.196232339	1.15E-164	TRUE	G:1489	T:1	1490	0.000671141	1	FALSE	-1	X:27908277-27908549	Basal	FALSE
2004	SA212_X_53605899	SA212	X	53605899	X,53605899,C,A	E2412D	HUWE1	Xp11.22	COMPBias // 2295 // 2469 // Glu-rich.	C:65431	A:13348	78779	0.169436017	0	TRUE	C:39112	A:8	39120	0.000204499	1	FALSE	-1	X:53605860-53606092	Basal	FALSE
2005	SA213_10_97433289	SA213	10	97433289	10,97433289,T,A	T395S	TCTN3	10q23.33	TOPO_DOM // 23 // 581 // Extracellular (Potential).	T:85	A:34	119	0.285714286	2.95E-58	TRUE	T:160	N:0	160	0	1	FALSE	-1	10:97433099-97433326	Basal	FALSE
2006	SA213_11_102098536	SA213	11	102098536	11,102098536,C,T	E61K	MMP8	11q22.3	PROPEP // 21 // 100 // Activation peptide.	C:420	T:122	542	0.225092251	7.06E-193	TRUE	C:760	N:0	760	0	1	FALSE	-1	11:102098316-102098562	Basal	FALSE
2007	SA213_11_62753604	SA213	11	62753604	11,62753604,G,T	H33N	SLC22A25	11q12.3	TOPO_DOM // 31 // 145 // Extracellular (Potential).	G:41472	T:3485	44957	0.077518518	0	TRUE	G:45926	A:7	45933	0.000152396	1	FALSE	-1	11:62753567-62753819	Basal	FALSE
2008	SA213_11_63786836	SA213	11	63786836	11,63786836,G,T	E779	PLCB3	11q13	DOMAIN // 713 // 810 // C2.	G:5372	T:3409	8781	0.388224576	0	TRUE	G:7157	C:3	7160	0.000418994	1	FALSE	1	11:63786803-63787033	Basal	FALSE
2009	SA213_13_102124771	SA213	13	102124771	13,102124771,A,G	E1157G	TPP2	13q32-q33		A:36002	G:6125	42127	0.145393691	0	TRUE	A:10551	G:2	10553	0.00018952	1	FALSE	1	13:102124740-102124960	Basal	FALSE
2010	SA213_13_23942079	SA213	13	23942079	13,23942079,C,A	V667L	PARP4	13q11	DOMAIN // 607 // 735 // VIT.	C:6317	A:2130	8447	0.25216053	0	TRUE	C:5023	T:1	5024	0.000199045	1	FALSE	-1	13:23942044-23942287	Basal	FALSE
2011	SA213_16_14218647	SA213	16	14218647	16,14218647,C,T	G161G	MKL2	16p13.12		C:10247	T:9197	19444	0.472999383	0	TRUE	C:18261	T:39	18300	0.002131148	1	FALSE	1	16:14218611-14218844	Basal	TRUE
2012	SA213_16_88183840	SA213	16	88183840	16,88183840,C,G	R441G	CPNE7	16q24.3	DOMAIN // 382 // 581 // VWFA.	C:2474	G:1441	3915	0.36807152	0	TRUE	C:5047	A:2	5049	0.000396118	1	FALSE	1	16:88183804-88184018	Basal	FALSE
2013	SA213_16_88291425	SA213	16	88291425	16,88291425,C,T	A365T	SPATA2L	16q24.3		C:722	T:255	977	0.261003071	0	TRUE	C:1893	G:1	1894	0.000527983	1	FALSE	-1	16:88291395-88291615	Basal	FALSE
2014	SA213_17_36806740	SA213	17	36806740	17,36806740,C,A	V128L	KRT31	17q12-q21	REGION // 57 // 363 // Rod. /// REGION // 103 // 203 // Coil 1B.	C:203	A:121	324	0.37345679	1.52E-222	TRUE	C:396	N:0	396	0	1	FALSE	-1	17:36806715-36806934	Basal	FALSE
2015																									

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.testStrand	primer	PAM50	Splice.site	
2023	SA213_3_158614518	SA213	3	158614518	3,158614518,T,C	N251S	VEPH1	3q24-q25		T:233	C:345	578	0.596885813	0	TRUE	T:323	N:0	323	0	1	FALSE	-1	3:158614485-158614710	Basal	FALSE
2024	SA213_3_185911500	SA213	3	185911500	3,185911500,G,C	H268Q	MAGEF1	3q13	DOMAIN // 76 // 277 // MAGE.	G:8641	C:1762	10403	0.169374219	0	TRUE	G:5287	A:1	5288	0.000189107	1	FALSE	-1	3:185911473-185911682	Basal	FALSE
2025	SA213_4_120747746	SA213	4	120747746	4,120747746,C,T	A103T	PDE5A	4q25-q27	MOD_RES // 102 // 102 // Phosphoserine (Potential).	C:9166	T:3718	12884	0.288574977	0	TRUE	C:6031	A:1	6032	0.000165782	1	FALSE	-1	4:120747706-120747927	Basal	FALSE
2026	SA213_4_41679671	SA213	4	41679671	4,41679671,G,A	A369T	WDR21B	4p13		G:218	A:271	489	0.554192229	0	TRUE	G:698	N:0	698	0	1	FALSE	1	4:41679642-41679855	Basal	FALSE
2027	SA213_5_177481276	SA213	5	177481276	5,177481276,C,T	R435W	N4BP3	5q35.3	COILED // 294 // 530 // Potential.	C:1050	T:5017	6067	0.826932586	0	TRUE	C:4394	N:0	4394	0	1	FALSE	1	5:177481084-177481313	Basal	FALSE
2028	SA213_6_100098207	SA213	6	100098207	6,100098207,C,G	S266T	CNC	6q21		C:9862	G:2736	12598	0.21717733	0	TRUE	C:8397	A:2	8399	0.000238124	1	FALSE	-1	6:100098171-100098419	Basal	TRUE
2029	SA213_6_110674155	SA213	6	110674155	6,110674155,A,T	I263N	C6orf186			A:12178	T:856	13034	0.06567439	0	TRUE	A:5424	C:2	5426	0.000368596	1	FALSE	-1,1	6:110674125-110674342	Basal	FALSE
2030	SA213_6_41426513	SA213	6	41426513	6,41426513,G,A	R255K	NCR2	6p21.1	TOPO_DOM // 214 // 276 // Cytoplasmic (Potential).	G:333	A:222	555	0.4	0	TRUE	G:752	N:0	752	0	1	FALSE	1	6:41426484-41426705	Basal	FALSE
2031	SA213_6_56593450	SA213	6	56593450	6,56593450,G,A		DST	6p12.1		G:433	A:317	750	0.422666667	0	TRUE	G:1197	N:0	1197	0	1	FALSE	-1	6:56593420-56593635	Basal	FALSE
2032	SA213_7_38400182	SA213	7	38400182	7,38400182,C,T	G519D	AMPH	7p14-p13		C:990	T:941	1931	0.487312273	0	TRUE	C:2951	A:1	2952	0.000338753	1	FALSE	-1	7:38400148-38400369	Basal	FALSE
2033	SA213_8_105430743	SA213	8	105430743	8,105430743,A,G	R263G	TM7SF4	8q23		A:27553	G:11385	38938	0.292387899	0	TRUE	A:20316	C:4	20320	0.00019685	1	FALSE	1	8:105430712-105430925	Basal	FALSE
2034	SA213_8_59646063	SA213	8	59646063	8,59646063,A,C	I39L	SDCBP	8q12		A:1203	C:158	1361	0.116091109	5.22E-238	TRUE	A:872	N:0	872	0	1	FALSE	1	8:59646028-59646292	Basal	FALSE
2035	SA213_9_135198279	SA213	9	135198279	9,135198279,G,A	S167L	MED22	9q34.2		G:71	A:285	356	0.800561798	0	TRUE	G:1420	N:0	1420	0	1	FALSE	-1	9:135198087-135198316	Basal	FALSE
2036	SA213_9_137815767	SA213	9	137815767	9,137815767,G,C	S954T	KCNT1	9q34.3	TOPO_DOM // 326 // 1230 // Cytoplasmic (Potential).	G:2511	C:1304	3815	0.34180865	0	TRUE	G:3462	T:1	3463	0.000288767	1	FALSE	1	9:137815579-137815794	Basal	FALSE
2037	SA213_X_13700971	SA213	X	13700971	X,13700971,G,T	L287M	GPM6B	Xp22.2		G:860	T:685	1545	0.443365696	0	TRUE	G:1438	N:0	1438	0	1	FALSE	-1	X:13700946-13701165	Basal	FALSE
2038	SA214_10_14603894	SA214	10	14603894	10,14603894,G,A	R87W	FAM107B	10p13	COILED // 61 // 112 // Potential.	G:5389	A:967	6356	0.152139711	0	TRUE	G:6730	A:1	6731	0.000148566	1	FALSE	-1	10:14603871-14604129	Other	FALSE
2039	SA214_10_27440995	SA214	10	27440995	10,27440995,C,T	A747T	YME1L1			C:318	T:42	360	0.116666667	2.96E-65	TRUE	C:341	N:0	341	0	1	FALSE	-1	10:27440958-27441252	Other	FALSE
2040	SA214_10_27498964	SA214	10	27498964	10,27498964,C,T	T357M	MASTL	10p12.1	DOMAIN // 35 // 835 // Protein kinase.	C:3877	T:850	4727	0.179818066	0	TRUE	C:2542	N:0	2542	0	1	FALSE	1	10:27498773-27498997	Other	FALSE
2041	SA214_11_64435213	SA214	11	64435213	11,64435213,C,T	G447R	ATG2A	11q13.1		C:14465	T:2283	16748	0.136314784	0	TRUE	C:7704	A:1	7705	0.000129786	1	FALSE	1	11:64435172-64435395	Other	FALSE
2042	SA214_11_77073845	SA214	11	77073845	11,77073845,A,G	R970C	RSF1	11q14.1	COILED // 942 // 1012 // Potential.	G:821	A:82	903	0.090808416	1.58E-118	TRUE	G:874	N:0	874	0	1	FALSE	-1	11:77073814-77074031	Other	FALSE
2043	SA214_12_110474557	SA214	12	110474557	12,110474557,G,A	R321C	ATXN2	12q24.1		G:5323	A:1194	6517	0.183213135	0	TRUE	G:8021	A:3	8024	0.000373878	1	FALSE	-1	12:110474346-110474587	Other	FALSE
2044	SA214_12_116068316	SA214	12	116068316	12,116068316,G,A	Q616	FBXO21	12q24.22		G:20334	A:2410	22744	0.105962012	0	TRUE	G:10409	T:2	10411	0.000192105	1	FALSE	-1	12:116068277-116068506	Other	FALSE
2045	SA214_12_30724780	SA214	12	30724780	12,30724780,C,T	R181H	IPO8	12p11.21		C:458	T:27	485	0.055670103	6.78E-33	TRUE	C:736	N:0	736	0	1	FALSE	-1	12:30724739-30724975	Other	FALSE
2046	SA214_12_44530949	SA214	12	44530949	12,44530949,G,A	V926I	ARID2	12q12	COMPBias // 793 // 1128 // Gln-rich.	G:16320	A:1411	17731	0.07957814	0	TRUE	G:8587	C:2	8589	0.000232856	1	FALSE	1	12:44530918-44531141	Other	FALSE
2047	SA214_12_44608667	SA214	12	44608667	12,44608667,C,T	A362T	SFRS2IP	12q13.11		C:50759	T:4560	55319	0.082430991	0	TRUE	C:49764	G:5	49769	0.000100464	1	FALSE	-1	12:44608637-44608860	Other	FALSE
2048	SA214_12_48238967	SA214	12	48238967	12,48238967,G,A	R410W	MCRS1	12q13.12	DOMAIN // 363 // 419 // FHA.	G:22618	A:1418	24036	0.05894841	0	TRUE	G:8510	A:3	8513	0.000352402	1	FALSE	1	12:48238778-48239004	Other	FALSE
2049	SA214_12_51933712	SA214	12	51933712	12,51933712,C,A	P276T	MFS05	12q13.13		C:2101	A:245	2346	0.104433078	0	TRUE	C:2354	N:0	2354	0	1	FALSE	1	12:51933680-51933894	Other	FALSE
2050	SA214_13_112898513	SA214	13	112898513	13,112898513,G,T	A97A	PCID2			G:1871	T:184	2055	0.089537713	3.44E-265	TRUE	G:2956	N:0	2956	0	1	FALSE	-1	13:112898473-112898769	Other	FALSE
2051	SA214_14_46393996	SA214	14	46393996	14,46393996,T,C	Y886C	MDGA2	14q21.3	DOMAIN // 746 // 921 // MAM.	T:3834	C:650	4484	0.144959857	0	TRUE	T:5871	A:3	5874	0.000510725	1	FALSE	-1	14:46393956-46394244	Other	FALSE
2052	SA214_14_63759808	SA214	14	63759808	14,63759808,G,A	R6757Q	SYNE2	14q23.2	COILED // 6697 // 6770 // Potential. /// TOPO_DOM // 1 // 6834 // Cytoplasmic (Potential).	G:17101	A:2000	19101	0.10470656	0	TRUE	G:17138	T:6	17144	0.000349977	1	FALSE	1	14:63759768-63760002	Other	FALSE
2053	SA214_15_29112199	SA214	15	29112199	15,29112199,C,T	M957I	TRPM1	15q13-q14	TOPO_DOM // 950 // 961 // Extracellular (Potential).	C:55870	T:3832	59702	0.064185454	0	TRUE	C:24002	A:4	24006	0.000166625	1	FALSE	-1	15:29112161-29112390	Other	FALSE
2054	SA214_15_50451809	SA214	15	50451809	15,50451809,C,T	R874Q	MYOSA	15q21	DOMAIN // 862 // 883 // IQ 5.	C:4035	T:271	4306	0.062935439	0	TRUE	C:6268	A:1	6269	0.000159515	1	FALSE	-1	15:50451768-50452079	Other	FALSE
2055	SA214_16_3757730	SA214	16	3757730	16,3757730,C,T	R1081H	CREBBP	16p13.3		C:4753	T:550	5303	0.103714878	0	TRUE	C:2966	T:5	2971	0.001682935	1	FALSE	-1	16:3757690-3757917	Other	FALSE
2056	SA214_16_67154960	SA214	16	67154960	16,67154960,A,G	T257A	ZFP90	16q22.1	ZN_FING // 254 // 276 // C2H2-type 2.	A:30943	G:2418	33361	0.072479842	0	TRUE	A:17374	G:5	17379	0.000287704	1	FALSE	1	16:67154925-67155149	Other	FALSE
2057	SA214_17_10296081	SA214	17	10296081	17,10296081,G,T	L1214I	MYH4	17p13.1	COILED // 843 // 1939 // Potential.	G:108	T:33	141	0.234042553	5.47E-62	TRUE	G:192	A:2	194	0.010309278	0.436062039	FALSE	-1	17:10296060-10296278	Other	FALSE
2058	SA214_17_17963776	SA214	17	17963776	17,17963776,G,A	E313K	MYO15A	17p11.2	DOMAIN // 1 // 1887 // Myosin head-like.	G:412	A:74	486	0.152263374	2.12E-124	TRUE	G:1560	C:1	1561	0.000640615	1	FALSE	1	17:17963745-17963961	Other	FALSE
2059	SA214_17_7637113	SA214	17	7637113	17,7637113,G,A	M2478I	DNAH2	17p13.1	REGION // 2378 // 2625 // AAA 3 (By similarity).	G:47751	A:4145	51896	0.079871281	0	TRUE	G:19950	C:4	19954	0.000200461	1	FALSE	1	17:7637077-7637305	Other	FALSE
2060	SA214_18_45615744	SA214	18	45615744	18,45615744,G,A	R1788W	MYO5B	18q21	DOMAIN // 1526 // 1803 // Dilute.	G:9317	A:1235	10552	0.117039424	0	TRUE	G:14750	A:3	14753	0.000203348	1	FALSE	-1	18:45615708-45615935	Other	FALSE
2061	SA214_19_11414262	SA214	19	11414262	19,11414262,G,A	R177Q	PRKCSH	19p13.2		G:18790	A:1655	20445	0.080948887	0	TRUE	G:8468	C:3	8471	0.000354149	1	FALSE	1	19:11414223-11414450	Other	FALSE
2062	SA214_19_57310442	SA214	19	57310442	19,57310442,C,T	R596Q	ZNF616	19q13.33	ZN_FING // 577 // 599 // C2H2-type 15.	C:21427	T:2100	23527	0.089259149	0	TRUE	C:25352	T:7	25359	0.000276036	1	FALSE	-1	19:57310404-57310635	Other	FALSE
2063	SA214_19_59515153	SA214	19	59515153	19,59515153,G,A	Q68	LILRA5	19q13.4	DISULFID // 67 // 116 // By similarity. /// DOMAIN // 51 // 136 // Ig-like C2-type 1. /// STRAND // 63 // 68 // /// TOPO_DOM // 42 // 268 // Extracellular (Potential).	G:13998	A:2231	16229	0.137469961	0	TRUE	G:8471	A:2	8473	0.000236044	1	FALSE	-1	19:59515114-59515345	Other	FALSE
2064	SA214_1_107492782	SA214	1	107492782	1,107492782,C,T	T15M	NTNG1	1p13.3	SIGNAL // 1 // 28 //	C:27603	T:2461	30064	0.081858701	0	TRUE	C:12324	G:2	12326	0.000162259	1	FALSE	1	1:107492747-107492964	Other	FALSE
2065	SA214_1_154001623	SA214	1	154001623	1,154001623,A,G	V1422A	GON4L	1q22		A:25759	G:5187	30946	0.167614554	0	TRUE	A:14203	G:4	14207	0.000281551	1	FALSE	-1	1:154001585-154001806	Other	FALSE
2066	SA214_1_181054415	SA214	1	181054415	1,181054415,C,T	Q192	NPL	1q25		C:6262	T:523														

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
2090	SA214_3_114861519	SA214	3	114861519	3,114861519,A,G	M567T	KIAA2018	3q13.2		A:31116	G:2765	33881	0.081609161	0	TRUE	A:15235	C:5	15240	0.000328084	1	FALSE	-1	3:114861492-114861709	Other	FALSE
2091	SA214_3_121952267	SA214	3	121952267	3,121952267,C,T	R60	GTF2E1	3q21-q24	DOMAIN // 14 // 104 // HTH TFE//IEalpha-type. TRANSMEM // 131 // 151 // Helical; (Potential). ///	C:45775	T:10019	55794	0.17957128	0	TRUE	C:44837	T:7	44844	0.000156097	1	FALSE	1	3:121952238-121952455	Other	FALSE
2092	SA214_3_138056411	SA214	3	138056411	3,138056411,G,A	R140H	TMEM22	3q22.3	DOMAIN // 113 // 238 // DUF6 1.	G:16444	A:2937	19381	0.151540168	0	TRUE	G:19197	A:6	19203	0.000312451	1	FALSE	1	3:138056215-138056444	Other	FALSE
2093	SA214_3_180434779	SA214	3	180434779	3,180434779,A,G	H1047R	PIK3CA	3q26.3	DOMAIN // 797 // 1068 // PI3K/PI4K. /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->L (in cancer). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->R (in KERSEB; shows an increase in lipid kinase activity; oncogenic in vivo). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->Y (in cancer). /// HELIX // 1032 // 1047 //	A:136669	G:31806	168475	0.188787654	0	TRUE	A:120642	G:23	120665	0.00019061	1	FALSE	1	3:180434587-180434820	Other	FALSE
2094	SA214_3_185305901	SA214	3	185305901	3,185305901,G,A	V238M	HTR3E	3q27.1	TOPO_DOM // 26 // 248 // Extracellular (Potential).	G:20619	A:1654	22273	0.074260315	0	TRUE	G:11213	A:3	11216	0.000267475	1	FALSE	1	3:185305865-185306085	Other	FALSE
2095	SA214_3_186875785	SA214	3	186875785	3,186875785,G,A	A355V	IGF2BP2	3q27.2		G:1181	A:242	1423	0.170063247	0	TRUE	G:699	N:0	699	0	1	FALSE	-1	3:186875746-186875973	Other	FALSE
2096	SA214_4_3086884	SA214	4	3086884	4,3086884,G,A	R268Q	HTT	4p16.3	REPEAT // 246 // 283 // HEAT 2.	G:16233	A:2308	18541	0.12448088	0	TRUE	G:11060	A:2	11062	0.000180799	1	FALSE	1	4:3086884-3087073	Other	FALSE
2097	SA214_5_137534499	SA214	5	137534499	5,137534499,G,A	R121W	BRD8	5q31	COILED // 97 // 171 // Potential.	G:10410	A:1680	12090	0.138957816	0	TRUE	G:15791	A:3	15794	0.000189946	1	FALSE	-1	5:137534458-137534691	Other	FALSE
2098	SA214_5_71515338	SA214	5	71515338	5,71515338,T,G	L100R	MAP1B	5q13		T:5822	G:508	6330	0.080252765	0	TRUE	T:3526	C:2	3528	0.000566893	1	FALSE	1	5:71515301-71515519	Other	FALSE
2099	SA214_6_139265429	SA214	6	139265429	6,139265429,A,G	N896S	C6orf91	6q24.1		A:4182	G:479	4661	0.102767646	0	TRUE	A:4027	N:0	4027	0	1	FALSE	1	6:139265401-139265618	Other	FALSE
2100	SA214_6_148908967	SA214	6	148908967	6,148908967,C,T	R1158C	SASH1	6q24.3	CONFLICT // 1157 // 1157 // H->R (in Ref. 6; BAB14909).	C:1770	T:164	1934	0.084798345	2.36E-232	TRUE	C:2519	T:1	2520	0.000396825	1	FALSE	1	6:148908932-148909195	Other	FALSE
2101	SA214_6_28649330	SA214	6	28649330	6,28649330,T,C	K772R	ZNF452	6p22.1		T:7326	C:1393	8719	0.159766028	0	TRUE	T:10887	C:2	10889	0.000183672	1	FALSE	-1	6:28649299-28649545	Other	FALSE
2102	SA214_7_106840209	SA214	7	106840209	7,106840209,G,T	L246I	COG5	7q22-q31		G:3117	T:495	3612	0.137043189	0	TRUE	G:4626	T:2	4628	0.000432152	1	FALSE	-1	7:106840178-106840437	Other	FALSE
2103	SA214_7_142851388	SA214	7	142851388	7,142851388,G,A	A241T	TAS2R60	7q35	TRANSMEM // 235 // 255 // Helical; Name=6; (Potential).	G:22426	A:2746	25172	0.109089464	0	TRUE	G:26400	C:9	26409	0.000340793	1	FALSE	1	7:142851353-142851569	Other	FALSE
2104	SA214_7_151441333	SA214	7	151441333	7,151441333,C,T	R384	GALNT11	7q34-q36	TOPO_DOM // 30 // 608 // Lumenal (Potential).	C:7465	T:630	8095	0.077825818	0	TRUE	C:3120	N:0	3120	0	1	FALSE	1	7:151441300-151441520	Other	FALSE
2105	SA214_8_122695793	SA214	8	122695793	8,122695793,A,G	S466P	HAS2	8q24.12	TOPO_DOM // 451 // 475 // Extracellular (Potential).	A:212	G:12	224	0.053571429	3.42E-14	TRUE	A:263	N:0	263	0	1	FALSE	-1	8:122695758-122695985	Other	FALSE
2106	SA214_8_124733009	SA214	8	124733009	8,124733009,G,T	R447C	C8ORFK36	8q24.13	REPEAT // 433 // 479 // Kelch 4.	G:23299	A:3787	27086	0.139813926	0	TRUE	G:15003	A:8	15011	0.000532943	1	FALSE	-1	8:124732984-124733204	Other	FALSE
2107	SA214_8_94890344	SA214	8	94890344	8,94890344,A,G	H847R	TMEM67	8q22.1		A:5281	G:624	5905	0.105673158	0	TRUE	A:8154	G:2	8156	0.000245218	1	FALSE	1	8:94890309-94890568	Other	FALSE
2108	SA214_9_100651089	SA214	9	100651089	9,100651089,G,A	C547Y	GALNT12	9q22.33	TOPO_DOM // 38 // 581 // Lumenal (Potential). /// DOMAIN // 445 // 577 // Ricin B-type lectin. /// DISULFID // 547 // 566 // By similarity.	G:27046	A:1555	28601	0.054368728	0	TRUE	G:8783	A:1	8784	0.000113843	1	FALSE	1	9:100651055-100651286	Other	FALSE
2109	SA214_9_103396844	SA214	9	103396844	9,103396844,C,T	V61I	PPP3R2	9q31.1	DOMAIN // 50 // 85 // EF-hand 2.	C:48292	T:3652	51944	0.070306484	0	TRUE	C:21389	T:6	21395	0.000280439	1	FALSE	-1,-1	9:103396805-103397035	Other	FALSE
2110	SA214_9_122566663	SA214	9	122566663	9,122566663,C,T	G454S	FBXW2	9q34		C:26307	T:2963	29270	0.101229928	0	TRUE	C:19804	T:7	19811	0.000353339	1	FALSE	-1	9:122566627-122566846	Other	FALSE
2111	SA214_9_88157632	SA214	9	88157632	9,88157632,C,T	W101	ZCCHC6	9q21		C:23694	T:2624	26318	0.099703625	0	TRUE	C:27281	A:4	27285	0.000146601	1	FALSE	-1	9:88157591-88157816	Other	FALSE
2112	SA214_X_149150324	SA214	X	149150324	X,149150324,C,T		LOC389901			C:4444	T:285	4729	0.060266441	0	TRUE	C:6178	A:1	6179	0.000161838	1	FALSE	-1	X:149150283-149150535	Other	FALSE
2113	SA214_X_54487601	SA214	X	54487601	X,54487601,A,G	T157A	TSR2	Xp11.22		A:32504	G:2782	35286	0.078841467	0	TRUE	A:45606	T:5	45611	0.000109623	1	FALSE	1	X:54487571-54487807	Other	FALSE
2114	SA214_X_70273906	SA214	X	70273906	X,70273906,G,A	R1899Q	MED12	Xq13	REGION // 1616 // 2051 // Interaction with CTNNB1 and GLI3. /// COMPBIAS // 1900 // 2168 // Gln-rich.	G:9960	A:1040	11000	0.094545455	0	TRUE	G:5246	A:1	5247	0.000190585	1	FALSE	1	X:70273716-70273944	Other	FALSE
2115	SA215_14_78504386	SA215	14	78504386	14,78504386,C,T	P781L	NRXN3	14q31		C:12913	T:1880	14793	0.127087136	0	TRUE	C:12240	A:6	12246	0.000489956	1	FALSE	1	14:78504349-78504566	Other	FALSE
2116	SA215_1_27747012	SA215	1	27747012	1,27747012,G,T	T1401N	AHDC1	1p36.13		G:616	T:104	720	0.144444444	7.02E-160	TRUE	G:550	N:0	550	0	1	FALSE	-1	1:27746981-27747200	Other	FALSE
2117	SA215_20_3789993	SA215	20	3789993	20,3789993,C,T	P103S	MAVS	20p13	TOPO_DOM // 1 // 513 // Cytoplasmic (Probable). /// COMPBIAS // 103 // 153 // Pro-rich.	C:980	T:666	1646	0.404617254	0	TRUE	C:1206	G:1	1207	0.0008285	1	FALSE	1	20:3789967-3790190	Other	FALSE
2118	SA215_2_171890651	SA215	2	171890651	2,171890651,A,C	I291S	METTL8	2q31.1		A:5422	C:1247	6669	0.186984555	0	TRUE	A:7659	C:1	7660	0.000130548	1	FALSE	-1	2:171890614-171890835	Other	FALSE
2119	SA215_2_71429854	SA215	2	71429854	2,71429854,G,T	D88Y	ZNF638	2p13.2-p13.1		G:28249	T:7094	35343	0.200718671	0	TRUE	G:39716	A:5	39721	0.000125878	1	FALSE	1	2:71429816-71430047	Other	FALSE
2120	SA215_2_86161596	SA215	2	86161596	2,86161596,G,A	R314C	POLR1A	2p11.2		G:25673	A:3919	29592	0.132434442	0	TRUE	G:32936	C:6	32942	0.000182138	1	FALSE	-1	2:86161556-86161799	Other	FALSE
2121	SA215_3_180434779	SA215	3	180434779	3,180434779,A,G	H1047R	PIK3CA	3q26.3	DOMAIN // 797 // 1068 // PI3K/PI4K. /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->L (in cancer). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->R (in KERSEB; shows an increase in lipid kinase activity; oncogenic in vivo). /// VARIANT // 1047 // 1047 // H->Y (in cancer). /// HELIX // 1032 // 1047 //	A:85707	G:34690	120397	0.288130103	0	TRUE	A:131508	G:25	131533	0.000190066	1	FALSE	1	3:180434587-180434820	Other	FALSE
2122	SA215_3_188486318	SA215	3	188486318	3,188486318,C,T	D76N	MASP1	3q27-q28	DISULFID // 73 // 91 // /// DOMAIN // 20 // 138 // CUB 1. /// METAL // 76 // 76 // Calcium 1. /// MUTAGEN // 77 // 77 // Y->A: Partial loss of interaction with FCN2, FCN3 and MBL2. /// REGION // 20 // 184 // Homodimerization (By similarity). /// REGION // 20 // 184 // Interaction with MBL2. /// REGION // 20 // 278 // Interaction with FCN2. /// STRAND // 75 // 81 //	C:1643	T:367	2010	0.182587065	0	TRUE	C:2937	N:0	2937	0	1	FALSE	-1	3:188486289-188486511	Other	FALSE
2123	SA216_10_89682885	SA216	10	89682885	10,89682885,G,C	R130P	PTEN	10q23.3	DOMAIN // 14 // 185 // Phosphatase tensin-type. /// HELIX // 129 // 141 // /// MUTAGEN // 130 // 130 // R->M: Does not affect the ability to inhibit AKT/PKB activation. /// VARIANT // 129 // 129 // G->E (in CD; no lipid phosphatase activity but retains protein phosphatase activity; retains ability to inhibit focal adhesion formation). /// VARIANT // 129 // 129 // G->R (in glioblastoma; severely reduced protein phosphatase activity; loss of phosphatase activity towards Ins(1,3,4,5)P4). /// VARIANT // 130 // 130 // R->G (loss of phosphatase activity towards Ins(1,3,4,5)P4 and PtdIns(3,4,5)P3). /// VARIANT // 130 // 130 // R->L (in CD and endometrial hyperplasia; loss of phosphatase activity towards Ins(1,3,4,5)P4; retains ability to bind phospholipid membranes). /// VARIANT // 130 // 130 // R->Q (in CD; loss of phosphatase activity towards Ins(1,3,4,5)P4; retains ability to bind phospholipid membranes). /// VARIANT // 1306 // 1306 // D->E (in dbSNP:rs5970334).	G:1587	C:235	1822	0.128979144	0	TRUE	G:1682	C:2	1684	0.001187648	1	FALSE	1	10:89682850-89683099	Other	FALSE
2124	SA216_1_172684077	SA216	1	172684077	1,172684077,C,T	P69S	GRP52	1q24	TOPO_DOM // 66 // 87 // Cytoplasmic (Potential).	C:40579	T:4416	44995	0.098144238	0	TRUE	C:26477	A:3	26480	0.000113293	1	FALSE	1,1	1:172684046-172684264	Other	FALSE
2125	SA216_2_19415593	SA216	2	19415593	2,19415593,T,C	Q242R	OSR1	2p24.1	ZN_FING // 231 // 253 // C2H2-type 3.	T:52512	C:9929	62441	0.159014109	0	TRUE	T:83955	C:56	84011	0.000666579	1	FALSE	-1	2:19415553-19415790	Other	FALSE
2126	SA216_2_208550026	SA216	2	208550026	2,208550026,A,C	F380L	LOC389072	2q33.3	DOMAIN // 361 // 456 // PH 2.	A:42313	C:10193	52506	0.194130195	0	TRUE	A:128934	C:23	128957	0.000178354	1	FALSE	-1	2:208549988-208550216	Other	FALSE
2127	SA217_15_48671805	SA217	15	48671805	15,48671805,G,A	L1307F	TRPM7	15q21	TOPO_DOM // 1096 // 1865 // Cytoplasmic (Potential). /// VARIANT // 1306 // 1306 // D->E (in dbSNP:rs5970334).	G:13272	A:2001	15273	0.131015518	0	TRUE	G:5689	N:0	5689	0	1	FALSE	-1	15:48671617-48671832	Other	FALSE
2128	SA217_18_2911536	SA217	18	2911536	18,2911536,G,A	P813S	LPIN2	18p11.31	REGION // 635 // 837 // C-U.P.	G:18850	A:1880	20730	0.090689822	0	TRUE	G:29127	C:9	29136	0.000308896	1	FALSE	-1	18:2911504-2911717	Other	FALSE
2129	SA217_19_62844066	SA217	19	62844066	19,62844066,G,A	G134R	ZNF211	19q13.4	ZN_FING // 131 // 157 // C2H2-type 1.	G:53863	A:54501	108364	0.502943782	0	TRUE	G:34180	A:12	34192	0.000350959	1	FALSE	1	19:628		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.statistic.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.statistic.Normal	Strand	primer	PAM50	Splice.site
2131	SA217_3_45978745	SA217	3	45978745	3,45978745,T,A	E1138V	FYCO1	3p21.31	COILED // 596 // 1151 // Potential.	T:18511	A:8635	27146	0.318094747	0	TRUE	T:29475	C:33	29508	0.001118341	1	FALSE	-1	3:45978712-45978935	Other	FALSE
2132	SA217_3_45978746	SA217	3	45978746	3,45978746,C,A	E1138	FYCO1	3p21.31	COILED // 596 // 1151 // Potential.	C:18548	A:8643	27191	0.317862528	0	TRUE	C:29555	T:9	29564	0.000304424	1	FALSE	-1	3:45978712-45978935	Other	FALSE
2133	SA217_4_167892705	SA217	4	167892705	4,167892705,T,A	D418V	SPOCK3	4q32.3	COMPBias // 394 // 436 // Asp-rich.	T:523	A:89	612	0.145424837	3.42E-120	TRUE	T:568	N:0	568	0	1	FALSE	-1	4:167892665-167892895	Other	FALSE
2134	SA217_X_84236592	SA217	X	84236592	X,84236592,T,C	Q400R	SATL1	Xq21.1	DOMAIN // 342 // 508 // N-acetyltransferase.	T:16709	C:2106	18815	0.111931969	0	TRUE	T:8651	C:2	8653	0.000231134	1	FALSE	-1	X:84236555-84236773	Other	FALSE
2135	SA222_1_151224587	SA222	1	151224587	1,151224587,C,A		SPRR1A	1q21-q22		C:70351	A:15713	86064	0.182573434	0	TRUE	C:41970	A:7	41977	0.000166758	1	FALSE	1	1:151224551-151224771	Other	FALSE
2136	SA222_1_154436275	SA222	1	154436275	1,154436275,C,T	R5C	SLC25A44	1q22		C:98016	T:21581	119597	0.18044767	0	TRUE	C:50153	T:13	50166	0.00025914	1	FALSE	1	1:154436238-154436466	Other	FALSE
2137	SA222_1_166058872	SA222	1	166058872	1,166058872,G,C	S1389C	SAC	1q24		G:7873	C:513	8386	0.061173384	0	TRUE	G:6076	C:1	6077	0.000164555	1	FALSE	-1	1:166058831-166059089	Other	FALSE
2138	SA222_20_41522131	SA222	20	41522131	20,41522131,C,A	H142Q	SFR56	20q12-q13.1	DOMAIN // 110 // 183 // RRM 2.	C:33660	A:6719	40379	0.166398375	0	TRUE	C:8484	G:1	8485	0.000117855	1	FALSE	1	20:41522104-41522323	Other	FALSE
2139	SA222_2_73721818	SA222	2	73721818	2,73721818,C,T	R149H	NAT8	2p13.1-p12	DOMAIN // 61 // 220 // N-acetyltransferase.	C:60693	T:14297	74990	0.190652087	0	TRUE	C:48418	T:16	48434	0.000330346	1	FALSE	-1,1	2:73721794-73722028	Other	FALSE
2140	SA222_2_74327688	SA222	2	74327688	2,74327688,C,G	C681S	SLC4A5	2p13	TOPO_DOM // 661 // 738 // Cytoplasmic (Potential).	C:4746	G:9435	14181	0.665326846	0	TRUE	C:3712	T:3	3715	0.000807537	1	FALSE	-1	2:74327665-74327877	Other	FALSE
2141	SA222_6_148803187	SA222	6	148803187	6,148803187,G,A	E113K	SASH1	6q24.3		G:50123	A:4411	54534	0.080885319	0	TRUE	G:55053	C:13	55066	0.00023608	1	FALSE	1	6:148803149-148803382	Other	FALSE
2142	SA222_9_136453415	SA222	9	136453415	9,136453415,C,T	R285W	RXRA	9q34.3	REGION // 225 // 462 // Ligand-binding. /// HELIX // 264 // 284 //	C:15527	T:7467	22994	0.324736888	0	TRUE	C:17226	A:3	17229	0.000174125	1	FALSE	1,1	9:136453378-136453612	Other	FALSE
2143	SA226_10_121388449	SA226	10	121388449	10,121388449,G,C		LOC646119			G:2619	C:3498	6117	0.571848946	0	TRUE	G:11230	A:4	11234	0.000356062	1	FALSE	1	10:121388410-121388644	Basal	FALSE
2144	SA226_10_98147041	SA226	10	98147041	10,98147041,A,G	C426R	TLL2	10q23-q24	DISULFID // 404 // 426 // By similarity. /// DOMAIN // 351 // 463 // CUB 1.	A:7657	G:8527	16184	0.526878398	0	TRUE	A:39824	C:6	39830	0.00015064	1	FALSE	-1	10:98147016-98147223	Basal	FALSE
2145	SA226_11_124029865	SA226	11	124029865	11,124029865,G,A	A147V	SIAE	11q24		G:62761	A:7450	70211	0.106108729	0	TRUE	G:60265	A:16	60281	0.000265424	1	FALSE	-1	11:124029839-124030058	Basal	FALSE
2146	SA226_11_59816420	SA226	11	59816420	11,59816420,C,G	P63R	MS4A4A	11q12	TOPO_DOM // 1 // 64 // Cytoplasmic (Potential).	C:25509	G:5416	30925	0.175133387	0	TRUE	C:65170	A:15	65185	0.000230114	1	FALSE	1	11:59816380-59816622	Basal	FALSE
2147	SA226_18_31077206	SA226	18	31077206	18,31077206,C,T	P169P	ZNF397	18q12.2		C:25315	T:21043	46358	0.45392381	0	TRUE	C:78390	A:13	78403	0.00016581	1	FALSE	1	18:31077172-31077399	Basal	FALSE
2148	SA226_19_18756041	SA226	19	18756041	19,18756041,G,A	R683C	COMP	19p13.1	DISULFID // 520 // 741 // By similarity. /// DOMAIN // 532 // 746 // TSP C-terminal. /// REGION // 527 // 757 // Mediates cell survival and induction of the IAP family of survival proteins. /// STRAND // 681 // 688 //	G:4301	A:1556	5857	0.265665016	0	TRUE	G:10012	A:8	10020	0.000798403	1	FALSE	-1	19:18755856-18756068	Basal	FALSE
2149	SA226_1_89253612	SA226	1	89253612	1,89253612,C,G	K88N	GBP3	1p22.2		C:87208	G:28484	115692	0.246205442	0	TRUE	C:112347	A:23	112370	0.000204681	1	FALSE	-1	1:89253578-89253802	Basal	FALSE
2150	SA226_2_136113081	SA226	2	136113081	2,136113081,A,G	S380G	R3HDM1	2q21.3	MOD_RES // 381 // 381 // Phosphoserine.	A:80	G:31	111	0.279279279	2.18E-50	TRUE	A:327	N:0	327	0	1	FALSE	1	2:136113050-136113276	Basal	FALSE
2151	SA226_2_228554759	SA226	2	228554759	2,228554759,G,A	A1674V	SPHKAP	2q36		G:2182	A:810	2992	0.270721925	0	TRUE	G:2948	C:2	2950	0.000677966	1	FALSE	-1,1	2:228554723-228554955	Basal	FALSE
2152	SA226_3_73179151	SA226	3	73179151	3,73179151,G,C	D81H	PPP4R2	3p13		G:858	C:268	1126	0.238010657	0	TRUE	G:2577	N:0	2577	0	1	FALSE	1	3:73179112-73179419	Basal	FALSE
2153	SA226_5_172328185	SA226	5	172328185	5,172328185,C,A	H96N	RPL26L1	5q35.2		C:20736	A:4461	25197	0.177044886	0	TRUE	C:18576	T:5	18581	0.000269092	1	FALSE	1	5:172328159-172328377	Basal	FALSE
2154	SA226_6_46768647	SA226	6	46768647	6,46768647,T,A	I1608N	TDRD6	6p12.3	DOMAIN // 1567 // 1626 // Tudor 7.	T:974	A:2603	3577	0.727704781	0	TRUE	T:4244	C:2	4246	0.000471032	1	FALSE	1	6:46768612-46768844	Basal	FALSE
2155	SA226_6_76717353	SA226	6	76717353	6,76717353,G,C	S490R	IMPG1	6q14.2-q15		G:4567	C:850	5417	0.156913421	0	TRUE	G:6533	T:1	6534	0.000153046	1	FALSE	-1	6:76717323-76717542	Basal	FALSE
2156	SA228_12_55003610	SA228	12	55003610	12,55003610,C,G	V742L	PAN2	12q13.2-q13.3		C:37507	G:5555	43062	0.129000046	0	TRUE	C:25883	A:7	25890	0.000270375	1	FALSE	-1	12:55003572-55003802	Basal	FALSE
2157	SA228_14_92746746	SA228	14	92746746	14,92746746,G,C					G:51308	C:18165	69473	0.261468484	0	TRUE	G:41958	T:9	41967	0.000214454	1	FALSE	1	14:92746563-92746779	Basal	TRUE
2158	SA228_17_7518937	SA228	17	7518937	17,7518937,G,A	R213	TP53	17p13.1	UNP_C11907 // 102 // 124 // 111 // REGION // 100 // 510 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 214 // 219 // /// VARIANT // 212 // 212 // F->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 212 // 212 // F->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 212 // 212 // F->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 212 // 212 // F->V (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 212 // 212 // F->Y (in sporadic cancers; somatic mutation). ///	G:82068	A:57659	139727	0.412654677	0	TRUE	G:140451	A:29	140480	0.000206435	1	FALSE	-1	17:7518911-7519122	Basal	FALSE
2159	SA228_1_199599144	SA228	1	199599144	1,199599144,C,A	R168L	TNNT2	1q32		C:24306	A:8268	32574	0.253822067	0	TRUE	C:21096	T:3	21099	0.000142187	1	FALSE	-1	1:199599119-199599333	Basal	FALSE
2160	SA228_2_115783354	SA228	2	115783354	2,115783354,G,A	V44I	DPP10	2q14.1	REGION // 1 // 56 // Mediates effects on KCND2. /// TRANSMEM // 35 // 55 // Helical; Signal-anchor for type II membrane protein; (Potential).	G:12361	A:2556	14917	0.171348126	0	TRUE	G:14307	C:3	14310	0.000209644	1	FALSE	1	2:115783321-115783556	Basal	FALSE
2161	SA228_2_203332321	SA228	2	203332321	2,203332321,C,G	S484W	ALS2CR13	2q33.1		C:75091	G:22553	97644	0.230971693	0	TRUE	C:63695	T:15	63710	0.000235442	1	FALSE	1	2:203332285-203332514	Basal	FALSE
2162	SA228_2_219237204	SA228	2	219237204	2,219237204,C,G	R237H	RNF25	2q35		C:1082	T:294	1376	0.213662791	0	TRUE	C:564	T:1	565	0.001769912	1	FALSE	-1	2:219237182-219237401	Basal	FALSE
2163	SA228_2_219875208	SA228	2	219875208	2,219875208,G,T	P297T	PTPRN	2q35-q36.1	TOPO_DOM // 35 // 575 // Extracellular (Potential).	G:17254	T:5274	22528	0.234108665	0	TRUE	G:23099	A:32	23131	0.001383425	1	FALSE	-1	2:219875016-219875249	Basal	FALSE
2164	SA228_2_61284984	SA228	2	61284984	2,61284984,T,C	I3099V	USP34	2p15		T:30640	C:7824	38464	0.203410982	0	TRUE	T:28370	A:1	28371	3.52E-05	1	FALSE	-1	2:61284951-61285174	Basal	FALSE
2165	SA228_4_184668534	SA228	4	184668534	4,184668534,G,C	S93T	ING2	4q35.1	COILED // 48 // 120 // Potential.	G:20987	C:3472	24459	0.141951838	0	TRUE	G:19155	A:2	19157	0.0001044	1	FALSE	1	4:184668501-184668719	Basal	FALSE
2166	SA228_5_45297865	SA228	5	45297865	5,45297865,G,A	P863L	HCN1	5p12	COMPBias // 857 // 863 // Poly-Pro. /// TOPO_DOM // 393 // 890 // Cytoplasmic (Potential).	G:18907	A:3041	21948	0.138554766	0	TRUE	G:9694	A:1	9695	0.000103146	1	FALSE	-1	5:45297824-45298058	Basal	FALSE
2167	SA228_7_5993603	SA228	7	5993603	7,5993603,G,A	P54L	PMS2	7p22.2		G:1275	A:139	1414	0.098302687	7.92E-165	TRUE	G:3170	A:1	3171	0.000315358	1	FALSE	-1	7:5993569-5993958	Basal	FALSE
2168	SA228_8_91005958	SA228	8	91005958	8,91005958,C,T	H181Y	OSGIN2	8q21		C:13532	T:1590	15122	0.105144822	0	TRUE	C:26600	A:9	26609	0.000338231	1	FALSE	1	8:91005925-91006143	Basal	FALSE
2169	SA228_9_15961688	SA228	9	15961688	9,15961688,T,A	L1279I	C9orf93	9p22.3		T:9149	A:1768	10917	0.161949253	0	TRUE	T:16883	C:3	16886	0.000177662	1	FALSE	1	9:15961656-15961921	Basal	FALSE
2170	SA228_X_68299281	SA228	X	68299281	X,68299281,T,A	R176	PIA1	Xq13.1		T:67081	A:19216	86297	0.222672862	0	TRUE	T:125890	A:24	125914	0.000190606	1	FALSE	-1	X:68299249-68299462	Basal	FALSE
2171	SA083_14_63617012	SA083	14	63617012	14,63617012,G,A	G3750E	SYNE2	14q23.2	TOPO_DOM // 1 // 6834 // Cytoplasmic (Potential).	G:6097	A:1072	7169	0.14953271	0	TRUE	G:4560	C:1	4561	0.00021925	1	FALSE	1	14:63616981-63617228	Basal	FALSE
2172	SA031_17_76841585	SA031	17	76841585	17,76841585,G,C	L447V	MGC15523	17q25.3		G:64	C:102	84	0.238095238	3.87E-32	TRUE	G:172	N:0	172	0	1	FALSE	-1	17:76841558-76841771	Bas	

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI						
1		id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions,position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site						
										// Zinc. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// VARIANT // 174 // 174 // R->G (in LFS; germline mutation and in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->T (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->C (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->G (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->H (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934578). /// VARIANT // 175 // 175 // R->L (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->Q (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->F (in																					
2186		SA018_17_7519131	SA018	17	7519131	17,7519131,C,T	R175H	TP53	17p13.1		C:20568	T:119074	139642	0.85270907	0	TRUE	C:136015	A:87	136102	0.000639226	1	FALSE	-1	17:7519076-7519624	Basal	FALSE					
2187		SA029_19_60995612	SA029	19	60995612	19,60995612,C,T	A794T	NLRP11	19q13.42		C:264498	T:85003	349501	0.243212466	0	TRUE	C:242900	T:59	242959	0.000242839	1	FALSE	-1	19:60995189-60995658	Other	FALSE					
2188		SA030_13_72299917	SA030	13	72299917	13,72299917,G,A	E321K	PIBF1	13q22.1		G:67404	A:15297	82701	0.184967534	0	TRUE	G:66762	T:18	66780	0.000269542	1	FALSE	1	13:72299424-72299954	Other	FALSE					
2189		SA030_16_68339732	SA030	16	68339732	16,68339732,T,C	N243S	NOB1	16q22.3		T:4074	C:2108	6182	0.340989971	0	TRUE	T:9455	C:4	9459	0.000422878	1	FALSE	-1	16:68339387-68339767	Other	FALSE					
										// Zinc. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// VARIANT // 174 // 174 // R->G (in LFS; germline mutation and in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->T (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->C (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->G (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->H (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934578). /// VARIANT // 175 // 175 // R->L (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->Q (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->F (in																					
2190		SA030_17_7519131	SA030	17	7519131	17,7519131,C,T	R175H	TP53	17p13.1		C:96265	T:84936	181201	0.468739135	0	TRUE	C:225996	T:52	226048	0.00023004	1	FALSE	-1	17:7518773-7519170	Other	FALSE					
2191		SA030_2_162780711	SA030	2	162780711	2,162780711,G,C	T270S	FAP	2q23	STRAND // 261 // 270 // // TOPO_DOM // 26 // 760 // Extracellular (Potential).	G:592628	C:329257	921885	0.357156261	0	TRUE	G:777104	A:40	777144	5.15E-05	1	FALSE	-1	2:162780662-162780997	Other	FALSE					
2192		SA030_8_30677156	SA030	8	30677156	8,30677156,G,C	L227V	GSR	8p21.1		G:76002	C:50440	126442	0.398918081	0	TRUE	G:97829	A:6	97835	6.13E-05	1	FALSE	-1	8:30677107-30677594	Other	FALSE					
2193		SA031_10_115333974	SA031	10	115333974	10,115333974,G,T	G439W	HABP2	10q25.3	DOMAIN // 314 // 555 // Peptidase S1.	G:31766	T:7426	39192	0.189477444	0	TRUE	G:25972	N:0	25972	0	1	FALSE	1	10:115333941-115334518	Basal	FALSE					
2194		SA031_10_12910867	SA031	10	12910867	10,12910867,C,T	T378M	CAMK1D	10p13		C:4666	T:1100	5766	0.19077735	0	TRUE	C:7739	A:7	7746	0.000903692	1	FALSE	1	10:12910821-12911351	Basal	FALSE					
2195		SA031_10_49070763	SA031	10	49070763	10,49070763,T,A	K712M	FRMPD2	10q11.22		T:135392	A:37000	172392	0.214627129	0	TRUE	T:166063	A:10	166073	6.02E-05	1	FALSE	-1	10:49070713-49071058	Basal	FALSE					
2196		SA031_12_94854401	SA031	12	94854401	12,94854401,C,G	L6F	CCDC38	12q22-q23.1		C:1584	G:409	1993	0.205218264	0	TRUE	C:530	G:1	531	0.001883239	1	FALSE	-1	12:94853954-94854447	Basal	FALSE					
2197		SA031_15_20415723	SA031	15	20415723	15,20415723,G,T	R747I	TUBGCP5			G:57654	T:26345	83999	0.313634686	0	TRUE	G:82624	A:4	82628	4.84E-05	1	FALSE	1	15:20415434-20415753	Basal	FALSE					
2198		SA031_16_21903248	SA031	16	21903248	16,21903248,G,T	D212E	C16orf65	16p12.1		G:101091	T:63012	164103	0.383978355	0	TRUE	G:135548	C:9	135557	6.64E-05	1	FALSE	-1	16:21903209-21903573	Basal	FALSE					
2199		SA031_16_31833640	SA031	16	31833640	16,31833640,A,G	Y190C	ZNF267	16p11.2		A:210267	G:38981	249248	0.156394434	0	TRUE	A:181395	G:15	181410	8.27E-05	1	FALSE	1	16:31833315-31833678	Basal	FALSE					
2200		SA031_16_47965408	SA031	16	47965408	16,47965408,G,T	M19I	C16orf78	16q12.1		G:61080	T:6500	67580	0.096182302	0	TRUE	G:58549	A:8	58557	0.000136619	1	FALSE	1	16:47965376-47965791	Basal	FALSE					
2201		SA031_19_49283000	SA031	19	49283000	19,49283000,C,T	P510L	ZNF284	19q13.31	ZN_FING // 511 // 533 // C2H2-type 14.	C:60869	T:12956	73825	0.175496106	0	TRUE	C:45073	T:12	45085	0.000266164	1	FALSE	1	19:49282557-49283034	Basal	FALSE					
										DOMAIN // 1442 // 1646 // Laminin G-like 1. /// TOPO_DOM // 22 // 2469 // Extracellular (Potential).	T:154591	G:29296	183887	0.159315232	0	TRUE	T:175040	C:23	175063	0.000131381	1	FALSE	-1	22:45186197-45186526	Basal	FALSE					
2202		SA031_4_101328232	SA031	4	101328232	4,101328232,C,A	K69N	DDIT4L	4q23		C:15844	A:3071	18915	0.162357917	0	TRUE	C:41753	A:8	41761	0.000191566	1	FALSE	-1	4:101328185-101328619	Basal	FALSE					
2204		SA031_4_66150274	SA031	4	66150274	4,66150274,G,A	T197I	EPHA5	4q13.1	TOPO_DOM // 25 // 573 // Extracellular (Potential).	G:11189	A:1213	12402	0.097806805	0	TRUE	G:17220	T:13	17233	0.000754367	1	FALSE	-1	4:66149843-66150316	Basal	FALSE					
2205		SA031_4_87135132	SA031	4	87135132	4,87135132,C,G	T434S	ARHGAP24	4q21.23-q21.3		C:423241	G:72597	495838	0.14641274	0	TRUE	C:439328	G:314	439642	0.000714217	1	FALSE	1	4:87135081-87135307	Basal	FALSE					
										DOMAIN // 247 // 347 // Cadherin 3. /// TOPO_DOM // 27 // 688 // Extracellular (Potential).	C:333228	T:75196	408424	0.184112589	0	TRUE	C:364381	A:54	364435	0.000148175	1	FALSE	1	5:140533484-140533750	Basal	FALSE					
2206		SA031_5_140533514	SA031	5	140533514	5,140533514,C,T	A305V	PCDH87	5q31																						
2207		SA031_7_37239250	SA031	7	37239250	7,37239250,G,A	T175I	ELMO1	7p14.2		G:84183	A:5807	89990	0.064529392	0	TRUE	G:68828	C:11	68839	0.000159793	1	FALSE	-1	7:37239205-37239731	Basal	FALSE					
2208		SA031_X_123048103	SA031	X	123048103	X,123048103,A,G	T1027A	STAG2	Xq25		A:31594	G:4509	36103	0.123048052	0	TRUE	A:31971	G:20	31991	0.000625176	1	FALSE	1	X:123048052-123048533	Basal	FALSE					
2209		SA051_14_101562751	SA051	14	101562751	14,101562751,C,A	L2909M	DYNC1H1	14q32.3-qter 14q32	REGION // 2899 // 3168 // AAA 4 (By similarity).	C:308305	A:199510	507815	0.392879297	0	TRUE	C:303075	T:19	303094	6.27E-05	1	FALSE	1	14:101562704-101562943	Basal	FALSE					
2210		SA051_19_59987021	SA051	19	59987021	19,59987021,G,A	V331M	KIR2DL1	19q13.4	TOPO_DOM // 265 // 348 // Cytoplasmic (Potential).	G:428425	A:415989	844414	0.492636313	0	TRUE	G:692876	A:87	692963	0.000125548	1	FALSE	1	19:59986741-59987060	Basal	FALSE					
2211		SA051_3_191610505	SA051	3	191610505	3,191610505,G,C	D302H	CLDN16	3q28	TOPO_DOM // 261 // 305 // Cytoplasmic (Potential).	G:6953	C:1870	8823	0.21194605	0	TRUE	G:5804	T:1	5805	0.000172265	1	FALSE	1	3:191610323-191610530	Basal	FALSE					
2212		SA051_8_144692280	SA051	8	144692280	8,144692280,C,T	G134S	ZC3H3	8q24.3		C:106395	T:48100	154495	0.311336936	0	TRUE	C:106994	A:4	106998	3.74E-05	1	FALSE	-1	8:144692230-144692654	Basal	FALSE					
2213		SA051_X_152339708	SA051	X	152339708	X,152339708,C,T	Q227	ZFP92		ZN_FING // 208 // 230 // C2H2-type 3.	C:133998	T:56316	190314	0.295910968	0	TRUE	C:147292	T:12	147304	8.15E-05	1	FALSE	1	X:152339330-152339728	Basal	FALSE					

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand	primer	PAM50	Splice.site	
2214	SA052_11_107626939	SA052	11	107626939	11,107626939,C,T	Q513	ATM	11q22-q23	VARIANT // 514 // 514 // G->D (in dbSNP:rs2235000).	C:80038	T:57259	137297	0.417044801	0	TRUE	C:125464	A:8	125472	6.38E-05	1	FALSE	1	11:107626909-107627329	Basal	FALSE
2215	SA052_1_1362251	SA052	1	1362251	1,1362251,G,T	R52L	VWA1	1p36.33	DOMAIN // 34 // 213 // VWFA.	G:69287	T:8470	77757	0.1089291	0	TRUE	G:61613	A:2	61615	3.25E-05	1	FALSE		1:1362068-1362278	Basal	FALSE
2216	SA052_13_25686305	SA052	13	25686305	13,25686305,G,A	R572	RNF6	13q12.2	VARIANT // 572 // 572 // R->Q.	G:425876	A:111794	537670	0.207923075	0	TRUE	G:384028	A:57	384085	0.000148405	1	FALSE	-1	13:25686258-25686444	Basal	FALSE
2217	SA052_17_74480687	SA052	17	74480687	17,74480687,C,T	V197M	LGALS3BP	17q25	DOMAIN // 153 // 221 // BTB.	C:258089	T:33422	291511	0.114650905	0	TRUE	C:186230	G:68	186298	0.000365007	1	FALSE	-1	17:74480641-74480913	Basal	FALSE
2218	SA052_22_18146919	SA052	22	18146919	22,18146919,C,T	R396C	TBX1	22q11.21		C:205725	T:32984	238709	0.138176608	0	TRUE	C:164538	T:83	164621	0.000504188	1	FALSE	1	22:18146634-18146970	Basal	FALSE
2219	SA052_5_145623338	SA052	5	145623338	5,145623338,A,G	D761G	RBM27			A:435968	G:148315	584283	0.253841033	0	TRUE	A:499398	G:39	499437	7.81E-05	1	FALSE	1	5:145623297-145623482	Basal	FALSE
2220	SA052_6_136536719	SA052	6	136536719	6,136536719,C,T	T268I	PDE7B	6q23-q24	HELIX // 265 // 280 // /// REGION // 172 // 410 // Catalytic (By similarity).	C:94414	T:43536	137950	0.315592606	0	TRUE	C:136467	T:23	136490	0.000168511	1	FALSE	1	6:136536275-136536749	Basal	FALSE
2221	SA052_6_72068156	SA052	6	72068156	6,72068156,A,C	K347Q	OGFRL1	6q13		A:105278	C:22584	127862	0.176627927	0	TRUE	A:109146	G:8	109154	7.33E-05	1	FALSE	1	6:72068113-72068496	Basal	FALSE
2222	SA052_8_125644341	SA052	8	125644341	8,125644341,G,A	R300C	MTSS1	8p22	COMPIAS // 238 // 359 // Ser-rich.	G:36057	A:24691	60748	0.406449595	0	TRUE	G:53428	A:10	53438	0.000187133	1	FALSE	-1	8:125644292-125644876	Basal	FALSE
2223	SA052_X_133435149	SA052	X	133435149	X,133435149,T,C	L41P	HPRT1	Xq26.1	HELIX // 39 // 57 // /// VARIANT // 41 // 41 // L->P (in LNS; Detroit). /// VARIANT // 42 // 42 // L->F (in LNS; Isar). /// VARIANT // 42 // 42 // L->T (in LNS; Heapey).	T:11871	C:77956	89827	0.867845971	0	TRUE	T:64912	C:4	64916	6.16E-05	1	FALSE	1	X:133435123-133435421	Basal	FALSE
2224	SA052_X_142544428	SA052	X	142544428	X,142544428,C,G	M721I	SLITRK4	Xq27.3	TOPO_DOM // 640 // 837 // Cytoplasmic (Potential).	C:81481	G:53700	135181	0.397245175	0	TRUE	C:135285	T:11	135296	8.13E-05	1	FALSE	-1	X:142544406-142544753	Basal	FALSE
2225	SA052_X_48254779	SA052	X	48254779	X,48254779,G,A	V97I	PORCN	Xp11.23	TRANSMEM // 96 // 116 // Helical; (Potential).	G:13082	A:44999	58081	0.774762831	0	TRUE	G:71085	C:60	71145	0.000843348	0.018935029	FALSE	1	X:48254735-48255225	Basal	FALSE
2226	SA053_17_26339089	SA053	17	26339089	17,26339089,C,G	A173G	RNF135	17q11.2		C:92763	G:96718	189481	0.510436403	0	TRUE	C:109240	A:23	109263	0.000210501	1	FALSE	1	17:26339042-26339434	Basal	FALSE
2227	SA054_10_70638380	SA054	10	70638380	10,70638380,G,A	M648I	SUPV3L1	10q22.1		G:53157	A:5597	58754	0.095261599	0	TRUE	G:66958	A:4	66962	5.97E-05	1	FALSE	1	10:70638352-70638808	Basal	FALSE
2228	SA054_11_47397030	SA054	11	47397030	11,47397030,C,T	E418K	PSMC3	11p12-p13		C:173911	T:46686	220597	0.211634791	0	TRUE	C:140930	A:53	140983	0.000375932	1	FALSE	-1	11:47397005-47397322	Basal	FALSE
2229	SA054_12_106693141	SA054	12	106693141	12,106693141,C,G	P6A	ASCL4	12q23.3		C:50011	G:5297	55308	0.095772763	0	TRUE	C:64020	T:4	64024	6.25E-05	1	FALSE	1	12:106692596-106693172	Basal	FALSE
2230	SA054_1_44214631	SA054	1	44214631	1,44214631,C,A	L91M	ATP6V0B	1p32.3	TOPO_DOM // 73 // 90 // Lumenal (Potential). /// TRANSMEM // 91 // 111 // Helical; (Potential).	C:107726	A:21244	128970	0.164720478	0	TRUE	C:98196	A:7	98203	7.13E-05	1	FALSE	1	1:44214588-44215049	Basal	FALSE
2231	SA054_17_17988000	SA054	17	17988000	17,17988000,C,A	N2046K	MYO15A	17p11.2	REGION // 2030 // 3530 // Tail.	C:270812	A:63783	334595	0.190627475	0	TRUE	C:390701	A:25	390726	6.40E-05	1	FALSE	1	17:17987975-17988226	Basal	FALSE
2232	SA054_2_36889501	SA054	2	36889501	2,36889501,C,A	A576V	VIT	2p22-p21	DOMAIN // 495 // 668 // VWFA 2.	C:403672	T:224726	628398	0.357617306	0	TRUE	C:543604	G:37	543641	6.81E-05	1	FALSE	1	2:36889458-36889645	Basal	FALSE
2233	SA054_5_142760243	SA054	5	142760243	5,142760243,G,A	L119V	NR3C1	5q31.3	REGION // 1 // 420 // Modulating.	A:334421	C:75135	409556	0.183454766	0	TRUE	A:251517	G:12	251529	4.77E-05	1	FALSE	-1	5:142760200-142760485	Basal	FALSE
2234	SA054_5_52401750	SA054	5	52401750	5,52401750,C,G	S713C	ITGA2	5q23-q31	DISULFID // 680 // 737 // By similarity. /// TOPO_DOM // 30 // 1132 // Extracellular (Potential).	C:29363	G:4775	34138	0.139873455	0	TRUE	C:54195	A:4	54199	7.38E-05	1	FALSE	1	5:52401720-52402236	Basal	FALSE
2235	SA054_6_26077557	SA054	6	26077557	6,26077557,A,T	K146I	TRIM38	6p21.3		A:80410	T:24144	104554	0.230923733	0	TRUE	A:128831	G:7	128838	5.43E-05	1	FALSE	1	6:26077531-26077992	Basal	FALSE
2236	SA054_7_103416848	SA054	7	103416848	7,103416848,G,T	N64K	RELN	7q22	DISULFID // 40 // 126 // By similarity. /// DOMAIN // 26 // 190 // Reelin.	G:25572	T:6542	32114	0.203711777	0	TRUE	G:22843	T:18	22861	0.000787367	1	FALSE	-1	7:103416358-103416878	Basal	FALSE
2237	SA065_11_101442481	SA065	11	101442481	11,101442481,G,T	M108I	C11orf70	11q22.1		G:155436	T:25723	181159	0.141991289	0	TRUE	G:117324	A:20	117344	0.000170439	1	FALSE	1	11:101442449-101442773	Basal	FALSE
2238	SA065_13_31827243	SA065	13	31827243	13,31827243,G,C	R2418T	BRCA2	13q12.3	REGION // 2350 // 2545 // Interaction with FANCD2.	G:1405	C:291	1696	0.171580189	0	TRUE	G:569	T:1	570	0.001754386	1	FALSE	1	13:31827209-31827381	Basal	FALSE
2239	SA065_13_47821138	SA065	13	47821138	13,47821138,G,A	W195	RB1	13q14.2	HELIX // 188 // 204 //	G:8639	A:9323	17962	0.519040196	0	TRUE	G:31267	T:3	31270	9.59E-05	1	FALSE	1	13:47821108-47821435	Basal	FALSE
2240	SA065_13_69354524	SA065	13	69354524	13,69354524,T,G	E373D	KLHL1	13q21		T:19330	G:39608	58938	0.672028233	0	TRUE	T:36700	G:10	36710	0.000272405	1	FALSE	-1	13:69354480-69354806	Basal	FALSE
2241	SA065_16_69075354	SA065	16	69075354	16,69075354,A,G	F573S	COG4	16q22.1	HELIX // 537 // 572 //	A:9063	G:2232	11295	0.197609562	0	TRUE	A:10094	T:1	10095	9.91E-05	1	FALSE	-1	16:69074810-69075386	Basal	FALSE
2242	SA065_17_33708934	SA065	17	33708934	17,33708934,C,T	T115I	MRPL45	17q21.2		C:2259	T:1197	3456	0.346354167	0	TRUE	C:6337	G:2	6339	0.000315507	1	FALSE	1	17:33708897-33709269	Basal	FALSE
2243	SA065_17_78152540	SA065	17	78152540	17,78152540,A,T	N620I	FOXP2	17q25		A:11394	T:8087	19481	0.415122427	0	TRUE	A:15813	G:1	15814	6.32E-05	1	FALSE	1	17:78152490-78153016	Basal	FALSE
2244	SA065_18_13046603	SA065	18	13046603	18,13046603,G,C	Q742H	CEP192	18p11.21		G:21237	C:23560	44797	0.525928076	0	TRUE	G:31768	C:4	31772	0.000125897	1	FALSE	1	18:13046557-13047149	Basal	FALSE
2245	SA065_18_13656574	SA065	18	13656574	18,13656574,G,A	L242F	C18orf19		COILED // 229 // 271 // Potential.	G:140036	A:42334	182370	0.232132478	0	TRUE	G:106491	T:24	106515	0.00022532	1	FALSE	-1	18:13656239-13656607	Basal	FALSE
2246	SA065_19_20049893	SA065	19	20049893	19,20049893,C,T		ZNFR90			C:34853	T:14604	49457	0.295286815	0	TRUE	C:40537	A:22	40559	0.00054242	1	FALSE	1	19:20049859-20050418	Basal	FALSE
2247	SA065_19_54177874	SA065	19	54177874	19,54177874,T,A	K286	GPS1	19q13.3		T:183508	A:96813	280321	0.345364778	0	TRUE	T:290888	C:64	290952	0.000219968	1	FALSE	-1	19:54177742-54177910	Basal	FALSE
2248	SA065_2_228594782	SA065	2	228594782	2,228594782,T,G	I196L	SPHKAP	2q36		T:342760	G:125368	468128	0.267807095	0	TRUE	T:353340	C:19	353359	5.38E-05	1	FALSE	-1,1	2:228594754-228595019	Basal	FALSE
2249	SA065_2_26005850	SA065	2	26005850	2,26005850,C,G	A706P	KIF3C	2p23	REGION // 630 // 793 // Globular (Potential).	C:67247	G:32193	99440	0.323742961	0	TRUE	C:81521	T:9	81530	0.000110389	1	FALSE	-1	2:26005466-26005895	Basal	FALSE
2250	SA065_4_71726717	SA065	4	71726717	4,71726717,G,T	S237I	ENAM	4q13.3		G:77594	T:31905	109499	0.291372524	0	TRUE	G:110819	A:20	110839	0.000180442	1	FALSE	1	4:71726677-71726856	Basal	FALSE
2251	SA065_6_31941117	SA065	6	31941117	6,31941117,C,A	V572F	SLC44A4	6p21.3	TRANSMEM // 561 // 581 // Helical; (Potential).	C:20342	A:18143	38485	0.471430427	0	TRUE	C:27564	A:13	27577	0.000471407	1	FALSE	-1	6:31941070-31941611	Basal	FALSE
2252	SA065_9_19106452	SA065	9	19106452	9,19106452,G,C	L370V	ADFP	9p22.1		G:32489	C:5307	37796	0.140411684	0	TRUE	G:27178	T:49	27227	0.001799684	0.517090258	FALSE	-1	9:19105917-19106496	Basal	FALSE
2253	SA065_X_152700183	SA065	X	152700183	X,152700183,G,A	V74M	SRPK3	Xq28		G:36772	A:14259	51031	0.279418393	0	TRUE	G:53306	C:6	53312	0.000112545	1	FALSE	1	X:152700159-152700476	Basal	FALSE
2254	SA065_X_152949581	SA065	X	152949581	X,152949581,C,A	E298	MECP2	Xq28		C:20591	A:3583	24174	0.148217093	0	TRUE	C:16943	A:2	16945	0.000118029	1	FALSE	-1	X:152949556-152950077	Basal	FALSE
2255	SA069_10_118221273	SA069	10	118221273	10,118221273,G,T	W355L	PNLIPRP3	10q25.3	DOMAIN // 355 // 467 // PLAT.	G:13384	T:5443	18827	0.289106071	0	TRUE	G:17945	C:10	17955	0.000556948	1	FALSE	1	10:118220886-118221318	Basal	FALSE

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.status.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.Strand		primer	PAM50	Splice.site
2263	SA071_12_102653448	SA071	12	102653448	12,102653448,G,T	G1837V	STAB2	12q23.3	DOMAIN // 1740 // 1881 // FAS1 6. /// TOPO_DOM // 20 // 2458 // Extracellular (Potential).	G:2433	T:1108	3541	0.312905959	0	TRUE	G:6833	T:2	6835	0.000292612	1	FALSE	1	12:102653398-102653936	Basal	FALSE
2264	SA071_14_23696954	SA071	14	23696954	14,23696954,C,G	P912R	RNF31	14q11.2	ZN_FING // 853 // 930 // IBR-type 2.	C:339243	G:173291	512534	0.33810635	0	TRUE	C:430630	G:148	430778	0.000343564	1	FALSE	1,1	14:23696909-23697092	Basal	FALSE
2265	SA071_14_72512181	SA071	14	72512181	14,72512181,G,A	T546I	ZFYVE1	14q22-q24		G:51480	A:175320	226800	0.773015873	0	TRUE	G:158192	A:10	158202	6.32E-05	1	FALSE	-1	14:72512156-72512576	Basal	FALSE
2266	SA071_17_7620158	SA071	17	7620158	17,7620158,A,G	K1638R	DNAH2	17p13.1	REGION // 1 // 1764 // Stem (By similarity).	A:41802	G:42501	84303	0.50414576	0	TRUE	A:108253	G:27	108280	0.000249354	1	FALSE	1	17:7620113-7620505	Basal	FALSE
2267	SA071_19_48742632	SA071	19	48742632	19,48742632,A,G	S461P	XRCC1	19q13.2	MOD_RES // 461 // 461 // Phosphoserine.	A:98984	G:58330	157314	0.370787088	0	TRUE	A:150281	T:22	150303	0.000146371	1	FALSE	-1	19:48742585-48742878	Basal	FALSE
2268	SA071_19_59799170	SA071	19	59799170	19,59799170,G,A	E306K	LILRA1	19q13.4	DOMAIN // 226 // 315 // Ig-like C2-type 3. /// TOPO_DOM // 17 // 461 // Extracellular (Potential).	G:11743	A:3928	15671	0.250654074	0	TRUE	G:21307	C:5	21312	0.00023461	1	FALSE	1	19:59799124-59799462	Basal	FALSE
2269	SA071_22_48894223	SA071	22	48894223	22,48894223,G,C	E255Q	MOV10L1	22q13.33		G:41470	C:45959	87429	0.52567226	0	TRUE	G:112647	C:41	112688	0.000363836	1	FALSE	1	22:48893993-48894268	Basal	FALSE
2270	SA071_5_156854297	SA071	5	156854297	5,156854297,C,T	G560D	ADAM19	5q32-q33	COMPBias // 502 // 649 // Cys-rich. /// TOPO_DOM // 203 // 699 // Extracellular (Potential).	C:265433	T:43282	308715	0.140200509	0	TRUE	C:225832	T:22	225854	9.74E-05	1	FALSE	-1	5:156854021-156854328	Basal	FALSE
2271	SA071_6_4943992	SA071	6	4943992	6,4943992,C,G	K172N	RPP40	6p25.1		C:19008	G:30589	49597	0.616751013	0	TRUE	C:30037	T:23	30060	0.000765136	1	FALSE	-1	6:4943947-4944388	Basal	FALSE
2272	SA071_7_63805388	SA071	7	63805388	7,63805388,C,T	S424F	ZNF107	7q11.2	ZN_FING // 412 // 434 // C2H2-type 13.	C:14506	T:9587	24093	0.397916407	0	TRUE	C:27006	G:17	27023	0.000629094	1	FALSE	1	7:63805337-63805722	Basal	FALSE
2273	SA071_9_32398555	SA071	9	32398555	9,32398555,G,A	V104M	ACO1	9p22-q32 9p21.1	HELIX // 87 // 106 //	G:67503	A:60219	127722	0.471484944	0	TRUE	G:103478	A:21	103499	0.000202901	1	FALSE	1	9:32398532-32398899	Basal	FALSE
2274	SA073_17_7519128	SA073	17	7519128	17,7519128,C,A	C176F	TP53	17p13.1	/// METAL // 176 // 176 // Zinc. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// VARIANT // 175 // 175 // R->C (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->G (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->H (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934578). /// VARIANT // 175 // 175 // R->L (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->Q (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->F (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->Y (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 177 // CP->FS (in a	C:62869	A:43281	106150	0.407734338	0	TRUE	C:107644	A:113	107757	0.001048656	1	FALSE	-1	17:7519076-7519624	Basal	FALSE
2275	SA074_12_4424870	SA074	12	4424870	12,4424870,C,T	R43H	FGF6	12p13		C:38642	T:4305	42947	0.10023983	0	TRUE	C:85179	T:15	85194	0.000176069	1	FALSE	-1	12:4424840-4424992	Other	FALSE
2276	SA074_17_36659710	SA074	17	36659710	17,36659710,G,T	C71F	KRTAP9-4	17q12-q21	REPEAT // 70 // 74 // 9. /// REGION // 8 // 152 // 15 X 5 AA repeats of C-C-[RQVGE]-[SPTN]-[TASPF].	G:867072	T:54538	921610	0.059176875	0	TRUE	G:480781	A:858	481639	0.001781417	1	FALSE	1	17:36659660-36659837	Other	FALSE
2277	SA074_17_5152817	SA074	17	5152817	17,5152817,A,T	K47	RABEP1	17p13.2	COILED // 11 // 345 // Potential.	A:155565	T:22419	177984	0.125960761	0	TRUE	A:208863	G:102	208965	0.00048812	1	FALSE	1	17:5152772-5153093	Other	FALSE
2278	SA074_17_7517822	SA074	17	7517822	17,7517822,C,A	D281Y	TP53	17p13.1	/// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 256 // 294 // Interaction with E4F1. /// REGION // 273 // 280 // Interaction with DNA. /// VARIANT // 280 // 280 // R->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->I (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->K (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->P (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 280 // 280 // R->T (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->A (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->E (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->G (in a brain tumor with no family history; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->H (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->N (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 281 // 281 // D->R (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 281 // 281	C:115286	A:52046	167332	0.311034351	0	TRUE	C:129537	G:123	129660	0.000948635	1	FALSE	-1	17:7517787-7518213	Other	FALSE
2279	SA074_3_180418785	SA074	3	180418785	3,180418785,G,A	E545K	PIK3CA	3q26.3	VARIANT // 545 // 545 // E->A (in cancer). /// VARIANT // 545 // 545 // E->G (in KERSEB). /// VARIANT // 545 // 545 // E->K (in KERSEB; shows an increase in lipid kinase activity; oncogenic in vivo). /// VARIANT // 546 // 546 // Q->E (in cancer). /// VARIANT // 546 // 546 // Q->K (in cancer). /// VARIANT // 546 // 546 // Q->P (in cancer). /// VARIANT // 546 // 546 // Q->R (in cancer). /// HELIX // 545 // 553 //	G:6262	A:802	7064	0.113533409	0	TRUE	G:24175	A:2	24177	8.27E-05	1	FALSE	1	3:180418610-180418832	Other	FALSE
2280	SA075_10_44750145	SA075	10	44750145	10,44750145,C,A	L129I	KSP37		TRANSMEM // 109 // 131 // Helical; (Potential).	C:43249	A:2894	46143	0.062718072	0	TRUE	C:33697	A:18	33715	0.000533887	1	FALSE	1	10:44750099-44750638	Other	FALSE
2281	SA075_18_75760218	SA075	18	75760218	18,75760218,C,A	A272E	KCNG2	18q22-q23	TRANSMEM // 253 // 273 // Helical; Name=Segment S3; (Potential).	C:43792	A:25844	69636	0.371129875	0	TRUE	C:59604	G:7	59611	0.000117428	1	FALSE	1	18:75760177-75760710	Other	FALSE
2282	SA075_20_32559168	SA075	20	32559168	20,32559168,C,T	R874C	ITCH	20q11.22-q11.23	DOMAIN // 569 // 903 // HECT.	C:3074	T:612	3686	0.166033641	0	TRUE	C:5188	A:1	5189	0.000192715	1	FALSE	1	20:32559127-32559447	Other	FALSE
2283	SA075_2_219213726	SA075	2	219213726	2,219213726,C,T	R1500Q	ZNF142	2q34-q35	ZN_FING // 1480 // 1502 // C2H2-type 26.	C:173787	T:36240	210027	0.172549244	0	TRUE	C:154248	T:38	154286	0.000246296	1	FALSE	-1	2:219213339-219213762	Other	FALSE

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI		
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site		
2284	SA075_22_37775460	SA075	22	37775460	22,37775460,G,T	W217C	APOBEC3F	22q13.1		G:1056116	T:202170	1258286	0.160670944	0	TRUE	G:1160774	A:263	1161037	0.000226522	1	FALSE		1 22:37775423-37775640	Other	FALSE		
2285	SA077_1_109823687	SA077	1	109823687	1,109823687,G,T	K271N	SYPL2	1p13.3	TOPO_DOM // 235 // 272 // Cytoplasmic (Potential).	G:10061	T:8637	18698	0.461921061	0	TRUE	G:15164	A:1	15165	6.59E-05	1	FALSE		1 1:109823656-109824216	Other	FALSE		
2286	SA077_11_118007230	SA077	11	118007230	11,118007230,G,A	A642T	PHLDB1	11q23.3		G:5956	A:2222	8178	0.271704573	0	TRUE	G:8148	A:2	8150	0.000245399	1	FALSE		1 11:118007187-118007752	Other	FALSE		
2287	SA077_1_12844033	SA077	1	12844033	1,12844033,C,A	P413T	PRAMEF2	1p36.21		C:355632	A:29396	385028	0.076347694	0	TRUE	C:366849	T:36	366885	9.81E-05	1	FALSE	1,1	1:12843805-12844067	Other	FALSE		
2288	SA077_12_101096643	SA077	12	101096643	12,101096643,C,G	I383M	C12orf48	12q23.2		C:7971	G:8970	16941	0.529484682	0	TRUE	C:16721	G:16	16737	0.000955966	1	FALSE		1 12:101096592-101097086	Other	FALSE		
2289	SA077_14_22619468	SA077	14	22619468	14,22619468,T,C	T364A	ACIN1	14q11.2	COMPBIAS // 142 // 442 // Glu-rich. /// MOD_RES // 365 // 365 // Phosphoserine.	T:1877	C:447	2324	0.192340792	0	TRUE	T:1551	N:0	1551	0	1	FALSE	-1	14:22619438-22619704	Other	FALSE		
2290	SA077_15_29008776	SA077	15	29008776	15,29008776,C,A	H891N	MTMR15	15q13.2-q13.3		C:258954	A:39308	298262	0.131790171	0	TRUE	C:262439	T:19	262458	7.24E-05	1	FALSE		1 15:29008727-29008965	Other	FALSE		
2291	SA077_15_72212827	SA077	15	72212827	15,72212827,G,A	A227T	ISLR2	15q24.1	DOMAIN // 181 // 232 // LRRCT. /// TOPO_DOM // 19 // 589 // Extracellular (Potential).	G:72395	A:21960	94355	0.232738064	0	TRUE	G:65359	A:11	65370	0.000168273	1	FALSE		1 15:72212456-72212864	Other	FALSE		
									// Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// STRAND // 123 // 127 // /// VARIANT // 125 // 125 // T->A (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 125 // 125 // T->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 125 // 125 // T->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 125 // 125 // T->P (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 125 // 125 // T->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 126 // 126 // Y->C (in a familial cancer not matching LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 126 // 126 // Y->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 126 // 126 // Y->F (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 126 // 126 // Y->G (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 126 // 126 // Y->H (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 126 // 126 // Y->N (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 126 // 126 // Y->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 127 // 127 // S->C (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 127 // 127 // S->F (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT //																		
2292	SA077_17_7519277	SA077	17	7519277	17,7519277,G,C	Y126	TP53	17p13.1		G:68022	C:110211	178233	0.618353504	0	TRUE	G:102452	A:5	102457	4.88E-05	1	FALSE	-1	17:7519245-7519408	Other	FALSE		
2293	SA077_18_54738027	SA077	18	54738027	18,54738027,T,A	S510T	ZNF532	18q21.32		T:85741	A:15930	101671	0.156681846	0	TRUE	T:98654	C:55	98709	0.000557193	1	FALSE		1 18:54737704-54738064	Other	FALSE		
2294	SA077_2_120823838	SA077	2	120823838	2,120823838,C,T	S381F	INHBB	2cen-q13	DISULFID // 332 // 404 // By similarity. /// DISULFID // 336 // 406 // By similarity.	C:12174	T:15034	27208	0.552558071	0	TRUE	C:28222	A:6	28228	0.000212555	1	FALSE		1 2:120823800-120824259	Other	FALSE		
2295	SA077_4_53989050	SA077	4	53989050	4,53989050,C,A	P373T	FIP1L1	4q12	COMPBIAS // 356 // 406 // Pro-rich.	C:9954	A:18715	28669	0.652795703	0	TRUE	C:21544	T:3	21547	0.000139231	1	FALSE		1 4:53989022-53989543	Other	FALSE		
2296	SA077_5_68751581	SA077	5	68751581	5,68751581,G,C	A205P	MARVELD2	5q13.2	TRANSMEM // 195 // 215 // Helical; (Potential). /// DOMAIN // 188 // 367 // MARVEL.	G:21113	C:9366	30479	0.307293546	0	TRUE	G:11978	T:2	11980	0.000166945	1	FALSE		1 5:68751545-68752076	Other	FALSE		
2297	SA077_6_155171017	SA077	6	155171017	6,155171017,T,C	I368T	RBM16	6q25.1-q25.3	COMPBIAS // 193 // 371 // Gln-rich.	T:162216	C:58333	220549	0.264489977	0	TRUE	T:177085	C:10	177095	5.65E-05	1	FALSE		1 6:155170969-155171246	Other	FALSE		

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI						
1		id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumour	Binomial.test.corrected.p.value.Tumour	Binomial.test.statistic.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Normal	Total.count.Normal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.corrected.p.value.Normal	Binomial.test.statistic	Strand	primer	PAM50	Splice.site					
2298		SA077_6_159183061	SA077	6	159183061	6,159183061,C,T	V14I	LOC202459	6q25.3	REGION // 365 // 423 // Interaction with GLE1. /// COMPIAS // 238 // 378 // Ser-rich.	C:8339	T:2264	10603	0.213524474	0	TRUE	C:11788	G:4	11792	0.000339213	1	FALSE	-1	6:159183016-159183407	Other	FALSE					
2299		SA077_7_23206737	SA077	7	23206737	7,23206737,T,G	S374A	NUPL2	7p15	REGION // 210 // 251 // Potential.	T:3949	G:377	4326	0.08714748	0	TRUE	T:2675	C:1	2676	0.000373692	1	FALSE	1	7:23206254-23206770	Other	FALSE					
2300		SA077_8_27207642	SA077	8	27207642	8,27207642,C,G	E212Q	TRIM35	8p21.2	COILED	C:321821	G:49992	371813	0.134454686	0	TRUE	C:272740	G:155	272895	0.000567984	1	FALSE	-1	8:27207591-27207768	Other	FALSE					
2301		SA083_11_31438785	SA083	11	31438785	11,31438785,G,C	A53G	IMMP1L	11p13		G:81303	C:13928	95231	0.146254896	0	TRUE	G:76836	T:34	76870	0.000442305	0.017677176	FALSE	-1	11:31438256-31438830	Basal	FALSE					
2302		SA083_1_212884612	SA083	1	212884612	1,212884612,G,T	Q1788H	CENPF	1q32-q41		G:362765	T:95550	458315	0.208481067	0	TRUE	G:351174	A:6	351180	1.71E-05	1	FALSE	1	1:212884562-212884888	Basal	FALSE					
2303		SA083_13_47984155	SA083	13	47984155	13,47984155,C,A	E225	RC8TB2	13q14.3	REPEAT // 223 // 274 // RCC1 4.	C:178015	A:54026	232041	0.232829543	0	TRUE	C:210140	A:5	210145	2.38E-05	1	FALSE	-1	13:47983778-47984183	Basal	FALSE					
2304		SA083_16_66567534	SA083	16	66567534	16,66567534,C,T	R398H	DPEP3	16q22.1		C:261478	T:124703	386181	0.322913349	0	TRUE	C:387801	T:57	387858	0.000146961	1	FALSE	-1	16:66567487-66567804	Basal	FALSE					
2305		SA083_5_56581153	SA083	5	56581153	5,56581153,C,T	S322L	GPBP1	5q11.2		C:2584	T:658	3242	0.202961135	0	TRUE	C:3360	N:0	3360	0	1	FALSE	1	5:56580777-56581190	Basal	FALSE					
2306		SA083_6_33277240	SA083	6	33277240	6,33277240,C,G	D80E	SLC39A7	6p21.3	COMPIAS // 30 // 114 // His-rich.	C:632504	G:1077166	1709670	0.630043225	0	TRUE	C:1043934	A:94	1044028	9.00E-05	1	FALSE	1	6:33277210-33277387	Basal	FALSE					
2307		SA084_1_118340880	SA084	1	118340880	1,118340880,C,G	D1596H	SPAG17	1p12		C:46964	G:44012	90976	0.483775941	0	TRUE	C:102164	T:7	102171	6.85E-05	1	FALSE	-1	1:118340539-118340911	Basal	FALSE					
									/// METAL // 179 // 179 // Zinc. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// VARIANT // 178 // 178 // H->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 178 // 178 // H->HPPH (in a Burkitt lymphoma). /// VARIANT // 178 // 178 // H->L (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 178 // 178 // H->N (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 178 // 178 // H->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 178 // 178 // H->Q (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 178 // 178 // H->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 178 // 178 // H->Y (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 178 // 179 // HH->QS (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 179 // 179 // H->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 179 // 179 // H->L (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 179 // 179 // H->N (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 179 // 179 // H->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 179 // 179 // H->Q (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 179 // 179 // H->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT //																						
2308		SA084_17_7519119	SA084	17	7519119	17,7519119,T,C	H179R	TP53	17p13.1		T:21155	C:30398	51553	0.589645607	0	TRUE	T:64032	G:10	64042	0.000156148	1	FALSE	-1	17:7519076-7519624	Basal	FALSE					
2309		SA084_3_125694331	SA084	3	125694331	3,125694331,C,T	Q1580	KALRN	3q21.1-q21.2	DOMAIN // 1468 // 1580 // PH 1.	C:175272	T:260193	435465	0.597506114	0	TRUE	C:425733	T:39	425772	9.16E-05	1	FALSE	1	3:125694299-125694502	Basal	FALSE					
2310		SA084_6_30788388	SA084	6	30788388	6,30788388,T,A	Q437L	MDC1	6p21.3	REGION // 145 // 568 // Required for nuclear localization (NL51).	T:63395	A:81764	145159	0.563271998	0	TRUE	T:141921	C:11	141932	7.75E-05	1	FALSE	-1	6:30787952-30788437	Basal	FALSE					
2311		SA084_6_54914603	SA084	6	54914603	6,54914603,A,C	N959H	FAM83B	6p12.1		A:67347	C:64977	132324	0.491044708	0	TRUE	A:185971	T:11	185982	5.91E-05	1	FALSE	1	6:54914575-54914740	Basal	FALSE					
2312		SA089_10_79249128	SA089	10	79249128	10,79249128,G,C	P1210A	DLG5	10q23	MOD_RES // 1209 // 1209 // Phosphoserine.	G:22970	C:24001	46971	0.510974857	0	TRUE	G:53570	C:8	53578	0.000149315	1	FALSE	-1	10:79248648-79249164	Basal	FALSE					
2313		SA089_12_130159223	SA089	12	130159223	12,130159223,C,A	T630N	GPR133	12q24.33	TOPO_DOM // 624 // 633 // Extracellular (Potential).	C:329265	A:159838	489103	0.326798241	0	TRUE	C:212772	A:20	212792	9.40E-05	1	FALSE	1	12:130159184-130159366	Basal	FALSE					
2314		SA089_17_57383065	SA089	17	57383065	17,57383065,A,C	L2065R	MED13	17q22-q23		A:94023	C:247929	341952	0.725040357	0	TRUE	A:259677	G:15	259692	5.78E-05	1	FALSE	-1	17:57382840-57383093	Basal	FALSE					
2315		SA089_17_64621097	SA089	17	64621097	17,64621097,C,G					C:170318	G:51591	221909	0.232487191	0	TRUE	C:206372	A:93	206465	0.00045044	1	FALSE	-1	17:64621051-64621321	Basal	TRUE					
2316		SA089_19_4769358	SA089	19	4769358	19,4769358,G,T		LOC100288327			G:99705	T:48996	148701	0.329493413	0	TRUE	G:141738	T:36	141774	0.000253925	1	FALSE	-1	19:4768973-4769384	Basal	FALSE					
2317		SA089_19_49867836	SA089	19	49867836	19,49867836,G,C	D62H	CEACAM19	19q13.31	TOPO_DOM // 33 // 157 // Extracellular (Potential).	G:206481	C:116092	322573	0.359893729	0	TRUE	G:275941	T:16	275957	5.80E-05	1	FALSE	1	19:49867788-49868125	Basal	FALSE					
2318		SA089_19_8574717	SA089	19	8574717	19,8574717,C,G	G163R	ADAMTS10	19p13.3-p13.2	PROPEP // 26 // 233 // By similarity.	C:188723	G:115351	304074	0.379351737	0	TRUE	C:271322	T:26	271348	9.58E-05	1	FALSE	-1	19:8574486-8574747	Basal	FALSE					
2319		SA089_22_41552928	SA089	22	41552928	22,41552928,C,A	S196I	ARFGAP3	22q13.2-q13.3		C:631708	A:148708	780416	0.190549656	0	TRUE	C:271171	T:11	271182	4.06E-05	1	FALSE	-1	22:41552899-41553073	Basal	FALSE					
2320		SA089_6_112547054	SA089	6	112547054	6,112547054,G,T	Q1607K	LAMA4		DOMAIN // 1469 // 1640 // Laminin G-like 4.	G:44263	T:24740	69003	0.358535136	0	TRUE	G:38428	C:12	38440	0.000312175	1	FALSE	-1	6:112547003-112547397	Basal	FALSE					
2321		SA089_7_73573536	SA089	7	73573536	7,73573536,C,T	L327F	GTF2IRD1	7q11.23		C:4665	T:4243	8908	0.476313426	0	TRUE	C:11897	G:19	11916	0.001594495	1	FALSE	1	7:73573485-73573983	Basal	FALSE					
2322		SA089_8_144733410	SA089	8	144733410	8,144733410,C,T	R241Q	EEF1D	8q24.3		C:284025	T:22017	306042	0.071941106	0	TRUE	C:255404	T:26	255430	0.000101789	1	FALSE	-1	8:144733038-144733447	Basal	FALSE					
2323		SA090_1_52845092	SA090	1	52845092	1,52845092,G,C	S96T	GPX7	1p32	HELIX // 97 // 108 //	G:193000	C:49327	242327	0.203555526	0	TRUE	G:139007	A:22	139029	0.00015824	1	FALSE	1	1:52845056-52845387	Other	FALSE					
2324		SA094_1_26388564	SA094	1	26388564	1,26388564,G,C	E701Q	CNKSRI	1p36.11		G:102088	C:33516	135604	0.247160851	0	TRUE	G:106710	A:6	106716	5.62E-05	1	FALSE	1	1:26388516-26389100	Other	FALSE					
2325		SA094_16_18717633	SA094	16	18717633	16,18717633,C,A	E21	ARL6IP1	16p12-p11.2		C:76682	A:25505	102187	0.249591435	0	TRUE	C:58363	A:7	58370	0.000119925	1	FALSE	-1	16:18717590-18718014	Other	FALSE					
									/// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// REGION // 256 // 294 // Interaction with E4F1. /// VARIANT // 286 // 286 // E->A (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 286 // 286 // E->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 286 // 286 // E->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 286 // 286 // E->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 286 // 286 // E->L (in a sporadic cancer; somatic mutation; requires 2 nucleotide substitutions). /// VARIANT // 286 // 286 // E->Q (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 286 // 286 // E->V (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 287 // 287 // E->A (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 287 // 287 // E->D (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 287 // 287 // E->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 287 // 287 // E->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 287 // 287 // E->V (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 288 // 288 // N->D (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 288 // 288 // N->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT //																						
2326		SA094_17_7517804	SA094	17	7517804	17,7517804,C,A	E287	TP53	17p13.1		C:87294	A:54291	141585	0.383451637	0	TRUE	C:118410	A:20	118430	0.000168876	1	FALSE	-1	17:7517782-7518297	Other	FALSE					
2327		SA097_13_36479136	SA097	13	36479136	13,36479136,C,G	L139V	EXOSC8	13q13.1	STRAND // 133 // 143 //	C:13093	G:5062	18155	0.278821261	0	TRUE	C:21413	A:28	21441	0.001305909	0.538541621	FALSE	1	13:36479092-36479616	Basal	FALSE					
2328		SA097_15_38057581	SA097	15	38057581	15,38057581,G,C	D754H	EIF2AK4	15q15.1	DOMAIN // 590 // 1001 // Protein kinase 2.	G:21845	C:3617	25462	0.142054827	0	TRUE	G:21154	T:3	21157	0.000141797	1	FALSE	1	15:38057547-38058078	Basal	FALSE					
2329		SA097_19_51606953	SA097	19	51606953	19,51606953,G,C	Q319E	CCDC8	19q13.32		G:265687	C:52731	318418	0.165603075	0	TRUE	G:227514	A:13	227527	5.71E-05	1	FALSE	-1	19:51606758-51607001	Basal	FALSE					

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
2330	SA097_19_60055435	SA097	19	60055435	19,60055435,A,C	I81L	KIR3DL2	19q13.4	DISULFID // 49 // 95 // By similarity. /// DOMAIN // 42 // 102 // Ig-like C2-type 1. /// TOPO_DOM // 22 // 340 // Extracellular (Potential).	A:57521	C:28634	86155	0.332354477	0	TRUE	A:168582	C:21	168603	0.000124553	1	FALSE	1	19:60055164-60055483	Basal	FALSE
2331	SA097_19_61644524	SA097	19	61644524	19,61644524,C,G	G551A	ZNF667	19q13.43		C:122599	G:58847	181446	0.324322388	0	TRUE	C:199586	G:11	199597	5.51E-05	1	FALSE	-1	19:61644233-61644573	Basal	FALSE
2332	SA097_3_198221015	SA097	3	198221015	3,198221015,T,C	T466A	MF12	3q28-q29	DOMAIN // 366 // 706 // Transferrin-like 2.	T:64835	C:15950	80785	0.197437643	0	TRUE	T:58615	G:78	58693	0.001328949	0.003341649	FALSE	-1	3:198220993-198221310	Basal	FALSE
2333	SA097_4_1927570	SA097	4	1927570	4,1927570,A,G	H913R	WHSC1	4p16.3	DOMAIN // 880 // 942 // PWWP 2.	A:7319	G:3839	11158	0.344058075	0	TRUE	A:16382	G:1	16383	6.10E-05	1	FALSE	1	4:1927522-1927917	Basal	FALSE
2334	SA097_7_117037917	SA097	7	117037917	7,117037917,T,G	F1033V	CFTR	7q31.2	DOMAIN // 859 // 1155 // ABC transmembrane type-1 2. /// TRANSMEM // 1014 // 1034 // Helical; Name=10; (Potential).	T:72834	G:26639	99473	0.267801313	0	TRUE	T:45363	C:5	45368	0.00011021	1	FALSE	1	7:117037869-117038349	Basal	FALSE
2335	SA097_9_111181724	SA097	9	111181724	9,111181724,T,G	K892T	PTPN3	9q31	DOMAIN // 646 // 901 // Tyrosine-protein phosphatase. /// HELIX // 888 // 903 //	T:4437	G:1775	6212	0.285737283	0	TRUE	T:4777	N:0	4777	0	1	FALSE	-1	9:111181694-111182267	Basal	FALSE
2336	SA098_1_115058052	SA098	1	115058052	1,115058052,T,C	Q61R	NRAS	1p13.2	NP_BIND // 57 // 61 // GTP. /// VARIANT // 60 // 60 // G->E (in NS6; hypermorphic mutation). /// VARIANT // 61 // 61 // Q->K (in neuroblastoma cell). /// VARIANT // 61 // 61 // Q->R (in lung carcinoma cell and melanoma; dbSNP:rs11554290).	T:6443	C:4833	11276	0.428609436	0	TRUE	T:17785	C:1	17786	5.62E-05	1	FALSE	-1	1:115058015-115058273	Other	FALSE
2337	SA098_3_47137478	SA098	3	47137478	3,47137478,G,A	Q1218	SETD2	3p21.31		G:296525	A:222859	519384	0.429083299	0	TRUE	G:386592	A:86	386678	0.000222407	1	FALSE	-1	3:47137451-47137710	Other	FALSE
2338	SA098_5_140201890	SA098	5	140201890	5,140201890,C,T	S267F	PCDHA8	5q31	DOMAIN // 243 // 350 // Cadherin 3. /// TOPO_DOM // 30 // 697 // Extracellular (Potential).	C:410544	T:382560	793104	0.482357925	0	TRUE	C:709725	G:398	710123	0.000560466	1	FALSE	1,1,1,1	5:140201839-140202164	Other	FALSE
2339	SA099_2_131238061	SA099	2	131238061	2,131238061,G,T	G649V	FAM123C	2q21.1		G:658235	T:126790	785025	0.16151078	0	TRUE	G:662890	T:48	662938	7.24E-05	1	FALSE	1	2:131238013-131238338	Other	FALSE
2340	SA101_10_15679254	SA101	10	15679254	10,15679254,C,A	M723I	ITGA8	10p13	DISULFID // 713 // 726 // By similarity. /// TOPO_DOM // 39 // 1012 // Extracellular (Potential).	C:308698	A:160744	469442	0.342415037	0	TRUE	C:304834	A:32	304866	0.000104964	1	FALSE	-1	10:15679228-15679533	Other	FALSE
2341	SA102_10_134604538	SA102	10	134604538	10,134604538,C,G	C50S	C10orf93	10q26.3		C:482299	G:206469	688768	0.299765669	0	TRUE	C:887467	A:68	887535	7.66E-05	1	FALSE	-1	10:134604505-134604829	Other	FALSE
2342	SA102_7_128157278	SA102	7	128157278	7,128157278,G,A	E314K	FAM71F1	7q32.1		G:367370	A:125569	492939	0.254735373	0	TRUE	G:286984	C:14	286998	4.88E-05	1	FALSE	1	7:128157253-128157725	Other	FALSE
2343	SA102_X_47191906	SA102	X	47191906	X,47191906,A,C	M778R	ZNF41	Xp11.23	ZN_FING // 761 // 783 // C2H2-type 17.	A:328534	C:68955	397489	0.173476499	0	TRUE	A:246607	G:44	246651	0.00017839	1	FALSE	-1	X:47191858-47192251	Other	FALSE
2344	SA103_4_123065733	SA103	4	123065733	4,123065733,C,T	V271I	TRPC3	4q27	TOPO_DOM // 1 // 337 // Cytoplasmic (Potential).	C:281285	T:94796	376081	0.252062721	0	TRUE	C:347357	A:15	347372	4.32E-05	1	FALSE	-1	4:123065501-123065780	Other	FALSE
2345	SA106_11_9559769	SA106	11	9559769	11,9559769,C,G	S419	WEE1	11p15.3-p15.1	DOMAIN // 299 // 569 // Protein kinase. /// HELIX // 400 // 419 //	C:6096	G:1815	7911	0.22942738	0	TRUE	C:11436	A:2	11438	0.000174856	1	FALSE	1	11:9559722-9560161	Basal	FALSE
2346	SA106_12_11230652	SA106	12	11230652	12,11230652,G,C	I53M	TAS2R42	12p13	TRANSMEM // 51 // 71 // Helical; Name=2; (Potential).	G:131210	C:49904	181114	0.275539163	0	TRUE	G:119654	C:99	119753	0.000826702	1	FALSE	-1	12:11230461-11230687	Basal	FALSE

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
2347	SA106_14_81022422	SA106	14	81022422	14,81022422,C,T	V588M	SEL1L	14q24.3-q31	REGION // 22 // 737 // Interaction with ERLEC1, OS9 and SYVN1. /// TOPO_DOM // 22 // 738 // Lumenal (Potential).	C:252568	T:186320	438888	0.424527442	0	TRUE	C:347462	T:14	347476	4.03E-05	1	FALSE	-1	14:81022249-81022470	Basal	FALSE
2348	SA106_19_50069540	SA106	19	50069540	19,50069540,G,T	G336V	PVRL2	19q13.2	DOMAIN // 261 // 345 // Ig-like C2-type 2. /// TOPO_DOM // 32 // 360 // Extracellular (Potential).	G:93557	T:25664	119221	0.215264089	0	TRUE	G:120709	A:31	120740	0.00025675	1	FALSE	1	19:50069499-50069836	Basal	FALSE
2349	SA106_22_45238397	SA106	22	45238397	22,45238397,G,A	P1352S	CELSR1	22q13.3	DISULFID // 1351 // 1360 // By similarity. /// DOMAIN // 1303 // 1361 // EGF-like 1; calcium-binding. /// TOPO_DOM // 22 // 2469 // Extracellular (Potential).	G:4403	A:4476	8879	0.504110823	0	TRUE	G:22146	A:2	22148	9.03E-05	1	FALSE	-1	22:45238359-45238774	Basal	FALSE
2350	SA106_3_120395913	SA106	3	120395913	3,120395913,T,A	V209E	UPK1B	3q13.3-q21	TOPO_DOM // 108 // 229 // Extracellular (Potential).	T:192625	A:34076	226701	0.150312526	0	TRUE	T:176308	C:26	176334	0.000147447	1	FALSE	1	3:120395683-120395950	Basal	FALSE
2351	SA106_3_180534546	SA106	3	180534546	3,180534546,T,C	F367S	ZNF639	3q26.32		T:78445	C:24797	103242	0.240183259	0	TRUE	T:75502	C:24	75526	0.000317771	1	FALSE	1	3:180534302-180534592	Basal	FALSE
2352	SA106_4_128784305	SA106	4	128784305	4,128784305,C,A	P109H	INTU	4q28.1		C:162	A:83	245	0.33877551	8.01E-146	TRUE	C:96	N:0	96	0	1	FALSE	1	4:128784180-128784340	Basal	FALSE
2353	SA106_6_151729055	SA106	6	151729055	6,151729055,G,A	P280L	ZBTB2	6q25.1		G:27836	A:6320	34156	0.185033376	0	TRUE	G:32017	A:1	32018	3.12E-05	1	FALSE	-1	6:151729028-151729582	Basal	FALSE
2354	SA106_6_71000988	SA106	6	71000988	6,71000988,C,A	K763N	COL9A1	6q12-q14	REGION // 757 // 786 // Nonhelical region (NC2).	C:12803	A:26344	39147	0.672950673	0	TRUE	C:21092	G:14	21106	0.000663318	1	FALSE	-1	6:71000937-71001377	Basal	FALSE
2355	SA106_7_5934506	SA106	7	5934506	7,5934506,G,A	T760M	RSPH10B	7p22.1		G:32965	A:7920	40885	0.193714076	0	TRUE	G:24876	A:8	24884	0.000321492	1	FALSE	-1	7:5934455-5934903	Basal	FALSE
2356	SA106_8_145065251	SA106	8	145065251	8,145065251,C,A	G3713C	PLEC1	8q24	REGION // 2756 // 4684 // Globular 2.	C:7497	A:2409	9906	0.243185948	0	TRUE	C:4632	T:1	4633	0.000215843	1	FALSE	-1	8:145065200-145065792	Basal	FALSE
2357	SA208_15_81013033	SA208	15	81013033	15,81013033,C,G	R475P	CPEB1	15q25.2	DOMAIN // 430 // 511 // RRM 2. /// REGION // 330 // 566 // Necessary for stress granule assembly and correct localization in dcp1 bodies.	C:540059	G:357646	897705	0.398400365	0	TRUE	C:584488	A:79	584567	0.000135143	1	FALSE	-1	15:81012993-81013177	Basal	FALSE
2358	SA210_11_68603909	SA210	11	68603909	11,68603909,G,A	R524Q	TPCN2	11q13.2	TOPO_DOM // 524 // 554 // Extracellular (Potential). /// TRANSMEM // 503 // 523 // Helical; Name=S3 of repeat II; (Potential).	G:59872	A:12273	72145	0.170115739	0	TRUE	G:64765	T:8	64773	0.000123508	1	FALSE	1	11:68603877-68604452	Other	FALSE
2359	SA210_15_42566067	SA210	15	42566067	15,42566067,C,G	Q118E	CTDSP12	15q15.3		C:98890	G:32515	131405	0.247441117	0	TRUE	C:150734	A:5	150739	3.32E-05	1	FALSE	1	15:42565837-42566114	Other	FALSE
2360	SA210_16_66477394	SA210	16	66477394	16,66477394,C,G	H77D	NRN1L	16q22.1		C:383780	G:97692	481472	0.202902765	0	TRUE	C:526245	G:185	526430	0.000351424	0.395262183	FALSE	1	16:66477360-66477570	Other	FALSE
2361	SA210_3_143700142	SA210	3	143700142	3,143700142,C,T	E1849K	ATR	3q22-q24	DOMAIN // 1640 // 2185 // FAT.	C:291893	T:85311	377204	0.226166743	0	TRUE	C:366521	T:154	366675	0.00041999	0.002008892	FALSE	-1	3:143699801-143700177	Other	FALSE
2362	SA210_7_99547385	SA210	7	99547385	7,99547385,G,A	R268C	TAF6	7q22.1		G:671467	A:128375	799842	0.160500449	0	TRUE	G:653914	A:81	653995	0.000123854	1	FALSE	-1	7:99547342-99547513	Other	FALSE
2363	SA210_8_55703391	SA210	8	55703391	8,55703391,G,T	E1466	RP1	8q11-q13		G:57939	T:16700	74639	0.223743619	0	TRUE	G:47427	T:11	47438	0.000231882	1	FALSE	1	8:55703341-55703931	Other	FALSE
2364	SA210_9_17779460	SA210	9	17779460	9,17779460,C,T	P179L	SH3GL2	9p22	DOMAIN // 18 // 249 // BAR. /// HELIX // 180 // 246 //	C:78219	T:12812	91031	0.140743263	0	TRUE	C:56977	T:11	56988	0.000193023	1	FALSE	1	9:17779071-17779507	Other	FALSE
2365	SA212_17_26206285	SA212	17	26206285	17,26206285,A,T					A:408	T:208	616	0.337662338	0	TRUE	A:1036	N:0	1036	0	1	FALSE	1	17:26206250-26206460	Basal	TRUE
2366	SA212_1_84734154	SA212	1	84734154	1,84734154,G,C	R234T	BXDC5	1p22.3	DOMAIN // 142 // 325 // Brix.	G:101479	C:12257	113736	0.10776711	0	TRUE	G:79565	C:8	79573	0.000100537	1	FALSE	1	1:84734109-84734651	Basal	FALSE
2367	SA212_7_100630806	SA212	7	100630806	7,100630806,T,A	Q17L	MOGAT3	7q22.1		T:237574	A:53925	291499	0.184992058	0	TRUE	T:349204	C:103	349307	0.00029487	1	FALSE	-1	7:100630758-100631151	Basal	FALSE
2368	SA212_X_154389925	SA212	X	154389925	X,154389925,A,T	F275I	TMLHE	Xq28		A:471901	T:64252	536153	0.119838927	0	TRUE	A:340056	G:170	340226	0.000499668	0.002300057	FALSE	-1	X:154389881-154390310	Basal	FALSE
2369	SA213_1_41751501	SA213	1	41751501	1,41751501,G,A	S1993F	HIVEP3	1p34	REPEAT // 1993 // 1996 // 3.	G:43243	A:23814	67057	0.35513071	0	TRUE	G:64490	A:2	64492	3.10E-05	1	FALSE	-1	1:41751458-41751921	Basal	FALSE
2370	SA213_17_7514737	SA213	17	7514737	17,7514737,C,A	E339	TP53	17p13.1	HELIX // 335 // 354 // /// MOTIF // 339 // 350 // Nuclear export signal. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 300 // 393 // Interaction with CARM1. /// REGION // 319 // 360 // Interaction with HIPK2. /// REGION // 325 // 356 // Oligomerization. /// VARIANT // 338 // 338 // F->I (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 338 // 338 // F->L (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 339 // 339 // E->K (in a sporadic cancer; somatic mutation; dbSNP:rs17882252). /// VARIANT // 339 // 339 // E->Q (in a sporadic cancer; somatic mutation).	C:37369	A:177417	214786	0.826017524	0	TRUE	C:206450	T:46	206496	0.000222765	1	FALSE	-1	17:7514412-7514788	Basal	FALSE
2371	SA213_3_114865883	SA213	3	114865883	3,114865883,C,T	E75K	KIAA2018	3q13.2		C:212	T:63	275	0.229090909	2.17E-96	TRUE	C:423	N:0	423	0	1	FALSE	-1	3:114865850-114866228	Basal	FALSE
2372	SA213_3_127252546	SA213	3	127252546	3,127252546,G,C	T104I	SLC41A3	3q21.2		G:176970	A:85197	262167	0.324972251	0	TRUE	G:235450	A:77	235527	0.000326926	1	FALSE	-1	3:127252500-127252878	Basal	FALSE
2373	SA213_5_1347307	SA213	5	1347307	5,1347307,G,C	L232V	TERT	5p15.33	REGION // 231 // 324 // Linker.	G:4476	C:5777	10253	0.563444845	0	TRUE	G:11725	N:0	11725	0	1	FALSE	-1	5:1347285-1347781	Basal	FALSE
2374	SA213_6_29071581	SA213	6	29071581	6,29071581,C,T	G393R	ZNF311	6p22.1	ZN_FING // 387 // 409 // C2H2-type 6.	C:74955	T:54562	129517	0.421272883	0	TRUE	C:91146	T:21	91167	0.000230347	1	FALSE	-1	6:29071550-29072028	Basal	FALSE
2375	SA213_7_55191971	SA213	7	55191971	7,55191971,C,G	L387V	EGFR	7p12	TOPO_DOM // 25 // 645 // Extracellular (Potential).	C:5214	G:5033	10247	0.491168147	0	TRUE	C:4660	G:2	4662	0.000429	1	FALSE	1	7:55191925-55192411	Basal	FALSE
2376	SA214_10_26486324	SA214	10	26486324	10,26486324,G,A	R958H	MYO3A	10p11.1	DOMAIN // 340 // 1041 // Myosin head-like.	G:16610	A:1652	18262	0.090461067	0	TRUE	G:10073	N:0	10073	0	1	FALSE	1	10:26486298-26486568	Other	FALSE
2377	SA214_12_123393525	SA214	12	123393525	12,123393525,G,A	R1647C	NCOR2	12q24		G:3528	A:800	4328	0.184842884	0	TRUE	G:2005	A:1	2006	0.000498504	1	FALSE	-1	12:123393128-123393576	Other	FALSE
2378	SA214_15_41894165	SA214	15	41894165	15,41894165,C,T	R148Q	MFAP1	15q15-q21		C:196877	T:37252	234129	0.159108867	0	TRUE	C:191239	T:10	191249	5.23E-05	1	FALSE	-1	15:41894127-41894391	Other	FALSE
2379	SA214_16_56007195	SA214	16	56007195	16,56007195,G,A		CCL17	16q13		G:50619	A:6117	56736	0.107815144	0	TRUE	G:26405	A:3	26408	0.000113602	1	FALSE	1	16:56007149-56007660	Other	FALSE
2380	SA214_3_121891407	SA214	3	121891407	3,121891407,G,A	R222W	RABL3	3q13.33	REGION // 1 // 236 // Small GTPase-like.	G:151832	A:22980	174812	0.131455506	0	TRUE	G:140673	A:24	140697	0.000170579	1	FALSE	-1	3:121891015-121891436	Other	FALSE
2381	SA214_3_48580057	SA214	3	48580057	3,48580057,G,A	P2667L	COL7A1	3p21.1	MOD_RES // 2667 // 2667 // 4-hydroxyproline. /// REGION // 1254 // 2784 // Triple-helical region.	G:7950	A:1029	8979	0.114600735	0	TRUE	G:7061	C:13	7074	0.001837716	1	FALSE	-1	3:48580017-48580583	Other	FALSE
2382	SA214_4_151628388	SA214	4	151628388	4,151628388,A,G	V2177A	LRBA	4q31.3	HELIX // 2170 // 2179 //	A:73385	G:4511	77896	0.057910547	0	TRUE	A:53560	T:6	53566	0.000112011	1	FALSE	-1	4:151628338-151628775	Other	FALSE
2383	SA214_5_147762183	SA214	5	147762183	5,147762183,G,A	R169H	FBXO38	5q33.1		G:125537	A:11646	137183	0.084893901	0	TRUE	G:122479	T:102	122581	0.000832103	1	FALSE	1	5:147761845-147762218	Other	FALSE
2384	SA214_8_95574152	SA214	8	95574152	8,95574152,C,T	R1571H	KIAA1429	8q22.1		C:8087	T:1312	9399	0.139589318	0	TRUE	C:7128	A:5	7133	0.000700967	1	FALSE	-1	8:95574111-95574679	Other	FALSE
2385	SA214_X_122389540	SA214	X	122389540	X,122389540,A,G	T649A	GRIA3	Xq25-q26	TRANSMEM // 636 // 656 // Helical; (Potential).	A:112718	G:12079	124797	0.096789186	0	TRUE	A:86471	G:56	86527	0.000647197	1	FALSE	1	X:122389496-122389881	Other	FALSE
2386	SA215_12_93500256	SA215	12	93500256	12,93500256,C,A	D90Y	TMCC3	12q22		C:3000963	A:304659	3305622	0.092163895	0	TRUE	C:2565391	T:234	2565625	9.12E-05	1	FALSE	-1	12:93500229-93500433	Other	FALSE
2387	SA217_13_23769756	SA217	13	23769756	13,23769756,G,A	V531I	SPATA13	13q12.12	DOMAIN // 455 // 561 // PH.	G:293858	A:35247	329105	0.107099558	0	TRUE	G:264432	A:36	264468	0.000136122	1	FALSE	1	13:23769726-23770253	Other	FALSE

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.count.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
2391	SA226_17_7519127	SA226	17	7519127	17,7519127,G,T	C176	TP53	17p13.1	/// METAL // 176 // 176 // Zinc. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// VARIANT // 175 // 175 // R->C (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->G (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->H (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934578). /// VARIANT // 175 // 175 // R->L (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->Q (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->F (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->G (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->R (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->Y (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 177 // CP->FS (in a	G:6000	T:33757	39757	0.84908318	0	TRUE	G:109645	T:21	109666	0.000191491	1	FALSE	-1	17:7518773-7519170	Basal	FALSE
2392	SA226_5_176757471	SA226	5	176757471	5,176757471,A,G	M500V	SLC34A1	5q35	DISULFID // 225 // 522 // By similarity. /// TOPO_DOM // 488 // 513 // Cytoplasmic (Potential).	A:7014	G:23198	30212	0.767840593	0	TRUE	A:31678	C:4	31682	0.000126255	1	FALSE	1	5:176757424-176758014	Basal	FALSE
2393	SA226_9_133173325	SA226	9	133173325	9,133173325,G,A	V216M	PPAPDC3	9q34.13	TRANSMEM // 203 // 223 // Helical; (Potential).	G:115550	A:112132	227682	0.492493917	0	TRUE	G:169581	A:27	169608	0.000159191	1	FALSE	1	9:133173282-133173718	Basal	FALSE
2394	SA069_1_147006418	SA069	1	147006418	1,147006418,C,G	I20M	NBPF16			C:208	G:16	224	0.071428571	1.44E-17	TRUE	C:216	G:6	222	0.027027027	9.52E-05	FALSE	1	1:147006034-147006465	Basal	FALSE
2395	SA071_1_20121392	SA071	1	20121392	1,20121392,C,G	R91P	PLA2G2E	1p36.13	DISULFID // 44 // 135 // By similarity. /// DISULFID // 61 // 115 // By similarity. /// DISULFID // 67 // 142 // By similarity. /// DISULFID // 68 // 108 // By similarity. /// DISULFID // 77 // 101 // By similarity.	C:134048	G:69886	203934	0.342689301	0	TRUE	C:184629	A:37	184666	0.000200362	1	FALSE	-1	1:20121347-20121635	Basal	FALSE
2396	SA071_2_33476992	SA071	2	33476992	2,33476992,G,A	C1681Y	LTBP1	2p22-p21	DISULFID // 1666 // 1681 // By similarity. /// DISULFID // 1676 // 1690 // By similarity. /// DOMAIN // 1662 // 1706 // EGF-like 18; calcium-binding (Potential).	G:83180	A:12904	96084	0.134299155	0	TRUE	G:85135	T:25	85160	0.000293565	1	FALSE	1	2:33476557-33477024	Basal	FALSE
2397	SA075_12_106669946	SA075	12	106669946	12,106669946,G,A	R168C	PRDM4	12q23-q24.1		G:168054	A:24507	192561	0.127268762	0	TRUE	G:140388	C:86	140474	0.000612213	1	FALSE	-1	12:106669902-106670428	Other	FALSE
2398	SA076_7_95676106	SA076	7	95676106	7,95676106,C,T	E150K	SLC25A13	7q21.3	DOMAIN // 125 // 157 // EF-hand 3.	C:14925	T:1911	16836	0.113506771	0	TRUE	C:6751	G:2	6753	0.000296165	1	FALSE	-1	7:95675859-95676157	Other	FALSE
2399	SA084_17_36202213	SA084	17	36202213	17,36202213,G,T	P463T	KRT28	17q21.2	REGION // 398 // 464 // Tail.	G:157	T:215	372	0.577956989	0	TRUE	G:661	N:0	661	0	1	FALSE	-1	17:36202166-36202742	Basal	FALSE
2400	SA084_19_39616118	SA084	19	39616118	19,39616118,C,T	R107	UBA2	19q12	HELEX // 103 // 106 //	C:38566	T:32291	70857	0.455720677	0	TRUE	C:52334	T:7	52341	0.000133738	1	FALSE	1	19:39615628-39616168	Basal	FALSE
2401	SA097_17_7519131	SA097	17	7519131	17,7519131,C,T	R175H	TP53	17p13.1	// Zinc. /// REGION // 100 // 370 // Interaction with HIPK1 (By similarity). /// REGION // 113 // 236 // Required for interaction with FBXO42. /// REGION // 116 // 292 // Interaction with AXIN1 (By similarity). /// VARIANT // 174 // 174 // R->G (in LFS; germline mutation and in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->K (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->M (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->T (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 174 // 174 // R->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->C (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->G (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->H (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation; dbSNP:rs28934578). /// VARIANT // 175 // 175 // R->L (in LFS; germline mutation and in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->P (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->Q (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->S (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->T (in a sporadic cancer; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->W (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 175 // 175 // R->Y (in sporadic cancers; somatic mutation). /// VARIANT // 176 // 176 // C->F (in	C:55057	T:43562	98619	0.441720155	0	TRUE	C:84264	T:17	84281	0.000201706	1	FALSE	-1	17:7518773-7519170	Basal	FALSE
2402	SA103_10_76650590	SA103	10	76650590	10,76650590,C,T	P147L	VDAC2	10q22	TRANSMEM // 148 // 156 // Beta stranded; (By similarity).	C:58331	T:10484	68815	0.152350505	0	TRUE	C:71921	T:12	71933	0.000166822	1	FALSE	1	10:76650166-76650630	Other	FALSE
2403	SA103_11_128286745	SA103	11	128286745	11,128286745,G,T	D123Y	KCNJ5	11q24	TOPO_DOM // 112 // 135 // Extracellular (By similarity).	G:13653	T:12234	25887	0.472592421	0	TRUE	G:26894	A:1	26895	3.72E-05	1	FALSE	1	11:128286698-128287166	Other	FALSE
2404	SA103_13_35283087	SA103	13	35283087	13,35283087,C,A	G525C	DCLK1	13q13	DOMAIN // 390 // 647 // Protein kinase.	C:208	A:164	372	0.440860215	1.22E-295	TRUE	C:139	A:4	143	0.027972028	0.022664998	FALSE	-1	13:35283059-35283281	Other	FALSE
2405	SA103_20_2592188	SA103	20	2592188	20,2592188,G,A	Q81	IDH38	20p13		G:100925	A:11453	112378	0.101914966	0	TRUE	G:99152	A:41	99193	0.000413336	1	FALSE	-1	20:2592142-2592434	Other	FALSE
2406	SA210_19_5659369	SA210	19	5659369	19,5659369,A,T	L306M	LONP1	19p13.2	DOMAIN // 124 // 368 // Lon.	A:75936	T:16551	92487	0.17895488	0	TRUE	A:98029	G:15	98044	0.000152993	1	FALSE	-1	19:5659037-5659410	Other	FALSE
2407	SA210_6_123411520	SA210	6	123411520	6,123411520,A,C	I207L	RLBP1L2	6q22.31	DOMAIN // 96 // 257 // CRAL-TRIO.	A:715608	C:114069	829677	0.137486034	0	TRUE	A:441367	C:135	441502	0.000305774	1	FALSE	1	6:123411392-123411556	Other	FALSE
2408	SA212_19_63674066	SA212	19	63674066	19,63674066,G,A	R132Q	ZNF324	19q13.43	MOD_RES // 131 // 131 // Phosphoserine.	G:1001548	A:131334	1132882	0.115929108	0	TRUE	G:726039	A:62	726101	8.54E-05	1	FALSE	1	19:63674025-63674207	Basal	FALSE
2409	SA214_12_107142664	SA214	12	107142664	12,107142664,G,A	R234Q	WSCD2	12q23.3	DOMAIN // 230 // 324 // WSC 2.	G:89763	A:11827	101590	0.116418939	0	TRUE	G:97870	A:8	97878	8.17E-05	1	FALSE	1	12:107142232-107142705	Other	FALSE
2410	SA214_12_118664612	SA214	12	118664612	12,118664612,C,T	R940H	CIT	12q24	COILED // 453 // 1297 // Potential.	C:155387	T:14253	169640	0.084019099	0	TRUE	C:148672	T:27	148699	0.000181575	1	FALSE	-1	12:118664288-118664652	Other	FALSE
2411	SA084_10_79223871	SA084	10	79223871	10,79223871,C,G	D1853H	DLG5	10q23	DOMAIN // 1722 // 1905 // Guanylate kinase-like.	C:82017	G:155043	237660	0.654024298	0	TRUE	C:199018	A:18	199036	9.04E-05	1	FALSE	-1	10:79223840-79224210	Basal	FALSE
2412	SA090_1_200247008	SA090	1	200247008	1,200247008,G,C	V41L	ELF3	1q32.2		G:189845	C:35009	224854	0.155696585	0	TRUE	G:215755	A:117	215872	0.000541988	1	FALSE	1	1:200246957-200247254	Other	FALSE
2413	SA090_3_144775637	SA090	3	144775637	3,144775637,T,G	E328A	SLC9A9	3q24	TRANSMEM // 323 // 343 // Helical; (Potential).	T:201187	G:36369	237556	0.153096533	0	TRUE	T:155684	C:25	155709	0.000160556	1	FALSE	-1	3:144775604-144776077	Other	FALSE

	A	B	C	D	E	I	J	K	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AF	AG	AH	AI
1	id	Patient.ID	Chr	Coord	Mutation	AA.variant	Gene	Location	regions.position	Ref.count.Tumour	Alt.count.Tumour	Total.coun t.Tumour	Alt.frequency.Tumou r	Binomial.test.correcte d.p.value.Tumour	Binomial.test.sta tus.Tumour	Ref.count.Normal	Alt.count.Nor mal	Total.count.Nor mal	Alt.frequency.Normal	Binomial.test.c orrected.p.valu e.Normal	Binomial.tes	Strand	primer	PAM50	Splice.site
2414	SA090_6_90511758	SA090	6	90511758	6,90511758,C,T	R1378K	MDN1	6q15		C:512523	T:36263	548786	0.066078581	0	TRUE	C:242923	A:7	242930	2.88E-05	1	FALSE	-1	6:90511618-90511781	Other	FALSE
2415	SA106_2_179366453	SA106	2	179366453	2,179366453,T,C		TTN	2q31		T:2346	C:628	2974	0.211163416	0	TRUE	T:1656	C:1	1657	0.0006035	1	FALSE	-1	2:179366404-179366782	Basal	FALSE