

		Variance explained per factor - Broad														
		F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12	F13	F14	F15
Haem	drespo	-0.00	0.02	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	-0.00	0.00	-0.00	0.06	0.03	0.03	0.00
	methylation	-0.00	0.00	0.08	0.08	-0.00	0.00	0.00	0.06	0.01	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01
	proteomics	-0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.01	0.09	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00
	transcriptomics	-0.01	0.01	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00
Other	drespo	-0.02	0.03	0.00	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.02	0.00	0.00	0.05	0.01	0.02	0.00
	methylation	0.11	0.02	0.06	0.09	0.03	0.00	0.02	0.05	0.01	0.00	0.01	0.02	0.01	0.00	0.01
	proteomics	0.07	0.05	0.00	0.00	0.02	0.06	0.01	0.00	0.02	0.05	0.01	0.01	0.01	0.03	0.00
	transcriptomics	0.13	0.06	0.03	0.01	0.03	0.00	0.03	0.01	0.02	0.00	0.02	0.01	0.02	0.01	0.01
Features	NProteinsSanger&CMRI	-0.02	0.03	0.14	-0.01	0.03	0.12	-0.03	-0.05	0.15	-0.02	-0.01	-0.01	0.01	-0.00	-0.08
	NProteinsBroad	0.04	0.07	-0.02	-0.01	0.04	-0.01	-0.08	0.03	0.01	0.09	0.03	0.02	0.03	-0.05	0.05
	RepsCorrelationSanger&CMRI	0.15	0.11	-0.19	0.15	0.04	-0.03	-0.02	0.07	-0.02	0.02	-0.06	-0.12	-0.00	0.01	0.05
	Global proteomics	0.07	0.16	-0.03	0.04	0.09	-0.06	0.16	-0.06	-0.01	-0.07	0.01	-0.04	0.06	0.00	0.03
	GExpProtCorrSanger&CMRI	-0.23	-0.01	0.21	-0.05	-0.00	0.29	-0.07	-0.12	0.11	-0.08	-0.08	0.15	0.02	-0.12	-0.04
	GExpProtCorrBroad	-0.23	-0.06	0.32	-0.02	-0.03	0.46	-0.18	0.10	-0.13	0.09	0.11	0.00	-0.18	-0.25	-0.14
	SamplesOverlapCorr	0.08	0.06	0.07	0.05	0.10	-0.23	-0.05	0.02	-0.01	0.36	-0.07	0.05	0.01	0.02	-0.01
	Mean IC50	0.13	-0.11	-0.06	0.04	-0.10	0.00	-0.08	-0.06	-0.16	-0.01	-0.01	-0.39	0.13	-0.24	-0.07
	Binary IC50	-0.09	0.14	0.14	-0.07	0.08	0.02	0.04	0.08	0.17	0.05	0.06	0.32	-0.10	0.22	-0.04
	Global methylation	0.10	0.13	0.51	-0.63	0.15	0.03	0.03	0.37	0.05	-0.12	0.13	0.13	-0.12	0.08	-0.10
	MSI	0.11	0.22	0.12	-0.18	0.04	-0.07	-0.13	0.12	0.05	-0.01	0.03	0.11	-0.07	0.14	0.21
	MSS	-0.11	-0.22	-0.11	0.19	-0.03	0.07	0.13	-0.13	-0.04	0.02	-0.02	-0.11	0.06	-0.14	-0.21
	Adherent	-0.01	-0.18	-0.03	0.04	-0.02	0.02	0.01	-0.09	-0.05	0.04	0.03	-0.10	0.01	-0.04	-0.08
	Semi-Adherent	0.06	0.18	-0.02	0.03	0.03	0.03	0.01	-0.00	0.04	-0.02	0.01	0.02	0.02	0.04	0.06
	Suspension	0.01	0.16	0.07	-0.03	0.10	0.10	0.01	-0.02	0.03	-0.05	-0.02	0.04	0.01	-0.02	0.03
	Unknown	-0.03	-0.03	-0.01	-0.05	-0.09	-0.14	-0.03	0.15	0.01	0.01	-0.02	0.09	-0.04	0.05	0.04
	Haematopoietic and Lymphoid	0.01	0.06	0.03	-0.02	0.11	-0.01	0.02	-0.00	0.00	-0.03	-0.02	0.03	-0.01	-0.01	0.02
	ploidy	0.03	-0.12	0.06	0.10	-0.07	-0.00	0.06	-0.02	-0.04	-0.10	-0.04	-0.14	0.12	-0.04	-0.15
	mutational_burden	0.05	0.24	0.13	-0.13	0.06	-0.02	-0.02	0.21	0.20	-0.12	-0.04	0.03	-0.03	0.17	0.19
	growth	-0.02	-0.02	0.22	-0.18	-0.01	-0.09	-0.12	0.03	0.34	0.02	0.09	0.36	0.06	0.16	-0.03
	TP53_mut_wes	0.18	0.01	-0.19	0.11	-0.07	-0.11	0.15	-0.18	-0.14	-0.03	-0.02	-0.11	0.20	0.14	-0.00
	CDH1_proteomics	0.41	-0.12	0.06	-0.03	0.28	-0.06	0.22	-0.07	-0.20	0.04	0.23	-0.07	0.02	-0.14	-0.15
	VIM_proteomics	-0.69	-0.30	0.11	0.06	-0.26	0.27	-0.24	-0.04	0.08	0.03	-0.01	-0.01	-0.02	-0.18	0.06
	BCL2L1_proteomics	0.12	-0.31	0.15	0.01	-0.13	0.19	-0.10	-0.08	-0.19	0.08	0.00	-0.34	0.14	-0.17	-0.10
	CDH1_transcriptomics	0.75	0.14	-0.17	-0.07	0.25	-0.27	0.14	-0.02	-0.08	0.06	0.03	-0.14	0.02	-0.00	-0.05
	VIM_transcriptomics	-0.74	-0.41	0.02	0.10	-0.31	0.20	-0.14	0.00	0.00	0.07	-0.03	-0.04	-0.00	-0.08	0.08
	MCL1_transcriptomics	0.12	-0.27	0.04	-0.08	0.01	0.05	0.22	-0.09	0.10	0.01	-0.04	0.04	0.09	-0.00	0.06
	BCL2L1_transcriptomics	0.42	-0.29	0.23	-0.09	-0.15	-0.00	-0.22	-0.08	-0.10	0.15	0.00	-0.27	0.01	-0.13	-0.15
SLC5A1_methylation	-0.08	0.13	-0.49	-0.44	-0.06	-0.04	0.19	0.14	0.06	-0.05	0.07	-0.10	-0.10	0.03	0.17	