0.000 - 0.100 - 0.000 = 0.000 - 0.000 = 0.00-0.000 0.1 -0.00 0.0 0.0 0.0 0.0 0.0 0.1 0.1 0.0 0.1 0.1 0.1 0.0 0.0 0.1 0.1 0.0 0.1 0.1 0.0 0.0 0.1 0.0 - 0.0 $-0.000\,\,0.0\,\,-0.0\,\,-0.0\,\,0.0\,\,-0.0\,\,-0.0\,\,0.$ -0.000 - 0.0 - 0-0.100 - 0.0 - 0.1 - 0.0 - 0

0.1 0.2 0.2 0.4 0.4 0.6 11 01 00 03 01 02 0.1 0.0 0.0 0.0 0.2 1.5 0.0 0.0 1.3 0.2 0.2 0.1 02 01 02 06 02 04 01 02 03 02 03 06 0.1 - 0.0 - 0.0 = 0.008 00 04 02 01 02 0.9 0.0 0.4 0.3 0.0 0.1

crisprcas9

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 0.0 0.1 0.0 0.0 0.3 0.5

0.2 0.2 0.3 0.4 0.5 0.7

0.1 0.1 0.2 0.8 0.3 0.7

0.1 0.3 0.1 0.7 0.4 0.7

1.7 0.0 0.0 0.0 0.3 0.0

1.2 0.0 0.0 0.0 0.6 0.1

0.1 0.1 0.7 0.9 0.1 0.2

0.2 0.0 0.0 0.0 0.0 0.7 0.0 0.0 0.2 0.1 0.0 0.3 methylation proteomics ngresponse metabolomics ranscriptomics

CopyNumberAttenuation GeneExpressionCorrelation CopyNumberInstability ploidy mutational burden -0.10.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 + 0.0 - 0.1 - 0.0 - 0.1 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.0 + 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 growth -0.100 - 0.0 - 0.1 - 0size 0.2 - 0.1 - 0.1 0.0 0.2 - 0.0 0.1 0.2 - 0.0 0.3 0.1 0.2 - 0.3 0.2 - 0.1 0.1 0.2 0.3 0.1 0.2 - 0.3 0.1 0.2 0.3 0.1 - 0.0 - 0.0 0.2 - 0.1 0.2 0.2 - 0.1 0.2 0.2 0.1 - 0.2 0.1 0.2 0.2 0.1 - 0.1 0.1 0.2 0.2 0.1 - 0.1 0.1 0.2 0.2 0.0 - 0.0 0.1 0.2 - 0.2 - 0.2 - 0.1 0.3 0.2 - 0.0 0.3 RepsCorrelation CDH1 prot VIM prot CDH1\_gexp VIM\_gexp D/F12  $0.2 \\ -0.1 \\ -0.1 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.1 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.1 \\ -0.1 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ -0.1 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ -0.1 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ -0.1 \\ -0.0 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.1 \\ 0.1 \\ -0.1 \\ -0.1 \\ -0.0 \\ -0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.2 \\ 0.1 \\ -0.1 \\$ sanger\_Adherent sanger\_Suspension sanger Unknown broad Adherent 02-01-0101 01-00 00 02-0103 02 01-02-03-0101 01 03 01-0100 02 02 02 02-00 02 01-02-03-0101 01 03 03 00 03 broad Mixed broad Suspension broad Unknown MeanProteomics  $0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.0$ MeanMethylation 

F2

E3

F5

F6

E7

FQ

E11

F13

F14

E15

F17

F18

F19

F21

F22

F23

F24

F25

F26

F27

F28

F29

F30

F31

F32

F33

F34

F35

F36

F37

F38

F39

F40

F42

F43

F44

F45

F46

F47

F48

F49

MeanDrugResponse

drug responses