

Table S1.

Common differentially expressed genes among top 20 hits Cohort 1 (Luminal A, Luminal B)

Luminal A						Luminal B					
Entrez-ID	Gene-symbol	logFC	P	FDR-Adj P	Chr.loc	Entrez-ID	Gene-symbol	logFC	P	FDR-Adj P	Chr.loc
8500	PPFIA1	-1.0349	<0.001	<0.001	11 q13.3	8500	PPFIA1	-1.0908	<0.001	<0.001	11 q13.3
220064	ORAOV1	-1.0455	<0.001	<0.001	11 q13.3	220064	ORAOV1	-1.1347	<0.001	<0.001	11 q13.3
2017	CTTN	-0.9051	<0.001	<0.001	11 q13.3	2017	CTTN	-0.9812	<0.001	<0.001	11 q13.3
219927	MRPL21	-0.6913	<0.001	<0.001	11 q13.3	595	CCND1	-0.9660	<0.001	<0.001	11 q13.3
219931	TPCN2	-0.4768	<0.001	<0.001	11 q13.3	55107	ANO1	-0.7996	<0.001	<0.001	11 q13.3
595	CCND1	-0.9865	<0.001	<0.001	11 q13.3	219927	MRPL21	-0.5501	<0.001	<0.001	11 q13.3
5499	PPP1CA	-0.3623	<0.001	<0.001	11 q13.2	84881	RPUSD4	0.3211	<0.001	<0.001	11 q24.2
5883	RAD9A	-0.5090	<0.001	<0.001	11 q13.2	219931	TPCN2	-0.4087	<0.001	<0.001	11 q13.3
219854	TMEM218	0.3954	<0.001	<0.001	11 q24.2	5499	PPP1CA	-0.3326	<0.001	<0.001	11 q13.2
3508	IGHMBP2	-0.2556	<0.001	<0.001	11 q13.3	29087	THYN1	0.3237	<0.001	<0.001	11 q25.0
84881	RPUSD4	0.3709	<0.001	<0.001	11 q24.2	5883	RAD9A	-0.4282	<0.001	<0.001	11 q13.2
55291	PPP6R3	-0.4355	<0.001	<0.001	11 q13.2	27034	ACAD8	0.2958	<0.001	<0.001	11 q25.0
9986	RCE1	-0.3334	<0.001	<0.001	11 q13.2	219854	TMEM218	0.3089	<0.001	<0.001	11 q24.2
51111	SUV420H1	-0.4000	<0.001	<0.001	11 q13.2	3508	IGHMBP2	-0.2208	<0.001	<0.001	11 q13.3
1798	DPAGT1	0.3832	<0.001	<0.001	11 q23.3	112936	VPS26B	0.2919	<0.001	<0.001	11 q25.0
9633	MTL5	-0.3964	<0.001	<0.001	11 q13.3	6768	ST14	0.3724	<0.001	<0.001	11 q24.3
1374	CPT1A	-0.3565	<0.001	<0.001	11 q13.3	9986	RCE1	-0.3577	<0.001	<0.001	11 q13.2
83480	PUS3	0.3108	<0.001	<0.001	11 q24.2	9088	PKMYT1	-0.2561	<0.001	<0.001	16 p13.3
92105	INTS4	-0.4786	<0.001	<0.001	11 q14.1	143879	KBTBD3	0.2024	<0.001	<0.001	11 q22.3
28971	AAMDC	-0.6462	<0.001	<0.001	11 q14.1	54970	TTC12	0.4104	<0.001	<0.001	11 q23.2

Common genes are shown in bold; Chr.loc = Chromosomal location; FDR Adj P = The false discovery rate adjusted P values derived from Benjamini-Hochberg correction; logFC = logarithmic fold-change

* Complementary information derived from The HUGO Gene Nomenclature Committee (HGNC) and Gene-Card databases