

# Data Sheet

Product Name: CancerSeqPlus Paraffin Tissue Curl

Catalog No.: T2235152-SC

Lot No.: B911243

Species:  Human  Mouse  Rat  Monkey (Rh)  Guinea Pig  Porcine  
 Bovine  Hamster  Dog  Monkey (Cy)  Rabbit  Plant

Tissue Type:  Normal  Adult  Fetal  Tumor  Disease  Cell line

Tissue Name: Thyroid

Donor Information:

Male: \_\_\_\_\_ year(s) old

Female: 58 year(s) old

Pathological Diagnosis: Adenocarcinoma

Tumor Size: 6 cm dia

Location: Lung, right upper lobe

Components:

1. 5 curls per package
2. Certificate of Analysis

FOR IN VITRO RESEARCH USE ONLY

APPROVED BY: \_\_\_\_\_



Lot# **B911243**

For CNV mutations, we utilize stringent criteria to confirm copy number variations -- using normal tissues as controls. We may have samples containing additional CNVs not listed here. Please inquire.

CNV against colon	Copy Number	STDev of Copy Number	P-value
ERBB4	3.05	1.48	5.88E-03
FBXW7	3.18	1.97	9.14E-03
RB1	3.28	0.93	3.37E-03
CDKN2A (-)	0.24	0.19	1.19E-03

symbol	type	chromosome	position	reference	mutation	quality	allele type	Depth	variant frequency	transcript_id	existing variation	consequence
ABL1	complex	chr9	133738166	AGA	TGT	5.92	het	111	0.126	NM_007313.2		missense_variant
ABL1	complex	chr9	133748414	TTCAT	AACAA	1432.20	het	516	0.176	NM_007313.2		missense_variant
ABL1	complex	chr9	133750253	AGAGA	TGTGT	976.33	het	400	0.168	NM_007313.2		splice_acceptor_variant
AKT1	complex	chr14	105241430	CCTTCT	CCATCA	226.07	het	63	0.254	NM_001014431.1		missense_variant
AKT1	complex	chr14	105241473	CTCCT	CACCA	529.85	het	84	0.321	NM_001014431.1		missense_variant
AKT1	mnf	chr14	105241492	TT	AA	348.40	het	93	0.226	NM_001014431.1		missense_variant
AKT1	snp	chr14	105246325	T	A	2112.17	hom	91	1.000	NM_001014431.1	rs2494737	intron_variant
AKT1	complex	chr14	105246430	ACAGAGAA	TCTGTGTT	174.42	het	29	0.345	NM_001014431.1		missense_variant
AKT1	complex	chr14	105246541	TTGATGTACT	AAGAAGAACA	296.82	het	42	0.357	NM_001014431.1		missense_variant
AKT1	complex	chr14	105246546	GTACT	GAACA	4473.36	het	2721	0.150	NM_001014431.1		missense_variant
AKT1	complex	chr14	105246569	TGGT	AGGA	7984.55	het	3181	0.170	NM_001014431.1		intron_variant
ALK	complex	chr2	29432613	AAGAGACA	TTGTGTCT	186.83	het	16	0.625	NM_004304.4		intron_variant
ALK	snp	chr2	29443516	CA	CT	8611.24	het	2725	0.183	NM_004304.4		intron_variant
ALK	mnf	chr2	29443542	CAA	CTT	161.02	het	23	0.435	NM_004304.4		intron_variant
ALK	complex	chr2	29443731	TTAACT	AAAACA	162.34	het	28	0.393	NM_004304.4		intron_variant
ALK	complex	chr2	29443755	TCTT	ACAA	302.07	het	33	0.455	NM_004304.4		intron_variant
ALK	complex	chr2	29445313	TGT	AGA	730.60	het	3976	0.113	NM_004304.4		intron_variant
APC	mnf	chr5	112173221	AA	TT	437.45	het	84	0.286	XM_005271975.1		intron_variant
APC	complex	chr5	112173364	TCCT	ACCA	32.02	het	171	0.152	XM_005271975.1		missense_variant
APC	complex	chr5	112173383	TTAT	AAAA	505.57	het	195	0.185	XM_005271975.1		missense_variant
APC	mnf	chr5	112173402	TT	AA	542.34	het	192	0.188	XM_005271975.1		missense_variant
APC	complex	chr5	112173408	TGCT	AGCA	614.78	het	203	0.192	XM_005271975.1		missense_variant
APC	complex	chr5	112175579	ACCA	TCCT	230.65	het	49	0.286	XM_005271975.1		missense_variant
APC	complex	chr5	112175587	ACCA	TCCT	260.39	het	44	0.318	XM_005271975.1		synonymous_variant

APC	complex	chr5	112175602	AACA	TACT	166.24	het	32	0.344	XM_005271975.1	missense_variant
APC	complex	chr5	112175611	ACCA	TCCT	107.32	het	49	0.224	XM_005271975.1	synonymous_var
APC	complex	chr5	112175623	AACA	TACT	247.07	het	47	0.340	XM_005271975.1	COSM19094
APC	snp	chr5	112175634	CCA	CCT	26.43	het	65	0.154	XM_005271975.1	stop_gained
APC	complex	chr5	112175641	AGAAGTA	TGATGTT	73.79	het	47	0.213	XM_005271975.1	missense_variant
APC	snp	chr5	112175659	A	T	39.73	het	54	0.222	XM_005271975.1	missense_variant
APC	snp	chr5	112175770	G	A	3338.95	hom	133	1.000	XM_005271975.1	rs41115&COS
APC	complex	chr5	112176050	TCAT	ACAA	16.64	het	331	0.127	XM_005271975.1	missense_variant
APC	complex	chr5	112176082	TGCTT	AGCAA	507.81	het	503	0.133	XM_005271975.1	missense_variant
APC	snp	chr5	112176325	G	A	298.63	hom	10	1.000	XM_005271975.1	rs42427
APC	snp	chr5	112176559	T	G	1230.20	hom	44	1.000	XM_005271975.1	rs866006
APC	complex	chr5	112177012	TAAT	AAAA	951.55	het	533	0.159	XM_005271975.1	missense_variant
APC	snp	chr5	112177171	G	A	3048.80	hom	116	0.983	XM_005271975.1	rs465899
APC	snp	chr5	112178901	CT	CA	206.44	het	19	0.632	XM_005271975.1	synonymous_var
ATM	del	chr11	108117897	ATTTTTTTTTT	ATTTTTTTTTT	1212.58	het	349	0.169	NM_000051.3	intron_variant&f
ATM	snp	chr11	108119916	T	A	240.66	hom	11	1.000	NM_000051.3	intron_variant
ATM	complex	chr11	108123696	TGAT	AGAA	383.95	het	350	0.160	NM_000051.3	intron_variant
ATM	complex	chr11	108173525	AGGTACAATG	TGGTCTTTG	85.37	het	92	0.130	NM_000051.3	intron_variant
ATM	snp	chr11	108180822	ACA	ACT	1794.95	het	314	0.239	NM_000051.3	intron_variant
AURKA	complex	chr20	54945546	ATA	TTT	1615.56	het	435	0.198	NM_003600.2	missense_variant
AURKA	snp	chr20	54945783	A	G	327.17	hom	16	0.938	NM_003600.2	rs10485805
BRAF	complex	chr7	140453222	TAGAT	AAGAA	1104.71	het	959	0.157	XM_005250045.1	intron_variant
BRAF	complex	chr7	140481490	TTTTCTTGAT	AAAACAAGAA	154.14	het	24	0.417	XM_005250045.1	splice_acceptor
CCND1	del	chr11	69450976	GAAAAAAAAA	GAAAAAAAAA	404.02	het	74	0.270	NM_053056.2	upstream_gene
CCND1	snp	chr11	69460727	TCA	TCT	4988.22	het	1148	0.216	NM_053056.2	intron_variant
CCND1	complex	chr11	69463915	AGCA	TGCT	231.29	het	36	0.417	NM_053056.2	intron_variant
CCND1	complex	chr11	69465022	ACATGGA	TCTTGGT	1693.92	het	1517	0.133	NM_053056.2	intron_variant
CCND1	complex	chr11	69471023	AGAGTGAAGC	TGTGTGTTGC	249.88	het	36	0.361	NM_053056.2	downstream_gene
CCND1	mnp	chr11	69471039	AA	TT	444.28	het	33	0.667	NM_053056.2	downstream_gene
CCND1	complex	chr11	69471049	ACAACCCA	TCTCCCT	401.11	het	34	0.588	NM_053056.2	downstream_gene
CCND1	ins	chr11	69471188	AC	AGACC	287.43	het	256	0.156	NM_053056.2	downstream_gene
CCNE1	snp	chr19	30303676	T	A	1693.07	het	391	0.217	NM_001238.2	missense_variant
CCNE1	mnp	chr19	30303682	TT	AA	661.14	het	377	0.156	NM_001238.2	missense_variant
CCNE1	complex	chr19	30308036	ATTTACA	TTTTTCT	351.28	het	394	0.132	NM_001238.2	splice_acceptor
CDH1	complex	chr16	68771341	TCT	ACA	162.31	het	21	0.476	NM_004360.3	missense_variant
CDH1	complex	chr16	68771382	TGACTT	AGACAA	1956.39	het	1918	0.133	NM_004360.3	intron_variant
CDH1	mnp	chr16	68771386	TT	AA	256.92	het	18	0.611	NM_004360.3	intron_variant
CDH1	complex	chr16	68772251	GCCGAGAGCT	ACCGTGAACG	395.73	het	21	0.857	NM_004360.3	stop_gained
CDH1	mnp	chr16	68835540	AA	TT	2349.42	het	278	0.320	NM_004360.3	intron_variant
CDH1	mnp	chr16	68835548	AA	TT	1624.23	het	419	0.200	NM_004360.3	intron_variant
CDH1	complex	chr16	68835756	TGAAT	AGAAA	305.16	het	39	0.487	NM_004360.3	missense_variant
CDH1	complex	chr16	68835798	TATGTT	AAAGAA	234.87	het	1036	0.116	NM_004360.3	splice_donor_var
CDH1	complex	chr16	68842341	AATCCAAGCA	TTTCCTTGCT	100.69	het	24	0.417	NM_004360.3	missense_variant

CDH1	complex	chr16	68842360	ACA	TCT	104.24	het	22	0.455	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	snp	chr16	68842724	GGAT	GGAA	296.17	het	26	0.538	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	mnp	chr16	68842738	TT	AA	1640.68	het	1700	0.139	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	snp	chr16	68842757	T	A	176.68	het	15	0.667	NM_004360.3		splice_region_va
CDH1	complex	chr16	68844120	ATCCAA	TTCTT	266.14	het	29	0.414	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	complex	chr16	68844130	AATGCA	TTTGCT	314.15	het	31	0.484	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	complex	chr16	68844143	ATCCAATGGA	TTCTTTGGT	152.67	het	23	0.435	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	complex	chr16	68846036	AGA	TGT	8455.52	het	3603	0.167	NM_004360.3		splice_acceptor
CDH1	complex	chr16	68846047	ACGTATA	TCGTTTT	3867.94	het	3175	0.136	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	mnp	chr16	68846066	AA	TT	416.68	het	47	0.426	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	mnp	chr16	68846081	AA	TT	213.18	het	47	0.362	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	complex	chr16	68847435	TCCT	ACCA	1458.41	het	1964	0.129	NM_004360.3		intron_variant
CDH1	complex	chr16	68849534	TGTGAAT	AGAGAAA	245.38	het	28	0.464	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	complex	chr16	68849643	TTTAT	AAAAA	802.36	het	666	0.137	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	complex	chr16	68849664	TAAGTGT	AAAGAGA	1213.44	het	694	0.151	NM_004360.3		splice_donor_var
CDH1	complex	chr16	68853159	AAGCCAGA	TTGCCTGT	503.17	het	506	0.115	NM_004360.3		intron_variant
CDH1	complex	chr16	68853327	TGGT	AGGA	847.78	het	453	0.157	NM_004360.3		splice_donor_var
CDH1	complex	chr16	68855843	AAGGCAA	TTGGCTT	875.37	het	723	0.136	NM_004360.3		intron_variant
CDH1	complex	chr16	68855879	ACA	TCT	51.48	het	399	0.140	NM_004360.3		intron_variant
CDH1	complex	chr16	68857244	AATGA	TTTGT	3319.25	het	1993	0.151	NM_004360.3		intron_variant
CDH1	complex	chr16	68857275	ATCA	TTCT	1313.88	het	1557	0.149	NM_004360.3		intron_variant
CDH1	snp	chr16	68857441	T	C	3597.89	hom	116	1.000	NM_004360.3	rs1801552	synonymous_var
CDH1	complex	chr16	68862067	ACCA	TCCT	2498.59	het	1139	0.164	NM_004360.3		splice_region_va
CDH1	complex	chr16	68863505	ATGACTA	TTGTCTT	1196.73	het	384	0.185	NM_004360.3		intron_variant
CDH1	complex	chr16	68863694	TGAT	AGAA	266.37	het	20	0.700	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	complex	chr16	68867377	TGT	AGA	2051.02	het	1220	0.154	NM_004360.3		missense_variant
CDH1	snp	chr16	68867456	C	T	330.77	hom	14	1.000	NM_004360.3	rs1801026	3_prime_UTR_va
CDK4	complex	chr12	58142960	AGTACCAGCA	TGTTCTGCT	4163.98	het	1300	0.185	NM_000075.3		splice_donor_var
CDK4	snp	chr12	58144665	C	T	1053.35	het	60	0.717	NM_000075.3	rs2069502	intron_variant
CDK4	mnp	chr12	58145009	AA	TT	2136.16	het	2089	0.138	NM_000075.3		missense_variant
CDK4	complex	chr12	58145033	AGATA	TGTTT	725.26	het	1799	0.123	NM_000075.3		missense_variant
CDK4	complex	chr12	58145057	ACA	TCT	187.26	het	47	0.340	NM_000075.3		missense_variant
CDK4	complex	chr12	58145065	AAACACCA	TTTCTCT	160.62	het	44	0.364	NM_000075.3		missense_variant
CDK4	snp	chr12	58145103	A	T	26.76	het	42	0.238	NM_000075.3		missense_variant
CDK4	complex	chr12	58145117	TCCAT	ACCAA	364.21	het	1240	0.120	NM_000075.3		missense_variant
CDK4	snp	chr12	58145261	C	T	310.08	het	30	0.500	NM_000075.3		intron_variant
CDKN2A	snp	chr9	21965638	A	T	128.69	het	28	0.464	NM_001195132.1		downstream_ger
CDKN2A	complex	chr9	21965731	TCT	ACA	594.79	het	165	0.224	NM_001195132.1		downstream_ger
CDKN2A	mnp	chr9	21968191	AA	TT	2975.02	het	445	0.297	NM_001195132.1		3_prime_UTR_va
CDKN2A	complex	chr9	21968199	CGA	GGT	4214.12	hom	155	0.994	NM_001195132.1		3_prime_UTR_va
CDKN2A	complex,snp	chr9	21968199	CGA	GGT,GGA	20892.50	het	739	209.180	NM_001195132.1		3_prime_UTR_va
CDKN2A	complex	chr9	21968210	AGA	TGT	497.98	het	650	0.145	NM_001195132.1		3_prime_UTR_va
CDKN2A	mnp	chr9	21968230	AA	TT	727.01	het	577	0.165	NM_001195132.1		3_prime_UTR_va

CDKN2A	complex	chr9	21970920	ATCTA	TTCTT	899.86	het	315	0.187	NM_001195132.1	missense_variant
CDKN2A	complex	chr9	21974899	TCTGGT	ACAGGA	231.01	het	19	0.684	NM_001195132.1	5_prime_UTR_va
CDKN2A	snp,snp	chr9	21974924	T	A,C	334.94	het	23	0.478	NM_001195132.1	5_prime_UTR_va
CDKN2A	complex	chr9	21974925	TTCTTCCT	AACAACCA	283.82	hom	21	0.810	NM_001195132.1	5_prime_UTR_va
CSF1R	mnp	chr5	149433596	TG	GA	630.58	hom	24	1.000	NM_005211.3	3_prime_UTR_va
CSF1R	complex	chr5	149433675	ATA	TTT	143.02	het	696	0.124	NM_005211.3	missense_variant
CSF1R	snp	chr5	149452793	C	T	471.86	hom	17	1.000	NM_005211.3	rs10044553 intron_variant
CTNNB1	snp	chr3	41266111	TTCTGGT	TGCTGGT	6430.82	het	759	0.295	XM_005264887.1	missense_variant
DDR2	mnp	chr1	162740228	TT	AA	45.28	het	41	0.268	XM_005245220.1	missense_variant
DDR2	complex	chr1	162740235	TGACT	AGACA	65.98	het	46	0.283	XM_005245220.1	missense_variant
DDR2	complex	chr1	162740278	TTTGCT	AAAGCA	461.66	het	65	0.492	XM_005245220.1	missense_variant
DDR2	complex	chr1	162740310	TGATGTGGT	AGAAGAGGA	830.83	het	63	0.524	XM_005245220.1	splice_region_va
DDR2	complex	chr1	162740327	TGT	CGA	6152.70	hom	246	0.959	XM_005245220.1	intron_variant
DDR2	snp	chr1	162740327	TGT	CGT	65820.80	hom	2430	0.899	XM_005245220.1	intron_variant
DDR2	snp	chr1	162741794	C	T	18295.30	hom	593	0.995	XM_005245220	rs3738807 intron_variant
DDR2	snp	chr1	162743418	G	T	17878.40	hom	593	1.000	XM_005245220	rs1355287 intron_variant
DDR2	complex	chr1	162745419	ATCTA	TTCTT	4726.49	het	1561	0.190	XM_005245220.1	intron_variant
DDR2	complex	chr1	162745649	CTTCCTTCT	CAACCAACA	306.78	het	31	0.484	XM_005245220.1	intron_variant
DDR2	complex	chr1	162745924	AGTTACACCA	TGTTTCTCCT	349.53	het	30	0.567	XM_005245220.1	splice_acceptor
DDR2	mnp	chr1	162745939	AA	TT	302.40	het	32	0.531	XM_005245220.1	missense_variant
DDR2	complex	chr1	162748528	TGTT	AGAA	5076.56	het	2258	0.164	XM_005245220.1	intron_variant
DDR2	mnp	chr1	162748529	GTT	GAA	235.10	het	21	0.524	XM_005245220.1	intron_variant
DDR2	snp	chr1	162748588	C	A	424.24	hom	18	1.000	XM_005245220	rs907074 intron_variant
DDR2	complex	chr1	162749985	TCCCTCATT	ACCCACAAA	502.20	het	98	0.367	XM_005245220.1	missense_variant
DDR2	complex	chr1	162750008	TTCTGCTCCTT	AACAGCACCA	1158.37	het	110	0.536	XM_005245220.1	missense_variant
DDR2	complex	chr1	162750034	TGATGCTGTCA	AGAAGCAGA	6293.07	het	5320	0.127	XM_005245220.1	coding_sequence
EGFR	complex	chr7	55210996	AGACCATCCAC	TGTCCTTCCTC	1169.51	het	915	0.136	NM_005228.3	splice_acceptor
EGFR	mnp	chr7	55211174	TTT	AAA	2593.83	het	1446	0.158	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	complex	chr7	55221700	ATA	TTT	6385.35	het	3381	0.152	NM_005228.3	splice_acceptor
EGFR	mnp	chr7	55221713	AAA	TTT	518.78	het	74	0.351	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	complex	chr7	55221786	TGGATGT	AGGAAGA	301.79	het	107	0.252	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	complex	chr7	55221815	TTTGGT	AAAGGA	704.41	het	111	0.333	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	complex	chr7	55221827	TGCGT	AGCGA	939.79	het	102	0.422	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	complex	chr7	55221839	TGT	AGA	619.52	het	3991	0.121	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	complex	chr7	55221847	TGAGT	AGAGA	769.86	het	82	0.463	NM_005228.3	splice_donor_var
EGFR	complex	chr7	55233095	TGTGT	AGAGA	903.65	het	632	0.146	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	complex	chr7	55233106	TGT	AGA	2518.88	het	691	0.201	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	snp	chr7	55233132	T	A	3624.51	het	746	0.236	NM_005228.3	splice_donor_var
EGFR	del	chr7	55242464	AGGAATTAAG	AA	37634.50	het	5516	0.265	NM_005228.3	inframe_deletion
EGFR	mnp	chr7	55242465	GGAATT	GGAAAA	573.53	het	107	0.327	NM_005228.3	missense_variant
EGFR	snp	chr7	55242472	A	C	12.58	het	127	0.110	NM_005228.3	COSM145158 synonymous_var
EGFR	snp	chr7	55242609	A	G	4715.78	het	399	0.501	NM_005228.3	rs2017000 intron_variant
EGFR	complex	chr7	55248984	AGGAA	TGTTT	1253.17	het	1540	0.132	NM_005228.3	splice_acceptor

EGFR	snp	chr7	55249062	AG	AA	13053.40	het	1188	0.375	NM_005228.3		synonymous_var
EGFR	complex	chr7	55249173	TAAT	AAAA	2521.70	het	946	0.173	NM_005228.3		splice_donor_var
EGFR	complex	chr7	55259388	ACAGCA	TCTGCT	7551.15	het	2475	0.178	NM_005228.3		intron_variant
EGFR	complex	chr7	55259405	GTTTCA	CCATCC	233.79	het	29	0.345	NM_005228.3		splice_acceptor
EGFR	snp	chr7	55259405	GTTTCA	GTTTCT	324.38	het	43	0.326	NM_005228.3		splice_acceptor
EGFR	complex	chr7	55259415	ATGAACTA	TTGTTCTT	265.27	het	29	0.414	NM_005228.3		missense_variant
EGFR	snp	chr7	55259577	T	A	9268.93	het	2868	0.191	NM_005228.3		intron_variant
ERBB2	complex	chr17	37880256	TCTT	ACAA	81.89	het	726	0.112	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37880977	AGGAAGCATA	TGGTTGCTTT	1002.46	het	1289	0.124	NM_004448.2		splice_acceptor
ERBB2	complex	chr17	37881098	TGT	AGA	181.53	het	92	0.250	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37881136	TGCT	AGCA	211.02	het	5094	0.115	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37881144	TGGTGTAT	AGGAGAAA	4304.81	het	5172	0.122	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	mnf	chr17	37881157	TT	AA	3770.41	het	5190	0.141	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37881166	TAT	AAA	11181.60	het	5378	0.173	NM_004448.2		splice_donor_var
ERBB2	snp	chr17	37881174	T	A	31571.10	het	5957	0.237	NM_004448.2		intron_variant
ERBB2	snp	chr17	37881206	C	A	1507.68	het	156	0.481	NM_004448.2		intron_variant
ERBB2	complex	chr17	37881305	ATGAGCTA	TTGTGCTT	1459.91	het	1574	0.130	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37881318	AGGA	TGGT	840.15	het	1603	0.126	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37881489	TGGGT	AGGGA	1437.86	het	1806	0.131	NM_004448.2		intron_variant
ERBB2	snp	chr17	37881498	T	A	2526.53	het	1788	0.148	NM_004448.2		intron_variant
ERBB2	complex	chr17	37882820	ATGATTGA	TTGTTTGT	3628.92	het	4036	0.124	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	mnf	chr17	37882833	AA	TT	4614.69	het	3816	0.137	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37882843	AAGA	TTGT	1373.98	het	3695	0.122	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	mnf	chr17	37882866	AA	TT	231.23	het	58	0.345	NM_004448.2		missense_variant
ERBB2	complex	chr17	37882883	AGGGA	TGGGT	43.08	het	47	0.234	NM_004448.2		missense_variant
ERBB3	mnf	chr12	56477552	AA	TT	829.97	het	911	0.132	NM_001982.3		missense_variant
ERBB3	complex	chr12	56478983	CCTTCT	CCAACA	200.54	het	26	0.462	NM_001982.3		intron_variant
ERBB4	mnf	chr2	212530039	AA	TT	731.59	het	542	0.148	NM_005235.2		splice_region_var
ERBB4	complex	chr2	212576903	TGT	AGA	1147.35	het	882	0.143	NM_005235.2		splice_acceptor
ERBB4	snp	chr2	212576917	T	A	2563.67	het	965	0.169	NM_005235.2		intron_variant
ERBB4	del	chr2	212578379	TAAAAAAAAA	TAAAAAAAAA	817.86	het	105	0.295	NM_005235.2		splice_region_var
ERBB4	complex	chr2	212589916	GTCACT	GACACA	250.90	het	18	0.611	NM_005235.2		splice_acceptor
ERBB4	complex	chr2	212812298	TGATT	AGAAA	195.08	het	26	0.462	NM_005235.2		missense_variant
ERBB4	complex	chr2	212812324	TGTGACTTCT	AGAGACAACA	309.08	het	22	0.727	NM_005235.2		missense_variant
ESR1	complex	chr6	152419859	ACCTACAGTA	TCCTTCTGTT	783.32	het	66	0.621	XM_005266856.1		splice_acceptor
ESR1	complex	chr6	152419890	ACAGCATGAA	TCTGCTTGTT	218.17	het	81	0.198	XM_005266856.1		missense_variant
ESR1	complex	chr6	152419904	AAGAA	TTGAT	216.49	het	76	0.263	XM_005266856.1		missense_variant
ESR1	complex	chr6	152420106	TCCCTGGCT	ACCCAGGCA	67.91	het	1343	0.112	XM_005266856.1		3_prime_UTR_var
FBXW7	del	chr4	153247486	CTTTTTTTTTT	CTTTTTTTTTT	1607.09	het	212	0.278	NM_033632.3		intron_variant&f
FBXW7	complex	chr4	153251862	ACA	TCT	722.45	het	315	0.168	NM_033632.3		intron_variant
FBXW7	complex	chr4	153251871	AGA	TGT	853.74	het	307	0.179	NM_033632.3		intron_variant
FBXW7	complex	chr4	153251878	AGTTA	TGTTT	668.69	het	257	0.179	NM_033632.3		splice_donor_var
FBXW7	complex	chr4	153251887	AGGAGA	TGGTGT	292.61	het	256	0.145	NM_033632.3		missense_variant

FBXW7	snp	chr4	153253573	T	C	912.39	hom	38	1.000	NM_033632.3	rs115185891	intron_variant
FBXW7	snp	chr4	153259145	T	A	237.51	het	17	0.706	NM_033632.3		intron_variant
FBXW7	snp	chr4	153267968	A	G	370.26	hom	16	1.000	NM_033632.3	rs2714803	intron_variant
FBXW7	complex	chr4	153268201	AACA	TACT	34.13	het	86	0.151	NM_033632.3		missense_variant
FBXW7	complex	chr4	153268209	ACAA	TCAT	98.14	het	89	0.191	NM_033632.3		missense_variant
FBXW7	del,del	chr4	153268227	CAAAAAAAAA	CAAAAAAAAA	3309.44	het	445	0.204	NM_033632.3		splice_region_va
FBXW7	complex	chr4	153273867	TTCT	AACA	149.21	het	432	0.132	NM_033632.3		intron_variant
FBXW7	snp	chr4	153273882	T	A	1918.72	het	482	0.205	NM_033632.3	rs149080811	intron_variant
FGFR1	mnp	chr8	38271371	CT	AG	692.08	het	37	0.730	NM_001174067.1		intron_variant
FGFR1	complex	chr8	38271381	TGCGT	AGGGG	519.51	het	30	0.667	NM_001174067.1		intron_variant
FGFR1	complex	chr8	38271511	TGCAT	AGCAA	741.92	het	1095	0.129	NM_001174067.1		missense_variant
FGFR1	complex	chr8	38271531	TCATCATGTAC	ACAACAAGAA	1706.93	het	1232	0.134	NM_001174067.1		splice_acceptor_
FGFR1	complex	chr8	38282149	TGCT	AGCA	122.91	het	35	0.314	NM_001174067.1		missense_variant
FGFR1	complex	chr8	38282165	TGTTTTGTT	AGAAAAGAA	284.65	het	30	0.467	NM_001174067.1		missense_variant
FGFR1	complex	chr8	38282186	TGCTT	AGCAA	812.11	het	1732	0.120	NM_001174067.1		missense_variant
FGFR1	snp	chr8	38282294	C	T	417.00	hom	18	1.000	NM_001174067.1	rs2280846	intron_variant
FGFR1	mnp	chr8	38285832	AAA	TTT	200.29	het	21	0.524	NM_001174067.1		intron_variant
FGFR1	complex	chr8	38285839	AGTAAGATAG	TGTTTGTTTG	198.97	het	19	0.579	NM_001174067.1		intron_variant
FGFR1	complex	chr8	38285953	TCTAT	ACAAA	1047.23	het	1443	0.130	NM_001174067.1		splice_acceptor_
FGFR2	complex	chr10	123247522	AATA	TTTT	441.11	het	42	0.476	NM_022970.3		missense_variant
FGFR2	complex	chr10	123247530	ATA	TTT	533.91	het	41	0.537	NM_022970.3		missense_variant
FGFR2	complex	chr10	123247539	ATA	TTT	370.27	het	37	0.432	NM_022970.3		missense_variant
FGFR2	mnp	chr10	123247556	AAA	TTT	165.85	het	30	0.400	NM_022970.3		missense_variant
FGFR2	complex	chr10	123258003	ACTCACCA	TCTCTCCT	1785.20	het	1183	0.150	NM_022970.3		splice_donor_var
FGFR2	snp	chr10	123258130	T	A	427.99	het	406	0.140	NM_022970.3	rs41293744	intron_variant
FGFR2	snp	chr10	123274575	AA	AT	1672.56	het	1256	0.127	NM_022970.3		intron_variant
FGFR2	complex	chr10	123274596	AGGAGTAAA	TGGTGTTTT	254.53	het	25	0.520	NM_022970.3		intron_variant
FGFR2	mnp	chr10	123274612	AAA	TTT	158.47	het	25	0.400	NM_022970.3		intron_variant
FGFR2	complex	chr10	123274621	ATCTA	TCCTT	191.45	het	26	0.462	NM_022970.3		splice_region_va
FGFR2	complex	chr10	123274835	TAGATT	AAGAAA	340.04	het	31	0.548	NM_022970.3		splice_acceptor_
FGFR2	complex	chr10	123279737	TAAAT	AAAAA	296.49	het	420	0.131	NM_022970.3		intron_variant
FGFR3	snp	chr4	1803558	ACAGA	ACTGA	201.46	het	4775	0.100	NM_001163213.1		splice_acceptor_
FGFR3	snp	chr4	1803772	TGGGT	TGGGA	2266.41	het	1862	0.129	NM_001163213.1		intron_variant
FGFR3	snp	chr4	1805662	C	A	269.54	het	14	0.929	NM_001163213.1		intron_variant
FGFR3	complex	chr4	1805996	ATCCA	TTCTT	13676.10	het	4216	0.187	NM_001163213.1		intron_variant
FGFR3	del	chr4	1806012	TGGGGGGGGG	TGGGGGGGGG	11267.70	het	3325	0.188	NM_001163213.1		intron_variant&f
FGFR3	snp	chr4	1806211	CGT	CGA	1241.89	het	873	0.141	NM_001163213.1		missense_variant
FGFR3	complex	chr4	1806222	TCT	ACA	2713.08	het	970	0.194	NM_001163213.1		missense_variant
FGFR3	complex	chr4	1807781	ATCCACAGGG	TTCTCTGGG	492.28	het	60	0.383	NM_001163213.1		missense_variant
FGFR3	mnp	chr4	1807805	AA	TT	7182.23	het	4568	0.154	NM_001163213.1		missense_variant
FGFR3	complex	chr4	1807817	ACCGAGGACA	TCCGTGGTCT	100.00	het	48	0.250	NM_001163213.1		missense_variant
FGFR3	complex	chr4	1807836	AGA	TGT	40.13	het	46	0.239	NM_001163213.1		missense_variant
FGFR3	snp	chr4	1807892	ACG	ACA	31804.20	hom	1047	0.994	NM_001163213.1		synonymous_var

FGFR3	snp	chr4	1807894	G	A	687.02	hom	24	1.000	NM_001163213	rs7688609	synonymous_var
FGFR3	mnp	chr4	1807967	TT	AA	754.49	het	989	0.135	NM_001163213.1		intron_variant
FLT3	snp	chr13	28592546	T	C	316.79	hom	12	1.000	NM_004119.2	rs17086226	intron_variant
FLT3	complex	chr13	28592728	TGT	AGA	636.55	het	564	0.137	NM_004119.2		splice_acceptor
FLT3	complex	chr13	28602318	ACA	TCT	215.84	het	239	0.134	NM_004119.2		missense_variant
FLT3	complex	chr13	28602335	AGCA	TGCT	3.81	het	229	0.118	NM_004119.2		missense_variant
FLT3	complex	chr13	28610067	ATTA	TTTT	113.97	het	690	0.114	NM_004119.2		splice_donor_var
FOXL2	complex	chr3	138664436	AGAGATCGA	TGTGTTTCGA	694.38	het	1687	0.127	NM_023067.3		stop_lost
FOXL2	ins	chr3	138664504	GC	GACAGCC	490.33	het	25	0.840	NM_023067.3		frameshift_varia
FOXL2	complex	chr3	138664512	GGGC	GCCATGA	427.32	het	23	0.826	NM_023067.3		inframe_insertio
FOXL2	complex	chr3	138664981	AGGTA	TGGTT	1737.55	het	625	0.173	NM_023067.3		missense_variant
FOXL2	complex	chr3	138665290	TCGTAGAACG	CCGTTCTACG	341.64	het	24	0.583	NM_023067.3		stop_gained
GNA11	snp	chr19	3118869	AGA	AGT	2947.88	het	4514	0.116	NM_002067.2		intron_variant
GNA11	complex	chr19	3118920	AGGA	TGGT	1728.94	het	3496	0.156	NM_002067.2		splice_acceptor
GNA11	complex	chr19	3119029	TCCTGGT	ACCAGGA	5111.65	het	3005	0.153	NM_002067.2		missense_variant
GNAQ	snp	chr9	80409345	A	G	413.40	het	22	0.909	NM_002072.3	rs1328529	intron_variant
GNAQ	complex	chr9	80412553	TCATT	ACAAA	973.94	het	706	0.143	NM_002072.3		missense_variant
GNAQ	mnp	chr9	80412556	TT	AA	207.51	het	16	0.625	NM_002072.3		missense_variant
GNAQ	complex	chr9	80412562	TAGCT	AAGCA	2310.70	het	781	0.186	NM_002072.3		splice_acceptor
GNAQ	snp	chr9	80412563	AGCT	AGCA	257.51	het	16	0.688	NM_002072.3		splice_acceptor
GNAS	complex	chr20	57484186	AACA	TTCT	3243.81	het	844	0.203	NM_080425.2		intron_variant
GNAS	complex	chr20	57484616	TGGAT	AGGAA	149.51	het	38	0.289	NM_080425.2		missense_variant
GNAS	snp	chr20	57484616	TGGAT	TGGAA	228.14	het	53	0.264	NM_080425.2		missense_variant
GNAS	complex	chr20	57484625	TGCTT	AGCAA	393.99	het	50	0.460	NM_080425.2		missense_variant
GNAS	complex	chr20	57484641	TGCTGT	AGCAGA	599.36	het	48	0.625	NM_080425.2		splice_region_va
GNAS	complex	chr20	57484651	TTGGCTGTTCC	AAGGCAGAA	531.06	het	47	0.574	NM_080425.2		intron_variant
H3F3A	complex	chr1	226252182	TATT	AAAA	1413.39	het	944	0.149	NM_002107.4		splice_donor_var
HNF1A	complex	chr12	121431491	TAGT	AAGA	2864.68	het	1266	0.167	XM_005253931.1		missense_variant
HNF1A	complex	chr12	121431507	TAGGT	AAGGA	5729.03	het	1457	0.206	XM_005253931.1		splice_donor_var
HNF1A	complex	chr12	121432188	TCT	ACA	1338.71	het	355	0.217	XM_005253931.1		missense_variant
HRAS	complex	chr11	533893	TGT	AGA	118.96	het	32	0.344	NM_005343.2		missense_variant
HRAS	complex	chr11	533908	TCT	ACA	255.04	het	35	0.514	NM_005343.2		missense_variant
HRAS	complex	chr11	533916	TCAAT	ACAAA	772.52	het	1354	0.129	NM_005343.2		missense_variant
HRAS	complex	chr11	533928	TGCTT	AGCAA	643.53	het	1431	0.127	NM_005343.2		missense_variant
HRAS	complex	chr11	533943	TCCT	ACCA	4066.25	het	1590	0.175	NM_005343.2		splice_acceptor
HRAS	complex	chr11	534216	ATA	TTT	7531.01	het	1875	0.202	NM_005343.2		missense_variant
IDH1	del	chr2	209113048	GAAAAAAAAA	GAAAAAAAAA	379.16	het	92	0.207	XM_005246521.1		intron_variant&f
IDH1	complex	chr2	209116131	ACACGGA	TCTCGGT	192.54	het	15	0.667	XM_005246521.1		intron_variant
IDH1	del	chr2	209116299	GAAAAAAAAA	GAAAAAAAAA	4856.57	het	772	0.250	XM_005246521.1		intron_variant&f
IDH2	mnp	chr15	90631843	AA	TT	7944.50	het	5472	0.146	NM_002168.2		missense_variant
IDH2	complex	chr15	90631863	AGCCAGGGAC	TGCCTGGGTC	416.54	het	63	0.397	NM_002168.2		missense_variant
IDH2	complex	chr15	90631910	AAGACA	TTGTCT	19.54	het	65	0.200	NM_002168.2		missense_variant
IDH2	snp	chr15	90632003	GT	GA	233.04	het	38	0.342	NM_002168.2		intron_variant



IDH2	complex	chr15	90632021	TCTTT	ACAAA	531.28	het	45	0.489	NM_002168.2		intron_variant
JAK2	complex	chr9	5068985	ACTA	TCTT	1996.02	het	588	0.211	NM_004972.3		intron_variant
JAK2	snp	chr9	5073566	C	T	245.62	het	20	0.600	NM_004972.3		intron_variant
JAK2	del	chr9	5073681	CTTTTTTTTT	CTTTTTTTTC	5638.35	het	536	0.362	NM_004972.3		splice_region_va
JAK2	complex	chr9	5073787	TAAGT	AAAGA	892.68	het	597	0.157	NM_004972.3		splice_donor_var
JAK2	mnp	chr9	5081916	TT	AA	519.31	het	309	0.172	NM_004972.3		intron_variant
JAK3	complex	chr19	17945635	ACCGA	TCCGT	1833.29	het	1597	0.140	XM_005259896.1		intron_variant
JAK3	complex	chr19	17947945	AGCCATGCAC	TGCCTTGCTC	52.68	het	145	0.152	XM_005259896.1		missense_variant
JAK3	snp	chr19	17947983	ACGACA	ACGACT	38.24	het	176	0.142	XM_005259896.1		missense_variant
JAK3	snp	chr19	17954155	AA	AT	2294.52	het	1828	0.129	XM_005259896.1		intron_variant
KDR	complex	chr4	55953763	ATATACAGTA	TTTTCTGT	1635.63	het	1725	0.127	NM_002253.2		splice_donor_var
KDR	snp	chr4	55955143	AG	AA	159.39	het	440	0.118	NM_002253.2		splice_region_va
KDR	complex	chr4	55962409	ACAGGCACCT	TCTGGCTCCT	190.00	het	17	0.588	NM_002253.2		missense_variant
KDR	snp	chr4	55980239	C	T	986.81	hom	37	1.000	NM_002253.2	rs7692791	intron_variant
KDR	complex	chr4	55980417	TCATAAATCCT	ACAAAAAACC	241.37	het	34	0.412	NM_002253.2		missense_variant
KDR	complex	chr4	55980443	TAAATT	AAAAAA	16.66	het	1450	0.111	NM_002253.2		intron_variant
KDR	snp	chr4	55980463	T	A	7062.76	het	1818	0.199	NM_002253.2		intron_variant
KIT	complex	chr4	55592021	AGA	TGT	279.84	het	407	0.130	XM_005265740.1		splice_acceptor
KIT	complex	chr4	55593556	ATCTA	TTCTT	1455.22	het	330	0.236	XM_005265740.1		intron_variant
KIT	mnp	chr4	55595478	AA	TT	248.63	het	922	0.120	XM_005265740.1		intron_variant
KIT	complex	chr4	55595515	ATTACAGAATA	TTTTCTGTTTT	168.41	het	27	0.370	XM_005265740.1		missense_variant
KIT	mnp	chr4	55602609	AA	TT	1484.68	het	680	0.159	XM_005265740.1		intron_variant
KRAS	snp	chr12	25378753	T	A	283.74	het	412	0.131	NM_033360.2		intron_variant
KRAS	complex	chr12	25380294	ATA	TTT	505.62	het	64	0.359	NM_033360.2		missense_variant
KRAS	snp	chr12	25380304	GACA	GA	255.92	het	63	0.206	NM_033360.2		missense_variant
KRAS	complex	chr12	25380304	GACA	GTCT	157.36	het	50	0.220	NM_033360.2		missense_variant
KRAS	snp	chr12	25380319	CA	CT	219.14	het	68	0.265	NM_033360.2		synonymous_var
MAP2K1	complex	chr15	66727331	ACAGTATTGA	TCTGTTTTGT	243.66	het	267	0.131	NM_002755.3		intron_variant
MAP2K1	complex	chr15	66727552	TCT	ACA	129.51	het	37	0.270	NM_002755.3		missense_variant
MAP2K1	complex	chr15	66727581	TTGCCTTGAT	AAAGCCAAGA	294.04	het	41	0.390	NM_002755.3		splice_region_va
MAP2K1	complex,com	chr15	66727597	GGTAATT	CGAAAAA,GG	431.12	het	38	0.289	NM_002755.3		intron_variant
MAP2K1	mnp	chr15	66729267	TT	AA	174.56	het	20	0.500	NM_002755.3		intron_variant
MDM2	complex	chr12	69207415	TGAAT	AGAAA	1362.94	het	604	0.177	NM_002392.5		splice_region_va
MDM2	snp	chr12	69207427	T	A	3302.90	het	630	0.235	NM_002392.5		intron_variant
MDM2	snp	chr12	69230433	AATGAA	AATGAT	396.96	het	314	0.127	NM_002392.5		intron_variant
MET	mnp	chr7	116403086	AA	TT	2900.54	het	559	0.236	XM_005250353.1		intron_variant
MET	complex	chr7	116411873	AACAA	TTCTT	4595.35	het	4180	0.134	XM_005250353.1		intron_variant
MET	complex	chr7	116411900	AAGA	TTGT	515.92	het	43	0.605	XM_005250353.1		splice_acceptor
MET	complex	chr7	116411911	AGTGAATTA	TGTGTTTT	487.84	het	46	0.587	XM_005250353.1		missense_variant
MET	snp	chr7	116417571	A	G	512.15	het	49	0.551	XM_005250353.1		intron_variant
MET	snp	chr7	116436022	GA	AA	11608.50	het	611	0.663	XM_005250353.1		synonymous_var
MET	snp	chr7	116436097	G	A	5445.21	het	307	0.645	XM_005250353.1	rs41737&COS	synonymous_var
MLH1	complex	chr3	37067044	ATATCTATA	TTTTCTTT	579.56	het	1722	0.130	NM_000249.3		intron_variant

MLH1	complex	chr3	37067462	TGT	AGA	369.62	het	208	0.163	NM_000249.3		missense_variant
MLH1	complex	chr3	37067481	TACTT	AACAA	896.37	het	272	0.191	NM_000249.3		missense_variant
MPL	complex	chr1	43814961	ATCTA	TTCTT	7492.30	het	4183	0.156	NM_005373.2		missense_variant
MYC	snp	chr8	128746429	GA	GT	247.08	het	30	0.433	NM_002467.4		upstream_gene
MYC	complex	chr8	128746439	AGCAAAATCC	TGCTTTTTCT	197.46	het	18	0.611	NM_002467.4		upstream_gene
MYC	complex	chr8	128747565	GGTATC	CCAATT	131.64	het	50	0.220	NM_002467.4		upstream_gene
MYC	mnp	chr8	128747577	TTTG	CAAA	119.32	het	49	0.204	NM_002467.4		upstream_gene
MYC	mnp	chr8	128748714	TT	AA	353.85	het	61	0.426	NM_002467.4		5_prime_UTR_va
MYC	complex	chr8	128748740	TCT	ACA	220.20	het	2213	0.131	NM_002467.4		5_prime_UTR_va
MYC	complex	chr8	128748759	TATTCT	AAAACA	2991.26	het	2670	0.131	NM_002467.4		5_prime_UTR_va
MYC	mnp	chr8	128748770	TTT	AAA	3825.67	het	2634	0.153	NM_002467.4		5_prime_UTR_va
MYC	mnp	chr8	128748781	TT	AA	268.93	het	47	0.340	NM_002467.4		5_prime_UTR_va
MYC	complex	chr8	128749646	TGTCCT	AGACCA	876.21	het	1291	0.130	NM_002467.4		intron_variant
MYC	complex	chr8	128750878	TTCAT	AACAA	3904.88	het	1244	0.181	NM_002467.4		missense_variant
MYC	snp	chr8	128750918	G	A	226.12	hom	11	1.000	NM_002467.4		missense_variant
MYC	complex	chr8	128753062	TAGTTATCCTT	AAGAAAACCA	1021.73	het	1252	0.125	NM_002467.4		missense_variant
MYCN	snp	chr2	16080157	C	G	2585.31	hom	84	0.988	NM_005378.4	rs11886063	upstream_gene
MYCN	complex	chr2	16081324	TCCT	ACCA	497.05	het	275	0.156	NM_005378.4		intron_variant
MYCN	snp	chr2	16089359	T	C	284.03	hom	12	1.000	NM_005378.4	rs55912884	downstream_ger
MYCN	snp	chr2	16089442	T	A	1038.27	hom	37	1.000	NM_005378.4	rs12619709	downstream_ger
MYCN	snp	chr2	16089613	CAT	CAC	13855.60	hom	477	0.975	NM_005378.4		downstream_ger
MYCN	complex	chr2	16089613	CAT	TAC	300.90	hom	12	1.000	NM_005378.4		downstream_ger
NOTCH1	snp	chr9	139390397	C	T	801.56	hom	29	1.000	NM_017617.3	rs3124591	3_prime_UTR_va
NOTCH1	mnp	chr9	139390530	AA	TT	6363.18	het	2989	0.160	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	mnp	chr9	139390541	AA	TT	716.36	het	2918	0.123	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	complex	chr9	139390594	ACCA	TCCT	98.42	het	33	0.303	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	snp	chr9	139390630	A	T	94.41	het	31	0.323	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	complex	chr9	139391472	GTGTCG	ATGCCCGACA	396.26	hom	16	1.000	NM_017617.3		inframe_insertio
NOTCH1	complex	chr9	139391505	ACGGACGGAG	TCGGTCGGTG	251.95	het	54	0.296	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	mnp	chr9	139391523	AA	TT	508.50	het	70	0.357	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	complex	chr9	139391535	AGCA	TGCT	458.91	het	69	0.333	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	complex	chr9	139391560	ACAGGTAGCC	TCTGGTTGCC	246.40	het	56	0.321	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	snp	chr9	139391636	G	A	10685.50	het	767	0.544	NM_017617.3	rs2229974	synonymous_var
NOTCH1	complex	chr9	139391873	ATGCA	TTGCT	1027.88	het	1231	0.131	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	complex	chr9	139397628	ACTTA	TCTTT	203.21	het	16	0.625	NM_017617.3		splice_donor_var
NOTCH1	snp	chr9	139397705	ACG	ACA	14680.00	het	953	0.510	NM_017617.3		synonymous_var
NOTCH1	complex	chr9	139397820	TTCCTCCT	AACCACCA	3.13	het	866	0.118	NM_017617.3		intron_variant
NOTCH1	complex	chr9	139397849	TGCT	AGCA	3675.45	het	961	0.205	NM_017617.3		intron_variant
NOTCH1	complex	chr9	139399119	ACTCA	TCTCT	2865.21	het	1396	0.160	NM_017617.3		splice_donor_var
NOTCH1	complex	chr9	139399209	AGCA	TGCT	278.70	het	13	0.923	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	del	chr9	139399216	CGTC	CC	319.27	het	15	0.933	NM_017617.3		frameshift_varia
NOTCH1	complex	chr9	139399743	ATGA	TTGT	833.79	het	838	0.137	NM_017617.3		intron_variant
NOTCH1	complex	chr9	139399976	CGTCCTCCTGG	AGTGCCAGGA	407.64	het	25	0.680	NM_017617.3		missense_variant

NOTCH1	mnp	chr9	139400053	AA	TT	230.07	het	71	0.239	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	complex	chr9	139400065	AGGA	TGGT	512.24	het	61	0.393	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	mnp	chr9	139400089	AA	TT	179.36	het	42	0.333	NM_017617.3		missense_variant
NOTCH1	complex	chr9	139400305	TCATTCT	ACAAACA	1125.16	het	2052	0.114	NM_017617.3		missense_variant
NPM1	del	chr5	170837513	CTTTTTTTTTT	CTTTTTTTTTT	3641.16	het	531	0.256	NM_002520.6		splice_region_var
NPM1	del	chr5	170837733	CTG	CG	723.08	het	48	0.688	NM_002520.6		3_prime_UTR_va
PDGFRA	mnp	chr4	55141022	AA	TT	390.71	het	45	0.467	NM_006206.4		missense_variant
PDGFRA	snp	chr4	55141055	A	G	65003.10	hom	2098	1.000	NM_006206.4	rs1873778&C	synonymous_var
PDGFRA	complex,com	chr4	55141055	AGAT	GGTT,GGAA	418.62	het	33	0.364	NM_006206.4		missense_variant
PDGFRA	complex	chr4	55144662	TGCTGAT	AGCAGAA	819.18	het	381	0.165	NM_006206.4		missense_variant
PDGFRA	snp	chr4	55144684	T	A	1453.16	het	393	0.198	NM_006206.4		splice_donor_var
PDGFRA	snp	chr4	55144715	T	A	321.03	het	21	0.857	NM_006206.4		intron_variant
PDGFRA	complex	chr4	55152002	ATGCA	TTGCT	3493.29	het	1463	0.165	NM_006206.4		splice_acceptor
PDGFRA	snp	chr4	55152284	T	G	650.71	hom	28	1.000	NM_006206.4	rs4864872	intron_variant
PDGFRA	snp	chr4	55161254	CAGGA	TAGGA	10304.30	hom	398	0.859	NM_006206.4		intron_variant
PDGFRA	complex	chr4	55161254	CAGGA	TTGGT	948.62	hom	56	0.786	NM_006206.4		intron_variant
PDGFRA	complex	chr4	55161264	AATA	TTTT	83.50	het	445	0.115	NM_006206.4		intron_variant
PDGFRA	snp	chr4	55161391	T	C	2738.37	hom	90	1.000	NM_006206.4	rs7685117	synonymous_var
PDGFRA	complex	chr4	55161514	TGCA	AGCG	518.44	hom	20	1.000	NM_006206.4		3_prime_UTR_va
PDGFRA	snp	chr4	55161514	TGCA	TGCG	7212.99	hom	253	0.921	NM_006206.4		3_prime_UTR_va
PIK3CA	snp	chr3	178916559	TA	TT	244.85	het	202	0.144	NM_006218.2		5_prime_UTR_va
PIK3CA	complex	chr3	178921347	ATAA	TTTT	228.02	het	32	0.375	NM_006218.2		missense_variant
PIK3CA	complex	chr3	178921359	AGGA	TGGT	322.82	het	26	0.577	NM_006218.2		missense_variant
PIK3CA	del	chr3	178927848	ATTTTTTTTTT	ATTTTTTTTTT	936.20	het	179	0.229	NM_006218.2		intron_variant&f
PIK3CA	snp	chr3	178936074	C	G	423.98	het	21	0.810	NM_006218.2	rs121913285	missense_variant
PIK3CA	snp	chr3	178936214	C	A	215.45	hom	10	1.000	NM_006218.2		intron_variant
PIK3CA	snp	chr3	178938892	C	T	473.16	het	67	0.313	NM_006218.2		missense_variant
PIK3CA	complex	chr3	178938911	TTCT	AACA	165.76	het	293	0.130	NM_006218.2		missense_variant
PIK3R1	snp	chr5	67586791	G	A	323.54	hom	16	0.938	NM_181523.2		intron_variant
PIK3R1	complex	chr5	67588085	AGCA	TGCT	1634.92	het	974	0.164	NM_181523.2		splice_acceptor
PIK3R1	complex	chr5	67588898	AGATGAGCA	AGTTGTGCT	2121.97	het	729	0.163	NM_181523.2		intron_variant
PIK3R1	snp	chr5	67589188	C	T	461.43	het	26	0.654	NM_181523.2		synonymous_var
PIK3R1	mnp	chr5	67589735	TTT	AAA	3126.31	het	1868	0.159	NM_181523.2		intron_variant
PIK3R1	snp	chr5	67589770	T	A	400.49	het	28	0.714	NM_181523.2		intron_variant
PIK3R1	complex	chr5	67590954	AATA	ATTT	128.22	het	148	0.128	NM_181523.2		intron_variant
PIK3R1	complex	chr5	67593407	TATAT	AAAAA	443.20	het	409	0.134	NM_181523.2		missense_variant
PTEN	complex	chr10	89624171	ACCAGCA	TCCTGCT	15045.10	het	4733	0.186	NM_000314.4		5_prime_UTR_va
PTEN	mnp	chr10	89685267	AA	TT	37.64	het	463	0.130	NM_000314.4		splice_acceptor
PTEN	complex	chr10	89690733	AGTATTAGTA	TGTTTTTGTT	1078.54	het	492	0.171	NM_000314.4		intron_variant
PTEN	complex	chr10	89692949	TTTT	ATTA	89.67	het	17	0.647	NM_000314.4		missense_variant
PTEN	snp	chr10	89692975	T	A	189.94	het	23	0.652	NM_000314.4	COSM921102	missense_variant
PTEN	complex	chr10	89692976	TTCT	ATCA	322.36	het	29	0.724	NM_000314.4		missense_variant
PTEN	mnp	chr10	89711843	AA	TT	303.74	het	20	0.850	NM_000314.4		intron_variant

PTEN	complex	chr10	89720565	ACAGA	TCTGT	2397.28	het	147	0.864	NM_000314.4		intron_variant
PTEN	del	chr10	89720633	CTTTTTTTTTT	CTTTTTTTTTT	828.48	het	254	0.201	NM_000314.4		splice_acceptor
PTEN	snp	chr10	89720907	T	G	5547.56	het	275	0.749	NM_000314.4	rs555895&CC	intron_variant
PTEN	complex	chr10	89721031	TCTAAT	TCAAAA	234.99	het	27	0.444	NM_000314.4		intron_variant
PTEN	del	chr10	89725293	CTTTTTTTTTT	CTTTTTTTTTT	2610.70	het	417	0.261	NM_000314.4		3_prime_UTR_va
PTPN11	complex	chr12	112926810	ATGA	TTGT	343.58	het	350	0.149	NM_002834.3		intron_variant
PTPN11	complex	chr12	112926920	ATCTATAT	AACAAAAA	134.57	het	22	0.455	NM_002834.3		missense_variant
PTPN11	complex	chr12	112926940	TTATATT	AAAAAAA	194.75	het	15	0.800	NM_002834.3		missense_variant
PTPN11	mpn	chr12	112926966	TT	AA	309.07	het	731	0.127	NM_002834.3		missense_variant
RB1	snp	chr13	48919358	T	G	13852.90	hom	463	0.994	NM_000321.2	rs198617	intron_variant
RB1	complex	chr13	48923044	AGTGATACA	TGTGTTTCT	1869.84	het	442	0.204	NM_000321.2		intron_variant
RB1	mpn	chr13	48941603	AA	TT	3549.37	het	817	0.236	NM_000321.2		intron_variant
RB1	complex	chr13	48941610	AGTGA	TGTGT	2540.34	het	1027	0.193	NM_000321.2		intron_variant
RB1	complex	chr13	48941687	GCAAGATTAT	CCAAAAATAA	242.30	het	17	0.647	NM_000321.2		missense_variant
RB1	ins	chr13	48953655	CAAAAAAAAAA	CAAAAAAAAAA	1733.33	het	298	0.225	NM_000321.2		intron_variant&f
RB1	snp	chr13	48954021	G	C	505.96	hom	22	1.000	NM_000321.2	rs2070752	intron_variant
RB1	del	chr13	48955363	CTTTTTTTTTT	CTTTTTTTTTT	184.32	het	35	0.314	NM_000321.2		intron_variant&f
RB1	mpn	chr13	49027096	AA	TT	3194.00	het	683	0.225	NM_000321.2		intron_variant
RB1	complex	chr13	49027182	TGAT	AGAA	959.69	het	1142	0.142	NM_000321.2		missense_variant
RB1	mpn	chr13	49027190	TT	AA	366.92	het	1161	0.117	NM_000321.2		missense_variant
RB1	snp	chr13	49033747	G	A	2325.47	hom	84	1.000	NM_000321.2	rs198580	intron_variant
RB1	ins	chr13	49034022	ATT	ATTT	5213.08	hom	213	0.986	NM_000321.2		intron_variant&f
RB1	del	chr13	49034085	CTTTTTC	CTTTTC	351.47	hom	25	0.680	NM_000321.2		intron_variant&f
RB1	complex	chr13	49034089	TTCT	CTT	228.44	het	39	0.308	NM_000321.2		intron_variant&f
RB1	snp	chr13	49034105	C	T	564.71	hom	23	1.000	NM_000321.2	rs9562824	intron_variant
RB1	snp	chr13	49034115	C	T	225.73	het	14	0.786	NM_000321.2	rs56388055&	intron_variant
RB1	del	chr13	49039094	CTTTTTTTTTT	CTTTTTTTTTT	252.64	het	108	0.157	NM_000321.2		intron_variant&f
RET	complex	chr10	43609009	AGCA	TGCT	3427.20	het	1013	0.199	NM_020975.4		missense_variant
RET	complex	chr10	43609023	ACACGA	TCTCGT	155.95	het	948	0.114	NM_020975.4		missense_variant
RET	complex	chr10	43610230	TGCCTT	AGCCAA	7234.29	het	2784	0.171	NM_020975.4		intron_variant
RET	snp	chr10	43613835	AGTGAGCTG	AGTGAGCTT	10265.00	het	705	0.465	NM_020975.4		synonymous_var
RET	complex	chr10	43615177	ATCT	AACA	239.30	het	17	0.588	NM_020975.4		stop_gained
RET	snp	chr10	43615525	ACA	ACT	1875.98	het	1086	0.138	NM_020975.4		splice_acceptor
RET	snp	chr10	43615558	CA	CT	166.25	het	16	0.625	NM_020975.4		missense_variant
RET	complex	chr10	43617484	TCTT	ACAA	218.73	het	40	0.375	NM_020975.4		intron_variant
RET	mpn	chr10	43617498	TT	AA	363.31	het	33	0.515	NM_020975.4		intron_variant
RET	complex	chr10	43617513	TATACATGTAG	AAAACAAGAA	331.58	het	36	0.472	NM_020975.4		intron_variant
RET	snp	chr10	43617564	T	A	629.57	het	46	0.761	NM_020975.4		intron_variant
RHOA	snp	chr3	49406080	T	C	1883.76	hom	83	1.000	NM_001664.2	rs2878298	intron_variant
ROS1	complex	chr6	117638424	TGATTAATTT	AGAAAAAAA	221.25	het	27	0.444	NM_002944.2		splice_acceptor
ROS1	snp	chr6	117638459	T	A	11585.00	het	2846	0.208	NM_002944.2		intron_variant
SMAD4	snp	chr18	48573722	T	A	319.88	hom	14	1.000	NM_005359.5		intron_variant
SMAD4	complex	chr18	48575068	AAAGGA	TTGGT	331.34	het	293	0.157	NM_005359.5		missense_variant

SMAD4	complex	chr18	48575086	ATCTA	TTCTT	211.23	het	211	0.156	NM_005359.5		missense_variant
SMAD4	snp	chr18	48575548	AA	AT	430.12	het	257	0.152	NM_005359.5		intron_variant
SMAD4	complex	chr18	48580994	AGTA	TGTT	609.16	het	265	0.189	NM_005359.5		intron_variant
SMAD4	snp	chr18	48584374	ACA	ACT	1251.11	het	233	0.232	NM_005359.5		intron_variant
SMAD4	complex	chr18	48591789	ATA	TTT	589.84	het	318	0.160	NM_005359.5		splice_acceptor
SMAD4	complex	chr18	48591799	AGTA	TGTT	581.50	het	278	0.165	NM_005359.5		missense_variant
SMAD4	mnp	chr18	48604610	AAA	TTT	330.41	het	430	0.133	NM_005359.5		intron_variant
SMAD4	mnp	chr18	48604645	AA	TT	677.96	het	372	0.159	NM_005359.5		missense_variant
SMAD4	mnp	chr18	48604828	TTT	AAA	1089.62	het	686	0.143	NM_005359.5		missense_variant
SMARCB1	complex	chr22	24133939	ATA	TTT	1284.13	het	590	0.164	XM_005261718.1		splice_acceptor
SMARCB1	complex	chr22	24133948	AAACTA	TTTCTT	275.86	het	559	0.134	XM_005261718.1		missense_variant
SMARCB1	complex	chr22	24145604	TGAATGGT	AGAAAGGA	155.59	het	518	0.114	XM_005261718.1		splice_donor_var
SMARCB1	complex	chr22	24145627	TTGGCT	AAGGCA	443.60	het	642	0.125	XM_005261718.1		intron_variant
SMARCB1	complex	chr22	24176362	TGGT	AGGA	229.28	het	1050	0.116	XM_005261718.1		stop_lost
SMO	snp	chr7	128845088	A	G	4094.37	het	244	0.553	NM_005631.4	rs56334250	synonymous_var
SMO	mnp	chr7	128845245	TT	AA	238.26	het	28	0.429	NM_005631.4		missense_variant
SMO	complex	chr7	128845252	TGGT	AGGA	1127.71	het	2155	0.127	NM_005631.4		splice_donor_var
SMO	snp	chr7	128845277	G	C	757.27	hom	30	0.933	NM_005631.4	rs2075777	intron_variant
SMO	complex,com	chr7	128845277	GGGG	CGAG,CGGA	1644.27	het	86	0.558	NM_005631.4		intron_variant
SMO	snp	chr7	128845277	GGGG	CGGG	71452.70	hom	2495	0.965	NM_005631.4		intron_variant
SMO	complex	chr7	128845995	AATGAGA	TTTGTGT	86.09	het	409	0.117	NM_005631.4		missense_variant
SMO	mnp	chr7	128846328	GA	CT	4247.45	hom	156	0.987	NM_005631.4		missense_variant
SMO	mnp,snp	chr7	128846328	GA	CT,CA	29839.50	het	1097	0.858	NM_005631.4		missense_variant
SMO	complex	chr7	128846345	ACAAGAACTA	TCTTGTCTTC	137.39	het	34	0.324	NM_005631.4		missense_variant
SMO	snp	chr7	128846469	A	G	1644.85	hom	59	1.000	NM_005631.4	rs2735842	intron_variant
SMO	complex	chr7	128850340	TGGGTCT	AGGGACA	164.66	het	71	0.282	NM_005631.4		missense_variant
SMO	complex	chr7	128850362	TGCTCATCT	AGCACAACA	7.84	het	59	0.203	NM_005631.4		missense_variant
SMO	complex	chr7	128850378	TACCTGGT	AACCAGGA	351.61	het	78	0.333	NM_005631.4		missense_variant
SMO	complex	chr7	128850411	TCCT	ACCA	6483.69	het	5554	0.141	NM_005631.4		intron_variant
SMO	mnp	chr7	128850439	TT	AA	11248.20	het	5618	0.161	NM_005631.4		intron_variant
SMO	snp	chr7	128850476	C	A	293.29	het	28	0.571	NM_005631.4		intron_variant
SMO	complex	chr7	128851473	ACA	TCT	142.40	het	458	0.120	NM_005631.4		splice_acceptor
SMO	complex	chr7	128851598	TGT	AGA	620.17	het	508	0.144	NM_005631.4		missense_variant
SRC	snp	chr20	36031501	C	T	30024.70	het	1366	0.754	NM_005417.4	rs2273677	intron_variant
STK11	del	chr19	1206796	CTTTTTTTTTTC	CTTTTTTTTTTC	401.81	het	70	0.314	XM_005259617.1		5_prime_UTR_va
STK11	snp	chr19	1207238	G	T	26578.30	het	1191	0.844	XM_005259617	rs3764640	intron_variant
STK11	snp	chr19	1218553	TGGGT	TGGGA	2136.76	het	2693	0.124	XM_005259617.1		intron_variant
STK11	complex	chr19	1218563	TGCCT	AGCCA	5260.51	het	2579	0.165	XM_005259617.1		intron_variant
STK11	complex	chr19	1219333	ATGGAGTA	TTGGTGTT	646.30	het	760	0.128	XM_005259617.1		missense_variant
STK11	complex	chr19	1220299	AGGCA	TGGCT	3245.37	het	1737	0.158	XM_005259617.1		intron_variant
STK11	mnp	chr19	1220309	AAA	TTT	3371.13	het	1803	0.155	XM_005259617.1		intron_variant
STK11	snp	chr19	1221422	G	A	307.18	hom	14	1.000	XM_005259617.1		intron_variant
STK11	complex	chr19	1221957	AGTACGAA	TGTTTCGT	363.54	het	45	0.422	XM_005259617.1		missense_variant

STK11	complex	chr19	1221971	AAGA	TTGT	595.61	het	56	0.500	XM_005259617.1	missense_variant
STK11	complex	chr19	1221990	AGA	TGT	369.53	het	45	0.444	XM_005259617.1	missense_variant
STK11	complex	chr19	1221999	AGCACACA	TGCTCT	442.20	het	55	0.491	XM_005259617.1	missense_variant
STK11	snp	chr19	1222012	G	C	98774.90	het	4241	0.809	XM_005259617.1	rs2075607 splice_region_variant
STK11	snp	chr19	1222042	A	T	154.64	het	60	0.283	XM_005259617.1	intron_variant
STK11	snp	chr19	1222063	A	T	167.29	het	44	0.318	XM_005259617.1	intron_variant
STK11	snp	chr19	1222161	G	A	2082.36	het	149	0.624	XM_005259617.1	intron_variant
STK11	complex	chr19	1222999	ACA	TCT	176.82	het	31	0.323	XM_005259617.1	missense_variant
STK11	complex	chr19	1223142	TCATCT	ACAACA	223.72	het	30	0.467	XM_005259617.1	missense_variant
STK11	mnp	chr19	1223159	TT	AA	798.21	het	3239	0.118	XM_005259617.1	missense_variant
STK11	complex	chr19	1223164	GGTGCCCG	CGGGCACC	292.13	het	25	0.480	XM_005259617.1	missense_variant
STK11	complex	chr19	1223173	TGAGTCT	AGAGACA	482.16	het	45	0.489	XM_005259617.1	splice_donor_variant
STK11	complex	chr19	1226451	AGGACA	TGGTCT	944.30	het	1668	0.120	XM_005259617.1	splice_acceptor_variant
TERT	mnp	chr5	1295163	AAA	TTT	3585.10	het	2231	0.140	NM_198253.2	upstream_gene_variant
TERT	complex	chr5	1295177	AGGAGA	TGGTGT	8709.61	het	2215	0.209	NM_198253.2	upstream_gene_variant
TERT	complex	chr5	1295197	AAAGGAA	TTGGTT	284.32	het	45	0.511	NM_198253.2	upstream_gene_variant
TERT	complex	chr5	1295332	TCCCT	ACCCA	324.46	het	77	0.247	NM_198253.2	upstream_gene_variant
TERT	complex	chr5	1295345	TGGGA	AGGGG	399.03	het	43	0.395	NM_198253.2	upstream_gene_variant
TERT	snp	chr5	1295345	TGGGA	TGGGG	43714.20	het	3607	0.383	NM_198253.2	upstream_gene_variant
TERT	complex	chr5	1295357	TCCT	ACCA	373.77	het	3737	0.115	NM_198253.2	upstream_gene_variant
TP53	complex	chr17	7572913	AGAA	TGAT	104.26	het	34	0.324	NM_000546.5	3_prime_UTR_variant
TP53	mnp	chr17	7573000	TT	AA	159.01	het	23	0.478	NM_000546.5	missense_variant
TP53	snp	chr17	7573080	C	A	692.82	het	57	0.561	NM_000546.5	intron_variant
TP53	complex	chr17	7574060	TAAGTATAT	AAAGAAAA	861.53	het	446	0.157	NM_000546.5	intron_variant
TP53	complex	chr17	7576925	TGCT	AGCA	220.46	het	28	0.393	NM_000546.5	splice_acceptor_variant
TP53	complex	chr17	7576949	TGAT	AGAA	13584.20	het	3256	0.216	NM_000546.5	intron_variant
TP53	complex	chr17	7576958	TGAATCT	AGAAACA	9457.08	het	3661	0.166	NM_000546.5	intron_variant
TP53	complex	chr17	7577146	TAGATT	AAGAAA	85.45	het	28	0.357	NM_000546.5	missense_variant
TP53	complex	chr17	7577157	TACT	AACA	182.93	het	26	0.538	NM_000546.5	splice_acceptor_variant
TP53	complex	chr17	7577203	TCCTACCTGT	ACCAACCAGA	350.50	het	25	0.720	NM_000546.5	intron_variant
TP53	mnp	chr17	7577217	TTT	AAA	335.54	het	26	0.654	NM_000546.5	intron_variant
TP53	complex	chr17	7577541	TTCAT	ATCAA	138.60	het	44	0.295	NM_000546.5	missense_variant
TP53	mnp	chr17	7577565	TT	AA	211.16	het	45	0.289	NM_000546.5	missense_variant
TP53	complex	chr17	7577572	TGTAGTTGTAG	AGAAGAAGA	344.81	het	32	0.563	NM_000546.5	missense_variant
TP53	snp	chr17	7578115	T	C	264.67	het	19	0.842	NM_000546.5	rs1625895 intron_variant
TP53	complex	chr17	7578553	TACTGT	AACAGA	2856.44	het	862	0.183	NM_000546.5	splice_acceptor_variant
TP53	complex	chr17	7579283	ATGGAA	TTGGTT	336.30	het	32	0.438	NM_000546.5	intron_variant
TP53	mnp	chr17	7579305	AA	TT	362.07	het	28	0.643	NM_000546.5	splice_region_variant
TP53	del	chr17	7579643	CCCCAGCCCT	CC	2620.68	het	597	0.240	NM_000546.5	intron_variant&f
TP53	snp	chr17	7579668	CTCCAG	CACCAG	2707.81	het	956	0.172	NM_000546.5	intron_variant
TP53	snp	chr17	7579801	G	C	1870.71	het	112	0.696	NM_000546.5	rs1642785 intron_variant
TP53	complex	chr17	7579846	ATA	TTT	20672.90	het	8851	0.166	NM_000546.5	missense_variant
TP53	mnp	chr17	7579855	AAAA	TTTT	153.01	het	8773	0.112	NM_000546.5	missense_variant

TP53	complex	chr17	7579868	ACTCAGA	TCTCTGT	721.65	het	110	0.309	NM_000546.5		missense_variant
TP53	complex	chr17	7579889	AGGA	TGGT	639.86	het	123	0.350	NM_000546.5		missense_variant
TP53	complex	chr17	7579927	AGGCA	TGGCT	18.90	het	100	0.200	NM_000546.5		5_prime_UTR_va
TP53	mp	chr17	7590820	TTTT	AAAA	66.99	het	43	0.279	NM_000546.5		5_prime_UTR_va
TP53	complex	chr17	7590832	TCTT	ACAA	109.25	het	33	0.424	NM_000546.5		5_prime_UTR_va
TP53	complex	chr17	7590883	TCCT	ACCA	14145.80	het	3850	0.203	NM_000546.5		upstream_gene
TP53	snp	chr17	7590904	T	A	279.46	het	45	0.333	NM_000546.5		upstream_gene
VHL	complex	chr3	10183638	AGGA	TGGT	4503.00	het	2487	0.151	NM_000551.3		missense_variant
VHL	complex	chr3	10183771	TCCGC	CACGAC	209.41	het	11	0.909	NM_000551.3		frameshift_varia
VHL	del	chr3	10183778	GTC	GC	203.04	het	11	0.909	NM_000551.3		frameshift_varia
VHL	mp	chr3	10183782	TG	GA	210.32	het	11	0.909	NM_000551.3		missense_variant
VHL	mp	chr3	10183788	CCG	GAT	226.37	hom	10	1.000	NM_000551.3		missense_variant
VHL	complex	chr3	10188194	ATA	TTT	2103.46	het	803	0.176	NM_000551.3		splice_acceptor
VHL	snp	chr3	10188348	T	A	92.26	het	253	0.134	NM_000551.3		intron_variant
VHL	snp	chr3	10188428	T	G	338.37	hom	12	1.000	NM_000551.3	rs1678607	intron_variant