

		Variance explained per factor - Sanger&CMRI														
		F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12	F13	F14	F15
Haem	drespo	0.00	0.00	0.00	-0.00	-0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.01	0.02	0.00	0.03	0.00	0.01
	methylation	-0.00	0.00	0.10	0.02	0.08	0.00	0.00	-0.00	0.09	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00
	proteomics	-0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.11	0.00	0.00	0.04	0.00	0.02	0.00	0.04	0.00	0.00
	transcriptomics	-0.00	0.01	0.01	0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.10	0.01	0.00	0.02	0.04	0.00	0.00
Other	drespo	0.03	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.02	0.00	0.02	0.05	0.00	0.00	0.01	0.02
	methylation	0.11	0.04	0.08	0.05	0.06	0.00	0.02	0.02	0.00	0.01	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01
	proteomics	0.06	0.07	0.00	0.00	0.00	0.17	0.02	0.01	-0.00	0.01	0.03	0.00	0.00	0.01	0.01
	transcriptomics	0.13	0.10	0.01	0.02	0.01	0.00	0.03	0.02	0.00	0.02	0.02	0.02	0.01	0.01	0.01
Features	NProteinsSanger&CMRI	0.04	0.07	0.05	0.04	0.02	-0.17	0.12	-0.03	-0.06	-0.08	-0.09	0.04	-0.09	0.05	-0.04
	NProteinsBroad	-0.04	0.10	0.03	0.03	-0.01	-0.10	0.10	0.05	-0.01	0.06	0.01	-0.13	0.01	0.01	0.06
	RepsCorrelationSanger&CMRI	-0.13	0.13	-0.09	-0.00	0.05	0.10	-0.08	0.07	0.08	-0.02	0.08	-0.05	0.07	-0.08	-0.02
	Global proteomics	0.06	0.11	-0.03	0.02	0.02	0.02	-0.10	0.01	-0.02	-0.06	0.14	0.01	0.03	0.05	-0.02
	GExpProtCorrSanger&CMRI	0.26	0.07	0.08	0.05	-0.02	-0.57	0.13	-0.05	0.00	-0.05	-0.11	0.14	0.01	0.12	0.03
	GExpProtCorrBroad	0.24	-0.17	0.19	0.14	0.05	-0.25	0.17	-0.05	-0.06	0.03	0.19	0.12	0.02	-0.10	-0.01
	SamplesOverlapCorr	-0.05	0.07	-0.01	0.07	0.03	0.02	0.03	0.08	0.06	-0.06	0.07	0.01	0.06	-0.05	0.08
	Mean IC50	-0.16	-0.11	-0.01	-0.04	-0.02	-0.02	0.05	-0.19	0.07	-0.21	0.31	-0.02	-0.02	-0.02	-0.23
	Binary IC50	-0.08	0.06	0.09	0.03	0.00	0.05	0.00	0.15	-0.09	0.25	-0.34	0.04	-0.01	0.02	0.18
	Global methylation	-0.11	0.02	0.82	0.04	-0.04	-0.01	0.05	0.16	-0.11	0.18	-0.09	0.15	-0.01	-0.05	0.07
	MSI	-0.08	0.15	0.16	-0.03	-0.09	0.04	0.19	0.07	0.01	0.16	-0.05	0.06	-0.01	0.01	0.09
	MSS	0.08	-0.17	-0.16	0.04	0.10	-0.04	-0.17	-0.07	-0.01	-0.14	0.05	-0.05	0.00	-0.02	-0.09
	Adherent	-0.15	-0.20	0.04	-0.01	-0.01	0.14	0.01	-0.05	0.02	0.05	-0.02	0.08	-0.04	-0.06	-0.07
	Semi-Adherent	0.02	0.16	-0.04	-0.03	0.03	-0.05	0.03	0.04	0.01	-0.01	0.03	0.01	-0.10	0.06	-0.06
	Suspension	-0.09	0.29	-0.01	0.08	-0.08	-0.14	-0.07	0.14	-0.03	-0.10	0.04	0.00	0.01	0.09	-0.03
	Unknown	-0.08	-0.12	-0.02	-0.05	0.08	0.00	0.05	-0.10	0.00	0.05	-0.03	-0.10	0.09	-0.04	0.14
	Haematopoietic and Lymphoid	-0.01	0.08	0.03	0.00	-0.04	-0.02	-0.00	0.16	-0.05	0.01	0.02	0.00	-0.00	-0.04	-0.01
	ploidy	-0.05	-0.10	0.03	0.07	0.08	0.04	-0.11	-0.04	-0.04	-0.01	0.04	0.02	0.01	0.04	-0.06
	mutational_burden	-0.10	0.25	0.24	0.04	0.03	0.06	-0.04	0.13	-0.02	0.00	-0.07	0.18	-0.19	0.10	-0.02
	growth	0.00	-0.08	0.20	0.12	-0.05	0.08	0.08	0.02	-0.08	0.08	-0.46	0.06	-0.12	-0.00	0.19
	TP53_mut_wes	-0.16	0.16	-0.09	0.04	-0.03	0.08	-0.22	0.02	0.00	-0.01	-0.10	-0.03	0.07	0.11	-0.11
	CDH1_proteomics	-0.44	-0.15	0.16	0.09	-0.06	-0.05	-0.17	0.18	-0.11	0.29	0.13	0.01	0.12	-0.13	0.00
	VIM_proteomics	0.51	-0.62	0.05	0.01	0.05	-0.17	0.21	-0.33	-0.09	-0.02	0.10	0.05	-0.14	0.15	-0.01
	BCL2L1_proteomics	-0.12	-0.16	-0.00	0.00	-0.07	-0.23	0.04	-0.21	0.01	-0.21	0.20	-0.04	0.18	-0.13	-0.20
	CDH1_transcriptomics	-0.70	0.22	-0.00	-0.06	-0.03	0.18	-0.17	0.18	0.10	-0.12	0.09	-0.14	0.03	-0.12	-0.00
	VIM_transcriptomics	0.54	-0.66	0.03	-0.06	0.08	-0.09	0.17	-0.34	-0.09	-0.01	0.03	0.07	-0.11	0.10	-0.02
MCL1_transcriptomics	-0.24	-0.21	0.09	0.13	-0.05	0.10	-0.19	0.03	0.04	-0.08	-0.02	0.03	-0.22	0.00	-0.06	
BCL2L1_transcriptomics	-0.46	-0.22	0.12	0.07	-0.13	-0.00	0.03	-0.22	0.00	-0.27	0.12	0.02	0.14	-0.20	-0.17	
SLC5A1_methylation	-0.09	0.13	0.15	-0.63	-0.17	0.02	-0.02	0.01	0.09	-0.06	-0.04	-0.01	0.02	-0.23	-0.03	