

1. Anexos

1.1.Anexo I: Muestras procedentes de un mismo paciente

Muestra	Procedencia	Mutaciones divergentes (EGFR)	Mutaciones comunes (EGFR)
M01.1	Pulmón	(-)	p.L858R
M01.2	Pulmón	p.T790M	
M03.1	Pulmón	(-)	p.E746-A750del
M03.2	Mtx: Peritoneo	p.T790M	
M04.1	Pulmón	(-)	p.L858R
M04.2	Pulmón	p.T790M	
M11.1	Pulmón	(-)	p.E709K, p.G719C
M11.2	Pleura	(-)	

1.2.Anexo II: chips empleados para la secuenciación mediante PGM

Chip	Muestras	Porcentaje de pocillos ocupados (%)	Reads Totales	Reads Validos	Porcentaje de lecturas validas (%)	Media de bases por Read (bp)
1	M01.1, M01.2, M02, M03.1, M03.2, M04.1, M04.2, M05	69	7841057	5121500	65,31	110
2	M10, M11.1, M11.2, M12, M13, M25	67	7536289	2673687	35,48	114
3	M15, M16, M17	67	7517968	4008658	53,32	115
4	M18, M19, M20, M21, M22	78	8775044	3579861	40,79	110
5	M06, M07, M08, M23, M24	77	8639955	3121595	36,13	111
6	M14, M26, M27, M28	49	7646706	3664597	47,92	113
7	M09, M29, M30, M32	50	7944207	3911866	49,24	112
8	M31, M33, M34, M35, M36	75	8468926	4014029	47,39	112

1.3.Anexo III: Mutaciones detectadas mediante secuenciación en el PGM

(NV – No valorable)

Muestra	Procedencia	Chip	Nº Lecturas	Gen	Mutación	Frecuencia alélica (%)
M01.1	Pulmón	1	519,807	EGFR	p.L858R	20,20
				PIK3CA	p.G1049R	19,35
M01.2	Pulmón	1	554,289	EGFR	p.L858R	25,60
				PIK3CA	p.G1049R	26,60
M02	Pulmón	1	551,861	EGFR	p.T751A	58,28
M03.1	Pulmón	1	518,364	EGFR	p.E746-A750del	3,03
				TP53	p.P72R	96,99
M03.2	Mtx: Peritoneo	1	6,351	NV	NV	(-)
M04.1	Pulmón	1	402,052	EGFR	p.L858R	11,00
				TP53	p.P72R	95,23
M04.2	Pulmón	1	503,515	EGFR	p.L858R	50,49
					p.T790M	9,22
				TP53	p.P72R	97,00
					p.G105V	63,22
M05	Pulmón	1	524,024	PIK3CA	p.H1047L	76,41
				TP53	p.P72R	95,60
					p.Y220C	66,34
M06	Pulmón	5	366,069	PTEN	c.635-1G>C	28,34
				TP53	p.P72R	84,10
					p.R158L	69,93
M07	Pulmón	5	274,085	KRAS	p.G12V	39,38
				AKT1	p.D46E	42,31
				TP53	p.P72R	96,02
					p.Y163C	49,69
M08	Pulmón	5	292,515	KRAS	p.Q61H	39,23
				TP53	p.P72R	44,79
M09	Ganglio	7	298,611	KRAS	p.G12C	23,67
				TP53	p.P72R	97,77
M10	Pulmón	2	374,272	KRAS	p.G13E	31,89
				TP53	p.G154fs	20,37
M11.1	Pulmón	2	47,478	NV	NV	(-)
M11.2	Pulmón	2	330,619	EGFR	p.E709K	62,35
					p.G719C	63,03
				CTNNB1	p.S37C	44,51
				TP53	p.P72R	53,80
M12	Pulmón	2	303,224	EGFR	p.L858R	6,81
				TP53	p.P72R	51,52
					p.L194F	8,59
M13	Pulmón	2	404,913	KRAS	p.G13D	17,05

				TP53	p.P72R	42,47
					p.V157F	25,13
M14	Pulmón	6	288,119	TP53	p.P72R	57,11
M15	Pulmón	3	561,364	BRAF	p.V600E	3,20
				TP53	p.P72R	97,84
M16	Pulmón	3	613,012	KRAS	p.Q61H	13,14
				BRAF	p.V600E	5,13
				TP53	p.P72R	97,70
M17	Pulmón	3	581,215	KRAS	p.G12V	12,29
				TP53	p.P72R	97,44
M18	Pulmón	4	431,259	EGFR	c.2361G>C	100,00
				BRAF	p.G469V	26,23
				TP53	p.P72R	38,16
M19	Pulmón	4	377,753	KRAS	p.G12C	14,96
				TP53	p.P72R	100,00
M20	Pulmón	4	389,443	MET	p.M362T	52,90
				KRAS	p.G12V	27,50
				STK11	p.P281fs	16,20
				TP53	p.P72R	97,74
p.R248L	28,60					
M21	Pulmón	4	359,729	KRAS	p.G12V	25,00
				TP53	p.P72R	97,75
M22	Mtx: cerebro	4	369,296	MET	p.E168D	50,40
				TP53	p.P72R	35,10
						p.G154V
M23	Mtx: tejido linfoide	5	331,411	KRAS	p.G12C	59,69
				TP53	p.P72R	80,19
					p.R273L	52,14
M24	Pulmón	5	327,735	KRAS	p.G12C	8,63
				TP53	p.P72R	100,00
M25	Pleura	2	362,708	DDR2	p.R260L	44,99
				TP53	p.P72R	50,65
M26	Pulmón	6	326,226	KRAS	p.G12V	6,00
				TP53	p.P72R	55,02
M27	Pulmón	6	415,556	KRAS	p.G12V	22,40
				TP53	p.P72R	50,62
M28	Pulmón	6	335,933	ERBB2	p.I767M	9,90
				DDR2	p.M441I	51,77
				PIK3CA	p.E542Q	7,69
				TP53	p.P72R	98,07
					p.V157F	9,82
M29	Mtx: Hígado	7	448,994	EGFR	p.A750P	4,83
				MET	p.E168D	30,04
				KRAS	p.G12C	79,69
				TP53	p.P72R	97,16
M30	Pulmón	7	443,395	KRAS	p.G13E	45,12
				TP53	p.P72R	98,01
M31	Pulmón	8	348,584	EGFR	p.E746-A750del	42,18
					p.T790M	23,44
				TP53	p.P72R	100,00

M32	Pulmón	7	300,795	EGFR	p.L858R	15,32
				TP53	p.P72R	100,00
M33	Pulmón	8	540,709	KRAS	p.G12C	16,03
M34	Pulmón	8	333,021	KRAS	p.G12C	50,90
				TP53	p.P72R	100,00
					p.R249S	36,00
M35	Pulmón	8	445,948	KRAS	p.Gly12Cys	28,34
					p.Thr58Ile	2,45
				TP53	p.Pro72Arg	100,00
M36	Mtx: Hígado	8	347,891	EGFR	p.L747-P753delinsS	51,00
					p.T790M	12,50
					p.C797S	12,50
				MET	p.N375S	77,00
				TP53	p.P72R	78,55

1.4.Anexo IV: Resultados de la secuenciación de los transcritos

(NV – No valorable)

Muestra	Chip	Mapped Reads	Traslocación identificada/validada
M01.1	1	154,903	
M01.2	1	157,106	
M02	1	3,499	NV
M03.1	1	121,073	
M03.2	1	107,044	
M04.1	1	29,839	
M04.2	1	124,945	
M05	1	153,58	
M06	5	154,201	
M07	5	120,828	
M08	5	200,810	
M09	7	177,102	
M10	2	218,315	
M11.1	2	221,595	
M11.2	2	147,269	
M12	2	291,415	
M13	2	168,582	
M14	6	144,357	EML4(13) - ALK(20)
M15	3	113,784	
M16	3	100,978	
M17	3	122,335	
M18	4	116,243	
M19	4	65,368	
M20	4	79,330	
M21	4	130,086	
M22	4	104,748	
M23	5	75,829	
M24	5	159	NV
M25	2	249,939	EML4(6) - ALK(20)
M26	6	102,082	
M27	6	87,849	
M28	6	53,343	
M29	7	88,457	
M30	7	79,743	
M31	8	67,713	
M32	7	49,351	
M33	8	114,948	
M34	8	112,940	
M35	8	163,197	
M36	8	112,394	