

**Table 5S. Comparison between multiple myeloma Institutional Series and previously published :**

IGHV usage					Statistically significant difference between MMIS and series of Hadzidimitriou	IGHV usage	
IGHV	MMIS #	MMIS %	Hadzidimitriou #	Hadzidimitriou %		IGHV	MMIS #
1-18	1	0,8%	2	2,7%	$p=ns$	1-18	1
1-2	1	0,8%	3	4,1%	$p=ns$	1-2	1
1-24	1	0,8%	2	2,7%	$p=ns$	1-24	1
1-3	1	0,8%	1	1,4%	$p=ns$	1-3	1
1-46	1	0,8%	0	0,0%	$p=ns$	1-46	1
1-69	7	5,3%	6	8,1%	$p=ns$	1-69	7
1-8	0	0,0%	0	0,0%	$p=ns$	1-8	0
1-f	0	0,0%	0	0,0%	$p=ns$	1-f	0
2-26	1	0,8%	3	4,1%	$p=ns$	2-26	1
2-5	4	3,1%	2	2,7%	$p=ns$	2-5	4
2-70	4	3,1%	1	1,4%	$p=ns$	2-70	4
3-11	3	2,3%	2	2,7%	$p=ns$	3-11	3
3-13	0	0,0%	0	0,0%	$p=ns$	3-13	0
3-15	6	4,6%	3	4,1%	$p=ns$	3-15	6
3-20	2	1,5%	1	1,4%	$p=ns$	3-20	2
3-21	9	6,9%	3	4,1%	$p=ns$	3-21	9
3-23	10	7,6%	2	2,7%	$p=ns$	3-23	10
3-30	10	7,6%	3	4,1%	$p=ns$	3-30	10
3-30-3	13	9,9%	5	6,8%	$p=ns$	3-30-3	13
3-33	6	4,6%	1	1,4%	$p=ns$	3-33	6
3-43	3	2,3%	0	0,0%	$p=ns$	3-43	3
3-48	4	3,1%	1	1,4%	$p=ns$	3-48	4
3-49	0	0,0%	1	1,4%	$p=ns$	3-49	0
3-64	3	2,3%	1	1,4%	$p=ns$	3-64	3
3-66	0	0,0%	1	1,4%	$p=ns$	3-66	0
3-7	3	2,3%	2	2,7%	$p=ns$	3-7	3
3-72	0	0,0%	0	0,0%	$p=ns$	3-72	0
3-73	0	0,0%	0	0,0%	$p=ns$	3-73	0
3-74	3	2,3%	2	2,7%	$p=ns$	3-74	3
3-9	6	4,6%	3	4,1%	$p=ns$	3-9	6
4-30-2	1	0,8%	1	1,4%	$p=ns$	4-30-2	1
4-30-4	1	0,8%	0	0,0%	$p=ns$	4-30-4	1
4-31	1	0,8%	1	1,4%	$p=ns$	4-31	1
4-34	2	1,5%	1	1,4%	$p=ns$	4-34	2
4-39	4	3,1%	4	5,4%	$p=ns$	4-39	4
4-4	2	1,5%	5	6,8%	$p=ns$	4-4	2
4-59	5	3,8%	3	4,1%	$p=ns$	4-59	5
4-61	3	2,3%	1	1,4%	$p=ns$	4-61	3
4-b	1	0,8%	0	0,0%	$p=ns$	4-b	1
5-51	5	3,8%	6	8,1%	$p=ns$	5-51	5
5-a	0	0,0%	0	0,0%	$p=ns$	5-a	0
6-1	4	3,1%	1	1,4%	$p=ns$	6-1	4
<b>TOTAL</b>	<b>131</b>	<b>100,0%</b>	<b>74</b>	<b>100,0%</b>		<b>TOTAL</b>	<b>131</b>

IGHD usage					Statistically significant difference between MMIS and series of Hadzidimitriou	IGHD usage	
IGHD	MMIS #	MMIS %	Hadzidimitriou #	Hadzidimitriou %		IGHD	MMIS #
1-1	4	3,1%	1	1,4%	$p=ns$	1-1	4
1-14	1	0,8%	1	1,4%	$p=ns$	1-14	1
1-26	6	4,6%	2	2,7%	$p=ns$	1-26	6
1-7	3	2,3%	0	0,0%	$p=ns$	1-7	3
2-15	4	3,1%	4	5,4%	$p=ns$	2-15	4
2-2	10	7,6%	4	5,4%	$p=ns$	2-2	10
2-21	6	4,6%	3	4,1%	$p=ns$	2-21	6
2-8	3	2,3%	5	6,8%	$p=ns$	2-8	3
3-10	18	13,7%	8	10,8%	$p=ns$	3-10	18
3-16	10	7,6%	4	5,4%	$p=ns$	3-16	10
3-22	8	6,1%	5	6,8%	$p=ns$	3-22	8
3-3	9	6,9%	8	10,8%	$p=ns$	3-3	9
3-9	4	3,1%	1	1,4%	$p=ns$	3-9	4
4-17	7	5,3%	5	6,8%	$p=ns$	4-17	7
4-23	2	1,5%	4	5,4%	$p=ns$	4-23	2
4-4	2	1,5%	1	1,4%	$p=ns$	4-4	2
5-12	7	5,3%	2	2,7%	$p=ns$	5-12	7
5-24	4	3,1%	1	1,4%	$p=ns$	5-24	4
5-5	5	3,8%	2	2,7%	$p=ns$	5-5	5
6-13	3	2,3%	4	5,4%	$p=ns$	6-13	3
6-19	8	6,1%	6	8,1%	$p=ns$	6-19	8
6-25	1	0,8%	0	0,0%	$p=ns$	6-25	1
6-6	4	3,1%	1	1,4%	$p=ns$	6-6	4
7-27	0	0,0%	1	1,4%	$p=ns$	7-27	0
nd	2	1,5%	1	1,4%	$p=ns$	nd	2
<b>TOTAL</b>	<b>131</b>	<b>100,0%</b>	<b>74</b>	<b>100,0%</b>		<b>TOTAL</b>	<b>131</b>

MM IGHVDJ usage

IGHJ usage

IGHJ	MMIS #	MMIS %	Hadzidimitriou #	Hadzidimitriou %
1	2	1,5%	3	4,1%
2	4	3,1%	5	6,8%
3	7	5,3%	11	14,9%
4	84	64,1%	34	45,9%
5	22	16,8%	7	9,5%
6	12	9,2%	14	18,9%
<b>TOTAL</b>	131	100,0%	74	100,0%

Statistically significant difference between MMIS and series of Hadzidimitriou  
 $p=ns$   
 $p=ns$   
 $p<0,05$   
 $p<0,05$   
 $p=ns$   
 $p<0,05$

IGHJ usage

IGHJ	MMIS #
1	2
2	4
3	7
4	84
5	22
6	12
<b>TOTAL</b>	131

Abbreviations and references

MM Multiple myeloma  
 IGHV Immunoglobulin heavy chain variable gene  
 IGHD Immunoglobulin heavy chain diversity gene  
 IGHJ Immunoglobulin heavy chain junction gene  
 MMIS MM Institutional Series  
 MMLS MM Literature Series  
 nd Not determined  
 ns Not statistically significant  
*(italics)* Statistically significant differences

Hadzidimitriou: *Hadzidimitriou A, Stamatopoulos K, Belessi C, Lalayianni C, Stavroyianni N, Smilevska T et al. Immunoglobulin genes in multiple myeloma: expres*  
 González: *González D, González M, Balanzategui A, Sarasquete ME, López-Pérez R, Chillón MC et al. Molecular characteristics and gene segment usage in*  
 Rettig: *Rettig MB, Vescio RA, Cao J, Wu CH, Lee JC, Han E et al. VH gene usage in multiple myeloma: complete absence of the VH4.21 (VH4-34) gene.*

smaller multiple myeloma series in terms of IGHV-D-J genes usage

IGHV usage

MMIS %	González #	González %	Statistically significant difference between MMIS and series of González
0,8%	1	1,4%	p=ns
0,8%	1	1,4%	p=ns
0,8%	2	2,8%	p=ns
0,8%	1	1,4%	p=ns
0,8%	0	0,0%	p=ns
5,3%	1	1,4%	p=ns
0,0%	0	0,0%	p=ns
0,0%	0	0,0%	p=ns
0,8%	2	2,8%	p=ns
3,1%	1	1,4%	p=ns
3,1%	2	2,8%	p=ns
2,3%	4	5,6%	p=ns
0,0%	1	1,4%	p=ns
4,6%	5	7,0%	p=ns
1,5%	0	0,0%	p=ns
6,9%	4	5,6%	p=ns
7,6%	3	4,2%	p=ns
7,6%	8	11,3%	p=ns
9,9%	0	0,0%	p<0,01
4,6%	2	2,8%	p=ns
2,3%	2	2,8%	p=ns
3,1%	4	5,6%	p=ns
0,0%	1	1,4%	p=ns
2,3%	0	0,0%	p=ns
0,0%	0	0,0%	p=ns
2,3%	1	1,4%	p=ns
0,0%	1	1,4%	p=ns
0,0%	2	2,8%	p=ns
2,3%	0	0,0%	p=ns
4,6%	2	2,8%	p=ns
0,8%	1	1,4%	p=ns
0,8%	1	1,4%	p=ns
0,8%	1	1,4%	p=ns
1,5%	2	2,8%	p=ns
3,1%	3	4,2%	p=ns
1,5%	2	2,8%	p=ns
3,8%	4	5,6%	p=ns
2,3%	1	1,4%	p=ns
0,8%	0	0,0%	p=ns
3,8%	4	5,6%	p=ns
0,0%	1	1,4%	p=ns
3,1%	0	0,0%	p=ns
100,0%	71	100,0%	

IGHV	MMIS #	MMIS %	Rettig #	Rettig %	Statistically significant difference between MMIS and series of Rettig
1-18	1	0,8%	1	1,4%	p=ns
1-2	1	0,8%	1	1,4%	p=ns
1-24	1	0,8%	1	1,4%	p=ns
1-3	1	0,8%	0	0,0%	p=ns
1-46	1	0,8%	2	2,8%	p=ns
1-69	7	5,3%	5	6,9%	p=ns
1-8	0	0,0%	1	1,4%	p=ns
1-f	0	0,0%	2	2,8%	p=ns
2-26	1	0,8%	0	0,0%	p=ns
2-5	4	3,1%	3	4,2%	p=ns
2-70	4	3,1%	1	1,4%	p=ns
3-11	3	2,3%	1	1,4%	p=ns
3-13	0	0,0%	0	0,0%	p=ns
3-15	6	4,6%	2	2,8%	p=ns
3-20	2	1,5%	0	0,0%	p=ns
3-21	9	6,9%	0	0,0%	p<0,05
3-23	10	7,6%	5	6,9%	p=ns
3-30	10	7,6%	9	12,5%	p=ns
3-30-3	13	9,9%	2	2,8%	p=ns
3-33	6	4,6%	1	1,4%	p=ns
3-43	3	2,3%	2	2,8%	p=ns
3-48	4	3,1%	4	5,6%	p=ns
3-49	0	0,0%	0	0,0%	p=ns
3-64	3	2,3%	0	0,0%	p=ns
3-66	0	0,0%	0	0,0%	p=ns
3-7	3	2,3%	1	1,4%	p=ns
3-72	0	0,0%	0	0,0%	p=ns
3-73	0	0,0%	0	0,0%	p=ns
3-74	3	2,3%	3	4,2%	p=ns
3-9	6	4,6%	4	5,6%	p=ns
4-30-2	1	0,8%	1	1,4%	p=ns
4-30-4	1	0,8%	0	0,0%	p=ns
4-31	1	0,8%	2	2,8%	p=ns
4-34	2	1,5%	0	0,0%	p=ns
4-39	4	3,1%	3	4,2%	p=ns
4-4	2	1,5%	5	6,9%	p=ns
4-59	5	3,8%	3	4,2%	p=ns
4-61	3	2,3%	0	0,0%	p=ns
4-b	1	0,8%	0	0,0%	p=ns
5-51	5	3,8%	3	4,2%	p=ns
5-a	0	0,0%	3	4,2%	p<0,05
6-1	4	3,1%	1	1,4%	p=ns
TOTAL	131	100,0%	72	100,0%	

IGHD usage

MMIS %	González #	González %	Statistically significant difference between MMIS and series of González
3,1%	2	2,8%	p=ns
0,8%	0	0,0%	p=ns
4,6%	3	4,2%	p=ns
2,3%	0	0,0%	p=ns
3,1%	3	4,2%	p=ns
7,6%	5	7,0%	p=ns
4,6%	6	8,5%	p=ns
2,3%	1	1,4%	p=ns
13,7%	5	7,0%	p=ns
7,6%	1	1,4%	p=ns
6,1%	7	9,7%	p=ns
6,9%	2	2,8%	p=ns
3,1%	2	2,8%	p=ns
5,3%	5	6,9%	p=ns
1,5%	1	1,4%	p=ns
1,5%	1	1,4%	p=ns
5,3%	3	4,2%	p=ns
3,1%	2	2,8%	p=ns
3,8%	4	5,6%	p=ns
2,3%	2	2,8%	p=ns
6,1%	4	5,6%	p=ns
0,8%	0	0,0%	p=ns
3,1%	2	2,8%	p=ns
0,0%	4	5,6%	p=ns
1,5%	7	9,7%	p=ns
100,0%	72	100,0%	

IGHD	Rettig #
1-1	nd
1-14	nd
1-26	nd
1-7	nd
2-15	nd
2-2	nd
2-21	nd
2-8	nd
3-10	nd
3-16	nd
3-22	nd
3-3	nd
3-9	nd
4-17	nd
4-23	nd
4-4	nd
5-12	nd
5-24	nd
5-5	nd
6-13	nd
6-19	nd
6-25	nd
6-6	nd
7-27	nd
nd	nd
TOTAL	nd

MM IGHVDJ usage

MMIS %	González #	González %	Statistically significant difference between MMIS and series of González
1,5%	1	1,4%	$p=ns$
3,1%	1	1,4%	$p=ns$
5,3%	13	18,3%	$p<0,01$
64,1%	38	53,5%	$p=ns$
16,8%	6	8,5%	$p=ns$
9,2%	13	18,3%	$p=ns$
100,0%	72	100,0%	

IGHJ usage

IGHJ	Rettig #
1	nd
2	nd
3	nd
4	nd
5	nd
6	nd
TOTAL	nd

ssed and non-expressed repertoires, heavy and light chain pairings and somatic mutation patterns in a series of 101 cases. *Haematologica* 2006; 91:781-787.  
 7 IGH gene rearrangements in multiple myeloma. *Haematologica* 2005; 90:906-913.  
*Blood* 1996; 87: 2846-2852.