-0.000 -0.000F40 04-0.0 00-0.3 0.2 0.0 0.3 0.4 -0.1 -0.4 0.1 -0.2 0.1 0.1 0.2 0.6 -0.0 02-0.5 0.5 0.4 -0.5 0.4 0.3 -0.1 -0.0 0.1 0.1 0.2 0.4 -0.1 0.0 08-0.4 -0.0 0.0 0.2 08-0.2 0.0 0.4 -0.5 0.3 0.5 0.4 0.2 0.3 0.5 0.4 0.5 0.4 0.5 0.4 0.5 0.4 0.5 0.4 0.5 0.3 0.5 0.4 0 02 00 -0.1 0.1 -0.1 0.0 -0.2 -0.2 0.0 02 -0.1 0.1 -0.0 0.0 -0.1 0.3 0.0 -0.1 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.1 0.0 -0.0 -0.1 -0.1 0.2 0.0 -0.0 -0.3 0.2 0.0 0.0 -0.1 0.3 0.1 0.0 0.2 0.3 -0.1 0.3 0.2 0.1 0.1 0.2 0.3 0.2

-0.1 - 0.2 + 0.1 - 0.2 + 0.0 + 0.1 + 0.1 + 0.2 + 0.1 + 0.1 + 0.2 + 0.2 + 0.1 + 0.1 + 0.2 + 0.2 + 0.1 + 0.1 + 0.1 + 0.2 + 0.1 + 0.1 + 0.1 + 0.2 + 0.1 + 0.1 + 0.2 + 0.2 + 0.1 + 0.2 + 0.2 + 0.1 + 0.2 + 0.2 + 0.1 + 0.2 + 0.2 + 0.1 + 0.2 + 0.2 + 0.2 + 0.1 + 0.2

0.0 0.2 -0.1 -0.2 0.1 0.2 0.0 0.2 -0.3 -0.2 0.2 -0.2 0.0 -0.0 0.1 0.2 0.1 0.3 -0.1 -0.1 0.2 0.1 0.3 -0.1 -0.1 -0.1 -0.1 -0.2 0.2 0.2 -0.2 0.2 -0.1 0.1 0.2 -0.3 0.1 0.2 -0.2 0.2 0.1 -0.2 0.3 -0.2 -0.1 -0.1 0.1 0.1 -0.1 -0.3 0.2 -0.1 -0.1

GeneExpressionCorrelation CopyNumberInstability 0.0 0.4 0.3 0.2 0.3 0.2 0.1 0.3 0.4 0.3 0.3 0.2 0.0 0.2 0.2 0.3 0.2 0.4 0.2 0.0 0.2 0.2 0.3 0.2 0.4 0.2 0.0 0.1 0.0 0.1 0.4 0.2 0.2 0.4 0.2 0.0 0.2 0.5 0.1 0.2 0.3 0.3 0.1 0.4 0.0 0.2 0.4 0.1 0.0 0.3 0.0 0.0 0.0 0.2 0.3 0.1 0.1 ploidy -0.001 - 0.100 - 0.101 - 0.001 - 0.101 - 0.000 - 0.101 - 0.101 - 0.000 - 0.101 - 0.100 - 0.101 - 0.100 - 0.101 - 0.100 - 0.101 - 0.1mutational burden growth -0.1 - 0.2 + 0.2 + 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 + 0.2 + 0.1 + 0.2size RepsCorrelation CDH1 prot VIM_prot CDH1_gexp VIM_gexp D/F12 sanger_Suspension 02-03 01 04 04 05 00 04 06 03 02 04 00 02 01 04 04 06 03 04 00 02 03 06 01 03 03 01 01 03 03 01 03 02 02 00 04 01 00 05 01 03 05 01 03 05 01 03 03 04 01 04 01 sanger_Unknown broad_Adherent 0.2 0.2 0.0 0.3 0.4 0.4 0.1 0.4 0.5 0.3 0.2 0.3 0.0 0.2 0.1 0.3 0.4 0.5 0.3 0.3 0.0 0.2 0.2 0.4 0.1 0.3 0.3 0.1 0.1 0.3 0.3 0.1 0.2 0.2 0.2 0.1 0.4 0.0 0.1 0.3 0.3 0.1 0.3 0.4 0.4 0.1 broad Mixed 0.2-0.3 0.1 0.4 0.5 0.5 0.1 0.5 0.6 0.3 0.1 0.4 0.0 0.2 0.1 0.4 0.0 0.2 0.1 0.4 0.0 0.2 0.1 0.4 0.0 0.2 0.1 0.4 0.5 0.7 0.3 0.4 0.1 0.2 0.3 0.5 0.2 0.3 0.0 0.5 0.1 0.3 0.5 0.1 0.3 0.5 0.1 0.4 0.2 0.4 0.1 $0.100 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.$

0.0 0.0 0.2 0.1 0.0 0.3 proteomics crisprcas9 ngresponse metabolomics methylatior ranscriptomics

0.1 0.1 0.2 0.8 0.3 0.7

0.1 0.3 0.1 0.7 0.4 0.7

17 00 00 00 03 00

1.2 0.0 0.0 0.0 0.6 0.1

0.1 0.1 0.7 0.9 0.1 0.2

0.1 0.2 0.2 0.4 0.4 0.6

1.1 0.1 0.0 0.3 0.1 0.2

0.1 0.0 0.0 0.0 0.2 1.5

0.0 0.0 1.3 0.2 0.2 0.1

0.2 0.1 0.2 0.6 0.2 0.4

01 02 03 02 03 06

08 00 04 02 01 02

0.9 0.0 0.4 0.3 0.0 0.1

01 00 00 01 00 14

01 01 01 03 04 05

00 01 01 00 07 05

0.0 0.1 0.2 0.7 0.2 0.3

0.0 0.0 0.0 1.0 0.1 0.2

00 01 01 02 04 04

00 01 00 00 03 05

0.2 0.0 0.0 0.0 0.0 0.7

sanger_Adherent sanger_Semi-Adherent broad Suspension broad Unknown MeanProteomics MeanMethylation MeanDrugResponse

drug responses

CopyNumberAttenuation

F2

F3

F5

F6

F8

FQ

E11

F13

F14

F15

F16

F17

F18

F19

F22

F23

F26

F27

F28

F29

F30

F31

F32

F33

F34

F35

F36

F37

F38

F42

F43

F44

F45

F46

F47

F48

F49