

TABLE S3: Distribution of mutations in the tumours of the training cohort and of the subsets that emerged according to local/central evaluation in the validation cohort.

	Training, concordant TNBC, 94/133 (70.7%) with mutations		Validation, concordant TNBC, 61/93 (74.2%) with mutations		Validation*, local TN / central nonTN, 56/80 (70.0%) with mutations		Chi sq p- value [^]
	N mutated % among tumors mutated		N mutated % among tumors mutated		N mutated % among tumors mutated		
		<i>tumors</i>		<i>tumors</i>		<i>tumors</i>	
AKT1	2	2,1	4	6,6	3	5,4	
APOBEC3B	0		2	3,3	1	1,8	
ARID1B	2	2,1	3	4,9	1	1,8	
BRCA1	2	2,1	1	1,6	3	5,4	
BRCA2	0		0		1	1,8	
CCND1	5	5,3	0		2	3,6	
CDH1	12	12,8	3	4,9	3	5,4	
CDKN2A	0		1	1,6	1	1,8	
CHEK2	0		0		1	1,8	
E2F3	0		1	1,6	1	1,8	
EGFR	2	2,1	2	3,3	3	5,4	
ESR1	3	3,2	0		0		
FGFR1	0		0		1	1,8	
FGFR2	0		0		3	5,4	
FGFR3	0		0		1	1,8	
FOXM1	0		2	3,3	2	3,6	
GATA3	2	2,1	5	8,2	2	3,6	
MAP2K4	2	2,1	2	3,3	4	7,1	
MAP3K1	1	1,1	3	4,9	3	5,4	
MDM2	0		2	3,3	1	1,8	
MET	0		3	4,9	0		
MYC	0		0		0		
NCOR1	0		2	3,3	2	3,6	
NF1	0		0		1	1,8	
NOTCH1	0		0		1	1,8	
NOTCH4	1	1,1	0		1	1,8	
PALB2	1	1,1	2	3,3	1	1,8	
PIK3CA	11	11,7	14	23,0	16	28,5	<0.001
PTEN	3	3,2	4	6,6	4	7,1	
RAD51C	0		1	1,6	1	1,8	
RB1	0		1	1,6	2	3,6	
TBX3	1	1,1	2	3,3	4	7,1	
TP53	77	81,9	43	70,5	34	60,7	<0.001
VEGFA	1	1,1	0		1	1,8	
ZNF703	0		1	1,6	1	1,8	

*: mutation rates for the 17 cases that could not be re-assessed centrally are not shown; ^: comparison between training and local TN / central nonTN