Mathematical						T cells C	D4 T cells CD	4 T cells	T cells	T cells							Dendritic	Dendritic							
Second				Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 memory	memory	follicular	regulatory	gamma delta	NK cells resting	NK cells activated					scells	cells		Mast cells activated	Eosinophil	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	1RMSE
Column C		0.065	0.003				0.009		0.007			0.036	0.019	0.014		0.298	0.01			0	0	0.006			1.043
Section Sect			0.022		0.085	0 0.124	0.046		0.007			0.007	0.003			0.124	0.017		0.032	0	0	0.018			0.946
Control Cont			0						0.01	0	0.001		0.004	0.091		0.332				0	0	0.006			0.981
Series Se		0.121	0	0.133	0.072				0	0		0.026	0.025	0.001	0.039	0.152	0.048			0	0	0.004			
Column		0.012	0	0.155	0.061		0	_	0.012	0		0.013	0	0.365	0.035	0.101	0	0	0.002	0	0	0		_	0.994
Campain 18			0	0.111					0.024	0		0	0.009				0			0	0	0.003			1.007
Campare 194 196			0	0.048					0.001	0		0				0.056	0			0	0	0.005			
Campain Camp	TCGA.55.8203	0	0.119	0.155		0 0.165	0	0.088	0.031	0		0	0.001	0.12		0.149	0	0.006	0.013	0	0	0.003	0.018		1.002
Column		0.04	0.05	0.053						0		0.038	0.003	0.002	0.003		0	0.302	0.085	0 002	0	0.005			_
Column		0.01	0.03	0.014	0.031		0		0.028	0		0	0	0.386	0.013		0	0.005	0	0.002	0	0.018			_
Column		0.003	0			0 0.113	0		0.058	0	0.006	0.043				0.206	0			0	0	0.002			1.038
Martin		0.024				0 0.272	0.001		0	0	0.034	0.025	0.015		0.068	0.28	0		0.053	0	0	0.008			
Column		0.066	0				0.015	_	0	0	0.035	0	0.016		0.038	0.257	0.039		0.027	0	0	0.008			
Column C			0.008			0 0.232	0			0	0.04	0					0.002			0	0 000	0			_
Martin			0	0.006						0	0	0.003	0.037			0.141	0.016			0	0.003	0.002			0.962
Column		0.074	0				0	0.058		0		0.039	0		0		0	0.197	0.045	0	0	0.029			1.072
Marchan Marc		0.008	0.003				0	0.263		0		0.015	0.055			0.064	0	0.009	0 043	0.018	0	0 04			_
Marchane 1875 187			0		0.004		0.014			0		0.005	0.026			0.185	0			0	0	0.005			
Marche 1989 1999		0.015	0		0		0		0.001			0.01	0.021				0.023	0.002	0.13	0	0	0.007			1.070
Column C			0.075	0.09	0.213		0.015					0.006	0.005				0	0.019	0.007	0.006	0	0.035			1.019
Carlot C	TCGA.97.8179	0.007	0	0.137	0.077	0 0.044		0.088	0.019	0	0	0.062	0.02	0.089	0.034	0.255	0.032			0	0	0.011	0.157	0.093	1.037
Column C		0.019	0.027	0.346	0.044	0 0.085	0.009		0.05	0		0.006	0.004	0.13		0.142	0 047	0.004		0	0	0.002			0.992
THE CAME 18 18 18 18 18 18 18 1	,	0.018	0.12		0.03	0 0.128	0	_	0.012	0		0	0	0.36		0.141	0	0		0	0	0			0.994
Column C		0.057	0	0.282			0			0		0.017	0		0		0	0.004	0	0	0	0.081			
		0.015	0.022	0.103	0.065		0			0		0.008	0.01			0.214	0	0.069		0	0	0.003			
Marie	TCGA.NJ.A55R	0.021	0.181	0.193	0.018	0 0.021	0	0.108		0	0.027	0	0	0.32	0.005	0.06	0	0		0	0	0	0.018		_
Column C		0	0 076	0.005	0 01				0.002	0	0.02	0.025		0.202	0.009	0.264	0.07	0.0.0		0	0	0 021			1.059
Marchane 1906 1906 1907 1908 1909 190		0.011	0.076		0.105		_	_			0.026	0.014	0.007	0.012		0.221	0.228			0	0				_
MARINE 1968 1975			0							0		0	0	0.414		0.193	0	0	0.007	0	0	0.009			
Marie Mari		0.064	0.06				0			0		0	0.037	0.217	0.064	0.281	0.005	0		0	0	0.007			
TOUR MENT OF STATE OF		0.028					0.002			0	0.025	0.008	0	0.13	0.102	0.252	0	0.012	0	0	0	0.009			0.972
Campaign 1985 200			0	0.052					0.004	0		0	0.038	0.153		0.308	0	0.018		0	0	0.002			_
Marie Cold			0.045	0.09						0		0.026	0.002	0.036			0.016	0.054		0	0	0.009			0.948
Transfer Column	TCGA.44.6146		0		0.064	0 0.376	0		0	0		0		0			0	0.01	0	0.019	0			0.037	1.078
Column C		0 024	0.137	0.065	0.044		0 044		0.009	0		0 017				0.172	0.027			0	0	0 001			_
Teacher 1988 1989			0.04	0.039	0.054					0						0.191	0.015			0	0	0.001			0.935
Total across 150 1		0.029	0	0.026	0.008		0				0.021	0.002	0	0.31	0.053	0.272	0	0.002		0	0	0.005			1.024
Time And 1975 Time And 197		0.005		0.036			0		_	0	0.001			0.213	0.067	0.152				0	0	0.01			_
Time Annual 1988 0.012 1989 0.022 1989		0.019	0.001	0.001	0.293	0 0.003			0.006	0	0		0	0.096		0.204		0		0	0	0.009			0.985
Trans. Array Color		0.056	0	0.268			0		0	0			0.009	0.019	0.008	0.323	0.006			0	0	0.001	_	_	1.007
Trans. Series Color Colo		0.007	0.081	0.009		0 0.109	0	0.073	0.027	0	0.015		0.011	0.299	0.01		0.018	0.07		0	0	0			
Trans. 1988 1.089		0.029	0.102		0.049	0 0	0			0		0.006	0	0.169	0	0.117	0			0.027	0	0.003			1.024
Trick Statistics Control Contr		0.001	0 006		0.013	0 0.233	0		0.03	0		0		0 242	0.054	0.312	0 001	0.057		0	0		_		_
Texas Name Conference Con		0.007	0.008		0.013		0		0.054	0		0	0.021	0.399	0.034	0.133	0.001	0.133	0.042	0.01	0	0.003			0.920
TRANS. NIR 0.058 0.002 0.042 0.159 0.022 0.043 0.042 0.043 0.042 0.044 0.022 0.044 0.022 0.045		0.052	0				0.009	0.094		0		0	0.012			0.202	0.001	0.035		0	0	0.008			0.950
TRANS.1977 0.049		0.016	0.064		0.033		0.006	0.008				0.016	0.083			0.282	0.065	0.01		0	0	0.004			0.928
TREASPORT 0.054 0.054 0.057 0.089 0.0115 0.014 0.033 0.057 0.055 0.015 0.015 0.015 0.015 0.015 0.016 0.177 0.016 1.015 0.015		0	0.013	0.369	0.054	0 0.123	0.028	0.003	0.026	0	0.043	0	0	0.142	0.02		0		0.04	0	0	0.003	0.006	0.308	0.953
Texas. Spring 0.14			0.228	0.252					0.009	0	0.033	0.021	0.012		0.012		0			0	0	0.008			
TROMS 5728 1001	-			0.01						0		0	0		0		0		0	0.049	0	0.046			1.043
Tecas-5778 Goods Gold Goods Gold		0	0.007	0				_	0.053	0	0.004		0.071	0.071		0.278	0.113			0	0	0	_	_	0.979
Techs.57778 0.013 0.028 0.04 0.147 0.022 0.05 0.051 0.025 0.051 0.025 0.031 0.123 0.046 0.04 0.024 0.054 0.054 0.015 0.204 1.005 0.024 0.027 0.024 0.027 0.028 0.027 0.028 0.027 0.028 0.028 0.027 0.028 0.027 0.028 0		0.002	0.011	0.01					0.057	0	0		0.006	0.235		0.339	0.006	0.073		0	0	0			1.015
Tecas.57728 0.061	TCGA.55.7576		0.028	0			0.022	0.05		0		0			0.048	0.301			0.054	0	0	0.003	0.015	0.204	1.005
TCGASS-7788			0	0 096	0	0 0.236			0.011	0.014		Ο	0.001							0.006	0	0.01			0.998
TCGASS.7807 0.071 0 0.053 0.067 0 0.104 0 0.109 0.052 0 0.0017 0 0.087 0.148 0.237 0 0.0 0.056 0 0.000 0.281 0.973 TCGASS.7810 0.088 0 0.024 0.007 0.024 0.007 0.008 0.027 0.018 0.009 0.027 0.018 0.009 0.027 0.088 0.052 0.116 0.031 0.089 0 0.080 0 0.027 0.211 0 0.208 0.019 0 0.000 0.027 0.008 0.027 0.008 0.009 0 0.008 0 0.027 0.018 0.009 0 0.008 0 0.027 0.008 0.009 0 0.008 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0.008 0 0.009 0 0		0	0.062	0	0.033			0.008		0		0.011	0	0.601			0.008	0		0	0	0			0.699
TCGASS-910 0.088 0 0.005			0		0	0 0.289			0	0.031	0.012	0	0.007			0.267	0.065	0.037		0	0	0.009			1.027
TCGA55.7914 0.065 0.217 0.076 0.088 0.052 0.116 0.031 0.068 0.089 0.008 0.007 0.211 0.028 0.019 0.0 0.008 0.273 0.979 TCGA55.7914 0.065 0.217 0.076 0.023 0.012 0.013 0.012 0.031 0.046 0.023 0.005 0.044 0.06 0.119 0.003 0.045 0.0 0.0 0.008 0.146 1.014 TCGA55.8007 0.041 0.042 0.024 0.017 0.027 0.018 0.03 0.05 0.033 0.004 0.041 0.132 0.041 1.110 0.042 0.034 0.0 0.006 0.024 0.173 1.021 TCGA55.8007 0.041 0.044 0.01 0.043 0.077 0.032 0.108 0.019 0.007 0.008			0	0.053	U.067 0				0.052	0	0.051	0.017	0		0.148		0	0.073	0.056	0.005	0	0.019			0.973 1.036
TCGASS-8090 0.031 0.023 0.005 0.022 0 0.188 0.003 0.05 0.035 0 0.035 0 0.033 0 0.041 0.132 0.041 0 0.042 0 0.034 0 0 0.006 0.024 0.173 1.021 TCGASS-8094 0.124 0 0.024 0.017 0 0.027 0 0.198 1 0 0.002 0.039 0 0.145 0 0.15 0 0.226 0.049 0 0 0 0.041 0.073 1.021 TCGASS-8097 0.041 0.044 0.01 0.043 0 0.07 0.033 0 0.17 0 0.113 0.01 0 0.007 0 0.009 0 0.023 0.145 0 0.15 0 0.026 0.049 0 0 0 0 0.041 0.073 1.021 TCGASS-8097 0.041 0.044 0.01 0.043 0 0.07 0.032 0 0.045 0 0.023 0.045 0 0.023 0.145 0 0.022 0.049 0 0 0 0 0.021 0.071 1.008 TCGASS-8097 0.041 0.044 0.01 0.045 0.033 0 0.107 0 0.058 0.019 0 0 0.009 0 0.00	TCGA.55.7911		0	0		0 0.188		0.116		0	0.089	0	0.008	0		0.211	0	0.208		0	0	0	0.008	0.273	0.979
TCGA55.8094 0.124 0.024 0.017 0 0.027 0 0.198 0.0 0.009 0.039 0.045 0.0 0.009		0 0000		0.217			0.012			0		0	0.001			0.119	0.043	0.03		0	0	0 000			1.014
TCGA558097 0.041 0.044 0.01 0.043 0 0.17 0 0.113 0.01 0 0.007 0 0.009 0 0.023 0.22 0 0.11 0.022 0.06 0.134 0 0 0.01 0.022 0.177 1.008 TCGA558207 0 0 0.005 0.033 0 0.107 0 0.058 0.019 0 0 0.004 0.033 0.022 0 0.11 0.022 0.06 0.134 0 0 0.01 0.022 0.179 1.027 TCGA558310 0.01 0.041 0.036 0.088 0 0.115 0.004 0.111 0.042 0 0.046 0 0.055 0.098 0 0.089 0.211 0 0.022 0.043 0 0 0 0.0 0.022 0.189 1.016 TCGA558314 0.041 0 0 0 0.01 0.022 0.043 0 0 0.044 0.025 0 0.066 0.008 0.168 0 0.005 0.163 0 0 0.084 0.528 0.020 1.071 TCGA558516 0.163 0.129 0 0.012 0 0.149 0 0.142 0.014 0 0.048 0 0.066 0.073 0.055 0.111 0 0.002 0.005 0.089 0.000 0.003 0.027 0 0 0.003 0.150 0.097 1.050 TCGA558616 0.163 0.129 0 0.051 0 0.047 0 0.041 0.094 0 0.05 0 0.088 0.099 0.04 0.192 0 0 0.002 0.04 0.025 0 0 0.003 0.150 0.097 1.050 TCGA558616 0.163 0.129 0 0.051 0 0.047 0 0.041 0.094 0 0.05 0 0.028 0.039 0.04 0.192 0 0 0.025 0 0 0.003 0.150 0.097 1.050 TCGA558618 0.066 0.003 0.025 0 0.051 0.003 0.027 0 0 0.003 0.150 0.097 1.050 TCGA558618 0.066 0.003 0.025 0 0.051 0.003 0.025 0 0.004 0.025 0 0.004 0.025 0 0 0.003 0.027 0 0 0.003 0.150 0.097 1.050 TCGA558618 0.066 0.005 0.0			0.023	0.005			0.003		0.035	0	0.033	0.039	0.041		0.041	0.15	0.042	0.226		0	0	0.006			1.021
TCGA55.8362 0.013 0.041 0.036 0.088 0.0115 0.004 0.111 0.042 0.046 0.055 0.056 0.096 0.089 0.211 0 0.022 0.043 0 0 0 0.029 0.168 1.016 TCGA55.8312 0.002 0.0097 0.0012 0.049 0.011 0.042 0.048 0.055 0.055 0.066 0.0098 0.168 0.0005 0.163 0 0.044 0.528 0.020 1.071 TCGA55.8316 0.041 0 0 0.042 0.044	TCGA.55.8097	0.041	0.044	0.01	0.043	0 0.17	0		0.01	0	0.007	0	0.009	0	0.023	0.284				0	0	0	0.023	0.177	1.008
TCGA55.8512 0.097 0 0.097 0 0.038 0.038 0.002 0 0.051 0.065 0.02 0.066 0.008 0.168 0 0.005 0.163 0 0 0.084 0.528 0.020 1.071 TCGA55.8514 0.041 0 0 0.001 0.014 0 0.014 0 0.048 0 0.086 0.073 0.055 0.111 0 0.033 0.027 0 0 0.003 0.150 0.097 1.056 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.059 0.051 0 0.014 0.044 0 0.051 0.005 0.055 0.008 0.005 0.008 0.003 0.027 0 0 0.003 0.150 0.097 1.056 0.055 0.058 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.059 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.058 0.059 0.058 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0.058 0.059 0		0.001	0.041	0.005						0	0.046	0.004			0 089	0.313	0.022			0	0	0.01			
TCGA55.866 0.163 0.129 6 0.051 0 0.147 0 0.041 0.094 0 0.05 6 0.028 0.039 0.04 0.192 6 0 0.025 0 0 0 0.013 0.102 1.048 TCGA55.8499 0 0.001 0.103 0.075 0 0.151 0 0.037 0.083 0 0.004 0.02 0.04 0.271 0.011 0.161 0.044 0 0 0 0 0 0.001 0.010 0.232 0.998 TCGA55.8499 0.026 0 0.059 0.127 0 0.025 0 0.218 0.034 0 0 0 0.004 0.025 0 0.011 0 0.125 0 0.084 0.059 0 0 0 0.001 0.010 0.232 0.998 TCGA55.8499 0.041 0 0.009 0.038 0 0.008 0.021 0.015 0.039 0 0.047 0 0.014 0.164 0.09 0.025 0 0.084 0.059 0 0 0 0.007 0.034 0.163 1.025 TCGA62.846R 0.025 0 0.028 0 0 0 0.007 0.038 0 0.007 0.034 0.163 1.025 TCGA62.846R 0.025 0 0.028 0 0 0 0.007 0.038 0 0.007 0.034 0.163 1.025 TCGA64.57774 0.038 0 0.133 0 0 0.021 0.014 0.006 0 0.035 0.044 0.025 0 0.086 0.128 0.107 0 0.013 0.18 0 0 0 0.011 0.348 0.047 1.075 TCGA64.5778 0.038 0 0.133 0 0 0.021 0.054 0.015 0.073 0 0 0.047 0 0.055 0.044 0.025 0 0.016 0.116 0 0.01 0.002 0 0 0.011 0.348 0.047 1.075 TCGA64.5778 0.028 0.058 0.055 0.22 0 0.175 0.015 0.059 0.018 0 0.002 0 0.077 0.013 0.116 0 0.016 0.006 0.008 0 0 0 0.011 0.171 1.071 TCGA64.5778 0.028 0.058 0.055 0.22 0 0.175 0.015 0.059 0.018 0 0.002 0 0.073 0.126 0.145 0 0.006 0.008 0 0 0 0 0.006 0.333 0.956		0.002	0		0	0 0.23	0		0.002	0		0.065			0.008		0	0.005		0	0	0.084			1.016
TCGA55A490 00 0.001 0.103 0.075 0 0.151 0 0.037 0.083 0 0.004 0.02 0.04 0.271 0.011 0.161 0.044 0 0 0 0.059 0 0 0 0.010 0.010 0.232 0.998 TCGA55A494 0.026 0 0.059 0.127 0 0.025 0 0.218 0.034 0 0 0 0.096 0.036 0.111 0 0.125 0 0.084 0.059 0 0 0 0.936 0.027 1.098 TCGA52A498 0.026 0 0.084 0.099 0.038 0 0.021 0.051 0.039 0 0.047 0 0.014 0.164 0.09 0.228 0.006 0 0.038 0 0.007 0.034 0.163 1.025 TCGA62A497 0.038 0 0.025 0 0.028 0 0.017 0 0.038 0 0.022 0.004 0.059 0 0 0 0.038 0 0.007 0.034 0.163 1.025 TCGA645774 0.038 0 0.133 0 0.047 0 0.049 0.049 0.049 0.049 0.049 0.059 0.044 0.055 0 0.028 0.006 0.038 0 0 0.007 0.034 0.163 1.025 TCGA645774 0.038 0 0.133 0 0.047 0.048 0.059 0.008 0 0.008 0 0.008 0 0.008 0 0.001 0.001 0.0234 0.991 TCGA645774 0.038 0 0.133 0 0.021 0 0.013 0.008 0 0.008 0 0.008 0 0.001 0.001 0.002 TCGA645774 0.038 0 0.133 0 0.008 0 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.001 0.001 0.001 TCGA645778 0.028 0.058 0.055 0.22 0 0.175 0.015 0.059 0.018 0 0.002 0 0.018 0 0.073 0.126 0.145 0 0.006 0.008 0 0 0 0.010 0.117 0.107 TCGA645778 0.028 0.058 0.055 0.22 0 0.175 0.015 0.059 0.018 0 0.002 0 0.018 0.007 0.073 0.126 0.145 0 0.006 0.008 0 0 0 0.006 0.333 0.956			0	0						0		0				0.319	0	0.033		0	0	0.003			1.050
TCGA.57.8494 0.026 0 0.059 0.127 0 0.025 0 0.218 0.034 0 0.07 0.096 0.036 0.111 0 0.125 0 0.084 0.059 0 0 0 0 0.936 0.027 1.098 1 0 0.005		0.163	0.129	0.103							0.05	0.02		0.039	0.04		0.044		0.025	0	0	0.001			1.048 0.998
TICGA 627 A6R 0.025 0 0.028 0 0 0.187 0 0.1 0.036 0 0.004 0.025 0 0.028 0 0 0.137 0.148 0 0 0 0.209 0.077 1.047 1.047 1.048 1.0 0 0 0.209 0.077 1.047 1.048 1.0 0 0 0.209 0.077 1.047 1.048 1.0 0 0.008 1.0 0.			0		0.127	0 0.025	0	0.218	0.034	0	0		0.036		0	0.125	0	0.084		0	0	0	0.936	-0.027	1.098
TCGA641577 0.03 0.07 0.102 0.067 0 0218 0.022 0.104 0.006 0 0.03 1 0 0.045 0 0.018 0.107 0 0.013 0.018 0 0 0 0.01 0.234 0.991 0.045 0 0.018 0 0.018 0 0.018 0 0.018 0 0.018 0 0.018 0 0.018 0.018 0 0.			0	0.009	0.038		0.021			0	0.047	0 0.25			0.09	0.228	0.006	0 137		0	0	0.007			1.025
TCGA64.5774 0.038 0 0.133 0 0 0.212 0 0.115 0.073 0 0 0.045 0 0.231 0.014 0.116 0 0.01 0.002 0 0 0.011 0.348 0.047 1.070 0.064 0 0.007 0.054 0 0.19 0 0.049 0.04 0 0 0.05 0 0.177 0.013 0.19 0 0.001 0.001 0 0 0.01 0.001 0 0 0.01 0.117 0.110 1.071 0.064 0.064 0.08 0 0.08 0 0 0 0.08 0 0 0 0.08 0 0.08 0.08 0 0.08 0.08 0 0.08 0 0.08 0 0.08 0 0.08 0 0.08 0.08 0.08 0.08 0.08 0.08 0.08 0.08 0 0.08	-		0.07		0.067		0.022		0.036	0	0.004	0.035	0.044		0.128	0.231	0			0	0	0	_	_	0.991
TCGA645178 0.028 0.058 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 0.006 0.323 0.956	TCGA.64.5774		0		0	0 0.212	0	0.115		0	0		0	0.231	0.014		0		0.002	0	0	0.011	0.348	0.047	1.070
		0.028	0.059	0.007	0.054		0.015			0	0.002	0.05	0 001			0.407	0	0.001	0.001	0	0	0.01			1.071
		0.028		0.008	0.22					0	0.024	0	0.001	0.448	0.126		0	0.098	0.032	0	0	0.001			0.956
																								-	-

Input						T cells CD4			T cells							Dendritic							_	
Sample TCGA.67.3773	naive			T cells CD8	T cells CD4 memory naive resting	memory activated	follicular helper 0.053	(Tregs)	delta re	esting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0 0.035	M1 0.065	M2	resting	cells activated			Eosinophils	Neutrophils	P-value 0.018	Pearson Correlation	
TCGA.67.3773	0.051	0.004	0.018	0.043	0 0.189	0.001	0.033	0.014	0	0.028	0.014	0.005	0.035	0.065	0.222	0.113	0.032	0.104 0.215	0	0	0.001	0.018	0.191 0.158	1.003
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	0.344	0	0.049	0.087	0		0.006	0.221	0.074	1.051
TCGA.69.7974 TCGA.69.7978	0.006	0.013	0.065	0.021	0 0.146 0 0.143	0.029	0.066	0.003	0	0.054	0.003	0.013	0.056	0.061	0.46	0.033	0.029	0.036	0	0	0 006	0.006	0.307	0.966
TCGA.69.7980	0.005	0.004	0.003	0.041	0 0.195	0.029	0.102	0.032	0	0.002	0.024	0.018	0.033	0.09	0.308	0.045	0.007	0.093	0	0.003	0.000	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 TCGA.73.4662	0.014	0.076	0.093	0.062	0 0.196 0 0.175	0.001	0.087	0.017	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 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	0.348	0	0.017	0.045	0	0	0.052	0.000	0.389	0.925
TCGA.75.6206 TCGA.75.7027	0.002	0	0.018	0	0 0.105	0	0.08	0.032	0	0.009	0.019	0	0.351	0.006	0.305	0	0.031	0.042	0	0	0	0.008	0.246	1.017
TCGA.75.7027	0.04	0.063	0.079	0.063	0 0.148 0 0.256	0.012	0.103	0.022	0	0.045	0.006	0.005	0.218 0.112	0.014	0.192 0.127	0.039	0.043	0.088	0	0	0.002	0.094	0.123	1.035 0.989
TCGA.78.7145	0.001	0	0.012	0	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		0.007	0.135	0.102	1.047
TCGA.78.7167 TCGA.78.7539	0.085	0	0.085	0.083	0 0.174 0 0.204	0.022	0.081	0.03	0	0.009	0.027	0.053	0.094 0.111	0.041	0.157 0.141	0.064	0.007	0.073	0	0	0	0.475 0.018	0.027 0.186	1.062
TCGA.78.7540	0.018	0.04	0.018	0.128	0 0.173	0.022	0.007	0.032	0	0.036	0.049	0.024	0.111	0.111	0.141	0.004	0.022	0.032	0	0	0	0.018	0.180	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	0.295	0.051	0.285	0	0	0.058	0	0	0	0.006	0.319	0.966
TCGA.83.5908 TCGA.86.7953	0.037	0.004	0.014	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	0.053	0.047	0.033	0	0.01	0.000	0.393	0.926 1.019
TCGA.86.8056	0.019	0.004	0.014	0.034	0 0.288	0	0.071	0.034	0	0.004	0.006	0.066	0.092	0	0.171	0.051	0.063	0.136	0.033	0	0.004	0.028	0.109	1.019
TCGA.86.8076	0.006	0.09	0.029	0.141	0 0.061	0	0.128	0.036	0	0.018	0	0	0.265	0.063	0.13	0	0.023	0.01	0	0	0	0.002	0.345	0.945
TCGA.86.8674 TCGA.86.A456	0.049	0	0.144	0.01	0 0.037 0 0.182	0	0.211	0.015	0	0.012	0.028	0	0. 354 0.197	0.007	0.06	0	0.084	0	0.037	0	0	0.038	0.161 0.120	1.034
TCGA.86.A4JF	0.003	0	0.041	0.01	0 0.15	0	0.038	0.007	0	0.010	0.08	0	0.121	0.034	0.244	0	0.031	0.077	0.037	0	0.006	0.016	0.120	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	0.328	0.047	0.001	0.036	0	0	0	0.009	0.235	0.991
TCGA.91.6836 TCGA.91.6849	0.016	0.008	0.078 0.146	0.09	0 0.124 0 0.036	0.05	0.092	0.021	0	0.059	0.011	0.018	0.179	0.007	0.125 0.114	0	0.112	0.005	0	0	0.022	0.345	0.048	1.067 0.970
TCGA.91.6849	0.025	0.008	0.002	0.00	0 0.131	0	0.030	0.092	0	0.023	0	0	0.269	0.046	0.114	0	0.008	0.064	0	0	0	0.000	0.413	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	0.057	0.147	1.030
TCGA.93.A4JO TCGA.95.7039	0.01	0.057	0.02	0.104	0 0.06 0 0.105	0.039	0.088	0.08	0	0.059	0	0.016	0.168	0.061	0.257	0	0.029	0.02	0	0	0	0.000 0.115	0.405 0.111	0.914 1.041
TCGA.95.7562	0.105	0	0.013	0.106	0 0.105	0	0.061	0.058	0	0.021	0	0	0.266	0.076	0.19	0.007	0	0.061	0	0	0	0.003	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	0.014	0.208	1.003
TCGA.95.A4VK TCGA.95.A4VN	0.141	0.045	0.05	0.071	0 0.145 0 0.166	0.052	0.16	0.018	0	0.032	0	0 007	0.12	0.079	0.076	0	0.035	0.027	0	0	0.005	0.060	0.145	1.028 0.937
TCGA.97.7554	0.005	0.034	0.184	0.017	0 0.161	0.002	0.044	0.012	0	0.030	0	0	0.112	0.092	0.302	0	0	0.018	0	0	0.006	0.000	0.338	1.007
TCGA.97.7938	0.104	0.003	0.014	0.058	0 0.128	0	0.099	0	0	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 TCGA.97.8176	0.098	0	0.001	0.034	0 0.154 0 0.074	0	0.106	0.027	0	0.051	0.017	0.004	0.046 0.141	0.067		0.01	0.001	0.09	0		0.036	0.017	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	0.198	0.081	1.051
TCGA.97.A4M5	0.023	0.027	0	0.019	0 0.126	0	0.072	0	0	0.061	0	0.014	0.152	0.042	0.311	0	0.015	0.124	0	0	0.013	0.008	0.268	0.978
TCGA.99.8025 TCGA.99.8028	0.048	0.017	0.072	0.092	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 0.882
TCGA.99.8033	0	0.017	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.A4AG	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 TCGA.MN.A4N5	0.043	0.018	0.027	0.117	0 0.22 0 0.131	0	0.093	0.082	0	0.06	0.033	0.02	0.171	0.128	0.14	0	0.01	0.043	0	0	0	0.419	0.036 0.125	1.082
TCGA.MP.A4SY	0.04	0	0.014	0	0 0.078	0	0.015	0.024	0	0.009	0.003	0	0.405	0.038	0.223	0.099	0	0.053	0	0	0	0.006	0.297	0.995
TCGA.MP.A4T4 TCGA.MP.A4T7	0 022	0.015	0.071	0.157	0 0.11	0.015	0.064	0.058	0	0.066	0.031	0.005 0.022	0.118	0.113 0.025	0.168	0	0.011	0.028	0	0	0.009	0.006	0.298	0.965
TCGA.MP.A4T8	0.021	0	0.034	0.043	0 0.153	0	0.028	0.033	0	0.024	0.031	0.022	0.096	0.023	0.126	0	0.153	0.018	0	0	0.009	0.018 0.067	0.184 0.141	1.016
TCGA.MP.A4TF	0	0.02	0.21	0.047	0 0.122	0.007	0.039	0	0	0.077	0.006	0	0.194	0.101	0.069	0	0.067	0.028	0		0.014	0.117	0.110	1.039
TCGA.MP.A4TI TCGA.MP.A4TK	0.02	0.004	0.044	0.013	0 0.135 0 0.067	0	0.075	0.084	0	0.02	0.022	0	0.24	0.085	0.233	0	0.039	0.029	0 001	0	0	0.000	0.601 0.471	0.807
TCGA.NJ.A4YG	0.012	0.022	0.044	0.043	0 0.158	0	0.063	0.043	0	0.033	0.021	0.023	0.115	0.039	0.227	0.096	0.054	0.069	0.001	0	0.016	0.010	0.471	0.990
TCGA.NJ.A4YI	0	0.003	0.01	0	0 0.167	0	0.062	0.049	0	0.052	0.087	0.114	0.087	0	0.239	0.002	0.041	0.079	0	0.008	0.001	0.173	0.088	1.053
TCGA.05.4382 TCGA.05.4384	0.006	0	0.099	0.009	0 0.099	0	0.051	0.033	0	0.025	0	0.031	0.237 0.156	0.06	0.345	0	0.008	0.01	0	0.003	0.027	0.001	0.353	0.946 1.046
TCGA.05.4389	0.014	0.006	0.034	0.03	0 0.11	0	0.031	0.021	0	0.002	0.039	0.031	0.091	0.074	0.251	0.056	0.008	0.126	0	0.003	0.009	0.000	0.129	0.973
TCGA.05.4396	0.053	0	0.071	0	0 0.219	0	0.093	0.039	0	0.083	0	0	0.117	0.076	0.214	0	0.011	0	0.012	0	0.013	0.310	0.053	1.064
TCGA.05.4397 TCGA.05.4398	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	0 048	0.057	0.056	0	0	0.005	0.008	0.261	0.992
TCGA.05.4402	0.058	0	0.128	0.02	0 0.055	0.003	0.054	0.034	0	0.015		0.029	0.116	0.039		0.040	0.055	0.055	0	0	0.029	0.012	0.224	0.992
TCGA.05.4410	0	0.071	0.234	0.072	0 0.137	0.024	0.069	0.021	0	0.046	0	0.015	0.049	0.1	0.123	0	0	0.038	0	0	0.001	0.029	0.168	1.005
TCGA.05.4420 TCGA.05.4424	0.043	0	0.125	0.049	0 0.14 0 0.214	0	0.06	0	0	0.057	ο ο	0.013	0.035 0.105	0.056	0.227	0	0.034	0.07	0.041	0	0.19	0.255	0.064	1.062 0.995
TCGA.05.4424	0	0.007	0	0	0 0.247	0	0.03	0.005	0	0.023	0	0	0.245	0.064	0.328	0.028	0	0.07	0	0	0	0.009	0.498	0.867
TCGA.05.4426	0.052	0	0	0.012	0 0.227	0	0	0.047	0	0.024	0.004	0.057	0.299	0.019	0.214	0	0	0.03	0	0	0.015	0.015	0.205	1.020
TCGA.05.4430 TCGA.05.4434	0.011	0.007	0.012	0.023	0 0.112 0 0.098	0.008	0.03	0.039	0	0.008	0.007	0.012	0.176 0.167	0.035 0.133	0.369	0.047	0.044	0.063	0	0	0.018	0.000	0.408	0.916 0.922
TCGA.05.5423	0.022	0.024	0.02	0	0 0.159	0	0.038	0.028	0	0.004	0	0.027	0.057	0.011	0.292	0.152	0.072	0.066	0	0	0.028	0.008	0.268	0.975
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	0.008	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	0	0.068	0.023	0.227 0.281	0.042	0.03	0.014	0.01	0	0.032	0.276	0.060 0.376	1.053 0.954
TCGA.35.4122	0.006	0	0.08	0.084	0 0.114	0.002	0.089	0	0	0	0.019	0.017	0.048	0.072	0.374	0.008	0.04	0.029	0	0	0.017	0.000	0.452	0.892
TCGA.35.4123	0.021	0	0.035 0.096	0.18	0 0.11 0 0.165	0.036	0.1	0.036 0.082	0	0.004	0.019	0.024	0.125	0.03 0.121	0.24 0.235	0.007 0.015	0.012	0.011	0.011	0	0.007	0.000	0.466 0.315	0.884 0.956
TCGA.35.5375 TCGA.38.4625	0.012	0	0.096	0.099	0 0.165	0	0.085	0.082	0	0.003	0.006	0.003	0.051 0.195	0.121	0.235	0.015	0.018	0.02	0	0.001	0.007	0.006	0.315	0.956
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	0.007	0.288	0.977
TCGA.38.4627	0.047	0	0.023	0.01	0 0.191	0	0.006	0 012	0	0.019	0	0.066	0.031	0.018	0.474	0.005	0.053	0.048	0	0	0.008	0.000	0.369	0.934
TCGA.38.4628 TCGA.38.4631	0.038	0	0.011	0.018	0 0.034 0 0.092	0.014	0.038	0.017	0	0.058	0.015	0.052 0.004	0.172 0.148	0.091	0.449	0.037	0.031	0.079	0.015	0	0.011	0.008 0.107	0.261 0.115	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	0.008	0.285	0.965
TCGA.38.6178 TCGA.38.7271	0.138	0 222	0.127	0.071	0 0.212 0 0.203	0.008	0.005 0.056	0.027	0	0.044	0	0.006 0.018	0.013 0.114	0.057	0.238 0.117	0	0.05	0.075	0.005	0	0	0.070	0.139 0.394	1.017 0.920
TCGA.38.7271 TCGA.38.A44F	0.029	0.233	0.034	0.071	0 0.203	0.002	0.056	0.03	0	0.055	0.002	0.018	0.114	0.053	0.239	0.04	0.005	0.013	0.005	0	0	0.000	0.394	0.920
TCGA.44.2655	0.045	0.102	0.134	0.025	0 0.166	0	0.066	0.008	0	0	0.011	0.014	0.047	0.023	0.207	0.099	0.013	0.039	0	0	0	0.012	0.224	0.984
TCGA.44.2656 TCGA.44.2657	0.006 0.064	0.017 0.102	0.073	0.132	0 0.134 0 0.102	0.016	0.047 0.108	0.027	0	0.03		0.017	0.101	0.097	0.216 0.199	0.013	0.017	0.055	0	0	0.002	0.008	0.280 0.371	0.969 0.929
TCGA.44.2657 TCGA.44.2659	0.005	0.102	0.079	0.149	0 0.246	0	0.108	0.035	0	0.014	0	0.007	0.026	0.069	0.199	0	0.004	0.042	0	0	0.002	0.000	0.371	1.017
TCGA.44.2662	0.003	0	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	0	0.046	0	0	0.048	0.014	0.208	1.024
TCGA.44.2665 TCGA.44.2666	0.05	0.002	0.002	0.063	0 0.191	0	0.001	0.001	0	0.036	0.023	0.002	0.23 0.017	0	0.339	0.038	0.095 0.071	0.06	0	0.022	0.003	0.015	0.203	1.026
TCGA.44.2666 TCGA.44.2668	0.003	0	0.068	0.063	0 0.16 0 0.096	0.066	0.048	0.026	0	0	0.023	0.039	0.398	0.081	0.181	0.003	0.071	0.263	0.038	0.022	0.01	0.079	0.132	1.031 0.885
TCGA.44.3396	0.011	0.019	0.054	0	0 0.173	0	0.067	0.009	0	0.046	0	0	0.25	0.054	0.224	0	0.02	0	0.041	0	0.032	0.000	0.426	0.905
TCGA.44.3398 TCGA.44.3918	0.008	0	0.015 0.052	0.111	0 0.184 0 0.152	0.014	0.012	0.031	0	0.022	0.066	0.013	0.017 0.091	0 0.119	0.181	0.259	0.073	0.14	0	0	0.01	0.009	0.238 0.361	0.988
TCGA.44.3918 TCGA.44.3919	0.016	0	0.052	0.111	0 0.152	0.014	0.07	0.031	0	0.055	0.003	0.003	0.091	0.119	0.241	0.028	0	0.039	0	0	0.002	0.000	0.361	0.935
	0.034	0	0.105	0.023	0 0.172	0.011	0.029	0	0	0.03	0	0.012	0.042	0.014	0.354	0.017	0.091	0.046	0	0	0.021	0.212	0.076	1.049
TCGA.44.4112	0.054																							

					1	T cells CD4	T cells CD4	T cells	T cells	T cells						Dendritic	Dendritic							
Input Sample	naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 r naive r	resting	activated		regulatory (Tregs)		activated	Monocytes	М0	M1	sMacrophage: M2	resting		Mast cells resting		Eosinophil	sNeutrophils		Pearson Correlation	
TCGA.44.5643 TCGA.44.5644	0.094	0	0.039	0.083	0	0.079	0.038	0.097	0.068	0 0.066	0.026	0.02	0.105 0.151	0.071	0.185	0.028	0.019	0.009	0	0	0.027	0.009	0.235	0.987 1.060
TCGA.44.5645	0	0.136	0	0.035	0	0.219	0.002	0.046	0.056	0 0.018	_	0.037	0.078	0.003	0.183	0.05	0.075	0.055	0	0	0	0.008	0.284	0.965
TCGA.44.6148 TCGA.44.6774	0.063	0.017	0.142	0.036	0	0.113	0.013	0.067	0.051	0 0.009	0.002	0.068	0.017	0.055	0.309	0	0.018	0.137	0	0	0.003	0.023	0.174	1.005 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	0.294	0.026	0.047	0.061	0	0	0.002	0.000	0.385	0.930
TCGA 44 6778	0.007	0.013	0.054	0.028	0	0.079	0.022	0.025	0.043	0 0.007	0.013	0.052	0.144 0.167	0.028	0.356	0.087	0.001	0.053	0	0	0.012	0.000	0.406	0.915 0.956
TCGA.44.7660	0.102	0.032	0.041	0.059	0	0.119	0.022	0.114	0.026	0 0.04		0.003	0.063	0.098	0.318	0	0	0.014	0	0	0	0.029	0.167	1.021
TCGA.44.7662 TCGA.44.7667	0.024	0	0.08	0.035	0	0.088	0.006	0.032	0.048	0 0.048	0.045	0 003	0.256	0.072	0.266	0	0	0.035	0	0	0.009	0.006	0.304	0.967 0.973
TCGA.44.7687	0.023	0	0.042	0.022	0	0.072	0.017	0.042	0.007	0 0	0.045	0.002	0.458	0.068	0.183	0	0.031	0.019	0	0.005	0	0.426	0.035	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	0.010	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	0.008	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	0.161	0.062	0.027	0.022	0.014	0.02	0	0	0	0.034	0.163	1.009
TCGA.49.4486 TCGA.49.4488	0.099	0.03	0.273	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 0.017	0	0	0.005	0.206 0.057	0.080	1.032
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 TCGA.49.4501	0.016	0.052	0.017	0.007	0	0.025 0.116	0	0.108	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	0.002	0.343 0.175	0.948 1.007
TCGA.49.4512	0.042	0.002	0.034	0.001	0	0.116	0	0.043	0.049	0 0	0.042	0.055	0.209	0.023	0.213	0.04	0.035	0.109	0	0	0	0.023	0.229	1.007
TCGA.49.4514 TCGA.49.6742	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 0.189	0	0.112	0.043	0 0.064	0.029	0.024	0.153 0.198	0.052	0.137	0	0.129	0.191	0	0	0.012	0.144	0.098	1.040 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 TCGA.49.6761	0.027	0.066	0.001	0.071	0	0.183	0.02	0.06	0.035	0 0.026	0.061	0.042	0.121 0.125	0.049	0.243	0.017	0.057	0.042	0	0	0.005	0.041	0.159 0.235	1.023 0.992
TCGA.49.6767	0	0	0	0.108	0	0.14	0	0.029	0.052	0 0.005	0.04	0	0.398	0.09	0.097	0	0	0.043	0	0	0	0.000	0.366	0.946
TCGA.49.AAQV TCGA.49.AAR2	0.113	0.013	0.022	0.047	0	0.174	0	0.093	0.033	0 0.017	0.001	0 001	0.319	0.063	0.086 0.169	0	0.007	0.025 0.019	0 0.	0	0.006	0.014	0.207	1.014 1.006
TCGA.49.AAR3	0	0.015	0.019	0.149	0	0.093	0.064	0.063	0.028	0 0.027		0	0.266	0.029	0.109	0	0	0.019	0	0	0	0.000	0.462	0.886
TCGA.49.AAR4	0.023	0.005	0.044	0.34	0	0.064	0.024	0.112 0.115	0.025	0 0.024	0.064	0	0.192	0.055 0.046	0.094	0	0.084	0.004	0	0	0	0.000	0.362 0.243	0.941 1.015
TCGA.49.AAR9 TCGA.49.AARE	0.075	0.006	0.017	0.111	0	0.013	0.005	0.115	0.025	0 0.059		0	0.361	0.046	0.069	0	0.002	0.03	0	0	0	0.009	0.243	0.978
TCGA.49.AARN TCGA.49.AARR	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.AARR TCGA.50.5044	0.128	0.023	0.039	0.102 0.121	0	0.063	0.025	0.099	0.004	0 0.061	0.059	0.006	0.1	0.023	0.231	0.015	0.109	0.112	0	0	0.007	0.014	0.211	0.995
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	0.000	0.470	0.885
TCGA.50.5049 TCGA.50.5055	0.051	0.109	0.048	0.14	0	0.13		0.07	0.042	0 0.01	. 0	0.033	0.21	0.094	0.144	0.008	0	0.019	0.012	0	0	0.000	0.490 0.463	0.872 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 TCGA.50.5930	0.041	0.01	0.063	0.088	0	0.185	0 006	0.078	0.025	0.006 0	0	0.012	0.068	0.137	0.157 0.172	0.108	0	0.048	0	0	0	0.000	0.396	0.918
TCGA.50.5931	0.056	0.041	0.045	0.088	0	0.008	0	0.229	0.025	0 0	0.049	0	0.328	0.027	0.101	0	0.064	0	0.007	0	0	0.100	0.120	1.058
TCGA.50.5935 TCGA.50.5942	0.003 0.042	0.017	0.178	0.057	0	0.204	0	0.017	0.094	0.072 0	0 000	0.037	0.19	0.049	0.23	0.011	0.059	0.053	0	0	0	0.017 0.087	0.198 0.125	1.013
TCGA.50.5944	0.042	0	0.178	0.057	0	0.221	0	0.042	0.026	0 0.007	0.057	0.037	0.07	0.027	0.144	0.032	0.019	0.171	0	0	0	0.007	0.112	1.043
TCGA.50.5946 TCGA.50.6590	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	0.634	0.009	1.073
TCGA.50.6590 TCGA.50.6591	0.002	0.026	0.047	0.078	0	0.127 0.217	0.024	0.03	0.054	0 0.009	0.025	0	0.252	0.116 0	0.184	0	0	0.025	0.002	0	0	0.000	0.411	0.913 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	0.234	0.096	0.158	0	0	0.013	0	0	0.008	0.002	0.345	0.945
TCGA.50.6593 TCGA.50.6594	0.007	0.019	0.009	0.022	0	0.051	0	0.032	0.03	0 0.047	0.024	0.036	0.315	0.012	0.235	0.08	0.026	0.086	0	0	0.017	0.006 0.182	0.319	0.968 1.039
TCGA.50.6595	0.004	0	0.004	0.039	0	0.112	0	0.047	0.032	0 0.072	0	0	0.173	0.218	0.265	0	0.027	0.008	0	0	0	0.000	0.491	0.873
TCGA.50.6597 TCGA.50.6673	0.009	0.025	0.157	0.077	0	0.256	0	0.017	0.106	0 0.005	0.025	0.004	0.016	0.077	0.127	0.038	0.029	0.037	0	0	0	0.006	0.291	0.963 1.046
TCGA.50.8457	0	0.142	0.18	0.092	0	0.134	0	0.064	0.025	0 0.001	0.001	0.07	0	0.036	0.178	0	0.007	0.069	0	0	0	0.008	0.249	0.974
TCGA 53 7624	0.095	0.088	0.089	0.062	0	0.103	0 004	0.037	0.075	0 0.035	0.04	0.127	0.024	0.198	0.109	0.059	0.068	0.119	0	0	0	0.302	0.054	1.042
TCGA.53.7626	0.051	0.043	0.038	0.088	0	0.217	0.005	0.046	0.022	0 0.031		0.034	0.09	0.055	0.222	0.01	0.001	0.037	0.002	0	0.008	0.028	0.170	1.014
TCGA.53.A4EZ TCGA.55.1592	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	0	0 000	0.432	0.034	1.054
TCGA.55.1594	0.031	0	0.102	0.022	0	0.107		0.076	0.013	0 0.053	0.004	0.047	0.122	0.019	0.264	0.003	0	0.034	0	0	0.019	0.008	0.262	1.019
TCGA.55.5899	0.034	0	0.028	0.012	0	0.137	0.02	0.044	0.037	0 0.048		0	0.339	0.085	0.175	0	0	0.043	0	0	0	0.009	0.237	1.006
TCGA.55.6543 TCGA.55.6712	0.04	0.005	0.048	0.053	0	0.174	0	0.047	0.031	0 0.009	0.022	0.049	0.187	0.02	0.2	0	0.023	0.104 0.066	0	0	0.036	0.079	0.131	1.034 0.927
TCGA.55.6968	0.02	0	0.082	0	0	0.008	0	0.052	0.048	0.03 0	0.02	0	0.46	0.095	0.14	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	0.004	0	0.115	0	0.083	0.055	0 0.019		0.012	0.34	0.055	0.119 0.155	0	0.025	0.033	0	0	0.008	0.000	0.485	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	0.044	0.049	0.029	0.027	0.006	0.014	0.09	0	0	0	0.204	0.080	1.027
TCGA.55.6978 TCGA.55.6979	0.005	0.006	0.008	0.108	0	0.194	0.002	0.065	0.023	0 0.019	0.035	0.001	0.058	0.152	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	0.065	0 0.007	0.014	0.084	0	0.021	0.168	0.129	0.117	0.033	0	0	0.002	0.018	0.193	1.006
TCGA.55.6981 TCGA.55.6982	0.033	0.078	0.029	0	0	0.051 0.051		0.123	0.012 0.022	0 0.01	0.014	0.022	0.167 0.215	0.128	0.175 0.275	0.066	0.117	0.113	0	0	0	0.055 0.006	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	0.048	0	0.222	0.069	0.206	0	0.029	0.055	0	0	0	0.028	0.169	1.026
TCGA.55.6986 TCGA.55.6987	0.062	0.019 0.066	0.024	0.051 0.125	0	0.166 0.185	0.002	0.061	0.018	0 0.03		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	0.016 0.000	0.201	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 0.059	0.027	0.025	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	0.103	0	0.244	0.081	0	0.08	0.01	0.118	0.004	0 0.025		0	0.1	0.035	0.132	0	0.015	0.043	0	0	0	0.079	0.133	1.015
TCGA.55.7573 TCGA.55.7724	0.144	0.076	0.038	0.039	0	0.168	0.014	0.131	0.002	0 0.015	0.015	0.025	0.051	0.048	0.118	0.061	0.031	0.078	0	0	0.057	0.100	0.120 0.375	1.031 0.929
TCGA.55.7727	0.095	0.053	0.042	0	0	0.183	0.02	0.073	0	0.022 0.014		0	0.03	0.058	0.316	0.008	0.031	0.055	0	0	0	0.033	0.164	1.014
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 0.064		0.16	0.121	0.074	0.53 0.177	0.014	0.015	0.034	0	0	0	0.006	0.316 0.147	0.969 1.034
TCGA.55.7994	0.029	0	0	0.069	0	0.072	0.003	0.074	0.006	0 0.032	0.037	0	0.216	0.098	0.273	0.011	0.005	0.071	0	0	0.003	0.006	0.317	0.962
TCGA.55.7995 TCGA.55.8085	0.025 0.026	0.024	0.085	0.095	0	0.069		0.055 0.126	0.063	0 0.019	0.032	0.026	0.343	0.128	0.072	0	0.051	0.05	0	0	0.01	0.000	0.509 0.260	0.860 0.982
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	0.022	0.180	1.015
TCGA.55.8089 TCGA.55.8091	0.028 0.018	0	0.033	0.117	0	0.12	0.021	0.041	0.034	0 0.031 0 0.034		0.016	0.106 0.081	0.15 0.065	0.209	0.046	0.006 0.065	0.069 0.096	0	0	0 0.013	0.000 0.010	0.481 0.230	0.876 0.990
TCGA.55.8091 TCGA.55.8096	0.018	0.003	0.033	0.007	0	0.19	0	0.005	0.05	0 0.034		0.013	0.081	0.065	0.293	0.046	0.005	0.096	0	0	0.001	0.010	0.230	0.990
TCGA.55.8204	0.018	0	0.228	0.035	0	0.149	0	0.035	0	0 0.031	. 0	0.009	0	0.123	0.217	0.021	0.031	0.056	0	0	0.048	0.014	0.214	0.991
TCGA.55.8205 TCGA.55.8206	0.01	0.014	0.002	0.075	0	0.144	0.036	0.062	0.02	0 0.031	0.03	0.036	0.073	0.118	0.373 0.147	0.004	0.025	0.019	0	0	0.004	0.000	0.380	0.929 1.022
TCGA.55.8208	0.037	0.032	0.024	0	0	0.088	0	0.094	0.026	0 0.021	. 0	0	0.2	0.128	0.323	0	0	0.024	0	0	0.004	0.000	0.541	0.842
TCGA.55.8301 TCGA.55.8505	0.003	0.034	0.034	0.051	0	0.161 0.076	0	0.034	0.066	0 0.04		0	0.262	0.197	0.067	0.003	0.003	0.043	0	0	0 004	0.000 0.012	0.511 0.222	0.859 1.035
TCGA.55.8506	0	0.014	0.143	0.026	0	0.108	0.02	0.018	0.042	0 0.062		0.016	0.371	0.022	0.133	0	0	0.069	0	0	0	0.012	0.222	0.983
												<u> </u>			·									

Input Sample		B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	T cells CD4	memory	follicular	regulatory	T cells gamma N delta n		NK cells activated	Monocytes	Macrophages	Macrophages M1	Macrophages	cells	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells	Eosinonhil	sNeutrophils	· P. value	Pearson Correlation	DMCE
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 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	0.003	0	0	0.009	0.238	0.989
TCGA.55.8614	0.001	0	0.04	0.007	0	0.178	0	0.13	0.067	0	0	0.075	0.022	0.304	0.043	0.093	0.021	0.017	0.032	0	0	0	0.139	0.100	1.063
TCGA.55.8619 TCGA.55.8620	0.05	0.089	0.098	0.105	0	0.051 0.055	0	0.082	0.029	0	0.051	0 001	0.015	0.168	0.045	0.255 0.112	0	0	0.038	0	0	0.022	0.008	0.283	0.970
TCGA.55.8621	0.025	0.005	0.043	0.033	0	0.133	0	0.024	0.013	0	0.013	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 TCGA.55.A48Y	0.075	0.284	0 0.171	0.043	0	0.124	0	0.096	0.026	0	0.036	0 007	0	0.097	0.034	0.151 0.134	0	0.057	0.034	0	0	0.019	0.008	0.253 0.287	0.984
TCGA.55.A48Z	0.043	0	0.171	0.021	0	0.1	0.002	0.072	0.074	0	0.007	0.007	0	0.347	0.084	0.144	0	0.037	0.016	0.003	0	0.019	0.007	0.288	0.978
TCGA.55.A491 TCGA.55.A493	0.08	0	0.14	0.066	0	0.134	0 0007	0.036	0.045	0	0.016	0.003	0.002 0.015	0.204	0.084	0.167	0	0	0.022	0	0	0.001	0.009	0.241	0.986
TCGA.55.A495	0.102 0.046	0	0	0.066	0	0.163 0.205	0.027 0.016	0.042	0.093	0	0.04	0.018	0.015	0.162 0.286	0.105	0.197	0.002	0.026 0	0.026	0	0	0	0.005	0.318	0.956 0.955
TCGA.55.A4DG	0.054	0.219	0.038	0.081	0	0.147		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.A57B TCGA.62.8394	0.033	0	0.014	0.022	0	0.189 0.19	0	0.018	0.033	0	0.013 0.019	0.01	0.069	0.029 0.318	0.002	0.246	0.191	0.067	0.08	0	0	0.001	0.122 0.053	0.106 0.153	1.041
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 TCGA.62.8399	0.038	0	0.101	0.026	0	0.162 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	0	0.052	0.056	0.149	1.013
TCGA.62.8402	0.035	0	0	0	0	0.224	0.003	0.023	0.061	0.001	0	0.03	0	0.29	0.162	0.13	0	0	0.04	0	0	0	0.000	0.417	0.914
TCGA.62.A460 TCGA.62.A46U	0.104	0 003	0.352	0	0	0.024	0	0.084	0.013	0	0.02	0.039	0.004	0.091	0.106	0.061 0.131	0	0.125	0.102	0	0	0 002	0.024	0.173 0.558	0.998
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	0.002	0.053	0.153	1.017
TCGA.62.A46Y	0.028	0.006	0.011	0.057	0	0.127 0.11	0	0.065	0.002	0	0.042	0.05	0.025	0.066 0.132	0.061	0.369 0.073	0.079	0.01	0.048	0	0	0.005	0.116 0.186	0.111	1.047 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	0.003	0.155	0.096	1.045
TCGA.64.1676 TCGA.64.1679	0.029	0	0.053 0.076	0.071	0	0.116	0.007	0.053	0.006	0	0	0.016	0.106	0.05	0.06	0.333	0.058	0.019	0.043	0	0	0.029	0.008	0.255 0.322	0.981
TCGA.64.1679	0	0.009	0.086	0	0	0.234	0	0.014	0.032	0	0	0.008	0.006	0	0.05	0.293	0.049	0.044	0.149	0	0	0.006	0.084	0.322	1.027
TCGA.64.1681 TCGA.64.5779	0.006 0.066	0.01	0.035	0.109	0	0.165 0.172	0.032	0.052 0.067	0.038	0	0.018 0.014	0	0.029	0.174 0.074	0.119 0.042	0.12 0.047	0.064	0.074	0.097	0	0	0	0.008	0.260 0.128	0.982 1.023
TCGA.64.5779 TCGA.64.5781	0.000	0.038	0.094	0.109	0	0.172	0.032	0.067	0.044	0	0.014	0.074	0.011	0.074	0.042	0.047	0	0.039	0.006	0	0	0	0.082	0.128	0.981
TCGA.67.3770 TCGA.67.3771	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	0.008	0.279	0.970 0.927
TCGA.67.3771	0.076	0	0.077	0.053	0	0.081	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	0.927
TCGA.67.6215 TCGA.67.6216	0	0.021	0.001	0.003	0	0.207	0	0.018	0.061	0	0.012	0.031	0.048	0.064	0.01	0.294	0.036	0.046	0.157	0	0	0.011	0.092	0.123	1.035
TCGA.67.6216	0	0.104	0.036 0.114	0.012	0	0.137 0.155	0.005	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	0.238	0.069 0.129	1.043
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	0.351	0	0	0	0.004	0.079	0.133	1.061
TCGA.69.7761 TCGA.69.7764	0.016	0.036	0.172 0.224	0.047	0	0.17 0.312	0.041	0.055 0.111	0.004	0	0.045	0	0.03	0.107	0.167	0.1	0	0.007	0.035	0	0	0.013	0.006	0.328 0.121	0.949 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 TCGA.69.8255	0.057	0	0.094	0.03	0	0.072	0.048	0.08	0.004	0	0.031	0.013	0.015	0.192	0.123	0.235	0	0.004	0.066	0	0	0.001	0.127	0.105 0.241	1.051 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	0.352	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	0.418	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	0.006	0.325	0.954
TCGA.73.4666 TCGA.73.4668	0	0.03	0.102	0.153	0	0.02	0.115	0.068	0.002	0	0.093	0	0.011	0.051	0.104	0.276 0.153	0	0.05	0.057	0	0	0	0.002	0.342	0.945 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	0.338	0	0.245	0	0.073	0.063	0	0	0	0.012	0.225	1.017
TCGA.73.4676 TCGA.73.7499	0.003	0.003	0.009	0.085	0	0.115	0.031	0.047	0.002	0	0.013	0.007	0.095	0.134	0.132	0.276	0.001	0.06	0.168	0	0	0	0.026	0.171	1.020 0.900
TCGA.75.5122	0.004	0	0.022	0.187	0	0.113	0.029	0.047	0.01	0	0	0	0.04	0	0.066	0.393	0.062	0	0	0.022	0	0.005	0.000	0.481	0.876
TCGA.75.5125 TCGA.75.5147	0.012	0	0.014	0.008	0	0.161 0.161	0.017	0.057	0.008	0	0.018	0.034	0.001	0.019	0.164	0.346	0.001	0.048	0.108	0	0	0.002	0.000	0.426	0.906 0.963
TCGA.75.6203	0.023	0	0.103	0.012	0	0.133	0	0.012	0.014	0	0.010	0	0.017	0.204	0.018	0.405	0.003	0.014	0.048	0	0	0.013	0.000	0.358	0.945
TCGA.75.6205 TCGA.75.6207	0.003	0.022	0.001	0.042	0	0.212	0.023	0.017	0.017	0	0.07	0	0.005	0.11	0.093	0.336	0.008	0.037	0.04	0	0	0.028	0.000	0.392	0.922 1.063
TCGA.75.6211	0	0	0.281	0.066	0	0.14	0.025	0.043	0.076	0	0.048	0	0.018	0.000	0.005	0.184	0.012	0.016	0.035	0	0	0.012	0.131	0.103	1.026
TCGA.75.6212 TCGA.75.6214	0.105	0.045	0.089	0.007	0	0.149	0	0.043	0.006 0.075	0	0.007 0.028	0.002	0.006	0.022	0.013 0.079	0.206 0.179	0.148	0.03	0.12	0	0	0.003 0.024	0.065 0.107	0.142 0.115	1.015
TCGA.75.7025	0.043	0.142	0.016	0.056	0	0.148	0	0.034	0.073	0	0.028	0.016	0.074	0.323	0.01	0.203	0.092	0.061	0.067	0	0	0.024	0.107	0.113	1.005
TCGA.78.7146	0.021	0	0.035	0.066	0	0.148	0.02	0.086	0 076	0	0	0.031	0.015	0.177 0.053	0.071	0.18	0 004	0.129 0.021	0.021	0	0	0	0.099	0.121 0.177	1.048
TCGA.78.7147 TCGA.78.7149	0.097	0	0.401	0.087	0	0.187 0.051	0	0.03	0.076	0	0.014	0.01	0.032	0.053	0.159 0.054	0.128 0.108	0.004	0.021	0.073	0	0	0.001	0.023	0.177	1.022
TCGA 78.7150	0.124 0.056	0.03	0.128 0.092	0 0.129	0	0.139 0.038	0	0.098	0.046	0	0	0.052 0.037	0	0.19 0.055	0.044	0.102	0	0.058 0.025	0.014	0	0	0.004	0.104 0.244	0.117	1.033 1.046
TCGA.78.7153 TCGA.78.7154	0.056	0.03	0.092	0.129	0	0.359	0	0.139	0.007	0	0.039	0.037	0.041	0.055	0.025	0.23	0	0.025	0.138	0	0.003	0	0.244	0.066	1.046
TCGA.78.7155 TCGA.78.7158	0.094	0	0.011	0.161	0	0.173	0.029	0.077	0 020	0	0 000	0	0.031	0.007 0.102	0.121	0.284 0.217	0	0.003	0.01	0	0	0	0.301	0.055	1.076
TCGA.78.7158	0.026 0.036	0.009	0.008	0.008	0	0.199 0.132	0	0.02	0.029 0.015	0	0.006	0.016	0.074	0.102	0.017	0.217	0.09	0.041	0.139	0	0	0	0.201 0.008	0.081 0.246	1.048 0.983
TCGA.78.7163 TCGA.78.7536	0.001	0	0.035 0.116	0.162 0.112	0	0.001 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	0 003	0.496 0.017	0.025 0.194	1.082 1.006
TCGA.78.7536 TCGA.78.7537	0	0.022	0.116	0.112	0	0.032	0	0.071	0.005	0	0.00	0.042	0.046	0.033	0.127	0.303	0.02	0.047	0.073	0	0.001	0.001	0.017	0.194	1.006
TCGA 78.7542	0.003	0	0.013	0.05	0	0.036		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	0.010	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	0.297	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 TCGA.78.8662	0.015	0.031	0.144	0.054	0	0.143 0.134	0.006	0.124	0.053	0	0.059	0.008	0.008	0.212	0.072	0.211	0	0.007	0	0.004	0	0	0.000	0.394	0.921 1.057
TCGA.80.5607	0.002	0.024	0.069	0.086	0	0.158	0.044	0.088	0	0	0.002	0	0.016	0	0.104	0.255	0.037	0.04	0.074	0	0	0	0.108	0.114	1.035
TCGA.80.5611 TCGA.86.6562	0.004	0	0.016 0.034	0	0	0.043 0.175	0	0.035	0.052 0.05	0.004	0.028	0	0.069	0.455	0.117 0.021	0.128 0.347	0.006	0.015	0.043	0.01	0	0.02	0.000	0.481	0.883 1.017
TCGA.86.6851	0.006	0.013	0.113	0.084	0	0.124	0.019	0.062	0.041	0	0.051	0.016	0	0.141	0.098	0.166	0.001	0	0.065	0	0	0	0.002	0.345	0.940
TCGA.86.7701 TCGA.86.7711	0.072	0.003	0.156 0.022	0.041	0	0.254 0.106	0.022	0.06	0.041	0	0.023	0.024	0.001	0.105 0.346	0.036 0.015	0.047 0.109	0	0.032 0.015	0.076	0.163	0	0.008	0.102	0.118 0.175	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	0.014	0.212	1.003
TCGA.86.7954 TCGA.86.7955	0.028 0.157	0	0.002	0.027 0.055	0	0.191 0.079		0.065 0.114	0.058	0	0.024	0.013 0.026	0.018	0.028 0.067	0.232	0.237	0	0.003	0.074	0	0	0.001	0.000 0.207	0.355	0.950 1.044
TCGA.86.8055	0.045	0	0.094	0.008	0	0.109	0.009	0.034	0.022	0	0.026	0	0	0.258	0.047	0.226	0	0.057	0.044	0	0	0.021	0.008	0.249	0.990
TCGA.86.8073	0.061	0	0.002	0.042	0	0.091 0.136	0	0.05	0.017	0	0.025	0.027	0.063	0.081	0.063	0.422	0.053	0.045	0.085	0	0	0.021	0.117 0.014	0.110	1.053
TCGA.86.8075	0.051	0	0.108	0	0	0.088	0	0.047	0.024	0	0.01	0	0	0.21	0.015	0.264	0.003	0.137	0.022	0	0	0.021	0.022	0.180	1.022
TCGA.86.8278 TCGA.86.8279	0	0.009	0.072	0.041	0	0.141 0.076	0	0.037	0.029	0	0.063	0.004	0.018	0.089	0.077	0.203 0.178	0.063 0.101	0.045	0.107 0.036	0	0	0.002	0.124 0.061	0.106 0.144	1.035 1.062
TCGA.86.8358	0.091	0	0.008	0.048	0	0.104	0.008	0.082	0.019	0	0.037	0	0	0.252	0.062	0.209	0	0	0.036	0	0	0	0.017	0.196	1.012
TCGA.86.8585 TCGA.86.8668	0.068	0.014	0.131	0.124 0.027	0	0.027 0.106	0.009	0.109	0.068	0	0.05	0	0 000	0.311 0.115	0.064	0.153 0.207	0 002	0 006	0.002	0	0	0	0.000 0.024	0.411	0.914 1.005
TCGA.86.8669	0.003	0	0.131	0.027	0	0.106	0.015	0.087	0.033	0	0.021	0	0.009	0.115	0.076	0.207	0.002	0.008	0.008	0	0	0	0.024	0.173	1.010

			Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	T cells CD4	memory	T cells follicular helper	regulatory	T cells gamma Ni delta re		NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages	Dendritic cells resting		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		0.097	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	0.006	0.290	0.966 1.044
TCGA.86.A4P7	0.054	0.055	0.057	0.094		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	0.009	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	0.006	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	0.024	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	0	0.029	0	0	0.017	0.008	0.278	0.980
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	0.012	0.221	1.001
TCGA.91.6847 TCGA.91.6848	0.113	0 007	0.013 0.017	0.082	0	0.154	0.024	0.055	0.039	0	0.086	0.056	0.014	0.114	0.093	0.049	0.075	0	0.057	0	0	0 002	0.973	-0.037 0.269	1.108 0.984
TCGA.91.8496	0.007	0.007	0.017	0.054	0	0.1	0.024	0.004	0.006	0	0.02	0	0.145	0.151	0.011	0.308	0.066	0.004	0.111	0	0	0.012	0.009	0.238	0.999
TCGA.91.8497 TCGA.91.8499	0.032	0.176	0.158 0.041	0.037		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	0.006	0.307	0.953
TCGA.91.8499	0.009	0	0.041	0.036 0.375		0.169	0.036	0.101	0.05	0	0.015	0.011	0.001	0.14	0.117	0.122	0.001	0	0.031	0	0	0	0.009	0.392	0.996
TCGA.91.A4BD	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	0.337	0.004	0.04	0.116	0	0	0	0.006	0.292	0.968
TCGA.93.7348 TCGA.93.A4JN	0.05	0.019	0.165 0.105	0.04	0	0.149	0.011	0.069	0.024	0	0.02	0	0.01	0.128	0.044	0.06	0	0.004	0.018	0	0	0	0.024	0.173	1.022
TCGA.93.A4JP	0.032	0	0	0	0	0.031	0	0.101	0	0	0	0.039	0.021	0.158	0.075	0.321	0	0.105	0.109	0	0	0.007	0.008	0.247	0.997
TCGA.93.A4JQ TCGA.95.7043	0.018	0.203	0.179	0.02	0	0.136 0.085	0	0.136	0.033	0	0.061	0.026	0.013	0.227	0.08	0.083	0	0.001	0.032	0.001	0	0	0.002	0.346 -0.017	0.943 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	0.000	0.357	0.941
TCGA.95.7947 TCGA.95.7948	0.12	0	0.029 0.118	0.098	0	0.158 0.161	0	0.087	0.019	0	0.032	0.024	0.049	0.087	0.077	0.236	0.042	0.022	0.029	0	0	0.005	0.014	0.207 0.025	1.002
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	0.266	0.083	0.084	0.079	0	0	0.002	0.008	0.246	0.982
TCGA.95.8494 TCGA.97.7546	0.067	0.089	0.005	0.034		0.085	0.017	0.031	0.038	0	0.017	0.024	0.19	0.023	0.065	0.155	0.108	0.125	0.059	0	0	0 005	0.108	0.114	1.032
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	0.000	0.017	0.05	0	0	0	0.078	0.134	1.023
TCGA.97.7552 TCGA.97.7553	0.048	0.209	0.053	0.129	0	0.146 0.118	0	0.037 0.044	0.043	0	0.042	0.003	0.011 0.021	0.104	0.077	0.118	0.021	0.001	0.027 0.057	0	0	0.039	0.006	0.305 0.294	0.958
TCGA.97.7553	0.048	0	0.148	0.006	0	0.118	0	0.044	0.002	0	0.024	0	0.021	0.235	0.043	0.233	0.008	0	0.057	0	0	0.004	0.006	0.294	1.041
TCGA.97.8171 TCGA.97.8172	0.086	0	0.108	0.01	0	0.067 0.111	0	0.056	0.012	0	0	0.021	0	0.279 0.049	0.009	0.294	0	0.015 0.013	0.043	0	0	0	0.081	0.128	1.053 0.943
TCGA.97.8172	0.062	0.195	0.011	0.063	0	0.205	0.005	0.019	0	0	0.025	0	0.018	0.049	0.035	0.231	0	0.013	0.103	0	0	0	0.003	0.338	0.943
TCGA.97.8175	0.004	0	0	0	0	0.052	0	0.1	0.085	0	0.022	0	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 TCGA.97.8547	0.005	0.048	0.004	0.066	0	0.035 0.125	0	0.065	0.061 0.052	0	0.033	0.006	0.047	0.084	0.02	0.325	0.083	0.015	0.103	0	0	0.001	0.007	0.288	0.966 0.961
TCGA.97.8552	0.017	0.094	0	0.036		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	0.009	0.237	0.984
TCGA.97.A4LX TCGA.97.A4M1	0.042	0.029	0.045	0.1		0.139	0.005	0.092	0.059	0	0.003	0.036	0.018	0.022 0.156	0.095	0.264	0.002	0.02	0.037 0.217	0	0	0	0.003	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	0.006	0.315	0.956
TCGA.97.A4M6 TCGA.97.A4M7	0.086	0.004	0.008	0.035	0	0.172	0.002	0.088	0.016	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	0.013	0.216	1.001 0.988
TCGA.99.7458	0.002	0	0	0.023	0	0.212	0	0.075	0.065	0	0	0.048	0.002	0.167	0.027	0.22	0.022	0.056	0.081	0	0	0.003	0.010	0.229	0.996
TCGA.99.AA5R TCGA.J2.8192	0.046	0.133	0 002	0.128	0	0.103	0 001	0.099	0.008	0	0.036	0.014	0.021	0.154 0.158	0.056	0.168	0.062	0.059	0.036 0.052	0	0	0.026	0.008	0.284	0.969
TCGA.J2.A4AD	0.032	0.014	0.088	0.012	0	0.098	0.001	0.1	0.008	0	0.050	0.038	0.003	0.216	0.010	0.164	0.002	0.116	0.139	0	0	0.002	0.359	0.045	1.067
TCGA.J2.A4AE TCGA.L4.A4E5	0.123	0.045	0.092	0.028	0	0.157 0.114	0	0.169 0.095	0.108	0	0.011	0.003	0.01	0.049	0.061	0.158 0.18	0.007	0.037	0.055	0	0	0	0.098	0.121 0.135	1.028
TCGA.L4.A4E6	0.003	0.015	0.09	0.047		0.044		0.055	0.008	0	0.04	0.009	0.014	0.187	0.013	0.465	0	0.003	0.095	0	0	0.001	0.001	0.352	0.951
TCGA.L9.A444 TCGA.L9.A50W	0.009	0.021	0.022	0.115		0.251 0.157	0.053	0.054	0.043	0	0.118	0.048	0.015 0.016	0.056	0.117	0.102	0.134	0 006	0.025	0	0	0 002	0.006	0.312 0.121	0.965 1.020
TCGA.L9.A5IP	0.077	0	0.117	0.059	0	0.137	0.006	0.049	0.095	0	0.068	0.048	0.016	0.010	0.020	0.124	0.134	0.000	0.023	0	0	0.002	0.038	0.121	1.020
TCGA.L9.A743 TCGA.L9.A7SV	0.018	0.08	0.032	0	0	0.186	0.012	0.083	0.013	0	0.055	0	0	0.12	0.034	0.231	0.009	0.102	0.022	0	0	0.002	0.006	0.323	0.950
TCGA.H9.A7SV TCGA.MN.A4N1	0.029	0.005	0.066	0.101	0	0.131	0	0.056	0.03	0	0.111	0.049	0.032	0.008	0.033	0.165	0.006	0.057	0.054	0	0.005	0	0.808	0.011	1.083
TCGA.MN.A4N4 TCGA.MP.A4SV	0	800.0	0.131	0.01	0	0.011	0.002	0.039	0.037	0	0.023	0	0	0.577	0.014	0.106	0	0.02	0.042	0	0	0	0.000	0.508	0.872
TCGA.MP.A4SV TCGA.MP.A4SW	0.002	0.043	0.064	0.118	0	0.136 0.163	0.021	0.092	0.063	0	0.063	0	0.011	0.113 0.155	0.064	0.162 0.189	0	0.02	0.029	0	0	0	0.060	0.145 0.160	1.026
TCGA.MP.A4T6	0.07	0	0.016	0.053	0	0.096	0	0.137	0.069	0	0.014	0.014	0	0.315	0.06	0.131	0	0.001	0.024	0	0	0	0.096	0.122	1.055
TCGA.MP.A4T9 TCGA.MP.A4TA	0.051	0	0.064	0.082	0	0.053 0.152	0	0.072	0.019	0	0.062	0.016	0.038	0.162 0.151	0.038	0.311	0	0.04	0.073	0	0	0	0.008	0.258 0.144	0.984 1.029
TCGA.MP.A4TC	0.011	0	0.006	0.054		0.118	0.006	0.05	0.042	0	0.06	0	0	0.298	0.111	0.217	0	0	0.027	0	0	0	0.000	0.378	0.935
TCGA.MP.A4TH TCGA.MP.A4TJ	0.05	0.228	0.063	0.093	0	0.109 0.186	0.067	0.115	0.033	0	0.022	0	0	0.047 0.128	0.021 0.091	0.173	0.011	0.02	0.015 0.01	0	0	0	0.008	0.264	0.976
TCGA.MP.A5C7	0.02	0	0.089	0.053	0	0.168	0	0.154	0	0	0.025	0.076	0.038	0.047	0.028	0.158	0.046	0.066	0.033	0	0	0	0.311	0.053	1.058
TCGA.NJ.A4YQ TCGA.NJ.A55A	0.061	0.039	0.023	0.087	0	0.117 0.138	0	0.078 0.134	0.083	0	0.057	0	0.011	0.241	0.068	0.147	0.006	0.031	0.103	0	0	0	0.000	0.505	0.864 1.002
TCGA.NJ.A7XG	0.013	0	0.06	0.058	0	0.304	0	0.025	0.002	0	0.016	0.042	0.019	0	0.009	0.119	0.059	0.085	0.189	0	0	0	0.508	0.023	1.072
TCGA.O1.A52J TCGA.S2.AA1A	0.009	0.145	0 0.153	0.02	0	0.133 0.206	0	0.025	0.047	0	0.016	0.005	0.213	0.114	0.02	0.253 0.082	0.039	0.053	0.054	0	0	0	0.031	0.166 0.353	1.025 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	0.018	0.185	1.011
TCGA.05.4432 TCGA.05.5425	0.045 0.053	0	0.141	0.101	0	0.104 0.095	0.017	0.04	0.045 0.028	0	0.052 0.021	0.011	0.003	0.225 0.085	0.057 0.082	0.166 0.219	0	0.111	0.001 0.046	0	0	0.02	0.008	0.274 0.368	0.973 0.931
TCGA.44.6779	0.003	0	0.003	0.149		0.167	0	0.027	0.028	0	0.064	0.011	0.007	0.075	0.135	0.219	0	0	0.071	0	0	0.024	0.008	0.257	0.989
TCGA.44.7669 TCGA.44.8119	0.029	0	0.042	0.037		0.143 0.121	0 0.015	0.066 0.056	0.047	0	0.044	0.008	0.019	0.115	0.066	0.373 0.184	0	0.014	0.07	0	0	0	0.008	0.283 0.248	0.973 0.996
TCGA.44.8119 TCGA.44.8120	0.028	0	0.092	0.004	0	0.121	0.015	0.056	0.047	0	0.049	0.008	0.019	0.068	0.003	0.284	0.057	0.024	0.083	0	0	0.014	0.008	0.248	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 0.266	0	0.062 0.076	0.031 0.012	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 0.956
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	0.006	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	0.039	0.160	1.021 0.986
TCGA.55.1596	0.067	0	0.25	0.026	0	0.003	0	0.082	0.061	0	0.037	0	0	0.239	0.075	0.101	0	0.039	0.02	0	0	0	0.013	0.216	0.993
TCGA.55.7574 TCGA.55.7913	0.11	0.17	0.01	0.096		0.147 0.145	0.027	0.061 0.059	0.071	0	0.025	0	0	0.104 0.345	0.019 0.028	0.174	0	0.032	0.024	0.039	0	0.014	0.006	0.319	0.953 1.068
TCGA.55.8092	0	0.045	0.324	0.149		0.095	0.007	0.085	0.032	0	0.017	0.025	0.011	0.033	0.072	0.097	0	0	0.008	0	0	0	0.007	0.288	0.961
TCGA.55.8507 TCGA.55.A492	0,007	0.012	0.011	0.04	0	0.087	0	0.051	0.046	0	0.054	0.012 0.022	0.014	0.389	0.018 0.012	0.16 0.183	0	0.027	0.047 0.121	0	0	0.031	0.018 0.026	0.191 0.171	1.038 0.998
TCGA.62.A46P	0.007	0.029	0.076	0.057	0	0.14	0	0.063	0.032	0	0.005	0.043	0.026	0.139	0.004	0.279	0	0.039	0.054	0	0	0.008	0.226	0.072	1.055
TCGA.62.A470 TCGA.69.7763	0.025	0	0.024	0.023	0	0.188 0.196	0	0.022	0.05	0	0.052	0.007	0.051 0.025	0.02 0.104	0.011	0.468	0	0.047	0.044	0	0	0.004	0.019 0.057	0.181 0.147	1.022
TCGA.73.4659	0.025	0.02	0.12	0.002	0	0.088	0	0.07	0.005	0	0.04	0	0.025	0.104	0.011	0.574	0.014	0.037	0.05	0	0	0.003	0.006	0.147	0.985
TCGA.73.A9RS TCGA.75.5146	0.088	0.075	0.048 0.134	0.076 0.051	0	0.084	0.031	0.106 0.071	0.056	0	0.046	0	0.007	0.116	0.037 0.046	0.199	0 000	0.026	0.088	0	0	0	0.238	0.069 0.237	1.048
TCGA.75.5146 TCGA.75.7031	0.059	0.075	0.134	0.051	0	0.231	0	0.071	0.024	0	0.017	0.025	0.007	0.068	0.046	0.242	0.008	0.011	0.026	0	0	0.004	0.009	0.237	0.982 1.017
	0.012	0.14	0.044	0.118		0.086		0.123	0.026	0	0.035	0	0	0.142	0.072	0.126	0.004	0	0.064	0	0	0.008	0.010	0.228	0.989
TCGA.78.7152 TCGA.78.7156	0.121	Δ.	0.158	0.063		0.149		0.093			0.014	0.027	0.03	0.000	0.069	0.119		0.057	0.086				0.251	0.065	1.044

Input	B cells	B cells	Plasma		T cells CD4		4 T cells CD4	T cells follicular	T cells	T cells	NK cells	NK cells		Massanhassa	Massanhass	sMacrophages		Dendritic cells	Mast selle	Mast cells				Pearson	
Sample	naive	memory	cells	T cells CD8			activated			delta		activated			M1		resting	activated			Eosinophil	sNeutrophils	P-value	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	0.107	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	0.211	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	0.008	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	0.006	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	0.133	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	0.006	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	0.299	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	0.005	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	0.359	0.025	0.146	0	0	0	0.016	0	0.001	0.008	0.260	0.994