

# ANEXOS

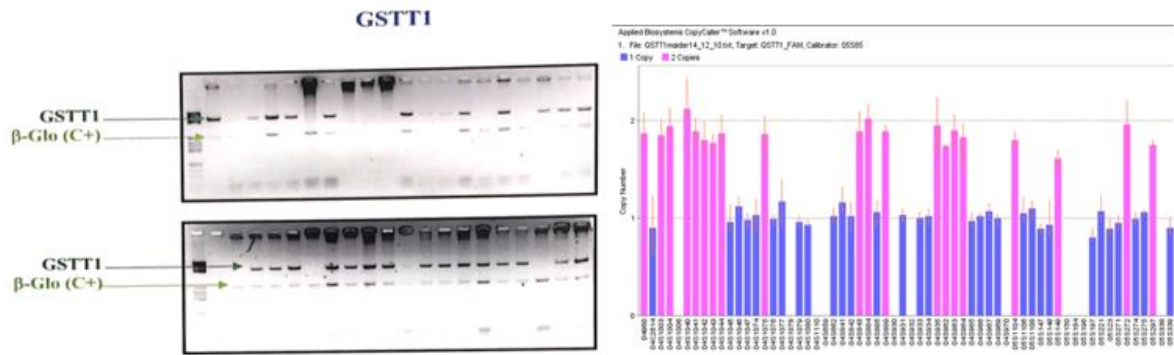


Figura 1: Resultados del análisis del número de copias de *GSTT1* por muestra en pacientes con melanoma mediante análisis por PCR convencional y qPCR junto con el programa de análisis Copy Caller (Ibarrola-Villava et al., 2012)

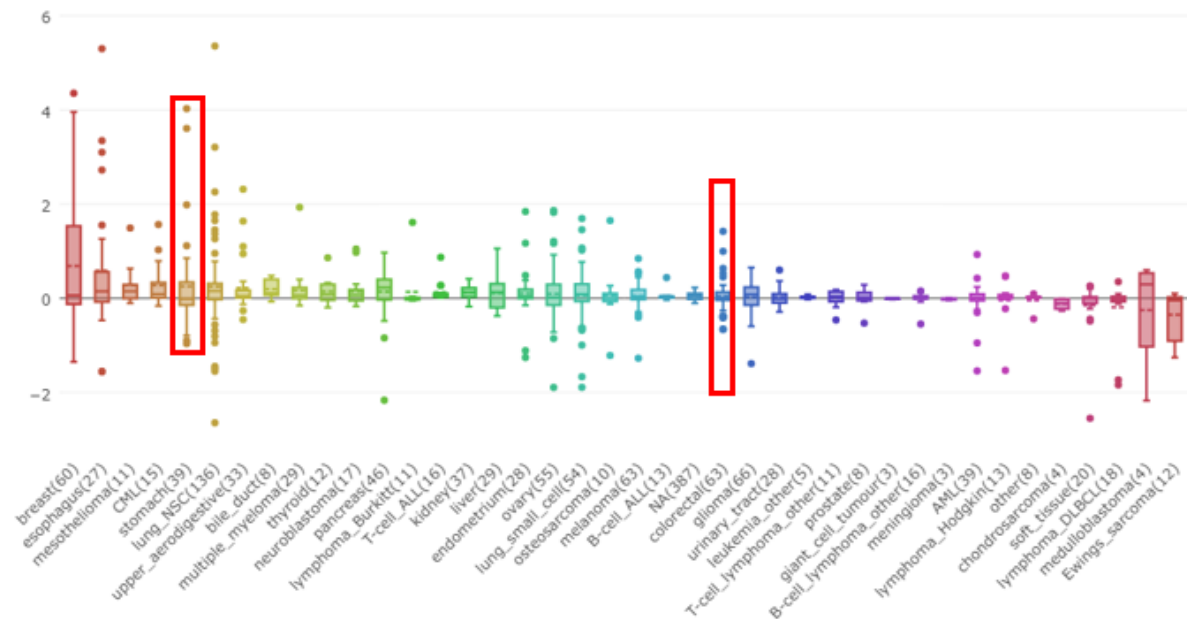


Figura 2: Gráfico de la variación en el número de copias de *ERBB2* en líneas celulares en diferentes tipos de cáncer. (THE BROAD INSTITUTE OF MIT & HARVARD, 2019)

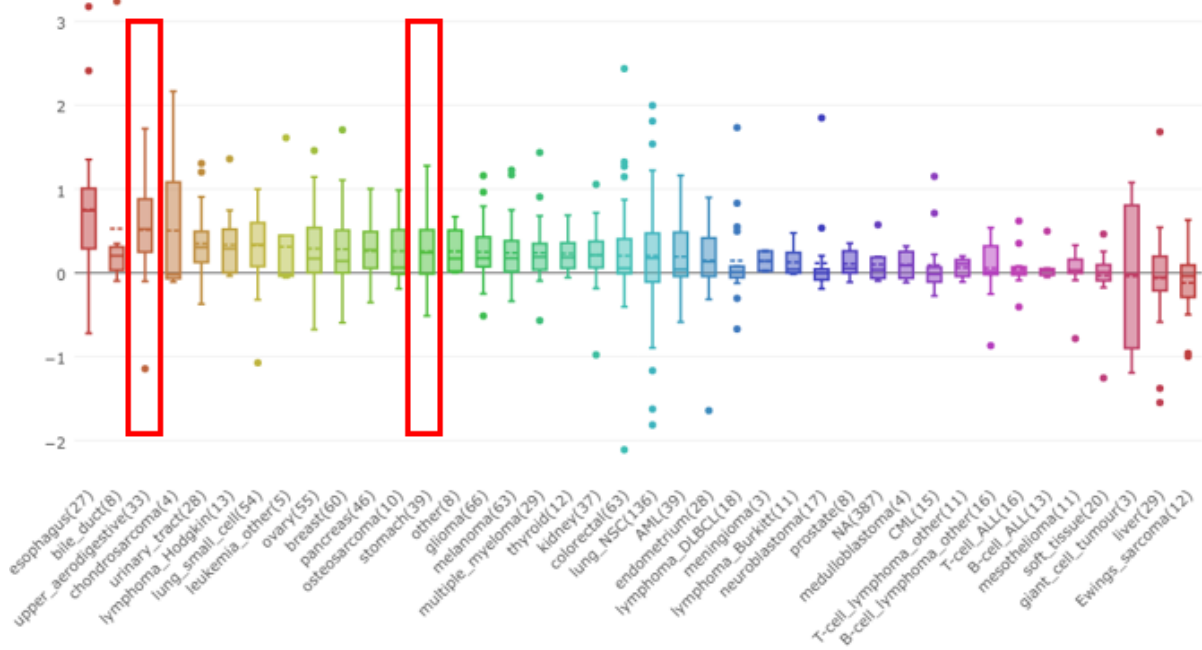


Figura 3: Gráfico de la variación en el número de copias de *PIK3CA* en líneas celulares en diferentes tipos de cáncer. (THE BROAD INSTITUTE OF MIT & HARVARD, 2019)

Tabla 1: Concentraciones, ratio 260/280, ratio 260/230, Tipo de cáncer y muestra de cada muestra

Muestras	Concentración ng/ $\mu$ L	260/ 280	260/ 230	Tipo de Cáncer	Tipo de Muestra	
04S1040	50.0	1.80	1.88	Melanoma Maligno	ADN genómico (capa de linfocitos)	
04S1075	50.0	1.70	1.97			
04S1040	28.5	1.84	0.43			
04S1046	18.3	1.69	0.40		ADN genómico digerido con la enzima Hae III (capa de linfocitos)	
04S1075	27.2	1.90	0.64			
04S841	30.9	1.74	0.28			
04S659	21.6	1.78	0.64			
17S001	18.2	1.58	0.21			
17S002	24.3	1.67	0.26			
17S003	37.2	1.91	0.41			
17S004	15.4	1.52	0.23			
17S005	38.0	1.88	0.40			
17S006	27.2	1.74	0.30			
17S007	35.2	1.96	0.52			
17S008	27.3	1.75	0.32			
17S009	18.5	1.63	0.27			
17S011	16.6	1.75	0.44			
17S012	23.4	1.61	0.20			
17S013	17.5	1.54	0.17			
17S014	22.1	1.71	0.26			
17S015	17.2	1.52	0.16			
17S016	26.5	1.73	0.29			
18S002	21.7	1.71	0.34			cfDNA de plasma
18S003	29.1	1.75	0.30			
18S004	28.6	1.62	0.19			
17S001	33.6	1.97	0.50			
17S002	24.5	1.81	0.60			
17S003	18.4	1.61	0.63			
17S004	14.3	1.67	0.58			
17S005	23.2	1.71	0.79			
17S006	17.0	1.67	0.86			
17S007	27.2	1.82	0.76			
17S008	21.0	1.93	0.80			
17S009	20.3	1.67	0.55			
17S011	32.7	1.70	0.70			
17S012	44.5	1.62	0.46			
17S013	17.6	1.55	0.80			
17S014	33.0	1.37	0.67			
17S015	13.2	1.79	0.74			
17S016	29.1	1.59	0.60			
18S002	38.8	1.59	0.53			
18S003	7.3	1.86	0.76			
18S004	21.5	1.98	0.48			

Muestras	Concentración ng/ $\mu$ L	260/ 280	260/ 230	Tipo de Cáncer	Tipo de Muestra
INV028	124.8	1.88	1.15	Cáncer colorrectal	ADN procedente de tejido tumoral parafinado
INV031	338.6	1.89	0.93		
INV236	235.2	2.10	1.98		
INV190	15.5	1.96	1.24		
INV133	211.9	1.94	0.38		
INV199	79.4	1.87	1.53		
INV106	8.9	1.05	0.12		
GAST 162	353.9	1.92	0.79	Cáncer gástrico	
GAST 155	132.2	1.82	0.53		
GAST 163	192.6	1.84	1.11		
GAST 167	34.9	1.70	0.33		
GAST 156	114.0	1.79	1.30		
GAST 8	213.6	1.96	0.97		
GAST 153	102.8	1.96	0.23		
GAST 170	187.9	1.94	0.44		ADN procedente de tejido normal parafinado
GAST 157	47.9	2.12	0.50		
NG155	25.4	1.80	0.36		
NG156	133.0	1.87	0.89		
NG162	52.2	1.83	1.10		
NG163	23.1	1.99	0.15	Cáncer de cabeza y cuello	ADN procedente de tejido tumoral parafinado
NG167	66.6	1.77	0.68		
HNC012-T1	44.6	1.87	1.83		
HCN013-T1	198.2	1.99	1.88		
HCN014-T1	81.8	1.92	1.82		
HCN016-T2	300.3	1.93	2.07		
HCN017-T1	50.1	1.91	1.88		
HCN018-T1	19.9	1.80	2.05		
HNC012-L1	39.8	2.16	0.50		cfDNA de plasma
HNC013-L1	23.4	2.16	0.39		
HNC014-L1	19.7	1.90	0.45		

Tabla 2: ANOVA para Positivos FAM por Muestra en el ensayo de CNV para el gen *GSTT1*

Fuente	Suma de cuadrados	Gl	Cuadrado medio	Razón-F	Valor-P
Entre grupos	5,8564E6	1	5,8564E6	18,33	0,0001
Intra grupos	1,08656E7	34	319576	-	-
Total (Corr.)	1,6722E7	35	-	-	-

Tabla 3: ANOVA para Positivos HEX por Muestra en el ensayo de CNV para el gen *GSTT1*

Fuente	Suma de cuadrados	Gl	Cuadrado medio	Razón-F	Valor-P
Entre grupos	1,02261E7	1	1,02261E7	26,18	0,0000
Intra grupos	1,32831E7	34	390679	-	-
Total (Corr.)	2,35092E7	35	-	-	-