## Correlation (pearson's r)

## Variance explained 1.2 1.3 12.3 15.0 9.4 10.9 7.0 10.7

1.3 0.8 2.1 0.1 1.4 7.4 4.5 10.0 0.8 1.0 3.6 -0.8 5.3 2.4 5.9 6.5 0.2 0.0 22 1 0.0 0.1 0.0 0.2 0.1 1.7 0.0 0.0 0.0 0.6 0.0 14.9 0.2 0.2 0.0 0.0 0.0 0.0 8.0 0.1 0.7 1.6 0.4 1.0 0.1 0.6 1.5 1.6 2.2 0.6 0.3 1.5 0.2 0.6 1.4 1.0 1.7 0.6 0.2 0.8 0.0 0.9 1.3 1.1 1.4 0.5 0.2 1.0 0.1 1.0 0.8 0.9 1.1 0.0 4.7 0.0 0.0 0.0 0.0 0.2 0.1 0.1 0.2 0.6 0.0 0.9 1.3 0.5 1.3 0.1 0.0 0.0 0.9 0.1 4.3 0.1 1.0 0.1 3.2 0.1 0.0 0.4 0.1 0.1 0.0 1.2 0.7 0.5 0.1 0.2 0.1 0.4 0.3 0.7 0.1 0.2 0.0 0.2 0.5 0.5 0.8 0.1 0.1 0.4 0.0 0.2 0.9 0.4 0.9 0.3 0.1 0.2 0.0 0.3 0.7 0.4 0.9 0.2 0.1 0.0 -0.1 0.1 0.0 0.0 2.5 0.5 2.2 0.0 -0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.2 0.1 0.3 0.0 0.2 0.7 0.3 1.0 0.2 0.1 0.6 0.1 0.1 0.6 0.3 0.7 1.9 0.0 0.1 0.0 0.1 0.1 0.3 0.2 0.5 0.1 0.2 0.0 0.3 0.4 0.4 0.6 1.8 0.0 0.0 0.0 0.0 0.1 0.3 0.2 1.4 0.0 0.1 0.0 0.1 0.1 0.3 0.3 0.1 0.0 0.0 0.0 0.2 0.0 1.9 0.1 1.6 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.3 0.2 0.6 0.1 0.1 0.1 0.3 0.3 0.3 0.4 0.4 0.2 0.2 0.0 0.1 0.3 0.4 0.6 0.2 0.0 0.0 0.0 0.1 0.0 1.7 0.1 1.5 0.0 0.0 0.0 0.1 0.1 0.2 0.2 0.2 0.0 0.1 0.0 0.1 1.2 0.1 0.3 1.2 0.0 0.1 0.0 0.0 0.0 0.3 0.2 0.8 0.0 0.0 0.0 0.3 0.3 0.2 0.2 1.2 0.1 0.1 0.0 0.0 0.1 0.2 0.1 1.1 0.0 0.0 0.0 0.3 0.0 0.2 0.1 0.1 0.1 0.2 0.0 0.4 0.2 0.2 0.5 0.0 0.1 0.1 0.0 0.1 0.7 0.3 0.4 0.1 0.0 0.0 0.0 0.0 1.2 0.1 0.2 0.0 1.0 0.0 0.0 0.4 0.0 0.0 0.0 1.0 0.0 0.0 0.0 0.0 0.1 0.0 0.0 0.2 0.1 0.0 0.0 0.0 0.0 0.1 0.7 0.2 0.0 0.0 0.0 0.1 0.0 0.6 0.2 0.0 0.2 0.0 0.0 0.0 0.1 0.1 0.8 0.0 0.7 0.0 0.0 0.3 0.0 0.0 0.0 0.5 0.0 0.1 0.0 0.3 0.0 0.1 0.1

0.0 0.2 0.0 0.0 0.6 0.2 0.0 0.0 0.0 0.5 0.0 0.0 0.1 0.2 0.0 0.1 0.1 0.1 0.0 0.0 0.2 0.0 0.0 0.3 crisprcas9 labels

methylation proteomics netabolomics drugresponse

copynumbe

CopyNumberInstability mutational burden CDH1 prot CDH1\_gexp VIM\_gexp D/F12 sanger\_Adherent sanger\_Semi-Adherent