Sample	B cells naive	memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	resting	T cells CD4 memory activated	follicular helper	regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting		Monocytes	Macrophage: M0	Macrophages M1	Macrophage: M2	cells	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils		Correlation	nRMSE
TCGA-3N-A9WB TCGA-3N-A9WC	0.092	0.037	0.166	1.163	0.221	0.158	0.077	0.084	0.115 0.154	0.069	0.179	0.03	0.033	0.48	0.718	0.805	0.051	0	0.158	0 0.075		0.01	0.530	0.023	1.103 0.986
TCGA-3N-A9WD	0.077	0.128	0	0.32	0	0	0	0.175	0.151	0	0	0.187	0	0.529	0.221	0.106	0.011	0	0.05	0		0	0.000	0.304	0.971
TCGA-BF-AAP0 TCGA-D3-A1Q1	0.153	0.279	0 000	1.248 0.176	0	0	0	0.338	0.401	0	0.019	0.759	0.012	0.158	0.476 0.016	0.566	0.076	0	0.251 0.13	0		0	0.000	0.415	0.916 1.067
TCGA-D3-A1Q3	0.301	0.06	0	0.744	0	0.575	0	0.187	0.168	0.032	0	0.14	0.051	0.168	0.311	0.541	0	0	0.165	0		0	0.050	0.144	1.040
TCGA-D3-A1Q4 TCGA-D3-A1Q5	0.011	0.076	0.132	0.084	0	0.038	0	0.115 0.046	0.092	0	0.037 0.108	0.097	0.016		0.134 0.062	0.64	0	0	0.14	0		0	0.000	0.663 0.101	0.764 1.060
TCGA-D3-A1Q6	0.043	0	0.10	0.155	0	0.438	0.032	0.115	0.203	0	0.100	0.006	0.069	0.126	0.054	0.494	0	0.08	0.002	0.117	0	0.102	0.180	0.086	1.057
TCGA-D3-A1Q7 TCGA-D3-A1Q8	0.125	0.109	0.431	1.672 0.179	0	0.01	0.334	0.306 0.053	0.154 0.016	0.104	0.021	0.387	0.126 0.151		0.843 0.059	1.249	0 002	0	0.06	0		0 002	0.000	0.507 0.266	0.862
TCGA-D3-A1Q9	0.022	0.041	0.201	0.361	0	0.58	0.026	0.225	0.022	0	0.021	0.175	0.151	0.864	0.158	0.805	0.002	0	0.057	0	0	0.002	0.080	0.122	1.052
TCGA-D3-A1QA TCGA-D3-A1QB	0.12		0.045 0.158	0.569	0	0	0.103	0.325	0.024	0.058	0	0.228	0.079		0.279	1.149	0.05	0	0.006	0.127		0	0.600	0.013	1.105 0.926
TCGA-D3-A2J6	0.042	0.065	0.138	0.895	0	0	0.103	0.166	0.084	0.038	0	0.312	0.043	0.155	0.054	0.192	0.019	0	0	0.127	0	0	0.260	0.068	1.128
TCGA-D3-A2J7 TCGA-D3-A2J8	0.01	0.022	0.256	0.876	0	0.162	0.024	0.218	0.215 0.094	0	0	0.166	0.079	1.135	0.373	0.568	0	0	0.057	0.06		0	0.050	0.135	1.049
TCGA-D3-A2J9	0.142	0.101	0.123	2.415	0	0	0.205	0.897	0.094	0.848	0	0.529	0	0.756	0.931	1.091	0	0	0	0.06		0	0.000	0.642	0.773
TCGA-D3-A2JA	0	0.385	0 000	0.365	0	0.403	0.08	0.189	0.059	0.037	0	0.044	0	1.353	0.368	3.211	0	0	0	0.013	0	0	0.000	0.635	0.776
TCGA-D3-A2JB TCGA-D3-A2JC	0.37	0.196	0.362	0.63	0	0.181	0.013	0.086	0.015	0.081	0	0.253	0.067		0.332	0.444	0.009	0	0.062	0	0.046	0	0.000	0.512	0.861 1.000
TCGA-D3-A2JD	0.468	0.502	0.177	0.531	0.169	0.271	0	0.064	0.638	0	0.014	0.153	0.112	0.27	0.02	0.368	0	0	0.017	0	0	0	0.010	0.202	1.011
TCGA-D3-A2JE TCGA-D3-A2JF	0.175	0.133	0.117	0.051	0	0.122	0	0.192	0.053 0.036	0.071	0	0.088	0.013	0.185	0.07	0.138 0.438	0	0	0.075	0.011		0	0.290	0.056	1.063 0.881
TCGA-D3-A2JG	0	0.168	0.217	0.318	0	0	0	0.081	0.065	0	0	0.024	0.063	0.146	0.049	0.373	0.024	0	0.219	0		0	0.410	0.031	1.055
TCGA-D3-A2JH TCGA-D3-A2JK	0.291	0.081	0.136	0	0	0.1	0.261	0.327	0.031	0	0.052	0.556	0.071		0.24	0.816	0.051	0	0.088	0.096		0.026	0.000	0.504	0.864 1.065
TCGA-D3-A2JL	0	0.207	0.045	0.747	0	0	0	0.252	0.259	0.325	0	0.321	0	0.77	0.313	0.234	0	0	0.086	0		0	0.000	0.256	0.999
TCGA-D3-A2JN TCGA-D3-A2JO	0	0.121	0.219	0.5 1.42	0	0	0.156 0.518	0.116 0.265	0.103	0.309	0	0.186	0.031	0.089	0.207	0.154 0.915	0.161 0.131	0	0.012	0		0	0.000	0.451	0.892
TCGA-D3-A2JP	0	0.234	0.139	0.688	0	0.014	0.024	0.107	0	0.18	0	0.15	0.085		0.406	0.31	0.054	0	0.029	0		0	0.020	0.191	1.034
TCGA-D3-A3BZ TCGA-D3-A3C6	0.114	0.013	0.214	1.062	0 0.024	0	0.097	0.319 0.036	0.204 0.078	0.114	0.137	0.499	0.207		0.434	0.609	0.068	0	0.215 0.087	0		0	0.000	0.272	0.981 1.077
TCGA-D3-A3C7	0	0.006	0.059	0.573	0	0	0.184	0.17	0.083	0.018	0	0.116	0.107		0.171	0.789	0.029	0	0	0.269		0	0.000	0.222	1.018
TCGA-D3-A3C8 TCGA-D3-A3CB	0.218	0.054	0.016 0.129	4.931	0	0	1.011 0.156	0.608	0.083	0.535	0	0.677	0.158 0.091		0.501	1.026	0.002 0.015	0	0.036	0.092		0	0.000	0.447	0.909 0.845
TCGA-D3-A3CC	0.002	0.008	0.054	0	0	0.322	0	0.015	0.03	0	0.004	0.019	0.091		0	1.053	0.004	0.011	0.376	0		0	0.300	0.054	1.086
TCGA-D3-A3CE TCGA-D3-A3CF	0	0 340	0.69	0.442	0	0	0.026	0.201	0.039	0	0	0.353	0.229	0.053	0.313	0.63	0.017	0	0.024	0.033	0	0 02	0.000	0.257 0.134	0.985 1.034
TCGA-D3-A3ML	0.102		0.146	0.147	0	0.077	0.003	0.123	0.004	0	0	0.231	0.07	0.033	0.104	0.812	0	0	0.024	0		0.01	0.810	-0.011	1.107
TCGA-D3-A3MO	0	0.157	0.068	0	0	0.279	0.002	0.005	0.047	0	0.116	0	0	1.628	0.028	0.138	0	0	0.059	0	0	0	0.000	0.658	0.754
TCGA-D3-A3MR TCGA-D3-A3MU	0.034	0.051	0.064 0.105	0.243	0	0.132	0.009	0.252	0.11	0.224	0	0.188	0.031		0.182	0.304	0	0	0.018	0		0	0.000	0.396 0.579	0.924 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	0.467	0.012	0.691	0	0	0	0	0	0	0.020	0.191	1.038
TCGA-D3-A51E TCGA-D3-A51F	0	0.061	0.093	3.596	0	0	0.183	0.434	0.01	0.671	0	1.141	0.122		0.411	1.002	0.129	0	0	0.088		0	0.080	0.119	1.049 0.881
TCGA-D3-A51H	2.317	1.977	0	0.722	0	0	0.199	0.517	0.542	0.136	0	0.067	0.05		0.367	0.573	0	0	0.005	0		0	0.000	0.593	0.809
TCGA-D3-A51J TCGA-D3-A51K	0	0.404	0.127 0.265	0.429	0	0.113	0.027	0.375	0.346	0.21	0	0.502	0.24	0.452	0.516	0.455	0.04	0	0.066 0.097	0		0	0.000	0.289	0.978 1.032
TCGA-D3-A51N	0	0.366	0	0.175	0	0	0	0.217	0.177	0.064	0	0.012	0	1.172	0.454	0.377	0	0	0	0.196		0	0.000	0.325	0.970
TCGA-D3-A51R TCGA-D3-A51T	0.199	0.116	0.276	0.471	0	0.043	0.031	0.021	0.032	0	0.005	0.062	0.015		0.011	0.122	0.01	0	0.073	0		0	0.550	0.020	1.097
TCGA-D3-A5GL	0	0.022	0.41	0.214	0	0	0	0.324	0	0	0	0.166	0.183	0.374	0.059	0.968	0	0	0.033	0	0	0	0.550	0.020	1.084
TCGA-D3-A5GN TCGA-D3-A5GO	0	0.202	0.152	0.313	0	0	0.077	0.237	0.116	0	0	0.183	0.063		0.192 0.201	0.226	0	0	0.053	0.135		0	0.000	0.427	0.904 1.070
TCGA-D3-A5GR	0	0.758	0	0.305	0	0.423	0	0.127	0.178	0	0	0.216	0	0.818	0.307	0.362	0	0	0.051	0	0	0	0.000	0.419	0.908
TCGA-D3-A5GS TCGA-D3-A5GU	0.002 0.016		0.022	0.848	0	0.12	0	0.222 0.235	0.146 0.038	0.044	0	0.246 0.136	0.108		0.216 0.164	0.882	0.008	0	0	0.014 0.011		0	0.060	0.131	1.059 1.024
TCGA-D3-A8GB	0.128	0.083	0.192	0.75	0	0.041	0	0.424	0.254	0.011	0	0.295	0.031	0.062	0.347	0.421	0.001	0	0.054	0	0	0	0.000	0.436	0.901
TCGA-D3-A8GC TCGA-D3-A8GD	0.012	0.009	0.279	0.217	0	0 262	0.003	0.148	0.022	0 200	0	0.022	0.093		0.068	0.601	0.002	0	0	0.007		0	0.000	0.233	0.999
TCGA-D3-A8GE	0.061	0	0.26	0.75	0	0.447	0.200	0.341	0.09	0.004	0	0	0.16		0.218	1.164	0.081	0	0	0	0	0	0.000	0.225	0.997
TCGA-D3-A8GI	0.002	0.006	0 059	0.029	0.024	0	0 210	0.062	0.061	0.460	0.055	0 420	0 045		0.01	0.34	0	0	0.039	0	0.01	0	0.000	0.331	1.044
TCGA-D3-A8GJ TCGA-D3-A8GK	0.035	0.143 0.003	0.058 0.185	0.163	0	0	0	0.122	0.028	0	0.09	0.006	0.045	0.713	0.019	0.524	0	0	0.038	0.07	0	0	0.000	0.404	0.920 1.116
TCGA-D3-A8GL TCGA-D3-A8GM	0.105	0	0.342	0.008	0	0 0.141	0.074	0.118	0.078	0.021	0	0.027 0.187	0	0.548	0.027	1.025	0 0.071	0	0.059 0.033	0	0	0	0.190 0.020	0.079 0.193	1.097 1.019
TCGA-D3-A8GN TCGA-D3-A8GN	0.004	0	0.596	0.67	0	0.141	0.074	0.252	0.078	0.101	0	0.187	0.209	0.252	0.251	0.767	0.071	0	0.033	0.278	0	0	0.020	0.193	0.973
TCGA-D3-A8GP TCGA-D3-A8GO	0	0.076	0	0.132	0	0	0.001	0.309	0	0	0.128	0	0	0.557	0.036	0.296	0	0	0.12	0		0	0.340	0.042	1.098
TCGA-D3-A8GQ TCGA-D3-A8GR	0	0.031	0.109	0.158	0.002	0	0.004	0.183 0.063	0.004	0.018	0.034	0	0.024	0.342	0.004	0.441	0.006	0	0.339	0.163		0	0.000	0.348	0.959 1.085
TCGA-D3-A8GS	0	0.178	0.345	1.009	0	0	0.325	0.094	0.011	0.025	0	0.241	0.108	0.165	0.327	0.572	0.016	0	0.067	0		0	0.000	0.245	0.989
TCGA-D3-A8GV TCGA-D9-A148	0.014		0.175	0.169 0.616	0	0	0	0.176	0.03 0.036	0.022	0.023	0.061 0.082	0		0.074 0.411	0.295	0	0	0	0.01		0	0.010	0.205 0.181	1.061
TCGA-D9-A149	0.158		0	0.647	0	0.191	0	0.244	0.035	0	0.1	0.195	0.161	0.105	0.432	0.95	0.018	0	0.1	0		0	0.050	0.149	1.041
TCGA-D9-A1JW TCGA-D9-A1JX	0.178		0.069	1.319	0	0.113	0.034	0.182 0.238	0.325	0	0	0.387	0.086		0.439	0.655	0.016 0.025	0	0.34	0.044		0	0.050	0.145	1.038
TCGA-D9-A1X3	0.014	0.011	0.024	0	0	0.538	0	0.188	0.058	0	0.193	0	0		0.047	0.644	0	0	0	0.105		0	0.320	0.046	1.107
TCGA-D9-A3Z1 TCGA-D9-A3Z3	0 345	0.082	0.382	1.064 0.373	0	0.025	0.242	0.287 0.324	0.072	0.207	0	0.302	0	0.176	0.187	1.546 0.825	0.062 0.022	0	0.244	0.064 0		0.009	0.080	0.122 0.174	1.047
TCGA-D9-A4Z6	0.096	0	0.285	0.319	0	0	0	0.294	0	0	0	0.168	0.016	1.554	0.084	0.356	0	0	0	0.176	0	0	0.120	0.099	1.098
TCGA-D9-A6EA TCGA-D9-A6EC	0.007	0.297	0.009	0.042	0.156	0	0	0.204 0.042	0.017 0.036	0.201 0.072	0.013 0.029	0	0.074		0.203 0.017	0.728	0.026	0	0.409	0	0.015	0	0.700	0.001	1.092 1.045
TCGA-D9-A6EG	0.001	0.009	0.012	0	0.176	0.024	0	0.19	0.025	0	0.082	0.01	0	1.314	0	0.91	0	0	0.063	0	0.022	0	0.250	0.069	1.152
TCGA-DA-A1HV TCGA-DA-A1HW	0	0.143	0.168	1.017	0	0.033	0.08	0.192	0.226 0.14	0.07	0	0.344	0.148	0.188	0.609	0.932	0.054 0.057	0	0.008	0		0	0.000	0.225 0.311	1.009 0.973
TCGA-DA-A1HY	0.005	0.008	0.222	0	0	0.235	0.03	0.094	0.14	0.07	0.147	0	0.034	1.108	0	0.413	0.037	0	0.008	0.259	0	0	0.000	0.311	0.948
TCGA-DA-A1I0 TCGA-DA-A1I1	0.039	0.208	0.045	0.278	0	0.338	0	0.131	0.48	0	0.063	0.031	0.04	0.398	0.034	0.415	0.004	0	0.063	0	0	0	0.040	0.169	1.023
TCGA-DA-A1I1 TCGA-DA-A1I4	0	0.196 0.216	0.029 0.024	0	0	0	0.044 0.033	0.249	0.06 0.04	0.127	0.02	0.075	0.037		0.618	1.236	0.055	0	0.107 0.094	0		0.008	0.020	0.198	1.020
TCGA-DA-A1I5	0	0.061	0.031	0.386	0	0.125	0	0.127	0.139	0	0	0.06	0.057		0.26	0.597	0.019	0	0	0.054		0	0.000	0.678	0.737
TCGA-DA-A117 TCGA-DA-A118	0	0.265	0.032 0.054	0.009	0	0.316	0.007	0.185 0.019	0.066 0.117	0.047	0.16	0.062	0		0.126 0	0.417	0	0	0.019	0.016		0	0.000	0.499	0.880 1.018
	0	0.033	0	0	0.255	0	0	0.312	0.007	0	0.356	0	0.054		0.074	0.288	0	0	0.509	0		0	0.410	0.032	1.080
TCGA-DA-A1IA	_				0	0.876	0.06	0.424		0.207	0				0.546	1.12	0.046	0	0.227	0		0	0.000	0.413	0.911
TCGA-DA-A1IA TCGA-DA-A1IB TCGA-DA-A1IC	0.624 0.062		0.149	0.49	0	0.293	0	0.156	0	0	0	0.134	0.053	0.096	0.168	0.839	0.083	0	0.37	0		0	0.610	0.010	1.083

Input						T cells CD4	T cells CD4	T cells	T cells	T cells						Der	ndritic [Dendritic							
Sample	naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	memory resting	memory activated	follicular helper	(Tregs)	gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophage M0	M1	Macrophagescell M2 res	ls o		Mast cells resting	activated	Eosinophil	sNeutrophils		Correlation	
TCGA-DA-A3F3 TCGA-DA-A3F5	0.019	0.007	0.126	0.242	0	0.107	0	0.152 0.075	0.041	0	0.09	0.033	0.026	0.533	0.119	0.618	0		0	0.021	0	0.308	0.300	0.054	1.093
TCGA-DA-A3F8	0.048	0	0.13	2.823	0	0	0.836	0.58	0	0	0	0.471	0.275	0	0.555	0.936	0.103	0	0	0.199	0	0	0.000	0.488	0.873
TCGA-DA-A95V	0.012	0.023	0.211	0.494	0	0	0	0.097	0.188	0.039	0	0.062	0,096	0.336	0.173 0.173	0.448	0		0.044	0	0	0	0.000	0.322	0.954 1.084
TCGA-DA-A95X	0	0.038	0.093	0.498	0	0.259	0	0.204	0.058	0.039	0	0.217	0.096	0.07	0.173	1.086	0		0.132	0	0	0	0.280	0.050	1.084
TCGA-DA-A95Y	0.07	0	0.071	0	0.069	0	0.007	0.107	0.205	0	0.183	0	0.104	0.373	0.098	0.639	0.026	0	0.522	0	0	0	0.110	0.106	1.047
TCGA-DA-A95Z	0.014	0	0	0.286	0	0.073	0	0.174	0	0.064	0	0.089	0	0.211	0.112	0.67	0		0.034	0	0	0	0.080	0.121	1.060
TCGA-EB-A44Q TCGA-EB-A44R	0.016	0.162	0.086	0.764	0	0	0 006	0.272	0.492	0.045 0.166	0	0.373	0.047	0.08	0.429	0.771	0		0.008	0.066	0	0	0.010	0.204	1.027
TCGA-EB-A5KH	0.112	0	0	0.085	0	0.415	0	0.05	0.14	0.100	0.104	0.037	0	0.149	0.094	0.335	0.006		0.228	0.000	0	0	0.340	0.043	1.069
TCGA-EB-A5SG	0	0	0.387	2.057	0	0	0.518	0.416	0	0.153	0	0.698	0.063	0.167	0.611	0.824	0.087	0	0	0.159	0	0	0.000	0.452	0.894
TCGA-EB-A5SH TCGA-EB-A5UL	0.398	0,068	0 269	0.575	0	0.335	0.128	0.289	0.138	0	0	0.156	0.07	0.167	0.14	0.535	0		0.006	0	0	0	0.340	0.043	1.085
TCGA-EB-ASUN	0.14	0.026	0.308	0.716	0	0	0.128	0.505	0.038	0	0	0.276	0.021	0.083	0.168	0.663	0.304		0	1.192	0	0.837	0.010	-0.011	1.010
TCGA-EB-A5VV	1.713	1.951	0	1.52	0.358	1.596	0.113	0.469	0.591	0.313	0	0.198	0.195	0.352	0.524	0.654	0	0	0	0	0	0	0.000	0.524	0.851
TCGA-EB-A6L9	0.233	0.655	0.116	1.17	0.108	0	0	0.345	0.303	0	0	0.064	0.057	0.511	0.271	0.561	0		0.037	0	0	0	0.000	0.350	0.941
TCGA-EE-A17X TCGA-EE-A17Y	0.095	0	0.121	0.02	0	0	0	0.103 0.127	0.145 0.035	0	0.216	0.012	0.048	1.124	0.063	0.079	0		0.03	0.128	0	0	0.190	0.081	1.101 0.806
TCGA-EE-A17Z	0	0.055	0.09	0.021	0	0.37	0	0.239	0	0	0.08	0	0.042	0.225	0	0.369	0.003		0.45	0	0.019	0	0.460	0.026	1.074
TCGA-EE-A180	0.043	0	0.038	0.512	0	0	0.076	0.316	0	0	0	0.093	0.049	0.149	0.204	1.009	0		0.033	0	0	0	0.700	0.000	1.105
TCGA-EE-A181 TCGA-EE-A182	0.003	0.253	0.204	0.793	0	0	0.047	0.238	0.177	0	0	0.233	0.196	0.815	0.53	0.432	0		0.073	0.115	0	0	0.000	0.370	0.934
TCGA-EE-A183	0.265	0.582	0.136	0.922	0.179	0	0	0.274	0.217	0	0	0.176	0.043	0.901	0.014	0.699	0		0.079	0	0	0	0.020	0.191	1.013
TCGA-EE-A184	0.087	0	0.349	0.98	0	0	0	0.422	0.04	0	0	0.253	0.119	0.251	0.206	0.56	0.011	0	0.006	0	0	0	0.350	0.041	1.082
TCGA-EE-A185	0.035	0 000	0.465	0.012	0	0 007	0	0.22	0.046	0.029	0	0.002	0 020	0.774	0.004	0.672	0		0 054	0.087	0	0.046	0.660	0.006	1.122
TCGA-EE-A20B TCGA-EE-A20C	0.01	0.003	0.143	0.015	0	0.067	0	0.147 0.098	0.049	0	0.127	0.095	0.038	0.133	0.245	0.576	0		0.054 0.126	0	0.003	0	0.010	0.202	1.014
TCGA-EE-A20F	0	0	0.241	0.684	0	0	0.188	0.216	0.037	0	0	0.205	0.151	0.082	0.343		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	0.524	0.124	0.239	0.029		0.037	0	0	0.003	0.000	0.242	1.009
TCGA-EE-A20I TCGA-EE-A29A	0.025	0.028	0.131	0.473	0	0.157	0.203	0.235	0.111	0	0.061	0.087	0.001	0.379	0.178	0,396	0		0.042	0	0.009	0.	0.270	0.062	1.075
TCGA-EE-A29B	0	0.007	0	0.19	0	0	0	0.072	0.009	0	0	0.118	0.555	0.325	0.002	1.332	0.021	0	0.117	0	0	0	0.130	0.095	1.095
TCGA-EE-A29C	0.093	0	0.095	0.08	0	0.078	0	0.058	0.147	0.02	0	0.054	0	1.055	0.037	0.574	0	0	0.118	0	0	0	0.000	0.263	1.015
TCGA-EE-A29D TCGA-EE-A29E	0.007	0.028	0.029	0.025	0.193	0	0	0.168 0.215	0.122	0	0.284	0	0	1.132 0.153	0.085	0,601	0		0.17	0.073	0	0.274	0.040	0.164	1.068
TCGA-EE-A29G	0.007	0.019	0.047	0.186	0	0.259	0	0.101	0.063	0	0	0.166	0.078	0.737	0.161	0.628	0.158		0.251	0	0	0	0.000	0.233	1.001
TCGA-EE-A29H	0.192	0.242	0	0.287	0	0.201	0	0.158	0.247	0	0.098	0.061	0	0.694	0.181	0.485	0		0.096	0	0	0	0.270	0.062	1.071
TCGA-EE-A29L TCGA-EE-A29M	0.091	0.293	0.444	0.076	0.012	0	0	0.34	0.045	0	0	0.349	0.054	0.435	0.118	0.297	0.056		0.068	0	0	0	0.550	0.022	1.068
TCGA-EE-A29N	0	0.681	0	0.633	0	0.133	0.193	0.279	0.376	0.075	0	0.271	0.095	0.677	0.384	0.785	0		0.092	0	0	0	0.020	0.197	1.009
TCGA-EE-A29P	0	0.146	0.115	1.781	0	0	0.097	0.296	0.091	0.181	0	0.463	0.196	0.155	0.459	0.7	0.038		0	0.109	0	0	0.000	0.375	0.940
TCGA-EE-A29Q TCGA-EE-A29R	0.208	0	0.042	0.075	0	0.145	0	0.145	0.033	0	0	0.089	0.358	0.467	0.018	0.642	0		0.116	0.065	0	0	0.130	0.096	1.061
TCGA-EE-A29S	0	0.032	0.046	0.423	0	0.249	0	0.153	0.075	0	0	0.074	0.074	0.531	0.122	0.574	0.003		0.045	0	0	0	0.000	0.298	0.970
TCGA-EE-A29T	0	0.067	0.255	0.377	0	0	0.053	0.111	0.014	0.101	0	0.069	0	0.16	0.076	1.482	0	0	0	0	0	0.001	0.000	0.383	0.930
TCGA-EE-A29V TCGA-EE-A29W	0.017	0	0.055	0.227	0	0.09	0	0.283	0.163 0.037	0	0.004	0.065	0.117	0.471	0.014	1.039	0	0.015	0.477	0	0.021	0	0.110	0.106	1.055
TCGA-EE-A29X	0.02	0.234	0.051	0.589	0	0	0	0.292	0.088	0	0	0.261	0.038	0.666	0.216	1.209	0.054		0	0.033	0	0	0.000	0.224	1.007
TCGA-EE-A2A0	0.048	0.098	0.511	0.408	0	0	0.159	0.059	0	0.576	0	0.001	0	0.049	0.186	1.964	0		0.015	0	0	0.028	0.000	0.342	0.946
TCGA-EE-A2A1 TCGA-EE-A2A2	0.461	0.267	0.131	0.736	0	0.546	0	0.259	0.167	0	0	0.336	0.093	0.13	0.425	0.898	0.026		0.143	0	0	0	0.000	0.289	0.970 1.060
TCGA-EE-A2A5	0.007	0.011	0	0	0	0.458	0	0.013	0.108	0	0.069	0	0	0.288	0.122	0.923	0.014	0	0.137	0	0	0	0.050	0.138	1.050
TCGA-EE-A2A6 TCGA-EE-A2GB	0.098	0.266	0.097	1.167	0	0.015	0.172	0.396	0.088	0	0	0.396	0.094	0.075 0.103	0.324	0.364	0.004		0 001	0.122	0	0	0.000	0.240	1.008
TCGA-EE-A2GC	0.025	0	0.605	1.217	0	0.013	0.084	0.358	0.057	0	0	0.085	0.035	0.103	0.378	1.29	0		0.001	0	0	0.003	0.050	0.021	1.034
TCGA-EE-A2GD	0	0.09	0	0.153	0	0.676	0	0.15	0.02	0	0.134	0	0.172	0.126	0.038	1.823	0	0.087	0	0.428	0	0.022	0.130	0.095	1.068
TCGA-EE-A2GE TCGA-EE-A2GH	0	0.007	0.358	1.131	0	0	0.131	0.317	0.042	0.116	0	0.156	0.219	0.558	0.264	1.246	0.007		0.133	0.03	0	0	0.000	0.485	0.874
TCGA-EE-A2GI	0.09	0.109	0.204	0.968	0	0	0.082	0.269	0.097 0.046	0.098	0	0.416	0.036	0.022	0.317	0.549	0.064		0.133	0.011	0	0	0.000	0.434	0.902
TCGA-EE-A2GJ	0.017	0	0	0.977	0	0	0	0.224	0.086	0.052	0	0.238	0.559	0	0.321	1.39	0	0	0	0	0	0	0.070	0.126	1.055
TCGA-EE-A2GK	1.694	3.125	0	1.138	0.548	0.647	0.152	0.334	0.839	0	0	0.392	0.144	0.775	0.223	0.83	0		0.006	0	0	0	0.000	0.579	0.819
TCGA-EE-A2GL TCGA-EE-A2GM	0.066	0	0.21	0.593	0.09	0.733	0	0.421	0.15	0	0	0.171	0.095 0.143	0.054	0.147 0.164		0.111		0.057	0.001	0	0	0.000	0.422	0.907 1.085
TCGA-EE-A2GN	0.079	0	0.161	0.143	0	0.026	0	0.117	0.051	0	0	0.021	0	1.287	0.202	0.651	0		0.013	0	0	0	0.000	0.220	1.053
TCGA-EE-A2G0 TCGA-EE-A2GP	0.034	0	0.071 0.045	0.045	0.011	0 24	0.063	0.08	0.004	0.047	0.002	0.012	0.221	0.966	0.006 0.134	0.443	0.033		0.003 0.108	0.007	0	0	0.050	0.142 0.177	1.130
TCGA-EE-A2GP	0	0.254	0.045	0.11	0	0.406	0	0.149	0.235	0	0.348	0	0.221	0.555	0.134	0	0		0.108	0	0.007	0	0.640	0.007	1.051
TCGA-EE-A2GS	0	0.402	0	0.045	0	0	0.003	0.131	0.018	0.121	0	0	0	0.831	0.41	0.427	0.007		0.032	0	0	0	0.000	0.375	0.945
TCGA-EE-A2GT TCGA-EE-A2GU	0.878	0.042	0.139	0.629	0.24	0.286	0	0.637	0.174 0.047	0	0.038	0.101	0.051 0.194	0.477	0.071 0.219	0.222	0.022		0.055	0	0	0	0.000	0.270 0.190	0.979 1.032
TCGA-EE-A2GU TCGA-EE-A2M5	0.144	0	0.139	0.403	0	0.013	0.055	0.234	0.047	0.05	0.038	0.23	0.009	0.179	0.219	0,322	0		0	0.26	0	0.116	0.030	0.190	0.914
TCGA-EE-A2M6	0	0.085	0.025	0.111	0	0	0.002	0.07	0.02	0	0	0.038	0.099	1.115	0.058	0.588	0.187		0	0.128	0	0	0.000	0.424	0.927
TCGA-EE-A2M7 TCGA-EE-A2M8	0.132	0.493	0.078 0.142	0.951	0	0.206	0.135	0.05	0.276 0.139	0	0	0.141	0.113	0.044	0.047	0.545	0.084		0.012	0.118	0	0	0.000	0.228	1.004 0.902
TCGA-EE-A2M8 TCGA-EE-A2MC	0.117	0.279	0.142	1.266	0	0	0.135	0.576	0.139	0.312	0	0.522	0.08	0.297	0.485	0.829	0.084		0	0.246	0	0.027	0.000	0.443	0.902
TCGA-EE-A2MD	0.184	0.002	0.423	0.26	0	0.281	0	0.309	0.031	0.024	0	0.09	0	0.289	0.199	0.629	0		0	0	0	0	0.050	0.136	1.026
TCGA-EE-A2ME	0.398	0.372	0 053	2.252	0	0.736	0	0.474	0.63	0	0	0.476	0.153	0.714	0.768	0.969	0.022		0.089	0	0	0	0.000	0.494	0.869
TCGA-EE-A2MF TCGA-EE-A2MG	0.108	0.832	0.051 0.085	0.328	0.02	0.233	0	0.178	0.027 0.074	0	0	0.111	0.116	0.306	0.141	1.405	0		0.08 0.121	0	0	0	0.050	0.146 0.428	1.042 0.903
TCGA-EE-A2MH	0.354	0.35	0.035	0.665	0	0.1	0.025	0.371	0.302	0.106	0	0.22	0.058	0	0.228	0.774	0.04	0	0.071	0	0	0	0.000	0.215	1.004
TCGA-EE-A2MI	0	0.103	0	0.33	0	0.248	0.022	0.156	0.063	0	0	0.125	0.205	0	0.346		0.039	0	0.11	0	0.006	0	0.000	0.360	0.938
TCGA-EE-A2MJ TCGA-EE-A2MK	0.393	0.071	0.08	0.676	0	0.293	0.087	0.397	0.481	0.088	0	0.467	0.186 0.212	0.18	0.585		0.014		0.262	0	0	0	0.000	0.320	0.961
TCGA-EE-A2ML	0.215	0	0.016	1.338	0	0	0.099	0.414	0.17	0.086	0	0.053	0.029	0	0.503		0.034	0	0	0.053	0	0	0.200	0.077	1.083
TCGA-EE-A2MM	0	0.182	0.069	0.224	0	0.101	0	0.055	0.016	0	0	0	0.143	0	0.055	0.87	0.005	0.005	0.088	0	0	0	0.280	0.059	1.073
TCGA-EE-A2MN TCGA-EE-A2MP	0.049	0	0.153 0.146	0.941	0	0	0.11	0.177	0.082	0.039	0	0.142	0.131 0.137	0.068	0.293	0,793	0		0	0	0	0.	0.050	0.154	1.039
TCGA-EE-A2MQ	0.121	0	0.102	0.253	0	0.27	0	0.175	0.001	0.003	0	0	0.005	0.291	0.125	1.012	0.004	0	0	0	0	0	0.060	0.129	1.052
TCGA-EE-A2MR	0.134	0.658	0.045	1.07	0	1.136	0	0.257	0.211	0	0	0.119	0.069	0.604	0.39	1.431	0	0	0.074	0	0	0	0.000	0.618	0.803
TCGA-EE-A2MS TCGA-EE-A2MT	0.03	0	0.354	0.658	0	0	0	0.244	0.038	0.089	0.042	0.12	0	0.435	0.171 0.178	0.64	0		0	0.019	0	0.	0.080	0.119	1.044
TCGA-EE-A2MU	0.054	0	0	1.053	0	0	0.126	0.323	0.021	0.003	0	0.362	0.047	0.176	0.6	1.537	0	0	0.003	0	0	0	0.000	0.329	0.962
TCGA-EE-A3AA	0.056	0.582	0	0.498	0	0.109	0	0.234	0.276	0	0	0.271	0.114	0.473	0.486	0.452	0	0	0.102	0	0	0	0.000	0.474	0.880
TCGA-EE-A3AB TCGA-EE-A3AC	0	0.222	0.044	0.236	0	0.275	0.022	0.041	0.07	0.016	0.123	0.222	0.353	0.816	0.045	0,753	0.003		0.128	0.291	0	0	0.000	0.340 0.152	0.957 1.036
TCGA-EE-A3AD	0.164	0	0.128	0.095	0	0	0	0.354	0	0	0.216	0	0.068	0.389	0.065	0.77	0		0	0.101	0	0	0.670	0.005	1.096
TCGA-EE-A3AE	0.078	0	0.308	1.191	0	0	0.088	0.191	0.178	0	0	0.286 0.156	0.281	0.004	0.653	0.824	0.056	0	0.046	0	0	0	0.180	0.085	1.077
TCGA-EE-A3AF			0.037						0.038					0.241											

Input						T cells CD4	T cells CD4	T cells	T cells	T cells							Dendritic	Dendritic							
Sample TCGA-EE-A3AG		B cells memory	Plasma cells 0.03	T cells CD8	T cells CD4	memory resting 0.07	memory activated	follicular helper	regulatory (Tregs) 0.017	gamma delta	NK cells resting 0.043	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1 0.021	Macrophages	cells	cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated 0.075	Eosinophils	Neutrophils	P-value 0.000	Correlation 0.364	1.001
TCGA-EE-A3AH	0.075	0	0.712	0.088	0	0.106	0	0.152	0.017	0	0.043	0.111	0.322	0.193	0.181	0.88	0.025	0	0.053	0.075	0	0	0.560	0.017	1.068
TCGA-EE-A3J3 TCGA-EE-A3J4	0.016	0.033	0.073	0.155	0	0.242	0	0.094	0.044	0.059	0	0.011	0.005	0.966	0.245	0.44	0.021	0	0.074 0.035	0	0	0	0.000	0.451	0.897 1.076
TCGA-EE-A3J5	0.061	0.006	0.014	0.481	0	0.375	0.045	0.245	0.09	0	0	0.152	0.093	0.224	0.499	0.484	0.078	0	0.029	0	0	0	0.000	0.222	1.013
TCGA-EE-A3J7 TCGA-EE-A3J8	0.088	0	0.066 0.064	0.462	0	0.023	0.004	0.194	0	0.008	0	0.182 0.067	0.03	0.054	0.167	0.504 0.415	0	0	0	0.023	0	0	0.400 0.750	0.033 -0.006	1.100
TCGA-EE-A3JA	0	0.048	0.617	0.658	0	0	0	0.144	0	0.402	0	0.173	0.064	0	0.24	1.481	0	0	0	0.044	0	0	0.360	0.037	1.078
TCGA-EE-A3JB TCGA-EE-A3JD	0.053	0.157	0.28	0.096	0	0.171	0.174	0.055	0.033	0.669	0	0.052	0.24		0.12	1.154 0.625	0.01	0	0	0.125	0	0.012	0.000	0.483	0.876
TCGA-EE-A3JE	0.055	0.126	0.466	1.936	0	0	0.414	0.444	0	0.419	0	0.31	0	0.58	0.387	0.879	0.049	0	0	0.282	0.003	0	0.000	0.383	0.927
TCGA-EE-A3JH TCGA-EE-A3JI	0	0.345	0.356 0.02	1.187 0.205	0	0.182	0.187	0.254	0.372	0	0.054	0.396	0.266		0.642 0.068	0.874	0.152	0	0.122	0	0	0	0.000	0.485	0.875 1.075
TCGA-ER-A193	0.074	0	0	0.472	0	0	0.117	0.328	0.061	0.088	0	0.204	0	1.388	0.479	0.6	0	0	0.156	0	0	0	0.000	0.471	0.884
TCGA-ER-A195 TCGA-ER-A197	0.031	0.019	0.073	0.799	0	0.262	0.085	0.123	0.238	0.049	0	0.197 0.131	0.188	0.227	0.467 0.142	1.539	0.023	0	0.063	0.106	0	0.018	0.000	0.383	0.928
TCGA-ER-A198	0	0.073	0.037	0.316	0	0	0	0.128	0.017	0.238	0	0.309	0.189	0.318	0.206	1.352	0.039	0	0.06	0	0	0	0.110	0.107	1.071
TCGA-ER-A199 TCGA-ER-A19A	0.478	0.268	0.066 0.021	1.071	0	0.15	0	0.506 0.459	0.165 0.149	0	0	0.27 0.177	0.192	0.091	0.338	0.744	0.083	0	0.009	0	0	0	0.000	0.286 0.570	0.973
TCGA-ER-A19B	0	0.095	0.022	0	0	0.574	0.029	0.156	0.177	0	0.254	0.177	0	1.369	0.008	0	0.009	0	0.183	0	0	0	0.100	0.108	1.087
TCGA-ER-A19C TCGA-ER-A19D	0.001	0	0.033	0.036	0	0.007	0	0.064 0.125	0.083	0.008	0.004	0.048	0.093		0.202	0.337	0	0	0.114 0.032	0	0	0	0.040	0.176 0.527	1.156 0.850
TCGA-ER-A19E	0.002	0.04	0.193	0.144	0	0.184	0	0.041	0.006	0	0	0.033	0.029	0.421	0.109	0.415	0	0	0.032	0.001	0	0	0.000	0.248	0.995
TCGA-ER-A19F TCGA-ER-A19G	0.026	0.004	0.159	0.278	0	0.072	0.051	0.277 0.152	0.007 0.055	0.029	0	0.087	0.051		0.159	1.009 0.708	0 01	0	0	0.052	0	0	0.270	0.065 0.329	1.078 0.964
TCGA-ER-A19H	0.051	0	0.116	0.631	0	0.202	0.004	0.166	0.106	0	0	0.257	0.131	0.086	0.396	0.916	0.025	0	0.181	0	0	0	0.000	0.267	0.982
TCGA-ER-A19J TCGA-ER-A19L	0.058	0	0.085	0.269	0	0.046	0	0.064	0.029	0	0	0.05	0 026		0.066	1.191	0	0	0.002	0.003	0	0 002	0.040	0.167	1.064
TCGA-ER-A19L TCGA-ER-A19M	0.025	0	0.126	0.721	0	0.438	0.046	0.043	0.031	0.321	0	0.038	0.026	0.382	0.055 0.512	0.611	0.053	0	0.05 0.016	0	0	0	0.250 0.000	0.069	1.087 0.984
TCGA-ER-A19N TCGA-ER-A19P	0.137	0.035	0.212 0.156	1	0	0.528	0	0.127	0.116	0.07	0	0.17	0.284	0.467	0.252	1.991	0.002	0	0	0.029	0	0	0.000	0.313	0.962 0.812
TCGA-ER-A19Q	0.137	0.045	0.156	0.619	0	0	0	0.38	0.053	0.07	0	0.373	0.245	1.347	0.372	1.392	0.033	0	0.202	0	0	0	0.000	0.589	1.063
TCGA-ER-A19S TCGA-ER-A19T	0	0.283	0.243	2.016	0	0	0.103	0.401	0.039 0.041	0.731	0	0.349	0 005	0.854	0.432	0.615	0	0	0.037	0.217	0	0 005	0.000	0.496	0.868
TCGA-ER-A19T TCGA-ER-A19W	0.075	0	0.004	1.542	0	0.266	0.574	0.388	0.041	0.137	0	0.405	0.365	0.124	0.585	1.234	0.07	0	0.037	0	0	0.005	0.000	0.013	1.125 0.867
TCGA-ER-A1A1 TCGA-ER-A2NC	1.866	1.421	0.423	0.834	0.244	0.528	0.262	0.462	0.641	0	0.078	0	0	0.683	0.113	0.901	0	0.006	0	0	0	0	0.000	0.717	0.742
TCGA-ER-A2ND	0	0.042	0.047	0.154	0	0.201	0.039	0.059	0.007		0	0.059 0.153	0.271	0.014	0.031 0.162	0.89	0	0	0.087	0.016	0	0	0.000	0.381	0.943 1.095
TCGA-ER-A2NE	0	0.164	0.284	0.152	0	0.306	0.002	0.206	0.125	0	0.15	0	0.422	0.343	0	0.032	0	0	0.144	0	0.048	0	0.410	0.031	1.059
TCGA-ER-A2NF TCGA-ER-A2NG	0	0.091	0.473	1.82	0	0.067	0.412	0.191	0.242	0	0	0.173	0.233	0.093	0.067	0.189	0.101	0.003	0	0	0.004	0.01	0.560	0.019	1.091 0.973
TCGA-ER-A2NH	0	0	0.246	2.942	0	0	0.37	0.477	0.114	0	0	0.692	0.429	0	0.621	0.932	0.105	0	0	0.135	0	0	0.000	0.233	1.018
TCGA-ER-A3ES TCGA-ER-A3ET	0.052	0.015	0.126 0.063	0.084	0	0.149	0	0.026	0.154	0.023	0	0.093 0.116	0.022	0.034	0.004	1.559	0	0.001	0.018	0.042	0	0.004	0.920	-0.030 0.266	1.103 0.992
TCGA-ER-A3EV	0.063	0	0.372	0.693	0	0	0	0.324	0	0	0	0.248	0.016	0.222	0.061	0.512	0.063	0	0	0.087	0	0	0.600	0.013	1.087
TCGA-ER-A3PL TCGA-ER-A42K	0.07	0.057	0.054 0.452	0.075 0.062	0	0.107 0.188	0	0.129 0.079	0.027	0.013	0	0.03	0.022	0.098	0.13 0.142	0.552	0.006	0	0.057	0.072	0	0	0.090	0.117	1.080
TCGA-ER-A42L TCGA-FR-A3YN	0.035	0	0.273 0.131	1.15	0	0	0	0.526	0.048 0.158	0.015 0.137	0	0.345	0.339	0 0.112	0.208	1.265	0.067	0	0	0	0	0	0.000	0.433	0.901 1.097
TCGA-FR-A44A	0.030	0	0.131	1.828	0	0	0.163	0.356	0.138	0.137	0	0.571	0	0.112	0.496	1.15	0	0	0	0.12	0	0	0.000	0.465	0.890
TCGA-FR-A69P TCGA-FR-A729	0.105	0	0.037	0.236	0	0.249	0	0.195	0	0	0	0.099	0.1	0.019	0.183	0.901	0.106	0	0	0.134	0	0	0.190	0.080	1.063
TCGA-FR-A729	0.01	0.147	0.042	0.042	0	0.01	0.055	0.059	0.16 0.022	0.051	0.013	0.019	0.15	0.213	0.039	0.693	0.075	0	0.002	0	0	0	0.000	0.399	0.921 1.039
TCGA-FR-A7U9 TCGA-FR-A7UA	0	0.027	0.038	0.17	0	0.236	0	0.129	0.082	0	0	0.059	0.083	0.443	0.281	1.043	0	0	0.075	0 000	0	0	0.000	0.537 0.551	0.843
TCGA-FR-A7UA	0	0.062	0.208	0.507	0	0	0.226	0.093	0.175	0.018	0	0.093	0.091		0.112	0.423	0.061	0	0	0.091	0.031	0	0.000	0.099	1.055
TCGA-FR-A8YD TCGA-FR-A8YE	0.013	0.01	0.003	0.134	0 0.00	0.02	0	0.081	0.07		0.032	0.026 0.168	0.125		0.037 0.191	0.393	0.018	0	0.071 0.027	0	0	0	0.000	0.268	1.030 0.886
TCGA-FS-A1YW	0.122	0.17	0.109	0.144	0	0.282	0	0.153	0.098	0	0.032	0.091	0.071	0	0.096	0.638	0.017	0	0.072	0	0	0	0.610	0.011	1.075
TCGA-FS-A1YX TCGA-FS-A1YY	0.021	0.013	0.01	0.165 0.055	0	0.235 0.089	0.011	0.094 0.076	0.023	0	0.201	0.064	0.203	0.115	0.115	1.597	0.007	0	0.198	0.068	0	0	0.130 0.350	0.094	1.092
TCGA-FS-A1Z0	0.026	0.013	0.136	0.51	0	0.265	0.011	0.293	0.072	0	0.201	0.256	0.147	0.451	0.34	0.727	0.021	0	0.190	0	0	0	0.000	0.397	0.920
TCGA-FS-A1Z3 TCGA-FS-A1Z4	0.033	0 626	0 0.143	0 0 0 0 0	0	1.042 0.097	0.017	0.131	0.206	0	0.126	0.052	0.244	0.015	0.177	0.479	0.011	0	0.061 0.098	0	0	0	0.730 0.000	-0.004 0.538	1.103 0.849
TCGA-FS-A1Z7	0	0.094	0.024	0	0	0.148	0.017	0.056	0.022	0.083	0.103	0.241	0.129	2.083	0.095	0.489	0.015	0	0.022	0	0	0	0.000	0.565	0.841
TCGA-FS-A1ZA TCGA-FS-A1ZB	0.004	0.016	0.205	0.29 0.158	0	0.007	0	0.261 0.046	0.02 0.105		0	0.154 0.11	0.056		0.259 0.165	0.488	0.011 0.071	0	0.018	0	0	0	0.050	0.139 0.114	1.040
TCGA-FS-A1ZC	0	0.014	0.104	0	0.006	0	0	0.124	0.103	0.082	0.042	0	0		0	0.386	0	0	0	0	0	0	0.000	0.648	0.763
TCGA-FS-A1ZD TCGA-FS-A1ZE	0.012	0	0 0.154	0.179 0.129	0	0.416 0.186	0	0.043 0.163	0.004	0	0.091	0.339	0.003	0.758	0 0.097	0.843	0.007	0	0.124 0.146	0	0	0	0.000 0.650	0.539	0.841 1.090
TCGA-FS-A1ZF	0	0.046	0	0.129	0	0	0	0.163	0.06	0.052	0.003	0	0	0.999	0.102	0.434	0	0	0.132	0	0.03	0	0.000	0.468	0.892
TCGA-FS-A1ZG TCGA-FS-A1ZH	0.201	0.25	0.232 0.121	0.244	0	0.072 0.147	0.223	0.244	0.024 0.059	0	0	0.16 0.185	0.235 0.061	0.183	0.268	1.611	0.057	0	0.044	0	0	0.003 0.017	0.680	0.003 0.522	1.103 0.855
TCGA-FS-A1ZJ	0.038	0	0.121	0.432	0	0	0.223	0.173	0	0.012	0	0.185	0	0	0.094	0.636	0	0	0	0.012	0	0	0.040	0.179	1.027
TCGA-FS-A1ZK TCGA-FS-A1ZM	0.253	0.013	0.299 0.115	1.072	0	0.052	0.202	0.04	0.043	0	0.034 0.038	0.002	0.008	0.675	0.041 0.138	0.382	0.001	0	0	0	0	0	0.110	0.106 0.266	1.075 0.986
TCGA-FS-A1ZP	0.24	0	0.115	0.367	0	0.09	0	0.28	0.013	0.035	0	0.19	0.008	0	0.138	1.618	0.052	0	0.033	0	0	0	0.000	0.201	1.016
TCGA-FS-A1ZQ TCGA-FS-A1ZR	0.194 0.041	0	0.214 0.024	0.526	0	0.099	0	0.132	0.323	0	0	0.146 0.175	0.097	0.169 0.099	0.087	0.846	0.037 0.031	0	0.136 0.152	0	0	0	0.350 0.400	0.039	1.066
TCGA-FS-A1ZR TCGA-FS-A1ZS	0.041	0	0.024	0	0	0.293	0	0.301	0.115	0	0.031	0.175	0	0.099	0	0.968	0.031	0	0.006	0	0.002	0	0.400	0.033	0.838
TCGA-FS-A1ZT TCGA-FS-A1ZU	0.047	0.065	0.387	0.876	0	0.19 0.104	0.093	0.31	0.11 0.025	0	0.004	0.049 0.092	0.116 0.094	0.095	0.238	0.421	0.011	0	0	0.155	0.009	0	0.000	0.234	0.993 1.030
TCGA-FS-A1ZW	0	0.019	1.53	0.326	0	0.104	0.033	0	0	0.079	0	0.092	0.094	0.002	0.306	0.518	0.026	0	0	0.135	0	0	0.000	0.234	0.970
TCGA-FS-A1ZY TCGA-FS-A1ZZ	0	0.015	0.033 0.046	0.256 0.18	0	0.17	0.018	0.25 0.134	0.017 0.053	0	0.271 0.089	0	0.041	0.426 0.213	0 0.138	0.132 0.189	0.016	0	0.524	0	0.014	0	0.330	0.045 -0.026	1.087
TCGA-FS-A4F0	0	0	0.307	0.18	0	0	0	0.134	0	0.007	0	0.04	0	0	0.138	1.268	0	0	0.049	0	0	0	0.290	0.056	1.104
TCGA-FS-A4F2 TCGA-FS-A4F4	0.039	0.001	0	0.03	0.032	0.093	0	0.037 0.154	0.053 0.042	0	0.108	0.104	0.239 0.016	0.178	0.088	0.848	0	0	0.024	0.078	0	0	0.040	0.180	1.050 0.968
TCGA-FS-A4F4 TCGA-FS-A4F5	0.012	0.001	0	0.541	0	0.093	0	0.154	0.042	0	0	0.104	0.016	1.176	0.088	0.65	0	0	0.024	0.082	0	0	0.000	0.329	1.123
TCGA-FS-A4F8 TCGA-FS-A4F9	0.029	0.732	0	0.140	0	0.323 0.149	0.005	0.233	0.398	0	0	0.406	0.168	0.309	0.391	0.485	0	0	0.262	0	0	0	0.000	0.319	0.957 1.088
TCGA-FS-A4F9 TCGA-FS-A4FB	0.216	0	0.124 0.587	0.149	0.154	0.149	0.006	0.2	0.048	0.124	0.032 0.185	0.006	0	0.645	0.126 0.092	0.786	0	0	0.03	0	0	0	0.360 0.110	0.037	1.088
TCGA-FS-A4FC TCGA-FS-A4FD	0.154	0	0.036 0.024	0.339	0	0.141	0	0.303	0.101	0.016	0	0.149 0.098	0.067	0.396	0.312 0.074	0.796	0.009	0	0.017	0.014	0	0	0.150	0.091	1.065 0.993
TCGA-FS-A4FD TCGA-FW-A3I3	0.055	0	0.403	0.306	0	0	0	0.223	0.015	0.016	0	0.098	0.009	0	0.074	0.705	0	0	0	0.121	0	0	0.000	0.267	1.060
TCGA-FW-A3R5	0.306	0	0.11	0.321	0	0.153	0	0.434	0.125	0	0	0.072	0.077	0.246	0.448	0.529	0.028	0	0	0.063	0	0	0.110	0.107	1.056 1.017
TCGA-FW-A3TV	0.904	0.117	0.094	0.763	0	0.213	0.136	0.059	0.125 0.001	0	0	0.102 0.015	0.099	0.924	0.301	0.216	0.175	0	0	0.082	0	0	0.000	-0.009	1.017
TCGA-FW-A5DY	0.718	1.134	0.083	0.584	0	0.512	0	0.183	0.218	0	0	0.064	0.047	0.21	0.13	0.515	0	0	0	0	0	0	0.000	0.418	0.910

Sample	B cells	B cells	Plasma	T cells CD8	T cells CD4	memory	T cells CD4 memory activated	T cells follicular	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells	NK cells	Managutas	Macrophages	Macrophages	sMacrophages	Dendritic scells resting	cells	Mast cells resting	Mast cells activated	Fasimonhile	Neutrophils	Dualue	Correlation	DMCE
CGA-GF-A3OT	0.029	memory	0.012	0.288	naive	resting 0.114	0.032	helper 0.163	(Tregs)	0.053	resting	0.025	Monocytes	0.602	0.188	0.743	resting	o	resting	0.23	O	0.005	0.000	0.289	0.983
CGA-GF-A4EO	0.023	0.176	0.605	1.065	0	0.068	0.197	0.205	0.145	0.227	0	0.029	0.017	0.002	0.100	0.773	0	0	0	0.045	0	0.005	0.000	0.549	0.842
CGA-GF-A6C8	0.000	0.036	0.003	0.000	0	0.091	0.137	0.13	0.093	0.227	0	0.151	0.142	0.16	0.343	0.773	0	0	_	0.043	0	0	0.000	0.257	0.997
CGA-GF-A6C9	0.006	0.036	0.01	0.559	0	0.091	0.00	0.13	0.093	0	0	0.131	0.142	0.16	0.355	0.576	0	0	0.222	0	0	0	0.000	0.257	0.997
		0.000	0.044	0.479	0	0 077	0.09	0.474	0.475	U	0 005		0	1.005	0.471	1.029	U	0	0.222	0 000	0	0			
CGA-GN-A262	0.036	0	0.329	0	0	0.077	0	0.172	0	0	0.005	0.025	0	0.284	0.17	0.523	0	0	0	0.001	0	0	0.030	0.183	1.020
CGA-GN-A264	0	0.049	0	0.203	0	0.357	0	0.048	0.05	0	0.006	0	0.051	0.305	0.022	0.86	0	0	0.207	0	0.002	0	0.180	0.084	1.070
CGA-GN-A265	0.011	0.055	0.181	0.42	0	0.652	0.181	0.16	0.061	0	0	0.057	0.044	0.311	0.488	1.762	0	0	0.057	0	0	0	0.000	0.452	0.891
CGA-GN-A266	0	0.055	0.236	0.481	0	0.637	0.025	0.164	0.044	0	0.003	0	0.071	0.979	0.253	1.524	0	0	0.03	0	0	0	0.000	0.425	0.907
CGA-GN-A267	0	0.283	0.012	0.508	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
CGA-GN-A268	0.037	0	0	0	0.061	0.343	0	0.478	0.093	0	0.093	0.109	0.254	0.094	0	0.707	0.035	0	0.275	0	0.057	0	0.660	0.006	1.082
CGA-GN-A26A	0.001	0	0.056	0.413	0	0.139	0.263	0.091	0	0.181	0.18	0	0	2.393	0.223	0.884	0	0	0	0.257	0	0	0.000	0.388	0.946
CGA-GN-A26D	0.145	0.007	0.39	0.122	0	0.062	0	0.173	0.018	0	0	0.079	0	0.309	0.103	0.67	0	0	0	0.114	0	0	0.360	0.037	1.069
CGA-GN-A4U3	0.001	0.026	0.271	0.353		0.084	0		0.023	0	0.303	0.115	0.325	0.726	0	0.847			0.044	0	0.031	0	0.730	-0.004	1.098
CGA-GN-A4U4	0.114	0.161	0	0.337		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
CGA-GN-A4U7	0	0.193	0.004	0.017	0.018	0	0	0.157	0.04	0	0.053	0	0	1.067	0.064	0.424	0	0	0.124	0	0.036	0	0.420	0.029	1.153
CGA-GN-A4U8	0.057	0.195	0	0.752	0	0	0.145	0.135	0.372	0.11	0	0.294	0.093	0.313	0.417	0.626	0.023	0	0.086	0	0	0	0.000	0.347	0.946
CGA-GN-A4U9	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	0.519	0	0	0.005	0	0	0	0.000	0.244	0.995
CGA-GN-A8LK	0.226	0	0.486	0.27	0	0	0	0.219	0	0	0	0.153	0.053	0	0	0.284	0	0	0	0.02	0	0	0.700	0.000	1.073
CGA-GN-A8LL	0.136	0	0.408	0.475	0	0	0	0.22	0.096	0	0	0.114	0	0.599	0.027	0.32	0	0	0	0	0	0	0.360	0.038	1.075
CGA-GN-A9SD	0.82	0.009	0.121	0.885	0.032	0.381	0.015	0.503	0.189	0	0	0.127	0.097	0.132	0.279	0.805	0	0	0	0.009	0	0	0.000	0.236	0.995
CGA-HR-A2OG	0	0.035	0.583	0.159	0	0.265	0	0.101	0.114	0	0	0.107	0.028	1.129	0.181	0.922	0	0	0.102	0	0	0.022	0.000	0.299	0.971
CGA-HR-A2OH	0	0.227	0.278	3.03	0	0	0.411	0.717	0.022	0	0	0.478	0.559	0.49	0.661	0.641	0.072	0	0	0.14	0	0	0.000	0.358	0.944
CGA-LH-A9OB	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	1 107	0.047	0	0	0.169	0	0	0.560	0.019	1.102
CGA-OD-A75X	0.028	0	0.085	0.214	0	0.112	0	0.227	0.004	0.003	0	0.157	0.121	0.168	0.130	0.693	0.047	0	0	0.144	0	0	0.220	0.073	1.074
CGA-QB-A6FS	0.020	0.082	0.039	0.205	0	0.112	0	0.208	0.353	0	0	0.137	0.121	0.100	0.124	0.535	0,023	0	0.031	0.144	0	0.012	0.000	0.297	0.975
CGA-OB-AA9O	0.11	0.084	0.105	0.003	0	0	0.057	0.200	0.05	0.103	0	0.303	0	0.500	0.173	0.350	0.019	0	0.051	0.047	0	0.012	0.000	0.261	0.997
CGA-QB-A690	0.152	0.004	0.103	0.062	0	0,209	0.037	0.044	0.003	0.103	0.022	0.301	0.000	0.322	0.173	0.239	0.019	0	0	0.047	0	0	0.000	0.201	1.084
CGA-RP-A693	0.132	0.002	0.182	0.002	0	0.209	0.043		0.002	0	0.022	0.168	0.008	0.00		0.662	0	0	0	0.074	0	0			0.974
	0.004	0.083	0.182	0.54	0	0	0.043	0.154	0.036 0.034	0.047	0		0.129	0.045	0.177	1.549	0	0	0	0.074	0	0	0.000	0.295	1.080
CGA-RP-A694	0.006	U	0.372	0.645	0	U		0.31	0.034	0.047	0	0.16			0.143	1.168	U	0	0	0.015	U	0			
CGA-W3-A824	0	0.045	0	1.156	0	0	0.055	0.274	0	0	0	0.418	0.167	0.131	0.403	0.49	0.055	0	0.118	0	0	0	0.050	0.139	1.066
CGA-W3-A825	0.001	0	0.034	0.646	0	0.05	0.085	0.326	0.088	0	0	0.137	0.056	0.483	0.121	0.756	0	0	0	0.052	0	0	0.000	0.469	0.882
CGA-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	1.113	0	0	0.225	0	0	0	0.000	0.329	0.956
CGA-W3-AA10	0.048	0	0.094	0.08	0.037	0	0	0.035	0.021	0	0	0.029	0	1.107	0.066	0.962	0	0	0.034	0	0	0	0.060	0.131	1.124
CGA-W3-AA1Q	0	0.033	0	0.336	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
CGA-W3-AA1R	0	0.051	0.089	0.64	0	0	0.076	0.408	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
CGA-W3-AA1V	0.01	0	0.008	0.21	0	0.312	0	0.035	0.007	0.079	0	0.107	0.086	0.082	0.112	0.993	0	0	0	0.069	0	0	0.000	0.299	0.974
CGA-W3-AA1W	0	0.066	0	2.933	0	0	0.327	0.793	0.296	0.206	0	0.415	0	0.24	0.886	1.145	0.078	0	0	0	0	0	0.000	0.524	0.851
CGA-W3-AA21	0	0.131	0	0.321	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
CGA-WE-A8JZ	0.078	0	0.097	0.238	0	0.04	0	0.121	0.039	0	0	0.064	0	0.958	0.114	0.222	0	0	0.027	0	0	0	0.040	0.175	1.063
CGA-WE-A8K1	0	0.257	0	1.081	0	0.006	0	0.291	0.203	0	0	0.37	0.098	0.196	0.359	0.373	0.031	0	0	0.02	0	0	0.000	0.246	1.010
CGA-WE-A8K5	0	0.022	0.007	0.319	0	0	0	0.134	0.061	0	0	0.051	0.035	0.499	0.252	0.53	0	0	0.043	0	0	0	0.000	0.273	0.994
CGA-WE-A8K6	0	0.005	0	0.041	0	0.038	0	0.057	0.015	0	0	0.024	0	0.848	0.09	0.3	0	0	0	0	0	0	0.000	0.230	1.089
CGA-WE-A8ZM	0.209	0	0.284	0.343	0	0	0	0.211	0	0	0.011	0.03	0.026	0.06	0.014	0.823	0	0	0.034	0	0	0	0.860	-0.020	1.091
CGA-WE-A8ZN	0	0.126	0	0.638	0	0	0.038	0.139	0.033	0	0	0.134	0.017	0.234	0.171	0.344	0.035	0	0.062	0	0	0	0.000	0.324	0.958
CGA-WE-A8ZO	0	0	0.17	0.942	0	0	0	0.154	0.055	0	0	0.217	0.083	0	0.302	1.08	0	0	0	0.005	0	0.001	0.000	0.217	1.013
CGA-WE-A8ZQ	0	0.108	0.217	0.072	0	0.01	0	0.084	0.061	0	0.249	0	0.077	0.778	0.001	0.364	0.04	0	0.052	0	0	0	0.050	0.145	1.054
CGA-WE-A8ZR	0.148	0.272	0.211	0.288	0	0.013	0	0.296	0.143	0	0	0.115	0	1.051	0.146	0.426	0	0	0	0	0	0	0.050	0.144	1.045
CGA-WE-A8ZT	0.397	0	0.356	0.334	0.044	0	0	0.18	0.131	0	0	0.069	0.098	0.004	0.226	0.501	0	0	0.053	0	0	0	0.740	-0.005	1.077
CGA-WE-A8ZX	0	0.014	0.23	0.902	0	0.011	0.131	0.333	0.002	0	0	0.307	0.141	0	0.366	0.313	0.012	0	0	0	0	0	0.020	0.193	1.036
CGA-WE-A8ZY	0.168	0	0	0.398	0.06	0	0.007	0.318	0	0	0.007	0.043	0.105	0.229	0.227	2.231	0	0	0	0.104	0	0.003	0.310	0.050	1.108
CGA-WE-AA9Y	0.102	0.118	0.132	0.192	0	0.383	0	0.119	0.121	0	0	0.084	0.141	0.086	0.002	0.594	0	0	0.043	0	0	0	0.050	0.142	1.027
CGA-WE-AAA0	0.575	0.161	0.027	0.228	0	0.313	0.04	0.29	0.017	0	0	0.125	0.009	0.282	0.172	0.473	0	0	0	0	0	0	0.270	0.065	1.068
CGA-WE-AAA3	0	0.111	0.098	0.92	0	0.201	0	0.119	0.001	0	0	0.319	0.158	0	0.346	1.447	0.036	0	0	0.105	0	0	0.120	0.099	1.066
CGA-WE-AAA4	n	0.192	0	2.237	0	0	0.236	0.314	0	0	0.248	0.515	0.582	0.151	0.342	0.849	0.093	0	0	0.283	0	0	0.000	0.289	0.984
CGA-XV-AB01	0	0.161	0.072	0.499	0	0.109	0	0.048	0.18	0	0	0.18	0.039	0.01	0.068	0.412	0.002	0.	0	0.005	0	0.005	0.090	0.112	1.061
CGA-YD-A89C	0	0.015	0.011	0.124	0	0.019	0,002	0.157	0.065	0	0.076	.0	0.226	0.13	0	0.32	.0	0	0	0	0	0	0.550	0.020	1.001
CGA-YD-A9TA	0.119	0.015	0.039	0.261	0	0.153	0.031	0.169	0.003	0	0.073	0.152	0.076	0.222	0.228	0.400	0	0	0	0.06	0	0	0.000	0.394	0.924
	0.119	0.052	0.059	0.201	0	0.153	0.031	0.169	0.013	0	0.102	0.132	0.076	0.125	0.220	0.67	0.039	0	0.062	0.00	0	0	0.300	0.394	1.082
	0.013	0.032	0.001	0.107	0	0.013	0.003	0.192	0.011	0	0.102	0.029	0.113	0.125	0.239	0.07	0.039	-	0.062		0.01	0	0.550	0.031	1.082
CGA-YG-AA30						U		0.063	0.037	U	U		0.065	0.061	0.077	0.300	0.002		0.12	U		U	U.55U	0.021	1.090
CGA-YG-AA3P	0.007	0.008	0.001	0.107		0.373	_	0.051	0.353		0.003	0.344	0.224	0.222	0.633	0.546	0.040		0.154				0.040	0.170	1 000
	0.007 0.093 0.032	0.008	0.056	0.521	0	0.173	0	0.251 0.13	0.152 0.062	0	0.021	0.144	0.221	0.112	0.433	0.546	0.049	0	0.154 0.216	0	0	0	0.040	0.178	1.023