Input					T cel	s CD4T ce	ells CD4	T cells	T cells	T cells							Dendritic	Dendritic							
		B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 mem	ory me	mory 1	follicular helper	regulatory (gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes		Macrophage:	Macrophages M2	cells		Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophil	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	nRMSE
TCGA.05.4395 TCGA.05.4415	0.065	0.003	0.021	0.073 0.085		192 124	0.009 0.046	0.064	0.007	0	0.069	0.036	0.019	0.014	0.066	0.298 0.124	0.01	0.053	0.061	0		0.006 0.018	0.100 0.070	0.116 0.132	1.043
TCGA.05.4417	0.005	0.022	0.194	0.085	0 0.	238	0.006	0.047	0.007	0	0.088	0.007	0.003	0.058	0.08	0.124	0.017	0.044	0.032	0		0.018	0.000	0.132	0.946
TCGA.35.3615	0.067	0	0.105	0.046		083	0	0.076	0.01	0	0.001	0.012	0.004	0.091	0.03	0.332	0.014	0.069	0.057	0		0.006	0.000	0.248	0.981
TCGA.44.6776 TCGA.44.7671	0.121	0	0.133	0.072		144	0	0.058	0	0	0.016	0.026	0.025	0.001 0.112	0.039	0.152	0.048	0.059	0.106	0	0	0 004	0.160	0.096 0.156	1.029
TCGA.4B.A93V	0.012	0	0.155	0.061		121	0	0.032	0.012	0	0.039	0.013	0	0.365	0.035	0.101	0	0.070	0.002	0	0	0.004	0.000	0.252	0.994
TCGA.50.7109	0.078	0	0.111	0.027			0.03	0.112	0.024	0	0.053	0	0.009	0.06	0.066	0.16	0	0.049	0.014	0	0	0.003	0.030	0.177	1.007
TCGA.53.7813 TCGA.55.6970	0.039	0	0.353	0.129			0.121	0.094	0.001	0	0.012	0	0.01	0.051	0.052	0.056	0	0.015	0.018	0	0	0 005	0.030	0.155 0.273	1.006 0.972
TCGA.55.8203	0.001	0.119	0.155	0.06		165	0	0.088	0.031	0	0.033	0	0.001	0.12	0.057	0.149	0	0.006	0.013	0	0	0.003	0.020	0.187	1.002
TCGA.55.8299	0.04	0	0.053	0.059	0 0.		0.03	0.083	0.026	0	0.073	0.038	0.003	0.002	0.003	0.182	0	0.302	0.085	0	0	0.005	0.000	0.475	0.879
TCGA.55.8508 TCGA.55.8615	0.01	0.05	0.377	0.031		218	0	0.046	0.028	0	0.037	0	0	0.303	0.013 0	0.045	0	0.003	0	0.002		0.018	0.000	0.295 0.117	0.963 1.081
TCGA.62.A46S	0.003	0	0.161	0.097	0 0.	113		0.062	0.058	0	0.006	0.043	0.039	0.044	0.04	0.206	0	0.016	0.109	0		0.002	0.230	0.078	1.038
TCGA.67.3774	0.024	0.026	0.024	0.043	0 0.	272	0.001	0.048	0	0	0.034	0 025	0.015	0.084	0.068	0.28	0	0.02	0.053	0	0	0.008	0.030	0.179	1.014
TCGA.73.4670 TCGA.73.4677	0.066	0.04	0.096	0.07	0 0.		0.015	0.11	0	0	0.035	0.025	0.016	0.166	0.038	0.188 0.257	0.039	0.143	0.027	0	0	0.045	0.160 0.030	0.096 0.164	1.048
TCGA.73.7498	0.026	0.008	0.094	0.042	0 0.	232	0	0.085	0.021	0	0.04	0	0.074	0.019	0.065	0.193	0.002	0.016	0.084	0	0	0	0.150	0.108	1.031
TCGA.78.7148 TCGA.78.7160	0.016	0	0.098	0.089		076 133	0.016	0.142	0.033	0	0	0.051	0.037	0.09	0.061	0.141	0.016	0.021	0.124	0	0.003	0.002	0.150	0.102	1.033 0.962
TCGA.78.7161	0.000	0	0.106	0.076		128	0.010	0.058	0.023	0	0.023	0.039	0.009	0.084	0.039	0.138	0	0.001	0.033	0	0	0.004	0.620	0.013	1.072
TCGA.78.7166	0.008	0.003	0.103	0.053		047	0	0.263	0.032	0	0.085	0.015	0.055	0.169	0.078	0.064	0	0.009	0	0.018	0	0	0.070	0.130	1.036
TCGA.80.5608 TCGA.86.7713	0.062	0	0.023	0.108		125 103	0.014	0.116	0.02	0	0.034	0.02	0.007	0.06 0.125	0.072	0.222	0	0.047	0.043	0	0	0.04	0.200 0.580	0.084	1.051
TCGA.86.8054	0.015	0	0.062	0.004		147	0	0.096	0.001	0	0.062	0.003	0.021	0.123	0.002	0.208	0.023	0.002	0.13	0	0	0.003	0.410	0.017	1.070
TCGA.86.8359	0.025	0	0.09	0.213	0 0.	117	0.015	0.133	0.098	0	0.037	0.006	0.005	0.147	0.036	0.038	0	0	0	0.006		0.035	0.020	0.191	1.019
TCGA.95.A4VP TCGA.97.8179	0.089	0.075	0.137	0.156		131	0	0.144	0.026	0	0.043	0.062	0.004	0.065	0.046	0.193	0.032	0.019	0.007	0	Ο	0.001	0.030 0.170	0.179	1.019
TCGA.99.8032	0.019	0.027	0.346	0.044		085	0.009	0.064	0.013	0	0.025	0	0.004	0.13	0.017	0.142	0	0.004	0.033	0	0	0.002	0.010	0.195	0.992
TCGA.J2.8194	0.005	0	0.129	0	0 0.	232	0	0.027	0	0	0.025	0.006	0.08	0	0.048	0.316	0.047	0.009	0.019	0	0	0.057	0.060	0.147	1.021
TCGA.MP.A4TD TCGA.MP.A4TE	0.018	0.12	0.074	0.03		128	0	0.074	0.012	0	0.01	0.017	0	0.36	0.014	0.141 0.141	0	0.004	0.02	0	0	0.081	0.000	0.257	0.994 1.052
TCGA.NJ.A4YP	0	0	0.103	0.065	_	078	0	0.074	0.056	0	0.061	0	0	0.193	0.051	0.214	0	0.069	0.033	0	0	0.003	0.000	0.232	0.992
TCGA.NJ.A550 TCGA.NJ.A55R	0.015	0.022	0.193	0.018		183	0	0.054	0.055	0	0.026 0.027	0.008	0.01	0.135	0.039	0.409 0.06	0	0.01	0.035 0.031	0	0	0	0.000	0.244 0.185	0.997 1.013
TCGA.05.4244	0.021	0.181	0.193	0.018		158	0	0.108	0.017	0	0.027	0.025	0.06	0.202	0.005	0.06	0.07	0.045	0.031	0	0	0	0.020	0.185	1.013
TCGA.05.4249	0	0.076	0.034	0.01	0 0.	089	0	0.062	0.03	0	0	0.01	0.033	0	0.039	0.221	0.228	0.02	0.126	0	0	0.021	0.000	0.278	0.967
TCGA.05.4250 TCGA.05.4390	0.011	0	0.011	0.105			0.053	0.083	0.018 0.014	0	0.026	0.014	0.007	0.012	0.069	0.336 0.193	0	0.056	0.033	0		0.01	0.010 0.010	0.199 0.199	1.008
TCGA.05.4403	0.064	0	0.052	0.015		139	0.043	0.016	0.02	0	0.029	0	0.037	0.217	0.064	0.281	0.005	0	0.056	0		0.003	0.000	0.271	0.980
TCGA.05.4405	0	0.06	0.074	0.02		084	0	0.037	0.032	0	0.029	0	0	0.32	0.01	0.277	0	0	0.057	0	0	0	0.000	0.281	0.985
TCGA.05.4418 TCGA.05.4427	0.028	0.032	0.085	0.046		15 166	0.002	0.13	0.014	0	0.033	0.008	0.038	0.13	0.102	0.252	0	0.012	0.038	0	0	0.009	0.000	0.279	0.972 1.027
TCGA.05.4433	0.052	0	0	0.072		118	0	0.041	0.019	0	0.048	0	0.002	0.28	0.074	0.212	0.016	0.010	0.057	0	0	0.009	0.000	0.226	1.007
TCGA.44.6145	0.035	0.045	0.09	0.121	0 0.	113	0.04	0.056	0.027	0	0.015	0.026	0	0.036	0.066	0.183	0	0.054	0.071	0	0	0.023	0.000	0.322	0.948
TCGA.44.6146 TCGA.44.7659	0.048	0.137	0.069	0.064	0 0.	158	0	0.032	0.009	0	0.084	0	0.044	0.068	0.048	0.176 0.172	0.027	0.01	0.074	0.019	0	0.032	0.400	0.037	1.078
TCGA.44.7661	0.024	0	0	0			0.044	0.05	0.029	0	0.015	0.017	0.06	0.059	0.027	0.305	0	0.164	0.059	0	0	0.001	0.000	0.368	0.931
TCGA.44.7672	0.031	0.04	0.039	0.054		139	0	0.072	0.079	0	0.029	0.02	0.023	0.138	0.062	0.191	0.015	0.02	0.046	0		0.001	0.000	0.358	0.935
TCGA.44.8117 TCGA.44.A47A	0.029	0.02	0.026	0.008		11		0.092	0.016	0	0.021	0.002	0.013	0.31	0.053	0.272	0.133	0.002	0.056	0		0.005	0.000	0.207	1.024 0.927
TCGA.49.4505	0.005	0.019	0.036	0.055		158	0	0.064	0.039	0	0.011	0.014	0.033	0	0.067	0.278	0.043	0.081	0.086	0		0.01	0.000	0.261	0.975
TCGA.49.4506	0.019	0.001	0.001	0.293	0 0.	_	0.067	0.1	0.006	0	0 022	0.054	0	0.096	0.1	0.204	0.019	0 026	0.03	0	0	0.009	0.000	0.268	0.985
TCGA.49.4510 TCGA.49.AARO	0.056	0.081	0.268	0.081		109	0	0.09	0.027	0	0.022	0.017	0.009	0.019	0.008	0.323	0.008	0.026	0.027	0	0	0.001	0.030	0.161	1.007 0.936
TCGA.49.AARQ	0.012	0	0.009	0.12	0 0.	007	0	0.203	0.001	0	0	0.082	0.038	0.195	0.132	0.067	0.005	0	0.129	0	0	0	0.000	0.207	1.012
TCGA.50.5051 TCGA.50.5932	0.029	0.102	0.106	0.049	0	0	0	0.188	0.017	0	0.024	0.006	0.032	0.169	0	0.117	0	0.14	0.022	0.027	0	0.003	0.070 0.250	0.136 0.066	1.024
TCGA.50.5932	0.001	0.006	0.12	0.013	0 0.	148	0	0.071	0.011	0	0.021	0	0.032	0.242	0.054	0.312	0.001	0.004	0.042	0	0	0.015	0.000	0.324	0.964
TCGA.50.5936	0.008	0.008	0.017	0		137	0	0.083	0.054	0	0.015	0	0	0.399	0	0.133	0	0.133	0	0.01	0	0.003	0.000	0.413	0.920
TCGA.50.5941 TCGA.50.8459	0.052	0,064	0.051	0.104		126	0.009	0.094	0.02	0	0.047	0	0.012	0.084	0.117	0.202	0.001	0.035	0.036	0		0.008	0.000	0.326	0.950
TCGA.55.1595	0.058	0.004	0.102	0.042		195	0	0.082	0.043	0	0.011	0.016	0.003	0.049	0.041	0.282	0.003	0.047	0.002	0		0.004	0.000	0.234	0.986
TCGA.55.6642	0	0.013	0.369	0.054			0.028	0.003	0.026	0	0.043	0	0	0.142	0.02	0.117	0	0.02	0.04	0	0	0.003	0.000	0.308	0.953
TCGA.55.6975 TCGA.55.6983	0.049	0.228	0.252	0.019 0.057		099	0	0.095	0.009	0	0.033	0.021	0.012	0.084 0.156	0.012	0.145 0.178	0	0.165	0.045	0	0	0.008	0.000	0.247	0.975
TCGA.55.6984	0.14	0.068	0.01	0.057		155	0	0.041	0.101	0	0.062	0	0	0.136	0	0.178	0	0.072	0	0.049	0	0.046	0.150	0.104	1.043
TCGA.55.7281	0	0.007	0	0.033		128	0	0.06	0.053	0	0.004	0.025	0.071	0.071	0.046	0.278	0.113	0.064	0.048	0	0	0	0.000	0.262	0.979
TCGA.55.7283 TCGA.55.7284	0.002	0.011	0.01	0.049		188	0	0.089	0.057	0	0	0.035	0.006	0.235	0.033	0.339	0.006	0.073	0.169 0.135	0	0	0	0.030	0.175 0.161	1.015
TCGA.55.7576	0.013	0.028	0	0.04		147	0.022	0.05	0.051	0	0.025	0	0.031	0.123	0.048	0.301	0.04	0.024	0.054	0	0	0.003	0.000	0.204	1.005
TCGA.55.7725	0.1	0	0	0	0 0.		0.021	0.077	0 012	0.014	0.017	0	0	0.09	0.084	0.199	0.026	0.032	0.094	0	0	0.01	0.000	0.209	0.998
TCGA.55.7726 TCGA.55.7728	0.061	0.062	0.096	0.033		159 071	0	0.05	0.011	0	0.017	0.011	0.001	0.118 0.601	0.026 0.022	0.159 0.113	0.179	0.077	0.02	0.006	0	0.019	0.030	0.180 0.717	1.008 0.699
TCGA.55.7815	0.076	0	0.03	0	0 0.	289 (0.026	0.03	0	0.031	0.012	0	0.007	0.045	0.041	0.267	0.065	0.037	0.035	0		0.009	0.070	0.134	1.027
TCGA.55.7907	0.071	0	0.053	0.067		104	0 034	0.109	0.052	0	0 053	0.017	0	0.087	0.148	0.237	0	0 073	0.056	0.005		0.010	0.000	0.281	0.973
TCGA.55.7910 TCGA.55.7911	0.088	0	0.264	0.027			0.034	0.072 0.116	0.012	0	0.051	0	0.008	0.124	0.006	0.073 0.211	0	0.073	0.019	0.005	0	0.019	0.250	0.067	1.036 0.979
TCGA.55.7914	0	0.065	0.217	0.076	0 0.	231	0.012	0.031	0.046	0	0.023	0	0.001	0.044	0.06	0.119	0	0.03	0.045	0	0	0	0.060	0.146	1.014
TCGA.55.8090 TCGA.55.8094	0.031	0.023	0.005 0.024	0.022		188	0.003	0.05	0.035	0	0.033	0.039	0.041	0.132 0.145	0.041	0.314 0.15	0.042	0.226	0.034	0	0	0.006	0.030	0.173 0.036	1.021
TCGA.55.8094 TCGA.55.8097	0.124	0.044	0.024	0.017		17	0	0.198	0.01	0	0.002	0.039	0.009	0.145	0.023	0.15	0.077	0.226	0.049	0	0	0	0.400	0.036	1.008
TCGA.55.8207	0	0	0.005	0.033	0 0.	107	0	0.058	0.019	0	0	0.004	0.033	0.202	0	0.313	0.022	0.06	0.134	0	0	0.01	0.030	0.179	1.027
TCGA.55.8302 TCGA.55.8512	0.001	0.041	0.036	0.088		23	0.004	0.111	0.042	0	0.046	0.065	0.055	0.096	0.089	0.211	0	0.022	0.043	0	0	0.084	0.030 0.560	0.168 0.020	1.016
TCGA.55.8512	0.002	0	0.097	0.012		149	0	0.038	0.002	0	0.051	0.000	0.02	0.066	0.008	0.319	0	0.005	0.163	0	0	0.003	0.560	0.020	1.071
TCGA.55.8616	0.163	0.129	0	0.051	0 0.	147	0	0.041	0.094	0	0.05	0	0.028	0.039	0.04	0.192	0	0	0.025	0		0	0.150	0.102	1.048
TCGA.55.A490 TCGA.55.A494	0.026	0.001	0.103	0.075 0.127		151 025	0	0.037	0.083	0	0.004	0.02	0.04	0.271 0.111	0.011	0.161 0.125	0.044	0.084	0.059	0		0.001	0.000	0.232 -0.027	0.998 1.098
TCGA.62.8398	0.026	0	0.009	0.127			0.021	0.051	0.034	0	0.047	0	0.036	0.111	0.09	0.123	0.006	0	0.038	0	0	0.007	0.030	0.163	1.025
TCGA.62.A46R	0.025	0	0.028	0		187	0	0.1	0.036	0	0.004	0.035	0.044	0.025	0	0.231	0	0.137	0.148	0	0	0	0.230	0.077	1.047
TCGA.64.1677 TCGA.64.5774	0.03	0.07	0.102 0.133	0.067		218 (0.022	0.104	0.006	0	0.03	0.045	0	0.086	0.128	0.107 0.116	0	0.013	0.018	0	0	0.011	0.000	0.234	0.991 1.070
TCGA.64.5775	0	0	0.007	0.054		19	0	0.049	0.073	0	0	0.045	0	0.231	0.014	0.407	0	0.001	0.001	0	0	0.01	0.360	0.047	1.070
TCGA.64.5778	0.028	0.058 0.024	0.065	0.22	0 0.	175	0.015	0.059	0.018	0	0.002	0	0.001	0.073	0.126	0.145	0	0.006	0.008	0	0	0	0.000	0.323	0.956
TCGA.64.5778			0.008		0	115			0.043		0.024				0	0.191		0.098	0.032				0.000	0.579	0.815

Input Sample	B cells	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	T cells CD4	memory	follicular	regulatory g	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages	Macrophages M1		scells	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells	Eosinonhil	sNeutrophils	-B-value	Pearson Correlation	DMCE
TCGA.67.3773	0.051	0	0.018	0.043	0	0.23	0.001	0.053	0.014	0	0.028	0	0.005	0.035	0.065	0.24	0.113	0	0.104	0	0	0.001	0.020	0.191	1.003
TCGA.67.4679 TCGA.69.7973	0.001	0.004	0.018	0.021	0	0.189	0.045	0.026	0.017		0.009	0.014	0.147	0.015	0.013	0.222	0.071	0.032	0.215	0	0	0.004	0.030	0.158	1.020
TCGA.69.7973	0.006	0.001	0.018	0.075	0	0.14	0.045	0.044	0.003		0.054	0.026	0.024	0.029	0.008	0.46	0.033	0.049	0.087	0	0	0.008	0.240	0.307	0.966
TCGA.69.7978	0	0.038	0.065	0.121	0	0.143	0.029	0.032	0.039	0	0.062	0	0.009	0.035	0.088	0.272	0.043	0	0.017	0	0	0.006	0.000	0.306	0.958
TCGA.69.7980 TCGA.69.8253	0.005	0.004	0.246	0.041	0	0.195 0.128	0	0.102	0.032	0	0.008	0.024	0.018	0.071	0.09	0.308	0.046	0.007	0.093	0	0.003	0.017	0.000	0.222	0.998 1.001
TCGA.69.8254	0.014	0.076	0.093	0.062	0	0.196	0.001	0.087	0	0	0.028	0	0.013	0.024	0.062	0.267	0.01	0.051	0.012	0.003	0	0.002	0.140	0.109	1.035
TCGA.73.4662 TCGA.75.5126	0.018	0.102	0.06	0.05	0	0.175	0	0.088	0.017	0	0.008	0	0.077	0.072	0.022	0.2	0.031	0.051	0.031	0	0	0	0.000	0.214	0.991
TCGA.75.5126	0.015	0	0.004	0.057	0	0.078	0.033	0.016	0.015	0	0.043	0.019	0.025	0.152 0.351	0.099	0.348	0	0.017	0.045	0	0	0.052	0.000	0.389	0.925 1.017
TCGA.75.7027	0.04	0	0.079	0	0	0.148	0	0.103	0.022	0	0.045	0.006	0	0.218	0.014	0.192	0	0.043	0.088	0	0	0.002	0.100	0.123	1.035
TCGA.75.7030 TCGA.78.7145	0.053	0.063	0.104	0.063	0	0.256	0.012	0.026	0.02		0.02	0.003	0.005	0.112	0.033	0.127	0.039	0.029	0.039	0	0	0.007	0.000 0.150	0.221	0.989 1.047
TCGA.78.7167	0.085	0	0.085	0.083	0	0.174	0	0.081	0.03		0.009	0.027	0.053	0.094	0.041	0.157	0	0.007	0.073	0	0	0	0.490	0.027	1.062
TCGA.78.7539	0.018	0	0.018	0.128	0	0.204	0.022	0.067	0.032	0	0.009	0	0.024	0.111	0.111	0.141	0.064	0	0.052	0	0	0	0.020	0.186	1.013
TCGA.78.7540 TCGA.78.8655	0.002	0.04	0	0.069	0	0.173	0	0.098	0.073	0	0.036	0.049	0.028	0.125	0.01	0.226	0	0.022	0.118	0	0	0	0.310	0.058	1.062 0.966
TCGA.83.5908	0.037	0	0	0.138	0	0.171	0.023	0.119	0.005	0	0.066	0.032	0.008	0.026	0.173	0.14	0.015	0	0.047	0	0	0	0.000	0.393	0.926
TCGA.86.7953	0.019	0.004	0.014	0.034	0	0.221	0	0.071	0.034	0	0.064	0	0.145	0.128	0	0.171	0	0.053	0	0.033	0	0.01	0.030	0.169	1.019
TCGA.86.8036	0.006	0.09	0.019	0.141	0	0.061	0	0.09	0.036	0	0.027	0.006	0.066	0.092 0.265	0.063	0.153	0.051	0.063	0.136	0	0	0.004	0.210	0.083	1.046 0.945
TCGA.86.8674	0.049	0	0.144	0	0	0.037	0	0.211	0.015	0	0.012	0.028	0	0.354	0.007	0.06	0	0.084	0	0	0	0	0.030	0.161	1.034
TCGA.86.A456	0.054	0	0.041	0.01	0	0.182	0	0.058	0 007	0	0.016	0.08	0	0.197 0.121	0.054	0.32	0	0.03	0.077	0.037	0	0 006	0.100 0.010	0.120 0.201	1.054
TCGA.91.6828	0	0	0.047	0.122	0	0.19	0	0.066	0.001	0	0	0.017	0.061	0	0.085	0.328	0.047	0.001	0.036	0	0	0	0.000	0.235	0.991
TCGA.91.6836	0	0.008	0.078	0.09	0	0.124	0.05	0.092	0.021		0.059	0.011	0.018	0.179	0.007	0.125	0	0.112	0.005	0	0	0.022	0.350	0.048	1.067
TCGA.91.6849 TCGA.93.7347	0.016 0.025	0.075	0.146	0.06 0.077	0	0.036 0.131	0.011	0.036	0.092	0	0.023	0	0	0.269	0.046	0.114	0	0.04	0.011	0	0	0.003	0.000	0.316 0.413	0.970 0.912
TCGA.93.8067	0.048	0	0.042	0	0	0.163	0	0.101	0.028	0	0.028	0.034	0	0.135	0.067	0.295	0.015	0.019	0.024	0	0	0.001	0.060	0.147	1.030
TCGA.93.A4JO TCGA.95.7039	0.01	0.057	0.02	0.104	0	0.06 0.105	0.039	0.088	0.08	0	0.059	0	0.016	0.168 0.158	0.061	0.257	0	0.029	0.02	0	0	0	0.000	0.405 0.111	0.914 1.041
TCGA.95.7562	0.105	0	0.013	0.106	0	0.105	0.039	0.061	0.058	0	0.021	0	0	0.266	0.076	0.19	0.007	0.029	0.081	0	0	0	0.000	0.111	0.952
TCGA.95.7567	0	0.023	0.094	0.09	0	0.132	0.022	0.064	0.071	0	0.056	0	0.007	0.023	0.124	0.254	0	0.025	0.015	0	0	0	0.000	0.208	1.003
TCGA.95.A4VK TCGA.95.A4VN	0.141	0.045	0.05	0.071	0	0.145 0.166	0.052	0.16	0.018	0	0.032	0	0.007	0.12	0.079	0.076 0.277	0	0.035	0.027	0	0	0.005	0.060	0.145	1.028 0.937
TCGA.97.7554	0.005	0.026	0.184	0.017	0	0.161	0.002	0.044	0.012	0	0.03	0	0	0.114	0.06	0.302	0	0	0.035	0	0	0.006	0.030	0.179	1.007
TCGA.97.7938 TCGA.97.7941	0.104	0.003	0.014	0.058	0	0.128 0.154	0	0.099	0.027		0.051	0.014	0.004	0.101	0.065 0.067	0.237	0.009	0.033	0.128	0	0	0.007	0.500 0.010	0.026 0.197	1.070
TCGA.97.7941	0.098	0	0.001	0.054	0	0.154		0.106	0.002		0.035	0.017	0.004	0.046	0.005	0.324	0.01	0.001	0.159	0	0	0.036	0.010	0.197	1.004
TCGA.97.A4M0	0	0.041	0.001	0.106	0	0.248	0	0.053	0.044	0	0.021	0.025	0.074	0.007	0.055	0.142	0.082	0.028	0.074	0	0	0	0.220	0.081	1.051
TCGA.97.A4M5 TCGA.99.8025	0.023	0.027	0.072	0.019	0	0.126	0	0.072	0.04	0	0.061	0	0.014	0.152 0.285	0.042	0.311	0	0.015 0.012	0.124	0	0	0.013	0.000	0.268	0.978 1.022
TCGA.99.8028	0.003	0.017	0.073	0.092	0	0.202	0	0.044	0.036	0	0.049	0	0	0.167	0.099	0.193	0	0	0.024	0	0	0	0.000	0.471	0.882
TCGA.99.8033	0 001	0 102	0.062	0.164	0	0 102	0.044	0.137	0.029	0	0.088	0.051	0.019	0.077	0.031	0.1	0 0.053	0.155	0.026	0	0	0.017	0.000	0.219	1.003
TCGA.J2.A4AG TCGA.L9.A443	0.091	0.102	0.027	0.04	0	0.193	0.029	0.08	0.022	0	0.061	0.033	0.02	0.01	0.031	0.199	0.051	0.058	0.005	0.008	0	0	0.070	0.134	1.028
TCGA.MN.A4N5	0.012	0.018	0.047	0.117	0	0.131	0	0.176	0	0	0.06	0.007	0.013	0.071	0.11	0.202	0	0.01	0.025	0	0	0	0.090	0.125	1.042
TCGA.MP.A4SY TCGA.MP.A4T4	0.04	0.015	0.014	0.157	0	0.078	0.015	0.015 0.064	0.024	0	0.009	0.003	0.005	0.405 0.118	0.038	0.223	0.099	0.011	0.053	0	0	0	0.000	0.297	0.995
TCGA.MP.A417	0.021	0	0.006	0.157	0	0.11	0	0.064	0.035		0.006	0.031	0.003	0.096	0.113	0.23	0	0.011	0.028	0	0	0.009	0.000	0.298	1.016
TCGA.MP.A4T8	0.077	0	0.034	0	0	0	0	0.028	0.098		0.024	0	0	0.403	0	0.126	0	0.188	0.022	0	0	0	0.070	0.141	1.072
TCGA.MP.A4TF TCGA.MP.A4TI	0.02	0.02	0.21	0.047	0	0.122	0.007	0.039	0.084	0	0.077	0.006	0	0.194	0.101	0.069	0	0.067	0.028	0	0	0.014	0.140 0.000	0.110	1.039 0.807
TCGA.MP.A4TK	0.012	0.022	0.044	0.008	0	0.067	0	0.087	0.043	0	0.033	0	0	0.344	0.059	0.28	0	0	0	0.001	0	0	0.000	0.471	0.884
TCGA.NJ.A4YG TCGA.NJ.A4YI	0	0.027	0.027	0.043	0	0.158	0	0.063	0.033	0	0 052	0.021	0.023	0.115 0.087	0.027	0.227	0.096	0.054	0.069	0	0	0.016	0.000	0.227	0.990
TCGA.05.4382	0.006	0.003	0.099	0.009	0	0.167	0	0.051	0.049	0	0.052	0.087	0.114	0.087	0.06	0.239	0.002	0.041	0.079	0	0.008	0.001	0.000	0.353	1.053 0.946
TCGA.05.4384	0	0	0.054	0.05	0	0.13	0	0.051	0.021	0	0.056	0	0.031	0.156	0.01	0.377	0	0.008	0.045	0	0.003	0.009	0.080	0.129	1.046
TCGA.05.4389 TCGA.05.4396	0.014	0.006	0.071	0.088	0	0.11	0	0.084	0.036	0	0.002	0.039	0	0.091	0.074	0.251	0.056	0.022	0.126	0.012	0	0.013	0.000	0.273	0.973 1.064
TCGA.05.4397	0.015	0	0.01	0.005	0	0.058	0.018	0.024	0.031	0	0.051	0	0.003	0.332	0.181	0.162	0	0.057	0.056	0.012	0	0	0.000	0.261	1.015
TCGA.05.4398	0.02	0	0.043	0.049	0	0.174	0.003	0.052	0.033		0.037	0	0.055	0.063	0.097	0.32	0.048	0	0.001	0	0	0.005	0.000	0.236	0.992
TCGA.05.4402 TCGA.05.4410	0.058	0.071	0.128	0.02	0	0.055	0.024	0.054	0.034		0.015	0	0.029	0.116	0.039	0.313	0	0.055	0.055	0	0	0.029	0.000	0.224	1.005
TCGA.05.4420	0.043	0	0.125	0.049	0	0.14	0	0.06	0	0	0.057	0	0	0.035	0	0.227	0	0.034	0	0.041	0	0.19	0.250	0.064	1.062
TCGA.05.4424 TCGA.05.4425	0.04	0 007	0	0.045	0	0.214	0	0.03	0.005	0	0.025 0.021	0	0.013	0.105	0.056	0.363	0.028	0.03	0.07	0	0	0.01	0.000	0.237	0.995 0.867
TCGA.05.4425	0.052	0	0	0.012	0	0.227	0	0	0.003	0	0.021	0.004	0.057	0.299	0.019	0.214	0	0	0.04	0	0	0.015	0.000	0.498	1.020
TCGA.05.4430 TCGA.05.4434	0.011	0	0.012	0.023	0	0.112	0.008	0.03	0.039	0	0.008	0.007	0	0.176	0.035	0.369	0.047	0.044	0.063	0	0	0.018	0.000	0.408	0.916
TCGA.05.4434 TCGA.05.5423	0.041	0.007	0.02	0.05	0	0.098	0.024	0.036	0.028	0	0.057	0	0.012 0.027	0.167 0.057	0.133	0.267	0.152	0.042	0.037	0	0	0.028	0.000	0.395	0.922
TCGA.05.5428	0.04	0	0.016	0.024	0	0.075	0	0.034	0.017	0	0.024	0	0.001	0.09	0.031	0.413	0.087	0	0.115	0.005	0	0.027	0.000	0.252	0.991
TCGA.05.5429 TCGA.05.5715	0.046	0.01	0.123	0.029	0	0.32	0	0.032	0.06	0	0.003 0.028	0	0	0.068	0.023	0.227	0.042	0.03	0.014	0.01	0	0.032	0.290 0.000	0.060	1.053 0.954
TCGA.35.4122	0.006	0	0.08	0.084	0	0.009	0.002	0.022	0		0	0.019	0.017	0.048	0.072	0.374	0.008	0.003	0.039	0	0	0.001	0.000	0.452	0.892
TCGA.35.4123	0.021	0	0.035	0.18	0	0.11	0.036	0.1	0.036		0.004	0.019	0.024	0.125	0.03	0.24	0.007	0.012	0.011	0.011	0	0.007	0.000	0.466	0.884
TCGA.35.5375 TCGA.38.4625	0.012	0	0.096 0.041	0.099	0	0.165 0.166	0	0.085	0.082	0	0.003	0.006	0.003	0.051 0.195	0.121	0.235 0.314	0.015	0.018	0.02	0	0.001	0.007	0.000	0.315 0.324	0.956 0.958
TCGA.38.4626	0.004	0	0.017	0.033	0	0.123	0	0.026	0.001	0	0.03	0.014	0.048	0.158	0	0.393	0	0.042	0.086	0	0	0.027	0.000	0.288	0.977
TCGA.38.4627 TCGA.38.4628	0.047	0	0.023	0.01 0.018	0	0.191	0	0.006	0.017	0	0.019	0.015	0.066 0.052	0.031 0.172	0.018	0.474	0.005 0.037	0.053	0.048	0	0	0.008	0.000	0.369 0.261	0.934 1.000
TCGA.38.4631	0.038	0	0.011	0.018	0	0.034	0.014	0.038	0.017	0	0.058	0.013	0.004	0.172	0.091	0.146	0.037	0.031	0.079	0.015	0	0.011	0.100	0.261	1.000
TCGA.38.4632	0.021	0	0.013	0.06	0	0.117	0.052	0.054	0.024	0	0.039	0	0.027	0.016	0.032	0.285	0.113	0.064	0.059	0	0	0.024	0.000	0.285	0.965
TCGA.38.6178 TCGA.38.7271	0.138	0.233	0.127	0.071	0	0.212	0.008	0.005	0.027	0	0.044	0	0.006	0.013 0.114	0.057	0.238	0	0.05	0.075	0.005	0	0	0.070	0.139	1.017 0.920
TCGA.38.A44F	0.009	0.15	0.034	0.052	0	0.112	0	0.105	0.024	0	0.013	0.002	0.016	0.043	0.087	0.239	0.04	0.005	0.069	0	0	0	0.000	0.340	0.941
TCGA.44.2655 TCGA.44.2656	0.045	0.102 0.017	0.134	0.025 0.132	0	0.166 0.134	0.016	0.066	0.008		0.03	0.011	0.014 0.017	0.047 0.101	0.023	0.207 0.216	0.099	0.013 0.017	0.039	0	0	0.000	0.000	0.224	0.984
TCGA.44.2656	0.006	0.017	0.073	0.132	0	0.134	0.010	0.108	0.027		0.03	0	0.007	0.101	0.097	0.216	0.013	0.004	0.055	0	0	0.002	0.000	0.280	0.969
TCGA.44.2659	0.005	0.029	0.095	0.129	0	0.246	0	0.063	0.081	0	0	0	0.01	0.037	0.049	0.202	0	0.018	0.034	0	0	0.002	0.030	0.170	1.017
TCGA.44.2662 TCGA.44.2665	0.003	0.002	0.014	0.003	0	0.105	0.02	0.027	0.01	0	0.022	0	0.118	0.243	0.042	0.3	0.038	0.095	0.046	0	0	0.048	0.000	0.208	1.024
TCGA.44.2666	0.05	0	0.068	0.063	0	0.16	0	0.048	0	0	0	0.023	0	0.017	0	0.181	0.003	0.071	0.285	0	0.022	0.01	0.070	0.132	1.031
TCGA.44.2668 TCGA.44.3396	0.003	0.010	0	0.066	0	0.096	0.066	0.004	0.026	0	0 046	0.037	0.039	0.398	0.081	0.109	0	0.025	0	0.038	0	0.011	0.000	0.471	0.885
TCGA.44.3396 TCGA.44.3398	0.011	0.019	0.054	0	0	0.173 0.184	0	0.067	0.009	0	0.046	0.066	0.013	0.25	0.054	0.224	0.259	0.02	0.14	0.041	0	0.032	0.000	0.426	0.905
TCGA.44.3918	0.016	0	0.052	0.111	0	0.152	0.014	0.07	0.031	0	0.055	0.003	0.005	0.091	0.119	0.241	0	0	0.039	0	0	0.002	0.000	0.361	0.935
TCGA.44.3919 TCGA.44.4112	0.014	0	0.049	0.023	0	0.162 0.172	0.011	0.078	0.038	0	0.03	0.034	0.003 0.012	0.11	0.116 0.014	0.216	0.028	0.091	0.148	0	0	0.002 0.021	0.000	0.372	0.929 1.049
	2.001										2.00								2.040					1	1

Input Sample			Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	T cells CD4	memory	T cells follicular helper	regulatory	T cells gamma l delta		NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages	scells	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells	Eosinophil	sNeutrophils	:P-value	Pearson Correlation	nRMSE
TCGA.44.5643	0.094	0	0.039	0.083	0	0.079	0.038	0.097	0.068	0	0.066	0	0.02	0.105	0.071	0.185	0.028	0.019	0.009	0	0	0	0.000	0.235	0.987
TCGA.44.5645	0.106	0.136	0.184	0.102	0	0.062 0.219	0.025 0.002	0.1	0.056	0	0.024	0.026 0.006	0.037	0.151	0.012	0.108 0.183	0.05	0.057	0.017	0	0	0.027	0.560	0.020 0.284	1.060 0.965
TCGA.44.6148	0.063	0.017	0.142	0.036	0	0.113	0	0.067	0	0	0.009	0.002	0.068	0.017	0	0.309	0	0.018	0.137	0	0	0.003	0.030	0.174	1.005
TCGA.44.6774 TCGA.44.6775	0.052	0	0.056	0.001	0	0.143	0.013	0.01	0.051	0	0.049	0.024	0.033	0.204 0.271	0.055	0.306	0.026	0.001	0.017	0	0	0.011	0.000	0.259	0.986
TCGA.44.6777	0.007	0.013	0.054	0.028	0	0.079	0	0.025	0.043	0	0.007	0.013	0.052	0.144	0.028	0.356	0.087	0.001	0.053	0	0	0.012	0.000	0.406	0.915
TCGA.44.6778 TCGA.44.7660	0.044	0.032	0.041	0.029	0	0.226	0.022	0.065 0.114	0.026	0	0.016	0.003	0.003	0.167	0.072	0.313	0	0	0.01	0	0	0.006	0.000	0.324	0.956 1.021
TCGA.44.7662	0.024	0	0.08	0.035	0	0.088	0.006	0.032	0.048	0	0.048	0	0	0.256	0.072	0.266	0	0	0.035	0	0	0.009	0.000	0.304	0.967
TCGA.44.7667 TCGA.44.7670	0.023	0	0.042	0.022	0	0.072	0.017	0.042 0.128	0.007	0	0	0.045	0.002	0.458	0.068	0.183	0	0.031	0.019	0	0.005	0	0.000	0.338	0.973 1.087
TCGA.44.A47B	0	0.005	0.012	0.117	0	0.108	0.003	0.052	0.054	0	0	0.034	0	0.234	0.053	0.238	0.004	0	0.086	0	0	0	0.000	0.229	1.002
TCGA.44.A47G TCGA.44.A4SS	0.001	0.103	0.051	0.1	0	0.135	0.028	0.067	0.011	0	0.02	0	0.014	0.108	0.086	0.237	0.003	0.008	0.027	0	0	0	0.000	0.278	0.970
TCGA.44.A4SU	0.026	0.092	0.235	0.005	0	0.114	0	0.185	0	0	0.034	0	0	0.161	0.062	0.027	0.022	0.014	0.02	0	0	0	0.030	0.163	1.009
TCGA.49.4486 TCGA.49.4488	0.099	0.03	0.273 0.048	0.061	0	0.15 0.147	0	0.087	0.036	0	0.016	0.022	0 005	0.147	0.033	0.166 0.165	0.031	0.04	0.016	0	0	0.005	0.220	0.080 0.147	1.032
TCGA.49.4490	0.088	0.05	0.015	0.04	0	0.128	0	0.07	0.131	0	0.017	0.014	0.003	0.226	0.045	0.154	0.070	0.039	0.03	0	0	0	0.080	0.128	1.041
TCGA.49.4494 TCGA.49.4501	0.016 0.042	0.052	0.017	0.007	0	0.025 0.116	0	0.108 0.096	0.066	0.006	0.034	0.042	0.013	0.228	0.101	0.256	0.017	0.035	0.072	0	0	0	0.000	0.343 0.175	0.948 1.007
TCGA.49.4512	0.05	0.002	0.034	0.004	0	0.11	0	0.043	0.031	0	0	0.014	0.055	0.209	0.024	0.314	0.04	0.035	0.069	0	0	0	0.000	0.229	1.004
TCGA.49.4514 TCGA.49.6742	0.06	0	0.072 0.064	0.095	0	0.072	0.01	0.143 0.112	0.086	0	0.006	0.071	0.022	0.086	0.029	0.133 0.137	0	0.078	0.036	0	0	0.002 0.012	0.000	0.208	0.999 1.040
TCGA.49.6743	0.063	0	0.066	0.005	0	0.189	0	0.076	0.003	0	0.064	0.029	0.024	0.198	0.052	0.21	0	0.035	0.04	0	0	0.012	0.000	0.244	0.986
TCGA.49.6744 TCGA.49.6745	0.045		0.086	0.068	0	0.221	0 02	0.024	0.038	0	0.015	0	0.034	0.073	0.06	0.155	0.078	0.05	0.049	0	0	0.003	0.000	0.264	0.972
TCGA.49.6745	0.027	0.066	0.001	0.071	0	0.183 0.229	0.02	0.06 0.133	0.035	0	0.026 0.016	0.061	0.042	0.121 0.125	0.049 0.051	0.243	0.017	0.057	0.042	0	0	0.004	0.030	0.159 0.235	1.023 0.992
TCGA.49.6767 TCGA.49.AAOV	0.113	0	0.022	0.108 0.047	0	0.14 0.174	0	0.029	0.052	0	0.005 0.017	0.04	0	0.398	0.09	0.097 0.086	0	0 007	0.043	0	0	0	0.000	0.366 0.207	0.946 1.014
TCGA.49.AAQV TCGA.49.AAR2	0.113	0.013	0.288	0.047	0	0.174	0	0.093	0.033	0	0.017	0.001	0.001	0.094	0.063	0.086	0	0.006	0.025	0	0	0.006	0.000	0.207	1.014
TCGA.49.AAR3 TCGA.49.AAR4	0	0.016	0.019	0.149	0	0.08	0.064	0.063	0.028	0	0.027	0	0	0.266	0.086	0.184	0	0	0.019	0	0	0	0.000	0.462	0.886
TCGA.49.AAR4	0.023	0.006	0.044	0.111	0	0.064	0.024	0.112 0.115	0.025 0.025	0	0.024	0.064	0	0.192 0.418	0.055	0.094	0	0.084	0.004	0	0	0	0.000	0.362 0.243	0.941 1.015
TCGA.49.AARE	0.075	0	0.101	0.032	0	0	0.005	0.126	0.038	0	0.059	0	0	0.361	0.07	0.12	0	0.002	0.01	0	0	0	0.000	0.287	0.978
TCGA.49.AARN TCGA.49.AARR	0.003	0.174	0.132	0.058	0	0.131 0.063	0	0.111	0.041	0	0.012	0.009	0.003	0.069	0.059	0.131	0.009	0.021	0.036 0.112	0	0	0.007	0.060	0.142	1.017 0.995
TCGA.50.5044	0	0	0.06	0.121	0	0.022	0.025	0.074	0.074	0	0	0.059	0.007	0.071	0.027	0.267	0.015	0.109	0.07	0	0	0	0.000	0.302	0.959
TCGA.50.5045 TCGA.50.5049	0.088	0.003	0.033	0.077	0	0.096		0.115	0.034	0	0.01	0.016	0.026	0.013	0.056	0.288	0.067	0.027	0.063	0	0	0	0.000	0.470 0.490	0.885 0.872
TCGA.50.5055	0.164	0.109	0	0.134	0	0.071	0	0.045	0.109	0	0.004	0	0.031	0.18	0.048	0.088	0.005	0	0	0.012	0	0	0.000	0.463	0.886
TCGA.50.5066 TCGA.50.5068	0.041	0.037	0.151	0.146	0	0.078 0.185	0.04	0.071	0	0.006	0	0	0.004	0.114	0.07	0.253	0.003	0	0.026	0	0	0.001	0.000	0.425	0.905 0.918
TCGA.50.5930	0.015	0.041	0.168	0.099	0	0.081	0.006	0.083	0.025	0	0.036	0	0	0.225	0.05	0.172	0	0	0	0	0	0	0.000	0.264	0.977
TCGA.50.5931 TCGA.50.5935	0.056	0.017	0.045	0.088	0	0.008	0	0.229	0.094	0.072	0	0.049	0	0.328	0.027	0.101	0.011	0.064	0.053	0.007	0	0	0.100	0.120 0.198	1.058
TCGA.50.5942	0.042	0	0.178	0.057	0	0.221	0	0.042	0.026	0	0.007	0.008	0.037	0	0.027	0.144	0.032	0.008	0.171	0	0	0	0.090	0.125	1.019
TCGA.50.5944 TCGA.50.5946	0.067	0	0.017	0.064	0	0.197 0.058	0	0.035	0.004	0	0	0.057	0.049	0.07	0.012	0.28	0	0.019	0.196	0	0	0	0.120 0.650	0.112	1.043
TCGA.50.6590	0.002	0.026	0.047	0.078	0	0.127	0.024	0.03	0.054	0	0.01	0.025	0	0.252	0.116	0.184	0	0	0.025	0	0	0	0.000	0.411	0.913
TCGA.50.6591 TCGA.50.6592	0.114	0	0.119	0.058	0	0.217 0.158	0.019	0.068	0.032	0	0.009	0.015	0	0.425	0.096	0.158	0	0	0.013	0.002	0	0.008	0.250 0.000	0.070	1.088 0.945
TCGA.50.6593	0.007	0.019	0.009	0.022	0	0.051	0	0.032	0.03	0	0	0.024	0.036	0.315	0.012	0.235	0.08	0.026	0.086	0	0	0.017	0.000	0.319	0.968
TCGA.50.6594 TCGA.50.6595	0.004	0	0.171	0.039	0	0.203	0	0.068	0.032	0	0.047	0.031	0.055	0.115	0.218	0.166	0.033	0.07	0.009	0	0	0	0.200	0.084	1.039 0.873
TCGA.50.6597	0.009	0.025	0.157	0.077	0	0.256	0	0.017	0.106	0	0	0.025	0.004	0.016	0.077	0.127	0.038	0.029	0.037	0	0	0	0.000	0.291	0.963
TCGA.50.6673 TCGA.50.8457	0.119	0.142	0.17 0.18	0.092	0	0.136 0.134	0	0.063	0.034	0	0.005	0.003	0.022	0.159	0.022	0.215 0.178	0	0.042	0.01	0	0	0	0.240	0.074 0.249	1.046 0.974
TCGA.50.8460	0	0.088	0.089	0.062	0	0.103	0	0.037	0.075	0	0.001	0.04	0.127	0.024	0.050	0.109	0.059	0.068	0.119	0	0	0	0.330	0.054	1.042
TCGA.53.7624 TCGA.53.7626	0.095	0.043	0.041	0.029	0	0.034	0.004	0.103	0.035	0	0.035	0.008	0.034	0.238	0.198 0.055	0.131	0 0.01	0.027	0.022	0.002	0	0.008	0.000	0.256 0.170	1.002
TCGA.53.A4EZ	0.089	0.011	0.105	0.042	0	0.072	0	0.15	0.04	0	0.029	0.017	0.045	0.103	0.046	0.136	0.052	0.014	0.05	0.002	0	0	0.420	0.034	1.054
TCGA.55.1592 TCGA.55.1594	0.031		0.04	0.046	0	0.107 0.188	0	0.076 0.084	0.015	0	0.05	0.004	0.047	0.226 0.122	0.019 0.078	0.304	0.003	0	0.06	0	0	0.008	0.000	0.262 0.160	0.987 1.019
TCGA.55.5899	0.034	0	0.028	0.022	0	0.137	0.02	0.044	0.037	0	0.048	0.004	0	0.339	0.085	0.175	0	0	0.043	0	0	0.019	0.000	0.237	1.006
TCGA.55.6543 TCGA.55.6712	0.04	0.005	0.048	0.053	0	0.174 0.078	0	0.047 0.041	0.031 0.018	0	0.009	0.022	0.049	0.187	0.02 0.111	0.2	0	0.023	0.104 0.066	0	0	0.036	0.070	0.131 0.387	1.034 0.927
TCGA.55.6968	0.02	0	0.082	0	0	0.008	0	0.052	0.018	0.03	0	0.004	0	0.46	0.095	0.220	0	0	0.045	0	0	0	0.000	0.454	0.899
TCGA.55.6969 TCGA.55.6971	0.032	0.094	0.145 0.06	0.004	0	0.115 0.179	0	0.083	0.055 0.045	0	0.019 0.018	0.031	0.012	0.34 0.156	0.055	0.119 0.155	0	0.025	0.033	0	0	0.008	0.000	0.485 0.336	0.875 0.944
TCGA.55.6972	0.018	0	0.392	0	0	0.125	0	0.066	0.036	0	0.104	0	0.012	0.049	0.029	0.155	0.006	0.025	0.09	0	0	0	0.220	0.080	1.027
TCGA.55.6978 TCGA.55.6979	0.005	0.006	0.008	0.108	0	0.194 0.12	0.002	0.065 0.066	0.023	0	0.019	0.035 0.015	0.001	0.058 0.148	0.152 0.163	0.264	0	0.006	0.058	0	0	0	0.000	0.429 0.528	0.904 0.849
TCGA.55.6980	0.014	0	0	0	0	0.262	0	0.083	0.05	0	0.005	0.014	0.084	0	0.163	0.168	0.129	0.117	0.033	0	0	0.002	0.020	0.193	1.006
TCGA.55.6981 TCGA.55.6982	0.033	0.078	0.029	0	0	0.051 0.051		0.123 0.071	0.012 0.022	0	0.01	0.014 0.017	0.022	0.167 0.215	0 0.128	0.175 0.275	0.066	0.117 0.056	0.113	0	0	0	0.050	0.152 0.295	1.021 0.976
TCGA.55.6985	0.019	0.013	0.016	0	0	0.198		0.094	0.027	0	0.003	0.017	0	0.222	0.069	0.275	0	0.036	0.055	0	0	0	0.030	0.169	1.026
TCGA.55.6986 TCGA.55.6987	0.062 0.018	0.019 0.066	0.024 0.046	0.051 0.125	0	0.166 0.185	0.002	0.061 0.089	0.018	0	0.03	0.027	0.015 0.025	0.015 0.116	0.041 0.072	0.375 0.113	0.069	0.013	0.037 0.045	0	0	0.004	0.010	0.201 0.374	1.004 0.928
TCGA.55.6987 TCGA.55.7227	0.007	0.008	0.040	0.125	0	0.185	0.003	0.089	0.063	0	0.039	0.027	0.023	0.116	0.072	0.244	0.11	0.049	0.045	0	0	0.002	0.000	0.374	0.928
TCGA.55.7570 TCGA.55.7573	0.103	0.076	0.244	0.081	0	0.08	0.01	0.118 0.131	0.004	0	0.025 0.015	0.009 0.015	0 0.025	0.1	0.035 0.048	0.132 0.118	0.061	0.015 0.031	0.043	0	0	0	0.070 0.100	0.133	1.015
TCGA.55.7573	0.144	0.009	0.038	0.003	0	0.168	0.014	0.131	0.002	0.035	0.009	0.015	0.025	0.051	0.048	0.329	0.061	0.031	0.078	0	0	0.057	0.000	0.120 0.375	1.031 0.929
TCGA.55.7727 TCGA.55.7816	0.095	0.053	0.042	0 000	0	0.183 0.029	0.02	0.073 0.016	0.024	0.022	0.014	0.005	0.16	0.03	0.058	0.316	0.008	0.031	0.055 0.034	0	0	0	0.030	0.164 0.316	1.014 0.969
TCGA.55.7816 TCGA.55.7903	0.013	0	0.004	0.098	0	0.029	0	0.016	0.024	0	0.012	0.006	0.16	0.121	0.074	0.53	0.014	0.015	0.034	0	0	0	0.000	0.316	1.034
TCGA.55.7994 TCGA.55.7995	0.029	0 024	0	0.069	0	0.072 0.069	0.003	0.074 0.055	0.006	0	0.032	0.037 0.032	0 000	0.216	0.098 0.128	0.273	0.011	0.005	0.071	0	0	0.003	0.000	0.317 0.509	0.962 0.860
TCGA.55.7995 TCGA.55.8085	0.025 0.026	0.024	0.085	0.095	0	0.069		0.055	0.063 0.013	0	0.019	0.032	0.026	0.343	0.128	0.072 0.198	0	0.051	0.05	0	0	0.01	0.000	0.509	0.860
TCGA.55.8087	0	0.038	0	0.027	0	0.134	0	0.012	0.02	0	0	0.045	0.028	0.107	0.01	0.194	0.244	0	0.133	0	0	0.008	0.030	0.180	1.015
TCGA.55.8089 TCGA.55.8091	0.028 0.018	0	0.033	0.117	0	0.12 0.19	0.021	0.041 0.005	0.034	0	0.031	0.053	0.016 0.013	0.106	0.15	0.209 0.263	0.046	0.006	0.069	0	0	0.013	0.000	0.481	0.876 0.990
TCGA.55.8096	0	0.003	0.077	0	0	0.11	0	0.011	0.056	0	0.059	0	0.016	0.27	0.011	0.293	0	0	0.092	0	0	0.001	0.000	0.263	0.989
TCGA.55.8204 TCGA.55.8205	0.018	0.014	0.228	0.035	0	0.149 0.144	0.036	0.035	0	0	0.031	0	0.009	0.073	0.123 0.118	0.217 0.373	0.021	0.031	0.056	0	0	0.048	0.000	0.214	0.991
TCGA.55.8206	0	0.031	0	0.008	0	0.077	0	0.044	0.02	0	0	0.03	0.332	0.008	0	0.147	0.105	0.025	0.173	0	0	0	0.030	0.174	1.022
TCGA.55.8208 TCGA.55.8301	0.037	0.032	0.024	0.051	0	0.088	0	0.094	0.026 0.066	0	0.021	0	0	0.2	0.128 0.197	0.323 0.067	0.003	0.003	0.024	0	0	0.004	0.000	0.541 0.511	0.842
TCGA.55.8505	0.031	0	0.145	0	0	0.076	0	0.016	0.042	0	0.035	0	0	0.483	0.022	0.133	0	0	0.013	0	0	0.004	0.000	0.222	1.035
TCGA.55.8506			0.033	0.026		0.108	0.02	0.058	0.018		0.062		0.016		0.059	0.147	- 0		0.069	0			0.000	0.285	0.983

Input Sample		B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 memory	04 T cells CD4 memory activated	T cells follicular helper	regulatory	T cells gamma delta		NK cells activated	Monocytes	Macrophages	Macrophages M1	Macrophages	Dendritic scells resting	cells	Mast cells resting	Mast cells	Fosinonhile	sNeutrophils	:P-value	Pearson Correlation	RMSF
TCGA.55.8510	0.044	0	0.009	0.11	0 0.105	0	0.09	0.028	0	0.019	0.017	0.022	0.111	0.067	0.266	0.025	0.013	0.069	0	0	0.003	0.000	0.304	0.960
TCGA.55.8511 TCGA.55.8513	0.023	0.092	0.035	0.094	0 0.158	0.041	0.12	0.008	0	0.058	0	0.017	0.068	0.091	0.192	0.021	0.021	0.027		0	0	0.000	0.238 0.331	0.989
TCGA.55.8614	0.002	0.117	0.04	0.007	0 0.178	0	0.061	0.067	0	0.042	0.075	0.011	0.178	0.017	0.093	0.021	0.021	0.027	0	0	0	0.000	0.100	1.063
TCGA.55.8619	0.05	0.089	0	0.105	0 0.051	0	0.082	0.029	0	0.051	0	0.015	0.168	0.045	0.255	0	0	0.038		0	0.022	0.000	0.283	0.970
TCGA.55.8620 TCGA.55.8621	0.025	0 005	0.098	0.099	0 0.055	0	0.068	0.087	0	0.019	0.001	0 021	0.272	0.106	0.112	0 005	0	0.057	0	0	0 006	0.000	0.288	0.970
TCGA.55.848X	0.075	0.005	0.043	0.033	0 0.124	0	0.024	0.013	0	0.037	0.009	0.031	0.097	0.082	0.266	0.005	0	0.089	0	0	0.008	0.000	0.253	0.984
TCGA.55.A48Y	0.06	0	0.171	0.02	0 0.066	0.002	0.072	0.074	0	0.007	0.007	0	0.304	0.004	0.134	0	0.057	0	0.003	0	0.019	0.000	0.287	0.971
TCGA.55.A48Z TCGA.55.A491	0.043	0	0.111	0.021	0 0.1 0 0.134	0	0.042	0.06	0	0.034	0.003	0 002	0.347	0.084	0.144	0	0	0.016 0.022	0	0	0 001	0.000	0.288	0.978
TCGA.55.A493	0.102	0	0.14	0.066	0 0.163	0.027	0.030	0.043	0	0.010	0.018	0.002	0.264	0.048	0.107	0.002	0.026	0.022	0	0	0.001	0.000	0.241	0.956
TCGA.55.A4DF	0.046	0	0	0.041	0 0.205	0.016	0.122	0.001	0	0.016	0	0	0.286	0.105	0.134	0	0	0.026		0	0	0.000	0.333	0.955
TCGA.55.A4DG TCGA.55.A57B	0.054	0.219	0.038	0.081	0 0.147	0.001	0.101	0.033	0	0.004	0.01	0.013	0.047	0.058	0.155	0.191	0.014	0.069		0	0 001	0.100 0.150	0.114	1.035
TCGA.62.8394	0.055	0	0.014	0.045	0 0.109	0	0.027	0.063	0	0.019	0.01	0.003	0.318	0.076	0.139	0.191	0.025	0.029	0	0	0.001	0.040	0.153	1.044
TCGA.62.8395	0.084	0	0.14	0.031	0 0.138	0	0.066	0.036	0	0.023	0	0.013	0.097	0.036	0.253	0.062	0	0.02		0	0	0.050	0.152	1.015
TCGA.62.8397 TCGA.62.8399	0.038	0	0.101	0.026	0 0.162 0 0.195	0	0.005	0.014	0	0	0.035	0.099	0.069	0.013	0.159 0.153	0.108	0.019	0.164 0.184	0	0	0.052	0.060	0.149	1.013
TCGA.62.8402	0.012	0	0.138	0.008	0 0.224	0.003	0.023	0.061	0.001	0	0.020	0.043	0.033	0.162	0.133	0	0.009	0.04	0	0	0.032	0.000	0.034	0.914
TCGA.62.A460	0.104	0	0.352	0	0 0.024	0	0.084	0.013	0	0	0.039	0.004	0.091	0	0.061	0	0.125	0.102	0	0	0	0.030	0.173	0.998
TCGA.62.A46U TCGA.62.A46V	0.004	0.003	0.148	0	0 0.103 0 0.138	0	0.062	0.052	0	0.02	0.001	0 01	0.487	0.106	0.131	0.089	0.111	0.03	0	0	0.002	0.000	0.558 0.153	0.831 1.017
TCGA.62.A46Y	0.028	0.006	0.011	0.057	0 0.127	0	0.065	0.019	0	0.042	0.039	0.025	0.066	0.061	0.369	0.079	0.01	0.048	0	0	0.005	0.120	0.111	1.047
TCGA.62.A471	0.06	0	0.099	0.094	0 0.11	0	0.164	0.008	0	0.071	0.05	0	0.132	0.011	0.073	0	0.069	0.05		0	0.009	0.200	0.084	1.051
TCGA.62.A472 TCGA.64.1676	0.048	0	0.005	0.108	0 0.141 0 0.116	0 007	0.144	0.024	0	0.003	0.029	0.015 0.106	0.03	0.061	0.232	0.05	0.016	0.092	0	0	0.001	0.160	0.096 0.255	1.045 0.981
TCGA.64.1679	0.029	0	0.076	0.006	0 0.033	0.007	0.014	0.032	0	0	0.010	0.100	0.414	0.04	0.217	0.049	0.019	0.065		0	0.029	0.000	0.322	0.980
TCGA.64.1680	0	0.009	0.086	0	0 0.234	0	0.099	0	0	0	0.023	0.006	0	0.05	0.293	0	0.044	0.149	0	0	0.006	0.080	0.127	1.027
TCGA.64.1681 TCGA.64.5779	0.006	0.01	0.035	0.109	0 0.165 0 0.172	0.032	0.052	0.038	0	0.018 0.014	0	0.029	0.174	0.119	0.12	0.064	0.074	0.097	0	0	0	0.000	0.260 0.128	0.982 1.023
TCGA.64.5781	0	0	0.094	0.103	0 0.164	0.048	0.082	0.051	0	0.048	0.074	0.011	0.084	0.037	0.066	0	0.039	0.015	0	0	0	0.000	0.277	0.981
TCGA.67.3770	0.044	0	0.04	0.028	0 0.235	0.014	0.019	0	0	0.015	0	0.007	0.025	0.064	0.337	0	0.075	0.067	0	0	0.031	0.000	0.279	0.970
TCGA.67.3771 TCGA.67.3772	0.076	0	0.077	0.053	0 0.081 0 0.167	0.02	0.039	0.037	0	0.029	0.01	0.005	0.244	0.098	0.22	0.078	0.075	0.019	0	0	0	0.000	0.381 0.214	0.927
TCGA.67.6215	0.054	0.021	0.001	0.003	0 0.207	0	0.018	0.061	0	0	0.031	0.048	0.064	0	0.294	0.036	0.046	0.157	0	0	0.011	0.100	0.123	1.035
TCGA.67.6216	0	0.104	0.036	0.012	0 0.137	0	0.091	0.027	0	0.012	0.034	0.074	0.021	0.01	0.228	0.037	0.051	0.12	0	0	0.006	0.250	0.069	1.043
TCGA.67.6217 TCGA.69.7760	0.029	0.097	0.114	0.087	0 0.155 0 0.19	0.005	0.065	0.016	0	0.014	0.002	0.022 0.016	0.129	0.054	0.216 0.123	0.07	0.035	0.048	0	0	0.004	0.070	0.129 0.133	1.020
TCGA.69.7761	0	0.036	0.172	0.047	0 0.17	0.041	0.055	0.004	0	0.045	0	0	0.107	0.167	0.1	0	0.007	0.035		0	0.013	0.000	0.328	0.949
TCGA.69.7764	0.016	0	0.224	0.012	0 0.312	0	0.111	0	0	0.06	0	0.03	0.097	0.061	0.055	0	0.021	0	0	0	0	0.100	0.121	1.031
TCGA.69.7765 TCGA.69.7979	0.057	0.1	0.115	0.014	0 0.175	0.014	0.025	0.033	0	0.059	0.013	0.005	0.071 0.192	0.047	0.171	0.074	0.05	0.046	0	0	0.001	0.030	0.175 0.105	1.002
TCGA.69.8255	0.055	0	0.056	0.237	0 0.012	0.048	0.133	0.049	0	0.077	0.014	0.015	0.05	0.075	0.146	0	0	0.03	0	0	0.001	0.000	0.241	0.992
TCGA.69.A59K	0.016	0	0.238	0.071	0 0.083	0.039	0.077	0.04	0	0.017	0	0.007	0.084	0.062	0.229	0	0.002	0.031	0	0	0.006	0.360	0.046	1.047
TCGA.71.6725 TCGA.71.8520	0.019	0.028	0.018	0	0 0.182	0	0.074	0.036	0	0.015	0.022	0.061	0.079	0.005	0.274	0.008	0.07	0.098	0	0	0.031	0.400	0.036	1.066
TCGA.73.4658	0.005	0	0.024	0.071	0 0.125	0.004	0.071	0.008	0	0.003	0	0.039	0	0.004	0.421	0.124	0.058	0.042	0	0.001	0	0.000	0.325	0.954
TCGA.73.4666	0	0	0	0.153	0 0.02	0.115	0.068	0.002	0	0.093	0	0.011	0.051	0.104	0.276	0	0.05	0.057	0	0	0	0.000	0.342	0.945
TCGA.73.4668 TCGA.73.4675	0.01	0.03	0.102	0.035	0 0.095 0 0.046	0.004	0.051	0.023	0	0.024	0.001	0	0.359	0.009	0.153 0.245	0	0.041	0.073	0	0	0	0.000	0.229	1.006
TCGA.73.4676	0.003	0	0.009	0.085	0 0.115	0	0.047	0.002	0	0	0.007	0.095	0.134	0	0.276	0	0.06	0.168		0	0	0.030	0.171	1.020
TCGA.73.7499 TCGA.75.5122	0.017	0.003	0.039	0.235 0.187	0 0.103 0 0.113	0.031	0.052 0.047	0.068	0	0.013	0	0.006	0.054	0.132 0.066	0.22	0.001 0.062	0.008	0.017	0.022	0	0	0.000	0.435 0.481	0.900 0.876
TCGA.75.5122	0.012	0	0.022	0.008	0 0.161	0.029	0.047	0.001	0	0	0.034	0.001	0.019	0.164	0.346	0.002	0.048	0.108	0.022	0	0.003	0.000	0.481	0.906
TCGA.75.5147	0.053	0	0.103	0.012	0 0.161	0	0.059	0.021	0	0.018	0	0.028	0.064	0.076	0.285	0.032	0.014	0.059	0	0	0.013	0.000	0.288	0.963
TCGA.75.6203 TCGA.75.6205	0.023	0 0000	0 001	0.041	0 0.133	0 0000	0.012	0.014	0	0.057	0	0.017	0.204	0.018	0.405	0.003	0.012	0.048	0	0	0.013	0.000	0.358	0.945
TCGA.75.6207	0.003	0.022	0.001	0.042	0 0.264	0.023	0.017	0.017	0	0.07	0	0.005	0.086	0.093	0.336	0.008	0.037	0.04	0	0	0.028	0.380	0.392	1.063
TCGA.75.6211	0	0	0.281	0.066	0 0.14	0.025	0.043	0.076	0	0.088	0	0.018	0	0.005	0.184	0.012	0.016	0.035	0	0	0.012	0.150	0.103	1.026
TCGA.75.6212 TCGA.75.6214	0.105	0.045	0.089	0.007	0 0.149 0 0.061	0	0.043	0.006	0	0.007 0.028	0.002	0.006	0.022	0.013	0.206	0.148	0.03	0.12	0	0	0.003 0.024	0.060	0.142 0.115	1.015
TCGA.75.7025	0.014	0.142	0.010	0.06	0 0.148	0	0.034	0.075	0	0.028	0.016	0.074	0.323	0.079	0.179	0.092	0.08	0.067	0	0	0.002	0.030	0.113	1.005
TCGA.78.7146	0.021	0	0.035	0.066	0 0.148	0.02	0.086	0	0	0	0.031	0.015	0.177	0.071	0.18	0	0.129	0.021	0	0	0	0.100	0.121	1.048
TCGA.78.7147 TCGA.78.7149	0.097	0	0.029	0.087	0 0.187 0 0.051	0	0.03	0.076	0	0.014	0.01	0.032	0.053	0.159 0.054	0.128	0.004 n	0.021	0.073	0	0	0.001	0.030 0.120	0.177 0.112	1.022
TCGA.78.7150	0.036	0	0.128	0.034	0 0.139	0	0.098	0.002	0	0	0.052	0	0.047	0.034	0.108	0	0.058	0.014	0	0	0.004	0.120	0.112	1.017
TCGA.78.7153	0.056	0.03	0.092	0.129	0 0.038	0	0.139	0.007	0	0	0.037	0	0.055	0.025	0.23	0	0.025	0.138	0	0	0	0.250	0.066	1.046
TCGA.78.7154 TCGA.78.7155	0.033	0	0.011	0.161	0 0.359	0.029	0.034	0.002	0	0.039	0	0.041	0.007	0.07	0.253	0	0.034	0.131	0	0.003	0	0.100	0.118 0.055	1.038
TCGA.78.7158	0.026	0.009	0.008	0.008	0 0.173	0	0.077	0.029	0	0.006	0.016	0.031	0.102	0.121	0.284	0.09	0.003	0.139	0	0	0	0.330	0.055	1.076
TCGA.78.7162	0.036	0.04	0.034	0.118	0 0.132	0	0.101	0.015	0	0.051	0	0.001	0.039	0.088	0.216	0.006	0.05	0.076	0	0	0	0.000	0.246	0.983
TCGA.78.7163 TCGA.78.7536	0.001	0	0.035 0.116	0.162 0.112	0 0.001 0 0.032	0	0.076 0.071	0.12	0.005	0.06	0.049	0.046	0.126 0.033	0.035 0.127	0.087	0.001	0.045	0.255 0.073	0	0.001	0.001	0.500	0.025 0.194	1.082
TCGA.78.7537	0	0.022	0.110	0.112	0 0.144	0	0.016	0.003	0	0	0.042	0.011	0.051	0.003	0.201	0.029	0.047	0.049	0	0	0	0.100	0.114	1.000
TCGA.78.7542	0.003	0	0.013	0.05	0 0.036	0	0.153	0.054	0	0.052	0.006	0.001	0.102	0.177	0.16	0	0.141	0.054		0	0	0.000	0.233	1.014
TCGA.78.7633 TCGA.78.8640	0.017	0	0.064	0.061	0 0.255	0	0.084	0.009	0	0.001	0.043	0.03	0.076 0.245	0.064	0.214	0	0.129	0.089	0	0	0	0.330	0.056 0.211	1.056
TCGA.78.8648	0.003	0.016	0.054	0.068	0 0	0.007	0.046	0.042	0	0.03	0	0	0.468	0.017	0.209	0	0	0.039	0	0	0	0.000	0.646	0.765
TCGA.78.8660	0.015	0.031	0	0.054	0 0.143	0.006	0.124	0.053	0	0.059	0.008	0	0.212	0.072	0.211	0	0.007	0	0.004	0	0	0.000	0.394	0.921
TCGA.78.8662 TCGA.80.5607	0.091	0.024	0.144	0.094	0 0.134 0 0.158	0.044	0.106	0.035	0	0.002	0.021	0.008	0.106	0.057	0.155	0.037	0.037	0.074	0.012	0	0	0.350	0.048 0.114	1.057
TCGA.80.5611	0.004	0	0.016	0	0 0.138	0	0.035	0.052	0.004	0.002	0	0.010	0.455	0.117	0.128	0.006	0	0.074	0	0	0	0.000	0.114	0.883
TCGA.86.6562	0.06	0	0.034	0	0 0.175	0	0.02	0.05	0	0.058	0	0	0.177	0.021	0.347	0	0.015	0.013	0.01	0	0.02	0.010	0.195	1.017
TCGA.86.6851 TCGA.86.7701	0.006	0.013	0.113 0.156	0.084	0 0.124 0 0.254	0.019	0.062	0.041	0	0.051	0.016	0.001	0.141 0.105	0.098	0.166 0.047	0.001	0.032	0.065	0	0	0.008	0.000	0.345 0.118	0.940 1.028
TCGA.86.7711	0	0.003	0.130	0.041	0 0.106	0	0.032	0.025	0	0.109	0	0	0.346	0.015	0.109	0	0.032	0	0.163	0	0.042	0.030	0.116	1.028
TCGA.86.7714	0.018	0	0	0.009	0 0.165	0	0	0.006	0	0.011	0.014	0.028	0	0.007	0.217	0.283	0.12	0.113	0	0	0.011	0.000	0.212	1.003
TCGA.86.7954 TCGA.86.7955	0.028 0.157	0	0.002	0.027	0 0.191 0 0.079	0	0.065 0.114	0.058	0	0.024	0.013	0.018	0.028	0.232	0.237	0	0.003	0.074	0	0	0.001	0.000	0.355 0.079	0.950 1.044
TCGA.86.7955	0.157	0	0.119	0.008	0 0.109	0.009	0.114	0.039	0	0.037	0	0	0.258	0.038	0.079	0	0.12	0.03	0	0	0.021	0.230	0.079	0.990
TCGA.86.8073	0.061	0	0.002	0.042	0 0.091	0	0.05	0.017	0	0.025	0	0.063	0.081	0.063	0.422	0	0	0.085	0	0	0	0.120	0.110	1.053
TCGA.86.8074 TCGA.86.8075	0.016 0.051	0	0.018	0.027	0 0.136 0 0.088	0	0.056 0.047	0.055	0	0.01	0.027	0.013	0.168	0.084	0.246	0.053	0.045	0.035	0	0	0.021 0.021	0.000	0.208 0.180	1.008
TCGA.86.8075	0.031	0.009	0.108	0.041	0 0.141	0	0.047	0.024	0	0.063	0.004	0.018	0.089	0.015	0.203	0.063	0.137	0.022	0	0	0.002	0.030	0.106	1.022
TCGA.86.8279	0	0.002	0.008	0.038	0 0.076	0	0.036	0.076	0	0	0.025	0	0.356	0.006	0.178	0.101	0.055	0.036	0	0	0.007	0.060	0.144	1.062
TCGA.86.8358 TCGA.86.8585	0.091	0.014	0.072	0.048	0 0.104 0 0.027	0.008	0.082	0.019	0	0.037	0	0	0.252	0.062 0.064	0.209 0.153	0	0	0.015	0	0	0	0.010	0.196 0.411	1.012 0.914
TCGA.86.8668	0.003	0.014	0.131	0.124	0 0.106	0	0.109	0.085	0	0.03	0	0.009	0.115	0.064	0.153	0.002	0.006	0.002	0	0	0	0.000	0.411	1.005
TCGA.86.8669	0.052	0	0.12	0.074	0 0.171	0.015	0.075	0.042	0	0.025	0	0.077	0.095	0.032	0.156	0.02	0.038	0.008	0	0	0	0.030	0.163	1.010

Input Sample	B cells	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	T cells CD4	memory	follicular	regulatory	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages	Dendritic scells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	nRMSE
TCGA.86.8671	0.017	0.074	0	0.082	0	0.164	0.008	0.053	0.032	0	0.065	0	0	0.24	0.119	0.126	0	0	0.021	0	0	0	0.000	0.438	0.899
TCGA.86.8672 TCGA.86.8673	0.001	0.031	0.08	0.112	0	0.097	0.043	0.093	0.071	0	0.035	0.015	0.001	0.137	0.039	0.238	0.006	0.001	0.03	0	0.002	0.002	0.000	0.290	0.966 1.044
TCGA.86.A4P7	0.054	0.055	0.057	0.094	0	0.088		0.105	0.03	0	0.02	0.011	0.008	0.126	0.02	0.262	0	0	0.07	0	0	0	0.000	0.236	0.986
TCGA.86.A4P8 TCGA.91.6829	0.014	0	0.03	0.089	0	0.261	0.005	0.021 0.017	0.035	0	0.029	0.01	0.018	0.139	0.031	0.303	0.006	0.003	0.081	0	0	0.001	0.000	0.292 0.175	0.970 1.031
TCGA.91.6830	0.042	0	0.013	0.053	0	0.126	0	0.04	0.004	0	0.043	0.006	0	0.193	0.094	0.216	0	0.09	0.064	0	0	0.016	0.030	0.173	1.027
TCGA.91.6831 TCGA.91.6835	0.061	0.007	0.09	0.029	0	0.158 0.149	0.005	0.019	0.04	0	0.041	0	0.007	0.295	0.086	0.177 0.175	0	0	0.029	0	0	0.017	0.000	0.278	0.980
TCGA.91.6840	0.084	0.009	0.029	0.037	0	0.149	0	0.008	0.033	0	0.04	0	0	0.188	0.071	0.175	0	0	0.042	0	0	0	0.000	0.421	1.001
TCGA.91.6847	0.113	0	0.013	0.082	0	0.154	0	0.055	0.039	0	0.086	0.056	0.014	0.114	0.093	0.049	0.075	0	0.057	0	0	0	0.980	-0.037	1.108
TCGA.91.6848 TCGA.91.8496	0.007	0.007	0.017	0.011	0	0.238	0.024	0.024	0.006	0	0.077	0	0.044	0.174 0.151	0.142	0.205	0.066	0.004	0.035 0.111	0	0	0.002	0.000	0.269	0.984
TCGA.91.8497	0.032	0.176	0.158	0.037	0	0.053		0.097	0.037	0	0.003	0.008	0.004	0.072	0.009	0.165	0.048	0.018	0.082	0	0	0	0.000	0.307	0.953
TCGA.91.8499 TCGA.91.A4BC	0.009	0	0.041	0.036	0	0.169 0.031	0.008	0.101 0.155	0.05	0	0.015	0.011	0 001	0.14	0.117 0.045	0.319 0.122	0.001	0	0.031	0	0	0	0.000	0.241 0.392	0.996 0.925
TCGA.91.A4BD	0.003	0.002	0.025	0.028	0	0.105	0.030	0.133	0.014	0	0.023	0.002	0.001	0.012	0.009	0.122	0.004	0.04	0.019	0	0	0	0.000	0.392	0.923
TCGA.93.7348	0.05	0.019	0.165	0.04	0	0.149	0	0.069	0.024	0	0.02	0	0	0.338	0.044	0.06	0	0.004	0.018	0	0	0	0.030	0.173	1.022
TCGA.93.A4JN TCGA.93.A4JP	0.106	0.065	0.105	0.01	0	0.103	0.011	0.107	0.022	0	0.02	0.039	0.01	0.128 0.158	0.03	0.184	0	0.021	0.079	0	0	0 007	0.030	0.179	1.003 0.997
TCGA.93.A4JQ	0.018	0.203	0	0.02	0	0.136	0	0.136	0.033	0	0.061	0	0.021	0.227	0.08	0.083	0	0.001	0.103	0.001	0	0	0.000	0.346	0.943
TCGA.95.7043 TCGA.95.7944	0.118	0	0.179	0.109	0	0.085	0 072	0.1	0.045	0	0 102	0.026	0.013	0.058	0.027	0.18	0	0.027	0.032	0	0	0	0.850	-0.017	1.071
TCGA.95.7944	0.017	0	0.031	0.152	0	0.077 0.158	0.073	0.052	0.067	0	0.103	0.059	0.021	0.109	0.09	0.097	0	0.008	0.043	0	0	0.005	0.000	0.357	0.941 1.002
TCGA.95.7948	0.035	0	0.118	0.095	0	0.161	0	0.077	0	0	0	0.024	0.049	0	0.037	0.253	0.042	0.025	0.081	0	0	0	0.500	0.025	1.058
TCGA.95.8039 TCGA.95.8494	0.001	0.05	0.005	0.018	0	0.225	0.017	0.034	0.038	0	0.019	0.026	0.03	0.023	0.046	0.266	0.083	0.084 0.125	0.079	0	0	0.002	0.000	0.246 0.114	0.982 1.032
TCGA.97.7546	0.067	0.022	0.044	0.033	0	0.274	0	0.024	0.001	0	0.038	0	0.042	0.052	0.065	0.208	0.006	0.037	0.083	0	0	0.005	0.240	0.073	1.048
TCGA.97.7547 TCGA.97.7552	0.142	0.209	0.071	0.029	0	0.177 0.146	0.001	0.083	0.025	0	0.013	0 003	0.04	0.064	0.056 0.077	0.233	0	0.017	0.05	0	0	0	0.070	0.134	1.023 0.958
TCGA.97.7552 TCGA.97.7553	0.048	0	0.033	0.129	0	0.146	0	0.037	0.002	0	0.042	0.003	0.011	0.262	0.077	0.118	0.021	0.001	0.027	0	0	0.039	0.000	0.305	0.958
TCGA.97.7937	0.072	0	0.148	0.006	0	0.05	0	0.052	0.032	0	0.024	0	0	0.235	0.043	0.198	0.008	0	0.129	0	0	0.004	0.140	0.108	1.041
TCGA.97.8171 TCGA.97.8172	0.086	0.195	0.108	0.01	0	0.067 0.111	0	0.056	0.012	0	0.025	0.021	0.018	0.279	0.009	0.294	0	0.015	0.043	0	0	0	0.080	0.128	1.053 0.943
TCGA.97.8174	0.075	0	0.089	0.038	0	0.205	0.005	0.019	0	0	0.034	0	0.041	0	0.075	0.315	0	0.028	0.077	0	0	0	0.000	0.257	0.976
TCGA.97.8175 TCGA.97.8177	0.004	0.048	0 004	0 060	0	0.052 0.035	0	0.1	0.085	0	0.022	0 000	0.054	0.211	0.004	0.184	0.156	0.046	0.074	0	0	0.009	0.000	0.262	0.983 0.966
TCGA.97.8177 TCGA.97.8547	0.005	0.048	0.004	0.066	0	0.035	0	0.065	0.061 0.052	0	0.033	0.004	0.047	0.53	0.02	0.325	0.083	0.015	0.103 0.044	0	0	0.001	0.000	0.288	0.966
TCGA.97.8552	0.017	0.094	0	0.036	0	0.122	0	0.086	0	0	0.02	0.015	0.071	0.046	0.021	0.277	0.079	0.026	0.089	0	0	0	0.000	0.237	0.984
TCGA.97.A4LX TCGA.97.A4M1	0.042	0.029	0.045	0.1	0	0.139	0.005	0.092	0.059	0	0.03	0.036	0.018	0.022 0.156	0.095	0.264	0.002	0.02	0.037	0	0	0	0.000	0.338 0.185	0.944 1.016
TCGA.97.A4M2	0.021	0.01	0.026	0.075	0	0.103	0	0.08	0.03	0	0.058	0	0.037	0.206	0.035	0.212	0.01	0.021	0.073	0	0	0.002	0.000	0.315	0.956
TCGA.97.A4M6 TCGA.97.A4M7	0.086	0.004	0.008	0.035	0	0.172 0.15	0.002	0.088	0.016 0.053	0	0.046	0.016	0.026 0.058	0.122	0.145	0.126	0.037	0.021	0.065	0	0	0.002	0.000	0.216	1.001 0.988
TCGA.99.7458	0.019	0.046	0.027	0.048	0	0.212	0	0.101	0.055	0	0	0.048	0.002	0.167	0.033	0.223	0.001	0.056	0.093	0	0	0.003	0.000	0.229	0.996
TCGA.99.AA5R	0.046	0.133	0	0.128	0	0.103	0	0.099	0.008	0	0.036	0.014	0.021	0.154	0.056	0.168	0	0	0.036	0	0	0	0.000	0.284	0.969
TCGA.J2.8192 TCGA.J2.A4AD	0.013	0.014	0.002	0.012	0	0.215 0.098	0.001	0.005	0.008	0	0.038	0.038	0.005	0.158 0.216	0.018	0.32	0.062	0.059 0.116	0.052	0	0	0.026	0.000	0.314 0.045	0.961 1.067
TCGA.J2.A4AE	0.123	0.045	0.092	0.028	0	0.157	0	0.169	0	0	0.011	0	0.01	0.049	0.061	0.158	0.007	0.037	0.055	0	0	0	0.100	0.121	1.028
TCGA.L4.A4E5 TCGA.L4.A4E6	0.031	0.015	0.09	0.02	0	0.114		0.095	0.108	0	0.036	0.003	0.014	0.271 0.187	0.043	0.18	0	0.003	0.01	0	0	0 001	0.070	0.135 0.352	1.041 0.951
TCGA.L9.A444	0.009	0.021	0.022	0.115	0	0.251	0.053	0.054	0.043	0	0.118	0.005	0.015	0.056	0.117	0.102	0	0.003	0.025	0	0	0.001	0.000	0.312	0.965
TCGA.L9.A50W	0.077	0	0.117	0.028	0	0.157	0	0.049	0.05	0	0	0.048	0.016	0.016	0.026	0.133	0.134	0.006	0.14	0	0	0.002	0.100	0.121	1.020
TCGA.L9.A5IP TCGA.L9.A743	0.018	0.08	0.13	0.059	0	0.073 0.186	0.006	0.086	0.095	0	0.068	0.013	0	0.253	0.032	0.124	0.009	0.102	0.023	0	0	0.037	0.150	0.103	1.047 0.950
TCGA.L9.A7SV	0.029	0	0.066	0.101	0	0.258	0	0.086	0.05	0	0.003	0.049	0.032	0.006	0.033	0.165	0.006	0.057	0.054	0	0.005	0	0.630	0.011	1.083
TCGA.MN.A4N1 TCGA.MN.A4N4	0	0.005	0.131	0.018	0	0.131	0.002	0.056	0.123	0	0.111	0	0.073	0.333	0.014	0.083	0	0.023	0.044	0	0	0	0.230	0.077	1.078 0.872
TCGA.MP.A4SV	0.002	0.043	0.064	0.118	0	0.136	0.021	0.092	0.063	0	0.063	0	0.011	0.113	0.064	0.162	0	0.02	0.029	0	0	0	0.060	0.145	1.026
TCGA.MP.A4SW TCGA.MP.A4T6	0.048	0.058	0.103	0.02	0	0.163	0	0.064	0.04	0	0.054	0.014	0.023	0.155	0.022	0.189 0.131	0	0.017	0.045	0	0	0	0.030	0.160	1.013
TCGA.MP.A4T9	0.051	0	0.010	0.082	0	0.053	0	0.072	0.019	0	0.062	0.014	0.038	0.162	0.038	0.311	0	0.04	0.073	0	0	0	0.000	0.258	0.984
TCGA.MP.A4TA	0.053	0	0.064	0.07	0	0.152	0	0.131	0.045	0	0.049	0.016	0.006	0.151	0.023	0.17	0	0.07	0	0	0	0	0.060	0.144	1.029
TCGA.MP.A4TC TCGA.MP.A4TH	0.011	0.228	0.006	0.054	0	0.118	0.006	0.05	0.042	0	0.06	0	0	0.298	0.111	0.217	0.011	0.02	0.027	0	0	0	0.000	0.378	0.935
TCGA.MP.A4TJ	0.023	0.068	0.034	0.043	0	0.186	0.067	0.099	0.02	0	0.099	0	0	0.128	0.091	0.13	0	0.003	0.01	0	0	0	0.000	0.373	0.929
TCGA.NJ.A4YQ	0.02	0.039	0.089	0.053	0	0.168 0.117	0	0.154	0.083	0	0.025	0.076	0.038	0.047 0.241	0.028	0.158 0.147	0.046	0.066	0.033	0	0	0	0.330	0.053 0.505	1.058 0.864
TCGA.NJ.A55A	0.014	0.264	0	0.076	0	0.138	0	0.134	0	0	0.004	0	0.011	0.011	0.049	0.16	0.006	0.031	0.103	0	0	0	0.010	0.200	1.002
TCGA.NJ.A7XG TCGA.O1.A52I	0.013	0	0.06	0.058	0	0.304	0	0.025 0.025	0.002 0.047	0	0.016 0.016	0.042	0.019	0.114	0.009	0.119	0.059	0.085	0.189 0.054	0	0	0	0.540	0.023 0.166	1.072 1.025
TCGA.S2.AA1A	0.009	0.145	0.153	0.02	0	0.206	0	0.025	0.047	0	0.005	0.006	0.213	0.114	0.02	0.082	0.009	0.01	0.037	0	0	0	0.000	0.166	0.936
TCGA.05.4422	0	0.056	0.13	0.186	0	0.188	0	0.07	0.038	0	0.024	0.004	0.019	0.024	0.051	0.207	0	0.001	0.001	0	0	0	0.020	0.185	1.011
TCGA.05.4432 TCGA.05.5425	0.045	0	0.141	0.101	0	0.104 0.095	0.017	0.04	0.045	0	0.052	0.011	0.003	0.225	0.057	0.166 0.219	0	0.111	0.001	0	0	0.02	0.000	0.274	0.973
TCGA.44.6779	0.003	0	0.003	0.149	0	0.167	0	0.027	0.055	0	0.064	0.013	0.007	0.075	0.135	0.22	0	0	0.071	0	0	0.012	0.000	0.257	0.989
TCGA.44.7669 TCGA.44.8119	0.029	0	0.042	0.037	0	0.143 0.121	0.015	0.066	0.047	0	0.044	0.009	0.019	0.115	0.066	0.373	0	0.014	0.07	0	0	0	0.000	0.283	0.973 0.996
TCGA.44.8119	0.08	0	0.017	0.035	0	0.179	0.013	0.03	0.037	0	0.037	0	0.019	0.068	0.013	0.284	0.057	0.024	0.083	0	0	0.014	0.250	0.071	1.050
TCGA.44.A479	0.04	0.013	0.124	0.056	0	0.189	0.016	0.082	0.033	0	0.031	0	0	0.07	0.115	0.198	0	0	0.032	0	0	0	0.000	0.369	0.929
TCGA.49.4487 TCGA.49.4507	0.086	0.091	0.05	0.114	0	0.062	0.031	0.073	0.071	0	0.047	0.056	0.014	0.232	0.079	0.105 0.148	0	0	0.038	0.009	0	0	0.000	0.467	0.883
TCGA.49.AAR0	0.05	0.041	0.009	0.095	0	0.028	0	0.144	0.063	0	0	0.036	0.006	0.109	0.067	0.302	0	0	0.051	0	0	0	0.000	0.292	0.966
TCGA.50.5072 TCGA.50.5939	0.096	0.095	0.08	0	0	0.128 0.142	0.001	0.034	0.05	0	0.046	0.022	0.01	0.191 0.212	0.051	0.244	0	0.038	0.033	0	0	0.017	0.030	0.160 0.243	1.021 0.986
TCGA.55.1596	0.067	0	0.25	0.026	0	0.003	0	0.082	0.029	0	0.002	0	0	0.239	0.075	0.101	0	0.039	0.02	0	0	0	0.000	0.243	0.993
TCGA.55.7574 TCGA.55.7913	0.11	0.17	0.01	0.096	0	0.147	0.027	0.061	0	0	0.025	0	0	0.104	0.019	0.174	0	0.032	0.024	0	0	0	0.000	0.319	0.953
TCGA.55.7913 TCGA.55.8092	0.111	0.045	0.047	0.149	0	0.145 0.095	0.007	0.059	0.071	0	0.061 0.017	0.025	0.011	0.345	0.028	0.08	0	0	0.008	0.039	0	0.014	0.170	0.092 0.288	1.068 0.961
TCGA.55.8507	0	0.012	0.011	0.04	0	0.087	0	0.051	0.046	0	0.054	0.012	0.014	0.389	0.018	0.16	0	0.027	0.047	0	0	0.031	0.020	0.191	1.038
TCGA.55.A492 TCGA.62.A46P	0.007	0.029	0.383	0.082	0	0.14	0	0.1	0.01	0	0.005	0.022	0.026	0.03 0.139	0.012	0.183	0	0.043	0.121	0	0	0.007	0.030	0.171 0.072	0.998 1.055
TCGA.62.A46P	0	0	0.076	0.037	0	0.14	0	0.003	0.032	0	0.005	0.007	0.026	0.139	0	0.468	0	0.039	0.034	0	0	0.004	0.020	0.072	1.022
TCGA.69.7763	0.025	0	0.12	0.062	0	0.196	0	0.07	0.008	0	0.035	0.003	0.025	0.104	0.011	0.226	0	0.037	0.075	0	0	0.003	0.060	0.147	1.017
TCGA.73.4659 TCGA.73.A9RS	0.088	0.02	0.017	0.009	0	0.088	0.031	0.015	0.005	0	0.04	0	0	0.12 0.116	0.037	0.574	0.014	0.025 0.026	0.05	0	0	0.023	0.000	0.303	0.985 1.048
TCGA.75.5146	0.059	0.075	0.134	0.051	0	0.231	0	0.071	0	0	0.017	0	0.007	0	0.046	0.26	0.008	0.011	0.026	0	0	0.004	0.000	0.237	0.982
TCGA.75.7031 TCGA.78.7152	0.017	0.14	0.066	0.123	0	0.1	0.002	0.107	0.024	0	0.042	0.025	0.017	0.068	0.065	0.242	0,004	0.073	0.03	0	0	0,008	0.030	0.170	1.017 0.989
TCGA.78.7156	0.121	0	0.158	0.063	0	0.149	0	0.093	0.008	0	0.014	0.027	0.03	0.006	0.069	0.119	0	0.057	0.086	0	0	0	0.250	0.065	1.044
																							-		

Input	B cells	B II-	DI		T cells CD4		4 T cells CD			T cells	NIK II-	NIK						Dendritic cells		Mast cells					
Sample	naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8			memory activated	follicular helper	regulatory (Tregs)	delta	NK cells resting	NK cells activated			M1	sMacrophages M2	resting				Eosinophil	sNeutrophils	P-value	Pearson Correlation	RMSE
TCGA.78.7159	0.015	0.036	0.145	0.079		0.107	0	0.054	0.075	0	0	0.029	0	0.199	0.043	0.089		0.078	0.018	0		0.033	0.100	0.115	1.034
TCGA.78.7220	0.12	0	0.089	0.097		0.061	0	0.151	0.021	0	0.011	0.042	0.011	0.118	0.025	0.171		0.014	0.062	0		0.008	0.230	0.076	1.046
TCGA.78.7535	0	0.04	0.031	0.029		0.116	0	0.003	0.012	0	0.03	0.019	0	0.191			0.04	0.008	0.013	0		0	0.000	0.263	1.001
TCGA.86.8280	0.017	0.044	0.055	0.012		0.157	0	0.102	0.026	0	0.034	0	0.017	0.14	0.095	0.196	0.041	0.016	0.046	0	0	0	0.000	0.309	0.956
TCGA.86.8281	0.038	0.043	0.167	0.039		0.12	0	0.076	0.03	0	0.033	0.002	0.001	0.089	0.047	0.199	0.036	0.027	0.052	0	0	0	0.150	0.102	1.027
TCGA.91.7771	0.028	0.029	0.014	0.056		0.292	0.014	0.031	0	0	0.011	0	0.014	0.073	0.073	0.304		0.027	0.033	0	0	0.002	0.000	0.302	0.963
TCGA.97.A4M3	0.107	0	0.025	0.033		0.2	0	0.136	0.024	0	0	0.03	0.065	0.034	0.019	0.246	0.005	0.041	0.005	0.029	0	0	0.330	0.055	1.061
TCGA.L9.A8F4	0.029	0.033	0.107	0.118		0.031	0.013	0.156	0.049	0	0	0	0	0.21	0.067	0.177		0	0.01	0	0	0	0.000	0.332	0.948
TCGA.NJ.A4YF	0.039	0	0.069	0.049	0	0.066	0	0.125	0.062	0	0.042	0	0	0.359	0.025	0.146	0	0	0	0.016	0	0.001	0.000	0.260	0.994