Gene-Exon	A RP1	CA G	JIM3	ENLL	KMM1	KM 811	KM S28PE	MM1S	OCIMYS	R P M 18226	SA CHI	U266	XG-1	
EAE1-4	0	0	0.28	1.48	0.66	1.03	0.94	0.51	0	0	0.64	0.86	0.87	94.20%
FAF1_4	0.01	0.00	0.36	1.23	0.78	1.44	0.99	0.55	0.00	0.00	0.62	0.93	0.96	
CDKN2C-3	0	0	0.33	1.26	0.72	0.19	0.5	0	0	0	0.6	0.77	0.83	100.00%
CDKN2C_2	0.00	0.00	0.36	1.05	0.71	0.25	0.53	0.00	0.00	0.00	0.50	0.78	0.69	
FAM46C-2	0.53	0.48	0.62	1.77	0.56	0.29	0.51	0.57	0.56	0.71	0.66	0.86	0.72	100.00%
FAM46C_1	0.59	0.54	0.68	1.57	0.55	0.37	0.55	0.63	0.57	0.76	0.58	0.91	0.87	
JAK2-6	0.97	1.04	0.62	0.93	0.79	0.74	1.01	1.02	1.42	0.8	0.61	0.75	1.15	100.00%
JAK2_6	1.18	1.09	0.81	0.83	0.94	1.02	1.11	1.13	1.25	0.68	0.60	0.91	1.12	
CD27-3	1.04	1.12	1.03	0.95	1.12	0.69	1.04	1.09	1.03	1.47	0.85	0.81	1.05	100.00%
CD27_CN_3	1.10	1.02	1.03	0.78	1.03	0.86	1.07	1.03	1.09	1.12	0.88	0.91	0.96	
CHD4-40	1.02	1.01	0.95	0.97	1.09	0.67	1.02	1.04	1.03	1.11	1.01	0.97	0.91	100.00%
CHD4_40	0.86	0.85	0.80	0.69	0.91	0.79	0.97	0.93	0.92	0.92	0.76	0.91	0.71	
CHD4-2	0.99	1.03	0.8	1.03	0.96	0.57	1.08	1.12	0.99	1.13	0.98	0.99	0.83	100.00%
CHD4_2	0.96	0.91	0.89	0.74	1.05	0.63	1.03	1.02	1.05	1.10	0.79	0.86	0.84	
RB1-8	0.84	1,19	0.61	0.97	0.6	0.49	0	0.52	0.92	0.76	1.1	0.54	0.52	100.00%
RB1_8	0.97	1.33	0.89	0.89	0.69	0.71		0.61	0.59	0.64	1.19	0.61	0.49	
RB1-26	0.88	1.28	0.65	0.99	0.6	0.57	0.45	0.56	1.05	0.67	1.28	0.58	0.5	100.00%
RB1_26	1.06	1.33	0.80	1.02	0.67	0.58	0.42	0.60	0.57	0.65	1.01	0.69	0.58	
DIS3-18	0.83	1.16	0.57	0.9	0.59	0.5	0.87	0.5	0.96	0.79	1.23	1.03	0.52	100.00%
DIS3_18	0.85	1.26	0.69	0.76	0.53	0.61	0.98	0.55	0.80	0.81	1.12	1.20	0.53	
DIS3-6	0.77	1.14	0.58	0.86	0.57	0.48	0.84	0.49	0.9	0.99	1.08	0.91	0.58	100.00%
DIS3_6	0.83	1.17	0.65	0.76	0.60	0.65	0.95	0.51	0.70	0.71	1.03	1.08	0.50	
TRAF3-3	0.76	0.85	0.6	0.95	1.3	0.5	1.33	0.53	1.79	0.92	0.86	0.78	0.83	100.00%
TRAF3_3	0.78	0.81	0.57	0.77	1.26	0.55	1.40	0.50	1.94	0.73	0.86	0.87	0.72	
TRAF3-11	0.79	0.8	0.58	0.94	1.32	0.26	1.39	0.53	1.83	0	0.88	0.78	0.96	100.00%
TRAF3_11	0.84	0.75	0.59	0.73	1.16	0.31	1.45	0.43	1.93	0.00	0.79	0.79	0.72	
CYLD-19	0.9	1.16	0.91	0.99	0.99	0.82	0.99	1.01	0.47	1.66	0.61	0.89	0.99	100.00%
CYLD_19	1.03	1.06	1.14	0.81	1.12	1.11	1.15	1.15	0.54	1.67	0.62	0.98	0.98	
TP53-7	0	0	0.35	0.5	0.69	0	0.62	1.05	0.74	0.93	0.57	0.53	1.16	100.00%
TP53_7	0.00		0.34	0.41	0.55	0.00	0.68	0.99	0.76	0.73	0.56	0.55	0.97	
	Average											rage	99.61%	

Supplementary Table 5. Comparison of MLPA and NGS copy number determination for common regions of interest in 13 MM cell lines.