

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8 naive	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 T memory activated	T cells CD4 T follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	RMSE
TCGA-05-4395	0.063	0.021	0.073	0.073	0.192	0.095	0.064	0.097	0.069	0.036	0.003	0.019	0.014	0.066	0.054	0.01	0.053	0.061	0.005	0.106	0.116	1.043	
TCGA-05-4415	0.065	0	0.194	0.085	0.124	0.046	0.047	0.097	0.088	0.007	0.003	0.058	0.06	0.124	0.0124	0.044	0.032	0	0	0.018	0.079	0.132	1.019
TCGA-05-4417	0.026	0.022	0.026	0	0.238	0.098	0.094	0.036	0.037	0.006	0	0.158	0.038	0.213	0.017	0.062	0.012	0	0	0.008	0.003	0.338	0.946
TCGA-35-3615	0.067	0	0.105	0.046	0.083	0	0.076	0.01	0.081	0.012	0.004	0.091	0.03	0.013	0.014	0.069	0.057	0	0	0.006	0.008	0.248	0.981
TCGA-44-6776	0.121	0	0.133	0.072	0.144	0	0.058	0	0.016	0.026	0.025	0.001	0.039	0.152	0.048	0.059	0.106	0	0	0	0.154	0.096	1.029
TCGA-44-7671	0.011	0	0.242	0.005	0.093	0	0.052	0	0.029	0	0	0.112	0.003	0.113	0	0.078	0.055	0	0	0.004	0.047	0.156	1.015
TCGA-48-A93V	0.012	0	0.155	0.061	0.121	0	0.082	0.012	0.039	0.013	0	0.042	0.035	0.101	0	0	0.002	0	0	0	0.008	0.252	0.994
TCGA-50-7199	0.078	0	0.111	0.027	0.203	0.03	0.112	0.024	0.053	0	0.009	0.06	0.066	0.16	0	0.049	0.014	0	0	0.003	0.023	0.177	1.007
TCGA-53-7813	0.039	0	0.053	0.129	0.047	0.121	0.094	0.002	0.012	0	0.01	0.051	0.052	0.056	0	0.015	0.018	0	0	0	0.049	0.155	1.006
TCGA-55-6970	0.061	0	0.048	0.029	0.171	0.024	0.059	0.004	0.027	0	0.013	0.085	0.03	0	0	0.122	0.033	0	0	0.005	0.008	0.273	0.972
TCGA-55-8203	0	0.119	0.155	0.06	0.165	0	0.088	0.031	0.033	0	0.001	0.12	0.057	0.149	0	0.006	0.013	0	0	0.003	0.018	0.187	1.002
TCGA-55-8299	0.04	0	0.053	0.059	0.012	0.03	0.083	0.026	0.073	0.038	0.003	0.002	0.003	0.182	0	0.013	0.085	0	0	0.005	0.000	0.475	0.879
TCGA-55-8508	0	0.05	0.131	0.031	0.047	0	0.046	0.028	0.037	0	0	0.013	0.045	0	0.028	0	0.002	0	0	0.018	0.006	0.295	0.963
TCGA-55-8615	0.01	0	0.014	0	0.218	0	0.121	0.001	0.054	0	0	0.143	0	0.18	0	0.005	0	0.002	0	0.009	0.105	0.117	1.081
TCGA-62-A465	0.003	0	0.161	0.097	0.113	0	0.062	0.058	0.008	0.043	0.039	0.044	0.04	0.206	0	0.016	0.109	0	0	0.002	0.209	0.078	1.038
TCGA-67-3774	0.024	0.026	0.024	0.043	0.272	0.001	0.048	0	0.034	0	0.015	0.084	0.068	0.28	0	0.02	0.053	0	0	0.008	0.022	0.179	1.014
TCGA-73-4670	0	0.04	0.096	0.07	0.117	0	0.11	0	0.037	0.025	0	0.166	0.03	0.188	0	0.143	0	0	0	0.045	0.153	0.096	1.048
TCGA-73-4677	0.066	0	0.133	0.063	0.213	0.015	0.035	0	0.035	0	0.016	0.031	0.038	0.257	0.039	0.023	0.027	0	0	0.008	0.034	0.164	1.009
TCGA-73-7498	0.026	0.008	0.094	0.042	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	0.119	0.108	1.031
TCGA-78-7148	0.016	0	0.098	0.089	0.076	0	0.142	0.033	0	0.051	0.037	0.09	0.061	0.141	0.016	0.021	0.124	0	0.003	0.002	0.133	0.102	1.033
TCGA-78-7160	0.066	0	0.006	0.076	0.133	0.016	0.065	0.025	0	0.003	0.009	0.111	0.059	0.115	0	0.061	0.033	0	0	0.004	0.006	0.305	0.962
TCGA-78-7161	0.074	0	0.106	0.065	0.128	0	0.058	0.014	0.023	0.039	0	0.084	0	0.138	0	0.197	0.045	0	0	0.029	0.593	0.013	1.072
TCGA-78-7166	0.008	0.003	0.103	0.053	0.047	0	0.263	0.032	0.085	0.015	0.055	0.169	0.078	0.064	0	0.009	0	0.018	0	0	0.079	0.130	1.036
TCGA-80-5608	0.062	0	0.023	0.108	0.125	0	0.116	0.02	0.034	0.02	0.007	0.06	0.072	0.222	0	0.047	0.043	0	0	0.04	0.182	0.084	1.051
TCGA-86-7713	0.071	0	0.202	0.059	0.103	0.014	0.066	0.022	0.021	0.005	0.026	0.125	0.062	0.185	0	0.076	0.014	0	0	0.005	0.552	0.017	1.062
TCGA-86-8054	0.015	0	0.062	0	0.147	0	0.096	0.001	0.062	0.01	0.021	0.19	0.025	0.208	0.023	0.002	0.13	0	0	0.007	0.430	0.034	1.070
TCGA-86-8359	0.025	0	0.09	0.213	0.117	0.015	0.133	0.098	0.037	0.006	0.005	0.147	0.036	0.038	0	0	0	0.006	0	0.035	0.018	0.191	1.019
TCGA-95-A4VP	0.089	0.075	0	0.156	0.131	0	0.144	0.026	0.043	0	0.004	0.065	0.046	0.193	0	0.019	0.007	0	0	0.001	0.022	0.179	1.019
TCGA-97-8179	0.007	0	0.137	0.077	0.044	0	0.088	0.019	0	0.062	0.02	0.089	0.034	0.255	0.032	0.033	0.089	0	0	0.011	0.157	0.093	1.037
TCGA-99-8032	0.019	0.027	0.114	0.044	0.085	0.009	0.064	0.05	0.025	0	0.004	0.13	0.017	0.142	0	0.004	0.033	0	0	0.002	0.017	0.195	0.992
TCGA-J2-B194	0.005	0	0.129	0	0.232	0	0.027	0	0.025	0.006	0.08	0	0.048	0.115	0.047	0.009	0.019	0	0	0.057	0.058	0.147	1.021
TCGA-MPA4AD	0.018	0.12	0.074	0.03	0.128	0	0.074	0.012	0.01	0	0	0.143	0.014	0.141	0	0	0.02	0	0	0	0.008	0.257	0.994
TCGA-MPA4TE	0.057	0	0.053	0.043	0.025	0	0.091	0.062	0.034	0.017	0	0.183	0	0.141	0	0.004	0.11	0	0	0.081	0.333	0.049	1.052
TCGA-NJ-4HTP	0	0	0.103	0.065	0.078	0	0.074	0.056	0.061	0	0	0.193	0.051	0.214	0	0.069	0.033	0	0	0.003	0.010	0.232	0.992
TCGA-NJ-AS5D	0.015	0.022	0	0	0.183	0	0.054	0.055	0.026	0.008	0.01	0.135	0.039	0.049	0	0.01	0.035	0	0	0	0.009	0.244	0.997
TCGA-NJ-AS5R	0.021	0.181	0.193	0.018	0.021	0	0.108	0.017	0.027	0	0	0.02	0.005	0.06	0	0	0.031	0	0	0	0.018	0.185	1.013
TCGA-05-4244	0	0	0.005	0	0.158	0	0.08	0.002	0.02	0.025	0.06	0.202	0.009	0.264	0.07	0.045	0.06	0	0	0	0.140	0.099	1.059
TCGA-05-4249	0	0.076	0.034	0.01	0.089	0	0.062	0.03	0	0.01	0.033	0	0.039	0.221	0.228	0.02	0.126	0	0	0.021	0.008	0.278	0.967
TCGA-05-4250	0.011	0	0.011	0.105	0.156	0.053	0.083	0.018	0.026	0.014	0.007	0.012	0.069	0.216	0	0.056	0.033	0	0	0.01	0.016	0.199	1.008
TCGA-05-4390	0.029	0	0.084	0.013	0.095	0.043	0.02	0.014	0.047	0	0	0.111	0.032	0.193	0	0.007	0	0	0	0.009	0.016	0.199	1.038
TCGA-05-4403	0.064	0	0.052	0.015	0.139	0	0.016	0.02	0.029	0	0.037	0.217	0.064	0.201	0.005	0	0.056	0	0	0.007	0.008	0.271	0.980
TCGA-05-4405	0	0.06	0.074	0.02	0.084	0	0.037	0.032	0.029	0	0	0	0.01	0.277	0	0	0.057	0	0	0	0.008	0.281	0.985
TCGA-05-4418	0.028	0.032	0.085	0.046	0.15	0.002	0.13	0.014	0	0.008	0	0.13	0.102	0.252	0	0.012	0	0	0	0.009	0.008	0.279	0.972
TCGA-05-4427	0.026	0	0.052	0.022	0.166	0.016	0.056	0.004	0.033	0	0.038	0.153	0.067	0.203	0	0.018	0.038	0	0	0.002	0.045	0.158	1.027
TCGA-05-4433	0.052	0	0	0.072	0.118	0	0.041	0.019	0.048	0	0.002	0.28	0.074	0.212	0.016	0	0.057	0	0	0.009	0.010	0.226	1.007
TCGA-44-6145	0.035	0.045	0.09	0.121	0.113	0.04	0.056	0.027	0.015	0.026	0	0.036	0.066	0.183	0	0.004	0.071	0	0	0.023	0.006	0.322	0.948
TCGA-44-6146	0.048	0	0.069	0.064	0.113	0	0.032	0	0.084	0	0.044	0	0.048	0.176	0	0.001	0	0.019	0	0.032	0.411	0.037	1.078
TCGA-44-7659	0	0.137	0.065	0.044	0.158	0	0.096	0.009	0.029	0	0.018	0.068	0.052	0.172	0.027	0.052	0.074	0	0	0	0.420	0.035	1.055
TCGA-44-7661	0.024	0	0.146	0.044	0.05	0.029	0	0.015	0.017	0.06	0.059	0.027	0.014	0.193	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	0.139	0	0.072	0.079	0.029	0.02	0.023	0.138	0.062	0.191	0.015	0.02	0.046	0	0	0.001	0.000	0.358	0.935
TCGA-44-8117	0.029	0	0.026	0.008	0.11	0	0.092	0.016	0.021	0.002	0	0.11	0.053	0.272	0	0.007	0.056	0	0	0.005	0.014	0.207	1.024
TCGA-44-A47A	0	0.02	0	0.036	0.089	0	0.055	0.047	0.001	0.016	0.013	0.213	0	0.152	0.133	0.154	0.07	0	0	0	0.000	0.383	0.927
TCGA-49-4505	0.005	0.019	0.036	0.055	0.158	0	0.064	0.039	0.011	0.014	0.033	0	0.067	0.278	0.043	0.081	0.086	0	0	0.01	0.008	0.261	0.975
TCGA-49-4506	0.019	0.001	0.211	0	0.003	0.067	0.1	0.006	0	0.054	0	0.096	0.1	0.204	0.019	0	0.03	0	0	0.009	0.008	0.268	0.985
TCGA-49-4510	0.056																						

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8 naive	T cells CD4 memory resting	CD4 T cells memory activated	CD4 T cells follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	RMSE	
TCGA-67-3773	0.051	0	0.018	0.043	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	0.018	0.191	1.003	
TCGA-67-4679	0.001	0.004	0	0.021	0	0.189	0	0.026	0.017	0	0.009	0.014	0.147	0.015	0.013	0.222	0.071	0.032	0.215	0	0	0.004	0.043	0.158	1.020
TCGA-69-7973	0.067	0.001	0.018	0.075	0	0.14	0.045	0.044	0.038	0	0	0.026	0.024	0.029	0.008	0.044	0	0.049	0.087	0	0	0.006	0.221	0.074	1.051
TCGA-69-7974	0.006	0.013	0	0.021	0	0.146	0	0.066	0.003	0	0.054	0.003	0.013	0.056	0.061	0.04	0.033	0.029	0.036	0	0	0	0.006	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	0.212	0.043	0	0.017	0	0	0.006	0.306	0.958	
TCGA-69-7980	0.005	0.004	0	0.041	0	0.195	0	0.102	0.032	0	0.008	0.024	0.018	0.071	0.09	0.04	0.007	0.093	0	0.003	0	0.012	0.222	0.998	
TCGA-69-8253	0.088	0.013	0.246	0.021	0	0.128	0	0.079	0	0	0.01	0.017	0	0.051	0.009	0.159	0.046	0.084	0.033	0	0	0.017	0.034	0.164	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	0.117	0.109	1.035
TCGA-73-4662	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	0.014	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	0.025	0.152	0.099	0.013	0	0.017	0.045	0	0	0.052	0.000	0.389	0.925
TCGA-75-6206	0.002	0	0.018	0	0	0.105	0	0.08	0.032	0	0.009	0.019	0	0.041	0.006	0.013	0	0.031	0.042	0	0	0	0.008	0.246	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	0.094	0.123	1.035
TCGA-75-7030	0.053	0.063	0.104	0.063	0	0.256	0.012	0.026	0.02	0	0.02	0	0.005	0.112	0.033	0.127	0.039	0.029	0.039	0	0	0	0.012	0.221	0.989
TCGA-78-7145	0	0	0.012	0	0.244	0	0.031	0.072	0	0	0.003	0.053	0.203	0	0.119	0.022	0.1	0.133	0	0	0.007	0.135	0.102	1.047	
TCGA-78-7167	0.085	0	0.085	0.083	0	0.174	0	0.081	0.03	0	0.009	0.027	0.053	0.094	0.041	0.157	0	0.007	0.073	0	0	0	0.475	0.027	1.062
TCGA-78-7539	0.018	0	0.018	0.128	0	0.204	0.022	0.067	0.032	0	0.008	0	0.024	0.111	0.111	0.141	0.064	0	0.052	0	0	0	0.018	0.186	1.013
TCGA-78-7540	0.002	0.04	0	0	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	0.287	0.058	1.062
TCGA-78-8655	0.028	0.001	0	0.069	0	0.049	0	0.044	0.083	0	0.037	0	0	0.143	0.051	0.285	0	0	0.058	0	0	0	0.006	0.319	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	0.009	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	0.028	0.169	1.019
TCGA-86-8056	0.006	0	0.019	0	0.219	0	0.09	0.003	0	0.027	0.006	0.066	0.092	0	0.153	0.051	0.063	0.136	0	0	0.004	0.187	0.083	1.046	
TCGA-86-8076	0.006	0.09	0.029	0.141	0	0.061	0	0.128	0.036	0	0.018	0	0	0.285	0.063	0.13	0	0.023	0.01	0	0	0	0.002	0.345	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	0.04	0.007	0.06	0	0.084	0	0	0	0	0.038	0.161	1.034
TCGA-86-A456	0.054	0	0.041	0.01	0	0.182	0	0.058	0	0	0.016	0	0	0.197	0.054	0.155	0	0.03	0	0.037	0	0	0.100	0.120	1.054
TCGA-86-A46F	0.003	0	0.084	0	0	0.15	0	0.111	0.007	0	0.004	0.08	0	0.121	0.082	0.244	0	0.031	0.077	0	0	0.006	0.016	0.201	1.004
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	0.013	0.047	0.001	0.036	0	0	0	0.009	0.235	0.991
TCGA-91-6836	0	0.008	0.078	0.09	0	0.124	0.05	0.092	0.021	0	0.059	0.011	0.018	0.179	0.007	0.125	0	0.112	0.005	0	0	0.022	0.345	0.048	1.067
TCGA-91-6849	0.016	0.075	0.146	0.06	0	0.036	0.011	0.036	0	0	0.023	0	0	0.047	0	0.114	0	0.04	0.011	0	0	0.003	0.006	0.316	0.970
TCGA-93-7347	0.025	0.008	0.002	0.077	0	0.131	0	0.042	0.092	0	0.037	0	0	0.289	0.046	0.199	0	0.008	0.064	0	0	0	0.000	0.413	0.912
TCGA-93-8067	0.048	0	0.042	0	0.163	0	0.101	0.028	0	0.028	0.034	0	0.135	0.067	0.003	0.015	0.019	0.024	0	0	0.001	0.057	0.147	1.030	
TCGA-93-A46D	0.01	0.057	0.02	0.104	0	0.06	0	0.088	0.08	0	0.059	0	0.016	0.168	0.061	0.257	0	0	0.02	0	0	0	0.000	0.405	0.914
TCGA-95-7039	0.105	0	0.013	0.106	0	0.105	0.039	0.061	0.035	0	0.021	0	0	0.158	0.076	0.19	0	0.029	0.061	0	0	0	0.115	0.111	1.041
TCGA-95-7562	0.05	0	0.034	0.037	0	0.09	0	0.076	0.058	0	0.027	0	0	0.266	0.133	0.186	0.007	0	0.037	0	0	0	0.003	0.338	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	0.014	0.208	1.003
TCGA-95-A46K	0.141	0.045	0.05	0.071	0	0.145	0	0.16	0.018	0	0.032	0	0	0.12	0.079	0.076	0	0.035	0.027	0	0	0	0.060	0.145	1.028
TCGA-95-A46N	0.104	0.034	0.002	0.068	0	0.166	0.052	0.092	0	0	0.056	0	0.007	0.112	0.092	0.217	0	0.014	0.018	0	0	0.005	0.000	0.358	0.937
TCGA-97-7554	0.005	0.026	0.184	0.017	0	0.161	0.001	0.044	0.012	0	0.03	0	0	0.114	0.06	0.013	0	0.035	0	0	0.006	0.022	0.179	1.007	
TCGA-97-7938	0.104	0.003	0.014	0.058	0	0.128	0	0.099	0.027	0	0.014	0	0.101	0.065	0.237	0.009	0.033	0.128	0	0	0.007	0.487	0.026	1.070	
TCGA-97-7941	0.098	0	0.001	0.034	0	0.154	0	0.106	0.027	0	0.051	0	0.004	0.046	0.067	0.003	0.01	0.001	0.09	0	0	0	0.017	0.197	1.004
TCGA-97-8176	0.028	0	0.023	0	0	0.074	0	0.087	0.001	0	0.035	0.017	0.053	0.141	0.005	0.214	0	0.017	0.159	0	0	0.036	0.018	0.183	1.018
TCGA-97-A46M0	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	0.198	0.081	1.051
TCGA-97-A46N5	0.023	0.027	0	0.019	0	0.126	0	0.072	0	0	0.061	0	0.014	0.152	0.042	0.211	0	0.015	0.124	0	0	0.013	0.008	0.268	0.978
TCGA-99-8025	0.048	0	0.072	0	0	0.149	0	0.054	0.04	0	0.028	0	0	0.285	0.051	0.246	0	0.012	0.013	0	0	0.001	0.018	0.193	1.022
TCGA-99-8028	0.002	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	0	0.062	0.164	0	0	0.044	0.137	0.029	0	0.088	0.051	0.019	0.077	0.031	0.1	0	0.155	0.026	0	0	0.017	0.013	0.219	1.003
TCGA-J2-A46G	0.091	0.102	0	0.04	0	0.193	0.029	0.08	0.022	0	0.061	0	0.02	0.01	0.031	0.199	0.051	0.058	0.005	0.008	0	0	0.078	0.134	1.028
TCGA-L9-A443	0.043	0	0.027	0	0	0.22	0	0.093	0.082	0	0	0.033	0.02	0.171	0.128	0.14	0	0	0.043	0	0	0	0.419	0.036	1.082
TCGA-MN-A44N5	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	0.087	0.125	1.042
TCGA-MP-A45Y	0.04	0	0.014	0	0	0.078	0	0.015	0.024	0	0.009	0.003	0	0.003	0.038	0.223	0.099	0	0.053	0	0	0	0.006	0.297	0.995
TCGA-MP-A474	0	0.015	0.071	0.157	0	0.11	0.015	0.064	0.058	0	0.066	0	0.005	0.118	0.113	0.168	0	0.011	0.028	0	0	0	0.006	0.298	0.965
TCGA-MP-A477	0.021	0	0.006	0.043	0	0.153	0	0.133	0.035	0	0.026	0.031	0.022	0.096	0.025	0.23	0	0.153	0.018	0	0	0.009	0.018	0.184	1.016
TCGA-MP-A478	0.077	0	0.034	0	0	0	0	0.028	0.098	0	0.024	0	0	0.001	0	0.126	0	0.188	0.022	0	0	0	0.067	0.141	1.072
TCGA-MP-A47F	0																								

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8 naive	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 memory activated	T cells follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells activated	Dendritic cells resting	Mast cells activated	Mast cells resting	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	RMSE	
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	0.009	0.235	0.987	
TCGA-44-5644	0.106	0	0.184	0.102	0	0.062	0.025	0.1	0	0	0.024	0.026	0	0.151	0.012	0.108	0	0.057	0.017	0	0	0.027	0.530	0.020	1.060
TCGA-44-5645	0	0.136	0	0.035	0	0.219	0.002	0.046	0.056	0	0.018	0.006	0.037	0.078	0.003	0.183	0.05	0.075	0.055	0	0	0.008	0.284	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	0.214	0	0.018	0.137	0	0	0.003	0.023	0.174	1.005
TCGA-44-6774	0.052	0	0.056	0.003	0	0.143	0.013	0.01	0.051	0	0.049	0	0.033	0.204	0.055	0.214	0	0.003	0.017	0	0	0.011	0.008	0.259	0.986
TCGA-44-6775	0.003	0	0.037	0.008	0	0.092	0	0.041	0.076	0	0	0.024	0.018	0.271	0	0.024	0.026	0.047	0.061	0	0	0.002	0.000	0.385	0.930
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	0.244	0.087	0.001	0.053	0	0	0.012	0.000	0.406	0.915
TCGA-44-6778	0.044	0.032	0	0.029	0	0.226	0.022	0.065	0	0	0.016	0	0	0.167	0.072	0.213	0	0	0.01	0	0	0.006	0.006	0.324	0.956
TCGA-44-7660	0.102	0	0.041	0.059	0	0.119	0	0.114	0.026	0	0.04	0.003	0.003	0.063	0.098	0.218	0	0	0.014	0	0	0.029	0.167	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	0.006	0.304	0.967
TCGA-44-7667	0.023	0	0.042	0.022	0	0.072	0.017	0.042	0.007	0	0	0.045	0.003	0.242	0.068	0.183	0	0	0.019	0	0	0.003	0.003	0.338	0.973
TCGA-44-7670	0	0	0.056	0.066	0	0.205	0	0.128	0.005	0	0	0.024	0.011	0.203	0.016	0.061	0	0.031	0.087	0	0.005	0	0.426	0.035	1.087
TCGA-44-8478	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	0.010	0.229	1.002	
TCGA-44-847G	0.003	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	0.008	0.278	0.970	
TCGA-44-A455	0.019	0	0.003	0.05	0	0.211	0.013	0.089	0.053	0	0.072	0	0.007	0.067	0.131	0.244	0	0.003	0.043	0	0	0.006	0.305	0.964	
TCGA-44-A45U	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	0.034	0.163	1.009	
TCGA-49-4486	0.099	0	0.213	0.061	0	0.15	0	0.087	0	0	0.016	0.022	0	0	0.033	0.166	0.031	0.04	0.016	0	0	0.005	0.206	0.080	1.032
TCGA-49-4488	0.005	0.03	0.048	0.123	0	0.147	0	0.079	0.036	0	0.013	0	0.005	0.147	0.089	0.165	0.078	0.018	0.017	0	0	0	0.057	0.147	1.029
TCGA-49-4490	0.088	0	0.015	0.04	0	0.128	0	0.07	0.131	0	0.017	0.014	0.004	0.226	0.045	0.154	0	0.039	0.03	0	0	0	0.082	0.128	1.041
TCGA-49-4494	0.016	0	0.017	0.007	0	0.025	0	0.108	0.066	0.006	0.034	0	0.013	0.228	0.101	0.256	0.017	0.035	0.072	0	0	0.002	0.343	0.948	
TCGA-49-4501	0.042	0.052	0.034	0.061	0	0.116	0	0.096	0.049	0	0	0.042	0.039	0.031	0.025	0.215	0	0.088	0.109	0	0	0	0.023	0.175	1.007
TCGA-49-4512	0.05	0.002	0.008	0.008	0	0.11	0	0.043	0.031	0	0	0.014	0.055	0.209	0.024	0.214	0.04	0.035	0.069	0	0	0.010	0.229	1.004	
TCGA-49-4514	0.06	0	0.072	0.095	0	0.072	0.01	0.143	0.086	0	0.006	0.071	0.022	0.086	0.029	0.133	0	0.078	0.036	0	0	0.002	0.014	0.208	0.999
TCGA-49-6742	0.029	0	0.064	0.034	0	0.043	0	0.112	0.043	0	0	0.029	0.024	0.153	0	0.137	0	0.129	0.191	0	0	0.012	0.144	0.098	1.040
TCGA-49-6743	0.063	0	0.066	0.005	0	0.189	0	0.076	0.003	0	0.064	0	0	0.198	0.052	0.21	0	0.035	0.04	0	0	0	0.009	0.244	0.986
TCGA-49-6744	0.045	0	0.086	0.068	0	0.221	0	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	0.008	0.264	0.972
TCGA-49-6745	0.027	0	0.003	0.071	0	0.183	0.02	0.06	0.035	0	0.026	0	0.042	0.121	0.049	0.243	0.017	0.057	0.042	0	0	0.005	0.041	0.159	1.023
TCGA-49-6761	0	0.066	0.031	0	0	0.229	0.066	0.133	0.009	0	0.016	0.061	0	0.125	0.051	0.146	0	0.062	0	0	0	0.004	0.009	0.235	0.992
TCGA-49-6767	0	0	0	0.108	0	0.14	0	0.029	0.052	0	0.005	0.04	0	0.202	0.09	0.097	0	0.067	0.043	0	0	0	0.000	0.366	0.946
TCGA-49-AAQV	0.113	0	0.022	0.047	0	0.174	0	0.093	0.033	0	0.017	0.003	0	0	0.063	0.086	0	0.007	0.025	0	0	0	0.014	0.207	1.014
TCGA-49-AAJ2	0.034	0.013	0.000	0.097	0	0.095	0	0.087	0.044	0	0	0.019	0.001	0.094	0.029	0.169	0	0.006	0.019	0	0	0.006	0.039	0.160	1.006
TCGA-49-AAJ3	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-AAJ4	0.023	0	0.044	0.11	0	0.064	0.024	0.112	0.025	0	0.024	0	0	0.192	0.055	0.094	0	0	0.004	0	0	0	0.000	0.362	0.941
TCGA-49-AAJ9	0	0.006	0.017	0.111	0	0.013	0	0.115	0.025	0	0	0.064	0	0.112	0.046	0.069	0	0.084	0.03	0	0	0	0.009	0.243	1.015
TCGA-49-AAJ6	0.075	0	0.101	0.032	0	0	0.005	0.126	0.038	0	0.059	0	0	0.261	0.07	0.12	0	0.202	0.01	0	0	0	0.007	0.287	0.978
TCGA-49-AAJN	0.003	0.174	0.132	0.058	0	0.131	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	0	0	0.065	0.142	1.017
TCGA-49-AAJ8	0.128	0.023	0.039	0.102	0	0.063	0	0.099	0.004	0	0.061	0	0.006	0.1	0.023	0.231	0	0.003	0.112	0	0	0.007	0.014	0.211	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	0.006	0.302	0.959	
TCGA-50-5045	0.088	0.003	0.033	0.077	0	0.096	0	0.115	0.034	0	0	0.016	0.026	0.013	0.056	0.288	0.067	0.027	0.063	0	0	0.000	0.470	0.885	
TCGA-50-5049	0.051	0	0.048	0.14	0	0.13	0	0.07	0.042	0	0.01	0	0.033	0.21	0.094	0.144	0.008	0	0.019	0	0	0	0.000	0.490	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	0.0102	0	0	0.000	0.463	0.886	
TCGA-50-5066	0	0.037	0.151	0.146	0	0.078	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
TCGA-50-5068	0.041	0.01	0.063	0.088	0	0.185	0	0.078	0	0.006	0	0	0.012	0.068	0.137	0.157	0.108	0	0.048	0	0	0.000	0.396	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	0.008	0.264	0.977	
TCGA-50-5931	0.056	0	0.045	0.088	0	0.008	0	0.229	0	0	0.049	0	0	0.027	0.101	0	0.064	0	0.007	0	0	0.100	0.120	1.058	
TCGA-50-5935	0.003	0.017	0	0	0	0.204	0	0.017	0.094	0.072	0	0	0	0.19	0.049	0.23	0.011	0.059	0.053	0	0	0.017	0.198	1.013	
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	0.087	0.125	1.019	
TCGA-50-5944	0	0	0.017	0.064	0	0.197	0	0.035	0.004	0	0	0.057	0.049	0.07	0.012	0.28	0	0.019	0.196	0	0	0.112	0.112	1.043	
TCGA-50-5946	0.067	0	0.089	0.089	0	0.058	0	0.132	0	0	0	0.036	0.022	0.088	0.083	0.242	0	0.019	0.073	0	0	0.634	0.009	1.073	
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	0.000	0.411	0.913	
TCGA-50-6591	0.114	0	0.119	0	0	0.217	0	0.068	0.032	0	0.009	0.015	0	0.241	0	0	0	0	0.002	0	0	0.235	0.070	1.088	
TCGA-50-6592	0.071	0	0.033	0.058	0	0.158	0.019	0.049	0.015	0	0.088	0.002	0	0.234	0.096	0.158	0	0	0.013	0	0	0.008	0.002	0.345	0.945
TCGA-50-6593	0.007	0.019	0.009	0.022	0	0.051	0	0.032	0.03	0	0.024														

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8 naive	T cells CD4 memory resting	CD4 T cells memory activated	T cells follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	RMSE	
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	0.006	0.304	0.960
TCGA.55.8511	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	0	0	0.003	0	0	0.009	0.238	0.989
TCGA.55.8513	0.002	0.117	0	0.007	0	0.01	0	0.061	0.007	0	0.042	0	0.011	0.178	0.017	0.277	0.021	0.021	0.027	0	0	0	0.005	0.331	0.964
TCGA.55.8614	0.001	0	0.04	0	0	0.178	0	0.13	0.067	0	0	0.075	0.022	0.004	0.043	0.093	0	0.017	0.032	0	0	0	0.139	0.100	1.063
TCGA.55.8619	0.05	0.089	0	0	0.105	0	0.051	0.082	0.029	0	0.051	0	0.015	0.168	0.045	0.255	0	0	0.038	0	0	0.022	0.008	0.283	0.970
TCGA.55.8620	0.025	0	0.098	0.099	0	0.055	0	0.068	0.087	0	0.019	0.001	0	0.272	0.106	0.112	0	0	0.057	0	0	0.007	0.288	0.970	
TCGA.55.8621	0	0.008	0.043	0.033	0	0.133	0	0.024	0.013	0	0.057	0.009	0.031	0.222	0.082	0.266	0.005	0	0.069	0	0	0.006	0.006	0.299	0.968
TCGA.55.A48X	0.075	0.284	0	0.043	0	0.124	0	0.096	0.026	0	0.036	0	0	0.097	0.034	0.151	0	0	0.034	0	0	0	0.008	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	0.004	0.004	0.134	0	0.057	0	0.003	0	0.019	0.007	0.287	0.971
TCGA.55.A48Z	0.043	0	0.111	0.021	0	0.1	0	0.042	0.06	0	0.034	0	0	0.147	0.084	0.144	0	0	0.016	0	0	0	0.007	0.288	0.978
TCGA.55.A491	0.08	0	0.14	0.066	0	0.134	0	0.036	0.045	0	0.016	0.003	0.003	0.204	0.084	0.167	0	0	0.022	0	0.001	0.009	0.241	0.986	
TCGA.55.A493	0.102	0	0	0.066	0	0.163	0.027	0.042	0.093	0	0.04	0.018	0.015	0.162	0.048	0.197	0.003	0.026	0	0	0	0.006	0.318	0.956	
TCGA.55.A49F	0.046	0	0	0.041	0	0.205	0.016	0.122	0.001	0	0.016	0	0	0.186	0.105	0.134	0	0	0.026	0	0	0	0.005	0.333	0.955
TCGA.55.A49G	0.054	0.219	0.038	0.081	0	0.147	0.001	0.101	0	0	0.004	0	0.013	0.047	0.058	0.155	0	0.014	0.069	0	0	0	0.108	0.114	1.035
TCGA.55.A57H	0.033	0	0	0.022	0	0.189	0	0.018	0.033	0	0.013	0.01	0.069	0.029	0.007	0.246	0.191	0.067	0.08	0	0	0.001	0.122	0.106	1.041
TCGA.62.8394	0.055	0	0.014	0.045	0	0.19	0	0.027	0.063	0	0.019	0	0.001	0.118	0.076	0.139	0	0.025	0.029	0	0	0	0.053	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	0.055	0.152	1.015
TCGA.62.8397	0.038	0	0.101	0.026	0	0.162	0	0.005	0.014	0	0	0.035	0.099	0.069	0	0.159	0.108	0.019	0.164	0	0	0	0.056	0.149	1.013
TCGA.62.8399	0.012	0	0.138	0.008	0	0.195	0	0.07	0.004	0	0	0.026	0.043	0.033	0.013	0.153	0	0.069	0.184	0	0	0.052	0.305	0.054	1.046
TCGA.62.8402	0.035	0	0	0	0	0.224	0.003	0.023	0.061	0.001	0	0.03	0	0.121	0.162	0.13	0	0	0.04	0	0	0	0.000	0.417	0.914
TCGA.62.A460	0.104	0	0.001	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	0.024	0.173	0.998
TCGA.62.A46U	0.004	0.003	0	0	0	0.103	0	0.062	0.052	0	0.02	0.003	0	0.004	0	0.106	0.131	0	0.03	0	0	0.002	0.000	0.558	0.831
TCGA.62.A46V	0	0	0.148	0	0	0.138	0	0.02	0.019	0	0	0.039	0.01	0.105	0	0.236	0.089	0.111	0.086	0	0	0	0.053	0.153	1.017
TCGA.62.A46Y	0.028	0.006	0.011	0.057	0	0.127	0	0.065	0.002	0	0.042	0	0.025	0.066	0.061	0.203	0.079	0.01	0.048	0	0	0.005	0.116	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	0.009	0.186	0.084	1.051
TCGA.62.A472	0.048	0	0.005	0.108	0	0.141	0	0.144	0.024	0	0.003	0.029	0.015	0.03	0.061	0.232	0.05	0.016	0.092	0	0	0.001	0.155	0.096	1.045
TCGA.64.1676	0.029	0	0.053	0.071	0	0.116	0.007	0.053	0.006	0	0	0.016	0.106	0.05	0.06	0.213	0.058	0	0.043	0	0	0	0.008	0.255	0.981
TCGA.64.1679	0	0	0.076	0.006	0	0.033	0	0.014	0.032	0	0	0.008	0	0.004	0.04	0.217	0.049	0.019	0.065	0	0	0.029	0.006	0.322	0.980
TCGA.64.1680	0	0.009	0.086	0	0	0.234	0	0.099	0	0	0.023	0.006	0	0	0.05	0.203	0	0.044	0.149	0	0	0.006	0.084	0.127	1.027
TCGA.64.1681	0.006	0.01	0.035	0	0	0.165	0	0.052	0.038	0	0.018	0	0.029	0.174	0.119	0.12	0.064	0.074	0.097	0	0	0	0.008	0.260	0.982
TCGA.64.5779	0.066	0.038	0.001	0.109	0	0.172	0.032	0.067	0.044	0	0.014	0	0	0.074	0.042	0.047	0	0	0.006	0	0	0	0.082	0.128	1.023
TCGA.64.5781	0	0	0.094	0.187	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	0.008	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	0.117	0	0.075	0.067	0	0	0.031	0.008	0.279	0.970
TCGA.67.3771	0.076	0	0.077	0.053	0	0.081	0.02	0.039	0.037	0	0.029	0	0.005	0.244	0.098	0.22	0	0	0.019	0	0	0	0.000	0.381	0.927
TCGA.67.3772	0.054	0	0.158	0.023	0	0.167	0	0.037	0	0	0	0.01	0.038	0.02	0.02	0.261	0.078	0.075	0.059	0	0	0	0.014	0.214	0.988
TCGA.67.6215	0	0.021	0.001	0.003	0	0.207	0	0.018	0.061	0	0	0.031	0.048	0.064	0	0.204	0.036	0.046	0.157	0	0	0.011	0.092	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	0.218	0.037	0.051	0.12	0	0	0.006	0.238	0.069	1.043
TCGA.67.6217	0	0.097	0.114	0.087	0	0.155	0.005	0.065	0.016	0	0.014	0.002	0.022	0	0.054	0.216	0.07	0.035	0.048	0	0	0	0.079	0.129	1.020
TCGA.69.7760	0.029	0	0.059	0	0	0.19	0	0.035	0.034	0	0.03	0	0.016	0.129	0	0.123	0	0.001	0	0	0	0.004	0.079	0.133	1.061
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	0.013	0.006	0.328	0.949
TCGA.69.7764	0.016	0	0.224	0.012	0	0.112	0	0.111	0	0	0.06	0	0.03	0.097	0.061	0.055	0	0.021	0	0	0	0	0.099	0.121	1.031
TCGA.69.7765	0	0.1	0.115	0.014	0	0.175	0.014	0.025	0.033	0	0.059	0	0.005	0.071	0.047	0.171	0.074	0.05	0.046	0	0	0	0.023	0.175	1.002
TCGA.69.7979	0.057	0	0.094	0.03	0	0.072	0	0.08	0.008	0	0.031	0.013	0	0.192	0.123	0.235	0	0.004	0.066	0	0	0.001	0.127	0.105	1.051
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	0.03	0	0	0.001	0.009	0.241	0.992	
TCGA.69.A59K	0.016	0	0.236	0.071	0	0.083	0.039	0.077	0.04	0	0.017	0	0.007	0.084	0.062	0.229	0	0.003	0.031	0	0	0.006	0.352	0.046	1.047
TCGA.71.6725	0	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	0.418	0.036	1.066
TCGA.71.8520	0.019	0	0.005	0	0	0.089	0	0.09	0.034	0	0.002	0.027	0	0.008	0.011	0.231	0	0.052	0.065	0	0	0.006	0.016	0.199	1.036
TCGA.73.4658	0.005	0	0.024	0.071	0	0.125	0.004	0.071	0.008	0	0.005	0	0.039	0	0.004	0.217	0.124	0.058	0.042	0	0.001	0	0.006	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	0.002	0.342	0.945
TCGA.73.4668	0	0.03	0.102	0.035	0	0.095	0.004	0.051	0.023	0	0.024	0	0	0.100	0.009	0.153	0	0.041	0.073	0	0	0	0.010	0.229	1.006
TCGA.73.4675	0.01	0.015	0.019	0.038	0	0.046	0	0.054	0.076	0	0.022	0.001	0	0.100	0	0.245	0	0.073	0.063	0	0	0	0.012	0.225	1.017
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	0.026	0.171	1.020
TCGA.73.7499	0.017	0.003	0.039	0.																					

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8 naive	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 memory activated	T cells follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mac cells resting	Mac cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	RMSE	
TCGA-BE-8671	0.017	0.074	0	0.082	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-BE-8672	0.001	0	0.08	0.112	0	0.097	0.043	0.093	0.071	0	0.035	0.015	0	0.137	0.039	0.238	0.006	0.001	0.03	0	0.002	0.002	0.006	0.290	0.966
TCGA-BE-8673	0	0.031	0.109	0.135	0	0.097	0	0.058	0.057	0	0.058	0.017	0.001	0.263	0.036	0.12	0	0	0.016	0	0	0.092	0.123	1.044	
TCGA-BE-A4P7	0.054	0.055	0.057	0.094	0	0.088	0	0.105	0.03	0	0.02	0.011	0.008	0.126	0.02	0.262	0	0	0.07	0	0	0.009	0.236	0.986	
TCGA-BE-A4P8	0.014	0	0	0.089	0	0.263	0	0.021	0	0	0.029	0.01	0.018	0.139	0.031	0.313	0	0.003	0.081	0	0	0.001	0.006	0.292	0.970
TCGA-91-6829	0.081	0	0.03	0.026	0	0.082	0.005	0.017	0.035	0	0.025	0	0	0.254	0.023	0.313	0.006	0.006	0.097	0	0	0.002	0.023	0.175	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	0.024	0.173	1.027
TCGA-91-6831	0	0.001	0.09	0.029	0	0.158	0.005	0.019	0.04	0	0.041	0	0.007	0.335	0.086	0.177	0	0	0.029	0	0	0.017	0.008	0.278	0.980
TCGA-91-6835	0.061	0.069	0	0.057	0	0.149	0	0.068	0.035	0	0.006	0	0	0.268	0.071	0.175	0	0	0.042	0	0	0.000	0.421	0.908	
TCGA-91-6840	0.084	0	0.029	0.046	0	0.19	0	0.114	0.01	0	0.04	0	0	0.188	0.114	0.146	0	0	0.038	0	0	0.012	0.221	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	0.973	-0.037	1.108	
TCGA-91-6848	0	0.007	0.017	0.011	0	0.238	0.024	0.024	0	0	0.077	0	0.044	0.174	0.142	0.205	0	0	0.035	0	0	0.002	0.008	0.269	0.984
TCGA-91-8496	0.007	0	0	0.054	0	0.1	0	0.004	0.006	0	0.02	0	0.145	0.151	0.011	0.313	0.066	0.004	0.111	0	0	0.012	0.009	0.238	0.999
TCGA-91-8497	0.032	0.176	0.158	0.037	0	0.053	0	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	0.006	0.307	0.953	
TCGA-91-8499	0.009	0	0.041	0.036	0	0.169	0.008	0.101	0	0	0.015	0.011	0	0.14	0.117	0.313	0.001	0	0.031	0	0	0.009	0.241	0.996	
TCGA-91-A48C	0.009	0	0.081	0.133	0	0.031	0.036	0.155	0.05	0	0.023	0.002	0.001	0.052	0.045	0.122	0	0	0.019	0	0	0.000	0.392	0.925	
TCGA-91-A48D	0.01	0.002	0.025	0.028	0	0.105	0	0.024	0.014	0	0.011	0.023	0.24	0.012	0.009	0.313	0.004	0.04	0.116	0	0	0.006	0.292	0.968	
TCGA-93-7348	0.05	0.019	0.165	0.04	0	0.149	0	0.069	0.024	0	0.02	0	0	0.313	0.044	0.06	0	0.004	0.018	0	0	0.024	0.173	1.022	
TCGA-93-A49J	0.106	0.065	0.105	0.01	0	0.103	0.011	0.107	0.022	0	0.02	0	0.01	0.128	0.03	0.184	0	0.021	0.079	0	0	0.022	0.179	1.003	
TCGA-93-A49P	0.032	0	0	0	0	0.031	0	0.101	0	0	0	0.039	0.021	0.158	0.075	0.313	0	0.105	0.109	0	0	0.007	0.008	0.247	0.997
TCGA-93-A49Q	0.018	0.203	0	0.02	0	0.136	0	0.136	0.033	0	0.061	0	0.033	0.227	0.08	0.083	0	0.003	0.001	0.001	0	0	0.002	0.346	0.943
TCGA-95-7043	0.118	0	0.179	0.109	0	0.085	0	0.1	0.045	0	0	0.026	0.013	0.058	0.027	0.18	0	0.027	0.032	0	0	0.864	-0.017	1.071	
TCGA-95-7944	0.017	0	0.031	0.152	0	0.077	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	0.000	0.357	0.941	
TCGA-95-7947	0.12	0	0.029	0.098	0	0.158	0	0.087	0.019	0	0.032	0	0	0.087	0.077	0.236	0	0.022	0.029	0	0	0.005	0.014	0.207	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	0.491	0.025	1.058	
TCGA-95-8039	0.001	0.05	0	0.018	0	0.225	0	0.034	0.038	0	0.019	0.026	0.03	0	0.046	0.268	0.083	0.084	0.079	0	0	0.002	0.008	0.246	0.982
TCGA-95-8494	0	0.089	0.005	0.034	0	0.085	0.017	0.031	0.038	0	0.017	0.024	0.19	0.023	0	0.155	0.108	0.125	0.059	0	0	0	0.108	0.114	1.032
TCGA-97-7546	0.067	0.022	0.044	0.033	0	0.214	0	0.024	0.001	0	0.038	0	0.042	0.052	0.065	0.208	0.008	0.037	0.083	0	0	0.005	0.223	0.073	1.048
TCGA-97-7547	0.142	0	0.071	0.029	0	0.177	0.001	0.083	0.025	0	0.013	0	0.04	0.064	0.056	0.233	0	0.017	0.05	0	0	0.078	0.134	1.023	
TCGA-97-7552	0	0.209	0.053	0.129	0	0.146	0	0.037	0.043	0	0.042	0.003	0.011	0.104	0.077	0.118	0	0.001	0.027	0	0	0.006	0.305	0.958	
TCGA-97-7553	0.048	0	0	0.043	0	0.118	0	0.044	0.002	0	0.06	0	0.021	0.262	0.05	0.233	0.021	0	0.057	0	0	0.039	0.006	0.294	0.973
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	0.117	0.108	1.041
TCGA-97-8171	0.086	0	0.108	0.01	0	0.067	0	0.056	0.012	0	0	0.021	0	0.219	0.009	0.214	0	0.015	0.043	0	0	0	0.081	0.128	1.053
TCGA-97-8172	0.062	0.195	0.011	0.063	0	0.111	0	0.083	0	0	0.025	0	0.018	0.049	0.035	0.231	0	0.013	0.103	0	0	0.003	0.338	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	0.313	0	0.028	0.077	0	0	0.008	0.257	0.976	
TCGA-97-8175	0.204	0	0	0	0	0.052	0	0.1	0.085	0	0	0.022	0.054	0.211	0.004	0.184	0.156	0.046	0.074	0	0	0.009	0.008	0.262	0.983
TCGA-97-8177	0.005	0.048	0.004	0.066	0	0.035	0	0.065	0.061	0	0.033	0.006	0.047	0.084	0.02	0.313	0.083	0.015	0.103	0	0	0.001	0.007	0.288	0.966
TCGA-97-8547	0.001	0	0.011	0	0.125	0	0.036	0.052	0	0	0.011	0.004	0	0.061	0	0.101	0	0.086	0.044	0	0	0.000	0.370	0.961	
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	0.009	0.237	0.984	
TCGA-97-A4LX	0.042	0.029	0.045	0.1	0	0.139	0.005	0.092	0.059	0	0.03	0	0.018	0.022	0.095	0.264	0.002	0.02	0.037	0	0	0.003	0.338	0.944	
TCGA-97-A4M1	0.033	0	0	0.055	0	0.072	0	0.075	0	0	0.002	0.036	0.066	0.156	0.014	0.247	0.016	0.009	0.217	0	0	0.018	0.185	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	0.006	0.315	0.956
TCGA-97-A4M6	0.086	0.004	0.008	0.035	0	0.172	0.002	0.088	0.016	0	0.046	0	0.026	0.122	0.145	0.126	0.037	0.021	0.065	0	0	0.002	0.013	0.216	1.001
TCGA-97-A4M7	0.019	0.046	0.027	0.046	0	0.15	0	0.101	0.053	0	0	0.016	0.058	0	0.035	0.223	0.061	0.067	0.095	0	0	0.002	0.012	0.220	0.988
TCGA-99-7458	0.003	0	0	0.023	0	0.212	0	0.075	0.065	0	0	0.048	0	0.167	0.027	0.22	0.022	0.056	0.081	0	0	0.010	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	0.008	0.284	0.969	
TCGA-92-B192	0.013	0.014	0.002	0.012	0	0.215	0.001	0.005	0	0	0.038	0	0.005	0.158	0.018	0.313	0.062	0.059	0.052	0	0	0.026	0.006	0.314	0.961
TCGA-J2-AA4D	0.032	0	0.088	0	0	0.098	0	0.1	0.008	0	0	0.038	0	0.216	0	0.164	0	0.116	0.139	0	0	0.002	0.359	0.045	1.067
TCGA-J2-AA4E	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	0.098	0.121	1.028	
TCGA-L4-AAE5	0.031	0	0.09	0.02	0	0.114	0	0.095	0.108	0	0.036	0.003	0	0.271	0.043	0.18	0	0	0.01	0	0	0.077	0.135	1.041	
TCGA-L4-AAE6	0.003	0.015	0	0.047	0	0.044	0	0.055	0.008	0	0.04	0.009	0.014	0.187	0.013	0.313	0	0.003	0.095	0	0	0.001	0.001	0.352	0.951
TCGA-L9-AA44	0.009	0.021	0.022	0.115	0	0.251	0.053	0.054	0.043	0	0.118	0	0.015	0.056	0.117	0.102	0	0	0.025	0	0	0.006	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	0.0										

Input Sample	B cells		Plasma cells	T cells		T cells CD4		T cells CD4 T cells		T cells regulatory		T cells gamma		NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages			Dendritic cells		Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	RMSE
	naive	memory		CD8 naive	CD4 memory resting	CD4 memory activated	follicular helper	(Tregs)	delta	M0	M1	M2	resting				activated											
TCGA_78_7159	0.015	0.036	0.145	0.079	0	0.107	0	0.054	0.075	0	0.029	0	0.199	0.043	0.089	0	0.078	0.018	0	0	0.033	0.107	0.115	1.034				
TCGA_78_7220	0.12	0	0.089	0.097	0	0.061	0	0.151	0.021	0	0.011	0.042	0.011	0.118	0.025	0.171	0	0.014	0.062	0	0	0.008	0.211	0.076	1.046			
TCGA_78_7535	0	0.04	0.031	0.029	0	0.116	0	0.023	0.012	0	0.03	0.019	0	0.191	0	0.401	0.04	0.008	0.013	0	0	0	0.008	0.263	1.001			
TCGA_86_8280	0.017	0.044	0.055	0.012	0	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	0.006	0.309	0.956			
TCGA_86_8281	0.038	0.043	0.167	0.039	0	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	0.133	0.102	1.027			
TCGA_91_7771	0.028	0.029	0.014	0.056	0	0.209	0.014	0.031		0	0.011	0	0.014	0.073	0.073	0.104	0	0.027	0.033	0	0	0.002	0.006	0.302	0.963			
TCGA_97_A4M3	0.107	0	0.025	0.033	0	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	0.299	0.055	1.061			
TCGA_L9_ABF4	0.029	0.033	0.107	0.118	0	0.031	0.013	0.156	0.049	0	0	0	0	0.21	0.067	0.177	0	0	0.01	0	0	0	0.005	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	0.025	0.146	0	0	0	0	0.016	0	0.001	0.008	0.260	0.994			