$\frac{1}{6}$ 

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 0.2 0.1 0.2 0.0 0.1 5.3 0.1 1.1 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 0.5 0.2 0.5 0.1 0.3 1.3 0.5 1.4 0.1 3.2 0.1 0.0 0.4 0.1 0.1 0.0 0.5 0.0 1.1 0.0 0.5 0.0 1.7 0.1 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 0.7 0.1 0.2 0.0 0.2 0.5 0.5 0.6 2.2 0.1 0.1 0.0 0.1 0.0 0.3 0.2 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 0.1 2.5 0.0 0.0 0.0 0.1 0.0 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 1.4 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 0.2 0.0 0.0 0.0 0.1 0.3 0.4 0.0 1.5 0.0 0.0 0.0 0.1 0.1 0.2 0.2 1.6 0.0 0.0 0.0 0.1 0.0 0.0 1.2 0.1 0.1 0.0 0.0 0.1 0.2 0.1 1.2 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.2 0.1 0.3 0.0 0.0 0.0 0.2 0.6 0.1 0.5 0.9 0.0 0.1 0.0 0.3 0.1 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 0.0 1.2 0.0 0.0 0.2 0.1 0.2 0.2 0.2 0.0 0.1 0.0 0.0 0.4 0.3 0.4 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 0.0 0.1 0.0 0.0 0.0 0.1 0.0 0.4 0.0 0.1 0.0 0.0 0.0 0.0 0.0 0.3 methylation proteomics

crisprcas9 drugresponse netabolomics

0.2, 0.04,0.62 + 0.02 + 0.02 + 0.03 + 0.01 + 0.00 +-0.16 + 0.00 +

67 68 69 71 GeneExpressionCorrelation CopyNumberInstability ploids mutational burden growth size RensCorrelation VIM prot CDH1\_gexp VIM\_gexp D/F12 sanger Adherent MeanProteomics MeanDrugResponse