F34 F35 F36 F37 F38 F41 F42 F43

F44

F45

F46

F47

F48

F3

F6

E7

F8

FQ

E11

F13

F14

F15

F17

F18

F19

F21

F22

F23

F24

F25

F26

F27

F28

F29

F30

F31

F32

F33

F49 CopyNumberAttenuation GeneExpressionCorrelation CopyNumberInstability ploidy mutational_burden growth size RepsCorrelation CDH1_prot

VIM prot

D/F12

R

sanger_Adherent sanger_Semi-Adherent sanger Suspension sanger Unknown broad Adherent broad Mixed broad Unknown MeanProteomics MeanDrugResponse

drug_responses

0.000 + 0.1 + 0.04 01 03 01 00 03 02 02 03 02 02 02 02 02 02 02 03 00 03 01 01 01 01 01 03 01 00 00 02 02 01 03 03 01 02 02 01 02 02 02 02 02 02 01 00 02 01 00 02 02 02 03-04-03-02-03-0-10-4-04-04-04-02-0-1-03-0-1-04-02-0-1-00-02-02-0-1-03-0--0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.1 - 0.1 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.2 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.2 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.10.1 0.0 0.2 0.0 0.1 0.3 0.0 0.1 0.0 0.2 0.1 0.0 0.2 0.1 0.0 0.2 0.0 0.0 0.3 0.0 0.1 0.1 0.3 0.1 0.0 0.1 0.1 0.2 0.2 0.1 0.1 0.2 0.1 0.0 0.0 0.1 0.1 0.2 0.1 0.0 0.0 0.1 0.1 0.1 0.2 0.2 0.3 0.3 0.2 0.1 0.1 0.1 0.2 0.2 0.3 0.3 0.1 0.4 0.1 0.2 0.6 0.1 0.1 0.2 0.6 0.1 0.1 0.2 0.3 0.1 0.1 0.2 0.2 0.3 0.1 0.1 0.2 0.2 0.1 0.1 0.4 0.2 0.3 0.0 0.2 0.1 0.2 0.2 0.3 0.3 0.2 0.0 0.1 0.3 0.1 0.1 0.1 0.3 0.2 0.1 0.2 0.1 0.2 0.3 0.3 0.4 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 0.0 0.2 0.1 0.2 0.1 0.1 -0.0 -0.0 -0.3 0.0 -0.1 0.1 0.1 0.0 0.1 0.2 0.1 0.1 0.1 0.1 0.2 0.1 0.1 0.1 0.3 0.1 -0.1 0.0 0.1 0.1 0.2 0.2 0.2 0.1 0.1 -0.1 0.2 0.2 0.1 0.1 0.1 0.0 0.0 0.1 -0.0 0.0 0.1 -0.0 0.0 0.2 0.2 -0.1 -0.1 0.1 0.2 0.1 0.1 0.1 0.2 0.1 0.1 0.1 0.2 0.4 0.1 0.5 0.1 0.2 0.6 0.1 0.2 0.6 0.1 0.2 0.2 0.4 0.2 0.1 0.3 0.1 0.1 0.5 0.2 0.4 0.0 0.3 0.0 0.2 0.2 0.3 0.4 0.3 0.1 0.1 0.4 0.2 0.2 0.1 0.3 0.3 0.1 0.3 0.0 0.3 0.4 0.5 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 0.0 0.2 0.1 0.3 0.2 -0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.1 - 0.0 - 0.0 - 0.0 - 0.1 - 0.00.0 0.0 0.1 0.4 0.0 0.2 0.2 0.1 0.0 0.2 0.3 0.1 0.1 0.2 0.3 0.1 0.1 0.2 0.3 0.1 0.1 0.2 0.3 0.1 0.1 0.2 0.4 0.0 0.2 0.1 0.1 0.1 0.3 0.3 0.2 0.0 0.2 0.2 0.3 0.3 0.2 0.1 0.2 0.0 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 0.0 0.1 0.2 0.3 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.1 0.2 0.3 0.3 0.2 0.2

0.0 0.0 0.2 0.1 0.0 0.3 ngresponse proteomics ranscriptomics

crisprcas9

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

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

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