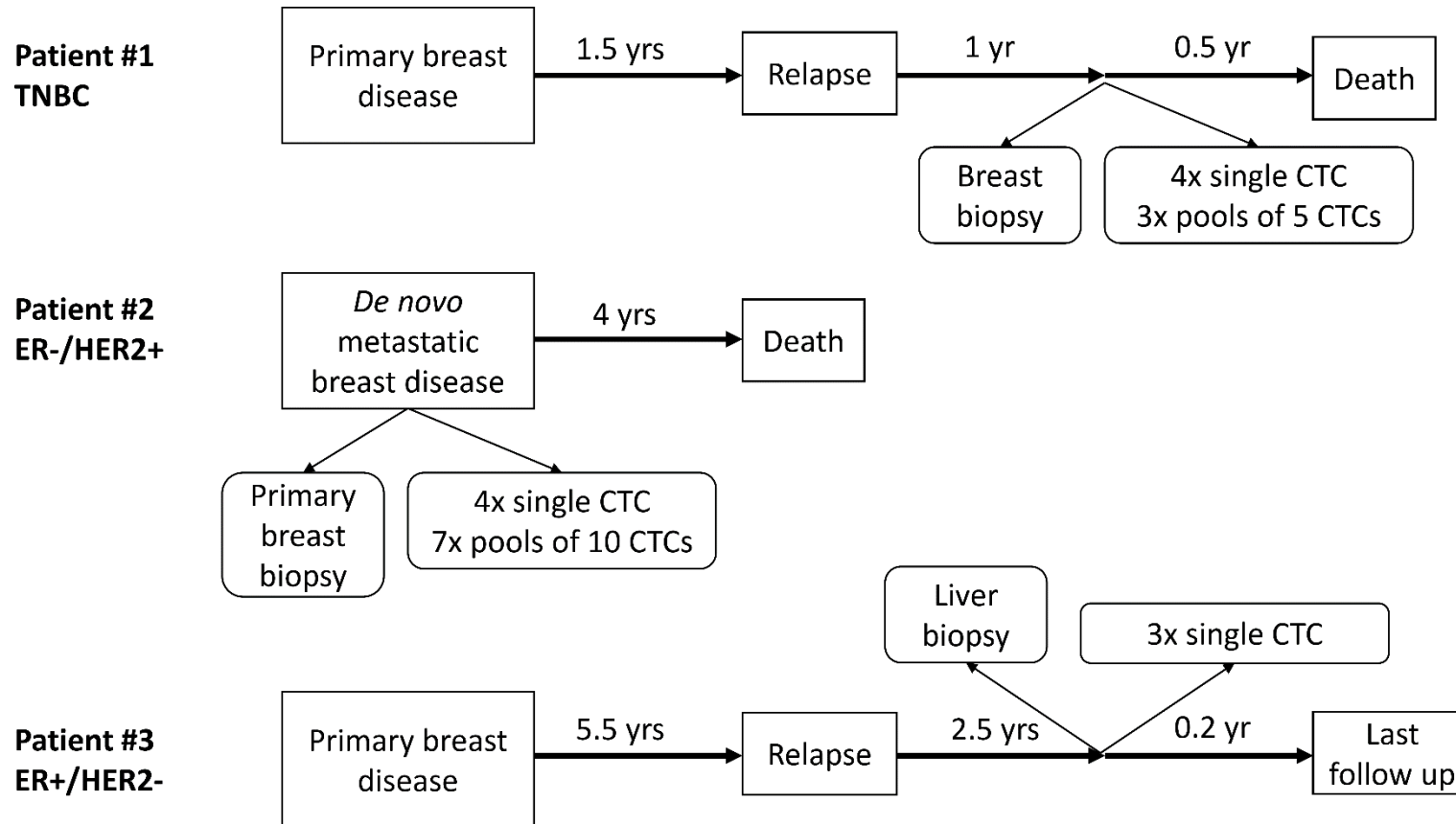


Supplementary Figure 1. Timeline of the 3 patients.

Timing of the main tumor-related events are shown, as well as the timing of biopsies and CTC samples collection.



Supplementary Table 1. Patient and tumor characteristics from the 3 patients included in the study.

ID	BC type	Time to relapse	Age at diagnosis	Metastatic sites at study entry	Primary tumor characteristics					Biopsy characteristics							Lines of treatment received before study inclusion		
					histology	grade	ER	PR	HER2	organ	histology	grade	ER	PR	HER2	Ki67	CHT	HT	Targeted Agent
#1	Triple negative	2.5 years	54	lymph node, pleura, liver, skin	ductal	2	ER-	PR-	HER2-	breast	ductal	2	ER-	PR-	HER2-	90%	3	0	1
#2	ER-/HER2+	de novo metastatic	49	lymph node, bone, lung, liver, skin, muscle, eye	ductal	2	ER-	PR-	HER2+	primary breast	ductal	3	ER-	PR-	HER2+	60%	0	0	0
#3	ER+/HER2-	8 years	51	liver, bone	mixed	NA	ER+	PR+	HER2-	liver	NA	NA	ER-	PR-	HER2-	<10%	3	2	1

BC = breast cancer

ER = estrogen receptor

HER2 = human epidermal growth factor receptor 2

PR = progesterone receptor

CHT = chemotherapy

HT = hormonotherapy

Supplementary Table 2. SNVs and CNAs identified in bulk tumor as well as CTC samples. Median and range values are provided for each patient.

Patient ID	TNBC #1	HER2+ #2	ER+ #3
SNV in CTC samples	831 (203 to 1477)	2041 (475 to 3328)	2527 (2011 to 3006)
nonsynonymous/nonsense SNV in CTC samples	401 (80 to 655)	935 (207 to 1463)	1101 (910 to 1341)
SNV in bulk samples	91	144	323
nonsynonymous/nonsense SNV in bulk samples	32	49	140
CNA in CTC samples	187 (174 to 221)	127 (115 to 166)	97 (62 to 98)
CNA in bulk samples	80	113	82

Supplementary Table 3. Somatic SNVs identified in the CTC samples from patient with TNBC (#1).

chrom	pos	ref	alt	gene	Nref	Nalt	VAF	1 CTCa	1 CTCb	1 CTCc	1 CTCd	5 CTCa	5 CTCb	5 CTCc
chr1	7980899	A	T	TNFRSF9	204	25	0,1092	1/2	2/2	2/2		1/1		
chr1	44437288	C	G	DPH2	85	6	0,0659							
chr1	109642878	G	C		30	6	0,1667	7/7		3/3	1/1	2/5	5/5	
chr1	118497291	G	C		43	5	0,1042	1/4	1/4	0/5	0/1	1/5	0/1	0/1
chr1	152193276	A	G	HRNR	122	15	0,1095					0/30		
chr1	159832239	C	T		86	101	0,5401	12/13	6/8	12/15	8/10	12/13	6/7	4/4
chr1	167408587	G	C	CD247	97	8	0,0762	14/43	0/36	9/55	1/38	9/27	13/21	3/17
chr2	54872338	A	G		38	6	0,1364	0/25	7/27	6/27	5/26	1/18	6/19	1/3
chr2	79313419	C	T		50	9	0,1525							
chr2	89878487	G	C		61	5	0,0758	0/11	0/7	0/3	0/8	0/22	0/4	0/2
chr2	179459236	C	T	TTN	73	6	0,0759	6/6	0/3				1/1	
chr3	49568307	C	A	DAG1	67	9	0,1184		2/3	0/3		2/3	1/3	
chr3	113377662	G	C	USF3	169	17	0,0914	0/67	14/27	8/22	0/10	2/22	17/40	9/18
chr3	126679043	G	A	CHCHD6	76	12	0,1364							
chr3	152847195	G	A		22	4	0,1538	0/1	0/2	0/17	0/17	0/3	0/6	0/5
chr4	49139234	A	T		94	8	0,0784	1/5	0/2	1/7	0/2	0/8	1/5	0/1
chr4	94085961	C	T		52	5	0,0877		0/1		0/1			
chr4	108935771	T	C		156	11	0,0659	0/41	1/40	0/42	1/17	1/29	0/21	0/20
chr4	115544795	C	T	UGT8	129	75	0,3676	89/114	51/51	56/57	46/46	45/45	82/89	28/28
chr4	126238020	C	T	FAT4	249	20	0,0743	0/4	2/13	5/17	2/16	2/22	8/18	0/3
chr5	191809	G	A	LRRC14B	39	7	0,1522							
chr5	24749483	A	G		25	5	0,1667	0/4	0/5	0/4		0/2	0/3	0/2
chr5	127623040	C	T	FBN2	78	9	0,1034	4/33	16/44	12/30	14/41	11/37	13/47	9/15
chr6	54186214	T	A		65	5	0,0714	0/15	2/8	2/6	3/7	2/6	2/11	0/6
chr6	88075011	C	A	C6orf163	58	9	0,1343	1/40	12/40	9/40	8/25	3/16	2/26	2/18
chr6	99893989	C	G	USP45	106	7	0,0619	0/25	5/16	7/26	9/13	2/13	0/14	2/6
chr6	125379084	A	G		65	9	0,1216			0/1			0/1	
chr8	55533891	G	A	RP1	146	9	0,0581	6/9	2/6	0/20	1/3	2/9		0/1
chr8	101078454	G	A	RGS22	85	10	0,1053	1/9	1/7	6/11	1/7	2/5	0/10	0/10
chr9	66455393	C	T		29	6	0,1714							
chr9	68409680	C	G		41	6	0,1277			0/1				0/1
chr9	139996438	A	C	MAN1B1	201	17	0,078	0/102	0/145	0/219	0/153	0/137	1/72	0/16

chr10	42389587	G	A		129	9	0,0652			1/1				
chr11	51580489	T	G		157	9	0,0542							
chr11	55136144	G	C	OR4A15	112	12	0,0968	14/19	12/21	8/21	8/14	5/8	9/16	1/3
chr11	67207261	C	T	CORO1B	58	12	0,1714		1/1	0/3	1/1	1/1		
chr12	3392390	C	G		35	5	0,125				1/1		0/1	
chr12	6422182	G	C		63	8	0,1127					0/1		
chr12	8289361	G	C		206	19	0,0844	3/11	3/15	1/13	1/9	3/9	7/23	1/15
chr12	8289411	G	C	CLEC4A	237	30	0,1124	4/32	4/25	14/42	8/27	7/22	16/54	5/24
chr12	8289471	G	C	CLEC4A	234	33	0,1236	3/30	3/22	17/43	6/23	7/15	18/56	4/15
chr12	8289489	G	A	CLEC4A	234	31	0,117	3/29	3/22	13/37	4/22	7/17	17/53	2/14
chr12	8289546	G	C		141	19	0,1188	0/16	0/6	6/18	3/11	4/12	5/24	0/12
chr12	21531170	G	A		182	11	0,057	15/58	25/54	11/39	11/35	6/21	13/40	1/12
chr14	96001712	C	T	GLRX5	36	7	0,1628							
chr14	102472314	G	A	DYNC1H1	71	17	0,1932	0/1		0/1	1/2	1/1	0/1	2/3
chr14	105945497	C	T	CRIP2	67	5	0,0694							
chr15	31776672	C	T	OTUD7A	147	18	0,1091					0/6		
chr16	33973718	A	G		38	8	0,1739	3/55	4/48	6/43	3/32	3/56	3/53	10/35
chr16	46391488	G	A		270	17	0,0592							
chr16	57741613	G	A		91	14	0,1333							
chr17	7577571	A	T	TP53	41	21	0,3387	35/35	19/19	27/27	29/29	43/43	27/27	9/9
chr17	42462514	G	T		46	12	0,2069					2/2		
chr17	48824049	A	T	LUC7L3	108	15	0,122		7/7	0/3		2/9	5/5	1/4
chr17	53068122	T	A		27	7	0,2059							
chr17	60744671	A	G		52	6	0,1034		1/1	1/2		0/1		2/2
chr18	18512329	G	A		60	11	0,1549	7/51	5/85	13/70	7/54	8/67	6/63	4/79
chr19	7626553	C	T		38	9	0,1915	1/2		1/1		2/3	0/1	1/1
chr19	7684568	C	A		67	5	0,0694							
chr19	7831588	A	T	CLEC4M	163	11	0,0632	0/2	2/10		0/6	3/34	1/5	
chr19	12876914	C	T		58	6	0,0938				1/1		0/1	
chr19	12878357	C	G		73	8	0,0988	2/3	0/1	0/3	0/1			0/2
chr19	15341999	C	T		56	5	0,082						0/5	
chr19	17305841	C	G	MYO9B	99	9	0,0833	0/2	2/2	0/1	0/2	0/11		
chr19	33587261	A	G	GPATCH1	105	16	0,1322	0/1	1/2	1/4	3/4	0/3	2/11	1/2
chr19	36435716	G	A	LRFN3	33	8	0,1951							
chr21	26734749	C	G		44	17	0,2787	17/36	33/43	29/44	20/30	30/36	30/38	10/15

chr21	30250584	A	G	N6AMT1	75	6	0,0741	2/2	0/1	1/2		0/2	1/2	1/2
chr21	34927158	G	A	SON	72	42	0,3684						1/3	
chr21	45733555	C	T	PFKL	58	6	0,0938					1/3	0/1	
chr22	24086357	A	C		97	13	0,1182	2/9	1/3	1/7		1/18		
chr22	44287155	G	A	PNPLA5	19	5	0,2083							
chr22	46654589	A	T	PKDREJ	69	11	0,1375	19/26	13/21	17/58	16/28	19/50	15/30	2/6
chrX	82763896	G	A	POU3F4	70	10	0,125			1/1				
chrX	133379486	A	G	CCDC160	132	9	0,0638			2/3			0/2	

chrom: chromosome
 pos: position of the chromosome
 ref: reference allele
 alt: alternative allele
 VAF: variant allele frequency in the bulk sample

Supplementary Table 4. Somatic SNVs identified in the CTC samples from patient with HER2+ tumor (#2).

chrom	pos	ref	alt	gene	Nref	Nalt	VAF	1 CTCa	10 CTCa	1 CTCb	10 CTCb	1 CTCc	10 CTCc	10 CTCd	10 CTCe	1 CTCd	10 CTCf	10 CTCg
chr1	1685590	G	A	NADK	48	33	0,40741		10/10	5/5	0/15	10/10		1/1			0/2	
chr1	6529245	C	G	PLEKHG5	57	6	0,09524	0/1	5/5		2/2	1/1			0/1	0/1	2/2	
chr1	19494624	G	T	UBR4	57	8	0,12308	0/8	0/33	0/5	0/2		0/2		0/8		0/4	0/1
chr1	27429723	G	T	SLC9A1	72	20	0,21739	3/9			10/11	6/6	1/1		5/7	1/1	5/7	0/4
chr1	32670240	C	A	CCDC28B	21	6	0,22222						0/1	0/2				
chr1	32790076	C	G		24	7	0,22581	0/8		0/11	0/7	0/11	15/27	8/9	0/14		1/13	0/6
chr1	33291746	C	G	S100BPB	31	14	0,31111	0/9		12/12	3/4		0/3	0/5	0/8	0/2	4/9	
chr1	45115323	C	T		53	13	0,19697				0/2	0/50	0/3			0/8	0/1	
chr1	156018385	C	G	UBQLN4	90	13	0,12621		0/1	1/3	0/1	0/1	0/3		1/1	0/2	0/1	
chr1	156714020	C	G	HDGF	188	28	0,12963	0/1			3/3		0/1		0/28	1/18	2/7	
chr1	158746676	G	A	OR6N2	141	11	0,07237	0/1	0/4	0/4	0/2	0/2			0/11	0/4	0/6	0/2
chr1	177917076	C	T	SEC16B	34	8	0,19048	0/1	1/2	0/1	0/1	5/9	1/3	0/1	4/14	3/9	0/4	1/1
chr1	181720950	C	T		35	12	0,25532	1/2	1/1	0/1		0/3	2/4				1/2	1/3
chr1	204945625	C	T		90	6	0,0625	0/8	0/3	0/1	0/4		0/2	0/2	0/2	0/3	0/1	0/1
chr1	205499635	G	C		27	7	0,20588	0/1			0/7					1/3	0/2	
chr1	222832114	C	G	MIA3	146	35	0,19337	0/2	0/7		4/5	0/1	0/12			0/1	0/4	4/4
chr1	229654442	T	C		25	5	0,16667	0/1	0/2	0/1		0/4	0/3		0/1	0/4	0/3	0/1
chr1	237431083	T	G		74	21	0,22105				0/1		0/1				0/1	
chr2	69601131	A	G		56	6	0,09677											
chr2	84904177	C	A	DNAH6	38	13	0,2549	2/14	0/8	4/5	1/3	1/3	4/7	1/1	13/14	3/13	0/4	1/5
chr2	85892841	G	A	SFTPB	37	18	0,32727		3/6		3/6		1/2				5/6	2/3
chr2	133014557	G	A		85	6	0,06593											
chr2	162567158	G	A		37	6	0,13953	0/10	0/4	5/5	0/4	1/6	2/6	3/5	0/4	0/5	0/1	0/4
chr2	216249677	C	T	FN1	46	8	0,14815	0/4	0/5	0/2	0/7	0/13	0/1	0/3	0/10	0/2	0/2	0/3
chr2	219339380	C	T	USP37	139	11	0,07333	4/10			3/5	0/6	1/9	2/9		4/10	3/10	0/9
chr2	219532696	T	C	RNF25	22	8	0,26667	3/8	0/1	0/1	1/1	1/18	2/4		4/5	0/5	0/2	1/3
chr3	12859257	C	G	CAND2	115	9	0,07258	0/2	0/13	0/3	0/2		0/8		4/6	0/3	0/1	
chr3	15071821	C	T	NR2C2	230	14	0,05738	2/10	2/3	1/4	1/2	0/4	1/3	1/9	0/8	5/8	0/8	1/6
chr3	15106620	T	A	MRPS25	90	39	0,30233	5/11	1/1		15/19	0/21	3/15	3/11		3/3	0/6	
chr3	15529846	C	T		33	8	0,19512		0/2		0/4	1/27			0/7	0/8		0/1
chr3	52431063	G	C		56	22	0,28205					7/7						1/1

chr3	75788109	G	A	ZNF717	8	5	0,38462											
chr3	113379095	G	A	USF3	151	43	0,22165	0/3	0/3	0/5	0/3	0/5	0/5	0/2	0/5	0/7	0/9	0/5
chr3	126364993	C	G		117	32	0,21477	0/6	0/5		0/3		4/12	2/5	3/12	1/7	2/2	3/6
chr3	196434790	G	T		84	9	0,09677	2/2	0/3	3/5	0/4	4/4	4/4		0/1	2/3	0/4	0/1
chr4	6623071	G	A		81	7	0,07955	0/3			0/3		0/1					0/1
chr4	49123058	G	C		53	5	0,08621	0/29	1/24	1/87	6/105	6/141	4/117	0/6	1/44	0/37	3/159	1/76
chr4	49156527	C	T		113	10	0,0813	1/4	0/2	0/8	0/14	0/10	0/7		0/3	0/1	0/16	0/8
chr4	54231440	G	A	SCFD2	110	19	0,14729	0/6	0/3	0/1	3/4		0/5	0/3		0/2	0/7	0/8
chr5	1258879	A	C		39	20	0,33898		0/1						0/2			0/2
chr5	32209744	A	T		12	4	0,25											
chr5	80655770	G	T	ACOT12	60	6	0,09091											0/1
chr5	134113427	C	G		43	11	0,2037											
chr5	140596019	C	A	PCDHB13	132	10	0,07042				0/18							
chr5	148586510	G	A		35	8	0,18605	3/8	0/5		2/12	4/19	3/9	2/4	0/13	1/21	13/28	6/10
chr5	176523196	C	T		39	12	0,23529											
chr5	179287282	T	C		48	4	0,07692			0/1			0/1	0/3	0/1	0/1	0/3	0/2
chr6	31737509	G	A	VWA7	39	7	0,15217	8/8	1/10	8/15	0/5		11/12	2/5	0/15	9/18	0/5	1/2
chr6	75884874	C	G	COL12A1	89	9	0,09184	1/3	4/12	5/15	1/3	4/10	1/8	2/2	3/6	3/16	1/7	0/9
chr6	117687199	G	A		39	10	0,20408						0/1		1/1			
chr6	127768828	C	T	SOGA3	53	22	0,29333	9/31	0/12	3/6	5/7	6/14	9/14	5/6	5/19	16/16	3/10	0/1
chr7	22197406	C	A		87	7	0,07447	0/4	5/9	0/5	1/3	2/6	0/5	2/7	2/8	3/8	3/14	3/4
chr7	61979304	A	G		39	6	0,13333					0/1	0/3	0/1				
chr7	99507268	A	T	TRIM4	90	41	0,31298	0/10	0/9	11/26	17/19	28/48	6/6	7/12	0/16	15/15	10/21	4/16
chr7	150937674	T	A		33	7	0,175	0/6	0/1	0/2	0/1		0/1	0/2	0/5	0/2	0/3	0/2
chr7	158334233	G	C	PTPRN2	35	6	0,14634	17/17	5/11	0/17	0/13	5/5	3/12		9/10	5/5	2/7	1/1
chr8	417612	T	A		31	11	0,2619											
chr8	31497520	C	G	NRG1	16	8	0,33333											
chr8	72123392	T	A	EYA1	173	12	0,06486	0/51	0/23	0/67	0/36	0/30	0/50	0/18	0/57	0/30	0/30	0/43
chr9	17795576	G	A	SH3GL2	25	12	0,32432					1/1	2/2					1/1
chr9	101900236	T	C	TGFBR1	127	21	0,14189	0/9	0/9	0/7	0/5	0/10	0/10	0/4	0/21		0/6	0/11
chr9	139379174	G	T	C9orf163	108	9	0,07692											
chr10	860867	G	A		76	26	0,2549	2/4	0/2	0/5	1/1	0/26	4/5	2/2	0/6	0/21	5/10	2/5
chr10	7749070	A	G		137	9	0,06164	1/13	1/24	3/14	0/15	2/25	4/36	0/5	0/8	1/14	1/6	1/3
chr10	12257724	C	T		231	20	0,07968	0/14	0/9	0/9	0/16	0/12	0/14	0/11	0/13	0/9	0/10	0/9
chr10	12257804	C	A	CDC123	258	17	0,06182	0/7	0/6	0/6	0/9	0/8	0/7	0/6	0/6	0/7	0/7	0/5

chr10	42392282	T	A		162	10	0,05814			0/4	0/5	0/9	0/3			0/1	0/4	0/4
chr10	42681020	G	T		97	12	0,11009											
chr10	43606776	C	T	RET	196	26	0,11712			1/1	0/1							
chr10	46999502	A	T		78	10	0,11364			0/2		0/4	0/1					
chr10	71662600	A	G	COL13A1	33	5	0,13158	3/3	3/21	0/5	0/2	0/1			0/1		0/4	0/1
chr10	73862008	T	C		57	45	0,44118	19/25	5/8	22/22	13/14	17/25	17/18	4/5	20/20	42/47	12/25	25/30
chr10	87676004	G	C		70	6	0,07895	0/1	0/2		0/10				0/1			
chr10	104176352	C	T	PSD	29	9	0,23684			1/1		1/1		2/2	12/12	3/3		
chr11	5264313	G	T		90	7	0,07216	7/18	0/20	0/21	10/11	3/33	16/20		0/10	4/9	3/8	1/15
chr11	61133485	T	G		33	24	0,42105	17/35	18/18	2/2	6/14	13/13	14/16	1/2	2/2	36/40	9/12	
chr11	76507090	C	G		216	19	0,08085	0/9	0/8	0/2	0/12	0/5	0/3			0/12	0/1	0/2
chr12	27849886	C	A	REP15	114	14	0,10938	6/8	5/8	0/4	2/4		2/4	3/3	0/4	0/1	2/3	5/5
chr12	46320859	G	A	SCAF11	69	16	0,18824	0/1	0/6		0/3	0/1			0/3			
chr12	57538956	G	A		61	23	0,27381			2/2	3/4	0/18		0/2		1/9	1/3	0/1
chr12	88514928	G	C	CEP290	35	9	0,20455	0/2	0/4	0/3	0/2	0/1	0/6	0/4	1/5	0/6	0/4	1/4
chr12	101584273	G	C	SLC5A8	68	38	0,35849	2/3	2/3		0/3		2/3			0/2	2/3	0/1
chr12	121131974	G	A	MLEC	21	10	0,32258	14/35	2/2	0/6	3/23	14/14	14/37	3/8	19/33	0/4	5/15	0/7
chr13	23411244	A	G		65	7	0,09722		0/1	0/1	0/1	1/1	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1
chr13	46425723	G	A	SIAH3	67	29	0,30208		3/85	7/29	0/5	0/5	3/5	1/1	0/17	0/41	0/14	4/15
chr13	73636171	A	T	KLF5	126	45	0,26316	0/9		27/33	20/30	12/17	1/3	3/4	1/1		1/1	
chr14	38091506	T	A		92	29	0,23967				0/2	0/3	0/2	0/2	0/6		0/3	
chr14	60212452	G	C	RTN1	32	13	0,28889	27/27	0/14	8/8	0/24	29/29	17/38	3/7	0/24		12/27	6/6
chr14	105412633	G	A	AHNAK2	60	7	0,10448			0/3		0/1						0/2
chr15	43903077	G	A		142	9	0,0596											
chr15	58984781	G	A	HSP90AB4P	42	11	0,20755	25/84	0/36	0/31	20/50	13/51	33/54	4/20	0/56	14/55	9/28	9/25
chr15	75819553	T	C	PTPN9	106	44	0,29333	1/1	0/5	1/1	0/4	4/7	1/3	1/1	1/2	0/3	0/2	0/1
chr16	1712735	C	T		96	16	0,14286	0/3							9/26	8/20	0/1	
chr16	7703800	C	G		32	18	0,36	1/2	0/1								1/1	
chr16	15711282	C	T	MARF1	28	9	0,24324	8/41	0/38	0/32	14/35	0/10	3/33		0/1	0/25	4/7	1/8
chr16	15714299	C	A		113	7	0,05833					1/1		0/4	0/3			0/1
chr16	46402784	T	C		70	9	0,11392											
chr17	4843158	G	A	SLC25A11	188	12	0,06				0/9	0/42	0/1		32/32			0/1
chr17	7350144	T	G		18	5	0,21739	0/2		0/1	2/6	24/24		0/2		2/2	0/6	0/4
chr17	7578271	T	A	TP53	29	57	0,66279	15/15	31/31	36/36	10/10	100/100	15/16		8/8	2/2	15/15	5/5
chr17	22247196	C	G		90	8	0,08163					0/2						

chr17	22252187	T	G		257	30	0,10453	0/5	0/1	5/14	4/9	4/15	2/4	0/1	0/6	0/1	2/9	0/7
chr17	22252233	T	C		178	57	0,24255	2/6	1/4	14/14	7/12	8/14	2/7	1/1	3/8	1/2	5/11	3/7
chr17	22253208	T	A		1257	68	0,05132	0/1	0/1		0/1	0/1	0/1		0/2	0/1		
chr17	22253258	T	C		824	100	0,10823				1/1	0/2	0/1		0/1			
chr17	22261394	C	T		85	10	0,10526											
chr17	32366414	C	G		15	7	0,31818	5/5	3/3	7/8	6/6	5/13	6/6	1/3	0/1	7/7	6/8	4/4
chr17	32366781	C	G		23	11	0,32353	6/6	11/14	8/11	9/10	5/9	9/10	0/2	3/5	9/9	9/9	9/9
chr17	78071164	G	C	CCDC40	117	22	0,15827	0/5	0/2	0/4	1/3	2/7	1/6		1/8	3/3	0/7	1/7
chr17	78092383	G	A		146	15	0,09317		0/10		0/2	0/17					0/1	0/1
chr18	7231974	C	T	LRRC30	113	7	0,05833	0/17	0/18	0/6	0/20	0/3	0/1	0/1	1/14	0/20	0/1	
chr18	57638343	C	T		18	6	0,25	2/4	3/3	2/2	1/1	0/2	0/3	0/5	0/8	0/5	0/4	
chr18	70423240	T	A		83	8	0,08791	1/7	0/3	0/6	2/4	0/5	3/7	0/2	3/8	0/4	3/8	2/3
chr19	4513189	C	G	PLIN4	68	20	0,22727		0/20	1/1	0/7							
chr19	5685262	C	T		46	19	0,29231		0/1	2/2	3/3	3/4					0/2	
chr19	32655494	A	G		7	3	0,3					0/2			0/1		0/1	
chr19	49442737	A	G	DHDH	19	7	0,26923	0/15	2/11	3/5	3/5	0/10	12/17	2/4	6/6	5/7	3/12	0/4
chr19	52793612	A	G	ZNF766	131	47	0,26404	5/16	6/6	2/2	4/10	6/25	1/11	0/10	14/14	15/34	10/21	1/2
chr20	3674197	G	T	SIGLEC1	71	14	0,16471	20/27	16/76	0/15	0/58	17/82	17/46	0/4	0/21	13/70	6/67	10/79
chr20	25261002	C	G	PYGB	149	33	0,18132	8/25	8/30	2/8	2/28	0/13	0/7	1/4	20/27	10/15	4/19	9/10
chr20	32441208	G	T		73	18	0,1978			0/15	4/4				0/1			
chr20	39801342	G	A		78	17	0,17895				0/19	0/30			24/25	1/1	1/1	
chr20	47268008	T	G	PREX1	83	7	0,07778	3/13	1/14	4/8	7/21	34/52	0/11	1/2	10/56	0/6	2/10	0/3
chr20	62325612	G	T		56	22	0,28205				3/4					0/2		
chr21	11181412	G	C		22	8	0,26667											
chr21	37771809	C	G		33	49	0,59756	7/7	9/9	8/8	10/10	15/15	10/10	0/1	11/11	7/7		2/2
chr22	39496311	C	T	APOBEC3H	55	10	0,15385											
chrX	61731105	C	G		116	13	0,10078	0/10	0/2	0/8	1/31	0/12	1/33		0/8	0/9	0/24	0/14
chrX	102339379	C	T	NXF3	70	22	0,23913								0/1	0/1		0/1
chrX	123695668	C	T		78	9	0,10345	2/13	3/8	0/2	6/11		2/3	4/6	6/6	13/22		

chrom: chromosome

pos: position of the chromosome

ref: reference allele

alt: alternative allele

VAF: variant allele frequency in the bulk sample

Supplementary Table 5. Somatic SNVs identified in the CTC samples from patient with ER+ tumor (#3).

chrom	pos	ref	alt	gene	Nref	Nalt	VAF	1 CTCa	1 CTCb	1 CTCc
chr1	11132229	C	A		30	9	0,23077	0/4	0/3	0/3
chr1	24435237	G	C		46	7	0,13208	0/4	1/1	
chr1	36643441	C	T		94	23	0,19658			
chr1	52824810	C	A	CC2D1B	78	25	0,24272			
chr1	76346910	T	C		19	5	0,20833	0/24	0/17	0/22
chr1	111984006	C	A	WDR77	85	27	0,24107	0/38	0/39	30/50
chr1	114246799	G	A		88	16	0,15385	0/7	0/4	0/6
chr1	114308877	G	C	RSBN1	213	36	0,14458			
chr1	142535606	G	C		11	4	0,26667	3/46	1/21	2/24
chr1	145522692	C	T	PEX11B	69	5	0,06757	0/16	0/19	0/30
chr1	150938651	G	A	CERS2	49	7	0,125	0/65	0/136	0/6
chr1	152800232	C	T	LCE1A	18	4	0,18182		0/3	
chr1	158914744	C	T	PYHIN1	109	7	0,06034	0/4	0/6	0/14
chr1	160000321	G	C	PIGM	81	11	0,11957	0/21	0/29	21/21
chr1	165414185	C	G		48	5	0,09434	0/20	0/22	0/11
chr1	183532278	G	C		58	6	0,09375	0/31	0/36	0/11
chr1	183616845	C	A		126	12	0,08696	0/6	0/8	0/7
chr1	186008013	T	A	HMCN1	73	11	0,13095	0/7	0/8	0/12
chr1	201435171	G	A	PHLDA3	98	14	0,125	0/8	0/12	0/5
chr1	203316618	C	T	FMOD	82	11	0,11828		0/1	
chr1	218478451	C	T	RRP15	118	13	0,09924	0/29	0/32	0/23
chr1	220300113	G	A	IARS2	157	9	0,05422	0/21	0/14	0/14
chr1	225539393	G	C	DNAH14	81	5	0,05814	0/26	0/7	0/6
chr1	231004179	C	A	C1orf198	138	19	0,12102			
chr1	240370306	G	A	FMN2	109	6	0,05217	0/7	0/13	0/6
chr1	247267414	G	A	ZNF669	101	14	0,12174	0/18	0/11	0/4
chr1	248097233	C	G		189	62	0,24701	3/11	0/12	4/6
chr2	2094937	G	A		9	7	0,4375	0/1		
chr2	15514818	C	T	NBAS	84	77	0,47826	0/1	0/1	7/7
chr2	15614302	C	G	NBAS	34	60	0,6383	6/7	0/5	0/1
chr2	38301769	G	A	CYP1B1	32	31	0,49206			

chr2	64574771	G	A		12	6	0,33333	0/41	1/28	12/12
chr2	92305747	A	C		160	14	0,08046	0/1	0/5	0/3
chr2	112752676	G	A		119	11	0,08462			0/1
chr2	113993039	G	C	PAX8	32	8	0,2			
chr2	113993040	G	C	PAX8	33	8	0,19512			
chr2	120861681	G	A	EPB41L5	39	6	0,13333	0/17	0/18	0/11
chr2	128935345	G	C		123	14	0,10219	0/1	0/5	0/25
chr2	170518822	C	A	CCDC173	53	10	0,15873	0/1	0/4	0/10
chr2	173368888	G	A	ITGA6	71	6	0,07792	0/3	0/3	0/11
chr2	179469960	C	T	TTN	81	7	0,07955	0/2	0/4	3/5
chr2	179477465	G	A		45	9	0,16667	0/5	0/8	3/17
chr2	179497066	C	G	TTN	97	17	0,14912		0/1	0/1
chr2	179497145	C	G		72	12	0,14286		0/2	1/2
chr2	183847991	G	A		86	15	0,14851			
chr2	211069344	C	G	ACADL	124	15	0,10791	0/5	0/6	0/4
chr2	211503832	A	G		9	13	0,59091	16/17	0/35	57/57
chr2	216965052	C	T	TMEM169	112	18	0,13846	0/12	0/13	0/33
chr2	230705585	C	T	TRIP12	49	10	0,16949	0/3	0/3	0/5
chr2	232146696	G	A		47	6	0,11321	0/1	0/14	0/7
chr2	234663512	C	G	LOC100286922	113	17	0,13077	0/4	1/28	10/31
chr3	10858189	G	A	SLC6A11	7	11	0,61111			
chr3	44437898	G	A	TCAIM	23	7	0,23333		0/1	
chr3	47453171	G	C	PTPN23	48	5	0,09434			
chr3	52382946	G	A	DNAH1	32	12	0,27273	0/1	0/1	0/1
chr3	120424944	C	T	RABL3	112	25	0,18248			
chr3	140401869	C	T	TRIM42	210	53	0,20152	0/15	0/21	5/9
chr3	150916551	C	A		72	14	0,16279	0/6	0/5	2/3
chr3	151105646	G	A	MED12L	23	4	0,14815	0/77	1/60	27/115
chr3	160474432	C	T	PPM1L	66	20	0,23256			
chr4	86844	G	C	ZNF595	104	13	0,11111	0/9	0/3	0/15
chr4	6862654	C	T	KIAA0232	157	23	0,12778	0/39	0/19	0/59
chr4	49107435	C	T		54	6	0,1	1/14	0/7	0/3
chr4	49121633	C	T		22	5	0,18519	0/1		0/2
chr4	85600189	C	T	WDFY3	86	8	0,08511	0/9	0/9	0/13
chr4	110384489	C	G	SEC24B	99	12	0,10811	0/35	0/21	0/11

chr4	119219842	G	A		52	7	0,11864	0/12	0/12	0/14
chr4	123141475	C	T		89	11	0,11	0/10	0/11	0/2
chr5	5464616	C	T	ICE1	68	10	0,12821	0/11	0/21	0/17
chr5	23527657	C	A	PRDM9	145	8	0,05229		0/1	
chr5	34914888	C	T	RAD1	165	18	0,09836	0/95	0/165	50/163
chr5	35873622	G	C	IL7R	186	18	0,08824	0/3	0/10	0/2
chr5	49706754	G	C	EMB	158	19	0,10734			
chr5	54566500	C	A	DHX29	60	8	0,11765	0/13	0/74	0/22
chr5	72185600	T	G		39	29	0,42647			
chr5	79783990	C	T		27	7	0,20588		0/3	
chr5	90085564	G	A	ADGRV1	38	8	0,17391	0/2	0/7	0/4
chr5	93856592	C	T	KIAA0825	103	15	0,12712	0/18	0/54	0/62
chr5	108387027	C	T		36	19	0,34545	0/18	4/24	27/42
chr5	127641162	C	G		105	7	0,0625	0/19	0/10	0/10
chr5	131892410	C	T		63	9	0,125	0/17	0/156	0/50
chr5	135186013	C	T		40	8	0,16667	1/2	0/10	0/1
chr5	140362154	G	C		48	5	0,09434	0/24	0/35	0/26
chr5	150487959	G	A		71	6	0,07792	0/15	0/19	0/15
chr5	153026479	C	T		88	10	0,10204	0/54	0/85	0/38
chr5	175828728	G	T		183	13	0,06633	0/1	0/1	
chr5	180046488	G	A	FLT4	51	6	0,10526			
chr6	25106600	G	A	CMAHP	141	13	0,08442	0/14	0/15	0/13
chr6	27420746	G	A	ZNF184	100	15	0,13043	0/79	0/44	10/37
chr6	31911715	G	A	CFB	37	6	0,13953	0/7	0/6	0/13
chr6	32947953	G	A		39	8	0,17021	0/25	0/24	0/50
chr6	33255271	G	C	WDR46	73	8	0,09877	0/2	0/26	0/30
chr6	33365791	C	T		57	6	0,09524			
chr6	43266213	C	G	SLC22A7	74	10	0,11905	0/19	0/15	3/12
chr6	44136845	T	A		12	17	0,58621			
chr6	51524756	C	T	PKHD1	94	10	0,09615	0/7	0/2	1/7
chr6	56357069	C	T	DST	262	28	0,09655	0/10	0/3	0/8
chr6	90605371	C	T	GJA10	50	12	0,19355	0/4		20/24
chr6	117709171	C	A	ROS1	61	19	0,2375	0/9	0/3	1/16
chr6	132966591	G	C	TAAR1	90	18	0,16667	0/3	0/2	0/5
chr6	134210631	G	A	TCF21	54	10	0,15625	0/32		0/14

chr6	143082665	C	T	HIVEP2	102	25	0,19685	0/1	0/1	4/4
chr6	158476010	T	C	SYNJ2	10	15	0,6	8/8	1/1	4/4
chr7	31378807	C	A		268	25	0,08532	0/10	0/2	0/1
chr7	37243705	G	A		39	11	0,22	0/9	0/11	7/19
chr7	45724706	G	C		45	7	0,13462	0/23	2/19	3/13
chr7	48092288	C	G		63	5	0,07353		0/1	0/15
chr7	73770862	C	A	CLIP2	92	12	0,11538	0/29	0/32	15/52
chr7	78130917	C	G	MAGI2	90	8	0,08163	0/56	0/27	0/107
chr7	98608879	G	C		120	21	0,14894	0/6	0/18	0/6
chr7	105903930	C	T	NAMPT	106	14	0,11667			
chr7	128355483	A	T		29	23	0,44231	10/13	30/30	12/12
chr7	142198021	G	A		29	20	0,40816	4/6	2/2	2/3
chr7	143000879	G	C	CASP2	68	13	0,16049	0/15	0/15	0/13
chr7	150918792	G	T		47	13	0,21667	0/1	0/3	
chr8	17406321	G	C	SLC7A2	98	23	0,19008	0/6	0/12	0/1
chr8	70674185	C	T		80	11	0,12088	0/12	0/11	3/11
chr8	71128985	A	T		156	12	0,07143	0/15	0/20	0/25
chr8	94807750	G	C		123	29	0,19079	0/1	0/10	6/11
chr8	125072480	C	G	FER1L6	146	13	0,08176	0/90	0/73	0/52
chr8	126079879	G	C	WASHC5	205	25	0,1087	0/12	0/10	1/19
chr8	139614387	G	T	COL22A1	94	21	0,18261	0/13	0/6	13/48
chr9	396908	G	A	DOCK8	93	21	0,18421	0/2	0/3	0/3
chr9	68416460	A	G		6	3	0,33333	0/1		
chr9	136645033	G	A		34	5	0,12821	0/2	0/3	5/10
chr10	24833280	C	T	KIAA1217	127	13	0,09286	0/21	0/19	0/5
chr10	29137288	C	T		56	7	0,11111	0/60	0/34	0/64
chr10	42364809	C	T		217	13	0,05652	0/1	0/2	0/2
chr10	42380448	C	T		65	8	0,10959	0/8	0/8	0/4
chr10	42396703	T	C		163	10	0,0578	0/11	2/16	1/10
chr10	74684172	C	T	OIT3	146	14	0,0875	0/32	0/32	0/5
chr10	102746526	G	A	MRPL43	103	10	0,0885	0/57	0/54	0/101
chr10	107005362	C	T	SORCS3	60	5	0,07692	0/36	1/23	0/64
chr10	127668567	C	G		30	5	0,14286	0/1	0/2	2/3
chr10	135178224	C	T	ECHS1	145	23	0,1369	0/13	0/1	0/27
chr11	3838631	G	A	PGAP2	37	5	0,11905	0/2		

chr11	5631977	C	T		84	15	0,15152	0/71	0/94	0/4
chr11	10793128	G	A	CTR9	47	5	0,09615	0/54	0/39	0/27
chr11	20636270	C	G	SLC6A5	172	18	0,09474		0/5	0/1
chr11	27147281	G	C	BBOX1	81	19	0,19	0/25	0/4	0/15
chr11	36596180	G	C		80	7	0,08046	0/12	0/2	0/8
chr11	43904723	C	T	ALKBH3	67	10	0,12987	1/20	1/8	3/7
chr11	56258722	A	C	OR5M8	33	42	0,56	4/4	0/3	6/7
chr11	64004652	T	G		23	7	0,23333			
chr11	65733309	A	G		117	17	0,12687	0/18	0/26	0/8
chr11	66259309	C	G		110	19	0,14729	0/13	0/58	4/21
chr11	66617694	G	A	PC	110	9	0,07563			
chr11	67800843	G	A	NDUFS8	63	6	0,08696	0/1	0/3	
chr11	75062476	G	A		21	5	0,19231			
chr11	76918399	C	G	MYO7A	22	5	0,18519	0/20	0/13	8/18
chr11	94533202	G	C	AMOTL1	68	7	0,09333	0/11	0/10	0/6
chr11	111896326	C	G	DLAT	39	15	0,27778	0/6	0/9	0/9
chr11	122650373	G	A	UBASH3B	22	10	0,3125	0/20	0/2	0/21
chr12	6936114	G	A	GPR162	323	29	0,08239	0/37	0/37	0/24
chr12	7640684	C	T		86	10	0,10417	0/8	0/9	0/6
chr12	13717309	C	T	GRIN2B	127	16	0,11189	0/24	0/52	0/8
chr12	19242275	G	A		33	6	0,15385	0/22	0/33	0/11
chr12	40729017	C	G		26	4	0,13333	0/21	0/18	0/7
chr12	49167995	G	A		9	4	0,30769	4/6	0/6	0/4
chr12	49233800	G	A	DDX23	61	29	0,32222	0/5	0/6	
chr12	50152144	T	G		206	11	0,05069	0/14	0/2	0/1
chr12	54964126	C	T	PDE1B	47	5	0,09615	0/24	0/25	0/12
chr12	108589661	C	T	WSCD2	87	29	0,25	7/26	0/19	0/28
chr12	112130725	T	C		33	20	0,37736	6/11	5/17	1/3
chr12	122694392	C	T		141	8	0,05369		0/1	
chr12	130840137	G	C	PIWIL1	152	21	0,12139	0/13	0/19	0/17
chr13	19748306	G	T		24	8	0,25	0/2	0/1	2/6
chr13	25058831	C	T	PARP4	40	5	0,11111			
chr13	25072256	C	G	PARP4	36	10	0,21739	0/1	0/2	
chr13	25807657	G	A		105	18	0,14634		0/2	
chr13	32691564	G	C	FRY	49	10	0,16949	0/10	0/39	47/57

chr13	88329976	A	C		71	21	0,22826	0/3	0/2	0/2
chr13	94482637	G	A	GPC6	74	23	0,23711	0/12	0/20	0/23
chr13	110815876	G	T	COL4A1	34	9	0,2093	0/41		23/52
chr14	20295851	T	C	OR4N2	46	13	0,22034	24/33	10/21	15/15
chr14	20872106	G	A		73	14	0,16092	0/2	0/3	
chr14	24909683	C	T	SDR39U1	108	13	0,10744	0/21	0/14	0/15
chr14	45711647	G	A	MIS18BP1	53	8	0,13115	0/1	0/3	0/3
chr14	62550926	C	T	SYT16	23	6	0,2069	0/9	0/3	0/18
chr14	75469985	G	T	EIF2B2	53	10	0,15873	0/52	0/37	0/48
chr14	89747379	G	C		33	45	0,57692	27/27	11/11	10/10
chr14	91633669	G	A	DGLUCY	64	7	0,09859	0/21	0/36	0/47
chr14	102508957	G	A		74	14	0,15909	0/35	0/15	0/29
chr14	106993959	T	G		94	18	0,16071	0/9	0/2	0/7
chr14	106993964	A	G		94	18	0,16071	0/9	0/2	0/7
chr15	35376912	G	A		45	24	0,34783	5/5	0/17	4/4
chr15	40900959	A	G		22	7	0,24138		0/1	
chr15	76222325	C	G	FBXO22	64	13	0,16883	0/2	0/1	
chr15	82574861	C	T	SAXO2	27	10	0,27027	5/10	0/4	0/17
chr15	83296163	T	C		34	51	0,6	0/3	0/109	26/32
chr15	84722439	G	T		19	22	0,53659	1/1	0/5	
chr15	91565389	C	G	VPS33B	21	6	0,22222	0/4	0/22	0/20
chr16	4015968	C	G	ADCY9	158	11	0,06509	0/9	0/11	0/2
chr16	4016231	C	T	ADCY9	197	18	0,08372	0/7	0/12	0/6
chr16	4242282	C	T	SRL	92	12	0,11538	0/66	0/34	0/88
chr16	4242436	G	T	SRL	84	8	0,08696	0/34	0/23	0/50
chr16	4242589	C	G	SRL	210	20	0,08696	0/146	0/178	0/217
chr16	4242658	C	G	SRL	166	19	0,1027	0/165	0/235	0/256
chr16	4242706	G	T	SRL	153	20	0,11561	1/108	0/159	0/180
chr16	4385055	C	G		125	11	0,08088	0/13	0/19	7/35
chr16	4626585	G	A	C16orf96	147	10	0,06369	0/2	0/21	0/20
chr16	7102026	G	T		135	16	0,10596	0/27	0/8	0/16
chr16	12609513	C	G		96	9	0,08571	0/9	0/3	0/27
chr16	22128033	A	G		101	17	0,14407	0/30	0/5	7/42
chr16	22189526	G	A		85	34	0,28571			
chr16	23640680	C	T		74	9	0,10843	0/3	0/2	1/6

chr16	23721620	G	A		69	11	0,1375	0/14	0/7	0/37
chr16	31105781	C	T		113	12	0,096	0/7	0/13	0/21
chr16	33865245	T	G		19	5	0,20833	0/2	3/4	0/1
chr16	33866416	G	T		30	5	0,14286	0/2	0/1	4/6
chr16	46388833	C	G		89	8	0,08247	0/3	0/6	0/7
chr16	46417328	A	C		77	9	0,10465	7/51	3/51	4/76
chr16	49669973	A	C	ZNF423	99	30	0,23256			
chr16	69703949	A	T	NFAT5	92	84	0,47727			0/1
chr16	71715801	G	A	PHLPP2	48	10	0,17241	0/16	0/12	0/11
chr16	89235159	C	T	LINC02138	21	12	0,36364	0/1	1/13	6/8
chr16	89831306	C	T	FANCA	83	11	0,11702	0/36	0/53	0/12
chr17	2202763	C	T	SMG6	50	36	0,4186	5/5		1/6
chr17	3477002	G	T	TRPV1	61	11	0,15278	0/9		0/12
chr17	4619304	C	T	ARRB2	177	38	0,17674			
chr17	7811758	A	C	CHD3	45	5	0,1	0/40	1/35	0/59
chr17	10370020	G	C	MYH4	45	4	0,08163	0/5	0/8	
chr17	18148904	C	G	FLII	94	16	0,14545			
chr17	25266585	C	T		10	4	0,28571	0/14	1/5	0/8
chr17	26370088	T	C	NLK	28	24	0,46154	16/25	1/57	28/65
chr17	28758746	C	G		40	7	0,14894			
chr17	36064949	G	C	HNF1B	75	10	0,11765	0/3	0/15	0/14
chr17	42148540	C	A		28	8	0,22222		0/3	1/5
chr17	57288086	G	C	SMG8	63	7	0,1	0/22	0/67	0/11
chr17	61957797	C	T	GH2	78	11	0,1236	0/5	0/31	0/14
chr17	67041339	A	T	ABCA9	126	8	0,0597	0/4	0/4	0/10
chr17	72700885	C	T	CD300LF	103	83	0,44624	5/9	2/9	7/17
chr17	73150472	G	A	JPT1	37	6	0,13953		0/1	
chr17	74465346	C	T	AANAT	103	14	0,11966	0/2		
chr18	10750123	G	A	PIEZO2	92	10	0,09804	0/12	0/9	0/29
chr18	14777917	G	A		37	6	0,13953		0/2	
chr18	56940306	C	T	RAX	40	10	0,2			
chr19	1923133	C	A	SCAMP4	80	29	0,26606		0/22	0/3
chr19	3719871	C	G		47	8	0,14545	0/2	0/2	3/3
chr19	4222643	C	T		57	12	0,17391	2/7	2/5	1/8
chr19	17597549	G	A	SLC27A1	91	9	0,09			

chr19	31770574	G	A	TSHZ3	53	8	0,13115	0/8	0/22	2/6
chr19	40884190	C	G		31	4	0,11429			
chr19	40886475	G	C	HIPK4	63	7	0,1			
chr19	40886994	G	T	HIPK4	62	17	0,21519	0/2		
chr19	41869472	A	T		37	9	0,19565	0/39	0/45	46/77
chr19	42891237	C	A		27	8	0,22857			
chr19	47960399	C	T	SLC8A2	9	6	0,4			
chr19	52873233	G	C		107	33	0,23571	0/8	0/3	6/13
chr19	52887745	C	G	ZNF880	64	7	0,09859	0/10	0/12	0/27
chr19	53056509	G	A	ZNF808	86	29	0,25217	0/13	0/10	0/30
chr19	53840451	T	A		62	12	0,16216	0/27	0/23	13/51
chr19	54668149	C	T		8	12	0,6	26/45	1/54	46/68
chr19	56692130	C	A		48	12	0,2	0/3	0/7	0/9
chr19	56736307	C	A	ZSCAN5A	45	6	0,11765	0/11	0/18	15/20
chr19	57088960	G	T	ZNF470	105	15	0,125	0/3	0/16	0/11
chr20	896930	C	G		15	11	0,42308	11/15	0/7	8/14
chr20	1161959	G	C	TMEM74B	143	15	0,09494		0/1	0/3
chr20	1285777	G	C	SNPH	53	6	0,10169	0/4	0/5	0/1
chr20	21689893	C	G	PAX1	78	7	0,08235			
chr20	31024121	G	T	ASXL1	101	12	0,10619	0/28	0/41	0/32
chr20	34130567	C	T		49	7	0,125	0/81	0/109	0/64
chr20	43243286	C	G	PKIG	81	11	0,11957	0/18	0/15	9/21
chr20	58381200	G	C	PHACTR3	108	14	0,11475	0/7	0/36	0/15
chr21	10920017	C	T		177	29	0,14078	1/14	0/23	0/14
chr21	33840085	C	G	EVA1C	101	10	0,09009	0/5	0/2	0/9
chr21	39325126	C	G		23	16	0,41026	18/44	0/14	2/16
chr22	17646245	C	T		53	10	0,15873	0/1	0/2	0/1
chrX	3533811	G	A		127	66	0,34197	49/50	0/40	37/61
chrX	17745920	G	A	NHS	187	16	0,07882	0/27	0/10	0/34
chrX	47001802	C	A	NDUFB11	88	14	0,13725	0/103	1/92	14/26
chrX	48382408	C	T	EBP	61	5	0,07576	0/36	0/34	0/49
chrX	48546836	C	T	WAS	25	23	0,47917		0/1	4/4
chrX	54952040	C	G	TRO	170	19	0,10053	0/2		
chrX	74387681	G	C		28	4	0,125	0/1		
chrX	74803561	G	T		20	4	0,16667	0/14	0/14	0/15

chrX	77913918	C	G		125	15	0,10714	0/12	0/10	0/24
chrX	103045413	C	G		126	18	0,125	0/18	0/24	0/60
chrX	105912555	T	A	CXorf57	31	31	0,5	4/10	2/5	2/15
chrX	111624264	C	T		57	7	0,10938	0/13	0/17	0/43
chrX	118123440	A	G	LONRF3	37	7	0,15909	0/11	0/8	11/15
chrX	123516468	G	C		57	8	0,12308	0/5	0/11	0/8
chrX	148048348	C	G	AFF2	149	15	0,09146	0/120	0/104	0/180
chrX	153587943	C	A	FLNA	76	25	0,24752		0/2	0/2
chrX	153599265	C	T	FLNA	94	12	0,11321			
chrX	153609602	A	T		19	8	0,2963			
chrX	153668752	C	T	GDI1	59	6	0,09231		0/2	0/1
chrX	154157976	C	G	F8	178	34	0,16038	0/30	0/36	0/34
chrX	154158408	C	G	F8	80	16	0,16667	0/2	0/3	0/6

chrom: chromosome

pos: position of the chromosome

ref: reference allele

alt: alternative allele

VAF: variant allele frequency in the bulk sample

Supplementary Table 6. Common, shared CTC and private CTC mutations for patient with TNBC (#1).

	Non-duplicate read pairs	Mutations	Mutations present in bulk	Mutations present in other CTCs	Private mutations
15 WBCs	24108408	37	0	9	28
1 CTCa	27107890	855	11	20	824
1 CTCb	24559245	631	16	26	589
1 CTCc	26994739	390	17	21	352
1 CTCd	22636812	654	14	17	623
5 CTCa	25402660	312	13	17	282
5 CTCb	25358787	309	18	25	266
5 CTCc	10696284	141	10	12	119

Supplementary Table 7. Common, shared CTC and private CTC mutations for patient with HER2+ tumor (#2).

	Non-duplicate read pairs	Mutations	Mutations present in bulk	Mutations present in other CTCs	Private mutations
10 WBCs	25537426	78	0	10	68
1 CTCa	19173148	1513	27	29	1457
10 CTCa	22432107	1661	18	36	1607
1 CTCb	17115512	1610	23	30	1557
10 CTCb	22961019	947	26	28	893
1 CTCc	27816697	2445	24	23	2398
10 CTCc	28769658	433	19	24	390
10 CTCd	6030197	460	10	12	438
10 CTCe	18428610	1483	19	37	1427
1 CTCd	13153192	1830	23	38	1769
10 CTCf	22380988	329	19	34	276
10 CTCg	12733448	421	15	34	372

Supplementary Table 8. Common, shared CTC and private CTC mutations for patient with ER+ tumor (#3).

	Non-duplicate read pairs	Mutations	Mutations present in bulk	Mutations present in other CTCs	Private mutations
20 WBC	30798109	89	0	10	79
1 CTCa	23949238	1032	23	16	993
1 CTCb	22602049	1614	4	22	1588
1 CTCc	24654506	1215	47	17	1151

Supplementary Table 9. Coverage of the exome sequencing of the primary tumor and PBMC samples.

Patient ID	BC type	Coverage tumor	Coverage normal	Purity (ABSOLUTE)
#1	TNBC	142,04	106,11	0,217185816
#2	ER-/HER2+	133,47	110,65	0,344594979
#3	ER+/HER2-	150,45	144,07	0,324138482