

Supplemental Table 5: Summary of somatic genomic alterations in BETRNet EACs.

Gene_ID	Pathway	SNV				CNV_High_Gain				CNV_Two_Copy_Loss				Total % Altered			
		HM	IM	LM	MM	HM	IM	LM	MM	HM	IM	LM	MM	HM	IM	LM	MM
TP53	p53	71%	80%	86%	50%	NA	NA	NA	NA	0%	0%	0%	0%	71%	80%	86%	50%
ATM	p53	0%	0%	0%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	20%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
ARID1A	Chromatin remodeling	14%	20%	29%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	20%	0%	0%	14%	40%	29%	0%
ARID1B	Chromatin remodeling	0%	0%	14%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	0%	0%	0%	0%	0%	14%	0%
ERBB2	ERBB/MET	43%	20%	0%	0%	57%	0%	0%	25%	NA	NA	NA	NA	86%	20%	0%	25%
ERBB4	ERBB/MET	0%	20%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	20%	0%	0%
EGFR	ERBB/MET	0%	0%	0%	0%	0%	20%	0%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	20%	0%	0%
MET	ERBB/MET	0%	0%	0%	0%	0%	0%	14%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	0%	14%	0%
KRAS	ERBB/MET	0%	0%	0%	0%	0%	40%	0%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	40%	0%	0%
NRAS	ERBB/MET	0%	0%	0%	0%	14%	0%	0%	0%	NA	NA	NA	NA	14%	0%	0%	0%
CDKN2B	Cell cycle	0%	0%	0%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	0%	29%	0%	0%	0%	0%	0%
CDKN2A	Cell cycle	14%	0%	33%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	0%	33%	0%	14%	0%	67%	0%
CDK6	Cell cycle	0%	0%	0%	0%	0%	0%	14%	0%	NA	NA	NA	NA	0%	0%	14%	0%
RB1	Cell cycle	0%	0%	0%	25%	NA	NA	NA	NA	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	25%