

| | | Variance explained per factor | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|-----------------------------|-------------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Haem | drespo | -0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | -0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.02 | 0.04 | 0.01 | -0.00 | -0.00 | 0.01 | -0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.02 | 0.02 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| | methylation | -0.00 | 0.00 | 0.10 | 0.02 | 0.08 | 0.00 | 0.02 | 0.01 | 0.09 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.03 | 0.01 | 0.03 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | 0.00 |
| | proteomics | -0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.01 | 0.01 | 0.06 | 0.00 | 0.02 | 0.04 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | -0.00 | 0.00 | 0.03 | 0.00 | 0.02 | 0.04 | 0.05 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| | transcriptomics | -0.00 | 0.01 | 0.01 | 0.00 | 0.02 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | 0.10 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.03 | 0.00 | 0.05 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.02 |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Other | drespo | -0.03 | 0.03 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.02 | 0.04 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | 0.02 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.05 | 0.00 | 0.02 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| | methylation | -0.13 | 0.04 | 0.07 | 0.04 | 0.04 | 0.00 | 0.01 | 0.01 | 0.00 | 0.02 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.00 |
| | proteomics | -0.05 | 0.06 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.17 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.01 | 0.02 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.04 | 0.09 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| | transcriptomics | -0.13 | 0.10 | 0.01 | 0.02 | 0.01 | 0.00 | 0.01 | 0.02 | 0.00 | 0.02 | 0.02 | 0.02 | 0.02 | 0.02 | 0.01 | 0.01 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.03 | 0.01 | 0.01 | 0.02 |
| Features | Proteomics n. measurements | 0.05 | 0.07 | 0.08 | -0.01 | 0.05 | -0.37 | 0.09 | -0.11 | -0.06 | -0.08 | -0.06 | 0.04 | 0.04 | -0.04 | 0.04 | -0.03 | 0.09 | 0.01 | -0.03 | -0.35 | -0.24 | -0.07 | -0.06 | -0.04 | -0.02 |
| | Global proteomics | 0.06 | 0.12 | -0.03 | -0.02 | 0.02 | 0.05 | -0.04 | 0.03 | 0.01 | -0.04 | -0.00 | -0.01 | 0.01 | 0.09 | 0.00 | -0.04 | 0.02 | -0.01 | 0.01 | 0.10 | 0.32 | 0.05 | -0.05 | -0.03 | -0.04 |
| | Global methylation | -0.17 | 0.01 | 0.80 | 0.08 | -0.09 | -0.05 | -0.08 | 0.01 | -0.15 | 0.05 | -0.06 | -0.04 | -0.04 | -0.10 | -0.09 | -0.01 | -0.00 | 0.16 | -0.04 | -0.09 | -0.03 | -0.19 | -0.02 | 0.02 | -0.13 |
| | gexp_prot_corr | 0.23 | 0.05 | 0.17 | -0.12 | -0.05 | -0.65 | 0.09 | -0.09 | -0.05 | -0.03 | 0.03 | 0.02 | 0.09 | -0.08 | -0.04 | -0.04 | 0.02 | -0.04 | -0.06 | -0.34 | -0.10 | -0.08 | -0.03 | 0.01 | -0.13 |
| | MSI | -0.08 | 0.14 | 0.16 | 0.05 | -0.06 | -0.02 | 0.14 | -0.02 | -0.10 | 0.08 | -0.00 | -0.16 | 0.12 | -0.08 | -0.08 | -0.18 | -0.03 | -0.01 | 0.03 | -0.12 | -0.04 | -0.14 | 0.10 | -0.14 | -0.08 |
| | MSS | 0.07 | -0.16 | -0.16 | -0.05 | 0.07 | 0.02 | -0.14 | 0.00 | 0.09 | -0.07 | 0.01 | 0.15 | -0.12 | 0.06 | 0.08 | 0.19 | 0.04 | -0.00 | -0.03 | 0.11 | 0.04 | 0.12 | -0.09 | 0.14 | 0.06 |
| | Adherent | -0.15 | -0.19 | 0.01 | 0.08 | 0.04 | 0.08 | -0.01 | -0.00 | 0.09 | 0.06 | -0.02 | 0.04 | -0.07 | -0.05 | 0.04 | 0.06 | -0.07 | 0.09 | 0.01 | 0.03 | -0.15 | -0.06 | -0.05 | -0.05 | -0.04 |
| | Semi-Adherent | 0.03 | 0.16 | -0.05 | 0.03 | 0.01 | -0.06 | 0.04 | -0.07 | -0.03 | -0.03 | 0.02 | 0.06 | -0.05 | 0.00 | 0.01 | -0.06 | 0.01 | -0.05 | 0.02 | -0.02 | 0.02 | 0.00 | 0.02 | -0.02 | -0.00 |
| | Suspension | 0.08 | 0.27 | 0.02 | -0.11 | -0.08 | -0.07 | -0.00 | 0.02 | -0.05 | -0.18 | 0.08 | 0.03 | 0.06 | 0.03 | -0.02 | -0.15 | 0.03 | -0.01 | -0.04 | -0.06 | 0.12 | 0.00 | 0.00 | -0.04 | -0.02 |
| | Unknown | 0.09 | -0.11 | -0.01 | -0.00 | 0.02 | 0.00 | -0.01 | 0.01 | -0.05 | 0.12 | -0.06 | -0.10 | 0.05 | 0.02 | -0.03 | 0.11 | 0.05 | -0.08 | 0.02 | 0.03 | 0.05 | 0.07 | 0.05 | 0.11 | 0.07 |
| | Haematopoietic and Lymphoid | -0.03 | 0.05 | 0.04 | 0.03 | -0.07 | 0.02 | 0.02 | -0.02 | -0.08 | -0.07 | 0.03 | -0.02 | 0.04 | -0.00 | 0.00 | -0.01 | 0.04 | 0.01 | -0.04 | 0.00 | 0.04 | -0.08 | 0.02 | -0.03 | 0.00 |
| | ploidy | -0.05 | -0.09 | 0.02 | -0.02 | 0.10 | 0.03 | -0.11 | 0.02 | 0.05 | -0.02 | 0.02 | 0.04 | -0.04 | 0.09 | 0.05 | 0.04 | -0.08 | 0.16 | -0.05 | -0.00 | -0.02 | 0.05 | -0.02 | 0.01 | -0.01 |
| | mutational_burden | -0.11 | 0.24 | 0.21 | 0.09 | 0.05 | 0.01 | -0.10 | -0.01 | -0.03 | -0.10 | -0.10 | 0.08 | -0.03 | -0.05 | -0.12 | -0.18 | -0.09 | 0.10 | 0.06 | -0.06 | -0.03 | -0.09 | 0.00 | -0.23 | -0.12 |
| | growth | -0.05 | -0.10 | 0.21 | -0.10 | 0.06 | 0.02 | 0.09 | -0.07 | -0.07 | 0.01 | -0.40 | 0.01 | -0.04 | -0.08 | -0.13 | -0.07 | 0.13 | 0.02 | -0.08 | -0.29 | -0.21 | -0.12 | 0.11 | 0.10 | -0.07 |
| | TP53_wes | -0.16 | 0.18 | -0.15 | -0.05 | 0.01 | 0.12 | -0.10 | 0.09 | 0.05 | -0.01 | -0.12 | 0.08 | -0.05 | 0.21 | 0.02 | -0.02 | -0.23 | 0.05 | 0.00 | 0.11 | -0.02 | 0.09 | -0.07 | -0.02 | -0.00 |
| | CDH1_proteomics | -0.44 | -0.13 | 0.05 | 0.03 | 0.05 | 0.03 | -0.13 | 0.14 | -0.08 | 0.13 | 0.11 | -0.02 | -0.17 | -0.05 | 0.00 | 0.25 | -0.11 | 0.13 | -0.04 | 0.16 | 0.16 | -0.10 | 0.06 | 0.05 | 0.01 |
| | VIM_proteomics | 0.46 | -0.66 | 0.17 | -0.08 | 0.02 | -0.20 | 0.17 | -0.19 | -0.08 | 0.05 | 0.13 | -0.03 | -0.11 | -0.07 | -0.03 | -0.17 | 0.07 | -0.01 | 0.08 | -0.03 | 0.12 | 0.02 | -0.01 | -0.05 | -0.06 |
| | BCL2L1_proteomics | -0.11 | -0.12 | -0.02 | -0.08 | -0.07 | -0.16 | 0.08 | -0.01 | -0.03 | 0.01 | 0.18 | 0.05 | 0.22 | 0.00 | 0.24 | -0.09 | 0.03 | 0.06 | 0.09 | 0.28 | 0.22 | 0.14 | -0.05 | 0.02 | 0.04 |
| | CDH1_transcriptomics | -0.64 | 0.28 | -0.19 | 0.19 | 0.04 | 0.16 | -0.15 | 0.12 | 0.11 | -0.12 | 0.04 | 0.07 | 0.10 | 0.11 | 0.03 | 0.09 | -0.06 | 0.01 | 0.08 | 0.13 | -0.12 | 0.13 | 0.07 | 0.04 | 0.17 |
| | VIM_transcriptomics | 0.50 | -0.70 | 0.16 | -0.03 | -0.01 | -0.12 | 0.16 | -0.13 | -0.08 | 0.12 | 0.05 | -0.02 | -0.10 | -0.07 | 0.01 | -0.09 | 0.07 | -0.01 | 0.08 | -0.04 | 0.07 | 0.02 | -0.04 | -0.06 | -0.07 |
| | MCL1_transcriptomics | -0.29 | -0.19 | 0.01 | -0.01 | 0.05 | 0.12 | -0.11 | -0.10 | 0.09 | -0.11 | -0.08 | 0.20 | -0.23 | 0.05 | 0.02 | 0.18 | 0.04 | 0.03 | 0.05 | 0.01 | -0.08 | 0.09 | 0.04 | -0.04 | 0.02 |
| | BCL2L1_transcriptomics | -0.45 | -0.15 | 0.01 | -0.07 | -0.04 | 0.03 | 0.03 | -0.11 | 0.00 | -0.02 | 0.11 | 0.09 | 0.28 | -0.04 | 0.23 | -0.09 | -0.06 | 0.11 | 0.11 | 0.22 | -0.06 | 0.18 | 0.03 | 0.05 | -0.00 |
| | SLC5A1_methylation | -0.03 | 0.14 | 0.06 | 0.46 | -0.45 | -0.09 | 0.05 | 0.25 | 0.14 | 0.15 | -0.11 | -0.02 | 0.06 | -0.15 | 0.05 | 0.03 | 0.03 | -0.12 | -0.02 | 0.07 | -0.03 | 0.15 | -0.08 | -0.03 | 0.02 |
| | | F1 | F2 | F3 | F4 | F5 | F6 | F7 | F8 | F9 | F10 | F11 | F12 | F13 | F14 | F15 | F16 | F17 | F18 | F19 | F20 | F21 | F22 | F23 | F24 | F25 |