传统上，病理学家的任务是通过肉眼检查肿瘤样本来评估肿瘤纯度和倍性。基因组技术在过去十年的发展为从计算机推断肿瘤纯度和来自基因组数据的倍性打开了大门。最近，“肿瘤细胞-正常细胞对”测序在研究人员对癌症基因组进行分析时获得了显着的推动力，因为比起仅有肿瘤细胞的测序，其统计学效率更高。（Garofalo等，2016; Mwenifumbo和Marra，2013）。  
癌症基因组图谱（TCGA）包含近千个由高覆盖率（> 30？）全基因组测序（WGS）和另外一千个由低覆盖率（6-8？）WGS 。大量的计算方法（Andor等，2014; Carter等，2012; Gusnanto等，2012; Larson和Fridley，2013; Li和Xie，2014; Mayrhofer等，2013; Oesper等， ，2013; Su et al。，2012; Yu et al。，2014）已被开发用于推断“肿瘤细胞-正常细胞对”WGS数据的肿瘤纯度和倍性。  
估计肿瘤纯度和倍性依赖于可以在肿瘤样本中区分肿瘤细胞（与正常细胞）的统计信号。肿瘤NGS数据中的统计分化主要来自于两种类型的遗传变异。一种类型的变异是体细胞拷贝数改变（SCNA）。比较肿瘤样品的SCNA位点与其匹配的正常样品的测序范围构成了统计学差异。第二种是单核苷酸变异体（SNVs）。比较肿瘤样品的SNV基因座的等位基因测序覆盖率与其匹配的正常样品的等位基因测序覆盖率构成第二统计学差异。根据这两类事件的覆盖率信息如何用于估计肿瘤纯度和倍性，现有的计算方法可以大致分为三类。第一类仅利用SCNA的覆盖范围信息（Gusnanto等，2012; Oesper等，2013）。第二类仅利用SNV的覆盖信息（Larson和Fridley，2013; Su等，2012）。第三类利用这两个信息（李和谢，2014;余等人，2014）。影响第一类和第二类方法的一个问题是可识别性问题，其中肿瘤纯度和肿瘤细胞倍性的不同组合可以同样很好地解释观察到的数据（Carter等，2012; Oesper等，2013）。对于仅利用SCNA的覆盖率信息的方法，（30％，3）肿瘤纯度1/4 30％和肿瘤细胞倍性1/4 3的组合可以解释该肿瘤样品的测序覆盖率同样好地解释为组合（15％，4）（和许多其他组合），因为根据方程1，这些组合导致相同的肿瘤样品倍性1/4 2 / 2.3。类似地，仅利用SNV的覆盖率信息的方法遭受相同问题17）。为了规避可识别性问题，这些方法做出明确或隐含的假设，有助于将候选人缩小到一个解决方案。例如，使用体细胞突变（一种SNVs）的B等位基因频率（BAF）来估计肿瘤纯度的方法PurityEst（Su等人，2012）有效地假定肿瘤细胞倍性等于2.CNAnorm（ Gusnanto等，2012）喜欢最接近二倍体的解决方案。 ABSOLUTE（Carter et al。，2012）除SCNA的覆盖率信息外，还包含核型数据。 Oesper等人（2013）将所有最优解或极限输出到具有克隆肿瘤群体的基线拷贝数的解决方案。  
正如在基础代数中需要两个方程来解决双变量系统一样，通过结合SCNA和SNV的覆盖信息，第三类方法可以从根本上解决这个可识别性问题（Favero等，2015; Li和Xie，2014; Yu等，2014）。考虑到这些方法中的一些，即MixClone（Favero等，2015），甚至考虑肿瘤内异质性（IRH）（Navin等，2011）。正如通过与这些方法直接比较（图4和补充图S5）所证明的那样，Accurity与它们的精确性，稳健性和速度相区别。