

S2 Fig. (A) Mutually exclusive alterations between the 14 genes sequenced (Significance p-value of mutual exclusivity derived from the Z-score) (B) Co-occurrence of alterations (Significance p-value of co-occurrence derived from the Z-Score). Z score based on deviation of the observed mutations compared to expected, obtained by permuting events.

(A)

	TP53	NOTCH1	CDKN2A	CASP8	HRAS	PTEN	MLL2	PIK3CA	TP63	FAT1	RB1	IRF6	NSD1	FBXW7
TP53														
NOTCH1	0,063													
CDKN2A	0,21	0,0097												
CASP8	0,46	0,59	0,77											
HRAS	0,0087	1	0,21	0,39										
PTEN	0,94	0,078	0,83	0,51	0,26									
MLL2	0,0082	0,12	0,69	0,86	0,67	0,076								
PIK3CA	2,80E-06	0,029	0,29	0,39	0,53	0,044	0,74							
TP63	0,0063	0,003	0,019	0,37	0,018	0,076	0,2	1,00E+00						
FAT1	0,15	0,26	0,26	0,21	0,6	0,04	0,94	0,25	0,013					
RB1	0,019	0,044	0,55	0,28	0,78	0,7	0,96	0,63	0,12	0,64				
IRF6	0,0058	0,44	0,72	0,45	0,82	0,84	0,98	0,96	0,049	0,91	0,95			
NSD1	0,23	0,72	0,21	0,48	0,45	0,12	0,56	0,036	0,085	0,12	0,22	0,76		
FBXW7	0,51	0,23	0,43	0,17	0,3	0,16	0,84	0,45	0,22	0,59	0,71	0,99	0,96	
	TP53	NOTCH1	CDKN2A	CASP8	HRAS	PTEN	MLL2	PIK3CA	TP63	FAT1	RB1	IRF6	NSD1	FBXW7

(B)

	TP53	NOTCH1	CDKN2A	CASP8	HRAS	PTEN	MLL2	PIK3CA	TP63	FAT1	RB1	IRF6	NSD1	FBXW7
TP53														
NOTCH1	0,94													
CDKN2A	0,79	0,99												
CASP8	0,54	0,41	0,23											
HRAS	0,99	3,20E-05	0,79	0,61										
PTEN	0,059	0,92	0,17	0,49	0,74									
MLL2	0,99	0,88	0,31	0,14	0,33	0,92								
PIK3CA	1	0,97	0,71	0,61	0,47	0,96	0,26							
TP63	0,99	1	0,98	0,63	0,98	0,92	8	1,50E-12						
FAT1	0,85	0,74	0,74	0,79	0,4	0,96	0,059	0,75	0,99					
RB1	0,98	0,96	0,45	0,72	0,22	0,3	0,042	0,37	0,88	0,36				
IRF6	0,99	0,56	0,28	0,55	0,18	0,16	0,024	0,041	0,95	0,089	0,052			
NSD1	0,77	0,28	0,79	0,52	0,55	0,88	0,44	0,96	0,21	0,88	0,78	0,24		
FBXW7	0,49	0,77	0,57	0,83	0,7	0,84	0,16	0,55	0,78	0,41	0,29	0,012	0,039	
	TP53	NOTCH1	CDKN2A	CASP8	HRAS	PTEN	MLL2	PIK3CA	TP63	FAT1	RB1	IRF6	NSD1	FBXW7