Variance explained 1.3 14.8 9.8 9.8 9.7 11.0 0.9 1.0 1.2 9.5 3.3 8 0.9 2.7 4.1 2.6 5.2 6.3 0.0 16.9 0.0 0.0 0.3 0.2 0.0 0.0 0.0 0.0 15.2 0.0 0.1 0.0 0.0 6.4 0.1 0.4 0.5 1.0 0.7 1.5 1.3 2.0 0.4 1.4 0.5 1.3 1.2 1.9 4.8 0.1 0.2 0.1 0.1 0.2 0.2 0.9 0.8 0.8 1.4 1.3 0.0 0.1 0.1 4.5 0.1 0.4 0.0 0.1 0.2 4.3 0.2 0.4 0.0 0.0 0.0 0.0 0.0 5.1 0.2 0.7 0.6 1.1 0.8 1.3 01 07 08 12 06 13 1.2 1.6 0.6 0.2 0.3 0.3 01 05 05 09 07 12 02 05 03 11 04 12 0.2 0.5 0.5 0.8 0.6 1.1 3.0 0.0 0.2 0.1 0.0 0.1 0.1 0.3 0.6 0.1 1.1 0.7 0.2 0.3 0.3 0.4 0.9 0.8 0.1 0.3 0.2 0.8 0.4 0.6 0.0 0.7 0.1 0.0 1.3 0.4 2.2 0.0 0.1 0.1 0.0 0.1 02 05 01 07 03 06 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 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

> proteomics ngresponse metabolomics methylatior ranscriptomics

F2 07/05/05 02 02 00 03-0-10.1 02 0.1 06/05 00 02 06 03 0.1 01 02 0.1 06/05 00 02 06 03 0.1 05/05 02-02-00-02-03 02 03 02 0.1 01 05 0.1 01 05 0.1 01 06 04 03-03-04 0.1 05 02 0.1 05 0.1 02 03 0.1 0.1 02 0.4 F3 F5 0.0 + 0.0F6 0.2 0.4 0.4 0.4 0.4 0.0 0.2 0.0 0.1 0.1 0.3 0.3 0.0 0.4 0.1 0.5 0.2 0.2 0.1 0.0 0.0 1 0.1 0.5 0.2 0.2 0.1 0.0 0.0 1 0.1 0.1 0.0 0.1 0.1 0.2 0.2 0.1 0.0 0.4 0.3 0.1 0.3 0.1 0.3 0.1 0.3 0.1 0.3 0.1 0.2 0.2 0.1 0.0 0.2 0.2 0.1 0.0 0.2 0.2 0.1 0.0 0.4 0.3 0.4 0.2 0.2 E7 F8 FQ E11 F12 F13 F14 $0.1 \ 0.2 \ -0.1 \ 0.1 \ 0.2 \ 0.1 \ 0.2 \ 0.1 \ 0.2 \ 0.1 \ 0.2 \ 0.1 \ 0.2 \ 0.1 \ 0.0 \ 0.1 \ 0.0 \ 0.1 \ 0.0 \ 0.1 \ 0.0 \ 0.2 \ 0.0 \ 0.2 \ 0.0$ F15 -0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.2 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.2 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.2 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.0F17 F18 F19 F21 -0.000 0.0 0.1 -0.0-0.1 -0.1 0.1 0.1 0.1 0.0 -0.0 0.1 -0.1 0.0 0.0 1 -0.1 0.0 0.0 1 -0.1 0.0 0.0 0.1 -0.1 0.1 0.0 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 -0.1 0.0 0.0 0.1 -0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 -0.0 0.1 0.0 0.1 -0.0 0.1 0.0 0.1 -0.0 0.1 0.0 0.1 -0.0 F22 $-0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.2 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.1 - 0.0 \\ 0.1 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.0 \\ 0.1 \\ 0.0$ F25 F26 -0.000 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.1 - 0.0 - 0F27 F28 -0.001 - 0.0002 - 0.001 - 0.000 - 0.001 - 0.001 - 0.000F29 F30 -0.0.1 + 0.0.0 + 0.0F31 F32 F33 F34 -0.0-0.0-0.0 & 0.0 & 0.0 & -0.1-0.1 & 0.0 & -0.0-0.1-0.0 & 0.0 & -0.1 & -0.0 & 0.0 & -0.0 &F35 -0.000-0.000-0.0000-0F36 E41 F42 F43 F44 $-0.100 \cdot 0.1 \cdot 0.0 \cdot 0$ 0.0 0.1 0.2 0.7 0.2 0.3 F45 0.0 0.0 0.0 1.0 0.1 0.2 F46 00 01 01 02 04 04 F47 -0.000.0000 01 00 00 03 05 F48 0.2 0.0 0.0 0.0 0.0 0.7 F49 0.0 0.0 0.2 0.1 0.0 0.3 crisprcas9 $0.1 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.1 \cdot 0.2 \cdot 0.0 \cdot 0.1 \cdot 0.2 \cdot 0.3 \cdot 0.1 \cdot 0.2 \cdot 0.3 \cdot 0.1 \cdot 0.2 \cdot 0.0 \cdot 0.0 \cdot 0.2 \cdot 0.2$

CopyNumberAttenuation GeneExpressionCorrelation CopyNumberInstability ploidy mutational burden growth size RepsCorrelation CDH1 prot VIM_prot CDH1_gexp VIM_gexp D/F12 sanger_Adherent sanger_Semi-Adherent sanger_Suspension sanger_Unknown broad_Adherent broad Mixed broad Suspension broad Unknown Mean Proteomics MeanMethylation MeanDrugResponse drug responses

