

CIBERSORTx Output Display

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 naive	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 memory activated	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Correlation	RMSE
TCGA-3N-A9WB	0	0.037	0	0	0.221	0.158	0	0.084	0.115	0	0.179	0	0.03	0	0.093	0	0	0.158	0.075	0	0.01	0.530	0.023	1.103
TCGA-3N-A9WC	0.092	0	0.166	0	0	0	0.077	0.049	0.154	0.069	0	0.040	0.033	0.093	0.070	0.008	0.051	0	0	0	0	0.000	0.302	0.986
TCGA-3N-A9WD	0.077	0.128	0	0.031	0	0	0	0.175	0.151	0	0	0.187	0	0.020	0.221	0.106	0.011	0	0.05	0	0	0.000	0.304	0.971
TCGA-BF-AA90	0.153	0.279	0	0.000	0	0	0	0.000	0.001	0	0	0.000	0.012	0.158	0.000	0.000	0.076	0	0.251	0	0	0.000	0.415	0.916
TCGA-D3-A1Q1	0	0.014	0.009	0.176	0	0	0	0.047	0.029	0	0.019	0	0.129	0.201	0.016	0.000	0	0	0.13	0	0	0.180	0.083	1.067
TCGA-D3-A1Q3	0.000	0.06	0	0.000	0	0.000	0	0.187	0.168	0.032	0	0.14	0.051	0.168	0.000	0.000	0	0.165	0	0	0	0.050	0.144	1.040
TCGA-D3-A1Q4	0.011	0.076	0.132	0.084	0	0.038	0	0.115	0.092	0	0.037	0	0.016	0.000	0.134	0.000	0	0.14	0	0	0	0.000	0.663	0.764
TCGA-D3-A1Q5	0.000	0	0.18	0.000	0	0	0	0.046	0.205	0	0.108	0.097	0	0.000	0.062	0.000	0	0.062	0	0	0	0.120	0.101	1.060
TCGA-D3-A1Q6	0.043	0	0	0.155	0	0.000	0.032	0.115	0	0	0	0.008	0.069	0.126	0.054	0.000	0	0.08	0	0.117	0.102	0.180	0.086	1.057
TCGA-D3-A1Q7	0.125	0	0.000	0.000	0	0.001	0.000	0.154	0.104	0	0.000	0.126	0.000	0.000	0.000	0.000	0	0.06	0	0	0	0.000	0.507	0.862
TCGA-D3-A1Q8	0.022	0.109	0.093	0.179	0	0.000	0.008	0.053	0.016	0	0.021	0	0.151	0	0.059	0.000	0.000	0	0.257	0	0.000	0.266	0.983	
TCGA-D3-A1Q9	0	0.041	0.201	0.000	0	0.000	0.026	0.225	0.022	0	0	0.175	0	0.000	0.158	0.000	0	0.057	0	0	0	0.080	0.122	1.052
TCGA-D3-A1QA	0.12	0	0.045	0.000	0	0	0	0.000	0.024	0	0	0.228	0.079	0.000	0.000	0.000	0	0.006	0	0	0	0.600	0.013	1.105
TCGA-D3-A1QB	0.042	0	0.158	0.000	0	0	0.103	0.000	0.084	0.058	0	0.000	0.043	0	0.000	0.000	0.05	0	0.127	0	0	0.000	0.414	0.926
TCGA-D3-A2J6	0	0.065	0.08	0.000	0	0	0.000	0.166	0	0.216	0	0.000	0	0.155	0.054	0.192	0.019	0	0	0.106	0	0.260	0.068	1.128
TCGA-D3-A2J7	0.01	0.022	0.000	0.000	0	0.162	0.024	0.218	0.215	0	0	0.166	0.079	0.000	0.000	0.000	0	0.057	0	0	0	0.050	0.135	1.049
TCGA-D3-A2J8	0.142	0	0.123	0.000	0	0	0.205	0.244	0.094	0	0	0.000	0	0.256	0.000	0.000	0	0	0.06	0	0	0.000	0.642	0.773
TCGA-D3-A2J9	0.149	0.101	0	0.000	0	0	0	0.000	0.212	0.000	0	0.000	0	0.000	0.000	0.000	0	0	0	0	0	0.000	0.562	0.827
TCGA-D3-A2JA	0	0.000	0	0.000	0	0.000	0.08	0.189	0.059	0.037	0	0.044	0	0.000	0.000	0.000	0	0	0.013	0	0	0.000	0.635	0.776
TCGA-D3-A2JB	0.000	0.000	0.000	0.000	0	0.000	0	0.000	0.015	0.081	0	0.253	0	0.000	0.000	0.000	0	0.062	0	0	0	0.000	0.512	0.861
TCGA-D3-A2JC	0	0.196	0	0.100	0	0.181	0.013	0.233	0.098	0.023	0	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000	0.009	0	0	0.046	0	0.000	0.243	1.000
TCGA-D3-A2JD	0.000	0.000	0.177	0.000	0.169	0.271	0	0.064	0.000	0	0.014	0.153	0.112	0.27	0.02	0.000	0	0.017	0	0	0	0.010	0.202	1.011
TCGA-D3-A2JE	0.175	0	0.117	0.051	0	0.122	0	0.192	0.053	0	0	0.088	0.013	0.185	0.07	0.138	0	0	0.011	0	0	0.290	0.056	1.063
TCGA-D3-A2JF	0.011	0.133	0.03	0.000	0	0.19	0	0.000	0.036	0.071	0	0.15	0	0.000	0.000	0.000	0	0.075	0	0	0	0.000	0.473	0.881
TCGA-D3-A2JG	0	0.168	0.217	0.000	0	0	0.081	0.065	0	0	0.024	0.063	0.146	0.049	0.000	0.024	0	0.219	0	0	0	0.410	0.031	1.055
TCGA-D3-A2JH	0.000	0	0.136	0.000	0	0.261	0.000	0.031	0	0	0.000	0.071	0	0.24	0.000	0.051	0	0	0.096	0	0.026	0.000	0.504	0.864
TCGA-D3-A2JK	0	0.081	0.014	0	0.1	0	0.037	0.066	0	0.052	0	0	0.000	0.000	0.019	0.000	0	0.088	0	0	0	0.000	0.270	1.065
TCGA-D3-A2JL	0	0.207	0.045	0.000	0	0	0.252	0.259	0.000	0	0.000	0	0.000	0.000	0.234	0.000	0	0.086	0	0	0	0.000	0.256	0.999
TCGA-D3-A2JN	0	0.121	0.219	0	0	0.156	0.116	0.103	0	0	0.186	0.031	0.089	0.207	0.154	0.161	0	0.012	0	0	0	0.000	0.451	0.892
TCGA-D3-A2JO	0	0	0.276	0.000	0	0	0.200	0.265	0	0.000	0	0.000	0.000	0.000	0.000	0.131	0	0	0	0	0.000	0.370	0.935	
TCGA-D3-A2JP	0	0.234	0.139	0.000	0	0.014	0.024	0.107	0	0.18	0	0.15	0.085	0	0.000	0.000	0.054	0	0.029	0	0	0.020	0.191	1.034
TCGA-D3-A3B2	0.114	0.013	0.214	0.000	0	0.097	0.000	0.204	0	0	0.000	0.207	0.000	0.000	0.000	0.068	0	0.215	0	0	0	0.000	0.272	0.981
TCGA-D3-A3C6	0.005	0	0.007	0	0.024	0	0	0.036	0.078	0.114	0.137	0	0	0.000	0.041	0.000	0	0.087	0	0	0	0.020	0.193	1.077
TCGA-D3-A3C7	0	0.006	0.059	0.000	0	0.184	0.17	0.083	0.018	0	0.116	0.107	0.000	0.000	0.171	0.000	0.029	0	0	0.266	0	0.000	0.222	1.018
TCGA-D3-A3C8	0	0	0.016	0.000	0	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0	0.000	0.158	0	0.000	0.000	0.000	0	0.092	0	0	0.000	0.447	0.909
TCGA-D3-A3CB	0.218	0.054	0.129	0.000	0	0.156	0.000	0.000	0	0	0.019	0.091	0.000	0.000	0.000	0.015	0	0.036	0	0	0	0.000	0.534	0.845
TCGA-D3-A3CC	0.000	0.008	0.054	0	0	0.000	0.000	0.03	0	0.000	0.087	0.099	0	0	0.000	0.004	0.011	0.000	0.000	0	0.300	0.054	1.086	
TCGA-D3-A3CE	0	0.000	0.000	0.000	0	0.026	0.201	0.039	0	0	0.000	0.229	0	0.000	0.000	0.017	0	0	0.033	0	0	0.000	0.257	0.985
TCGA-D3-A3CF	0.000	0.000	0.148	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0	0	0.231	0.07	0.053	0.262	0.000	0	0.024	0	0	0.01	0.050	0.134	1.034	
TCGA-D3-A3ML	0.102	0	0.136	0.147	0	0.077	0.000	0.123	0.004	0	0.07	0	0.037	0.104	0.000	0	0.027	0	0	0	0	0.810	-0.011	1.107
TCGA-D3-A3MO	0	0.157	0.068	0	0	0.229	0.000	0.005	0.047	0	0.116	0	0	0.000	0.028	0.138	0	0.059	0	0	0	0.000	0.658	0.754
TCGA-D3-A3MR	0	0.000	0.064	0.000	0	0.009	0.252	0.11	0.224	0	0.000	0	0.000	0.000	0.000	0	0	0	0	0	0.000	0.396	0.924	
TCGA-D3-A3MU	0.034	0.051	0.105	0.243	0	0.132	0	0.15	0.074	0	0	0.1	0.031	0.000	0.182	0.000	0.018	0	0	0	0	0.000	0.579	0.815
TCGA-D3-A3MV	0.198	0	0.102	0.176	0	0.026	0	0.026	0.02	0	0.021	0	0.034	0.000	0.000	0	0	0	0	0	0.020	0.191	1.038	
TCGA-D3-A51E	0	0	0.000	0.000	0	0	0.183	0.000	0.01	0	0	0.000	0.122	0.000	0.000	0	0	0	0.088	0	0	0.080	0.119	1.049
TCGA-D3-A51F	0	0.061	0.093	0.000	0	0.055	0.000	0.179	0.000	0	0.000	0.035	0	0.000	0.000	0.129	0	0	0.248	0	0	0.000	0.490	0.881
TCGA-D3-A51H	0.000	0.000	0	0.000	0	0.199	0.000	0.000	0.136	0	0.067	0.05	0.000	0.000	0.000	0	0.000	0	0	0	0.000	0.593	0.809	
TCGA-D3-A51J	0	0.000	0.127	0.000	0.113	0	0.000	0.000	0.21	0	0.000	0.24	0.000	0.000	0.000	0.04	0.066	0	0	0	0	0.000	0.289	0.978
TCGA-D3-A51K	0	0.178	0.000	0.000	0	0.027	0.215	0.039	0	0	0.174	0.021	0.019	0.033	0.000	0.004	0	0.097	0	0	0	0.060	0.129	1.032
TCGA-D3-A51N	0	0.000	0	0.175	0	0	0.217	0.177	0.064	0	0.012	0	0.100	0.000	0.000	0	0	0.196	0	0	0	0.550	0.325	0.970
TCGA-D3-A51R	0.199	0	0.276	0	0	0.043	0	0.021	0.032	0	0.000	0	0.015	0.000	0.011	0.122	0	0	0	0	0.550	0.020	1.097	
TCGA-D3-A51T	0.133	0.116	0.175	0.000	0	0.031	0.000	0.101	0	0.047	0.062	0.091	0.000	0.000	0.000	0.01	0.073	0	0	0	0.570	0.016	1.082	
TCGA-D3-A51L	0	0.022	0.000	0.214	0	0	0.000	0	0	0.166	0.183	0.000	0.000	0.059	0.000	0	0.033	0	0	0	0.550	0.020	1.084	
TCGA-D3-A5GN	0	0.202	0.152	0.000	0	0.077	0.237	0	0	0.183	0.063	0.000	0.000	0.192	0.226	0	0.053	0	0	0	0.000	0.427	0.904	
TCGA-D3-A5GO	0	0.028	0	0.000	0	0	0.268	0.116	0	0	0.07	0	0.000	0.201	0.000	0	0	0.135	0	0	0	0.040	0.179	1.070
TCGA-D3-A5GR	0	0.																						

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD8 naive	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 memory activated	T cells follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Correlation	RMSE	
TCGA-DA-A3F3	0.019	0	0.126	0.242	0	0.107	0	0.152	0.041	0	0	0.033	0.026	0.113	0.119	0.103	0	0	0	0.021	0	0	0.300	0.054	1.093	
TCGA-DA-A3F5	0	0.007	0.093	0.159	0	0	0	0.075	0.042	0	0.09	0	0	0.149	0	0.123	0	0.002	0	0.193	0	0.208	0.040	0.172	1.062	
TCGA-DA-A3F8	0.048	0	0.13	0.243	0	0	0.125	0.14	0	0	0	0.117	0.273	0	0.122	0.126	0.103	0	0	0.199	0	0	0.000	0.488	0.873	
TCGA-DA-A9SV	0.012	0.023	0.211	0.159	0	0	0	0.097	0.188	0	0	0.062	0	0.116	0.173	0.148	0	0	0.044	0	0	0	0.000	0.322	0.954	
TCGA-DA-A9SW	0	0.038	0.093	0.153	0	0	0	0.204	0.058	0.039	0	0.217	0.096	0	0.173	0.173	0	0	0	0	0	0	0.280	0.060	1.084	
TCGA-DA-A9SX	0	0.016	0.033	0.174	0	0.259	0	0.19	0.096	0	0	0.061	0.147	0.07	0.182	0.126	0	0	0.132	0	0	0	0.310	0.050	1.074	
TCGA-DA-A9SY	0.07	0	0.071	0	0.069	0	0.007	0.107	0.205	0	0.183	0	0.104	0.124	0.098	0.143	0.026	0	0.147	0	0	0	0.110	0.106	1.047	
TCGA-DA-A9SZ	0.014	0	0	0.204	0	0.073	0	0.174	0	0.064	0	0.089	0	0.211	0.112	0.127	0	0	0.034	0	0	0	0.080	0.121	1.060	
TCGA-EB-A44Q	0.016	0.162	0.086	0.159	0	0	0	0.272	0.142	0.045	0	0.173	0.047	0.08	0.123	0.171	0	0	0.008	0	0	0	0.010	0.204	1.027	
TCGA-EB-A44R	0.022	0	0.07	0.154	0	0	0.036	0.226	0.028	0.166	0	0.162	0	0.143	0.153	0.121	0	0	0	0.066	0	0	0.000	0.245	1.003	
TCGA-EB-A5KH	0.112	0	0	0.085	0	0.147	0	0.05	0.14	0	0.104	0.037	0	0.149	0.094	0.143	0.006	0	0.228	0	0	0	0.340	0.043	1.069	
TCGA-EB-A5SG	0	0	0.187	0.053	0	0	0.116	0.116	0	0.153	0	0.088	0.063	0.167	0.111	0.124	0.087	0	0	0.159	0	0	0.000	0.452	0.894	
TCGA-EB-A5SH	0.126	0	0	0.113	0	0.125	0	0.288	0.138	0	0	0.156	0.07	0.167	0.14	0.143	0	0	0.006	0	0	0	0.340	0.043	1.085	
TCGA-EB-A5UL	0.14	0.068	0.126	0.14	0	0	0.128	0.127	0.038	0	0	0.176	0.021	0.085	0.169	0.146	0	0	0	0	0	0	0.010	0.214	1.010	
TCGA-EB-A5UN	0	0.026	0	0.15	0	0	0	0.125	0	0	0	0.181	0	0.032	0.168	0.163	0.126	0	0	0.151	0	0.127	0.790	-0.011	1.140	
TCGA-EB-A5VV	0.113	0.101	0	0.127	0.106	0.113	0.108	0.101	0.111	0.111	0	0.198	0.195	0.162	0.121	0.124	0	0	0	0	0	0	0.000	0.524	0.851	
TCGA-EB-A6L9	0.233	0.113	0.116	0.117	0.108	0	0	0.125	0.121	0	0	0.064	0.057	0.111	0.271	0.121	0	0	0.037	0.064	0	0	0.000	0.350	0.941	
TCGA-EE-A17X	0.095	0	0.121	0.124	0	0	0	0.103	0.145	0	0.216	0.012	0.048	0.126	0.063	0.146	0	0	0.03	0	0	0	0.190	0.081	1.101	
TCGA-EE-A17Y	0	0	0.087	0.02	0	0	0	0.127	0.035	0	0.032	0.014	0	0.112	0.049	0.079	0	0	0	0.128	0	0	0.000	0.603	0.806	
TCGA-EE-A17Z	0	0.055	0.09	0.021	0	0.17	0	0.239	0	0	0.08	0	0	0.042	0.225	0	0.123	0.003	0	0.17	0	0.019	0	0.460	0.026	1.074
TCGA-EE-A180	0.043	0	0.038	0.124	0	0	0.076	0.118	0	0	0	0.093	0.049	0.149	0.204	0.126	0	0	0.033	0	0	0	0.700	0.000	1.105	
TCGA-EE-A181	0	0.253	0.204	0.143	0	0	0.047	0.238	0.177	0	0	0.233	0.196	0.125	0.124	0.143	0	0	0	0.115	0	0	0.000	0.370	0.934	
TCGA-EE-A182	0.003	0.021	0.043	0.158	0	0	0	0.081	0.132	0	0	0.138	0	0.180	0.014	0.11	0	0	0.073	0	0	0	0.000	0.284	0.999	
TCGA-EE-A183	0.165	0.123	0.136	0.112	0.179	0	0	0.274	0.217	0	0	0.176	0.043	0.101	0.087	0.143	0	0	0.079	0	0	0	0.020	0.191	1.013	
TCGA-EE-A184	0.087	0	0.126	0.12	0	0	0	0.127	0.04	0	0	0.253	0.119	0.251	0.206	0.12	0.011	0	0.006	0	0	0	0.350	0.041	1.082	
TCGA-EE-A185	0.035	0	0.103	0.012	0	0	0	0.22	0.046	0.029	0	0.102	0	0.118	0.004	0.121	0	0	0	0.087	0	0.046	0.660	0.006	1.122	
TCGA-EE-A20B	0.01	0.003	0.143	0.14	0	0.067	0	0.147	0.049	0	0	0.095	0.038	0.133	0.245	0.102	0.011	0	0.054	0	0	0	0.010	0.202	1.014	
TCGA-EE-A20C	0	0.074	0.06	0.015	0	0	0	0.098	0.194	0	0.127	0	0.09	0.022	0	0.11	0	0	0.126	0	0.003	0	0.120	0.097	1.095	
TCGA-EE-A20F	0	0	0.241	0.124	0	0	0.188	0.216	0.037	0	0	0.205	0.151	0.082	0.124	0.143	0.137	0	0	0.039	0	0	0.110	0.105	1.051	
TCGA-EE-A20H	0	0.105	0.01	0	0	0.138	0	0.054	0.077	0	0.075	0.03	0	0.121	0.124	0.239	0.029	0	0.037	0	0	0.003	0.000	0.242	1.009	
TCGA-EE-A20I	0.025	0	0.131	0.11	0	0	0.203	0.235	0.111	0	0.061	0.087	0.001	0.118	0.178	0.121	0	0	0	0	0	0	0.270	0.062	1.075	
TCGA-EE-A20A	0	0.028	0.203	0	0	0.157	0	0.177	0.032	0	0	0.073	0	0.125	0	0.126	0	0	0.042	0	0.009	0	0.270	0.065	1.074	
TCGA-EE-A20B	0	0.007	0	0.19	0	0	0	0.072	0.009	0	0	0.118	0.124	0.001	0.124	0.121	0.021	0	0.117	0	0	0	0.130	0.095	1.095	
TCGA-EE-A20C	0.093	0	0.095	0.08	0	0.078	0	0.058	0.147	0.02	0	0.054	0	0.125	0.037	0.124	0	0	0.118	0	0	0	0.000	0.263	1.015	
TCGA-EE-A20D	0.007	0.028	0.029	0	0.193	0	0	0.168	0.122	0	0.224	0	0	0.111	0	0.11	0	0	0.17	0	0	0	0.040	0.164	1.068	
TCGA-EE-A20E	0.031	0	0.123	0.025	0	0	0	0.215	0	0	0.136	0	0	0.153	0.085	0.125	0	0	0	0.073	0	0.274	0.270	0.064	1.042	
TCGA-EE-A20G	0.007	0.019	0.047	0.186	0	0.259	0	0.101	0.063	0	0	0.166	0.078	0.117	0.161	0.129	0.158	0	0.251	0	0	0	0.000	0.233	1.001	
TCGA-EE-A20H	0.192	0.242	0	0.127	0	0.201	0	0.158	0.247	0	0.098	0.061	0	0.144	0.181	0.125	0	0	0.096	0	0	0	0.270	0.062	1.071	
TCGA-EE-A20L	0.091	0.121	0.127	0.076	0.012	0	0	0.124	0.045	0	0	0	0	0.125	0.118	0.121	0	0	0	0	0	0	0.550	0.022	1.068	
TCGA-EE-A20M	0.095	0.117	0.056	0.124	0	0	0	0.217	0.209	0	0	0.147	0.054	0.113	0.124	0.124	0.056	0	0.068	0	0	0	0.050	0.148	1.047	
TCGA-EE-A20N	0	0.101	0	0.131	0	0.133	0.193	0.279	0.116	0.075	0	0.271	0.095	0.117	0.181	0.125	0	0	0.092	0	0	0	0.020	0.197	1.009	
TCGA-EE-A20P	0	0.146	0.115	0.121	0	0	0.097	0.126	0.091	0.181	0	0.143	0.196	0.155	0.129	0.127	0.038	0	0	0.109	0	0	0.000	0.375	0.940	
TCGA-EE-A20Q	0.208	0	0.042	0.075	0	0.145	0	0.145	0.033	0	0	0.089	0.129	0.127	0.018	0.124	0	0	0.116	0	0	0	0.130	0.096	1.061	
TCGA-EE-A20R	0.019	0	0.143	0.168	0	0.201	0	0.2	0	0	0	0.011	0.035	0.104	0.137	0.121	0	0	0.022	0.065	0	0	0.200	0.077	1.056	
TCGA-EE-A20S	0	0.032	0.046	0.123	0	0.249	0	0.153	0.075	0	0	0.074	0.074	0.111	0.122	0.124	0.003	0	0.045	0	0	0	0.000	0.298	0.970	
TCGA-EE-A20T	0	0.067	0.255	0.11	0	0	0.053	0.111	0.014	0.101	0	0.069	0	0.16	0.076	0.124	0	0	0	0	0	0.001	0.000	0.383	0.930	
TCGA-EE-A20V	0.017	0	0.055	0	0	0.09	0	0.123	0.163	0	0.104	0	0.117	0.125	0	0.124	0.015	0.127	0	0.021	0	0	0.110	0.106	1.055	
TCGA-EE-A20W	0.04	0	0.025	0.227	0	0.099	0	0.015	0.037	0	0	0.065	0.059	0	0.014	0.129	0	0	0.132	0	0	0	0.350	0.039	1.104	
TCGA-EE-A20X	0.02	0.234	0.051	0.129	0	0	0	0.232	0.088	0	0	0.261	0.038	0.146	0.216	0.129	0.054	0	0	0.033	0	0	0.000	0.224	1.007	
TCGA-EE-A20A	0.048	0.098	0.121	0.124	0	0	0.159	0.059	0	0.117	0	0.101	0	0.049	0.186	0.124	0	0	0.015	0	0	0.028	0.000	0.342	0.946	
TCGA-EE-A2A1	0.101	0	0.131	0.124	0	0.146	0	0.259	0.167	0	0	0.126	0.093	0.13	0.124	0.124	0	0	0.143	0	0	0	0.000	0.289	0.970	
TCGA-EE-A2A2	0.18	0.267	0.221	0.14	0	0.143	0	0.125	0.049	0	0	0.112	0.048	0.159	0.147	0.129	0.026	0	0.014	0	0	0	0.280	0.061	1.060	
TCGA-EE-A2A5	0.007	0.011	0	0	0	0.148	0	0.013	0.108	0	0.069	0	0	0.288	0.122	0.125	0.014	0	0.137	0	0	0	0.050	0.138	1.050	
TCGA-EE-A2A6	0.098	0.156	0.097	0.124	0	0	0.172	0.127	0.088	0	0	0.127	0.094	0.075	0.124	0.124	0.004	0	0</							

Input Sample	B cells naive		B cells memory		Plasma cells		T cells CD8		T cells CD4 naive		T cells CD4 memory resting		T cells CD4 memory activated		T cells follicular helper		T cells regulatory (Tregs)		T cells gamma delta		NK cells resting		NK cells activated		Monocytes		Macrophages M0		Macrophages M1		Macrophages M2		Dendritic cells resting		Dendritic cells activated		Mast cells resting		Mast cells activated		Eosinophils		Neutrophils		P-value	Correlation	RMSE
	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory							
TCGA-EE-A3AG	0.005	0	0.03	0.085	0	0.07	0	0.07	0	0.017	0	0.017	0	0.094	0.044	0.059	0	0.011	0.009	0.101	0.098	0.025	0	0.053	0	0	0	0.000	0.364	1.001																	
TCGA-EE-A3AH	0.075	0	0.152	0.088	0	0.106	0	0.152	0	0	0	0.111	0.202	0.193	0.181	0.045	0.025	0	0	0.111	0.009	0.025	0	0.053	0	0	0	0.560	0.017	1.068																	
TCGA-EE-A3AJ	0.016	0.033	0.073	0.155	0	0.242	0	0.094	0.044	0.059	0	0.011	0.009	0.009	0.245	0.045	0	0	0	0	0.011	0.009	0.025	0	0.053	0	0	0	0.000	0.451	0.897																
TCGA-EE-A3AK	0	0.064	0.014	0.271	0	0.081	0	0.187	0	0	0	0.1	0.072	0.03	0.264	0.009	0.021	0	0	0.1	0.072	0.03	0.264	0.009	0.021	0	0	0.190	0.079	1.076																	
TCGA-EE-A3AL	0.061	0.006	0.014	0.401	0	0.173	0.045	0.245	0.09	0	0	0.152	0.093	0.224	0.409	0.404	0.078	0	0	0.152	0.093	0.224	0.409	0.404	0.078	0	0	0.000	0.222	1.013																	
TCGA-EE-A3AM	0.088	0	0.066	0.073	0	0	0.009	0.194	0	0	0	0.182	0.03	0	0.167	0.073	0	0	0	0	0.182	0.03	0	0.167	0.073	0	0	0	0.400	0.033	1.100																
TCGA-EE-A3AN	0.263	0	0.064	0.013	0	0.023	0	0.047	0	0.008	0	0.067	0	0.054	0.013	0.013	0	0	0	0.067	0	0.054	0.013	0.013	0	0	0.023	0	0	0.750	-0.006	1.108															
TCGA-EE-A3AO	0	0.048	0.003	0.073	0	0	0	0	0.144	0	0	0.173	0.064	0	0.24	0.001	0	0	0	0.173	0.064	0	0.24	0.001	0	0	0	0.044	0	0	0.360	0.037	1.078														
TCGA-EE-A3AP	0	0.157	0	0.096	0	0.171	0	0.055	0.033	0	0	0.052	0.24	0.058	0.12	0.154	0.01	0	0	0.052	0.24	0.058	0.12	0.154	0.01	0	0	0.125	0	0	0.000	0.483	0.876														
TCGA-EE-A3AQ	0.053	0.125	0.28	0.14	0	0.283	0.174	0.153	0.01	0.004	0	0.275	0.027	0	0.009	0.003	0	0	0	0.275	0.027	0	0.009	0.003	0	0	0	0	0	0.012	0.000	0.419	0.909														
TCGA-EE-A3AR	0	0.126	0.009	0.009	0	0	0.009	0.009	0	0	0	0.009	0.009	0	0.009	0.009	0.049	0	0	0.009	0.009	0.049	0	0.009	0.009	0	0	0	0.000	0.383	0.927																
TCGA-EE-A3AS	0	0.003	0.009	0.009	0	0	0.187	0.254	0.002	0	0	0.187	0.254	0.002	0	0.187	0.254	0.002	0	0	0.187	0.254	0.002	0	0.187	0.254	0.002	0	0	0.000	0.485	0.875															
TCGA-EE-A3AT	0	0.001	0.02	0.205	0	0.182	0	0.212	0.014	0	0.054	0.004	0.009	0	0.068	0.009	0	0	0.054	0.004	0.009	0.009	0	0.068	0.009	0	0	0.199	0	0	0.280	0.061	1.075														
TCGA-ER-A193	0.074	0	0	0.009	0	0	0.117	0.009	0.061	0.088	0	0.204	0	0.109	0.009	0.009	0	0	0	0.204	0	0.109	0.009	0.009	0	0	0.156	0	0	0	0.000	0.471	0.884														
TCGA-ER-A195	0.031	0	0	0.009	0	0.262	0.085	0.123	0.238	0	0	0.197	0.188	0.227	0.409	0.009	0.023	0	0	0.197	0.188	0.227	0.409	0.009	0.023	0	0	0.063	0	0	0.000	0.383	0.928														
TCGA-ER-A197	0	0.019	0.073	0.001	0	0	0	0.131	0.008	0.049	0	0.131	0.014	0	0.142	0.173	0	0	0	0.131	0.014	0	0.142	0.173	0	0	0	0.106	0	0.018	0.000	0.363	0.938														
TCGA-ER-A198	0	0.073	0.037	0.009	0	0	0	0.128	0.017	0.238	0	0.109	0.189	0.101	0.206	0.009	0.039	0	0	0.109	0.189	0.101	0.206	0.009	0.039	0	0	0.06	0	0	0.110	0.107	1.071														
TCGA-ER-A199	0.009	0.268	0.066	0.009	0	0.15	0	0.009	0.165	0	0	0.27	0.192	0.091	0.009	0.009	0.083	0	0	0.27	0.192	0.091	0.009	0.009	0.083	0	0	0.009	0	0	0.000	0.286	0.973														
TCGA-ER-A19A	0	0.014	0.021	0.009	0	0.009	0	0.009	0.149	0	0	0.177	0.123	0.177	0.409	0.009	0	0	0	0.177	0.123	0.177	0.409	0.009	0	0	0.071	0	0	0.000	0.570	0.825															
TCGA-ER-A19B	0	0.095	0.022	0	0	0.174	0.029	0.156	0.177	0	0.254	0	0	0.168	0.008	0	0.009	0	0	0.254	0	0.168	0.008	0	0.009	0	0	0.183	0	0	0.100	0.108	1.087														
TCGA-ER-A19C	0.001	0	0.033	0.036	0	0.001	0	0.064	0.083	0.008	0.004	0	0	0.175	0	0.175	0	0	0	0.001	0	0.175	0	0.175	0	0	0.114	0	0	0.040	0.176	1.156															
TCGA-ER-A19D	0.062	0	0.063	0.263	0	0.109	0	0.125	0.074	0	0	0.048	0.093	0.009	0.202	0.009	0	0	0	0.048	0.093	0.009	0.202	0.009	0	0	0.032	0	0	0.000	0.527	0.850															
TCGA-ER-A19E	0	0.04	0.193	0.144	0	0.184	0	0.041	0.006	0	0	0.033	0.029	0.021	0.109	0.473	0	0	0	0.033	0.029	0.021	0.109	0.473	0	0	0	0.001	0	0	0.000	0.248	0.995														
TCGA-ER-A19F	0	0.004	0.159	0.078	0	0.072	0	0.277	0.007	0.029	0	0.087	0.051	0.273	0.159	0.009	0	0	0	0.087	0.051	0.273	0.159	0.009	0	0	0	0.052	0	0	0.270	0.065	1.078														
TCGA-ER-A19G	0.026	0	0.189	0.009	0	0.009	0.051	0.152	0.055	0.244	0	0.23	0.138	0.009	0.009	0.009	0.01	0	0	0.23	0.138	0.009	0.009	0.009	0.009	0.01	0	0	0.108	0	0	0.000	0.329	0.964													
TCGA-ER-A19H	0.051	0	0.116	0.009	0	0.202	0.009	0.166	0.106	0	0	0.257	0.131	0.086	0.009	0.009	0.025	0	0	0.257	0.131	0.086	0.009	0.009	0.025	0	0	0.181	0	0	0.000	0.267	0.982														
TCGA-ER-A19J	0.058	0	0.085	0.269	0	0.046	0	0.064	0.029	0	0	0.05	0	0.001	0.066	0.101	0	0	0	0.05	0	0.001	0.066	0.101	0	0	0.002	0.003	0	0	0.040	0.167	1.064														
TCGA-ER-A19L	0.025	0	0.126	0.063	0	0.198	0	0.043	0.031	0	0	0.038	0.026	0	0.055	0.009	0	0	0	0.038	0.026	0	0.055	0.009	0	0	0	0.05	0	0	0.002	0.250	0.069	1.087													
TCGA-ER-A19M	0	0	0	0.009	0	0.009	0.046	0.187	0	0	0	0.009	0.093	0.009	0.009	0.009	0.053	0	0	0.009	0.093	0.009	0.009	0.009	0.009	0.053	0	0	0.016	0	0	0.000	0.299	0.984													
TCGA-ER-A19N	0	0.035	0.212	0	0	0.009	0	0.127	0.116	0	0	0.17	0.284	0.401	0.252	0.009	0.002	0	0	0.17	0.284	0.401	0.252	0.009	0.002	0	0	0.029	0	0	0.000	0.313	0.962														
TCGA-ER-A19P	0.137	0.009	0.156	0	0	0.009	0	0.009	0.009	0.07	0	0.009	0.092	0.009	0.009	0.009	0.033	0	0	0.009	0.092	0.009	0.009	0.009	0.009	0.033	0	0	0	0	0	0.000	0.589	0.812													
TCGA-ER-A19Q	0	0.045	0.054	0.009	0	0	0	0.009	0.073	0.102	0	0.009	0.245	0.009	0.009	0.009	0.09	0	0	0.009	0.245	0.009	0.009	0.009	0.009	0.09																					

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 naive	T cells CD4 memory	T cells CD4 memory activated	T cells CD4 follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Correlation	RMSE
TCGA-GF-A30T	0.029	0	0.012	0.288	0	0.114	0.032	0.163	0	0.053	0	0.025	0	0.602	0.188	0.143	0	0	0	0.23	0	0.005	0.000	0.289	0.983
TCGA-GF-A4E0	0	0.176	0.020	0.005	0	0.068	0.197	0.225	0.145	0.227	0	0.099	0.017	0.005	0.040	0.773	0	0	0	0.045	0	0	0.000	0.549	0.842
TCGA-GF-A6C8	0.006	0.036	0.01	0.008	0	0.091	0	0.13	0.093	0	0	0.151	0.142	0.16	0.009	0.008	0	0	0	0	0	0	0.000	0.257	0.997
TCGA-GF-A6C9	0.217	0.008	0.044	0.173	0	0	0.09	0.099	0.075	0	0	0.175	0	0.005	0.071	0.008	0	0	0.222	0	0	0	0.000	0.651	0.782
TCGA-GN-A262	0.036	0	0.000	0	0	0.077	0	0.172	0	0	0.005	0.025	0	0.284	0.17	0.000	0	0	0	0.001	0	0	0.030	0.183	1.020
TCGA-GN-A264	0	0.049	0	0.203	0	0.000	0	0.048	0.05	0	0.008	0	0.051	0.000	0.022	0.000	0	0	0.207	0	0.000	0	0.180	0.084	1.070
TCGA-GN-A265	0.011	0.055	0.181	0.000	0	0.000	0.181	0.16	0.061	0	0	0.057	0.044	0.000	0.000	0.000	0	0	0.057	0	0	0	0.000	0.452	0.891
TCGA-GN-A266	0	0.055	0.236	0.000	0	0.000	0.025	0.164	0.044	0	0.000	0	0.071	0.000	0.253	0.000	0	0	0.03	0	0	0	0.000	0.425	0.907
TCGA-GN-A267	0	0.283	0.012	0.008	0	0	0	0.128	0.041	0.023	0	0.127	0	0.038	0.112	0.263	0.015	0	0	0	0	0	0.060	0.128	1.058
TCGA-GN-A268	0.037	0	0	0	0.061	0.000	0	0.000	0.093	0	0.093	0.109	0.254	0.094	0	0.000	0.035	0	0.275	0	0.057	0	0.660	0.006	1.082
TCGA-GN-A26A	0.000	0	0.056	0.000	0	0.139	0.260	0.091	0	0.181	0.18	0	0	0.000	0.223	0.000	0	0	0	0.257	0	0	0.000	0.388	0.946
TCGA-GN-A26D	0.145	0.007	0.000	0.122	0	0.062	0	0.173	0.018	0	0	0.079	0	0.000	0.103	0.000	0	0	0	0.114	0	0	0.360	0.037	1.069
TCGA-GN-AAJ3	0.001	0.026	0.271	0.000	0	0.084	0	0.000	0.023	0	0.000	0.115	0.000	0.000	0	0.000	0	0	0.044	0	0.031	0	0.730	-0.004	1.098
TCGA-GN-AAJ4	0.114	0.161	0	0.000	0	0.104	0	0.216	0.13	0	0.125	0	0.135	0.123	0.131	0.197	0.013	0	0.133	0	0	0	0.590	0.014	1.080
TCGA-GN-AAJ7	0	0.193	0.004	0.017	0.018	0	0	0.157	0.04	0	0.053	0	0	0.000	0.064	0.000	0	0	0.124	0	0.036	0	0.420	0.029	1.153
TCGA-GN-AAJ8	0.057	0.195	0	0.100	0	0	0.145	0.135	0.000	0.11	0	0.204	0.093	0.110	0.000	0.000	0.023	0	0.086	0	0	0	0.000	0.347	0.946
TCGA-GN-AAJ9	0.01	0	0.001	0.068	0	0.173	0	0.201	0.022	0	0	0.119	0.151	0.134	0.07	0.000	0	0	0.000	0	0	0	0.000	0.244	0.995
TCGA-GN-ABLK	0.226	0	0.000	0.000	0	0	0	0.219	0	0	0	0.153	0.053	0	0	0.000	0	0	0.02	0	0	0	0.700	0.000	1.073
TCGA-GN-ABLL	0.136	0	0.000	0.000	0	0	0	0.22	0.096	0	0	0.114	0	0.000	0.027	0.000	0	0	0	0	0	0	0.360	0.038	1.075
TCGA-GN-ABSD	0.000	0.009	0.121	0.000	0.032	0.000	0.015	0.000	0.189	0	0	0.127	0.097	0.132	0.279	0.000	0	0	0.009	0	0	0	0.000	0.236	0.995
TCGA-HR-A20G	0	0.035	0.000	0.159	0	0.205	0	0.101	0.114	0	0	0.107	0.028	0.100	0.181	0.000	0	0	0.102	0	0	0.022	0.000	0.299	0.971
TCGA-HR-A20H	0	0.227	0.000	0.000	0	0	0.000	0.000	0.022	0	0	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.072	0	0	0.14	0	0	0.000	0.358	0.944
TCGA-LH-A90B	0.109	0	0.006	0.214	0	0.226	0	0.227	0.004	0.069	0	0.233	0.004	0	0.136	0.100	0.047	0	0	0.169	0	0	0.560	0.019	1.102
TCGA-OD-A75X	0.028	0	0.085	0.265	0	0.112	0	0.284	0	0	0	0.157	0.121	0.168	0.000	0.000	0	0	0.144	0	0	0	0.220	0.073	1.074
TCGA-QB-A6F5	0.11	0.082	0.039	0.000	0	0	0	0.208	0.000	0	0	0.000	0	0.000	0.124	0.000	0.023	0	0.031	0	0	0.012	0.000	0.297	0.975
TCGA-QB-AA90	0	0.084	0.105	0.000	0	0	0.057	0.219	0.05	0.103	0	0.000	0	0.000	0.173	0.259	0.019	0	0	0.047	0	0	0.000	0.261	0.997
TCGA-RP-A690	0.152	0	0.09	0.062	0	0.209	0	0.044	0.000	0	0.022	0	0.008	0	0.017	0.000	0	0	0	0	0	0	0.210	0.075	1.084
TCGA-RP-A693	0.004	0.083	0.182	0.000	0	0	0.043	0.154	0.036	0	0	0.168	0.129	0.000	0.177	0.000	0	0	0.074	0	0	0	0.000	0.295	0.974
TCGA-RP-A694	0.006	0	0.000	0.000	0	0	0.08	0.000	0.034	0.047	0	0.16	0.072	0.045	0.143	0.000	0	0	0.015	0	0	0	0.460	0.026	1.080
TCGA-W3-A824	0	0.045	0	0.100	0	0	0.055	0.274	0	0	0	0.114	0.167	0.131	0.000	0.000	0.055	0	0.118	0	0	0	0.050	0.139	1.066
TCGA-W3-A825	0.000	0	0.034	0.000	0	0.05	0.085	0.000	0.088	0	0	0.137	0.056	0.000	0.121	0.000	0	0	0.052	0	0	0	0.000	0.469	0.882
TCGA-W3-A828	0.03	0	0	0.116	0	0.247	0	0.08	0.023	0	0.01	0.072	0.145	0.032	0.11	0.000	0	0	0.225	0	0	0	0.000	0.329	0.956
TCGA-W3-AA10	0.048	0	0.094	0.08	0.037	0	0	0.035	0.021	0	0	0.029	0	0.000	0.066	0.000	0	0	0.034	0	0	0	0.060	0.131	1.124
TCGA-W3-AA1Q	0	0.033	0	0.100	0	0.215	0	0.069	0.06	0.093	0	0.117	0.068	0.081	0.277	0.225	0.04	0	0.121	0	0	0	0.280	0.057	1.093
TCGA-W3-AA1R	0	0.051	0.089	0.000	0	0	0.076	0.000	0.009	0	0	0.187	0.043	0.22	0.143	0.275	0.02	0	0.006	0	0	0	0.280	0.057	1.088
TCGA-W3-AA1V	0.01	0	0.008	0.21	0	0.000	0	0.035	0.007	0.079	0	0.107	0.086	0.082	0.112	0.000	0	0	0	0.069	0	0	0.000	0.299	0.974
TCGA-W3-AA1W	0	0.066	0	0.000	0	0	0.000	0.000	0.206	0.206	0	0.110	0	0.24	0.000	0.100	0.078	0	0	0	0	0.000	0.524	0.851	
TCGA-W3-AA21	0	0.131	0	0.000	0	0.015	0	0.076	0.183	0	0	0.157	0.05	0.098	0.13	0.041	0.019	0	0.119	0	0	0	0.570	0.016	1.107
TCGA-WE-A8JZ	0.078	0	0.097	0.238	0	0.04	0	0.121	0.039	0	0	0.064	0	0.000	0.114	0.222	0	0	0.027	0	0	0	0.040	0.175	1.063
TCGA-WE-ABK1	0	0.257	0	0.000	0	0.006	0	0.000	0.203	0	0	0.000	0.098	0.196	0.000	0.000	0.031	0	0	0.02	0	0	0.000	0.246	1.010
TCGA-WE-ABK5	0	0.022	0.007	0.100	0	0	0	0.134	0.061	0	0	0.051	0.035	0.000	0.252	0.000	0	0	0.043	0	0	0	0.000	0.273	0.994
TCGA-WE-ABK6	0	0.005	0	0.041	0	0.038	0	0.057	0.015	0	0	0.024	0	0.000	0.09	0.000	0	0	0	0	0	0	0.000	0.230	1.089
TCGA-WE-ABZM	0.209	0	0.000	0.000	0	0	0	0.211	0	0	0.011	0.03	0.026	0.06	0.014	0.000	0	0	0.034	0	0	0	0.860	-0.020	1.091
TCGA-WE-ABZN	0	0.126	0	0.000	0	0	0.038	0.139	0.033	0	0	0.134	0.017	0.234	0.171	0.000	0.035	0	0.062	0	0	0	0.000	0.324	0.958
TCGA-WE-ABZD	0	0	0.17	0.000	0	0	0	0.154	0.055	0	0	0.217	0.083	0	0.000	0.000	0	0	0	0.005	0	0.001	0.000	0.217	1.013
TCGA-WE-ABZQ	0	0.108	0.217	0.072	0	0.01	0	0.084	0.061	0	0.249	0	0.077	0.000	0.000	0.000	0.04	0	0.052	0	0	0	0.050	0.145	1.054
TCGA-WE-ABZR	0.148	0.272	0.211	0.000	0	0.013	0	0.000	0.143	0	0	0.115	0	0.000	0.146	0.000	0	0	0	0	0	0	0.050	0.144	1.045
TCGA-WE-ABZT	0.000	0	0.000	0.000	0.044	0	0	0.18	0.131	0	0	0.069	0.098	0.004	0.226	0.000	0	0	0.053	0	0	0	0.740	-0.005	1.077
TCGA-WE-ABZX	0	0.014	0.23	0.000	0	0.011	0.131	0.000	0	0	0.000	0.141	0	0.000	0.000	0.000	0.012	0	0	0	0	0	0.020	0.193	1.036
TCGA-WE-ABZY	0.168	0	0	0.000	0.06	0	0.007	0.000	0	0	0.007	0.043	0.105	0.229	0.227	0.000	0	0	0.104	0	0.000	0	0.310	0.050	1.108
TCGA-WE-AA9Y	0.102	0.118	0.132	0.192	0	0.000	0	0.119	0.121	0	0	0.084	0.141	0.086	0.000	0.000	0	0	0.043	0	0	0	0.050	0.142	1.027
TCGA-WE-AAA0	0.000	0.161	0.027	0.228	0	0.100	0.04	0.000	0.017	0	0	0.125	0.009	0.282	0.172	0.000	0	0	0	0	0	0	0.270	0.065	1.068
TCGA-WE-AAA3	0	0.111	0.098	0.000	0	0.201	0	0.119	0.001	0	0	0.100	0.158	0	0.000	0.000	0.036	0	0.105	0	0	0	0.120	0.099	1.066
TCGA-WE-AAA4	0	0.192	0	0.000	0	0	0.236	0.000	0	0	0.248	0.100	0.000	0.151	0.000	0.000	0.093								