

Supplementary Table 1: Summary of study cohort and tumor types analyzed

Tumor Type	Tumor Type Abbreviation	Anatomical System	Total number of mutations	Total number of samples †	Total number of substitutions utilized in this study	Data Source *
Glioblastoma	gbm	Brain	46,277	412	43,159	1, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/gbm/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq/mutations/broad.mit.edu_GBM.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.1.0/gbm_liftover.aggregated.capture.tcga.uuid.somatic.maf
High Grade Pontine Glioma	hgg	Brain	1,501	71	1,368	2
Brain Lower Grade Glioma	lgg	Brain	15,516	312	12,101	3, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/lgg/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq/mutations/broad.mit.edu_LGG.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.2.0/TCGA_FREEZE_FINAL_ULTRAMUT_REMOVED.aggregated.capture.tcga.uuid.curated.somatic.maf
Medulloblastoma	mbl	Brain	4,311	301	4,030	4,5,6,7
Neuroblastoma	nbl	Brain	4,991	275	4,958	8,9,10
Pilocytic Astrocytoma	pias	Brain	117	46	107	5,11
Breast Invasive Carcinoma	brca	Breast	105,090	1,304	90,174	12,13,14,15,16, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/brca/gsc/genome.wustl.edu/illumina_gnaseq/mutations/genome.wustl.edu_BRCA.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.1.0/genome.wustl.edu_BRCA.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.1.0.curated.somatic.maf
Colorectal Carcinoma	coadread	Gastrointestinal	250,270	594	208,509	17,18, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/coad/gsc/hgsc.bcm.edu/illumina_gnaseq/mutations/hgsc.bcm.edu_COAD.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.5.0/hgsc.bcm.edu_COAD.IlluminaGA_DNASeq.1.somatic.maf,coad/gsc/hgsc.bcm.edu/solid_dnaseq/mutations/hgsc.bcm.edu_COAD.SOLiD_DNASeq.Level_2.1.7.0/hgsc.bcm.edu_COAD.SOLiD_DNASeq.1.somatic.maf,read/gsc/hgsc.bcm.edu/illumina_gnaseq/mutations/hgsc.bcm.edu_READ.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.6.0/hgsc.bcm.edu_READ.IlluminaGA_DNASeq.1.somatic.maf,read/gsc/hgsc.bcm.edu/solid_dnaseq/mutations/hgsc.bcm.edu_READ.SOLiD_DNASeq.Level_2.1.7.0/hgsc.bcm.edu_READ.SOLiD_DNASeq.1.somatic.maf
Gallbladder Carcinoma	gbc	Gastrointestinal	2,082	32	1,825	19
Liver Hepatocellular Carcinoma	lihc	Gastrointestinal	126,393	539	100,240	5,20,21, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/lihc/gsc/hgsc.bcm.edu/mixed_dnaseq_curated/mutations/hgsc.bcm.edu_LIHC.Mixed_DNASeq_curated.Level_2.1.2.0/hgsc.bcm.edu_LIHC.IlluminaGA_DNASeq.1.somatic.maf
Pancreatic Adenocarcinoma	paad	Gastrointestinal	72,441	417	46,951	22,23, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/paad/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq_automated/mutations/broad.mit.edu_PAAD.IlluminaGA_DNASeq_automated.Level_2.1.5.0/PR_TCGA_PAAD_PAIR_Capture_All_Pairs_QCPASS_v5.aggregated.capture.tcga.uuid.automated.somatic.maf
Pancreatic Neuroendocrine Carcinoma	pannet	Gastrointestinal	115	10	114	24
Stomach Adenocarcinoma	stad	Gastrointestinal	175,982	443	149,786	25,26,27, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/stad/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq_curated/mutations/broad.mit.edu_STAD.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.3.0/QCv5_blacklist_Pass.aggregated.capture.tcga.uuid.curated.somatic.maf
Esophageal Carcinoma	esca	Gastrointestinal	31,853	234	30,807	28,29

Adrenocortical Carcinoma	acc	Genitourinary	22,102	92	12,890	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/acc/gsc/broad.mit.edu/illumina_ga_dnaseq_curated/mutations/broad.mit.edu_ACC.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.0.0/An_TCGA_ACC_External_capture_All_Pairs.aggregated.capture.tcga.uuid.curated.somatic.maf
Bladder Cancer	blca	Genitourinary	53,453	240	50,560	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/blca/gsc/broad.mit.edu/illumina_ga_dnaseq_curated/mutations/broad.mit.edu_BLCA.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.4.0/BLCA130_somatic_updated.aggregate.capture.tcga.uuid.curated.somatic.maf
Kidney Chromophobe Cancer	kich	Genitourinary	7,559	66	5,794	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/kich/gsc/hgsc.bcm.edu/mixed_dnaseq_curated/mutations/hgsc.bcm.edu_KICH.Mixed_DNASeq_curated.Level_2.1.1.0/hgsc.bcm.edu_KICH.IlluminaGA_DNASeq.1.somatic.maf
Kidney Renal Clear Cell Carcinoma	kirc	Genitourinary	27,377	441	22,059	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/kirc/gsc/hgsc.bcm.edu/mixed_dnaseq/mutations/hgsc.bcm.edu_KIRC.Mixed_DNASeq.Level_2.1.2.0/hgsc.bcm.edu_KIRC.Mixed_DNASeq.1.somatic.maf
Kidney Renal Papillary Cell Carcinoma	kirp	Genitourinary	34,739	169	30,527	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/kirp/gsc/hgsc.bcm.edu/mixed_dnaseq_curated/mutations/hgsc.bcm.edu_KIRP.Mixed_DNASeq_curated.Level_2.1.3.0/hgsc.bcm.edu_KIRP.IlluminaGA_DNASeq.1.somatic.maf
Rhabdoid Cancer	mrt	Genitourinary	282	33	269	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/prad/gsc/broad.mit.edu/illumina_ga_dnaseq_curated/mutations/broad.mit.edu_PRAD.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.4.0/PR_TCGA_PRAD_PAIR_Capture_All_Pairs_QCPASS_v4.aggregated.capture.tcga.uuid.curated.somatic.maf
Prostate Adenocarcinoma	prad	Genitourinary	27,985	473	23,745	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/prad/gsc/broad.mit.edu/illumina_ga_dnaseq_curated/mutations/broad.mit.edu_PRAD.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.4.0/PR_TCGA_PRAD_PAIR_Capture_All_Pairs_QCPASS_v4.aggregated.capture.tcga.uuid.curated.somatic.maf
Cervical Squamous Cell Carcinoma And Endocervical Adenocarcinoma	cesc	Gynecologic	45,894	194	37,569	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/cesc/gsc/genome.wustl.edu/illumina_ga_dnaseq_curated/mutations/genome.wustl.edu_CESC.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.0.0/genome.wustl.edu_CESC.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.0.0.somatic.maf
Ovarian Serous Cystadenocarcinoma	ov	Gynecologic	29,396	467	26,726	42,43
Uterine Corpus Endometrial Carcinoma	ucec	Gynecologic	184,861	248	169,613	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/ucec/gsc/genome.wustl.edu/illumina_ga_dnaseq/mutations/genome.wustl.edu_UCEC.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.7.0/genome.wustl.edu_UCEC.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.7.somatic.maf
Uterine Carcinosarcoma	ucs	Gynecologic	11,339	57	9,298	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/ucs/gsc/broad.mit.edu/illumina_ga_dnaseq_curated/mutations/broad.mit.edu_UCS.IlluminaGA_DNASeq_curated.Level_2.1.0.0/AN_TCGA_UCS_PAIR_Capture_56.aggregated.capture.tcga.uuid.curated.somatic.maf
Adenoid Cystic Carcinoma	acyc	HeadAndNeck	671	59	663	45
Head And Neck Squamous Cell Carcinoma	hnsc	HeadAndNeck	119,546	606	106,392	https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/hnsc/gsc/broad.mit.edu/illumina_ga_dnaseq_automated/mutations/broad.mit.edu_HNSC.IlluminaGA_DNASeq_automated.Level_2.1.4.0/PR_TCGA_HNSC_PAIR_Capture_All_Pairs_QCPASS_v4.aggregated.capture.tcga.uuid.automated.somatic.maf
Nasopharyngeal Carcinoma	npc	HeadAndNeck	1,537	56	1,511	48

Thyroid Carcinoma	thca	HeadAndNeck	7,084	405	6,452	49, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/thca/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq/mutations/broad.mit.edu_THCA.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.5.0/AN_TCGA_THCA_PAIR_Capture_ALLQC_14Aug2013_429.aggregated.capture.tcga.uuid.somatic.maf
Hypodiploid Acute Lymphoid Leukemia	all	Hematologic	957	83	936	5,50,51,52
Chronic Lymphocytic Leukemia	cll	Hematologic	4,311	284	4,107	53,54,55
Non-Hodgkin Lymphoma	dlbc, lymbc	Hematologic	4,670	70	4,441	56,57,58
Acute Myeloid Leukemia	laml	Hematologic	2,627	210	2,072	59,60,61, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/laml/gsc/genome.wustl.edu/illumina_gnaseq/mutations/genome.wustl.edu_LAML.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.2.16.0/genome.wustl.edu_LAML.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.2.13.0.somatic.maf
Mantle Cell Lymphoma	mcl	Hematologic	581	29	295	62
Myelodysplasia	mds	Hematologic	230	28	225	63
Multiple Myeloma	mmyl	Hematologic	13,743	274	13,506	5,64
Cutaneous Squamous Cell Carcinoma	csc	Skin	100,689	39	98,522	65
Skin Cutaneous Melanoma	skcm	Skin	390,593	571	366,063	66,67,68,69, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/skcm/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq/mutations/broad.mit.edu_SKCM.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.5.0/skcm_clean_pairs.aggregated.capture.tcga.uuid.somatic.maf
Lung Adenocarcinoma	luad	Thoracic	274,565	726	244,334	71,72, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/luad/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq_automated/mutations/broad.mit.edu_LUAD.IlluminaGA_DNASeq_automated.Level_2.1.5.0/PR_TCGA_LUAD_PAIR_Capture_All_Pairs_QCPASS_v4.aggregated.capture.tcga.uuid.automated.somatic.maf
Lung Squamous Cell Carcinoma	lusc	Thoracic	65,330	179	62,458	72, https://tcga-data.nci.nih.gov/tcgafiles/ftp_auth/distro_ftpusers/anonymous/tumor/lusc/gsc/broad.mit.edu/illumina_gnaseq/mutations/broad.mit.edu_LUSC.IlluminaGA_DNASeq.Level_2.1.5.0/LUSC_Paper_v8.aggregated.tcga.somatic.maf
Lung Small Cell Carcinoma	lusm	Thoracic	12,789	57	12,538	73,74

† In total, 27 samples had zero mutations after filtering (as described in Methods) and were removed. Total number of samples included in analysis: 11,119

* See References for Supplementary Table 1 for complete reference

Supplementary Table 2: Summary of statistically significant hotspot mutations

Hugo Symbol	Codon	Alt Common Codon Usage *	Variant Amino Acid	Q-value	Tumor Count	Tumor Type Count	Validation Level [a]	Tumor Type Composition
BRAF	V600	NA	E:520 K:33 R:4 V:1	0	558	10	Level-3	skcm:252 thca:237 coadread:44 luad:9 gbm:6 mmyl:5 hgg:2 lgg:1 kirp:1 hns:1 paad:290 luad:188 coadread:151 ucec:36 stad:14 mmyl:9 ucs:7 cesc:7 ov:6 brca:6 blca:5 aml:3 esca:3 skcm:2 kirp:2 gbm:2 thca:1 prad:1 npc:1 mbs:1 lihc:1 brca:17 l ucec:20 coadread:20 hns:19 stad:15 ucs:5 skcm:3 luad:3 lihc:3 cesc:3 prad:2 pa ad:2 mbt:2 lusc:2 lgg:2 kirc:2 hgg:2 gbm:2 blca:2 ov:1 esca:1 acc:1 lgg:243 gbm:20 laml:19 skcm:17 prad:6 lihc:4 mmyl:3 coadread:3 luad:2 hgg:2 mbs:1 mbt:1 brca:1 blca:1 acyc:1 skcm:127 thca:34 mmyl:27 coadread:16 laml:6 ucec:4 luad:4 cll:4 blca:3 stad:2 ov:2 npc:1 ihc:1 lgg:1 kich:1 gbm:1 acc:1 brca:78 coadread:37 hns:31 cesc:26 blca:23 ucec:14 stad:12 lusc:10 luad:9 ucs:5 gbm:5 esca:5 skcm:3 prad:3 lgg:3 kirc:3 hgg:2 gbc:2 paad:1 ov:1 npc:1 lusc:1 lihc:1 kirp:1 brca:51 hns:20 ucec:13 coadread:13 cesc:12 blca:10 stad:5 luad:5 esca:4 lusc:3 prad:2 lg g:2 gbm:2 lusc:1 lihc:1 kirp:1 lgg:47 coadread:30 ov:25 brca:20 stad:19 hns:19 luad:16 esca:14 paad:12 ucec:9 gbm:7 lusc:6 ucs:4 prad:4 hgg:4 lusc:3 lihc:3 cll:3 blca:3 skcm:1 mmyl:1 mbt:1 laml:1 acc:1 coadread:34 hns:22 ov:19 gbm:13 esca:13 stad:11 paad:11 blca:11 luad:10 lgg:10 ucec:9 brca:9 ucs:7 csc:7 skcm:5 prad:5 lihc:5 hgg:5 lusc:4 mmyl:1 mbs:1 mbt:1 lusc:1 laml:1 cll: 1 coadread:38 luad:17 ucec:10 stad:10 mmyl:9 paad:2 cll:2 cesc:2 lihc:1 laml:1 paad:24 mmyl:15 coadread:11 luad:7 ucec:3 thca:3 stad:3 blca:3 skcm:2 lusc:1 lihc:1 laml: 1 cll:1 thca:14 blca:8 hns:6 skcm:3 csc:3 prad:2 lusc:2 luad:1 brca:1 brca:14 cll:13 paad:3 mbs:1 mbt:1 laml:1 kirc:1 lihc:24 ucec:12 mbt:6 prad:4 skcm:2 cesc:2 stad:1 blca:1 lihc:19 ucec:16 mbt:8 luad:3 stad:1 skcm:1 prad:1 paad:1 esca:1 coadread:1 blca:1 brca:13 ucec:11 coadread:6 lgg:3 stad:2 prad:2 hns:2 blca:2 ucs:1 skcm:1 mbt:1 gbm:1 ce sc:1 coadread:23 stad:10 ucs:7 ucec:7 cesc:4 hns:2 brca:2 ov:1 mbt:1 lusc:1 luad:1 esca:1 cll: 1 acyc:1 brca:21 ucec:5 stad:5 coadread:3 ucs:2 prad:2 luad:1 hns:1 gbm:1 acyc:1 ucec:20 lihc:11 luad:7 stad:3 mbt:3 esca:2 blca:2 prad:1 cesc:1 luad:15 laml:7 paad:5 ucs:2 ucec:2 cesc:2 blca:2 mbs:1 hns:1 ucec:56 gbm:7 brca:7 coadread:7 ucs:3 cesc:3 skcm:2 lusc:2 hns:2 stad:1 prad:1 lusc:1 k irc:1 coadread:36 brca:18 ov:16 hns:16 esca:12 stad:11 paad:9 gbm:7 lgg:4 blca:4 prad:3 lusc: 3 luad:3 ucs:2 ucec:2 hgg:2 skcm:1 npc:1 mbt:1 lihc:1 gbc:1 cll:1 ov:13 brca:11 lgg:8 hns:7 lihc:5 paad:4 gbm:4 ucec:3 luad:3 stad:2 lusc:2 coadread:2 ucs: 1 skcm:1 prad:1 lusc:1 kirp:1 kich:1 blca:1 hns:13 brca:9 lgg:7 ov:6 paad:5 lusc:5 ucs:3 stad:3 luad:3 lihc:3 gbm:3 esca:3 csc:2 ucec :1 skcm:1 lusc:1 laml:1 gbc:1 coadread:1 brca:13 hns:9 ov:8 luad:5 lusc:4 lihc:4 lgg:4 ucs:3 esca:3 ucec:2 paad:2 stad:1 prad:1 lusc: m:1 laml:1 kirp:1 hgg:1 coadread:1 cll:1 blca:1 luad:30 lihc:11 coadread:6 ucec:5 skcm:5 prad:3 paad:1 luad:1 acc:1 hgg:26 pias:1 coadread:15 skcm:7 laml:6 mmyl:3 ucec:2 mbs:2 stad:1 paad:10 coadread:9 stad:4 luad:4 lihc:3 brca:2 skcm:1 hns:1 cesc:1 acc:1 skcm:26 hns:3 ucec:1 csc:1 brca:30 luad:3 coadread:3 thca:2 stad:2 prad:2 cesc:2 skcm:1 lusc:1 lihc:1 hns:1 blca:1 gbm:24 lgg:3 hns:1 coadread:8 hns:7 ucec:6 blca:4 ucs:3 lusc:3 cesc:3 skcm:2 stad:1 ov:1 esca:1 cll:1 ucec:10 lihc:8 mbt:4 luad:3 acc:3 stad:2 skcm:2 hns:1 coadread:34 stad:2 ucec:1 ov:10 hns:6 coadread:6 brca:6 stad:5 esca:5 paad:4 luad:4 lgg:4 lusc:2 prad:1 lihc:1 laml: 1 kich:1 blca:1 hns:14 ov:13 coadread:12 luad:11 paad:8 stad:6 esca:6 prad:5 brca:5 lusc:4 lgg:4 gbm:3 li hc:2 blca:2 ucs:1 hgg:1 hns:24 skcm:8 esca:6 paad:5 luad:2 stad:1 prad:1 lusc:1 kirp:1 coadread:1 blca:1 blca:7 stad:5 cesc:4 brca:3 ov:2 csc:2 luad:1 hns:1 coadread:1 laml:29 mbs:1 luad:1 lihc:10 acc:6 skcm:4 ucec:3 coadread:2 prad:1 luad:1 blca:1 coadread:20 paad:8 stad:5 esca:3 cesc:2 luad:1 hns:1 brca:1 prad:22 ov:11 brca:7 hns:4 coadread:4 lihc:3 lgg:3 mmyl:2 gbm:2 esca:2 ucs:1 stad:1 paad:1 lusc: 1 luad:1 laml:1 cll:1 lgg:12 laml:3 lihc:2 hgg:1 coadread:1
KRAS	G12	NA	D:255 V:227 C:115 R:71 A:43 S:23 G:1 F:1	0	736	21	Level-3	
PIK3CA	H1047	NA	R:236 L:37 Y:6 Q:4	0	283	22	Level-3	
IDH1	R132	NA	H:250 C:50 G:12 S:8 L:4	0	324	15	Level-3	
NRAS	Q61	NA	R:114 K:76 L:27 H:17 P:1	0	235	17	Level-3	
PIK3CA	E545	NA	K:251 A:9 G:8 Q:6 D:3	0	277	24	Level-3	
PIK3CA	E542	NA	K:134 A:4 Q:3 V:2 G:2	1.07E-215	145	16	Level-3	
TP53	R273	NA	C:119 H:103 L:22 S:5 P:4	9.66E-139	253	24	Level-3	
TP53	R248	NA	Q:108 W:90 L:11 P:5 G:2	7.57E-120	216	25	Level-3	
KRAS	G13	NA	D:75 C:12 V:2 R:1 G:1 A:1	3.74E-119	92	10	Level-3	
KRAS	Q61	NA	H:44 R:11 K:10 L:8 P:1 E:1	1.23E-105	75	13	Level-3	
HRAS	Q61	NA	R:19 K:10 L:9 H:2	4.77E-76	40	9	Level-3	
SF3B1	K700	NA	E:33 R:1	7.71E-75	34	7	Level-3	
CTNNB1	D32	NA	Y:15 G:13 N:10 V:8 H:4 A:2	4.29E-74	52	8	Level-3	
CTNNB1	S33	NA	C:16 F:13 P:12 Y:8 A:3 T:1	3.57E-72	53	11	Level-3	
PIK3CA	Q546	NA	R:20 K:15 P:7 E:2 L:1 H:1	1.58E-71	46	13	Level-3	
FBXW7	R465	NA	C:33 H:26 P:1 L:1 G:1	4.83E-70	62	14	Level-3	
PIK3CA	N345	NA	K:36 I:3 T:2 H:1	3.47E-66	42	10	Level-3	
CTNNB1	S37	NA	F:21 C:16 A:6 P:4 Y:3	1.09E-64	50	9	Level-3	
U2AF1	S34	NA	F:34 Y:3	1.24E-61	37	9	Level-3	
PTEN	R130	NA	Q:40 G:28 *16 L:5 P:4	5.33E-59	93	13	Level-3	
TP53	R175	NA	H:143 G:7 C:4	2.24E-58	154	22	Level-3	
TP53	Y220	NA	C:63 S:4 H:2 N:1 D:1	3.38E-58	71	19	Level-3	
TP53	H179	NA	R:37 Y:16 Q:7 L:5 N:3 D:2 P:1	2.81E-56	71	19	Level-3	
TP53	H193	NA	R:32 Y:13 L:11 P:7 D:2 N:1	1.37E-55	66	20	Level-3	
EGFR	L858	NA	R:30	1.96E-54	30	1	Level-3	
CTNNB1	T41	NA	A:21 I:10 N:2	1.39E-51	33	8	Level-3	
H3F3A	K28	K27	M:27	2.24E-50	27	2	Level-3	
NRAS	G12	NA	D:18 C:7 V:3 S:3 A:3 R:2	1.61E-48	36	7	Level-3	
GNAS	R844	R201	C:19 H:16 L:1	6.69E-45	36	10	Level-3	
RAC1	P29	NA	S:25 L:5 T:1	1.92E-44	31	4	Level-3	
AKT1	E17	NA	K:49	2.66E-41	49	12	Level-3	
EGFR	A289	NA	V:17 T:6 D:3 N:1 I:1	7.33E-41	28	3	Level-3	
FBXW7	R505	NA	G:19 C:16 L:2 H:2 S:1	3.86E-40	40	12	Level-3	
CTNNB1	G34	NA	R:16 V:8 E:7 A:1 *1	2.08E-39	33	8	Level-3	
APC	R1450	NA	*:37	5.96E-39	37	3	Level-3	
TP53	C176	NA	F:26 Y:21 S:3 G:2 *2 W:1 R:1 C:1	8.54E-38	57	15	Level-3	
TP53	G245	NA	S:46 D:22 V:16 C:9 R:2 A:2	1.16E-37	97	16	Level-3	
CDKN2A	R80	NA	*:50 Q:1	3.73E-34	51	11	Level-3	
ERBB2	S310	NA	F:25 Y:1	4.27E-34	26	9	Level-3	
DNMT3A	R882	NA	H:22 C:8 P:1	3.44E-33	31	3	Level-3	
CTNNB1	S45	NA	F:11 P:10 Y:3 C:3 S:1	1.25E-31	28	8	Level-3	
SMAD4	R361	NA	H:20 C:18 G:2 P:1	6.93E-31	41	8	Level-3	
SPOP	F133	NA	L:9 V:4 C:4 S:3 I:2	2.16E-30	22	1	Level-3	
TP53	I195	NA	T:25 F:11 N:5 S:2 M:2	4.79E-30	45	16	Level-3	
IDH2	R172	NA	K:12 S:3 W:2 M:1 G:1	8.43E-30	19	5	Level-3	

HRAS	G13	NA	R:11 V:9 D:2 C:2 S:1 I:1	3.19E-29	26	7	Level-3	hnsc:13 blca:4 skcm:3 usc:3 lud:1 csc:1 brca:1
HRAS	G12	NA	S:10 D:8 C:3 A:2 V:1 N:1	8.34E-28	25	4	Level-3	hnsc:16 blca:6 csc:2 acyc:1
PIK3CA	M1043	NA	V:13 I:11 T:2 L:2	9.83E-28	28	11	Level-3	ucec:6 brca:6 lgg:3 hnsc:3 gbm:3 coadread:2 thca:1 stad:1 paad:1 blca:1 acyc:1
MYD88	L273	L265	P:15	1.93E-26	15	3	Level-3	cl:12 dlbc:2 mmyl:1
ERBB3	V104	NA	M:19 L:7	1.23E-25	26	8	Level-3	stad:8 coadread:6 cesc:4 blca:3 gbc:2 ucs:1 ucec:1 brca:1
NRAS	G13	NA	D:11 R:10 V:1	1.84E-25	22	9	Level-3	mmyl:5 laml:5 skcm:3 coadread:3 mds:2 stad:1 mb:1 dlbc:1 blca:1
PIK3CA	G118	NA	D:24	2.89E-25	24	11	Level-3	ucec:6 brca:5 lgg:4 stad:2 thca:1 prad:1 paad:1 usc:1 hnsc:1 gbm:1 cesc:1
BRAF	G469	NA	A:9 V:6 R:4 E:2 S:1 *:1	3.47E-25	23	8	Level-3	lud:9 skcm:5 mmyl:3 prad:2 usc:1 csc:1 coadread:1 blca:1
BRAF	K601	NA	E:12 N:2 T:1	1.12E-24	15	7	Level-3	skcm:6 lud:3 stad:2 ucec:1 thca:1 prad:1 cl:1
KRAS	A146	NA	T:24 V:3 P:1	1.19E-24	28	6	Level-3	coadread:19 mmyl:4 stad:2 lud:1 laml:1 cesc:1
ERBB2	L755	NA	S:9 M:3 W:1 P:1	1.74E-24	14	7	Level-3	brca:7 coadread:2 ucec:1 stad:1 skcm:1 kirp:1 blca:1
IDH2	R140	NA	Q:19 W:1 L:1	3.70E-24	21	5	Level-3	laml:17 mmyl:1 mds:1 hnsc:1 coadread:1
APC	R876	NA	*:26 Q:1	4.54E-24	27	2	Level-3	coadread:26 ucec:1
TP53	Y126_splice	NA		9.39E-24	41	16	Level-2	ov:7 paad:5 lud:5 stad:4 brca:4 gbm:3 skcm:2 prad:2 lhc:2 usc:1 mmyl:1 lum:1 usc:1 laml:1 hnsc:1 coadread:1
TP53	R249	NA	S:25 M:9 G:6 W:5 T:2 K:1	4.92E-23	48	15	Level-3	lud:12 lhc:10 lum:4 hnsc:4 prad:3 usc:3 ucec:2 paad:2 gbm:2 usc:1 stad:1 ov:1 mb:1 esca:1 csc:1
TP53	R282	NA	W:83 G:4 Q:2 R:1 P:1	9.90E-23	91	19	Level-3	coadread:21 hnsc:14 stad:9 paad:9 esca:7 ov:6 gbm:5 lgg:4 usc:3 lud:3 skcm:2 ucec:1 prad:1 lymbc:1 lhc:1 kich:1 csc:1 brca:1
B2M	M1	NA	I:6 V:5 L:4 T:2 R:1	3.91E-22	18	10	Level-2	skcm:3 lud:3 stad:2 ov:2 lum:2 hnsc:2 mmyl:1 usc:1 dlbc:1 coadread:1
PIK3CA	C420	NA	R:17 G:1	5.69E-22	18	7	Level-3	brca:5 ucec:4 coadread:4 stad:2 prad:1 usc:1 acyc:1
TP53	Y163	NA	C:27 N:4 H:4 D:2 *:1	1.85E-21	38	14	Level-3	hnsc:8 ov:7 lud:5 brca:4 usc:3 lhc:2 esca:2 usc:1 skcm:1 paad:1 lum:1 lgg:1 hgg:1 coadread:1
STK19	D89	NA	N:16 D:2	3.48E-21	18	2	Level-3	skcm:13 csc:5
POLE	P286	NA	R:14 S:1 H:1	4.08E-21	16	5	Level-3	ucec:8 coadread:5 usc:1 paad:1 brca:1
FGFR3	S249	NA	C:18	1.07E-20	18	4	Level-3	blca:11 hnsc:4 usc:2 kirp:1
CDKN2A	W110	NA	*:26	1.17E-20	26	8	Level-3	hnsc:12 skcm:4 paad:2 usc:2 gbm:2 csc:2 ucec:1 esca:1
FGFR2	N550	N549	K:11 H:2	1.85E-20	13	4	Level-3	ucec:6 brca:5 npc:1 lud:1
SLC27A5	T554	NA	I:8 T:6	5.90E-20	14	3	Level-1	skcm:12 hnsc:1 csc:1
EZH2	Y646	Y641	N:6 F:4 S:2 H:2	6.39E-20	14	2	Level-3	skcm:7 dlbc:7
SMTNL2	E244_splice	NA		2.26E-19	12	2	Level-1	ucec:7 brca:5
NFE2L2	E79	NA	Q:9 K:6 V:2 *:2 D:1	2.31E-19	20	6	Level-3	hnsc:7 usc:4 blca:3 lud:2 lhc:2 cesc:2
RIMS2	S423	S201	S:15	2.97E-18	15	3	Level-1	stad:1 esca:3 brca:1
NFE2L2	D29	NA	H:11 Y:4 N:2 G:2	3.26E-18	19	7	Level-3	hnsc:6 usc:5 cesc:3 lud:2 ucec:1 kir:1 blca:1
PIK3CA	K111	NA	E:12 N:8 R:1	2.61E-17	21	11	Level-3	ucec:4 coadread:4 brca:3 stad:2 hnsc:2 nbl:1 mmyl:1 lud:1 lgg:1 gbm:1 cesc:1
TP53	C238	NA	Y:15 F:12 S:3 R:3 G:1	2.81E-17	34	17	Level-3	ov:4 gbm:4 brca:4 hnsc:3 coadread:3 usc:2 ucec:2 paad:2 esca:2 stad:1 mmyl:1 lud:1 lhc:1 lgg:1 cl:1 cesc:1 blca:1
PIK3CA	R88	NA	Q:40	5.17E-17	40	10	Level-3	coadread:16 ucec:11 stad:4 gbm:2 brca:2 usc:1 prad:1 hnsc:1 hgg:1 blca:1
PIK3CA	E726	NA	K:22 A:2	6.73E-17	24	8	Level-2	brca:9 coadread:4 cesc:3 usc:2 hnsc:2 blca:2 lud:1 hqq:1
EGFR	G598	NA	V:17 A:2	5.03E-16	19	3	Level-3	gbm:15 lgg:3 hgg:1
RQCD1	P131	NA	L:13 S:1	5.53E-16	14	1	Level-3	skcm:14
FLT3	D835	NA	Y:11 E:3 H:2 V:1	7.51E-16	17	1	Level-3	laml:17
CDKN2A	H83	NA	Y:12 R:3 D:3 Q:1	9.29E-16	19	8	Level-3	paad:5 skcm:4 hnsc:3 stad:2 lud:2 lhc:1 csc:1 blca:1
BRAF	N581	NA	S:7 T:2 I:1 H:1	1.11E-15	11	6	Level-3	skcm:4 lud:3 ov:1 mmyl:1 kirp:1 coadread:1
TP53	V173	NA	L:15 M:12 G:2 A:2 E:1	1.82E-15	32	15	Level-3	hnsc:7 brca:4 lud:3 lgg:3 stad:2 paad:2 ov:2 coadread:2 ucec:1 skcm:1 lum:1 lhc:1 hgg:1 esca:1 acc:1
TP53	C275	NA	Y:15 F:10 S:4 *:2 R:1	1.87E-15	32	16	Level-3	ov:4 lud:4 hnsc:3 esca:3 coadread:3 skcm:2 lhc:2 lgg:2 gbm:2 paad:1 mmyl:1 kich:1 cl:1 brca:1 blca:1 acc:1
BRAF	G466	NA	V:10 E:6 A:1	2.31E-15	17	6	Level-3	lud:7 mmyl:4 skcm:3 usc:1 hnsc:1 coadread:1
TP53	Y205	NA	C:19 F:3 S:2 N:2 H:2 D:2 *:1	6.95E-15	31	16	Level-3	lud:5 lhc:4 coadread:4 paad:2 ov:2 hnsc:2 esca:2 brca:2 usc:1 ucec:1 mmyl:1 lymbc:1 usc:1 lgg:1 kich:1 gbm:1
RRAS2	Q72	NA	L:7 H:2	8.00E-15	9	6	Level-1	ucec:3 lud:2 usc:1 prad:1 usc:1 hnsc:1
TP53	Y234	NA	C:23 S:2 H:2 *:2 N:1 D:1	1.35E-14	31	14	Level-3	ov:5 brca:5 usc:3 hnsc:3 gbm:3 stad:2 lhc:2 esca:2 prad:1 paad:1 lum:1 coadread:1 blca:1 acc:1
APC	R1114	NA	*:24	1.48E-14	24	3	Level-3	coadread:22 ucec:1 stad:1
APC	R213	NA	*:20	1.49E-14	20	2	Level-3	coadread:19 thca:1
PPP2R1A	R183	NA	W:14 Q:4 G:1	3.71E-14	19	9	Level-2	coadread:5 usc:3 ov:3 ucec:2 lud:2 stad:1 prad:1 hnsc:1 brca:1
NFE2L2	E82	NA	D:7 A:2 Q:1 G:1	1.60E-13	11	7	Level-1	lhc:3 ucec:2 lud:2 kirp:1 kir:1 cesc:1 blca:1
RXRA	S427	NA	F:11 Y:3	2.18E-13	14	3	Level-2	blca:12 paad:1 lhc:1
MTOR	S2215	NA	Y:8 F:5 T:1	3.24E-13	14	7	Level-3	coadread:4 ucec:3 skcm:2 cesc:2 kirp:1 kir:1 gbm:1
HIST1H3B	K28	NA	M:11 E:1	3.41E-13	12	2	Level-2	hgg:11 hnsc:1
APC	Q1378	NA	*:15	6.08E-13	15	1	Level-3	coadread:15
CDKN2A	R58	NA	*:27 R:1	8.48E-13	28	8	Level-3	hnsc:14 skcm:4 paad:4 lud:2 usc:1 kirp:1 esca:1 csc:1
PPP2R1A	P179	NA	R:12 L:1	1.56E-12	13	2	Level-3	ucec:8 usc:5
CREBBP	R1446	NA	C:9 L:3 H:3 G:1	1.67E-12	16	11	Level-3	hnsc:3 mb:2 lhc:2 blca:2 stad:1 skcm:1 usc:1 gbm:1 coadread:1 cesc:1 acyc:1
POLE	V411	NA	L:10	1.76E-12	10	4	Level-3	ucec:5 coadread:3 stad:1 gbm:1
EP300	D1399	NA	N:16 Y:2	5.93E-12	18	6	Level-3	hnsc:6 cesc:5 usc:2 esca:2 blca:2 mb:1
BRAF	D594	NA	G:6 N:5 H:1	6.61E-12	12	9	Level-3	lud:3 mmyl:2 skcm:1 lgg:1 hnsc:1 coadread:1 cl:1 blca:1 acc:1
RHOA	Y42	NA	C:7 S:2 I:1 F:1	1.26E-11	11	3	Level-2	stad:9 lymbc:1 hnsc:1
FBXW7	R479	NA	Q:13 *:4 P:2 L:2 G:2 R:1	1.53E-11	24	12	Level-3	coadread:4 usc:3 stad:3 hnsc:3 cesc:3 usc:2 ucec:1 skcm:1 kirp:1 gbm:1 brca:1 blca:1

MAP2K1	P124	NA	S:11 L:2 Q:1 P:1	2.05E-11	15	4	Level-3	skcm:12 ucec:1 coadread:1 blca:1
MAP2K1	K57	NA	N:7 T:3	2.98E-11	10	6	Level-3	luad:4 skcm:2 stad:1 prad:1 hncs:1 dlbc:1
TP53	C135	NA	Y:9 F:9 R:3 W:2 S:2 * G:1	4.65E-11	28	13	Level-3	esca:5 brca:5 coadread:3 stad:2 prad:2 paad:2 ov:2 luad:2 lusc:1 lihc:1 gg:1 blca:1 acc:1
PIK3CA	E453	NA	K:16 Q:3 D:1	6.40E-11	20	10	Level-3	brca:8 gg:3 stad:2 ucec:1 lusc:1 luad:1 lihc:1 hncs:1 gbm:1 blca:1
CDKN2A	V51_splice	NA		1.11E-10	15	5	Level-3	skcm:5 hncs:4 lihc:3 luad:2 blca:1
NOTCH2	R5	NA	R:10	1.19E-10	10	3	Level-1	acc:8 ov:1 kirc:1
ERBB2	V842	NA	I:14	1.31E-10	14	7	Level-3	coadread:4 stad:3 ucec:2 paad:2 ucs:1 gbc:1 brca:1
DCAF13	T118	NA	T:8	1.56E-10	8	4	Level-1	stad:3 esca:3 kich:1 brca:1
NUP93	E14	NA	K:10 G:1	1.59E-10	11	6	Level-1	brca:6 thca:1 luad:1 lihc:1 hncs:1 blca:1
NFE2L2	T80	NA	K:3 R:2 P:2 A:2	1.96E-10	9	7	Level-1	ucec:3 lusc:1 luad:1 lihc:1 kirc:1 hncs:1 esca:1
FGFR3	Y375	Y373	C:8	2.78E-10	8	2	Level-3	blca:7 kirc:1
ATM	R337	NA	C:13 H:5	5.19E-10	18	8	Level-2	coadread:7 stad:2 skcm:2 paad:2 luad:2 hncs:1 brca:1 blca:1
KNSTRN	S24	NA	F:13	7.71E-10	13	2	Level-3	skcm:11 cscs:2
NFE2L2	G81	NA	V:3 S:3 D:2 C:2	1.34E-09	10	7	Level-1	lusc:3 lihc:2 ucec:1 kirc:1 kirc:1 hncs:1 brca:1
CTNNB1	K335	NA	I:8 T:1	1.60E-09	9	1	Level-3	lihc:9
TP53	M237	NA	I:17 K:4 V:3	1.88E-09	24	12	Level-3	ov:4 luad:3 gg:3 hncs:3 esca:3 stad:2 ucec:1 paad:1 lusc:1 hgg:1 coadread:1 brca:1
GPRIN2	A50	NA	A:11	2.54E-09	11	3	Level-1	coadread:8 lihc:2 brca:1
SOS1	N233	NA	Y:7	2.80E-09	7	2	Level-3	luad:4 ucec:3
SMAD4	G386	NA	D:5 V:3 S:1 C:1 A:1	3.31E-09	11	6	Level-2	esca:3 coadread:3 stad:2 prad:1 paad:1 luad:1
PTEN	R233	NA	*:27 Q:1	3.67E-09	28	8	Level-3	ucec:14 gbm:5 stad:3 coadread:2 ucs:1 prad:1 cscs:1 blca:1
MAPK1	E322	NA	K:15 *:1	4.00E-09	16	3	Level-3	hncs:8 cscs:7 blca:1
INPPL1	A1185	NA	D:8	5.91E-09	8	5	Level-1	acc:4 prad:1 lihc:1 hncs:1 blca:1
TP53	R196	NA	*:61 P:6	6.92E-09	67	16	Level-3	hncs:13 brca:10 coadread:7 paad:6 esca:6 skcm:4 gbm:4 stad:3 ov:3 luad:3 gg:3 mmyl:1 lusc:1 kirc:1 cscs:1
TP53	G266	NA	V:16 E:14 R:12 *:4	7.47E-09	46	18	Level-3	hncs:7 ov:5 paad:4 coadread:4 luad:3 gg:3 brca:3 skcm:2 lihc:2 gbm:2 esca:2 cscs:2 cli:2 ucs:1 ucec:1 lusc:1 lusc:1 blca:1
TP53	C242	NA	F:13 S:5 Y:3 W:1 G:1 C:1	8.62E-09	24	11	Level-3	hncs:5 luad:4 lusc:3 lihc:3 stad:2 cli:2 ucs:1 gbm:1 esca:1 brca:1 blca:1
ERBB3	D297	NA	Y:9 V:1 N:1	9.18E-09	11	5	Level-2	ucec:3 stad:3 brca:2 blca:2 ucs:1
CDKN2A	Q50	NA	*:12 H:2 R:1 Q:1	9.77E-09	16	7	Level-3	skcm:6 paad:3 cscs:3 stad:1 lusc:1 hncs:1 coadread:1
MYCN	P44	NA	L:9	1.09E-08	9	5	Level-2	nbl:4 ucec:2 paad:1 mbi:1 gbm:1
POM121	N94	N359	S:7	1.23E-08	7	4	Level-1	paad:4 skcm:1 prad:1 gbm:1
TP53	R213	NA	*:86 Q:8 L:7 P:1 G:1	1.29E-08	103	23	Level-3	coadread:16 hncs:14 esca:9 brca:9 skcm:8 stad:6 luad:5 paad:4 ov:4 luad:4 lihc:4 ucec:3 kich:3 gg:2 gbm:2 cscs:2 blca:2 ucs:1 prad:1 npc:1 kirc:1 acyc:1 acc:1
TP53	Y236	NA	C:16 *:3 N:2 D:2	2.01E-08	23	11	Level-3	hncs:6 luad:3 gg:3 paad:2 ov:2 coadread:2 stad:1 prad:1 lusc:1 cscs:1 brca:1
ARID1A	R1989	NA	*:17	2.45E-08	17	5	Level-1	ucec:9 coadread:5 stad:1 lymbc:1 cscs:1
APC	R216	NA	*:14	3.51E-08	14	1	Level-3	coadread:14
XP01	E571	NA	K:12 V:1 A:1	4.11E-08	14	5	Level-2	cli:7 ucec:2 coadread:2 brca:2 prad:1
CDKN2A	P114	NA	L:13 T:1 H:1	5.43E-08	15	4	Level-3	skcm:11 hncs:2 lusc:1 cscs:1
MYO18A	G979	NA	G:6 A:1	5.52E-08	7	4	Level-1	acc:3 lihc:2 kirc:1 cscs:1
TP53	P151	NA	S:10 H:7 T:4 R:4 A:4 F:1	7.03E-08	30	17	Level-3	hncs:5 ov:3 coadread:3 brca:3 ucs:2 paad:2 lihc:2 ucec:1 stad:1 skcm:1 mmyl:1 lusc:1 luad:1 gg:1 esca:1 blca:1 acyc:1
GNAQ	T96	NA	S:7	7.04E-08	7	5	Level-1	lihc:2 kich:2 prad:1 luad:1 gbc:1
BNC2	S575	NA	R:7 I:1	7.82E-08	8	3	Level-1	stad:5 coadread:2 luad:1
NFE2L2	Q26	NA	P:2 K:2 R:1 L:1 H:1	9.26E-08	7	5	Level-1	lusc:2 lihc:2 ucec:1 luad:1 esca:1
CDK4	R24	NA	L:5 H:3 C:2 S:1	1.03E-07	11	3	Level-3	skcm:7 luad:3 mmyl:1
LRP1	P1058	NA	T:7 L:1	1.05E-07	8	3	Level-1	prad:3 kirc:3 skcm:2
DTD2	R6	NA	W:11	1.10E-07	11	6	Level-1	kirc:5 lihc:2 prad:1 kich:1 coadread:1 acc:1
SMAD2	S464	NA	*:11	1.19E-07	11	5	Level-1	coadread:5 stad:2 brca:2 paad:1 kirc:1
TP53	A187_splice	NA		1.70E-07	25	13	Level-2	ov:6 hncs:3 coadread:3 brca:3 stad:2 skcm:1 paad:1 lusc:1 luad:1 gg:1 kich:1 cli:1 blca:1
RHEB	Y35	NA	N:5 C:1	1.71E-07	6	4	Level-3	ucec:2 kirc:2 kirc:1 blca:1
HOXB2	P335	NA	P:6	2.27E-07	6	4	Level-1	luad:3 skcm:1 prad:1 kirc:1
TP53	R280	NA	K:15 T:10 G:6 I:5 S:4 *:1	2.47E-07	41	17	Level-3	hncs:7 blca:7 luad:5 brca:4 gg:3 skcm:2 ov:2 lihc:2 ucs:1 stad:1 npc:1 lusc:1 laml:1 esca:1 cscs:1 acc:1
SNRPD3	G96	NA	V:4 S:1 R:1 C:1	2.59E-07	7	3	Level-1	luad:5 ucec:1 cscs:1
GPRIN2	T100	NA	P:7	2.77E-07	7	4	Level-1	coadread:3 cscs:2 lihc:1 brca:1
ALK	F1174	NA	L:6 C:2 V:1	3.00E-07	9	1	Level-3	nbl:9
MED12	L1224	NA	F:9 V:1	3.01E-07	10	5	Level-2	prad:6 stad:1 paad:1 lusc:1 brca:1
ARL16	G6	NA	R:7	3.03E-07	7	1	Level-1	skcm:7
MAGOH	I137	NA	T:6	3.03E-07	6	4	Level-1	paad:3 nbl:1 hncs:1 gbm:1
CCT8	I86	NA	T:6	3.15E-07	6	5	Level-1	paad:2 prad:1 lihc:1 gg:1 hncs:1
CCND1	Y44	NA	D:2 S:1 H:1 F:1 C:1 *:1	3.48E-07	7	2	Level-1	mcl:6 mmyl:1
CRNKL1	S128	NA	F:8 S:2	3.99E-07	10	2	Level-2	skcm:8 cscs:2
TP53	K132	NA	N:16 R:7 E:6 T:3 Q:1 M:1	4.00E-07	34	16	Level-3	ov:6 brca:6 blca:4 paad:3 luad:3 coadread:2 ucs:1 stad:1 mmyl:1 lusc:1 gg:1 hncs:1 gbm:1 esca:1 cscs:1 acc:1
NT5C3A	D322	NA	G:6	4.75E-07	6	5	Level-1	acc:2 lihc:1 kich:1 gbc:1 brca:1
EGFR	L861	NA	Q:7	5.42E-07	7	2	Level-3	luad:5 lusc:2
PIK3R1	M582_splice	NA		5.68E-07	7	5	Level-3	ucec:2 gbm:2 prad:1 mbi:1 coadread:1
TP53	C141	NA	Y:10 W:6 R:2 G:2 S:1 F:1 *:1	5.85E-07	23	12	Level-3	brca:5 prad:3 coadread:3 luad:2 gg:2 hncs:2 ucec:1 paad:1 mmyl:1 lusc:1 laml:1 kich:1
RIMS1	R71	NA	G:5 R:2	7.62E-07	7	4	Level-1	stad:4 prad:1 paad:1 coadread:1
OXA1L	L57	NA	F:9	7.73E-07	9	3	Level-1	skcm:7 hncs:1 cscs:1

LENG8	G377	G340	G:6	9.64E-07	6	5	Level-1	lihc:2 mb 1 luad:1 gbm:1 blca:1
APC	R499	NA	*:13	1.04E-06	13	3	Level-3	coadread:11 stad:1 paad:1
APC	Q1429	NA	*:6 R:1	1.04E-06	7	2	Level-3	coadread:6 ov:1
ING1	R339	R196	*:11	1.06E-06	11	5	Level-1	coadread:4 ucec:3 stad:2 l gg:1 blca:1
SPOP	W131	NA	G:4 S:1 R:1 C:1	1.15E-06	7	2	Level-2	prad:6 ucec:1
TPTE2	M41	NA	V:8	1.36E-06	8	6	Level-1	skcm:2 acc:2 stad:1 paad:1 luad:1 kich:1
TRUB1	T34	NA	P:6	1.42E-06	6	4	Level-1	luad:3 paad:1 kirc:1 blca:1
ACADS	R330	NA	H:8 C:2	1.50E-06	10	7	Level-1	prad:2 kirc:2 gbm:2 ucec:1 stad:1 l gg:1 coadread:1
ACSBG2	I250	NA	M:5	1.53E-06	5	2	Level-1	kirc:4 kirc:1
SPTA1	K1732	NA	T:7	1.61E-06	7	2	Level-1	stad:5 esca:2
TP53	V274	NA	F:7 D:5 G:4 A:4 L:1	1.69E-06	21	11	Level-3	luad:4 lihc:3 brca:3 paad:2 ov:2 coadread:2 stad:1 skcm:1 prad:1 l usm:1 l gg:1
PTPN11	Q510	NA	L:3 H:3 E:1	1.84E-06	7	4	Level-1	skcm:2 l am :2 gbm:2 all:1
SF3B1	N626	NA	Y:3 H:2 D:1	2.06E-06	6	4	Level-1	cli:3 skcm:1 luad:1 brca:1
RAC1	A178	A159	V:10	2.27E-06	10	5	Level-1	hnsc:6 luad:1 hgg:1 coadread:1 cesc:1
AR1H1	A409	NA	E:6	2.28E-06	6	6	Level-1	skcm:1 prad:1 luad:1 kirc:1 kich:1 acc:1
KRAS	G60	NA	G:10 D:1	2.28E-06	11	7	Level-1	coadread:4 thca:2 skcm:1 paad:1 mmyl:1 csc:1 blca:1
TP53	V216	NA	M:15 L:2 G:2 E:1	2.64E-06	20	11	Level-3	ov:4 brca:4 l gg:3 gbm:2 ucs:1 paad:1 l usc:1 luad:1 hnsc:1 esca:1 csc:1
PIK3R1	N564	NA	D:6	2.89E-06	6	4	Level-3	l gg:2 coadread:2 ucec:1 skcm:1
PIK3R1	G376	NA	R:9	2.90E-06	9	4	Level-3	gbm:5 l gg:2 ucs:1 skcm:1
PIK3CA	Y1021	NA	C:7 H:2	3.18E-06	9	6	Level-1	ucec:2 stad:2 coadread:2 ucs:1 prad:1 brca:1
C5orf49	K130	NA	T:6	3.65E-06	6	2	Level-1	stad:4 luad:2
NPAS1	F159	NA	F:6 L:1	3.89E-06	7	2	Level-1	skcm:6 blca:1
APC	R564	NA	*:12	4.00E-06	12	1	Level-3	coadread:12
NFE2L2	L30	NA	F:3 P:2 H:2 R:1	4.52E-06	8	5	Level-1	hnsc:3 lusc:2 lihc:1 kirc:1
RAF1	S257	NA	L:11 W:1	4.76E-06	12	4	Level-3	coadread:6 luad:3 stad:2 skcm:1
TP53	Q331_splice	NA		4.87E-06	23	9	Level-2	ov:7 brca:4 luad:3 coadread:3 hnsc:2 paad:1 lusc:1 lihc:1 cli:1
KIAA1468	Q579	NA	K:6	5.44E-06	6	5	Level-1	luad:2 prad:1 kirc:1 hnsc:1 acc:1
BCL2L12	F8	NA	F:8	5.99E-06	8	2	Level-1	skcm:6 csc:2
SF3B1	R625	NA	H:4 C:4 L:2 G:1	6.52E-06	11	4	Level-2	skcm:6 cli:2 acyc:2 blca:1
AH11	Q294	NA	R:5	6.91E-06	5	4	Level-1	luad:2 skcm:1 kirc:1 hnsc:1
KDM6A	Q555	NA	*:9	7.26E-06	9	1	Level-1	blca:9
FGFR1	K687	K656	E:4 N:1 K:1 *:1	7.52E-06	7	6	Level-2	pias:2 mb 1 lihc:1 gbm:1 blca:1 all:1
KIT	K642	NA	E:5 N:1	7.66E-06	6	2	Level-3	skcm:5 stad:1
TP53	S241	NA	F:19 Y:10 C:6 P:3 A:2	7.75E-06	40	20	Level-3	ov:7 skcm:5 ucs:3 ucec:3 luad:2 hgg:2 gbm:2 gbc:2 brca:2 blca:2 paad:1 l ymbc:1 l gg:1 kirc:1 kirc:1 kich:1 hnsc:1 esca:1 csc:1 coadread:1
OBP2B	S133	NA	P:5	7.91E-06	5	4	Level-1	paad:2 mb 1 luad:1 hnsc:1
APC	R232	NA	*:12	9.02E-06	12	2	Level-2	coadread:11 ucec:1
TP53	L194	NA	R:15 H:3 F:3 P:2	9.05E-06	23	11	Level-3	brca:6 ov:3 luad:3 hnsc:2 coadread:2 blca:2 paad:1 lihc:1 l gg:1 gbm:1 cesc:1
MAP2K1	F53	NA	L:4 V:1 I:1	9.12E-06	6	4	Level-3	coadread:3 stad:1 skcm:1 luad:1
GNA11	Q209	NA	L:5	9.33E-06	5	1	Level-3	skcm:5
MAPK7	A501	NA	D:6	9.50E-06	6	4	Level-1	kirc:2 acc:2 luad:1 lihc:1
TP53	S33_splice	NA		1.03E-05	19	11	Level-2	lihc:4 coadread:3 ov:2 l usm:2 hnsc:2 ucs:1 paad:1 luad:1 esca:1 csc:1 brca:1
PRSS27	V246	NA	G:5	1.03E-05	5	3	Level-1	acc:3 l gg:1 kirc:1
PCDHA10	G539	NA	A:8 V:1	1.08E-05	9	7	Level-1	paad:2 luad:2 l gg:1 kirc:1 hnsc:1 gbm:1 blca:1
MAP2K2	F57	NA	L:3 V:2	1.29E-05	5	4	Level-3	skcm:2 stad:1 paad:1 hnsc:1
PTPN11	A72	NA	T:3 V:2 D:2	1.33E-05	7	4	Level-2	nbl:2 l gg:2 cli:2 l am :1
TP53	V272	NA	M:17 G:4 V:1 L:1 K:1 E:1	1.43E-05	25	13	Level-3	ov:4 paad:3 luad:3 hnsc:3 stad:2 coadread:2 brca:2 ucec:1 mmyl:1 mb 1 kirc:1 csc:1 blca:1
SYT13	P228	NA	S:7 T:1	1.43E-05	8	3	Level-1	1
FAM46D	S69	NA	R:4 G:2	1.43E-05	6	2	Level-1	skcm:6 lusc:1 csc:1
PTN	K44	NA	T:6 M:1	1.46E-05	7	4	Level-1	stad:5 esca:1
TP53	P278	NA	S:11 L:7 T:6 R:5 A:5 H:3	1.50E-05	37	13	Level-3	esca:3 stad:2 lusc:1 coadread:1
HEXDC	T482	H452	P:5	1.59E-05	5	3	Level-1	hnsc:7 ov:5 coadread:5 lusc:4 brca:4 skcm:2 luad:2 esca:2 csc:2 ucec:1 paad:1 mmyl:1 l gg:1
ZBTB7A	K424	NA	T:4 N:1	1.69E-05	5	3	Level-1	g:1
EVPL	C322	NA	C:6	1.76E-05	6	5	Level-1	lusc:2 kirc:2 skcm:1
FGFR1	N577	N546	K:5 D:1	1.92E-05	6	5	Level-2	stad:3 kirc:1 coadread:1
TP53	V225_splice	NA		2.06E-05	22	11	Level-2	paad:2 luad:1 kich:1 coadread:1 blca:1
TP53	H214	NA	R:15 L:1	2.08E-05	16	11	Level-2	pias:2 stad:1 nbl:1 mb 1 hgg:1
ERBB2	R678	NA	Q:9	2.20E-05	9	6	Level-3	brca:5 ov:3 luad:3 hnsc:3 gbm:2 stad:1 lusc:1 lihc:1 l am :1 kich:1 csc:1
PTEN	C136	NA	R:4 Y:2 F:2 *:1	2.27E-05	9	5	Level-1	stad:2 paad:2 lusc:2 lihc:2 esca:2 ov:1 kich:1 gbm:1 coadread:1 cli:1 blca:1
CTNNA1	N387	NA	K:4 Y:1 I:1	2.31E-05	6	3	Level-2	stad:4 ucec:1 prad:1 coadread:1 brca:1 blca:1
ERBB2	D769	NA	Y:5 H:2 N:1	2.69E-05	8	5	Level-3	ucec:3 gbm:3 skcm:1 hnsc:1 coadread:1
MEF2A	P99	NA	S:7	2.91E-05	7	6	Level-1	lihc:4 prad:1 coadread:1
FGFR3	R248	NA	C:9	3.55E-05	9	4	Level-3	brca:3 esca:2 stad:1 cesc:1 blca:1
MYO18B	P1018	NA	S:3 P:3 L:2 T:1	3.67E-05	9	2	Level-1	kirc:2 paad:1 mb 1 lusc:1 lihc:1 csc:1
TP53	T125_splice	NA	SS:23	3.85E-05	23	12	Level-2	blca:6 mmyl:1 lusc:1 hnsc:1
CDKN2A	E88	NA	*:10 K:5	4.24E-05	15	5	Level-1	skcm:8 hnsc:1
COBL	E480	NA	D:6	4.36E-05	6	1	Level-1	hnsc:4 stad:3 l gg:3 ov:2 lusc:2 luad:2 brca:2 skcm:1 paad:1 esca:1 csc:1 acc:1
ATM	N2875	NA	S:3 T:2 K:1	4.66E-05	6	4	Level-1	skcm:5 hnsc:5 paad:2 csc:2 cesc:1
							Level-1	lihc:6
							Level-1	lihc:2 coadread:2 prad:1 brca:1

ZHX3	N249	NA	K:6	4.76E-05	6	3	Level-1	stad:3 coadread:2 blca:1
APC	Y935	NA	*:6	4.90E-05	6	1	Level-3	coadread:6
PLCB3	T909	NA	P:5	5.76E-05	5	2	Level-1	prad:3 luad:2
CHIT1	W358	NA	*:7	5.86E-05	7	4	Level-1	lihc:2 coadread:2 acc:2 kich:1
FRMD4B	P368	NA	S:5 L:1 F:1	6.05E-05	7	2	Level-1	skcm:6 csc:1
PCSK5	W924	NA	*:7 L:1	6.25E-05	8	3	Level-1	skcm:6 lihc:1 csc:1
KRAS	K117	NA	N:9	6.60E-05	9	6	Level-3	coadread:3 mmyl:2 stad:1 skcm:1 lihc:1 esca:1
C3orf70	S6	NA	L:9 W:2 *:1	7.54E-05	12	4	Level-1	blca:6 csc:4 usc:1 brca:1
APC	Q1338	NA	*:6	7.56E-05	6	1	Level-3	coadread:6
CHD3	I293	I234	L:5	7.69E-05	5	4	Level-1	luad:2 paad:1 lgg:1 hnc:1
OVGP1	S536	NA	G:5	8.06E-05	5	3	Level-1	lihc:2 coadread:2 kich:1
INMT	S212	NA	F:8 S:1	8.30E-05	9	2	Level-1	skcm:8 csc:1
LAMC1	P641	NA	P:4 L:2	9.33E-05	6	5	Level-1	usc:2 thca:1 skcm:1 lgg:1 gbm:1
LCE1A	K28	NA	T:2 R:2 M:1	0.0001	5	2	Level-1	stad:4 esca:1
PPP6C	R301	R264	C:14	0.0001	14	2	Level-2	skcm:13 usc:1
NFE2L2	G31	NA	A:4 R:2 V:1 E:1	0.0001	8	5	Level-1	usc:2 esca:2 blca:2 luad:1 lihc:1
U2AF1	Q157	NA	R:2 P:2	0.0001	4	2	Level-3	mds:3 laml:1
CDH1	Q23	NA	*:7	0.0001	7	1	Level-1	brca:7
SF3B1	G742	NA	D:6	0.0001	6	2	Level-2	cl:5 kirc:1
KAT8	R98	NA	W:7 Q:1	0.0001	8	4	Level-1	stad:3 prad:2 coadread:2 skcm:1
SEMA4B	S231	NA	S:4 F:2	0.0001	6	2	Level-1	skcm:3 csc:3
CTNNB1	H36	NA	P:5 Y:1	0.0001	6	2	Level-1	lihc:5 skcm:1
ERBB2	V777	NA	L:4 M:1	0.0001	5	3	Level-3	coadread:2 brca:2 stad:1
PNLIPRP3	K431	NA	T:5 R:1	0.0001	6	2	Level-1	stad:3 esca:3
NFE2L2	R34	NA	G:7 Q:4 P:2	0.0001	13	6	Level-1	usc:5 ucec:2 hnc:2 blca:2 kirc:1 csc:1
FGFR2	S252	NA	W:10 S:2	0.0001	12	3	Level-2	ucec:9 stad:2 ucs:1
FBXW7	R367	NA	*:12	0.0001	12	6	Level-2	coadread:7 ucs:1 stad:1 paad:1 hnc:1 csc:1
FOXA1	I176	NA	M:4 V:3	0.0002	7	2	Level-1	brca:6 luad:1
SLC4A11	V718	V691	G:5	0.0002	5	3	Level-1	brca:3 prad:1 lihc:1
H3F3A	G35	G34	R:6	0.0002	6	4	Level-3	hgg:3 lgg:1 gbm:1 acc:1
FGFR2	C383	C382	R:4 Y:1	0.0002	5	3	Level-3	ucec:3 stad:1 esca:1
KIAA0020	K63	NA	R:5	0.0002	5	4	Level-1	paad:2 skcm:1 luad:1 gbm:1
TP53	F270	NA	S:5 L:4 I:4 C:2 V:1	0.0002	16	9	Level-3	stad:3 brca:3 ov:2 luad:2 lgg:2 usc:1 hnc:1 esca:1 csc:1
SF3B1	K666	NA	T:2 E:2 Q:1	0.0002	5	4	Level-2	cl:2 skcm:1 lihc:1 brca:1
PIK3R1	R348	NA	*:14	0.0002	14	3	Level-3	ucec:8 coadread:5 brca:1
PIK3R1	K567	NA	E:5	0.0002	5	4	Level-1	ucec:2 stad:1 lymbc:1 esca:1
ALK	R1275	NA	Q:10 L:1 *:1	0.0002	12	2	Level-3	nbl:11 brca:1
U2AF1	I24	NA	T:3 V:1	0.0002	4	4	Level-1	ucec:1 stad:1 paad:1 acc:1
DNAJB1	L190	NA	L:4	0.0002	4	4	Level-1	prad:1 lihc:1 hnc:1 gbm:1
STAT3	H410	NA	R:3 P:2	0.0002	5	3	Level-1	lihc:3 luad:1 brca:1
PIK3CA	E81	NA	K:12 *:1	0.0002	13	9	Level-2	coadread:3 brca:3 ucec:1 mbl:1 luad:1 kirc:1 hnc:1 gbm:1 csc:1
TP53	E225_splice	NA	SS:19	0.0002	19	12	Level-2	hnc:5 ov:3 luad:2 stad:1 skcm:1 paad:1 mmyl:1 usc:1 lgg:1 kich:1 esca:1 brca:1
PTPN11	E76	NA	K:4 A:2 G:1	0.0002	7	5	Level-2	mmyl:2 coadread:2 pias:1 nbl:1 usc:1
EGFR	G719	NA	A:5 D:1 C:1	0.0003	7	2	Level-3	luad:6 gbm:1
EHMT1	V280	NA	F:5	0.0003	5	2	Level-1	paad:3 lihc:2
WDR73	G316	NA	R:5	0.0003	5	4	Level-1	lihc:2 kirc:1 coadread:1 brca:1
TMEM131	E1319	NA	Q:4 *:2 K:1	0.0003	7	5	Level-1	csc:2 brca:2 luad:1 hnc:1 blca:1
WDR52	V1227	V408	G:5	0.0003	5	1	Level-1	kirc:5
SMAD4	D351	NA	G:3 Y:2 H:2 A:1	0.0003	8	6	Level-1	paad:2 coadread:2 stad:1 prad:1 luad:1 esca:1
DICER1	E1813	NA	G:3 Q:2 A:1	0.0003	6	4	Level-2	ucec:2 coadread:2 thca:1 gbm:1
HOOK2	S630	NA	S:3 F:2 A:1	0.0003	6	3	Level-1	skcm:4 prad:1 csc:1
KLF5	E419	NA	Q:4 K:3	0.0003	7	4	Level-1	luad:3 usc:2 csc:1 blca:1
LST3	R709	NA	R:4 T:1 K:1	0.0003	6	3	Level-1	csc:4 skcm:1 luad:1
HSD11B1	G45	NA	V:2 R:2 W:1 G:1 E:1	0.0003	7	3	Level-1	skcm:3 luad:3 brca:1
RBM39	T353	NA	I:4 T:1	0.0004	5	3	Level-1	ucec:3 luad:1 hnc:1
PCBP1	L102	NA	Q:2 R:1 P:1	0.0004	4	1	Level-1	coadread:4
BCL2L12	F17	NA	F:7	0.0004	7	2	Level-2	skcm:4 csc:3
SPOP	Y87	NA	S:2 N:2 C:1	0.0004	5	1	Level-2	prad:5
MYC	T73	T58	P:3 I:2	0.0004	5	5	Level-3	skcm:1 nbl:1 lymbc:1 luad:1 esca:1
TROAP	S562	NA	I:5	0.0004	5	2	Level-1	paad:3 lgg:2
PTPN11	G503	NA	V:6 G:1	0.0004	7	5	Level-3	stad:2 luad:2 mmyl:1 usc:1 coadread:1
ACVR1	R258	NA	G:4 M:1	0.0005	5	2	Level-2	hgg:4 stad:1
PIK3CA	V344	NA	G:5 M:4 A:2	0.0005	11	8	Level-3	ucec:3 coadread:2 skcm:1 lymbc:1 hnc:1 gbm:1 csc:1 brca:1
ARID3A	S557	NA	G:4	0.0005	4	2	Level-1	stad:3 ucec:1
THBD	C554	NA	C:7	0.0005	7	3	Level-1	stad:4 coadread:2 ucec:1
TP53	G244	NA	D:9 C:8 S:5 V:2 R:1 G:1	0.0005	26	13	Level-3	ov:5 esca:3 coadread:3 ucec:2 stad:2 usc:2 luad:2 gbm:2 ucs:1 usm:1 lihc:1 lgg:1 hnc:1
SMARCA4	G1232	NA	S:6 C:2 V:1	0.0006	9	6	Level-1	luad:3 mbl:2 stad:1 skcm:1 lymbc:1 kirc:1
RARA	F286	NA	S:2 I:1 C:1	0.0006	4	3	Level-1	luad:2 csc:1 brca:1
CCND1	P287	NA	L:3 S:2 T:1	0.0006	6	5	Level-2	ucec:2 ucs:1 skcm:1 hnc:1 csc:1
CYP4A11	I491	NA	M:3 T:1	0.0006	4	2	Level-1	lihc:3 brca:1

MAX	R60	NA	Q:9	0.0006	9	6	Level-1	ucec:2 lgg:2 coadread:2 stad:1 mbl:1 lami:1
ARAF	S214	NA	F:3 S:1 C:1 A:1	0.0006	6	3	Level-2	luad:3 skcm:2 kirp:1
RQCD1	S87	NA	P:3 C:3	0.0006	6	5	Level-2	skcm:2 stad:1 prad:1 lihc:1 blca:1
ABCC10	R570	NA	W:5 Q:2 L:1	0.0006	8	7	Level-1	gbm:2 prad:1 lusc:1 lgg:1 kirp:1 hpsc:1 brca:1
FRMD6	S17	NA	S:3 I:1 C:1	0.0006	5	3	Level-1	ucec:2 lihc:2 acc:1
NCR1	E42	NA	K:6 G:1 E:1	0.0007	8	2	Level-1	skcm:7 stad:1
CELSR1	W1958	NA	G:4 C:1	0.0007	5	4	Level-1	coadread:2 ov:1 luad:1 gbm:1
LRP5	S1609	NA	P:4 S:1	0.0007	5	4	Level-1	prad:2 paad:1 luad:1 csc:1
MYO9A	P1300	NA	S:5 P:1 L:1	0.0007	7	3	Level-1	skcm:5 luad:1 lihc:1
CYP2C8	P402	NA	S:7 L:2	0.0008	9	2	Level-1	skcm:7 csc:2
PIK3CA	N1044	NA	K:4 Y:2	0.0008	6	3	Level-1	ucec:2 kirc:2 brca:2
CDK4	K22	NA	Q:2 M:2	0.0008	4	2	Level-1	skcm:3 mmyl:1
HIST1H3C	K37	NA	M:5	0.0008	5	2	Level-1	hpsc:4 skcm:1
TP53	N239	NA	S:8 D:6 T:1	0.0009	15	12	Level-3	ucec:2 luad:2 hpsc:2 lusc:1 stad:1 prad:1 ov:1 lihc:1 kirc:1 kich:1 coadread:1 brca:1
LRRC71	K324	NA	K:4	0.0009	4	4	Level-1	paad:1 lihc:1 kirp:1 hpsc:1
CRB1	F630	NA	V:5 S:1	0.0009	6	3	Level-1	stad:4 paad:1 esca:1
AMPD1	L631	L598	F:4 V:1	0.0009	5	3	Level-1	ucec:2 paad:2 esca:1
EBF2	G444	NA	E:8 V:1	0.0009	9	4	Level-1	skcm:6 ucec:1 gbm:1 csc:1
TUBGCP4	A8	NA	D:4 T:1	0.0010	5	4	Level-1	hpsc:2 prad:1 luad:1 esca:1
CIZ1	L59	NA	P:4	0.0010	4	3	Level-1	gbm:2 lgg:1 kirp:1
TP53	I255	NA	F:7 S:3 N:2 T:1	0.0010	13	7	Level-2	esca:3 brca:3 paad:2 luad:2 lgg:1 gbm:1 cll:1
PASD1	M338	NA	I:5	0.0010	5	1	Level-1	skcm:5
TP53	E286	NA	K:17 *:7 G:4 Q:3 V:1 A:1	0.0011	33	15	Level-3	luad:6 brca:5 stad:3 hpsc:3 skcm:2 lusc:2 lihc:2 csc:2 coadread:2 paad:1 ov:1 lgg:1 lami:1
IL7R	K395	NA	T:3 R:2 N:1 M:1 K:1	0.0011	8	5	Level-1	1 esca:1 blca:1
SSBP3	K6	NA	R:4	0.0011	4	3	Level-1	esca:3 skcm:2 ucec:1 stad:1 luad:1
PARP1	G500	NA	G:6	0.0012	6	1	Level-1	acc:2 lihc:1 csc:1
SLCO1B7	E27	NA	K:9	0.0012	9	6	Level-1	stad:6
ACVR1	G328	NA	E:4 V:2	0.0013	6	1	Level-3	skcm:3 coadread:2 gbm:1 csc:1 cesc:1 brca:1
PCMTD1	P342	NA	L:6 T:1 P:1	0.0013	8	6	Level-1	hgg:6
BCL2L12	R18	NA	W:7	0.0013	7	2	Level-1	kich:2 hpsc:2 skcm:1 prad:1 paad:1 luad:1
TGFBR2	R553	R528	C:5 H:4 L:1	0.0013	10	5	Level-1	skcm:5 csc:2
VPS37B	Y191	NA	S:4	0.0014	4	4	Level-1	coadread:4 paad:2 hpsc:2 stad:1 luad:1
C16orf80	R100	NA	C:6 H:1	0.0014	7	4	Level-1	skcm:1 ov:1 mbl:1 luad:1
TRIM65	H383	NA	N:3 L:1	0.0014	4	4	Level-1	stad:3 coadread:2 cesc:1 brca:1
VHL	N78	NA	S:3 D:2 Y:1	0.0014	6	2	Level-1	lusc:1 luad:1 lihc:1 hpsc:1
MTOR	C1483	NA	F:2 Y:1 W:1 R:1	0.0015	5	3	Level-3	kirc:5 paad:1
DDX28	S442	NA	S:3 F:2	0.0015	5	1	Level-1	kirc:3 gbm:1 brca:1
S100A8	K49	NA	R:5	0.0015	5	5	Level-1	skcm:5
BTBD11	K1003	NA	T:3 R:1 M:1	0.0015	5	3	Level-1	thca:1 prad:1 luad:1 hpsc:1 gbm:1
TARBP2	E191	NA	*:5 E:1	0.0016	6	3	Level-1	stad:3 paad:1 esca:1
ZNF623	T500	NA	K:5	0.0016	5	2	Level-1	coadread:3 ucec:2 skcm:1
SLC16A13	F158	NA	L:4	0.0016	4	4	Level-1	hpsc:4 luad:1
TP53	S215	NA	I:6 R:5 G:3 N:1	0.0016	15	9	Level-3	stad:1 paad:1 luad:1 hpsc:1
PIK3CA	G106	NA	V:7 R:1	0.0017	8	6	Level-3	lihc:3 paad:2 ov:2 luad:2 brca:2 stad:1 lusc:1 lami:1 esca:1
UCHL1	H161	NA	Y:5	0.0017	5	1	Level-1	ucs:2 coadread:2 ucec:1 lusc:1 cesc:1 blca:1
TPSD1	P22	NA	R:6 P:3	0.0017	9	5	Level-1	skcm:5
INTS12	M1	NA	V:2 T:1 L:1	0.0017	4	2	Level-1	acc:4 blca:2 lihc:1 lgg:1 coadread:1
FRMD6	F6	NA	F:4	0.0017	4	2	Level-1	mmyl:2 luad:2
UBXN11	S494	NA	C:4	0.0018	4	2	Level-1	lihc:3 acc:1
SPOP	F102	NA	V:2 C:2 L:1	0.0018	5	1	Level-3	coadread:3 lihc:1
PIK3CA	C378	NA	R:3 Y:2 F:1	0.0018	6	5	Level-1	prad:5
NFIC	S339	NA	P:4	0.0019	4	3	Level-1	ucec:2 stad:1 lgg:1 gbm:1 brca:1
FBXW7	R658	NA	*:10 Q:3 R:1	0.0020	14	8	Level-2	paad:2 luad:1 lihc:1
MICA	I236	NA	T:4	0.0020	4	2	Level-1	coadread:4 ucec:3 cesc:2 lusc:1 skcm:1 hpsc:1 gbm:1 blca:1
PODXL	S22	NA	P:4	0.0020	4	3	Level-1	lihc:3 coadread:1
XPO6	I274	NA	T:3 V:1	0.0020	4	3	Level-1	acc:2 kirp:1 kirc:1
CLECL1	Y50	NA	N:4	0.0020	4	1	Level-1	paad:2 skcm:1 luad:1
MXRA5	G792	NA	G:9	0.0021	9	1	Level-1	lihc:4
TSC22D2	S735	NA	Y:4 F:2	0.0022	6	5	Level-1	skcm:9
KIF26B	R2024	NA	H:5 C:2 S:1	0.0023	8	7	Level-1	ucec:2 stad:1 skcm:1 coadread:1 brca:1
TP53	T125	NA	T:36 M:7 P:2 R:1 K:1	0.0024	47	20	Level-2	stad:2 ov:1 luad:1 lgg:1 hpsc:1 gbm:1 coadread:1
S100A3	P97	NA	S:3 P:2	0.0024	5	3	Level-1	luad:10 hpsc:6 coadread:5 lusc:4 stad:3 ov:2 lihc:2 esca:2 brca:2 skcm:1 paad:1 lusc:1 lgg:1
TMEM200C	R19	NA	C:5 S:1 H:1	0.0025	7	4	Level-1	:1 lami:1 kich:1 hgg:1 gbm:1 csc:1 blca:1 acc:1
SWI5	P34	NA	S:7	0.0026	7	2	Level-1	skcm:3 stad:1 luad:1
TUBGCP6	S1192	NA	S:4	0.0026	4	3	Level-1	stad:3 skcm:2 paad:1 coadread:1
CSPG5	R365	NA	R:3 Q:2 W:1	0.0026	6	4	Level-1	skcm:6 csc:1
METTL14	R298	NA	P:4 H:4	0.0027	8	3	Level-1	lgg:2 prad:1 hpsc:1
BRD7	Y455	NA	*:4	0.0027	4	1	Level-1	paad:3 prad:1 ov:1 hpsc:1
							Level-1	ucec:4 paad:3 npc:1
							Level-1	lihc:4

ARID2	S297	NA	F:8	0.0029	8	1	Level-1	skcm:8
LTN1	S19	NA	F:6 Y:1	0.0029	7	2	Level-1	skcm:5 csc:2
TP53	L111	NA	P:5 R:4 Q:3	0.0029	12	8	Level-2	lihc:3 lusc:2 brca:2 stad:1 skcm:1 gbm:1 esca:1 cll:1
PANK3	I301	NA	F:4	0.0029	4	4	Level-1	lihc:1 kich:1 coadread:1 acc:1
RSBN1L	L432	NA	V:4	0.0030	4	1	Level-1	brca:4
MYT1L	K203	NA	T:3 R:1	0.0030	4	3	Level-1	esca:2 lusc:1 paad:1
TMEM147	A92	NA	V:4 A:1	0.0030	5	4	Level-1	gbm:2 ucec:1 prad:1 lihc:1
EGFR	R108	NA	K:7 G:1	0.0031	8	3	Level-3	gbm:5 lgg:2 hgg:1
SMAD4	D537	NA	H:4 E:2 Y:1 V:1 G:1	0.0033	9	3	Level-1	coadread:7 paad:1 lusc:1
PSG4	E263	NA	K:7	0.0034	7	2	Level-1	skcm:5 hnc:2
PDHA1	G145	G107	D:5	0.0035	5	4	Level-1	paad:2 lgg:1 hnc:1 gbm:1
LSM14A	R272	NA	C:7 H:1	0.0035	8	5	Level-1	coadread:4 ucec:1 paad:1 gbm:1 esca:1
THRA	R79	NA	H:7	0.0036	7	4	Level-1	paad:4 lgg:1 hnc:1 gbm:1
FANK1	Q4	NA	*:5	0.0036	5	3	Level-1	acc:3 lihc:1 gbc:1
ASF1B	P21	NA	L:3 P:2	0.0038	5	2	Level-1	skcm:3 csc:2
MAX	H28	NA	R:4	0.0040	4	1	Level-1	ucec:4
APC	Q1406	NA	*:7	0.0040	7	2	Level-3	coadread:6 skcm:1
APC	E1408	NA	*:7	0.0040	7	1	Level-3	coadread:7
UBE2D3	M32	M30	I:3 V:1	0.0042	4	4	Level-1	skcm:1 luad:1 hnc:1 blca:1
MET	D1010_splice	NA		0.0042	5	2	Level-3	luad:4 lgg:1
TBX2	S192	NA	I:4	0.0043	4	3	Level-1	lihc:2 lgg:1 acc:1
ANKZF1	A650	NA	V:4 A:1	0.0043	5	5	Level-1	ucs:1 skcm:1 paad:1 luad:1 lgg:1
PIK3CA	R38	NA	H:7 C:4 S:1 L:1 G:1	0.0044	14	6	Level-3	ucec:6 stad:2 gbm:2 coadread:2 lusc:1 csc:1
ELTD1	S11	NA	F:5 S:3 P:1	0.0044	9	4	Level-1	skcm:5 csc:2 lusc:1 luad:1
RPL10L	K156	NA	R:3 T:1 M:1	0.0044	5	4	Level-1	luad:2 stad:1 esca:1 coadread:1
MTOR	I2500	NA	M:3 F:1	0.0045	4	4	Level-3	ucec:1 stad:1 kirc:1 brca:1
RHOA	E40	NA	Q:6 K:1 *:1	0.0045	8	4	Level-3	hnc:5 stad:1 luad:1 brca:1
RHOA	R5	NA	W:5 Q:4 L:1	0.0045	10	5	Level-3	lymbc:3 stad:2 esca:2 brca:2 coadread:1
PCED1B	S343	NA	F:6 Y:1 P:1	0.0045	8	3	Level-1	skcm:5 csc:2 hnc:1
MYC	S161	S146	L:6	0.0046	6	4	Level-1	hnc:3 skcm:1 luad:1 coadread:1
NOL4	L423	NA	L:3 V:1 M:1	0.0047	5	2	Level-1	esca:4 luad:1
DNAH9	E2368	NA	K:7 D:1	0.0047	8	2	Level-1	skcm:7 esca:1
CHST12	V12	NA	G:4	0.0049	4	2	Level-1	luad:2 hnc:2
KCNQ5	G273	NA	E:7 R:1	0.0049	8	1	Level-1	skcm:8
ZNF516	A256	NA	D:5	0.0051	5	3	Level-1	kirp:2 kirc:2 acc:1
CR1	R1842	R1392	C:5 H:4	0.0052	9	7	Level-1	skcm:3 ucec:1 luad:1 kirc:1 csc:1 coadread:1 blca:1
RINT1	K85	NA	T:2 N:2	0.0052	4	2	Level-1	lgg:2 csc:2
TGFBRAP1	P824	NA	S:2 L:2 P:1 F:1	0.0052	6	2	Level-1	skcm:4 csc:2
TOP2B	R651	R656	H:7	0.0053	7	5	Level-1	coadread:3 ucec:1 stad:1 paad:1 mbl:1
PACS2	Q87	NA	H:3 Q:1	0.0053	4	3	Level-1	esca:2 stad:1 lihc:1
ZNF649	R198	NA	I:5 S:1 K:1	0.0054	7	4	Level-1	ucec:3 coadread:2 stad:1 paad:1
TP53	Q144	NA	*:12 P:1 L:1 H:1	0.0054	15	8	Level-3	luad:7 hnc:2 ucec:1 stad:1 ov:1 lihc:1 brca:1 blca:1
VHL	V155_splice	NA		0.0055	6	1	Level-3	kirc:6
TACC3	P417	NA	S:4 P:2	0.0056	6	3	Level-1	skcm:4 luad:1 acc:1
ATP6V1B2	P352	NA	S:4 P:1	0.0056	5	3	Level-1	skcm:3 nbl:1 csc:1
KCNJ8	G417	NA	E:5 R:1 D:1	0.0058	7	2	Level-1	skcm:6 csc:1
TP53	D281	NA	Y:8 N:7 V:4 E:4 H:2 D:2 P:1 G:1 A:1	0.0059	30	18	Level-3	1 hnc:1 csc:1 cll:1 blca:1
ARHGAP28	L277	L259	R:3 P:2	0.0061	5	3	Level-1	stad:2 coadread:2 esca:1
MEF2A	Y105	NA	C:4	0.0061	4	4	Level-1	mbl:1 lihc:1 kirc:1 csc:1
TCF20	P815	NA	L:4 S:2	0.0061	6	2	Level-1	skcm:4 csc:2
BRAF	L597	NA	Q:2 S:1 R:1	0.0062	4	3	Level-3	skcm:2 prad:1 mmyl:1
CANT1	K131	NA	R:4	0.0062	4	3	Level-1	prad:2 lgg:1 hnc:1
ARID1A	R1335	NA	*:9	0.0062	9	6	Level-1	ucec:4 stad:1 lgg:1 esca:1 coadread:1 brca:1
LCE1F	P27	NA	P:7 Q:2 L:1	0.0063	10	2	Level-1	skcm:9 hnc:1
ACP6	V29	NA	G:4	0.0063	4	3	Level-1	kirp:2 lihc:1 acc:1
MAGEC1	K1046	NA	N:6	0.0064	6	3	Level-1	coadread:3 stad:2 esca:1
ACVR1B	R485	R444	*:8	0.0065	8	2	Level-1	stad:4 coadread:4
BRAF	G596	NA	R:2 V:1 S:1 D:1	0.0065	5	4	Level-3	luad:2 mmyl:1 gbm:1 blca:1
CEP63	S153	NA	L:5 S:4	0.0068	9	5	Level-1	skcm:4 stad:2 prad:1 lihc:1 coadread:1
PIK3CB	D1067	NA	V:3 Y:1 A:1	0.0068	5	5	Level-1	ucec:1 thca:1 skcm:1 hnc:1 gbm:1
ARHGAP33	S964	NA	S:4	0.0069	4	2	Level-1	paad:3 stad:1
KCNH5	T147	NA	T:13	0.0069	13	2	Level-1	skcm:1 1 csc:2
DUSP16	R483	NA	*:7	0.0069	7	4	Level-1	coadread:3 stad:2 ucec:1 brca:1
CDKN2A	L130	NA	R:3 Q:2 V:1	0.0070	6	3	Level-1	paad:3 csc:2 skcm:1
FAM58A	K141_splice	NA		0.0071	4	3	Level-1	skcm:2 luad:1 brca:1
C6	K817	NA	T:5 R:1	0.0071	6	3	Level-1	stad:3 coadread:2 ov:1
MED28	G7	NA	G:3 C:1	0.0073	4	2	Level-1	luad:3 hnc:1
PROCR	R98	NA	L:8	0.0075	8	7	Level-1	acc:2 prad:1 luad:1 kirp:1 kirc:1 csc:1 brca:1
MARCH10	G241	NA	E:4 R:1 G:1	0.0078	6	2	Level-1	skcm:4 csc:2

FZD10	S22	NA	R:5	0.0080	5	4	Level-1	acc:2 prad:1 luad:1 kirp:1
RTKN2	R33	NA	*:8 Q:2	0.0080	10	6	Level-1	ucec:3 skcm:2 coadread:2 hns:1 gbm:1 brca:1
EP300	H1451	NA	R:1 P:1 L:1 H:1	0.0080	4	4	Level-1	ucec:1 lgg:1 brca:1 blca:1
ARID1A	R693	NA	*:8	0.0080	8	5	Level-3	ucec:4 stad:1 lgg:1 esca:1 coadread:1
THSD7B	E1181	E1149	K:9	0.0081	9	1	Level-1	skcm:9
THSD7B	G557	G526	R:5 E:2 V:1	0.0081	8	4	Level-1	skcm:5 luad:1 lihc:1 gbm:1
SHROOM1	P300	NA	T:4	0.0081	4	3	Level-1	lihc:2 kirp:1 acc:1
NUP93	Q15	NA	*:4	0.0082	4	2	Level-1	thca:3 ucec:1
ERBB3	M60	NA	K:3 R:1	0.0083	4	4	Level-1	ucec:1 esca:1 coadread:1 blca:1
CLEC14A	R193	NA	C:5 H:3 R:2	0.0086	10	6	Level-1	skcm:3 paad:2 coadread:2 prad:1 luad:1 gbm:1
EYA4	L152	NA	R:2 L:2 V:1 P:1 H:1	0.0086	7	3	Level-1	ucec:3 stad:3 luad:1
CEP89	S153	NA	G:3 I:1	0.0086	4	4	Level-1	lihc:1 kich:1 hns:1 acc:1
SHB	A460	NA	T:4	0.0087	4	2	Level-1	hns:2 gbm:2
APOBR	E361	E352	D:5	0.0088	5	4	Level-1	brca:2 ucec:1 ov:1 csc:1
SF3B1	D894	NA	N:2 G:2 A:1	0.0090	5	4	Level-1	mmyl:2 skcm:1 csc:1 cl:1
BRINP1	G713	NA	G:9	0.0090	9	1	Level-1	skcm:9
RIPPLY2	S110	NA	L:5 *:1	0.0090	6	3	Level-1	skcm:3 csc:2 hns:1
TCEB1	Y79	NA	S:1 N:1 F:1 *:1	0.0090	4	1	Level-3	kirc:4
KCNJ12	E430	NA	G:5 *:1	0.0092	6	4	Level-1	brca:2 acc:2 lihc:1 coadread:1
NAP1L3	K502	NA	R:2 T:1 N:1 M:1 K:1	0.0093	6	4	Level-1	stad:3 esca:1 coadread:1 blca:1
CYP7B1	K332	NA	T:5	0.0096	5	2	Level-1	stad:4 paad:1
HNMT	L145	NA	L:4	0.0096	4	4	Level-1	ucec:1 stad:1 lusc:1 lihc:1
NHS	L215	NA	P:4	0.0098	4	3	Level-1	brca:2 stad:1 cl:1
DHRS4	T102	NA	M:6	0.0098	6	5	Level-1	mbi:2 prad:1 paad:1 luad:1 kirc:1
MAGI2	L603	NA	R:3 P:2	0.0098	5	2	Level-1	stad:3 esca:2

* In few instances, our chosen canonical transcript was not the transcript used in previous literature. If an alternative transcript was previously used in literature, its respective annotation is included.

[a] Validate levels are described in Methods section of the main text.

Supplementary Table 3: Summary of presumptive false positive mutations

Hugo Symbol	Codon	Variant Amino Acid	Q-Value	Mutation Count	Tumor Types	Reason Removed
ABCD1	S606	P:4 S:1	0.000862640975571358	5	cesc:2 skcm:1 kich:1 cli:1	ALIGNABILITY
ABHD17A	L6	L:5	3.06946427965666e-05	5	kirp:3 nbl:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
ACD	L51	L:7 F:3	2.152438669742113e-09	10	skcm:8 csc:2	HOMOPOLYMER
ACIN1	E274	E:6	0.000342954390340412	6	lihc:4 kir:2	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
ACIN1	E279	E:5	0.00594950111736382	5	lihc:4 kir:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ACR	W279	C:5 R:1	9.30535996512287e-06	6	kich:2 prad:1 paad:1 lihc:1 hncs:1	MANUAL_REVIEW
ACRC	S258	N:5	0.00550691538933586	5	paad:2 luad:1 hncs:1 esca:1	ALIGNABILITY
ADAMTS7	R581	R:8	2.63766959399348e-09	8	lihc:2 coadread:2 brca:2 kich:1 hgg:1	ALIGNABILITY
ADAMTS7	P593	P:3 S:2	0.000968138409409472	5	gbc:2 kich:1 hncs:1 acc:1	ALIGNABILITY
ADAMTS7	H1024	R:4	0.00415856750100998	4	ucs:1 prad:1 lgg:1 hncs:1	FP_RICH_GENE
ADAMTS7	N1071	S:13 N:5	7.83772201328159e-32	18	luad:8 lgg:4 skcm:2 brca:2 lusc:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
ADAMTS7	C1646	C:7	0.00968186459635509	7	hncs:2 skcm:1 prad:1 lusc:1 kirp:1 kir:1	FP_RICH_GENE
ADAMTS7	I1660	V:5 I:1	1.94865053660039e-05	6	acc:4 skcm:1 nbl:1	FP_RICH_GENE
ADH1A	E253	E:12	1.18004870580809e-10	12	lihc:9 acc:2 kich:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
ADRA2B	E301	E:8	3.06136380899144e-06	8	coadread:7 kich:1	CENTER_BIAS LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
AGAP10	S223	I:7	1.22418809091434e-08	7	paad:5 luad:1 esca:1	FP_RICH_GENE
AGAP10	H228	R:26	8.01349118908423e-59	26	paad:9 prad:5 hncs:5 luad:3 skcm:2 lgg:1 kirp:1	FP_RICH_GENE
AGAP10	M293	V:4	0.000261874887087382	4	skcm:4	ALIGNABILITY
AGAP6	A82	G:5	0.000429650462832401	5	luad:2 prad:1 hncs:1 cesc:1	FP_RICH_GENE
AGAP6	S127	I:6	6.93552179177447e-06	6	paad:3 prad:2 gbm:1	ALIGNABILITY
AHNAK	V1940	A:6 M:1	3.29716414991958e-07	7	paad:3 blca:2 skcm:1 luad:1	LOW_AF_FRAC
ALG1	E303	E:6	9.94133809985523e-07	6	luad:3 paad:1 lihc:1 gbm:1	MANUAL_REVIEW
ALG13	P932	P:5	0.000158888438568623	5	coadread:2 ucec:1 lihc:1 kir:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ALG1L	L38	L:4	0.000231487543571558	4	skcm:1 luad:1 hncs:1 gbm:1	MANUAL_REVIEW
AMIGO3	P405	P:4	0.00204751373793856	4	acc:3 lihc:1	MANUAL_REVIEW
AMOT	Q394	Q:9	1.34333192531837e-09	9	paad:6 luad:2 prad:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ANAPC1	V224	L:4	0.0054190881762113	4	brca:2 paad:1 kich:1	ALIGNABILITY
ANAPC1	T537	A:22	1.21185620400836e-43	22	paad:11 luad:3 skcm:2 prad:2 lusc:1 kich:1 gbm:1 esca:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
ANKRD32	T999	N:12	3.13133104404885e-17	12	skcm:3 luad:3 blca:2 prad:1 lgg:1 kirp:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
ANKRD36	T998	S:21	4.50612087453669e-41	21	kir:5 gbm:5 paad:3 lihc:2 hncs:2 skcm:1 prad:1 luad:1 kirp:1	SUBCLONAL_FRAC
ANKRD40	D99	E:7	4.84961165242621e-09	7	stad:3 coadread:3 brca:1	HOMOPOLYMER
APC	Q1367	*:11 E:1	7.16596369843585e-09	12	coadread:12	CENTER_BIAS
APC	E1397	*:9	2.460762923729e-05	9	coadread:9	CENTER_BIAS
AR	L56	Q:5	0.000216727939213306	5	coadread:3 lihc:1 csc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
AR	L57	Q:12	3.78882859431334e-17	12	coadread:7 lihc:2 mbi:1 lusc:1 hncs:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
AR	Q58	L:23	7.07045809186418e-41	23	paad:5 luad:4 coadread:4 ucec:2 hncs:2 acc:2 stad:1 lihc:1 esca:1 bl	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
AR	Q59	L:5	0.000216727939213306	5	coadread:3 csc:1 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
AR	Q60	L:5	0.000216727939213306	5	csc:2 coadread:2 kirp:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
AR	F814	V:5	0.00117046661479441	5	stad:3 esca:2	FP_RICH_GENE
ARRHGAP5	V474	A:15 I:1	2.92260123746261e-24	16	coadread:10 kir:2 ov:1 lihc:1 kich:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
ARID3B	L354	L:10	3.13674491877084e-17	10	hncs:4 prad:2 paad:2 luad:2	LOW_AF_FRAC
ARRB2	P94	P:13	2.35039102541776e-21	13	paad:5 skcm:2 prad:2 luad:1 lgg:1 gbm:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY
ASB2	H515	P:7	1.85354824659493e-08	7	acc:5 paad:1 kirp:1	MANUAL_REVIEW
ASIC3	G36	G:6	6.29446489739486e-06	6	acc:4 luad:1 lihc:1	MANUAL_REVIEW
ASIC3	Y429	Y:4	0.00177823717278513	4	luad:3 skcm:1	MANUAL_REVIEW
ASPN	E52	D:7	9.87390970067584e-05	7	lihc:4 kir:1 coadread:1 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ATN1	Q492	Q:13	1.04639878470522e-18	13	lihc:5 coadread:4 acc:3 kich:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ATN1	Q494	Q:6	9.96691224135993e-06	6	acc:3 coadread:2 kich:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ATN1	Q498	H:7	2.5002599176489e-07	7	acc:4 coadread:3	HOMOPOLYMER
ATPAF2	G21	G:4 S:1	2.29809573189944e-05	5	luad:1 kirp:1 hncs:1 blca:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
ATXN1	Q207	H:15	1.43017168850675e-18	15	coadread:5 lihc:4 ucs:1 skcm:1 prad:1 luad:1 kich:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ATXN1	Q208	H:8	3.8420365840793e-07	8	coadread:7 kich:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ATXN1	H209	Q:5	0.00018163395899749	5	coadread:5	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ATXN1	Q210	H:11	7.60007400513248e-12	11	coadread:10 acc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS ALIGNABILITY
ATXN1	Q212	H:6	0.000233469100979202	6	coadread:4 skcm:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
AZIN1	S367	G:10	2.56732615512135e-14	10	lihc:10	LOW_AF_FRAC
BCLAF1	E163	K:10 D:1	0.000193839917525708	11	skcm:7 csc:3 coadread:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY
BMP2K	Q460	H:8	1.55944573818887e-09	8	luad:4 prad:2 hncs:2	LOW_AF_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
BMP6	Q118	L:7	8.16812497656452e-09	7	kirp:2 hncs:2 prad:1 paad:1 luad:1	HOMOPOLYMER
BMS1	E878	D:12 A:1	1.76975421778267e-14	13	kirp:10 lihc:2 ucec:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
BMS1	M1046	I:7	4.4153909356419e-07	7	paad:4 skcm:1 luad:1 hncs:1	FP_RICH_GENE
BPTF	A2676	A:6	5.19259244108739e-07	6	lihc:2 acc:2 kich:1 coadread:1	MANUAL_REVIEW
C16orf3	I52	V:6 T:4 A:4	9.91491643867963e-19	14	acc:7 kir:4 brca:2 kich:1	MANUAL_REVIEW
C16orf3	G65	S:10	1.0335290988764e-07	10	acc:4 cesc:2 lusc:1 kirp:1 kich:1 coadread:1	MANUAL_REVIEW
C17orf97	P337	P:3 T:2 L:1	0.00963715134568148	6	brca:2 prad:1 kich:1 csc:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC
C2orf81	T315	P:14	9.26671222691634e-28	14	acc:13 kirp:1	MANUAL_REVIEW
CACNA1B	T996	A:6	1.06125745991242e-05	6	coadread:6	CENTER_BIAS
CADM1	T343	T:33	6.40627138958796e-53	33	paad:18 prad:2 lusc:2 lud:2 lgg:2 kirp:2 hncs:2 gbm:2 coadread:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
CARM1	A202	V:13	5.47547362173106e-19	13	paad:5 skcm:2 luad:2 hncs:2 gbm:2	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
CBWD1	Y161	Y:4	0.000191005426084584	4	brca:3 acc:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
CBWD1	G144_splice		1.09440360227949e-08	8	hncs:4 paad:2 luad:2	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY

CBWD3	Y161	Y:5	0.000118041556159375	5	paad:5	MANUAL_REVIEW
CDC66	S606	P:6	5.16902597403749e-08	6	lihc:5 csc:1	MANUAL_REVIEW
CD207	E25_splice		0.000643501207521049	5	lihc:5	MANUAL_REVIEW
CD209	R129	W:10 Q:10 R:1	1.16246181745131e-17	21	paad:8 prad:4 luad:3 blca:3 gg:2 skcm:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
CDC25A	R446	*:4	0.000376180185581917	4	ucec:2 stad:1 coadread:1	HOMOPOLYMER
CDC27	V201	I:6 F:5	1.8948843614927e-11	11	lihc:10 kich:1	FP_RICH_GENE
CDC27	P242	S:7 P:1	1.5688518177157e-06	8	lihc:2 csc:2 skcm:1 kich:1 gbc:1 brca:1	SUBCLONAL_FRAC
CDC27	S252	T:4 F:2	0.00196573342020406	6	skcm:2 lihc:1 kich:1 coadread:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC
CDC27	G265	D:7	4.92156408609922e-05	7	lihc:3 kich:1 gbc:1 csc:1 acc:1	ALIGNABILITY
CDC27	A274	D:6	0.000881933145870572	6	csc:2 coadread:2 kich:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
CDC27	I493	V:5	0.00211573665198745	5	ucec:2 kich:1 coadread:1 brca:1	FP_RICH_GENE
CDC7	L28	*:8	1.20647952214534e-11	8	prad:3 skcm:2 luad:1 lihc:1 gg:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
CDHR5	S567	G:6	3.37901272466812e-08	6	lihc:5 gg:1	MANUAL_REVIEW
CDK11B	D643	E:7	2.51028195608217e-11	7	mbl:1 lusc:1 lihc:1 kirc:1 esca:1 oll:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
CDK5RAP3	E251	E:13	8.15667248622865e-21	13	acc:4 lihc:3 prad:2 ucec:1 stad:1 kich:1 brca:1	SUBCLONAL_FRAC
CEACAM6	T100	I:5	0.00248376270024238	5	lihc:3 kich:2	ALIGNABILITY
CEP170B	S1513	S:10	7.6792464557519e-17	10	prad:2 luad:2 hncs:2 mrt:1 gg:1 kirc:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
CG7	T18	A:5	4.30295252489488e-06	5	paad:2 blca:2 skcm:1	MANUAL_REVIEW
CH17-132F21.1	P115	T:1 P:1 L:1 H:1	0.00907380059588514	4	luad:2 skcm:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
CHEK2	S415	S:10 P:1	1.56771951445335e-204	101	luad:28 paad:21 hncs:12 gg:10 coadread:8 prad:7 lihc:4 gbc:3 blca:3	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
CHEK2	K416	E:110	1.81764718443644e-277	110	luad:32 paad:20 hncs:14 gg:11 prad:6 coadread:6 skcm:4 lihc:4 kirc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
CHERP	Q336	Q:7	2.46967811236186e-08	7	kirc:2 prad:1 lusc:1 luad:1 gg:1 hncs:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
CHIT1	A359	G:10	8.14456039568572e-11	10	lihc:5 coadread:3 blca:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
CHRD	V666	G:6	3.16321693743309e-06	6	paad:4 lihc:1 gbc:1	MANUAL_REVIEW
CLDN7	S172	A:7	4.81444898083864e-10	7	luad:2 kirc:2 skcm:1 prad:1 hncs:1	MANUAL_REVIEW
CLIP1	E1012	K:17	5.05606771244158e-19	17	skcm:9 blca:4 luad:3 kirc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
CNTNAP3B	V456	V:7	1.17071227533758e-09	7	paad:2 prad:1 luad:1 lihc:1 gg:1 kich:1	ALIGNABILITY
CNTNAP3B	M1247	I:14	4.26175091558198e-22	14	luad:5 hncs:4 prad:2 skcm:1 gg:1 gbc:1	FP_RICH_GENE
COO9	P112	S:7 L:1	3.86419729823514e-08	8	skcm:2 prad:1 paad:1 lusc:1 luad:1 hncs:1 csc:1	SUBCLONAL_FRAC
COTL1	*143	Y:6	1.05360474267408e-06	6	paad:5 skcm:1	LOCAL_ENTROPY
CR1	R2194	*:16	7.96207052174728e-14	16	paad:6 luad:3 prad:1 mbl:1 lusc:1 lihc:1 gg:1 kich:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
CR1	M2208	T:5 I:1	2.99719432660389e-05	6	kich:2 acc:2 skcm:1 luad:1	MANUAL_REVIEW
CR1	E2220	*:11 D:1	3.6482467633979e-11	12	lihc:5 stad:2 paad:2 luad:1 kich:1 hncs:1	MANUAL_REVIEW
CRIPAK	N9	H:4	0.00834821390213213	4	lihc:1 coadread:1 brca:1 acc:1	FP_RICH_GENE
CRIPAK	C143	R:11 C:1	7.84749381998121e-12	12	acc:9 coadread:2 luad:1	FP_RICH_GENE
CRIPAK	P152	P:22	6.36638127304443e-25	22	acc:20 coadread:2	FP_RICH_GENE
CRIPAK	M153	T:6	6.57017583143448e-05	6	coadread:6	FP_RICH_GENE
CRIPAK	V164	A:6 V:1	1.25721072274344e-05	7	acc:2 stad:1 ov:1 lusc:1 coadread:1 brca:1	FP_RICH_GENE
CRIPAK	P173	R:10 P:1	3.39802080210222e-09	11	acc:5 coadread:4 gg:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC
CRIPAK	C174	R:11	1.62110996792261e-12	11	acc:7 coadread:3 gg:1	SUBCLONAL_FRAC
CRIPAK	I190	L:5	0.000770120387063095	5	acc:5	FP_RICH_GENE
CRIPAK	D225	D:17	3.63736179242521e-23	17	acc:14 coadread:3	FP_RICH_GENE
CS	Q187	R:8	7.67485025768129e-12	8	gbc:4 prad:2 kirc:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
CSGALNACT2	L362	F:14	2.8565748288377e-12	14	kirc:5 acc:5 lihc:2 luad:1 kich:1	LOW_AF_FRAC
CSNK2A1	H236	R:10	1.54783617082183e-13	10	luad:3 skcm:1 prad:1 paad:1 mbl:1 lusc:1 gg:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
CSPG4	R450	W:4	0.00290676659077224	4	paad:1 lihc:1 lam:1 csc:1	ALIGNABILITY
CST1	L117	L:12	4.30849615815151e-13	12	kirc:3 acc:3 prad:1 luad:1 lihc:1 kich:1 hncs:1 coadread:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
CTAGE1	F739	F:7 S:1	0.00166925486982516	8	skcm:6 stad:1 csc:1	LOCAL_ENTROPY
CTBP2	G813	G:8	0.000176768817338725	8	paad:3 lusc:1 prad:1 luad:1 hncs:1 brca:1	LOW_AF_FRAC
CTBP2	Q823	Q:4 L:1	7.65325787728227e-05	5	paad:2 prad:1 hncs:1 brca:1	FP_RICH_GENE
CYP2B6	K262	R:6 K:1	5.17075817287792e-07	7	lihc:6 csc:1	MANUAL_REVIEW
DAXX	E451	E:7	1.46316581495402e-05	7	paad:4 stad:1 prad:1 gg:1	LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
DCP1B	Q252	H:40	2.17470634805893e-85	40	paad:17 luad:8 hncs:5 gg:3 ucec:2 coadread:2 skcm:1 kirc:1 blca:1	HOMOPOLYMER
DDX11	R167	T:22	3.21807427353427e-26	22	skcm:9 paad:3 lusc:2 prad:1 mbl:1 luad:1 kirc:1 kich:1 coadread:1 brca:1	LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
DDX11	R308	R:6 M:1	2.26750423002148e-08	7	lihc:2 luad:1 kirc:1 csc:1 brca:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
DDX39B	V145	G:4	0.00891443792525387	4	npc:1 luad:1 hncs:1 gbc:1	LOCAL_ENTROPY
DENND4B	Q900	Q:15	1.32175531530385e-22	15	paad:7 prad:3 gg:2 luad:1 hncs:1 blca:1	HOMOPOLYMER
DENND4B	Q902	Q:10	9.9604022107974e-13	10	paad:4 skcm:2 prad:1 luad:1 lihc:1 blca:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
DENND4B	Q904	Q:16	2.0833335062361e-24	16	lihc:5 coadread:4 kirc:2 kich:2 stad:1 kirc:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
DENND4B	Q908	E:9	8.50558249502982e-12	9	lihc:5 coadread:2 kirc:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
DHX9	V40	G:13	4.10676898380718e-21	13	lusc:3 luad:3 skcm:1 paad:1 mbl:1 kirc:1 kirc:1 hncs:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC
DKFZP761J1410	A186	S:8	2.47641732445476e-09	8	acc:6 stad:1 lihc:1	MANUAL_REVIEW
DL1C1	S741	T:10	1.00079966543694e-09	10	thca:2 prad:2 blca:2 lusc:1 skcm:1 luad:1 gg:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC HOMOPOLYMER
DOCK3	H1979	P:4 H:1	0.00305718543648408	5	skcm:1 prad:1 paad:1 luad:1 gg:1	LOCAL_ENTROPY
DOK7	P317	P:4	0.00134494548278983	4	acc:3 kirc:1	MANUAL_REVIEW
DPYS	R391	G:4 R:1	0.0044921328037224	5	stad:3 luad:1 esca:1	LOCAL_ENTROPY
DTX1	D122	E:15	2.66006082794545e-23	15	luad:5 hncs:5 skcm:3 prad:1 gbc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
DYNC112	D443	D:7 N:1	1.38117693238285e-10	8	lihc:2 csc:2 acc:2 luad:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
DYRK1B	P601	P:5 L:1	1.27819136676662e-06	6	paad:2 luad:2 csc:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
EBPL	L189	V:16	5.82229565652303e-23	16	acc:4 lihc:3 paad:2 kirc:2 kich:2 kirc:1 gbc:1 csc:1	LOW_AF_FRAC
EDC4	S624	S:4	0.00795466526940708	4	paad:2 kirc:1 brca:1	HOMOPOLYMER
EDC4	H1346	N:4	0.00795466526940708	4	brca:2 kirc:1 acc:1	FP_RICH_GENE
EEF1A1	P359	P:9 S:1	6.91000846501129e-13	10	lihc:3 brca:3 acc:2 skcm:1 csc:1	SUBCLONAL_FRAC
EEF1A1	T432	I:4 S:3 L:3 A:1	7.61038320326541e-14	11	lihc:8 hncs:2 gbc:1	FP_RICH_GENE

GAGE2A	Q59	E:4	0.000275951761957974	4	luad:2 ucs:1 hns:1	ALIGNABILITY
GATSL3	L307_splice		9.77746034351299e-15	9	coadread:7 lh:2	MANUAL_REVIEW
GGT1	T117	S:7 I:1	3.17661197496979e-09	8	skcm:2 paad:2 lgg:2 ucs:1 csc:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
GGTLC1	M31	T:17	4.69040773863925e-27	17	paad:7 luad:3 lgg:3 ucs:1 prad:1 hns:1 esca:1	LOW_AF_FRAC
GOLGA6L10	A469	A:7	0.000551056455088434	7	kir:4 skcm:2 prad:1	ALIGNABILITY
GOLGA6L19	E151	Q:10	2.66261804133171e-10	10	gbm:3 kir:2 skcm:1 paad:1 mb:1 lgg:1 hns:1	FP_RICH_GENE
GOLGA6L19	V159	V:15	5.78400500403376e-30	15	kir:4 gbm:4 prad:2 lgg:2 hns:2 lbc:1	ALIGNABILITY
GOLT1A	R62	R:5 W:2	0.000145213154008471	7	paad:5 luad:1 gbm:1	MANUAL_REVIEW
GON4L	E1528	E:8	2.64335750024195e-07	8	acc:3 lh:2 kir:2 kic:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
GOT2	R355	W:10 G:1	1.18568199740076e-07	11	paad:4 prad:2 luad:2 uce:1 lgg:1 hns:1	LOW_AF_FRAC
GPATCH4	F362	V:10	1.36742843101846e-15	10	lh:10	LOW_AF_FRAC
GPRIN1	E233	V:11	2.1475692112216e-19	11	coadread:8 kir:2 blca:1	FP_RICH_GENE
GPRIN1	G236	V:8	6.01356021952172e-08	8	coadread:6 kir:2	CENTER_BIAS
GPSM2	S524	T:4 F:1	0.000409899027000259	5	lh:4 csc:1	HOMOPOLYMER
GPX1	I42	I:7	0.00612132027357632	7	paad:3 luad:2 acc:2	FP_RICH_GENE
GPX1	P77	R:33	4.25521325912642e-50	33	paad:14 skcm:6 lh:5 hns:2 acc:2 prad:1 luad:1 lgg:1 kic:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
GSN	R48_splice		2.74180282743168e-14	9	paad:5 skcm:2 stad:1 gbm:1	MANUAL_REVIEW
GTF2IRD2	K491	K:6	3.301622118585559e-07	6	stad:2 thca:1 lgg:1 kir:1 dlbc:1	ALIGNABILITY
GTF3C3	E103	E:37 D:1	1.19651924034416e-69	38	paad:20 lh:6 hns:5 luad:4 uce:2 lgg:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
HDLBP	G748	D:7	3.27079605730584e-06	7	paad:3 luad:2 lh:1 esca:1	LOW_AF_FRAC
HEG1	S671	S:5	0.000500737714098013	5	lh:2 coadread:1 csc:1 brca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
HGFAC	L23	L:6	0.00497599119764775	6	thca:2 prad:2 stad:1 luad:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
HLA-A	V49	V:30	2.66577548724559e-42	30	hns:9 paad:7 luad:5 lh:3 skcm:1 prad:1 lgg:1 kir:1 kic:1 coadrea	SUBCLONAL_FRAC
HLA-A	D54	D:9	4.79682190905088e-09	9	brca:3 kir:2 paad:1 kic:1 coadread:1 acc:1	FP_RICH_GENE
HLA-A	Q78	R:38 *:2	9.73225512555188e-77	40	hns:10 paad:7 luad:5 prad:4 lgg:4 skcm:3 blca:3 acc:2 uce:1 coadr	FP_RICH_GENE
HLA-DQB2	A167	T:5 A:1	0.000284307716523346	6	kic:2 skcm:1 prad:1 paad:1 kir:1	SUBCLONAL_FRAC
HMBG1	E210	D:6	7.23409810504073e-07	6	paad:3 luad:1 kir:1 brca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
HMBG3	E192	E:43	1.14167698921037e-75	43	paad:22 prad:5 luad:5 hns:3 lgg:2 coadread:2 ucs:1 skcm:1 lh:1 g	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
HNRNPLC1	Q262	R:7	4.68096154299682e-11	7	lh:7	ALIGNABILITY
HNRNPL	P367	P:7	9.89572249477293e-09	7	skcm:2 gbm:2 mb:1 luad:1 hns:1	LOCAL_ENTROPY
HNRNPM	R112_splice		5.21297796856317e-14	10	kir:10	LOW_AF_FRAC
HOMEZ	E531	E:6	0.00039130124471286	6	lh:5 kic:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
HOMEZ	E536	E:5	0.00661260688189214	5	coadread:4 csc:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
HOMEZ	D538	E:10	1.48861119548929e-14	10	coadread:9 kic:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
HPS4	A632	D:6	0.000117912657875887	6	lh:3 brca:2 kir:1	MANUAL_REVIEW
HRC	E193	E:14	1.08742750476841e-19	14	lh:8 coadread:3 acc:2 kic:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY
HRC	E202	E:13	5.18788423757866e-18	13	lh:6 coadread:6 acc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
HRC	E203	E:6	0.00135452677159996	6	lh:4 coadread:2	LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
HRC	D248	D:9	1.02757598330532e-11	9	acc:4 coadread:3 lh:2	SUBCLONAL_FRAC
HRCT1	H92	P:14	3.59608899663597e-25	14	paad:3 hns:3 prad:2 luad:2 blca:2 skcm:1 kir:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
HS6S11	D87	E:7	0.00579192140128345	7	brca:6 ces:1	MANUAL_REVIEW
HS6S11	L184	P:5	1.54688776506051e-05	5	lgg:3 paad:1 luad:1	MANUAL_REVIEW
HS6S11	R185	*:9 Q:1	1.27486678273365e-05	10	paad:5 skcm:1 prad:1 luad:1 hns:1 coadread:1	MANUAL_REVIEW
HSD17B7	S173	N:12	2.42234853054625e-17	12	paad:10 luad:1 esca:1	ALIGNABILITY
HTRA3	Q403	R:6	4.79251151552193e-08	6	skcm:2 gbm:2 hns:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC
HYDIN	I1077	V:11	2.77554785109129e-15	11	paad:3 luad:3 prad:1 uce:1 lh:1 hns:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
IBA57	S130	R:10	5.03765883084274e-13	10	acc:5 skcm:1 prad:1 mb:1 kir:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
IDUA	T374	P:14	1.47172606275733e-28	14	acc:12 kir:1 hns:1	MANUAL_REVIEW
IFITM3	P55	P:31	2.13300488492628e-33	31	coadread:14 lh:11 paad:2 uce:1 prad:1 luad:1 acc:1	LOW_AF_FRAC
IFITM3	P70	T:24	4.8122003777941e-32	24	lh:7 paad:4 coadread:4 skcm:3 gbm:2 prad:1 luad:1 lgg:1 kic:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
IL17RC	G405	G:4	0.00106932220315046	4	prad:1 luad:1 lh:1 kir:1	MANUAL_REVIEW
IRF2BPL	Q114	Q:6	7.99750147409122e-08	6	kir:3 coadread:2 kic:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
IRS1	P1203	P:4	0.00571664771457703	4	prad:1 paad:1 luad:1 gbm:1	LOCAL_ENTROPY
IRS1	P1205	P:3 A:2	0.00273647596383517	5	stad:1 luad:1 kic:1 coadread:1 acc:1	LOCAL_ENTROPY
ITGA11	C668	F:4 C:1	0.00199366797445897	5	uce:1 prad:1 luad:1 lgg:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC
JMY	P822	T:7	7.27062927348962e-08	7	kir:3 skcm:2 paad:2	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
KANK1	E1035	E:14	1.82253175732435e-18	14	paad:3 lh:3 prad:2 luad:2 uce:1 lgg:1 kir:1 hns:1	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
KAT6A	P1693	P:35	4.23837374520791e-75	35	paad:18 lgg:8 luad:4 skcm:2 stad:1 brca:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY
KBTBD6	T403	K:15 T:1	7.84390591932067e-25	16	paad:8 prad:3 luad:3 uce:1 blca:1	LOW_AF_FRAC
KCNN3	L66	H:17 L:15	4.33694167598225e-62	32	brca:17 coadread:14 uce:1	HOMOPOLYMER
KIAA0040	K73	E:5	3.10542034139202e-06	5	coadread:5	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
KIAA0040	D76	N:5 E:3	3.10542034139202e-06	8	lh:5 coadread:3	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
KIAA0754	T964	P:4	0.00285473662398387	4	luad:2 prad:1 blca:1	ALIGNABILITY
KIAA0754	T969	A:6	7.19355256681467e-07	6	prad:2 paad:2 luad:1 lh:1	ALIGNABILITY
KIAA0907	Q444	P:7	2.39517033841913e-09	7	paad:3 lgg:1 kir:1 hns:1 gbm:1	LOCAL_ENTROPY
KIAA0907	Q446	P:24	4.0248996053485e-49	24	paad:9 skcm:5 luad:5 blca:2 prad:1 lgg:1 hns:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY
KIAA2018	Q1470	Q:10	1.25678284071287e-11	10	coadread:7 lh:1 csc:1 acc:1	LOW_AF_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
KIF1A	E917	D:14	5.57489062158891e-17	14	coadread:5 acc:5 kir:3 csc:1	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
KIF21A	E615	E:5 D:1	0.00348783200432334	6	paad:4 uce:1 kic:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
KIF25	W3	R:9 C:1 *:1	5.37256075037827e-13	11	luad:4 prad:3 ov:1 lgg:1 csc:1 coadread:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
KIR2DL4	L306	L:4	0.00225404500890114	4	brca:4	MANUAL_REVIEW
KMT2C	T316	S:4 T:3 I:1	7.10131458426957e-06	8	skcm:4 paad:1 luad:1 lh:1 hns:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
KMT2C	V346	V:5	0.00494703907890027	5	lh:3 gbc:1 acc:1	FP_RICH_GENE
KMT2C	H367	Y:3 H:2 D:2	0.00350512435695452	7	skcm:2 brca:2 stad:1 luad:1 lh:1	LOW_AF_FRAC

KMT2C	C1103	*:5	0.00494703907890027	5	paad:2 lhc:2 kirp:1	ALIGNABILITY
KNDC1	V806	D:9	2.231074760491e-12	9	acc:9	MANUAL_REVIEW
KRT1	S557	G:6	7.63002582603397e-06	6	coadread:4 csc:1 cesc:1	MANUAL_REVIEW
KRT14	G97	G:4	0.0097459066327769	4	lud:2 skcm:1 prad:1	MANUAL_REVIEW
KRT6B	L291	L:4 V:1 I:1	0.00295795263642027	6	lud:3 prad:1 kich:1 coadread:1	ALIGNABILITY
KRT8	R51	C:9	1.29144435315386e-06	9	lhc:5 prad:3 lud:1	ALIGNABILITY
KRT8	S59	A:31	2.64704318997344e-75	31	lhc:15 acc:8 kirp:5 skcm:1 prad:1 brca:1	FP_RICH_GENE
KRTAP1-1	Y86	C:8	1.24831838365853e-11	8	paad:5 kirp:2 blca:1	MANUAL_REVIEW
KRTAP1-5	I88	T:22	2.22402480447081e-47	22	hncs:11 prad:6 skcm:3 mbl:1 kirc:1	LOW_AF_FRAC
KRTAP4-6	R47	R:4 K:2	0.00653383396287568	6	lud:3 skcm:2 kirp:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
KRTAP4-6	T103	T:6	0.000232934159088728	6	coadread:3 skcm:2 prad:1	SUBCLONAL_FRAC
KRTAP4-6	R106	R:7 C:1	8.18766790461789e-06	8	coadread:4 acc:2 lhc:1 esca:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
KRTAP4-6	S110	C:7	1.59229484079978e-06	7	coadread:3 acc:2 lhc:1 acyc:1	SUBCLONAL_FRAC
KRTAP4-6	S127	P:5	0.00151295711208573	5	coadread:2 skcm:1 lud:1 lgg:1	FP_RICH_GENE
KRTAP4-6	S153	Y:15	1.11404126547909e-08	15	paad:6 prad:3 lud:3 ucs:1 skcm:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC
KRTAP4-6	I191	I:28	1.54724382855415e-43	28	paad:7 hncs:7 lud:6 skcm:5 ucs:1 prad:1 cesc:1	FP_RICH_GENE
KRTAP4-6	C194	C:5 W:1	0.00275683869346171	6	skcm:4 paad:2	FP_RICH_GENE
KRTAP4-6	R196	R:7	4.3773225057267e-06	7	skcm:4 paad:2 prad:1	ALIGNABILITY
KRTAP5-10	G95	G:5	0.00833938756559616	5	paad:3 ucs:1 hncs:1	FP_RICH_GENE
KRTAP5-10	G105	G:8 D:1	6.04260974587503e-09	9	blca:5 brca:2 lud:1 gbc:1	LOCAL_ENTROPY
KRTAP5-4	V92	G:4	0.00047422732231037	4	paad:3 kich:1	MANUAL_REVIEW
KRTAP5-8	C153	S:7	2.66558171364567e-09	7	paad:3 ucec:1 lud:1 lgg:1 kirc:1	LOW_AF_FRAC HOMOPOLYMER
KRTAP9-1	P151	P:4	0.00615329197347948	4	lhc:2 kirp:1 acc:1	FP_RICH_GENE
KRTAP9-1	C153	S:12	5.06984580042805e-22	12	coadread:11 acc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS
LAMA5	L2223	R:7	2.07279723911222e-09	7	kirp:3 acc:2 lhc:1 kirc:1	MANUAL_REVIEW
LCN1	L10	L:7	1.1770058029015e-09	7	paad:3 lud:2 lgg:1 coadread:1	ALIGNABILITY
LGALS9B	A36	T:6 V:1	2.37426364032799e-07	7	lhc:4 skcm:1 paad:1 kich:1	ALIGNABILITY
LILRB5	P550	S:7 P:1 L:1	6.39585323633088e-06	9	coadread:7 skcm:1 pannet:1	LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS
LPHN1	G1327	G:10 C:1	3.5069019679204e-17	11	paad:4 hncs:2 skcm:1 lud:1 kirp:1 brca:1 acc:1	LOCAL_ENTROPY
LRP3	P111	P:7	9.66380932835389e-10	7	brca:5 usc:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
LRRC37A3	S369	T:4	0.00330086079248381	4	gbm:4	ALIGNABILITY
LRRC43	K526	R:4 E:2	2.1439677761335e-06	6	coadread:4 kirc:2	LOCAL_ENTROPY
LSM14A	A267	A:9 V:1	1.56797210751577e-14	10	acc:4 kirp:2 prad:1 lhc:1 kich:1 coadread:1	MANUAL_REVIEW
LTBP4	A868	A:9 S:1	2.12573868811163e-08	10	acc:5 stad:1 prad:1 paad:1 lhc:1 kirp:1	MANUAL_REVIEW
MADCAM1	Q254	P:4	0.000492397265795728	4	kirc:3 acc:1	MANUAL_REVIEW
MAGI1	Q410	Q:6*1	4.08633638601348e-06	7	lhc:3 kich:2 stad:1 coadread:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAGI1	Q412	Q:5	0.00418705837316422	5	paad:3 prad:1 kirc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAML2	Q596	Q:28	2.2339509998849e-48	28	coadread:12 lhc:5 brca:4 kirp:3 paad:2 kich:1 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAML2	Q604	Q:19	3.4438201222283e-29	19	coadread:10 lhc:6 kirc:1 kich:1 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAML2	Q607	Q:6	1.59381605914845e-05	6	lhc:5 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAML2	Q611	Q:6	5.06155844021584e-05	6	kich:2 lhc:1 kirp:1 coadread:1 brca:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAML2	Q647	Q:5	0.00149343743855987	5	lhc:2 kirp:2 coadread:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAML3	Q491	Q:5	0.000637877073386873	5	stad:2 coadread:2 prad:1	HOMOPOLYMER
MAML3	Q492	Q:5	0.000637877073386873	5	lhc:2 coadread:2 paad:1	HOMOPOLYMER
MAML3	Q494	Q:17	1.13044059540817e-26	17	paad:10 lhc:2 kirp:2 skcm:1 lud:1 coadread:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAML3	Q497	Q:34	2.77873833861213e-65	34	paad:18 hncs:5 prad:3 lud:3 lgg:2 ucs:1 skcm:1 coadread:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAMLD1	Q572	L:7	1.61776553972515e-09	7	ucs:2 stad:2 skcm:1 paad:1 hncs:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MAP4	A391	A:4	0.000712584128037591	4	lgg:2 paad:3 lud:1	MANUAL_REVIEW
MAPKAPK2	T25	P:4	0.00162801281956399	4	lhc:3 prad:1	LOCAL_ENTROPY
MB21D2	Q311	E:17*5	1.95944926054102e-24	22	lud:7 hncs:5 cesc:3 usc:2 brca:2 blca:2 csc:1	MANUAL_REVIEW
MEOX2	H76	H:8	4.04737020135188e-06	8	lhc:4 kirp:2 coadread:2	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MESP2	Q186	Q:10 E:1	2.51873441781962e-15	11	coadread:8 acc:2 csc:1	LOCAL_ENTROPY
MGA	R2435	Q:5 W:3	0.0034433287290084	8	coadread:3 ov:2 ucec:1 mbl:1 hncs:1	HOMOPOLYMER
MGAM	P1327	P:7 H:1	2.03866285348107e-05	8	prad:2 gbm:2 skcm:1 lud:1 lgg:1 coadread:1	MANUAL_REVIEW
MLLT3	S155	S:39	6.00189141737277e-59	39	paad:25 lud:5 skcm:3 prad:1 usc:1 lhc:1 kich:1 coadread:1 brca:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MLLT3	S157	S:26	2.00953396807977e-34	26	paad:12 lhc:5 hncs:4 prad:2 kirp:2 lud:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MLLT3	S166	S:39	6.00189141737277e-59	39	paad:25 prad:5 lhc:2 ucs:1 usc:1 lgg:1 kich:1 hncs:1 cesc:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MLLT3	S167	S:88	1.52351180474301e-167	88	hncs:21 paad:15 lud:14 prad:10 skcm:8 lgg:6 blca:4 usc:2 lhc:2 kirp:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MLLT3	S168	S:85	3.09023212804239e-158	85	paad:37 hncs:14 lud:8 lgg:6 prad:5 ucs:3 skcm:3 usc:2 lhc:2 blca:2	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MLLT3	S177	S:6	0.00298221562928521	6	paad:3 stad:1 lhc:1 hncs:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MLLT3	S188	S:19	2.45993549135322e-22	19	paad:6 prad:4 lud:3 hncs:2 lhc:1 lgg:1 kirp:1 coadread:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MN1	Q532	Q:4	0.00825465425064789	4	lhc:2 prad:1 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MN1	Q533	Q:8	2.31918750166686e-10	8	lhc:3 acc:2 paad:1 kich:1 coadread:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MN1	Q534	Q:4 H:1	0.000314518564583385	5	prad:1 lud:1 lhc:1 hncs:1 coadread:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MN1	Q544	Q:4	0.00418974937228315	4	kich:2 brca:1 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MSN	E334	E:6 G:1	0.00217360268074745	7	lud:6 usc:1 lhc:1 coadread:1	LOCAL_ENTROPY
MSN	E349	G:4	0.0027214570720514	4	lud:3 lhc:1	FP_RICH_GENE
MST1	P349	L:13	1.97813131373353e-14	13	paad:8 acc:2 prad:1 lgg:1 gbc:1	FP_RICH_GENE
MST1	A367	G:5 T:1	6.56943205573518e-05	6	paad:3 lgg:1 coadread:1 cesc:1	FP_RICH_GENE
MST1	R374	C:7 R:1 H:1	6.56943205573518e-05	9	paad:2 mbl:1 usc:1 kirp:1 gbm:1 coadread:1 cesc:1 blca:1	ALIGNABILITY
MST1	D472	A:3 N:2	0.00561502493798523	5	lhc:5	FP_RICH_GENE
MTSSL1L	G541	G:7	1.60093165024751e-08	7	acc:4 lud:1 hncs:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
MUC1	T112	P:8	2.17501750380343e-11	8	paad:3 lgg:2 stad:1 prad:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
MUC16	P328	P:14	4.38471600478378e-19	14	paad:7 hca:5 hncs:1 blca:1	FP_MUTSIG

MUC21	S133	G:5 R:1	2.08964115029675e-06	6	skcm:1 prad:1 paad:1 luad:1 hncs:1 brca:1	FP_RICH_GENE
MUC21	S358	N:9 G:1	1.92992418353801e-11	10	paad:7 prad:1 lusc:1 luad:1	LOW_AF_FRAC
MUC3A	R218	I:5 S:4	1.72140315295091e-07	9	skcm:9	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
MUC3A	G219	*:4 E:3	0.000605162423636843	7	skcm:7	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
MUC4	M111	K:6 Q:2	1.20641630934644e-08	8	lhc:4 coadread:4	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC FP_MUTSIG
MUC4	T113	T:15	6.31277453173066e-23	15	coadread:15	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS FP_MUTSIG
MUC4	A114	V:8	1.07469383557596e-06	8	lhc:6 coadread:2	SUBCLONAL_FRAC FP_MUTSIG
MUC4	V1001	E:13 A:1	2.33638136753705e-18	14	hncs:5 lgg:2 ucec:1 prad:1 paad:1 luad:1 kirc:1 gbm:1 cesc:1	FP_RICH_GENE FP_MUTSIG
MUC4	T2180	T:9	0.00193571286731319	9	lhc:4 acc:3 ucs:1 kich:1	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	T2340	T:6	1.97700290471666e-05	6	lhc:6	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	T2347	S:6	3.45360216673917e-05	6	lhc:5 kich:1	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	S2832	S:4 P:2	4.23821430402436e-05	6	lhc:3 kich:2 brca:1	FP_RICH_GENE FP_MUTSIG
MUC4	S3370	T:6	2.8380983732054e-06	6	luad:2 paad:1 lgg:1 kirc:1 kirc:1	FP_RICH_GENE FP_MUTSIG
MUC4	S3512	S:5	0.00048732949950598	5	kirc:2 paad:1 lhc:1 brca:1	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	T4203	T:4 S:1 R:1	2.33424037654262e-05	6	kich:2 hncs:2 skcm:1 paad:1	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	H4205	Q:54 D:3	1.63294436532244e-70	57	hncs:10 paad:8 lgg:7 prad:6 luad:5 kirc:5 gbm:5 ucs:4 skcm:3 blca:3	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	A4206	T:6 A:3	0.000636401301641845	9	lhc:5 skcm:1 prad:1 kich:1 hncs:1	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	D4213	D:9 N:6 S:1	7.73034293925199e-12	16	paad:3 lgg:3 hncs:3 luad:2 kirc:2 prad:1 gbm:1 blca:1	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC4	V4227	L:5	0.00297115042349339	5	paad:1 lhc:1 lgg:1 kich:1 blca:1	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC5B	V678	V:7	1.91626415382407e-07	7	coadread:4 lhc:1 kich:1 brca:1	FP_RICH_GENE FP_MUTSIG
MUC5B	D682	G:4	0.00937110190804586	4	npc:1 lhc:1 kich:1 coadread:1	FP_RICH_GENE FP_MUTSIG
MUC5B	P2659	A:10 S:1	2.42775195813331e-11	11	paad:6 hncs:2 prad:1 luad:1 lhc:1	LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC5B	P3410	P:4	0.00550184768263125	4	paad:3 hncs:1	LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC5B	A3607	A:4	0.00550184768263125	4	brca:4	ALIGNABILITY FP_MUTSIG
MUC6	T1911	T:23 I:2	3.38398303790645e-30	25	coadread:22 ov:1 kirc:1 kich:1	LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS
MUC6	F1989	S:10 I:2 Y:1	7.65769009637881e-24	13	lhc:7 acc:4 lusc:1 kich:1	LOW_AF_FRAC
MUC6	H2000	Q:7	2.62570713058463e-07	7	lhc:5 kirc:1 brca:1	FP_RICH_GENE
MUC7	S173	P:4	0.00398077936293432	4	skcm:2 hncs:2	SUBCLONAL_FRAC
MUC7	S242	P:5	0.000151930088185823	5	skcm:5	SUBCLONAL_FRAC
MYH9	E925	V:4	0.00899996514938172	4	ucs:1 stad:1 luad:1 coadread:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
MYO3A	N525	S:3 K:2 H:2 N:1	3.36885376298952e-07	8	ov:3 kirc:2 coadread:2 skcm:1	LOCAL_ENTROPY
MYO5B	G1672	G:5	0.00911752178027261	5	mbl:2 blca:2 lhc:1	FP_RICH_GENE
MYO5B	V1703	A:15	1.79206525519556e-23	15	paad:5 skcm:3 hncs:2 ucs:1 lusc:1 lhc:1 kirc:1 cesc:1	SUBCLONAL_FRAC
MYOM1	T203	T:5	0.000119374077964594	5	hncs:3 skcm:1 paad:1	FP_RICH_GENE
MYOM1	R212	K:16 R:1	4.91776651522475e-22	17	coadread:10 hncs:3 prad:1 lhc:1 kirc:1 gbm:1	LOW_AF_FRAC
MYT1	E267	E:10	1.1712411638686e-08	10	paad:4 lgg:2 ucs:1 skcm:1 luad:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
MYT1	E268	E:19	1.45301751821478e-29	19	paad:9 skcm:2 luad:2 lgg:2 prad:1 lhc:1 kirc:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
NAB2	F208	L:15	1.07580301351711e-24	15	luad:3 lgg:3 skcm:2 hncs:2 gbm:2 prad:1 kirc:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY
NAB2	P211	P:11	3.38465316825297e-18	11	skcm:4 luad:2 prad:1 lgg:1 kirc:1 hncs:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY
NAF1	P470	P:11	1.70493884314511e-16	11	paad:8 prad:2 kirc:1	LOCAL_ENTROPY
NAP1L1	K157	R:5	6.83800191447878e-05	5	lhc:4 ucec:1	MANUAL_REVIEW
NBPF1	S1005	F:6 S:3	5.22574613802787e-06	9	skcm:8 luad:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
NBPF1	SS16918653	SS:134	0	134	luad:37 hncs:24 paad:17 skcm:12 lgg:10 lhc:9 kirc:9 prad:8 ucs:4 gt	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
NBPF10	V99	F:25	4.25957049521482e-50	25	paad:6 ucs:4 skcm:4 luad:2 lhc:2 lgg:2 hncs:2 prad:1 kich:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
NBPF10	Y124	N:7	5.14010328995979e-09	7	kich:2 prad:1 paad:1 lhc:1 kirc:1 acc:1	ALIGNABILITY
NBPF10	L384	L:47	3.96305303989266e-111	47	hncs:14 prad:9 lgg:9 skcm:7 luad:5 blca:2 mrt:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
NBPF10	I1165	F:13	5.37524472919554e-23	13	lhc:6 brca:3 kirc:1 kich:1 cesc:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
NBPF10	D1168	E:4 G:3	7.11297285347282e-05	7	lhc:2 kirc:2 kich:1 coadread:1 brca:1	ALIGNABILITY
NBPF10	V1189	A:5	3.73115513714174e-05	5	gbm:4 nbl:1	ALIGNABILITY
NBPF10	N1369	D:10	2.02905640231362e-18	10	luad:4 prad:3 paad:2 lgg:1	ALIGNABILITY
NBPF10	C3017	S:6	1.48888491466074e-07	6	paad:4 skcm:1 lgg:1	ALIGNABILITY
NBPF10	G3070	E:5	0.00183035936165841	5	skcm:4 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
NBPF10	K3445	K:97 R:1	4.35903181820414e-276	98	luad:27 hncs:23 prad:11 paad:11 skcm:8 lgg:8 gbm:4 kirc:3 ucs:2 blc	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
NBPF10	E3455	K:56	6.79426676625387e-105	56	luad:13 hncs:8 skcm:7 prad:7 gbm:6 paad:5 lgg:5 ucs:2 blca:2 mrt:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
NBPF15	L604	L:4 *:1	3.26571653837416e-05	5	luad:2 prad:1 paad:1 coadread:1	ALIGNABILITY
NBPF3	E413	G:10	1.76650706591609e-15	10	paad:3 luad:3 lhc:3 prad:1	ALIGNABILITY
NCOA3	Q1252	Q:8	2.58637729234198e-08	8	prad:3 luad:2 skcm:1 paad:1 blca:1	LOW_AF_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
NCOA3	Q1255	Q:9	6.6374385751499e-10	9	coadread:6 hncs:2 kich:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
NCOA3	Q1262	Q:35	3.49546147706215e-65	35	paad:19 luad:5 hncs:4 lhc:2 coadread:2 prad:1 lgg:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
NCOA6	Q264	Q:5	0.00357746407458401	5	paad:4 ucec:1	HOMOPOLYMER
NCOA6	Q265	Q:6	3.23277279328044e-05	6	paad:2 mbl:1 lhc:1 kirc:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
NCOA6	Q269	Q:138	0	138	paad:50 hncs:18 lgg:13 prad:11 luad:11 lhc:6 ucs:5 skcm:4 kirc:4 luc	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
NCOR2	Q499	Q:22	6.16712117002267e-40	22	coadread:6 hncs:4 paad:3 hncs:2 ucs:1 ucec:1 stad:1 skcm:1 luad:1 k	HOMOPOLYMER
NEFH	E645	E:31 K:30	6.8685561842596e-121	61	coadread:49 kirc:7 lhc:2 acc:2 blca:1	FP_RICH_GENE
NEFH	A646	A:32	4.7162569812942e-75	32	coadread:31 acc:1	CENTER_BIAS
NEFH	P655	P:41	1.10985420942009e-96	41	coadread:15 lhc:12 acc:12 paad:1 kich:1	LOCAL_ENTROPY
NFE2L3	C595	Y:10	1.68036991856525e-13	10	paad:8 prad:1 gbm:1	MANUAL_REVIEW
NGEF	E221	E:7	1.5051597659942e-05	7	luad:2 ucec:1 prad:1 paad:1 mbl:1 coadread:1	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
NLRP6	E611	G:10	3.92614336710157e-18	10	thca:3 paad:2 luad:2 stad:1 prad:1 hncs:1	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
NOTCH2	A3	V:7	8.30858115354486e-06	7	paad:2 luad:2 prad:1 lgg:1 esca:1	MANUAL_REVIEW
NPEPPS	F433	C:5	2.56734269251348e-05	5	kirc:2 lhc:1 hncs:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
NPIPA1	S267	P:3	0.00956937417590431	3	prad:1 paad:1 luad:1	ALIGNABILITY
NPIPA5	L290	F:21	4.10827779398217e-40	21	prad:5 hncs:5 lgg:3 gbm:3 luad:2 ucs:1 skcm:1 paad:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
NPIPA5	L298	P:4	0.000139383515713733	4	hncs:2 paad:1 luad:1	ALIGNABILITY

NPIPB11	H27	H:10	5.34394346918324e-08	10	paad:7 uad:1 gbm:1 esca:1	ALIGNABILITY
NPIPB5	A521	P:7 A:1	4.96432392301749e-11	8	paad:3 skcm:1 prad:1 uad:1 lihc:1 acc:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
NPIPB6	T285	P:4	0.00191649482731539	4	uad:2 skcm:1 hnscc:1	ALIGNABILITY
NR1D1	S23	P:6	1.41716195503852e-08	6	gbm:2 prad:1 lihc:1 kirp:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
NR1H2	Q173	Q:13	3.50679509919512e-19	13	lihc:8 acc:4 kich:1	MANUAL_REVIEW
NR3C2	P697	P:14	4.73228189236533e-21	14	paad:8 gg:3 uad:2 stad:1	LOCAL_ENTROPY
NRD1	E150	V:15	1.79526119481745e-27	15	lihc:8 coadread:5 kich:1 csc:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY
NRD1	E154	D:5	0.000253974477462598	5	coadread:3 csc:2	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
NUDT10	E69	E:28	2.41430366461159e-47	28	uad:7 acc:4 lihc:3 gg:3 kich:3 ucs:2 prad:2 paad:2 skcm:1 hnscc:1	MANUAL_REVIEW
NUFIP2	H45	N:6	3.9612449357648e-05	6	prad:2 paad:2 uad:2	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY
NUMBL	S113	F:4 S:2	0.00681537857660096	6	skcm:2 hnscc:2 paad:1 coadread:1	FP_RICH_GENE
NUMBL	Q433	Q:10	7.91596802305223e-14	10	coadread:4 acc:3 kich:2 gbc:1	ALIGNABILITY
NUMBL	Q435	Q:11	1.49523720448055e-15	11	coadread:6 gbc:2 acc:2 kich:1	ALIGNABILITY
NUMBL	Q439	Q:7	1.8449851827475e-07	7	coadread:4 acc:2 lihc:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
NUTM2F	K355	N:6	6.0709421278057e-05	6	coadread:6	ALIGNABILITY
OGFR	E556	K:12	5.24401571066034e-08	12	acc:8 coadread:2 brca:2	ALIGNABILITY
OGFR	S557	T:11	1.81881398328066e-16	11	acc:10 paad:1	ALIGNABILITY
OTUD4	H897	H:21	4.78173258795323e-42	21	paad:7 thca:5 prad:2 lihc:2 gg:2 skcm:1 gbm:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
OTUD4	T909	I:31	5.7668856512093e-60	31	paad:10 thca:5 prad:3 lihc:3 gg:3 blca:3 uad:2 skcm:1 gbm:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
OTX1	H296	H:5	5.94617777174632e-05	5	paad:2 skcm:1 hnscc:1 coadread:1	HOMOPOLYMER
PABPC1	T319	I:11	6.64141708071131e-16	11	lihc:3 acc:3 kich:2 gbc:2 kir:1	MANUAL_REVIEW
PARG	A99	T:63	1.56655730132076e-151	63	hnscc:17 uad:16 paad:11 skcm:4 prad:4 gg:4 gbm:4 kirp:2 lihc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
PARP4	Q1059	R:4 *:1	0.000100637501792239	5	brca:4 prad:1	MANUAL_REVIEW
PARP4	T1170	I:5	0.000213874026139592	5	acc:2 lihc:1 coadread:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
PBX2	G99	G:6	2.13147348349983e-05	6	kirp:2 skcm:1 lihc:1 kir:1 gbm:1	FP_RICH_GENE
PBX2	Y262	F:19	3.01647167137473e-34	19	paad:6 hnscc:4 usc:3 uad:2 kirp:2 ucs:1 kir:1	SUBCLONAL_FRAC
PCBP1	L100	Q:10 P:1	5.66178921341819e-19	11	coadread:10 lihc:1	MANUAL_REVIEW
PCDH17	L1072	V:6 L:5 M:2	1.11517299684575e-13	13	stad:3 esca:3 coadread:3 prad:1 paad:1 usc:1 cl:1	SUBCLONAL_FRAC
PCDH17	L352	I:22	2.44310738859026e-19	22	coadread:22	LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS
PCDH17	T573	T:14 A:1	3.31080461231768e-08	15	acc:14 lihc:1	ALIGNABILITY
PCDH17	A526	A:20 E:2 S:1	1.12192836079241e-12	23	paad:9 acc:6 prad:2 hnscc:2 ucec:1 usm:1 uad:1 kir:1	ALIGNABILITY
PCLO	S496	P:16	1.79155953527989e-22	16	paad:9 prad:3 uad:1 hnscc:1 gbm:1 blca:1	FP_MUTSIG
PCNT	S162	G:8	3.35534987534897e-11	8	uad:3 gg:3 prad:2	LOW_AF_FRAC
PDS5B	R394	*:4 T:1	0.0016700257497399	5	ucec:1 stad:1 paad:1 uad:1 coadread:1	HOMOPOLYMER
PDXDC1	A407	A:13	1.54663400049542e-11	13	coadread:12 kich:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS
PER1	T866	P:6	4.96841989306848e-07	6	mbi:1 uad:1 gg:1 kirp:1 hnscc:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
PGM5	I98	V:25	5.35760991496013e-48	25	stad:19 coadread:2 ucs:1 prad:1 hnscc:1 esca:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
PHLDA1	Q190	H:5	0.000273018613594302	5	brca:4 csc:1	HOMOPOLYMER
PHLDA1	Q194	Q:5	0.000273018613594302	5	coadread:4 kich:1	HOMOPOLYMER
PKD1	L2613	L:7	7.02690104189717e-09	7	uad:2 kirp:2 gg:1 hnscc:1 gbm:1	FP_RICH_GENE
PKD1	L2696	R:6	1.59203737950586e-08	6	acc:3 brca:2 kich:1	ALIGNABILITY
PLXNA1	G36	G:34	5.50096594769764e-69	34	blca:1 hnscc:7 skcm:6 acc:4 uad:2 gg:2 kir:2	MANUAL_REVIEW
PLXNA1	T726	P:5	0.000157158235599651	5	skcm:3 mbi:1 uad:1	MANUAL_REVIEW
PNKP	P16	P:14	1.61558516930103e-26	14	hnscc:3 skcm:2 usc:2 uad:2 blca:2 acc:2 gg:1	SUBCLONAL_FRAC
PNKP	G18	G:7	1.12249270860308e-10	7	acc:5 uad:1 blca:1	FP_RICH_GENE
POLDIP2	K27	R:4	0.000860661032341772	4	csc:3 kir:1	MANUAL_REVIEW
POLR3B	L368	F:23	1.84751862852996e-38	23	skcm:4 paad:4 uad:4 kir:3 hnscc:2 blca:2 usc:1 lihc:1 kirp:1 csc:1	LOCAL_ENTROPY
POLR3B	L369	F:5	0.000234113172090203	5	paad:4 blca:1	LOCAL_ENTROPY
POLR3B	L372	F:22	3.194165250019e-26	22	paad:14 uad:2 gg:2 blca:2 prad:1 hnscc:1	LOCAL_ENTROPY
POTEM	V308	A:14	1.02766934948567e-21	14	paad:3 uad:3 hnscc:3 gbm:2 skcm:1 prad:1 gg:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
POU2F1	T761	A:4	0.00903997743785799	4	skcm:2 paad:2	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
PPIAL4G	H69	R:7	7.16286560360686e-06	7	lihc:7	ALIGNABILITY
PPM1E	E32	E:5	0.00412235081514813	5	lihc:4 coadread:1	MANUAL_REVIEW
PRB1	G104	E:4 K:3 V:1 *:1	0.000175574478564162	9	skcm:4 csc:4 hnscc:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
PRDM2	D284	E:5	0.00024584516667604	5	stad:1 lihc:1 kir:1 coadread:1 acc:1	HOMOPOLYMER
PRG4	T377	T:18	1.28806599288297e-18	18	paad:15 skcm:1 prad:1 hnscc:1	FP_RICH_GENE
PRG4	T401	P:8	2.96419204172653e-08	8	uad:2 gg:2 paad:1 ov:1 kir:1 hnscc:1	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
PRG4	T408	T:12	9.80485900248796e-17	12	paad:6 prad:2 skcm:1 gg:1 kirp:1 kir:1	FP_RICH_GENE
PRG4	T417	P:7	1.01155434323596e-06	7	prad:3 uad:2 skcm:1 blca:1	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
PRG4	T460	A:7 S:1	1.52327038950427e-07	8	paad:6 usc:1 hnscc:1	FP_RICH_GENE
PRG4	T572	A:6 T:1	1.70618129979314e-05	7	paad:2 skcm:1 uad:1 hnscc:1 gbm:1 esca:1	FP_RICH_GENE
PRG4	T579	T:8	1.30743015274389e-08	8	paad:7 gg:1	FP_RICH_GENE
PRG4	K710	K:23	3.44386841050094e-35	23	paad:8 uad:6 prad:5 skcm:1 lihc:1 kirp:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
PRKCSH	E322	E:6	0.00020891146759687	6	lihc:3 kirp:2 brca:1	LOCAL_ENTROPY
PRMT8	S31	P:13	3.6038565884501e-21	13	paad:9 gg:2 stad:1 uad:1	MANUAL_REVIEW
PSPH	V116	I:7	7.08981147982827e-08	7	gbm:3 paad:1 usc:1 lihc:1 kich:1	MANUAL_REVIEW
PWWP2B	T97	P:4	0.00064786701214546	4	paad:3 hnscc:1	LOCAL_ENTROPY
QRICH2	D601	V:9	9.13108457406579e-14	9	lihc:6 acc:2 kirp:1	LOW_AF_FRAC
RAB12	G49	G:7	1.03572438132624e-07	7	prad:2 hnscc:2 paad:1 uad:1 kich:1	MANUAL_REVIEW
RAB5A	N113	K:3 S:1	0.00215899284845089	4	coadread:3 stad:1	LOCAL_ENTROPY
RAD17	N533	K:7	1.57200520226503e-08	7	paad:5 uad:1 hnscc:1	LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
RALY	G231	S:10 G:1	2.34472310386296e-08	11	coadread:8 lihc:2 brca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
RANBP2	P780	P:18	1.31577833199279e-15	18	paad:16 prad:2	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
RANBP2	K812	N:7	3.6014346530493e-08	7	paad:6 skcm:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY

RANBP6	I984	L:9	9.36026318725596e-12	9	lhc:3 lusc:2 lud:1 kich:1 gbm:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
RANBP9	P10	Q:10	1.67445396164838e-08	10	skcm:2 paad:2 stad:1 prad:1 lgg:1 kirp:1 hncs:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
RANGAP1	V268	G:6	6.60590637306139e-07	6	hncs:2 skcm:1 mbl:1 lud:1 kirc:1	FP_RICH_GENE
RANGAP1	E390	E:5 D:1	9.14278399598953e-05	6	paad:3 lhc:2 lud:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
RAPH1	P715	P:4	0.00143206636272066	4	lgg:2 skcm:1 kirp:1	LOCAL_ENTROPY
RBM10	E119	D:10	7.64797901152037e-11	10	paad:4 prad:2 lud:1 lhc:1 esca:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
REPS1	K141	R:5	5.99058590764114e-05	5	paad:2 lhc:1 prad:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC
RERE	P986	P:7	1.12625770759736e-08	7	kirc:2 skcm:1 paad:1 lud:1 lhc:1 kirp:1	MANUAL_REVIEW
RGPD3	N756	D:26	2.81011538679858e-52	26	paad:11 hncs:6 lud:3 lusc:1 skcm:1 lgg:1 kirp:1 kich:1 gbm:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
RGPD3	A772	A:13 V:3	1.39138123616211e-14	16	paad:3 kirp:3 skcm:2 prad:2 gbm:2 lud:1 lhc:1 lgg:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
RGPD3	L812	R:4 L:1	0.000816724564259193	5	ucec:1 paad:1 lhc:1 brca:1 acc:1	ALIGNABILITY
RGPD8	P1760	A:24	1.36743844511457e-34	24	hncs:10 skcm:5 gbm:5 lgg:4	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
RG512	K1176	E:5	1.25146534792438e-05	5	coadread:3 stad:2	LOCAL_ENTROPY
RHPN2	V73	M:5	0.00149552909940854	5	lhc:3 prad:1 acc:1	FP_RICH_GENE
RHPN2	A353	T:4 V:3 M:1	0.00459457188537275	8	coadread:2 blca:2 skcm:1 paad:1 lud:1 cscs:1	FP_RICH_GENE
RHPN2	H357	L:8	1.9830502300392e-09	8	lud:2 lgg:2 paad:1 coadread:1 cl:1 blca:1	LOW_AF_FRAC
RILPL1	S358	R:6	1.00247062419897e-06	6	kich:2 prad:1 lud:1 kirc:1 cesc:1	MANUAL_REVIEW
RIMBP2	F1013	V:5 L:1 I:1	2.65200720720286e-05	7	stad:4 esca:1 coadread:1 brca:1	SUBCLONAL_FRAC
RLIM	T404	T:20	8.73800199316602e-27	20	paad:11 skcm:2 lusc:2 lud:2 lgg:2 blca:1	MANUAL_REVIEW
RLIM	S471	S:4 P:4	1.40241747132541e-10	8	kirp:4 kich:2 ucec:1 paad:1	MANUAL_REVIEW
RNF145	K25	R:9 K:4	1.65165303335998e-15	13	lhc:6 stad:2 coadread:2 ucec:1 kich:1 cscs:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
RNF145	K26	E:6 R:1	1.52364492326293e-09	7	coadread:3 kich:2 lhc:1 gbc:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
RNF5	I136	I:6	1.0871594251235e-05	6	lusc:2 hncs:2 paad:1 lud:1	LOW_AF_FRAC
RP1L1	G1850	D:6	0.000721843457646104	6	paad:3 skcm:1 lud:1 blca:1	LOW_AF_FRAC
Q1861	Q1861	P:6	1.53318187711822e-05	6	kirc:2 coadread:2 lusc:1 brca:1	SUBCLONAL_FRAC
RP1L1	A1863	A:6 D:1	1.1878149446609e-06	7	coadread:3 kirc:2 lusc:1 cesc:1	FP_RICH_GENE
RP9	P72	R:6	5.37690951365673e-05	6	lud:2 prad:1 lusc:1 lgg:1 kirp:1	LOW_AF_FRAC
RPF2	I303	I:9	2.52372525544715e-14	9	lgg:3 paad:2 mbl:1 lud:1 blca:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
RPGR	V1021	E:4	0.00451735870452981	4	coadread:3 lhc:1	LOCAL_ENTROPY
RPSAP58	Q111	E:12	5.86735404812492e-16	12	gbm:7 skcm:3 lud:2	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
RRN3	R9	C:12	8.29879347096711e-10	12	acc:4 kirp:3 lhc:2 skcm:1 mbl:1 lusc:1	ALIGNABILITY
RRN3	P11	S:10	1.06563948590052e-12	10	kirp:3 acc:3 skcm:1 mbl:1 lusc:1 lhc:1	FP_RICH_GENE
RRN3	L303	I:4	0.00786300892159577	4	acc:3 kirp:1	FP_RICH_GENE
RUNX2	Q64	Q:15	7.05989051196896e-19	15	paad:10 prad:2 lgg:2 hncs:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
RUNX2	Q65	Q:22	3.97413969974035e-34	22	paad:10 prad:4 kirp:3 lgg:2 lusc:1 stad:1 hncs:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
RUNX2	Q71	E:14	1.42858259527216e-18	14	paad:6 lhc:2 kirp:2 lusc:1 skcm:1 prad:1 hncs:1	HOMOPOLYMER
RVR3	V1909	G:12	1.13582452502401e-14	12	skcm:5 paad:2 lud:2 kirp:1 kirc:1 blca:1	FP_MUTSIG
SA2	K102	E:7	1.1008538522716e-08	7	lhc:2 prad:1 paad:1 mbl:1 hncs:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
SBN01	A1372	V:11	2.1860824032411e-06	11	paad:7 prad:1 lud:1 kirp:1 gbm:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
SBSN	R259	R:7	6.92497942879385e-10	7	lud:3 paad:2 skcm:1 lgg:1	MANUAL_REVIEW
SCAI	Q155	H:5	0.00127221594189075	5	prad:1 lusc:1 lud:1 kirp:1 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC
SCRN3	N417	K:6 S:1	2.33425148211234e-08	7	lhc:5 lusc:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
SEC63	L532	*:7	3.64387448091374e-09	7	paad:5 lhc:2	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
SEH1L	H56	H:6	5.74048126232014e-07	6	brca:2 kich:1 gbc:1 cscs:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
SEPT7	Y320	Y:12	6.94884693986069e-20	12	skcm:5 paad:3 prad:2 kirp:1 esca:1	MANUAL_REVIEW
SH2D2A	H366	P:5	9.60903956663501e-05	5	paad:2 lud:2 blca:1	MANUAL_REVIEW
SHROOM4	K1129	Q:6	1.77551445838129e-06	6	coadread:5 lhc:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
SIRPA	V233	I:14	1.19079135691439e-09	14	paad:4 prad:2 lud:2 lgg:2 skcm:1 lusc:1 kirp:1 hncs:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
SKIDA1	E422	E:17	1.6989404566948e-25	17	lhc:6 coadread:5 kirp:2 acc:2 kich:1 cscs:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
SKIDA1	E424	E:5	4.32499024701731e-05	5	brca:2 lhc:1 gbc:1 acc:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
SLC25A10	*297	C:5	1.04753269347555e-05	5	lud:2 skcm:1 kirp:1 gbm:1	MANUAL_REVIEW
SLC25A5	G158	S:8	0.000902185022754109	8	lhc:5 coadread:2 ov:1	LOW_AF_FRAC
SLC35G3	I323	I:8	2.99907663747555e-08	8	hncs:4 paad:3 lusc:1	LOW_AF_FRAC
SLC35G3	R335	K:10 M:1	3.82284453678604e-08	11	paad:4 prad:1 lusc:1 kirp:1 kirc:1 gbm:1 esca:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC
SLC35G5	W103	R:5	0.000840420741020319	5	lhc:4 acc:1	MANUAL_REVIEW
SLC39A5	R309	W:6 Q:1	0.00296885403241424	7	paad:4 prad:2 lud:1	LOW_AF_FRAC
SLC7A10	P509	P:4	0.00167113768899988	4	paad:1 lud:1 hncs:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC
SMARCA2	Q222	Q:5	0.000616566761459195	5	lusc:1 skcm:1 prad:1 lhc:1 esca:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
SMARCA2	Q223	Q:11	1.75117833593925e-13	11	paad:3 lhc:2 lusc:1 stad:1 skcm:1 prad:1 esca:1 cesc:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
SMARCA2	Q235	Q:6	7.44683110891828e-05	6	lhc:3 kich:2 brca:1	HOMOPOLYMER
SMG1	H546	R:8	3.57551826841461e-11	8	skcm:3 paad:3 hncs:1 acc:1	ALIGNABILITY
SON	L594	L:5	5.67257065921016e-05	5	lhc:4 acc:1	FP_RICH_GENE
SON	T808	T:6	5.67257065921016e-05	6	paad:5 gbm:1	ALIGNABILITY
SPATA31A6	C310	C:4 Y:1	0.000333228155408044	5	hncs:4 lgg:1	ALIGNABILITY
SPDYE1	G234	R:10 G:1	1.51141817953784e-14	11	lhc:8 coadread:2 ov:1	MANUAL_REVIEW
SPDYE3	S418	S:6	3.36271253322812e-08	6	paad:4 prad:1 lhc:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
SPRR3	G81	G:26	4.85436554255545e-38	26	lhc:19 acc:5 coadread:2	MANUAL_REVIEW
SPTLC3	R97	K:10	1.81600062819684e-05	10	skcm:10	LOCAL_ENTROPY
SRCRB4D	L41	P:4	0.000684549482617774	4	gbm:2 lgg:1 brca:1	LOCAL_ENTROPY
SRRM1	P566	H:11 S:1	1.7479657179964e-13	12	paad:5 lhc:3 lusc:1 mbl:1 kirp:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
SRRM1	R570	L:8	0.00124529328174419	8	lhc:3 paad:2 lusc:1 mbl:1 blca:1	LOW_AF_FRAC
SSC5D	P1325	T:7	8.11213167299299e-07	7	lhc:2 coadread:2 acc:2 cscs:1	SUBCLONAL_FRAC
STARDB	P653	P:6	1.087478886739e-06	6	lud:3 skcm:1 mbl:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
STRADB	D407	G:7 Y:1	9.45082179855479e-10	8	coadread:8	LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS ALIGNABILITY

SULT1A4	Q35	Q:4	0.000793387231164477	4	brca:4	ALIGNABILITY
TAF1A	R172	M:6 L:1	0.00534796604428289	7	skcm:7	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
TAF7L	E343	E:7	0.000469939973379143	7	lhic:3 coadread:3 kich:1	MANUAL_REVIEW
TBC1D3B	G164	R:3 E:2 G:1	0.000509647003141175	6	skcm:3 stad:2 luad:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
TBP	Q60	Q:20	1.94521784216941e-23	20	lhic:6 acc:5 kirp:4 brca:3 coadread:2	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q63	Q:9	4.067067794445086e-08	9	lhic:6 coadread:2 acc:1	ALIGNABILITY
TBP	Q72	Q:5	0.00493569927726044	5	coadread:2 ucs:1 gg:1 kich:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q73	Q:16	4.14677986853261e-17	16	coadread:4 prad:3 luad:3 acc:2 paad:1 gg:1 kirc:1 kich:1	ALIGNABILITY
TBP	Q75	Q:6	0.00121784973186565	6	coadread:2 skcm:1 paad:1 luad:1 kich:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q76	Q:53	2.87841908190622e-86	53	brca:28 hncs:5 skcm:3 paad:3 ov:2 luad:2 gg:2 coadread:2 cesc:2 prad:2	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q77	Q:14	3.91608918023995e-14	14	coadread:4 paad:3 brca:2 luad:1 lhic:1 kirc:1 hncs:1 cesc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q78	Q:12	2.99365267996813e-11	12	paad:3 skcm:2 luad:1 gg:1 kich:1 hncs:1 coadread:1 brca:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q79	Q:8	5.47465318356119e-06	8	coadread:3 prad:2 paad:1 kirc:1 hncs:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q80	Q:8	5.47465318356119e-06	8	paad:4 ucs:1 skcm:1 coadread:1 brca:1	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q82	Q:6	0.00121784973186565	6	paad:2 ucec:1 skcm:1 gg:1 coadread:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q84	Q:7	9.0637173453419e-05	7	luad:3 paad:2 hncs:1 coadread:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TBP	Q86	Q:10	1.73125721626378e-08	10	luad:3 gg:3 prad:2 paad:1 mbi:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TCEAL3	T114	T:10	6.26592643728451e-05	10	lhic:5 gbc:2 prad:1 luad:1 kirc:1	LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
TCEAL3	Q150	Q:5	0.000467987074176852	5	lami:3 lhic:1 kirc:1	FP_RICH_GENE
TCEAL6	Q175	P:4	0.00640408956766066	4	lhic:4	ALIGNABILITY
TCHH	L339	Q:3 V:1	0.00728586267789009	4	coadread:2 kich:1 brca:1	FP_RICH_GENE
TCHH	K490	R:5	0.000552492036789777	5	lhic:3 cesc:1 coadread:1	FP_RICH_GENE
TCHH	L491	R:4	0.00224348181553996	4	coadread:3 lhic:1	FP_RICH_GENE
TCHH	E493	Q:7	0.00156879238286656	7	coadread:5 lhic:1 kirc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
TCHH	E494	Q:10	7.91452535369147e-07	10	coadread:8 lhic:2	SUBCLONAL_FRAC HOMOPOLYMER
TCHH	H676	Q:6 R:1	1.28478522757761e-07	7	lhic:6 luad:1	FP_RICH_GENE
TCHH	L1043	R:6	7.99454226609255e-07	6	skcm:2 paad:2 luad:1 hncs:1	FP_RICH_GENE
TCHH	R1125	G:6	7.99454226609255e-07	6	paad:4 prad:1 luad:1	LOCAL_ENTROPY
TCHH	P1158	R:7 S:1	0.000752552334306564	8	luad:3 prad:2 paad:2 skcm:1	SUBCLONAL_FRAC
TEKT4	S238_splice		8.71893019462149e-06	6	acc:2 luad:1 kirc:1 kich:1 blca:1	MANUAL_REVIEW
THAP11	Q116	Q:4	0.00205723628654566	4	lusc:1 hncs:1 blca:1 acc:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
THAP11	Q117	Q:5	0.000234546469074691	5	prad:2 paad:2 luad:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TMCC1	Q565	L:7 R:1	1.19149787253848e-10	8	paad:5 stad:2 prad:1	LOW_AF_FRAC HOMOPOLYMER
TMEM175	H484	P:7	6.14806191138704e-09	7	luad:2 skcm:1 paad:1 gg:1 hncs:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY
TMEM216	G46	G:19	3.36948894380528e-35	19	skcm:8 gg:3 blca:2 stad:1 paad:1 luad:1 lhic:1 kirp:1 hncs:1	MANUAL_REVIEW
TMEM247	Q128	E:24	7.36225946136581e-45	24	acc:18 coadread:3 lhic:2 brca:1	SUBCLONAL_FRAC
TMEM247	Q153	R:11 Q:8	4.1550105739987e-37	19	brca:7 coadread:6 stad:4 ucec:2	FP_RICH_GENE
TMFRSS13	Q78	R:15	1.72090202424673e-25	15	coadread:5 lhic:3 blca:3 ov:1 kirp:1 kich:1 cesc:1	MANUAL_REVIEW
TOX4	A429	A:4	0.00192832132441091	4	ucec:1 paad:1 gg:1 coadread:1	HOMOPOLYMER
TP53INP1	E50	E:4	0.0047587833067366	4	stad:2 coadread:1 brca:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
TRAPPC4	V59_splice		0.00333021148151093	4	luad:2 skcm:1 prad:1	MANUAL_REVIEW
TRH	E170	E:11	4.07133157708049e-13	11	paad:6 prad:2 luad:1 gg:1 gbm:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TRIM49C	N298	N:23	6.64235349593525e-45	23	paad:5 luad:3 lhic:3 hncs:3 brca:3 acc:2 ucs:1 skcm:1 prad:1 kirp:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
TRIM52	E125	E:10	2.45466003036563e-14	10	lhic:6 coadread:2 stad:1 acc:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
TRIM73	L8	P:4	9.23470868095352e-05	4	kich:2 lhic:1 acc:1	ALIGNABILITY
TRIOBP	Q398	H:4 R:3	4.05899085542306e-08	7	lhic:3 coadread:2 lum:1 kirp:1	FP_RICH_GENE
TRIOBP	K413	R:5	0.000137797320897422	5	luad:2 paad:1 hncs:1 gbm:1	ALIGNABILITY
TRIOBP	C432	C:22	8.77720708796986e-22	22	paad:8 luad:3 skcm:2 prad:2 lhic:2 hncs:2 lusc:1 gg:1 kich:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
TRIOBP	C481	C:10	3.97394081884021e-14	10	paad:6 lhic:3 coadread:1	ALIGNABILITY
TSHZ3	S154	S:6	0.00252452549152801	6	kirp:3 prad:1 paad:1 blca:1	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
TTN	T1238	T:6 P:1	0.000246179469070583	7	esca:3 stad:2 kich:1 coadread:1	FP_MUTSIG
TTN	S3271	F:9	0.00705546106391473	9	skcm:9	FP_MUTSIG
TUBA1C	K164	K:33	3.07975220045699e-72	33	acc:2 lhic:11 coadread:1	ALIGNABILITY
TVP23C-CDRT4	C51	Y:55	1.85728042336701e-138	55	kirp:36 lhic:12 acc:7	ALIGNABILITY
TXNDC2	K140	E:9	9.75871792871491e-11	9	paad:5 luad:1 hncs:1 gbm:1 acc:1	LOW_AF_FRAC
TXNDC2	E200	K:9	4.9733657802598e-05	9	paad:6 kirp:1 hncs:1 gbm:1	LOW_AF_FRAC
TXNDC2	I329	L:5 J:2	2.91113952472127e-05	7	paad:6 blca:1	FP_RICH_GENE
TYW1B	D323	H:11	1.5580149546268e-06	11	luad:5 gg:2 hncs:2 paad:1 kirp:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
U2AF2	I77_splice		3.13035198908911e-16	10	paad:6 prad:1 mbi:1 luad:1 blca:1	LOCAL_ENTROPY
UBB	E92	E:10	7.97083591641121e-13	10	paad:5 skcm:3 prad:1 luad:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
UBB	P113	P:7	4.10230188338389e-09	7	paad:4 skcm:1 prad:1 kirc:1	ALIGNABILITY
UBB	P189	P:9	4.60036691091962e-08	9	paad:4 hncs:2 blca:2 gbm:1	ALIGNABILITY
UBBP4	R50	L:20 W:1	2.61502186658472e-15	21	paad:9 gg:4 luad:3 skcm:2 hncs:2 prad:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
UBBP4	R73	L:30 W:1	1.48946818465414e-27	31	paad:12 luad:6 gg:4 skcm:3 prad:3 gbm:2 hncs:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
UBBP4	L149	R:41	2.9770040616577e-79	41	paad:12 luad:8 hncs:7 skcm:4 prad:4 gg:3 gbm:3	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
UBC	V222	V:6	6.9502085965841e-06	6	paad:3 skcm:1 prad:1 hncs:1	LOW_AF_FRAC
UNC93B1	S445	S:6	1.35260716259067e-08	6	acc:3 lhic:2 kirp:1	FP_RICH_GENE
UNC93B1	V498	M:6	1.54425571457347e-07	6	cesc:2 blca:2 skcm:1 paad:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
UPF2	E1033	D:9	2.5833555553742e-11	9	coadread:5 stad:3 ucec:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
UPF3A	L91	L:59	5.72433593667261e-144	59	acc:18 kirp:8 paad:7 blca:6 skcm:4 lhic:4 prad:3 gg:3 mbi:2 kirc:2 lusc:1	MANUAL_REVIEW
UQCRRF51	I83	V:6	3.13547105760555e-07	6	kirc:3 lhic:1 kich:1 cesc:1	MANUAL_REVIEW
URI1	D306	D:12	3.72558187313579e-18	12	lhic:7 kirc:2 coadread:2 kich:1	MANUAL_REVIEW
USP6	V148	V:9	1.20350668536188e-05	9	coadread:7 ov:1 cesc:1	LOW_AF_FRAC
VCX3A	L164	P:3	0.00895299126175147	3	lhic:2 coadread:1	ALIGNABILITY

VEGFB	T187	P:6	3.03719530739835e-08	6	luad:2 gg:2 skcm:1 lhc:1	MANUAL_REVIEW
VEGFB	G189	G:4	0.000172288710688209	4	skcm:1 paad:1 luad:1 lhc:1	MANUAL_REVIEW
VEZF1	Q349	Q:10	2.48203714494652e-13	10	lh:7 ucec:1 kich:1 acc:1	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY ALIGNABILITY
VSI610	E467	E:6	0.0006435366379402088	6	coadread:4 lhc:2	LOW_AF_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
VSI610	E472	E:5	0.0084041970058982	5	lh:4 coadread:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
WASF2	P395	P:4 S:1	8.27504286641528e-05	5	skcm:1 paad:1 luad:1 kirp:1 hns:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER
WASH4P	S232	S:11	3.63380720373202e-18	11	skcm:4 paad:2 gbm:2 prad:1 luad:1 kirc:1	ALIGNABILITY
XIRP1	P26	P:5	0.000778819511991384	5	luad:3 lhc:1 lgg:1	LOCAL_ENTROPY
XIRP2	E831	K:11	3.30850284442815e-07	11	skcm:10 csc:1	LOCAL_ENTROPY
XPNPEP1	C545	C:7	0.00862769508314815	7	paad:3 usc:2 luad:2	LOW_AF_FRAC
ZC3H11A	I777	T:4 M:1	0.00039690658460148	5	lh:3 paad:1 hns:1	ALIGNABILITY
ZC3H11A	L801	P:4	0.00298836650414597	4	ucs:2 paad:1 lhc:1	FP_RICH_GENE
ZC3H11A	S805	*:17	3.5927148182281e-18	17	lh:9 paad:6 ucs:1 prad:1	LOW_AF_FRAC
ZC3H4	E779	Q:6	0.00539916461856411	6	stad:5 coadread:1	LOCAL_ENTROPY
ZCCHC6	K937	E:4 N:2	4.34363114670956e-07	6	lh:4 kirc:2	MANUAL_REVIEW
ZDHHC11	K314	K:5	0.000740587012456175	5	hns:2 paad:1 lhc:1 acc:1	MANUAL_REVIEW
ZFH3	G3519	G:22	3.33330077082536e-41	22	paad:9 hns:5 prad:2 luad:2 gg:2 skcm:1 usc:1	SUBCLONAL_FRAC LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ZFH3	G3520	G:22	5.3593523784751e-22	22	paad:12 hns:5 skcm:2 prad:1 luad:1 kirp:1	LOCAL_ENTROPY HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ZFR	A294	A:7	7.97387088824447e-09	7	paad:3 hns:2 stad:1 kirp:1	HOMOPOLYMER
ZNF181	V305	G:8	6.24379005561425e-10	8	luad:2 gbm:2 usc:1 lhc:1 kich:1 hns:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
ZNF181	F330	S:3 V:1	0.00607490785146313	4	ucec:1 skcm:1 prad:1 lhc:1	FP_RICH_GENE
ZNF195	K520	K:5	0.00134014590687774	5	paad:4 blca:1	FP_RICH_GENE
ZNF195	K576	K:7	2.72113861053752e-07	7	paad:3 luad:3 skcm:1	LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
ZNF208	I647	S:13	3.20644424183965e-13	13	prad:4 luad:3 paad:2 blca:2 skcm:1 gg:1	LOW_AF_FRAC
ZNF254	Q361	Q:5	0.00886798046309	5	paad:3 skcm:1 luad:1	ALIGNABILITY
ZNF254	S498	A:6	2.0121438706825e-05	6	paad:2 skcm:1 prad:1 luad:1 hns:1	LOW_AF_FRAC
ZNF285	P455	Q:6 S:1	0.000471876930534477	7	acc:2 skcm:1 lhc:1 kirc:1 kich:1 cesc:1	ALIGNABILITY
ZNF285	S468	S:6	0.00175569787645247	6	lh:2 kirc:1 kich:1 brca:1 acc:1	ALIGNABILITY
ZNF343	S475	S:4	0.00575792735496963	4	skcm:1 paad:1 luad:1 gbm:1	MANUAL_REVIEW
ZNF347	G566	G:12	6.1641486230632e-18	12	paad:10 luad:1 gbm:1	LOW_AF_FRAC
ZNF384	Q514	Q:5	0.000666520239763311	5	lh:3 coadread:2	HOMOPOLYMER ALIGNABILITY
ZNF443	S235	P:4 C:1	0.00140340807825982	5	paad:2 prad:1 coadread:1 blca:1	ALIGNABILITY
ZNF443	P615	P:10 L:1	9.36961077032642e-06	11	paad:3 skcm:2 luad:2 gg:2 prad:1 esca:1	LOW_AF_FRAC
ZNF493	S417	S:13	4.44370243508464e-16	13	paad:5 skcm:2 luad:2 prad:1 gg:1 blca:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC
ZNF519	H431	Y:2 H:2 P:1	0.00089454247818693	5	kirc:5	ALIGNABILITY
ZNF534	A579	A:12	2.37301876272589e-05	12	kirc:4 gbm:2 blca:2 skcm:1 paad:1 luad:1 hns:1	LOW_AF_FRAC
ZNF563	T373	A:7	3.50335595980035e-07	7	paad:4 prad:1 luad:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
ZNF658	I255	T:4	0.00517659444383035	4	lh:3 coadread:1	MANUAL_REVIEW
ZNF681	K405	Q:5	0.000658804131676728	5	luad:2 kirp:2 paad:1	ALIGNABILITY
ZNF681	S505	P:5	0.000845515714752393	5	luad:3 paad:1 gg:1	ALIGNABILITY
ZNF705B	I90	L:7	9.66942195540792e-11	7	kirc:2 brca:2 luad:1 hns:1 acc:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
ZNF706	I8	N:8	1.10863518453707e-08	8	blca:3 hns:2 skcm:1 luad:1 gg:1	SUBCLONAL_FRAC
ZNF708	K417	E:7	1.2578342093275e-07	7	luad:3 skcm:1 paad:1 cesc:1 brca:1	MANUAL_REVIEW
ZNF709	T413	I:14	5.4933803219954e-18	14	paad:4 prad:3 luad:3 gg:3 gbm:1	LOW_AF_FRAC
ZNF717	D49	D:13	4.88119683318451e-11	13	paad:4 gg:3 luad:2 gbm:2 ucs:1 hns:1	MANUAL_REVIEW
ZNF749	Q457	E:5	0.00408416928424879	5	blca:2 skcm:1 paad:1 luad:1	SUBCLONAL_FRAC
ZNF780A	S273	A:4	0.00303344049266764	4	skcm:1 paad:1 usc:1 luad:1	SUBCLONAL_FRAC
ZNF780A	E562	E:4 K:1	0.00586382299530963	5	paad:3 skcm:1 csc:1	ALIGNABILITY
ZNF780A	Q600	H:13	3.60915269407075e-17	13	prad:5 paad:5 luad:2 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
ZNF799	S435	S:4	0.0028026789000324	4	prad:3 acc:1	FP_RICH_GENE
ZNF799	E589	G:23	2.85029072576978e-47	23	paad:11 prad:4 luad:2 gg:2 blca:2 skcm:1 gbm:1	SUBCLONAL_FRAC
ZNF814	K295	K:5	0.00279161445964502	5	luad:1 lhc:1 kirp:1 cesc:1 acc:1	FP_RICH_GENE
ZNF814	E297	*:7	0.00733894397588765	7	coadread:7	LOW_AF_FRAC
ZNF814	G320	E:28 G:20	1.65886427117336e-67	48	coadread:39 kirp:4 acc:3 kich:1 csc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS ALIGNABILITY
ZNF814	R322	K:26	1.4587522434273e-26	26	coadread:16 kirp:4 acc:3 kich:2 csc:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS
ZNF814	P323	H:19	7.09949435437709e-22	19	coadread:34 acc:3 kirp:2 kich:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC CENTER_BIAS
ZNF814	S332	S:81	4.45851145762234e-106	81	lh:28 acc:9 hns:8 luad:7 coadread:6 skcm:5 prad:5 paad:4 gbm:3	ALIGNABILITY
ZNF814	A337	V:43	4.83511496756784e-74	43	lh:23 acc:9 kich:4 coadread:3 prad:1 hns:1 gbm:1 gbc:1	ALIGNABILITY
ZNF814	D404	E:75	8.7570110761509e-158	75	hns:13 luad:11 paad:9 gbm:9 ucs:5 lhc:5 gg:5 blca:5 prad:4 kirc:4	ALIGNABILITY
ZNF814	H682	H:10	1.57741001586382e-11	10	acc:5 lhc:3 kirp:2	FP_RICH_GENE
ZNF816	G185	S:8	0.00475137838928593	8	lh:5 coadread:3	MANUAL_REVIEW
ZNF83	G267	G:14	1.66145588948921e-23	14	blca:12 coadread:1 cesc:1	FP_RICH_GENE
ZNF83	E293	E:17	6.25997836900107e-24	17	blca:16 coadread:1	ALIGNABILITY
ZNF844	R447	P:13 H:1	5.36290387579357e-10	14	paad:4 gbm:3 luad:2 skcm:1 prad:1 gg:1 hns:1 coadread:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
ZNF844	F487	L:10	3.17551461393979e-14	10	skcm:3 gbm:2 prad:1 paad:1 luad:1 gg:1 hns:1	FP_RICH_GENE
ZNF844	P503	R:9	9.43215129206186e-09	9	paad:2 hns:2 blca:2 skcm:1 gg:1 gbm:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
ZNF844	H514	D:12	7.00848692815437e-17	12	skcm:6 paad:4 luad:1 gg:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
ZNF844	K523	E:4	0.000458127646742066	4	skcm:2 paad:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC
ZNF845	T479	M:5 T:3 L:1	1.68343916441765e-10	9	skcm:4 paad:2 blca:2 ucec:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC ALIGNABILITY
ZNF845	R925	H:40	9.92768281120482e-45	40	paad:13 prad:5 luad:5 gg:4 hns:4 skcm:2 kirc:2 ucs:1 lhc:1 kich:1	SUBCLONAL_FRAC
ZNF845	K934	K:43	5.0153273930527e-59	43	paad:15 hns:7 luad:5 prad:4 gg:4 kirc:2 skcm:1 hns:1 lhc:1 kich:1	SUBCLONAL_FRAC ALIGNABILITY
ZNF845	C945	R:16	2.53833986400246e-25	16	paad:8 hns:3 prad:1 luad:1 gg:1 kirc:1 kich:1	ALIGNABILITY
ZNF878	R153	S:7	2.39160540243325e-06	7	paad:3 prad:1 luad:1 gg:1 blca:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC
ZNF878	S181	R:8	1.55235779317071e-08	8	paad:4 blca:2 skcm:1 prad:1	SUBCLONAL_FRAC LOW_AF_FRAC

ZNF880	Q406	R:5	3.43354478524647e-05	5	lih:3 kirc:2
ZNF91	H305	R:14	3.91331945354258e-20	14	paad:4 lgg:3 prad:2 blca:2 skcm:1 luad:1 esca:1
ZNF91	R333	H:16 C:1	1.27820368170425e-10	17	prad:5 paad:4 coadread:2 blca:2 ucec:1 skcm:1 luad:1 lgg:1
ZNF91	K353	E:5	0.000362961944066391	5	paad:3 lusc:1 blca:1
ZXDB	G206	R:12	2.45382765111082e-10	12	skcm:2 prad:2 paad:2 luad:2 kirp:2 lusc:1 hns:1

ALIGNABILITY
SUBCLONAL_FRAC|LOW_AF_FRAC|ALIGNABILITY
SUBCLONAL_FRAC|LOW_AF_FRAC|ALIGNABILITY
ALIGNABILITY
LOW_AF_FRAC

ALIGNABILITY	Mutations removed due to poor regional alignability
CENTER_BIAS	Mutations removed due to suspected mutations-calling center bias
FP_MUTSIG	Mutations removed due as likely passenger mutation
FP_RICH_GENE	Mutations removed in genes where major of suspected variants were false-positives
HOMOPOLYMER	Mutations removed due to adjacent to homopolymer region
LOCAL_ENTROPY	Mutations removed due to low entropy in surrounding genomic region
LOW_AF_FRAC	Mutations removed due to consistent low allele frequencies
MANUAL_REVIEW	Mutations removed after manual review of representative samples
SUBCLONAL_FRAC	Mutations removed due due to consistent subclonality

Supplementary Table 4: Statistical associations of mutant alleles and tumor types (see main text Figure 3A)

Gene	Genotype1	Genotype2	Tumor1	Tumor2	Nominal p-value	
KRAS	G12	G13, G60, Q61, K117, A146	STAD, MMYL	PAAD, COADREAD, LUAD, UCEC	5.25518E-18	
			STAD	PAAD, COADREAD, LUAD, UCEC, MMYL	8.91279E-05	
			MMYL	PAAD, COADREAD, LUAD, UCEC, STAD	9.4826E-15	
			STAD	MMYL	0.04203039	
	Q61	G12, G13, G60, K117, A146	MMYL	PAAD, COADREAD, LUAD, UCEC, STAD	1.38139E-08	
			A146	G12, G13, G60, Q61, K117,	STAD	PAAD, COADREAD, LUAD, UCEC, MMYL
				MMYL	PAAD, COADREAD, LUAD, UCEC, STAD	0.02700479
				COADREAD	PAAD, MMYL LUAD, UCEC, STAD	3.99186E-07
	G13	G12, G60, Q61, K117, A146	PAAD	MMYL COADREAD, LUAD, UCEC, STAD	2.75121E-15	
	KRAS G12	G12R	G12A, C, D, F, G, S, V	PAAD	LUAD, COADREAD, UCEC, STAD	4.76598E-19
G12C		G12A, R, D, F, G, S, V	LUAD	PAAD, COADREAD, UCEC, STAD	4.04813E-42	
G12S		G12A, C, D, F, G, R, V	STAD	PAAD, LUAD, COADREAD, UCEC	0.007467106	
			COADREAD	PAAD, LUAD, UCEC, STAD	0.000443336	
			STAD, COADREAD	PAAD, LUAD, UCEC	4.79605E-06	
			STAD	COADREAD	0.1198981	
			LUAD	PAAD, COADREAD, UCEC, STAD	0.00051569	
G12A		G12C, D, F, G, R, S, V	UCEC	PAAD, LUAD, COADREAD, STAD	0.03972278	
			COADREAD	PAAD, LUAD, UCEC, STAD	0.3076531	
			LUAD, UCEC, COADREAD	PAAD, STAD	5.01677E-09	
			LUAD, UCEC	PAAD, COADREAD, STAD	1.47296E-05	
			G12V	G12A, C, D, G, F, S	STAD	PAAD, LUAD, COADREAD, UCEC
NRAS		G12	G13, Q61	LAML	SKCM, MMYL, COADREAD, THCA	0.008986139
				COADREAD	SKCM, MMYL, THCA, LAML	2.23032E-07
				LAML, COADREAD	SKCM, MMYL, THCA	3.96181E-10
	LAML			COADREAD	0.7634813	
	G13	G12, Q61	LAML, COADREAD	SKCM, MMYL, THCA	0.005081539	
			Q61	G12, G13	SKCM	MMYL
				SKCM	THCA	0.2141752
				MMYL	THCA	0.004986217
	Q61	G12, G13	THCA	SKCM, MMYL, COADREAD, LAML	0.001266157	
	HRAS	G12	G13, Q61	BLCA	HNSC	0.5570423
HNSC, BLCA				THCA	0.002798736	
G13		G12, Q61	HNSC, BLCA	THCA	0.01410535	
Q61		G12, G13	THCA	HNSC, BLCA, THCA	4.09928E-07	
Q61		G12, G13	BLCA	HNSC	0.04917457	
BRAF	V600	D594, G466, G469, G596, K601, L597, N581	MMYL	COADREAD, LUAD, SKCM, THCA	3.14767E-09	
			LUAD	COADREAD, MMYL, SKCM, THCA	8.46429E-22	
			LUAD	MMYL	0.7483487	

			MMYL, LUAD	COADREAD, SKCM, THCA	1.85069E-32
			SKCM	THCA	1.85069E-32
			SKCM	COADREAD	0.7761931
			THCA	COADREAD	0.003119319
ERBB2	S310	R678, D769, L755, V777, V842	BLCA	BRCA, COADREAD, STAD	0.005702238
			STAD	BLCA, BRCA, COADREAD	1
			BRCA	BLCA, COADREAD, STAD	0.2074894
	L755	S310, R678, D769, V777, V842	BRCA	BLCA, COADREAD, STAD	0.0266505
	R678	S310, D769, L755, V777, V842	BRCA	BLCA, COADREAD, STAD	0.1726144
	V842	S310, R678, D769, L755, V777	COADREAD	BLCA, BRCA, STAD	0.03532599
			COADREAD, STAD	BLCA, BRCA	0.02163419
EGFR	Extracellular (R108, A289)	Rest (G598, G719, L858, L861)	LUAD	GBM, LGG	3.2936E-12
SF3B1	R625	N626, K666, K700, G742, D894	SKCM	CLL, BRCA	0.000115969
	K700	R625, N626, K666, G742, D894	BRCA	CLL	0.02034313
	G742	R625, N626, K666, K700, D894	CLL	BRCA, SKCM	0.05062025
IDH1 R132	R132C	R132G, H, L, S	SKCM, LAML	LGG, GBM	3.85937E-21
			SKCM	LGG, GBM, LAML	6.30348E-13
			LAML	LGG, GBM, SKCM	1.69675E-07
			SKCM	LAML	0.1279098
	R132H	R132C, G, L, S	LGG	GBM, LAML, SKCM	0.1279098
			GBM	LGG, LAML, SKCM	0.7745059
			LGG, GBM	LAML, SKCM	0.4425998
			LGG	GBM	4.36188E-21
PIK3CA	R88	non-R88	COADREAD	BLCA, BRCA, CESC, HNSC, STAD, UCEC	3.8875E-06
			UCEC	BLCA, BRCA, CESC, COADREAD, HNSC, STAD	0.00342361
			STAD	BLCA, BRCA, CESC, COADREAD, HNSC, UCEC	0.2864947
			COADREAD, UCEC, STAD	BLCA, BRCA, CESC, UCEC	1.28133E-11
			COADREAD	STAD	0.3101641
	E545	non-E545	COADREAD	BLCA, BRCA, CESC, HNSC, STAD, UCEC	0.2170138
			BRCA	BLCA, CESC, COADREAD, HNSC, STAD, UCEC	0.000952565
			BLCA	BRCA, CESC, COADREAD, HNSC, STAD, UCEC	0.000103157
			CESC	BLCA, BRCA, COADREAD, HNSC, STAD, UCEC	9.87721E-05
			HNSC	BLCA, BRCA, CESC, COADREAD, STAD, UCEC	0.0264278
	Helical (E542, E545, Q546)	non-Helical	BLCA	BRCA, CESC, COADREAD, HNSC, STAD, UCEC	8.41145E-07
			BRCA	BLCA, CESC, COADREAD, HNSC, STAD, UCEC	0.000056258
			CESC	BLCA, BRCA, COADREAD, HNSC, STAD, UCEC	3.61602E-06
			HNSC	BLCA, BRCA, CESC, COADREAD, STAD, UCEC	0.000819398
			HNSC	BLCA	0.04256738
			CESC	BLCA	0.6199027

H1047

non-H1047

HNSC
BRCA

BLCA
BLCA, CESC, COADREAD, HNSC, STAD, UCEC

0.1293245
4.85455E-19

Supplementary Table 5: GQ60GK and G60 mutations in Ras genes

Gene	Genomic	cDNA	Protein	Tumor type	Hypermutated	Alternative MAPK driver
<i>NRAS</i>	GT>TG	c.180_181AC>CA	GQ60GK (Q61K)	Cutaneous melanoma	No	--
<i>KRAS</i>	GA>TT	c.180_181TC>AA	GQ60GK (Q61K)	Pancreatic adenocarcinoma	No	--
				Transitional cell bladder	No	--
				Colorectal	MSI-H	--
				Colorectal	MSI-H	--
				Colorectal	MSI-H	Subclonal BRAF R509*
				Papillary thyroid	No	Subclonal BRAF V600E
				Papillary thyroid	No	--
				Multiple myeloma	No	--
				Colorectal	No	--
				Cutaneous melanoma	No	--
	GA>TG	c.180_181TC>CA	GQ60GK (Q61K)	Colorectal	No	--
	GA>TC	c.180_181TC>GA	GQ60GK (Q61K)	Cutaneous melanoma	No	--
<i>KRAS</i>	C>T	c.179G>A	G60D	Squamous cell carcinoma	Yes	BRAF S129L
<i>HRAS</i>	C>T	c.178G>A	G60S	Colorectal	No	

Note: three additional G60 mutations are present in COSMIC (G60D/V/A in a CMML, colorectal metastasis, and papillary thyroid cancer respectively)