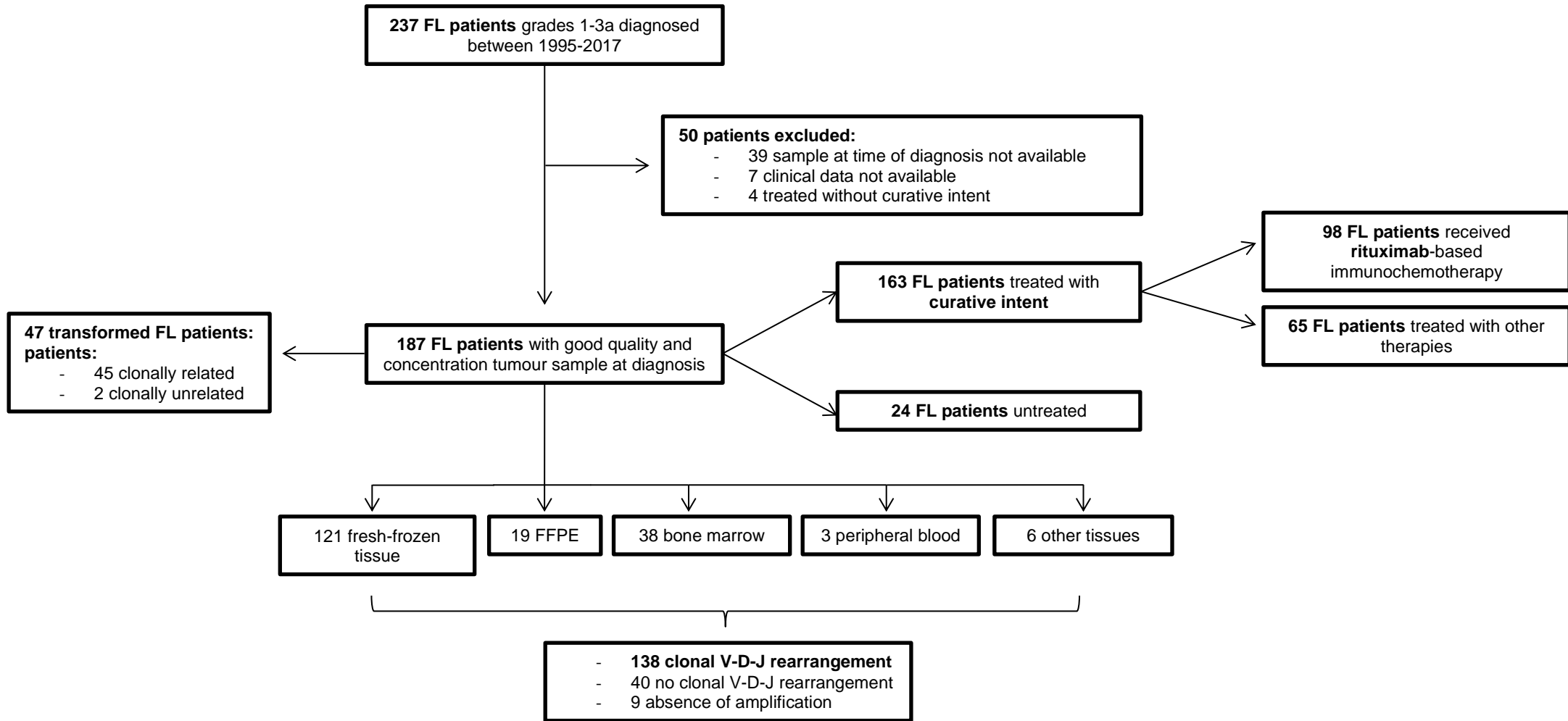


Supplementary Figure 1. Flowchart of training cohort.



Supplementary Figure 2. (A) Homology of IGHV genes in training cohort. The boxplot shows percentage of homology according to IGHV subgroup in 130 sequences obtained from 138 patients studied. Horizontal lines represent median percentage of homology for the IGHV subgroup. (B) Unmutated (>98% homology) and mutated (<98% homology) frequency according to IGHV subgroup in 130 sequences studied.

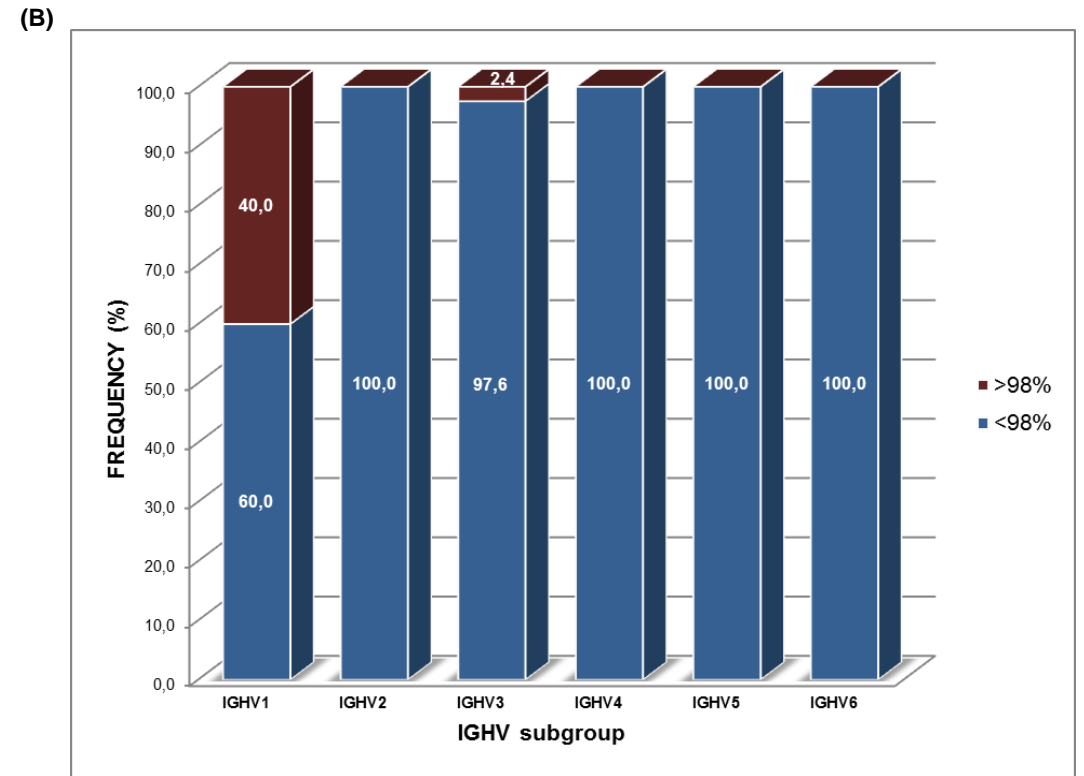
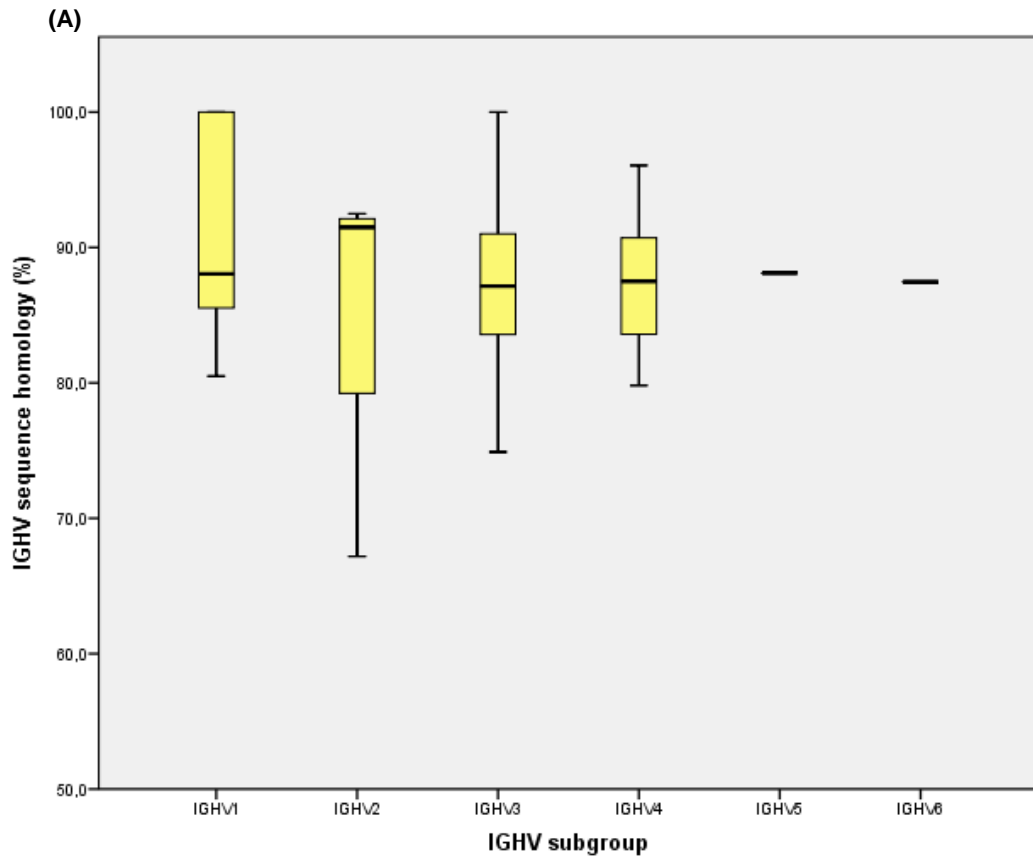


Table S1. Clinical characteristics of FL series included (larger cohort, n=187) vs. FL patients with clonal IGH rearrangements available (study cohort, n=138).

Variable	Larger cohort n (%)	Study cohort n (%)	P
Age, years (median, range)	58 (19-87)	59 (19-87)	ns
Sex F/M	99 (53)/88 (47)	79 (57)/59 (43)	ns
Histological grade*			
I	84 (48.8)	60 (44.8)	ns
II	67 (39)	58 (43.3)	ns
IIIA	21 (12.2)	12 (9.0)	ns
FLIPI*			
0-1 (Low risk)	49 (32.9)	32 (27.4)	ns
2 (Intermediate risk)	46 (30.9)	39 (33.3)	ns
3-5 (High risk)	54 (36.2)	46 (39.3)	ns
Ann Arbor*			
I	24 (14.2)	12 (9.2)	ns
II	18 (10.7)	13 (10.0)	ns
III	18 (10.7)	14 (10.8)	ns
IV	109 (64.5)	91 (70.0)	ns
First-line therapy			
Never treated	24 (12.8)	16 (11.6)	ns
Rituximab-based ICT	98 (52.4)	80 (58.0)	ns
R-CHOP	68 (69.4)	53 (66.3)	ns
R-Bendamustine	11 (11.2)	8 (10.0)	ns
R-CVP	3 (3.1)	3 (3.7)	ns
Others	16 (16.3)	16 (20.0)	ns
CT without rituximab	48 (25.7)	34 (24.6)	ns
CHOP	35 (72.9)	25 (73.5)	ns
Fludarabine-based	3 (6.3)	2 (5.9)	ns
Others	10 (20.8)	7 (20.6)	ns
Radiotherapy alone or with rituximab	13 (7)	6 (4.3)	ns
Rituximab alone	4 (2.1)	2 (1.4)	ns
Maintenance with rituximab*	73 (39)	60 (54.1)	ns
Response after induction therapy			
CR	87 (53.7)	61 (50.4)	ns
PR	63 (38.9)	51 (42.1)	ns
NR/Failure	12 (7.4)	9 (7.4)	ns

***Larger cohort:** Histological grade was available for 172 (92%) patients; FLIPI was available for 149 (80%) patients; Ann Arbor was available for 169 (90%) patients; Maintenance was calculated for 147 (79%) patients.

Study cohort: Histological grade was available for 130 (94%) patients; FLIPI was available for 117 (85%) patients; Ann Arbor was available for 130 (94%) patients; Maintenance was calculated for 111 (80%) patients.

ICT: Immunochemotherapy; R, rituximab; CHOP, cyclophosphamide/doxorubicin/vincristine/prednisone; CVP, cyclophosphamide/vincristine/prednisone; QT: Chemotherapy; CR: Complete response; PR: Partial response; NR: No response; FLIPI: FL International Prognosis Index.

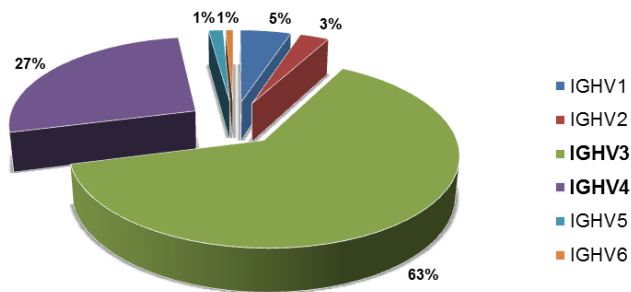
Table S2. Frequencies of IGHV, IGHD and IGHJ subgroups in the clonal V-D-J rearrangements of follicular lymphoma.

IGH subgroup	Frequency, n	Frequency, %
IGHV1	7	5,1
IGHV2	4	2,9
IGHV3	87	63,0
IGHV4	37	26,8
IGHV5	2	1,4
IGHV6	1	0,7
IGHV7	0	0,0
Totals	138	100,0

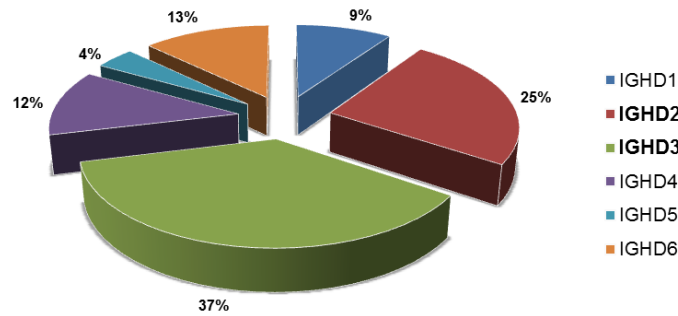
IGH subgroup	Frequency, n	Frequency, %
IGHD1	12	9,6
IGHD2	31	24,8
IGHD3	46	36,8
IGHD4	15	12,0
IGHD5	5	4,0
IGHD6	16	12,8
IGHD7	0	0,0
Totals	125	100,0

IGH subgroup	Frequency, n	Frequency, %
IGHJ1	1	0,8
IGHJ2	3	2,4
IGHJ3	15	11,9
IGHJ4	60	47,6
IGHJ5	22	17,5
IGHJ6	25	19,8
Totals	126	100,0

IGHV subgroup



IGHD subgroup



IGHJ subgroup

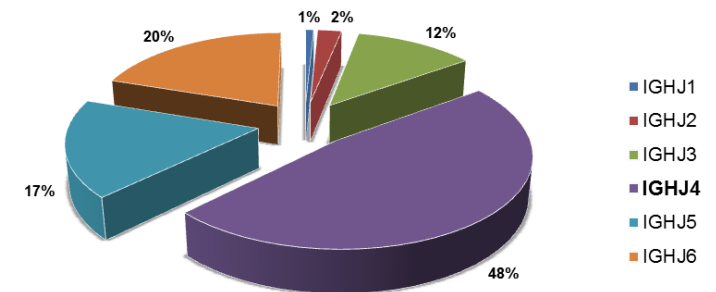


Table S3. IGHV gene repertoire of the present series.

IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %
IGHV1-2	0	0,0	IGHV3-30	13	9,4	IGHV4-38-2	0	0,0
IGHV1-3	0	0,0	IGHV3-30-3	1	0,7	IGHV4-39	6	4,3
IGHV1-8	1	0,7	IGHV3-30-5	0	0,0	IGHV4-55	1	0,7
IGHV1-18	2	1,4	IGHV3-33	5	3,6	IGHV4-59	1	0,7
IGHV1-24	0	0,0	IGHV3-43	0	0,0	IGHV4-61	5	3,6
IGHV1-45	0	0,0	IGHV3-43D	0	0,0	IGHV5-10-1	1	0,7
IGHV1-46	1	0,7	IGHV3-48	14	10,1	IGHV5-51	1	0,7
IGHV1-58	0	0,0	IGHV3-49	0	0,0	IGHV6-1	1	0,7
IGHV1-69	3	2,2	IGHV3-53	2	1,4	IGHV7-4-1	0	0,0
IGHV1-69-2	0	0,0	IGHV3-64	2	1,4	Totals	138	100,0
IGHV1-69D	0	0,0	IGHV3-64D	0	0,0			
IGHV2-5	2	1,4	IGHV3-66	1	0,7			
IGHV2-26	1	0,7	IGHV3-72	1	0,7			
IGHV2-70	1	0,7	IGHV3-73	2	1,4			
IGHV2-70D	0	0,0	IGHV3-74	2	1,4			
IGHV3-7	6	4,3	IGHV3-NL1	0	0,0			
IGHV3-9	0	0,0	IGHV4-4	1	0,7			
IGHV3-11	3	2,2	IGHV4-28	0	0,0			
IGHV3-13	1	0,7	IGHV4-30	2	1,4			
IGHV3-15	4	2,9	IGHV4-30-1	0	0,0			
IGHV3-20	1	0,7	IGHV4-30-2	1	0,7			
IGHV3-21	10	7,2	IGHV4-30-4	0	0,0			
IGHV3-23	19	13,8	IGHV4-31	0	0,0			
IGHV3-23D	0	0,0	IGHV4-34	20	14,5			

IGHV GENE REPERTOIRE (%)

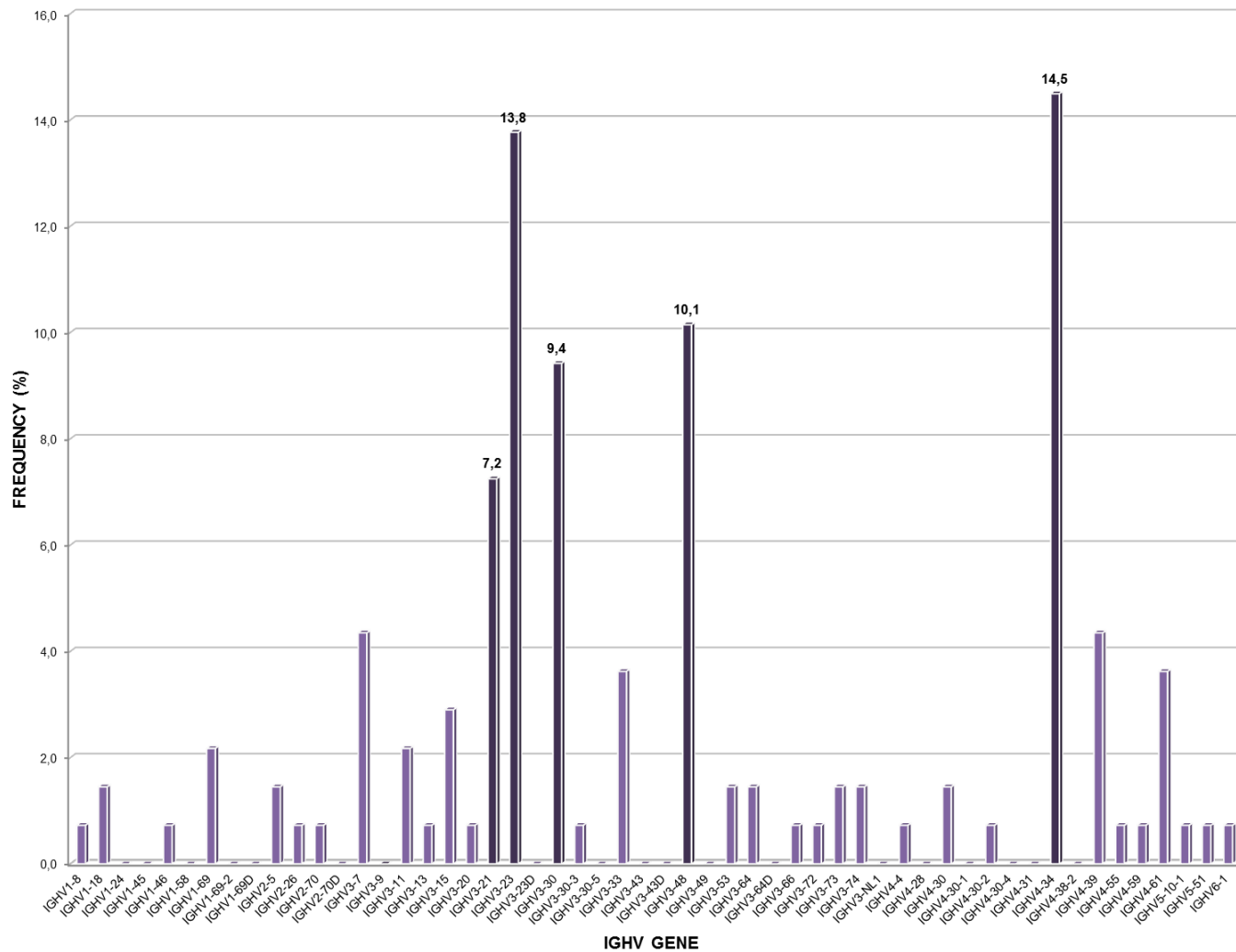


Table S4. IGHD gene repertoire of the present series.

IGHD gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHD gene	Frequency, n	Frequency, %
IGHD1-1	4	3,2	IGHD5-24	1	0,8
IGHD1-7	1	0,8	IGHD6-6	5	4,0
IGHD1-14	0	0,0	IGHD6-13	3	2,4
IGHD1-20	3	2,4	IGHD6-19	6	4,8
IGHD1-26	4	3,2	IGHD6-25	2	1,6
IGHD2-2	9	7,2	IGHD7-27	0	0,0
IGHD2-8	4	3,2	Totals	125	100,0
IGHD2-15	8	6,4			
IGHD2-21	10	8,0			
IGHD3-3	6	4,8			
IGHD3-9	3	2,4			
IGHD3-10	15	12,0			
IGHD3-16	10	8,0			
IGHD3-22	12	9,6			
IGHD4-4	0	0,0			
IGHD4-11	5	4,0			
IGHD4-17	4	3,2			
IGHD4-23	6	4,8			
IGHD5-5	0	0,0			
IGHD5-12	3	2,4			
IGHD5-18	1	0,8			

IGHD GENE REPERTOIRE (%)

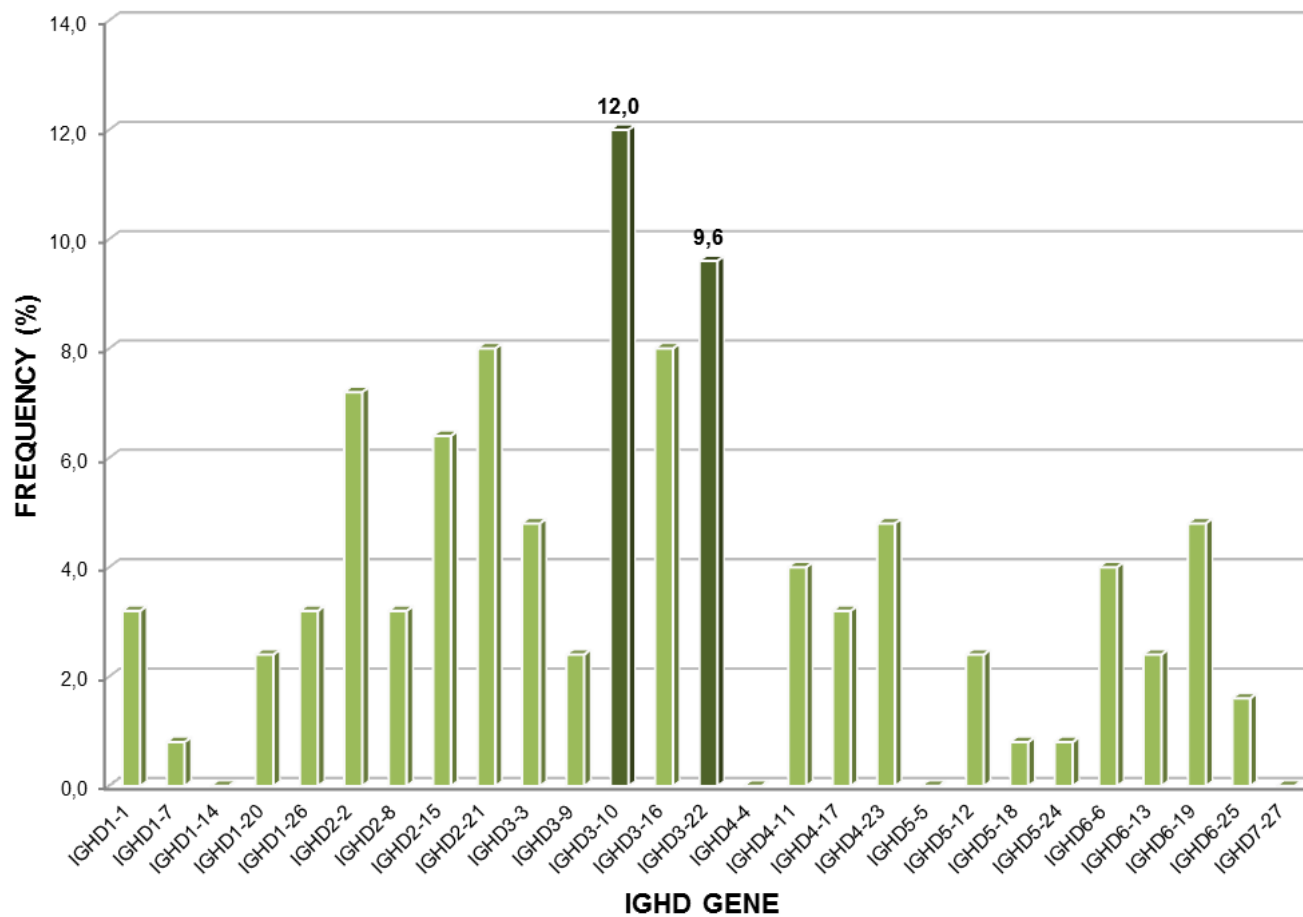
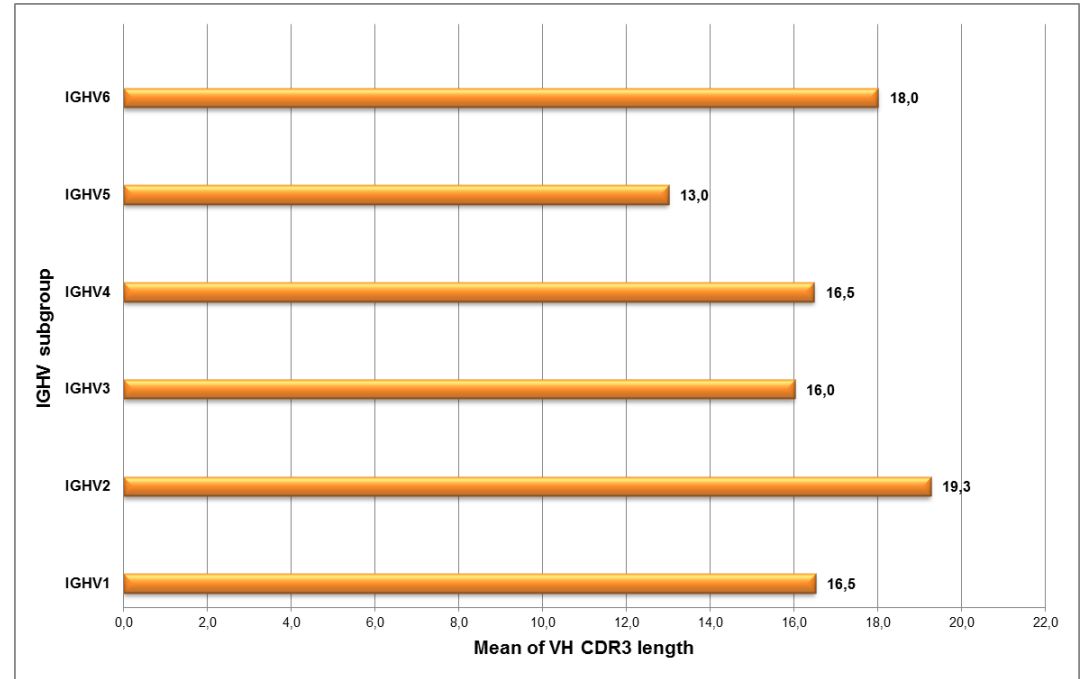
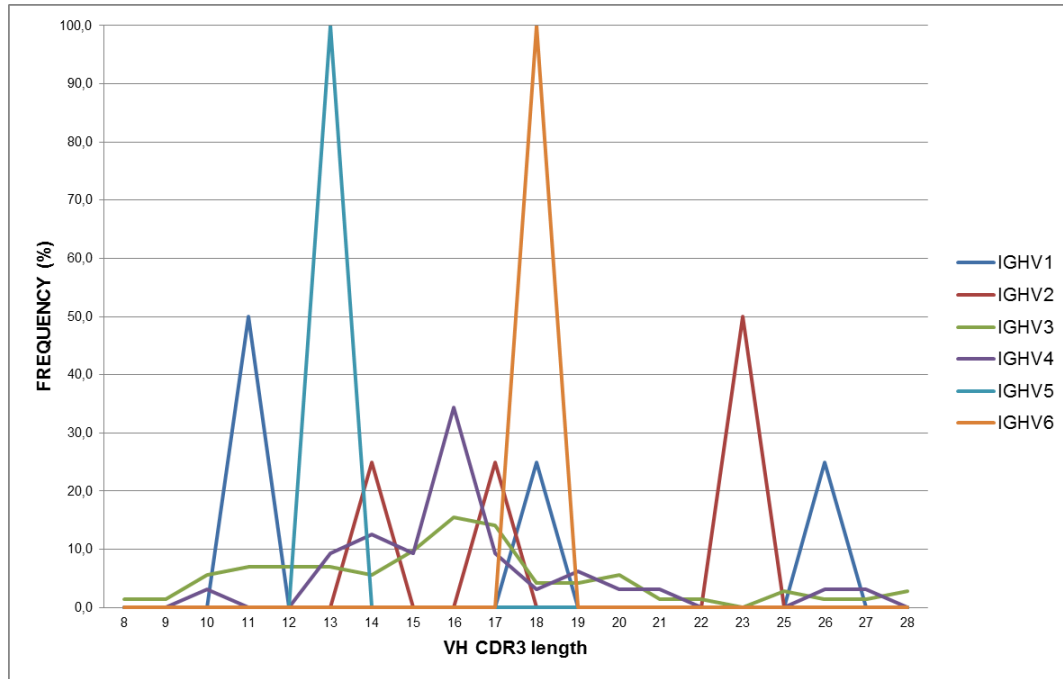


Table S5. VH CDR3 length distribution for the IGHV subgroup and most frequent IGHV gene in FL (n=113).

VH CDR3 length	IGHV1		IGHV2		IGHV3		IGHV4		IGHV5		IGHV6	
	No	%	No	%	No	%	No	%	No	%	No	%
8	0	0,0	0	0,0	1	1,4	0	0,0	0	0,0	0	0,0
9	0	0,0	0	0,0	1	1,4	0	0,0	0	0,0	0	0,0
10	0	0,0	0	0,0	4	5,6	1	3,1	0	0,0	0	0,0
11	2	50,0	0	0,0	5	7,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
12	0	0,0	0	0,0	5	7,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
13	0	0,0	0	0,0	5	7,0	3	9,4	1	100,0	0	0,0
14	0	0,0	1	25,0	4	5,6	4	12,5	0	0,0	0	0,0
15	0	0,0	0	0,0	7	9,9	3	9,4	0	0,0	0	0,0
16	0	0,0	0	0,0	11	15,5	11	34,4	0	0,0	0	0,0
17	0	0,0	1	25,0	10	14,1	3	9,4	0	0,0	0	0,0
18	1	25,0	0	0,0	3	4,2	1	3,1	0	0,0	1	100,0
19	0	0,0	0	0,0	3	4,2	2	6,3	0	0,0	0	0,0
20	0	0,0	0	0,0	4	5,6	1	3,1	0	0,0	0	0,0
21	0	0,0	0	0,0	1	1,4	1	3,1	0	0,0	0	0,0
22	0	0,0	0	0,0	1	1,4	0	0,0	0	0,0	0	0,0
23	0	0,0	2	50,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
25	0	0,0	0	0,0	2	2,8	0	0,0	0	0,0	0	0,0
26	1	25,0	0	0,0	1	1,4	1	3,1	0	0,0	0	0,0
27	0	0,0	0	0,0	1	1,4	1	3,1	0	0,0	0	0,0
28	0	0,0	0	0,0	2	2,8	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Totals	4	100,0	4	100,0	71	100,0	32	100,0	1	100,0	1	100,0
Mean	16,5		19,3		16,0		16,5		13,0		18,0	
Median	14,5		20,0		16,0		16,0		13,0		18,0	



VH CDR3 length	IGHV3-21		IGHV3-23		IGHV3-30		IGHV3-48		IGHV4-34	
	No	%	No	%	No	%	No	%	No	%
8	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
9	0	0,0	1	6,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0
10	1	16,7	0	0,0	0	0,0	1	8,3	1	5,3
11	2	33,3	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
12	0	0,0	1	6,7	1	10,0	0	0,0	0	0,0
13	0	0,0	1	6,7	0	0,0	2	16,7	1	5,3
14	1	16,7	1	6,7	1	10,0	1	8,3	3	15,8
15	0	0,0	4	26,7	1	10,0	0	0,0	1	5,3
16	1	16,7	2	13,3	1	10,0	2	16,7	7	36,8
17	0	0,0	2	13,3	2	20,0	2	16,7	2	10,5
18	0	0,0	1	6,7	0	0,0	0	0,0	1	5,3
19	0	0,0	1	6,7	0	0,0	2	16,7	1	5,3
20	1	16,7	0	0,0	1	10,0	2	16,7	0	0,0
21	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	5,3
22	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
23	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
25	0	0,0	0	0,0	2	20,0	0	0,0	0	0,0
26	0	0,0	1	6,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0
27	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	5,3
28	0	0,0	0	0,0	1	10,0	0	0,0	0	0,0
Totals	6	100,0	15	100,0	10	100,0	12	100,0	19	100,0
Mean	13,7		15,8		18,9		16,2		16,4	
Median	12,5		15,0		17,0		15,5		16,0	

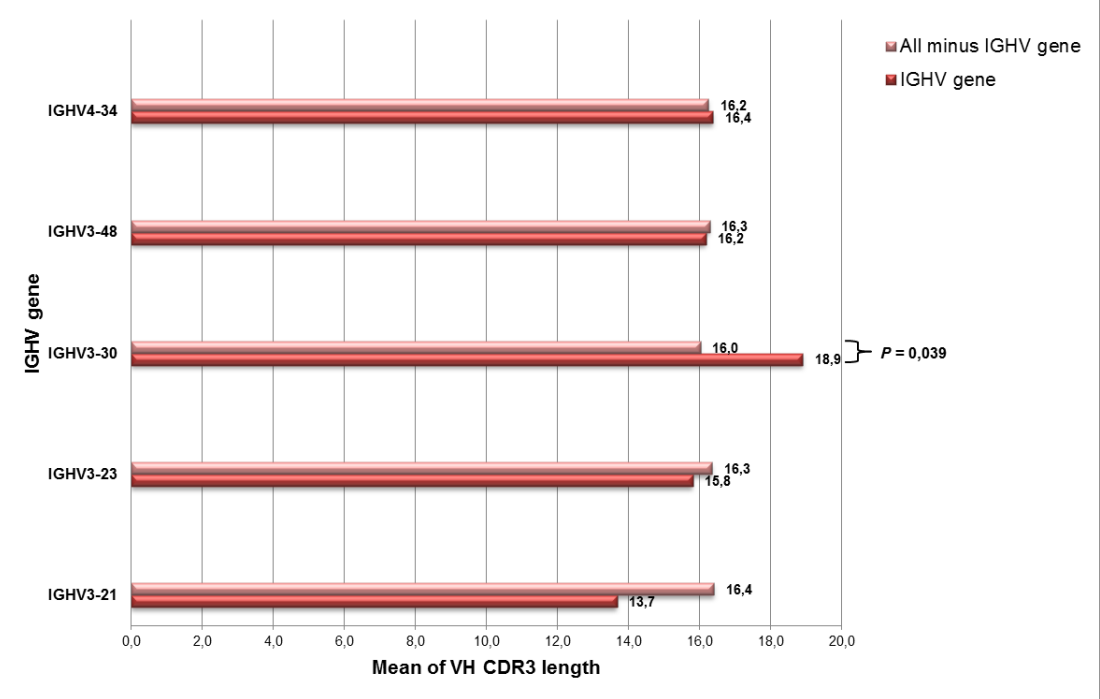
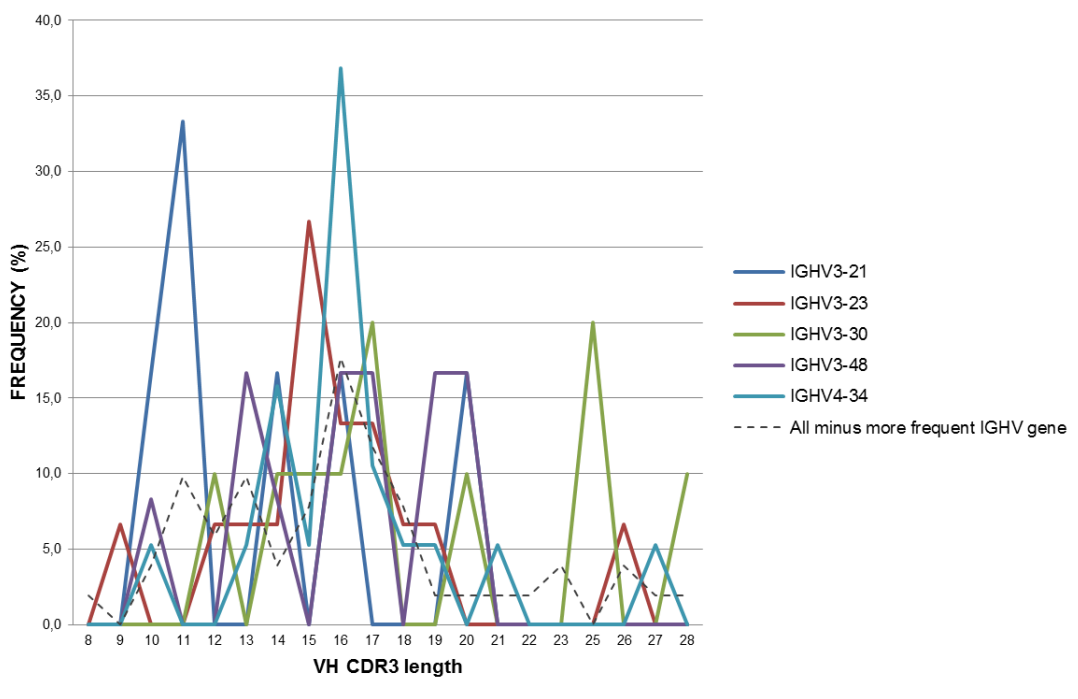


Table S7. Frequencies of IGHV, IGHD and IGHJ subgroups in the clonal V-D-J rearrangements of transformed follicular lymphoma (tFL).

IGH subgroup	Frequency, n	Frequency, %
IGHV1	1	3,2
IGHV2	0	0,0
IGHV3	23	74,2
IGHV4	6	19,4
IGHV5	1	3,2
IGHV6	0	0,0
IGHV7	0	0,0
Totals	31	100,0

IGH subgroup	Frequency, n	Frequency, %
IGHD1	3	12,0
IGHD2	8	32,0
IGHD3	8	32,0
IGHD4	2	8,0
IGHD5	0	0,0
IGHD6	4	16,0
IGHD7	0	0,0
Totals	25	100,0

IGH subgroup	Frequency, n	Frequency, %
IGHJ1	0	0,0
IGHJ2	1	3,8
IGHJ3	3	11,5
IGHJ4	12	46,2
IGHJ5	4	15,4
IGHJ6	6	23,1
Totals	26	100,0

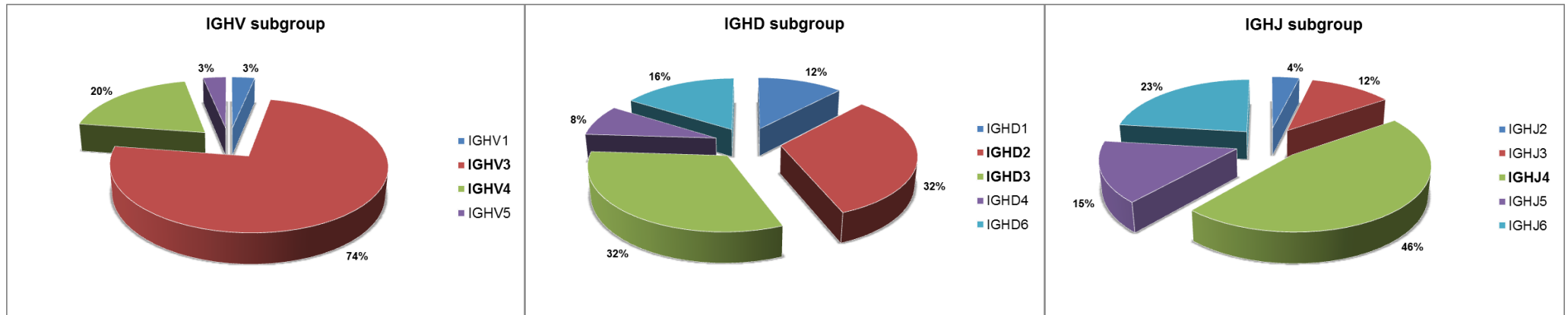


Table S8. IGHV gene repertoire of the tFL series.

IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %
IGHV1-2	0	0,0	IGHV3-30	4	12,9	IGHV4-38-2	0	0,0
IGHV1-3	0	0,0	IGHV3-30-3	0	0,0	IGHV4-39	1	3,2
IGHV1-8	0	0,0	IGHV3-30-5	0	0,0	IGHV4-55	0	0,0
IGHV1-18	0	0,0	IGHV3-33	0	0,0	IGHV4-59	0	0,0
IGHV1-24	0	0,0	IGHV3-43	0	0,0	IGHV4-61	0	0,0
IGHV1-45	0	0,0	IGHV3-43D	0	0,0	IGHV5-10-1	0	0,0
IGHV1-46	0	0,0	IGHV3-48	6	19,4	IGHV5-51	1	3,2
IGHV1-58	0	0,0	IGHV3-49	0	0,0	IGHV6-1	0	0,0
IGHV1-69	1	3,2	IGHV3-53	0	0,0	IGHV7-4-1	0	0,0
IGHV1-69-2	0	0,0	IGHV3-64	0	0,0	Totals	31	100,0
IGHV1-69D	0	0,0	IGHV3-64D	0	0,0			
IGHV2-5	0	0,0	IGHV3-66	0	0,0			
IGHV2-26	0	0,0	IGHV3-72	0	0,0			
IGHV2-70	0	0,0	IGHV3-73	1	3,2			
IGHV2-70D	0	0,0	IGHV3-74	1	3,2			
IGHV3-7	1	3,2	IGHV3-NL1	0	0,0			
IGHV3-9	0	0,0	IGHV4-4	0	0,0			
IGHV3-11	0	0,0	IGHV4-28	0	0,0			
IGHV3-13	1	3,2	IGHV4-30	0	0,0			
IGHV3-15	1	3,2	IGHV4-30-1	0	0,0			
IGHV3-20	0	0,0	IGHV4-30-2	0	0,0			
IGHV3-21	4	12,9	IGHV4-30-4	0	0,0			
IGHV3-23	4	12,9	IGHV4-31	0	0,0			
IGHV3-23D	0	0,0	IGHV4-34	5	16,1			

IGHV GENE REPERTOIRE (%)

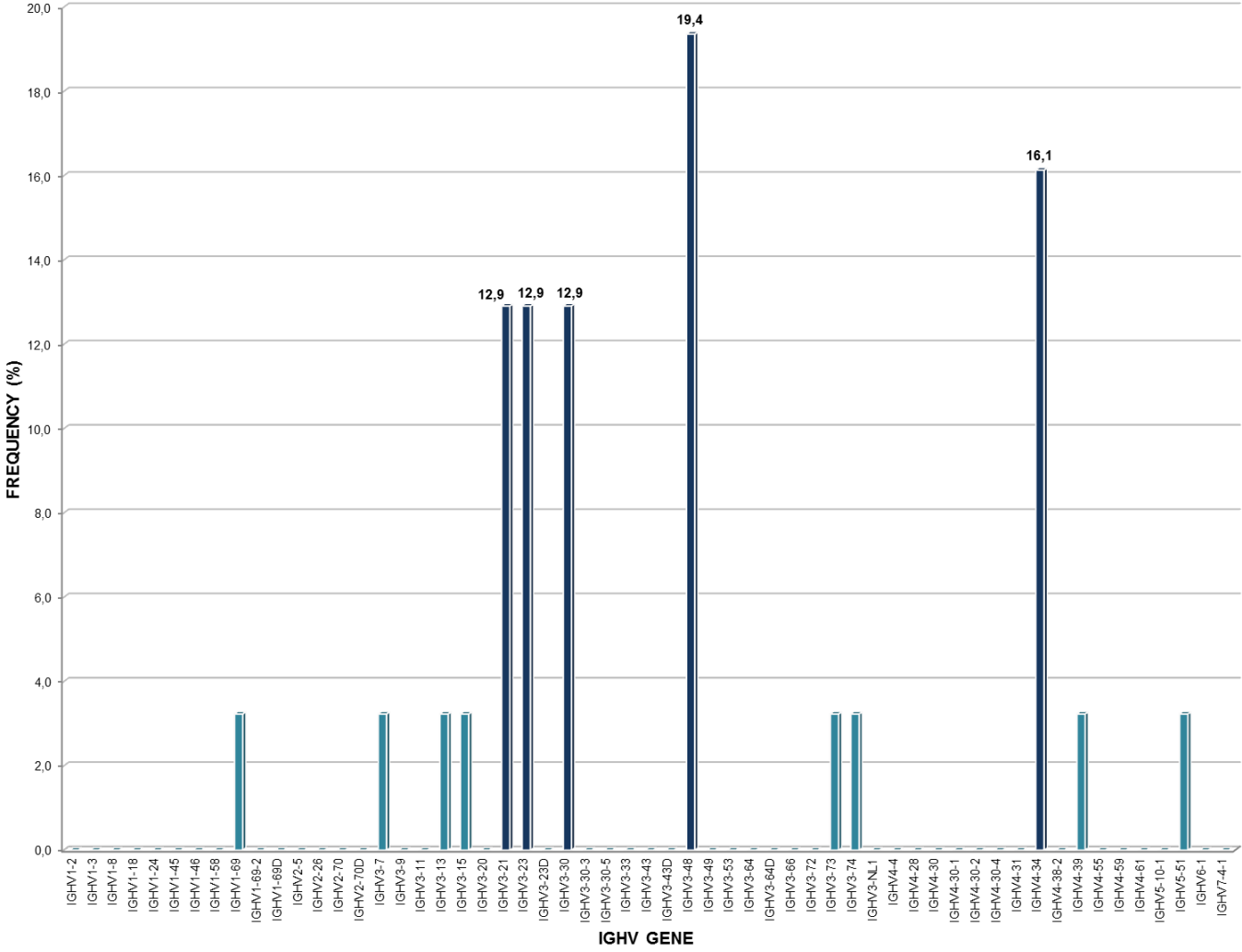


Table S9. IGHD gene repertoire of the tFL series.

IGHD gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHD gene	Frequency, n	Frequency, %
IGHD1-1	0	0,0	IGHD6-6	1	4,0
IGHD1-7	0	0,0	IGHD6-13	1	4,0
IGHD1-14	0	0,0	IGHD6-19	0	0,0
IGHD1-20	1	4,0	IGHD6-25	2	8,0
IGHD1-26	2	8,0	IGHD7-27	0	0,0
IGHD2-2	3	12,0	Totals	25	100,0
IGHD2-8	0	0,0			
IGHD2-15	2	8,0			
IGHD2-21	3	12,0			
IGHD3-3	0	0,0			
IGHD3-9	1	4,0			
IGHD3-10	3	12,0			
IGHD3-16	1	4,0			
IGHD3-22	3	12,0			
IGHD4-4	0	0,0			
IGHD4-11	1	4,0			
IGHD4-17	0	0,0			
IGHD4-23	1	4,0			
IGHD5-5	0	0,0			
IGHD5-12	0	0,0			
IGHD5-18	0	0,0			
IGHD5-24	0	0,0			

IGHD GENE REPERTOIRE (%)

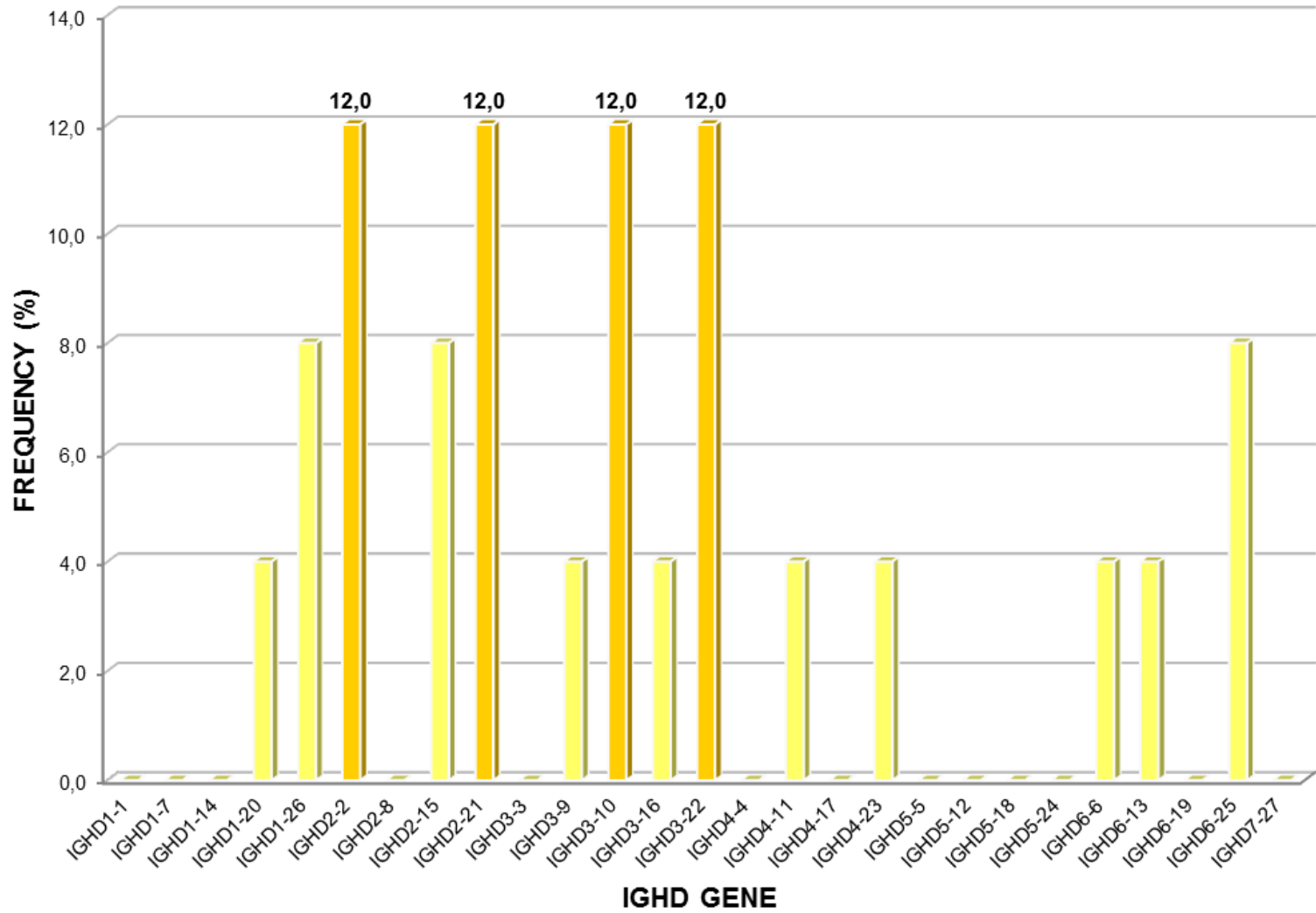


Table S10. Comparative analysis of the IGHV usage in tFL with FL and GCB/non-GCB DLBCL.

IGH	tFL (n=31)		FL (n=63)		P	GCB DLBCL (n=32) ¹		P	non-GCB DLBCL (n=48) ¹		P
	n	%	n	%		n	%		n	%	
IGHV											
1	1	3,2	3	4,8	1,0000	4	12,5	0,3540	11	22,9	0,0245
2	0	0,0	2	3,2	1,0000	1	3,1	0,4918	1	2,1	1,0000
3	23	74,2	40	63,5	0,3560	19	59,4	0,2831	19	39,6	0,0027
4	6	19,4	17	27,0	0,4580	6	18,8	1,0000	15	31,3	0,1373
5	1	3,2	0	0,0	0,3298	1	3,1	1,0000	2	4,2	1,0000
6	0	0,0	1	1,6	1,0000	1	3,1	0,4918	0	0,0	1,0000
7	0	0,0	0	0,0	1,0000	0	0,0	1,0000	0	0,0	1,0000
3-21	4	12,9	5	7,9	0,4710	2	6,3	0,6713	1	2,1	0,0680
3-23	4	12,9	8	12,7	1,0000	3	9,4	1,0000	6	12,5	1,0000
3-30	4	12,9	9	14,3	1,0000	0	0,0	0,1128	0	0,0	0,0189
3-48	6	19,4	3	4,8	0,0551	2	6,3	0,2554	2	4,2	0,0491
4-34	5	16,1	8	12,7	0,7528	0	0,0	0,0525	12	25,0	0,2853

References: 1-Diffuse Large B-Cell Lymphoma, Sebastian et al, American Journal of Pathology 2012

Table S11. Comparison of the IGHV gene usage in tFL with FL and GCB/non-GCB DLBCL.

tFL			FL			GCB DLBCL ¹			non-GCB DLBCL ¹		
IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %	IGHV gene	Frequency, n	Frequency, %
IGHV1-2	0	0,0	IGHV1-2	0	0,0	IGHV1-2	0	0,0	IGHV1-2	3	6,3
IGHV1-3	0	0,0	IGHV1-3	0	0,0	IGHV1-3	0	0,0	IGHV1-3	1	2,1
IGHV1-8	0	0,0	IGHV1-8	1	1,6	IGHV1-8	1	3,1	IGHV1-8	1	2,1
IGHV1-18	0	0,0	IGHV1-18	0	0,0	IGHV1-18	1	3,1	IGHV1-18	2	4,2
IGHV1-24	0	0,0	IGHV1-24	0	0,0	IGHV1-24	0	0,0	IGHV1-24	0	0,0
IGHV1-45	0	0,0	IGHV1-45	0	0,0	IGHV1-45	0	0,0	IGHV1-45	0	0,0
IGHV1-46	0	0,0	IGHV1-46	1	1,6	IGHV1-46	1	3,1	IGHV1-46	1	2,1
IGHV1-58	0	0,0	IGHV1-58	0	0,0	IGHV1-58	0	0,0	IGHV1-58	0	0,0
IGHV1-69	1	3,2	IGHV1-69	1	1,6	IGHV1-69	1	3,1	IGHV1-69	3	6,3
IGHV1-69-2	0	0,0	IGHV1-69-2	0	0,0	IGHV1-69-2	0	0,0	IGHV1-69-2	0	0,0
IGHV1-69D	0	0,0	IGHV1-69D	0	0,0	IGHV1-69D	0	0,0	IGHV1-69D	0	0,0
IGHV2-5	0	0,0	IGHV2-5	1	1,6	IGHV2-5	1	3,1	IGHV2-5	1	2,1
IGHV2-26	0	0,0	IGHV2-26	0	0,0	IGHV2-26	0	0,0	IGHV2-26	0	0,0
IGHV2-70	0	0,0	IGHV2-70	1	1,6	IGHV2-70	0	0,0	IGHV2-70	0	0,0
IGHV2-70D	0	0,0	IGHV2-70D	0	0,0	IGHV2-70D	0	0,0	IGHV2-70D	0	0,0
IGHV3-7	1	3,2	IGHV3-7	4	6,3	IGHV3-7	2	6,3	IGHV3-7	2	4,2
IGHV3-9	0	0,0	IGHV3-9	0	0,0	IGHV3-9	0	0,0	IGHV3-9	2	4,2
IGHV3-11	0	0,0	IGHV3-11	3	4,8	IGHV3-11	2	6,3	IGHV3-11	0	0,0
IGHV3-13	1	3,2	IGHV3-13	0	0,0	IGHV3-13	1	3,1	IGHV3-13	0	0,0
IGHV3-15	1	3,2	IGHV3-15	2	3,2	IGHV3-15	0	0,0	IGHV3-15	1	2,1
IGHV3-20	0	0,0	IGHV3-20	1	1,6	IGHV3-20	1	3,1	IGHV3-20	0	0,0
IGHV3-21	4	12,9	IGHV3-21	5	7,9	IGHV3-21	2	6,3	IGHV3-21	1	2,1

IGHV3-23	4	12,9	IGHV3-23	8	12,7	IGHV3-23	3	9,4	IGHV3-23	6	12,5
IGHV3-23D	0	0,0	IGHV3-23D	0	0,0	IGHV3-23D	0	0,0	IGHV3-23D	0	0,0
IGHV3-30	4	12,9	IGHV3-30	9	14,3	IGHV3-30	0	0,0	IGHV3-30	0	0,0
IGHV3-30-3	0	0,0	IGHV3-30-3	0	0,0	IGHV3-30-3	0	0,0	IGHV3-30-3	0	0,0
IGHV3-30-5	0	0,0	IGHV3-30-5	0	0,0	IGHV3-30-5	0	0,0	IGHV3-30-5	0	0,0
IGHV3-33	0	0,0	IGHV3-33	4	6,3	IGHV3-33	3	9,4	IGHV3-33	0	0,0
IGHV3-43	0	0,0	IGHV3-43	0	0,0	IGHV3-43	0	0,0	IGHV3-43	0	0,0
IGHV3-43D	0	0,0	IGHV3-43D	0	0,0	IGHV3-43D	0	0,0	IGHV3-43D	0	0,0
IGHV3-48	6	19,4	IGHV3-48	3	4,8	IGHV3-48	2	6,3	IGHV3-48	2	4,2
IGHV3-49	0	0,0	IGHV3-49	0	0,0	IGHV3-49	0	0,0	IGHV3-49	0	0,0
IGHV3-53	0	0,0	IGHV3-53	1	1,6	IGHV3-53	2	6,3	IGHV3-53	4	8,3
IGHV3-64	0	0,0	IGHV3-64	0	0,0	IGHV3-64	0	0,0	IGHV3-64	0	0,0
IGHV3-64D	0	0,0	IGHV3-64D	0	0,0	IGHV3-64D	0	0,0	IGHV3-64D	0	0,0
IGHV3-66	0	0,0	IGHV3-66	0	0,0	IGHV3-66	0	0,0	IGHV3-66	0	0,0
IGHV3-72	0	0,0	IGHV3-72	0	0,0	IGHV3-72	0	0,0	IGHV3-72	0	0,0
IGHV3-73	1	3,2	IGHV3-73	0	0,0	IGHV3-73	0	0,0	IGHV3-73	0	0,0
IGHV3-74	1	3,2	IGHV3-74	0	0,0	IGHV3-74	1	3,1	IGHV3-74	0	0,0
IGHV3-NL1	0	0,0	IGHV3-NL1	0	0,0	IGHV3-NL1	0	0,0	IGHV3-NL1	0	0,0
IGHV4-4	0	0,0	IGHV4-4	0	0,0	IGHV4-4	0	0,0	IGHV4-4	0	0,0
IGHV4-28	0	0,0	IGHV4-28	0	0,0	IGHV4-28	1	3,1	IGHV4-28	0	0,0
IGHV4-30	0	0,0	IGHV4-30	1	1,6	IGHV4-30	0	0,0	IGHV4-30	0	0,0
IGHV4-30-1	0	0,0	IGHV4-30-1	0	0,0	IGHV4-30-1	0	0,0	IGHV4-30-1	0	0,0
IGHV4-30-2	0	0,0	IGHV4-30-2	0	0,0	IGHV4-30-2	0	0,0	IGHV4-30-2	0	0,0
IGHV4-30-4	0	0,0	IGHV4-30-4	0	0,0	IGHV4-30-4	0	0,0	IGHV4-30-4	0	0,0
IGHV4-31	0	0,0	IGHV4-31	0	0,0	IGHV4-31	0	0,0	IGHV4-31	0	0,0
IGHV4-34	5	16,1	IGHV4-34	8	12,7	IGHV4-34	0	0,0	IGHV4-34	12	25,0
IGHV4-38-2	0	0,0	IGHV4-38-2	0	0,0	IGHV4-38-2	0	0,0	IGHV4-38-2	0	0,0

IGHV4-39	1	3,2	IGHV4-39	3	4,8	IGHV4-39	3	9,4	IGHV4-39	2	4,2
IGHV4-55	0	0,0	IGHV4-55	1	1,6	IGHV4-55	0	0,0	IGHV4-55	0	0,0
IGHV4-59	0	0,0	IGHV4-59	1	1,6	IGHV4-59	1	3,1	IGHV4-59	1	2,1
IGHV4-61	0	0,0	IGHV4-61	3	4,8	IGHV4-61	1	3,1	IGHV4-61	1	2,1
IGHV5-1	0	0,0	IGHV5-1	0	0,0	IGHV5-1	0	0,0	IGHV5-1	1	2,1
IGHV5-10-1	0	0,0	IGHV5-10-1	0	0,0	IGHV5-10-1	0	0,0	IGHV5-10-1	0	0,0
IGHV5-51	1	3,2	IGHV5-51	0	0,0	IGHV5-51	1	3,1	IGHV5-51	1	2,1
IGHV6-1	0	0,0	IGHV6-1	1	1,6	IGHV6-1	1	3,1	IGHV6-1	0	0,0
IGHV7-4-1	0	0,0	IGHV7-4-1	0	0,0	IGHV7-4-1	0	0,0	IGHV7-4-1	0	0,0
Totals	31	100,0	Totals	63	100,0	Totals	32	100,0	Totals	48	100,0

References: 1-Diffuse Large B-Cell Lymphoma, Sebastian et al, American Journal of Pathology 2012

IGHV GENE REPERTOIRE (%)

