Input Sample						Γ cells CD4				T cells							Dendritic								
	B cells naive		Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 m naive re		memory activated	follicular helper	regulatory (Tregs)	gamma delta		NK cells activated		Macrophages M0		Macrophages M2	cells resting	cells activated	Mast cells ! resting a	Mast cells ectivated	Eosinophils	Neutrophil		Correlation	
TCGA-DX-A3U6-01A-11R-A29R-07 TCGA-IW-A3M6-01A-11R-A21T-07	0.116	0	0.01	0.219	0	0.209	0.032	0	0	0	0	0.011	0.069	0.008	0.087	0.204		0	0.034	0	0	0	0.000	0.481	0.877
TCGA-DX-A2IZ-01A-11R-A21T-07	0.094	0	0	0.063	0.08	0.089	0.055	0.004	0.05	0.001	0.035	0	0.021	0.069	0.029	0.405	0	0.055	0.029	0.007	0.003	0	0.180	0.086	1.057 0.991
TCGA-3B-A9I1-01A-11R-A39D-07	0.038	0	0	0.025	0	0.224	0.003	0.007	0.017	0	0.031	0.008	0.01	0.22	0.03	0.298	0	0.04	0.047	0	0.001	0	0.000	0.505	0.865
TCGA-DX-A3UE-01A-11R-A30C-07	0.058	0	0	0.02	0	0.184	0.022	0.048	0	0	0.054	0	0.131	0	0.016	0.354	0.03	0.014	0.058	0	0.012	0	0.000	0.351	0.937
TCGA-HS-A5N9-01A-11R-A26T-07 TCGA-DX-A6BF-01A-11R-A30C-07	0.031	0	0.001	0.039	0	0.163	0.033	0.012	0.014	0	0.05	0.044	0.118	0.403	0.044	0.185	0	0.01	0.03	0	0.008	0	0.000	0.523	0.852
TCGA-K1-A6RT-01A-32R-A33J-07	0.213	0.044	0	0.117	0	0.226	0	0.014	0.044	0	0.008	0.013	0.061	0.048	0.058	0.129	0	0	0.025	0	0	0	0.000	0.793	0.698
TCGA-DX-A48U-01A-11R-A30C-07	0.075	0		0.039	0			0	0	0	0.015	0.016	0.034	0.014	0.02	0.287			0.196				0.010	0.308	0.956
TCGA-HB-A5W3-01A-11R-A29R-07 TCGA-3B-A9HS-01A-11R-A39D-07	0.056	0	0	0.028	0	0.292	0.001	0.037	0	0	0.026	0.005	0.047	0.033	0.036	0.313	0.003	0.002	0.158	0	0	0	0.000	0.521	0.862
TCGA-DX-A8BG-01A-12R-A41I-07	0.079	0	0.007	0.196	0	0.206	0.01	0.037	0.032	0	0.022	0.017	0.05	0.046	0.052	0.276	0	0.008	0.007	0	0	0	0.000	0.775	0.712
TCGA-K1-A3PO-01A-11R-A21T-07	0.147	0	0.012	0.051	0	0.316	0	0	0	0	0.026	0.055	0.037	0	0.012	0.231		0.002	0.111		0	0	0.000	0.610	0.815
TCGA-MO-A47R-01A-11R-A24X-07	0.07	0	0	0.033	0	0.193	0	0.005	0.02	0	0.143	0	0.042	0	0.034	0.412	0.001	0.008	0.039	0	0	0	0.020	0.229	0.992
TCGA-DX-AB3A-01A-11R-A41I-07 TCGA-3R-A8YX-01A-11R-A37L-07	0.095	0	0	0.05 0.054	0	0.178	0.002	0.015	0.007	0	0.073	0	0.075	0	0.038	0.434	0	0.008	0.025	0	0	0.001	0.000	0.442	0.896 0.816
TCGA-PT-A8TR-01A-11R-A37L-07	0.123	0	0	0.005	0	0.141	0.002	0.022	0.016	0	0.102	0	0.085	0	0.018	0.414		0.032	0	0.038	0.005	0	0.140	0.112	1.039
TCGA-3B-A9HI-01A-11R-A38C-07	0.087		0	0.071	0	0.121	0.021	0.017	0.021	0	0.048	0	0.027	0.131	0.06			0	0.065	0	0	0	0.000	0.809	0.708
TCGA-DX-A8BO-01A-11R-A41I-07	0.018	0.008	0	0.041	0	0.158	0.01	0.021	0.032	0	0.024	0.005	0.014	0.033	0.036 0.042	0.459	0	0.062	0.076	0	0	0.002	0.000	0.407	0.913
TCGA-3B-A9I0-01A-11R-A39D-07 TCGA-DX-A1KW-01A-22R-A24X-07	0.023	0	0	0.088	0	0.239	0	0.012	0.021	0	0.029	0.023	0.075	0	0.042	0.335		0.01	0.029		0	0	0.000	0.753	0.742
TCGA-DX-A3U8-01A-11R-A29R-07	0.039	0	0	0.049	0	0.193	0.005	0.004	0.022	0	0.03	0	0.11	0	0.045	0.469	0	0	0.03	0	0	0.004	0.000	0.473	0.881
TCGA-WK-A8XY-01A-11R-A37L-07	0.15	0	0.005	0.024	0	0.25	0.005	0.002	0	0	0.116	0	0.097	0	0.008	0.289		0.008	0.04		0.001	0.006	0.020	0.236	0.986
TCGA-FX-A3NJ-01A-11R-A21T-07 TCGA-SI-A71Q-01A-12R-A33J-07	0.122	0	0.003	0.035	0	0.225	0	0	0.006	0	0	0.036	0.082	0.009	0.037	0.177	0	0	0.27 0.045	0	0	0	0.000	0.473	0.883
TCGA-DX-A7EM-01A-12R-A33j-07	0.158	0	0.008	0.05	0	0.235	0	0.013	0.018	0	0.01	0.043	0.022	0.205	0.016	0.226	0	0.019	0.045	0	0	0	0.000	0.373	0.929
TCGA-MB-A8JK-01A-11R-A36F-07	0.039	0	0	0.081	0	0.16	0	0.017	0.04	0	0.005	0.04	0.015	0.103	0.048	0.222	0	0	0.229	0	0	0	0.000	0.579	0.832
TCGA-FX-A76Y-01A-11R-A355-07	0.049	0	0	0.048	0	0.234	0	0.023	0.021	0	0.028	0.041	0.027	0.067	0.029	0.224	0	0.007	0.203	0	0	0	0.000	0.591	0.828
TCGA-PC-A5DP-01A-11R-A26T-07 TCGA-DX-AB2Z-01A-11R-A38C-07	0.213	0	0.009	0.062	0	0.319	0.03	0.007	0.014	0	0.041	0.052	0.03	0.098 0.128	0.016	0.129	0	0.002	0.042	0	0.001 n	0	0.000	0.443	0.896 0.678
TCGA-LI-A9QH-01A-11R-A37L-07	0.06	0	0	0.015	0	0.125	0	0.023	0.01	0	0	0.032	0.024	0	0.049	0.5	0	0.021	0.161	0	0	0	0.000	0.799	0.876
TCGA-DX-A6BB-01A-12R-A32Q-07	0.082	0.015	0	0.026	0	0.238	0	0	0	0	0.049	0	0.056	0.02	0.044	0.313		0.002	0.157		0	0	0.010	0.287	0.963
TCGA-DX-A2j4-01A-32R-A21T-07	0.087	0	0	0.031	0	0.145	0	0	0.001	0	0.004	0.003	0.015	0.001	0.024	0.217	0	0	0.473	0	0	0	0.000	0.699	0.741
TCGA-QC-A7B5-01A-11R-A33J-07 TCGA-X6-A8C6-01A-11R-A36F-07	0.03	0.028	0.007	0.038	0	0.191	0.005	0.007	0.04	0	0.017	0.045	0.045	0.253	0.026 0.044	0.233	0	0 001	0.066	0	0	0	0.000	0.608	0.811
TCGA-DX-AB36-01A-11R-A41I-07	0.049	0	0	0	0	0.144	0.003	0	0	0	0.047	0	0.013	0.183	0.022	0.46		0.009	0.076		0	0	0.000	0.446	0.786
TCGA-DX-A6YQ-01A-12R-A33J-07	0.009		0	0.107	0	0.256	0.007	0.005	0.002	0	0.042	0.017	0.05	0.014	0.109	0.344		0.009	0.027		0	0.001	0.000	0.631	0.797
TCGA-QQ-A8VB-01A-11R-A37L-07	0.197	0	0.000	0	0	0.169	0.000	0.034	0 000	0	0.052	0	0.04	0.029	0.03	0.223	0	0	0.225	0	0	0	0.010	0.287	0.964 0.860
TCGA-Z4-A9VC-01A-11R-A37L-07 TCGA-PC-A5DO-01A-11R-A26T-07	0.188	0	0.009	0.01	0	0.181	0.003	0.007	0.001	0	0.083	0	0.031	0.087	0.014	0.432	0.004	0.009	0.043		0	0	0.000	0.518	0.860
TCGA-X6-A7WC-01A-12R-A355-07	0.01	0	0	0.13	0	0.109	0.089	0.022	0.026	0	0.014	0.064	0.009	0.119	0.039	0.345	0	0	0	0.026	0	0	0.000	0.582	0.823
TCGA-DX-A7ES-01A-31R-A39D-07	0.156	0	0.068	0.076	0	0.178	0.02	0.006	0	0	0	0.03	0.048	0	0.032	0.334		0	0.047		0	0.005	0.000	0.408	0.912
TCGA-K1-A42X-01A-11R-A24X-07 TCGA-DX-A6YZ-01A-12R-A355-07	0.09	0	0.003	0.039	0	0.264	0	0.018	0.006	0	0.014	0.017	0.054	0	0.002	0.218	0	0.015	0.261	0	0	0	0.040	0.204	1.000
TCGA-DX-A88V-01A-11R-A37L-07	0.058	0	0	0.034	0.03	0.173	0.004	0.004	0.002	0	0.016	0.017	0.064	0.068	0.019 0.021	0.482	0	0.041	0.171	0	0	0	0.000	0.603	0.822
TCGA-QQ-A5V9-01A-11R-A32Q-07	0.053	0	0.009	0.087	0	0.135	0.008	0.002	0.018	0	0.022	0.016	0.023	0.09	0.009	0.498	0	0.003	0.027	0	0	0	0.000	0.684	0.762
TCGA-DX-AB35-01A-21R-A41I-07	0.058	0	0.002	0.039	0	0.178	0	0.011	0.011	0	0	0.078	0.034	0.005	0.042	0.507	0	0	0	0.032	0	0.003	0.000	0.601	0.811
TCGA-DX-A6B8-01A-11R-A30C-07 TCGA-FX-A3RE-01A-11R-A22K-07	0.013	0	0.003	0.018	0	0.324	0	0.045	0	0	0.051	0 008	0.006	0.241	0.021	0.317	0	0.018	0.03	0.025	0 001	0	0.000	0.514	0.859
TCGA-SG-A6Z7-01A-12R-A32Q-07	0.079	0	0.005	0.010	0	0.278	0	0.043	0	0	0.003	0.028	0.03	0.210	0.021	0.211	0	0.017	0.059	0.025	0.001	0	0.000	0.480	0.878
TCGA-X6-A8C7-01A-11R-A36F-07	0.016	0.018		0.014	0	0.187	0	0.027	0.008	0	0.005	0.049	0	0.265	0.001	0.149		0	0.261				0.000	0.347	0.944
TCGA-DX-A8BP-01A-11R-A37L-07	0.016	0	0	0.222	0	0.202	0.063	0.015	0.005	0	0.027	0	0.031	0.041	0.076	0.294	0.003	0	0	0.001	0	0.005	0.000	0.677	0.769
TCGA-3B-A9HY-01A-11R-A39D-07 TCGA-DX-A23Z-01A-11R-A27Q-07	0.071	0	0.004	0.031	0	0.222	0.029	0.024	0.01	0	0.038	0	0.01	0.116	0.094	0.294	0	0	0.09	0	0	0.002	0.000	0.609 0.540	0.817 0.854
TCGA-JV-A5VE-01A-11R-A29R-07	0.116	0	0.009	0.119	0	0.219	0.021	0.057	0.034	0	0.025	0.014	0.01	0.026	0.08	0.273	0.003	0	0.019		0	0	0.020	0.238	0.990
TCGA-IE-A4EI-01A-11R-A24X-07	0.071		0	0	0	0.174	0.003	0	0.011	0	0.058	0	0.013	0.211	0.007	0.406		0.008	0.038		0	0	0.000	0.473	0.881
TCGA-DX-A3LS-01A-11R-A21T-07 TCGA-DX-A8BM-01A-11R-A41I-07	0.078	0	0	0.058	0	0.344	0.016	0 006	0.011	0	0.045	0	0.036	0.049	0.039	0.319	0	0.014	0.004	0.047	0	0 003	0.000	0.540	0.847
TCGA-DX-A8BM-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-AB2W-01A-11R-A39D-07	0.074	0	0.006	0.047	0	0.104	0	0.006	0	0	0.018	0.009	0.082	0.111	0.067	0.523	0	0.014	0.011	0.047	0	0.003	0.000	0.495	0.764
TCGA-HS-A5N7-01A-21R-A26T-07	0.07	0	0.004	0.048	0	0.263	0.007	0	0	0	0.049	0	0.075	0.049	0.008	0.38	0	0.034	0.01	0.002	0	0	0.000	0.555	0.842
TCGA-WK-A8Y0-01A-11R-A41I-07	0.023	0	0	0.141	0	0.201	0.027	0.037	0.024	0	0.008	0.035	0.042	0.015	0.058			0	0	0.003	0	0	0.000	0.739	0.734
TCGA-LI-A67I-01A-31R-A30C-07 TCGA-QC-AA9N-01A-11R-A39D-07	0.028	0	0.004	0.009	0	0.18	0.082	0	0	0	0.052	0							0.026	0 001	0 002	0	0.000	0.709	0.748
TCGA-DX-A6YR-01A-33R-A355-07	0.023	U								U			0.068	0.181	0.019	0.417	0 001	0.002					0.000	0.674	0.778
TCGA-HB-A43Z-01A-11R-A24X-07	0.044		0	0.039	0	0.175	0.038	0	0.003	0	0.019	0.035	0.068	0.181	0.019 0.01 0.031	0.417 0.309 0.46	0.001	0.003	0.005			0	0.000		
TCGA-DX-A6YX-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-A3LU-01A-11R-A21T-07	0.044	0.002	0	0.039	0	0.179 0.203	0.038	0	0.003	0	0.052	0.035	0.104 0.061	0.304 0 0.075	0.01	0.41.7 0.309 0.46 0.362	0.001 0	0.003 0.022 0	0.005 0.093 0.158	0	0	0	0.000 0.020	0.247	0.982
	0.009	0.002 0 0.003	0 0	0.015	0 0 0	0.179 0.203 0.223	0.038 0 0.009 0.011	0	0.003	0 0		0	0.104 0.061 0.037	0.304 0 0.075 0.165	0.01 0.031 0.034 0.007	0.41.7 0.309 0.46 0.362 0.457	0.001	0.003 0.022 0 0.031	0.158	0	0 0	0 0	0.000 0.020 0.000	0.247	0.732
	0.009 0.069 0.158	0.002 0 0.003 0	0 0 0 0.009	0	0 0 0 0 0 0	0.179 0.203	0.038 0 0.009 0.011 0	0 0 0 0.034	0.003 0 0 0.078	0 0 0 0.019	0.052 0.042 0	0.035 0 0 0.029	0.104 0.061 0.037 0.07	0.304 0 0.075	0.01 0.031	0.417 0.309 0.46 0.362 0.457 0.295	0.001 0 0 0 0	0		0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0	0 0 0 0	0.000 0.020	0.247 0.721 0.142	_
TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A211-07 TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A411-07 TCGA-DX-A1KU-01A-32R-A24X-07	0.009	0.002 0 0.003 0 0	0 0 0 0.009 0	0 0.015 0.119	0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223	0.038 0 0.009 0.011 0 0		0.003 0 0 0.078 0.057	0 0 0 0.019 0	0.052	0	0.104 0.061 0.037	0.00A 0 0.075 0.165 0.046	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089	0.417 0.309 0.46 0.362 0.457 0.295 0.197	0 0.001 0 0 0 0 0 0.001	0	0.158 0.001 0.019	0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0.021	0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080	0.247	0.732 1.028
TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-A1KU-01A-32R-A24X-07 TCGA-DX-A3U5-01A-11R-A22K-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031	0.002 0 0.003 0 0 0	0 0 0 0.009 0	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025	0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13	0 0.009 0.011 0 0 0.026		0.057 0 0.007	0 0 0 0.019 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037	0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123	0.075 0.165 0.046 0.044	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015	0.417 0.209 0.46 0.362 0.457 0.295 0.197 0.404	0 0.001 0 0 0 0 0 0.001	0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03	0 0 0 0 0	0 0 0 0 0.021	0 0 0 0 0 0 0.001	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771
TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-A1KU-01A-32R-A24X-07 TCGA-DX-A3U5-01A-11R-A22K-07 TCGA-DX-A7EN-01A-11R-A39D-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045	0.002 0 0.003 0 0 0 0	0 0 0 0 0.009 0 0	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177	0 0.009 0.011 0			0 0 0 0.019 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064	0 0.029 0 0 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055	0.075 0.165 0.046 0.044	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015	0.404 0.599 0.357	0.001 0 0 0 0 0 0.001 0	0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0.021 0 0.006	0 0 0 0 0 0.001 0.003	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973
TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-A1KU-01A-32R-A24X-07 TCGA-DX-A3U5-01A-11R-A22K-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0 0.001	0 0 0 0.009 0 0 0 0 0	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13	0 0.009 0.011 0 0 0.026		0.057 0 0.007	0 0 0 0.019 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037	0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123	0.075 0.165 0.046 0.044	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015	0.417 0.500 0.46 0.562 0.457 0.295 0.197 0.600 0.559 0.18	0.001 0 0 0 0 0.001 0 0.022 0.013	0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03	0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0.006	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0.004	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771
TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-A1KU-01A-32R-A24X-07 TCGA-DX-A3U5-01A-11R-A22K-07 TCGA-DX-A7EN-01A-11R-A39D-07 TCGA-DX-A480-01A-11R-A30C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0.001	0 0 0 0.009 0 0 0 0 0 0.004 0.005	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177	0 0.009 0.011 0 0 0.026		0.057 0 0.007	0 0 0 0.019 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055	0 0.029 0 0 0 0.004	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027	0.404 0.599 0.357 0.18		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0 0.006	0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.010	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867
TCGA-DX-ABSC-01A-11R-A411-07 TCGA-DX-ABKU-01A-32R-A24K-07 TCGA-DX-AUS-01A-11R-A32K-07 TCGA-DX-ASS-01A-11R-A32K-07 TCGA-DX-ASS-01A-11R-A39D-07 TCGA-DX-ASS-01A-11R-A30C-07 TCGA-DX-ASS-01A-11R-A35C-07 TCGA-DX-ASS-01A-11R-A35C-07 TCGA-DX-ASS-01A-11R-A35C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0.001 0 0	0 0 0 0.009 0 0 0 0 0 0.004 0.005 0.009	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235	0 0.009 0.011 0 0.026 0 0.018 0 0.025	0.018 0 0 0.001 0.001	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022	0 0 0.019 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035	0 0.029 0 0 0 0.004	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036	0 0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0.028	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.058 0.061	0.404 0.599 0.357 0.18		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0.006 0	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.010 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791
TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-A1KII-01A-32R-A24X-07 TCGA-DX-A3U5-01A-11R-A22K-07 TCGA-DX-A7R-01A-11R-A39C-07 TCGA-DX-A7R-01A-11R-A39C-07 TCGA-DX-A7EL-01A-12R-A36F-07 TCGA-DX-A68G-01A-11R-A30C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098	0.002 0.003 0 0 0 0 0.001 0 0 0.001 0	0 0 0 0.009 0 0 0 0 0.004 0.005 0.009	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235 0.299 0.219	0 0.009 0.011 0 0.026 0 0.018 0	0.018 0 0 0.001 0.001	0.057 0 0.007 0.035 0.008	0 0 0.019 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019	0 0.029 0 0 0 0.004	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043	0.80A 0 0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.058 0.066 0.012	0.40A 0.500 0.557 0.18 0.155 0.247 0.369 0.225		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0.021 0 0 0.006 0 0	0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.010 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737
TCGA-DX-ABSC-01A-11R-A41I-07 TCGA-DX-A1XI-01A-32R-A2X-07 TCGA-DX-A3XI-01A-11R-A2Z-07 TCGA-DX-A3XI-01A-11R-A3Z-07 TCGA-DX-ASXI-01A-11R-A3C-07 TCGA-DX-ASXI-01A-11R-A3C-07 TCGA-DX-ASXI-01A-11R-A3C-07 TCGA-DX-ASXI-01A-11R-A3C-07 TCGA-MS-ASXI-01A-11R-A3Z-07 TCGA-MS-ASXI-01A-11R-A3Z-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.002	0.002 0.003 0 0 0 0 0.001 0 0 0.011	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235 0.299 0.219	0 0.009 0.011 0 0.026 0 0.018 0 0.025	0.018 0 0 0.001 0.001	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022	0 0 0.019 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035	0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.007	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0.008	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.058 0.061	0.404 0.599 0.357 0.18		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0.021 0 0 0.006 0 0 0	0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791
TCGA-DX-AB3C-01A-11R-A411-07 TCGA-DX-BXU-01A-32R-A2X-07 TCGA-DX-BXU-01A-11R-A2X-07 TCGA-DX-BXU-01A-11R-A3X-07 TCGA-DX-BX-01A-11R-A3X-07 TCGA-DX-AFE-01A-11R-A3X-07 TCGA-DX-AFE-01A-11R-A3X-07 TCGA-DX-AFE-01A-11R-A3X-07 TCGA-DX-AFE-01A-11R-A3X-07 TCGA-BX-A5X-01A-11R-A3X-07 TCGA-BX-A5X-01A-11R-A3X-07 TCGA-BX-A5X-01A-11R-A3X-07 TCGA-BX-A112-01A-22R-A2X-07 TCGA-BX-A112-01A-22R-A2X-07 TCGA-BX-A112-01A-22R-A2X-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.002 0.132 0.051	0.002 0.003 0 0 0 0 0 0.001 0 0 0.011 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235 0.219 0.148 0.277	0 0.009 0.011 0 0.026 0 0.018 0 0.025	0.018 0 0 0.001 0.001	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.025 0.022 0.046	0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.075 0.066 0.075	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0.008	0.01 0.031 0.034 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.051 0.066 0.012 0.069 0.036 0.062	0.40A 0.500 0.557 0.18 0.155 0.247 0.369 0.225		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0 0.006 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.599	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.811
TCGA DX-AB3C 01A-11R-A011-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A02X-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A02X-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A03X-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A33C-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A33C-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A33C-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A03C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.002 0.132 0.051 0.036 0.036	0.002 0.003 0 0 0 0 0.001 0 0 0.011 0 0	0	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235 0.299 0.219 0.148 0.277 0.235 0.265 0.281	0 0.009 0.011 0 0 0.026 0 0.018 0 0 0.025 0.016	0.018 0 0 0.001 0.001	0.057 0.007 0.0035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.006 0.012	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.022 0.046 0	0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.075 0.075 0.071 0.03	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0.028 0.028 0.028 0.028	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.065 0.027 0.051 0.058 0.069 0.069 0.036 0.069 0.036 0.069	0,408 0,599 0,557 0.18 0.155 0,247 0,269 0,225 0,207		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006 0.206 0.058 0.038	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0 0.006 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.722 0.599	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.811 0.843
TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 91A-11R.A22C-07 TCGA-DX.AB3C 91A-11R.A23C-07 TCGA DX.AB3C 91A-11R.A39C-07 TCGA-MS.AB3C 91A-11R.A39C-07 TCGA-MS.AB3C 91A-11R.A39C-07 TCGA-MS.AB3C 91A-11R.A39C-07 TCGA-DX.AB3C 91A-11R.A39C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.022 0.132 0.051 0.036 0.136 0.047	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0.015 0.119 0.025 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.015 0.035 0.156	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235 0.219 0.148 0.277 0.135 0.265 0.281 0.187	0 0.009 0.011 0 0 0.026 0 0.018 0 0.025 0.016 0.018 0 0.025	0.018 0 0.001 0.013 0.003 0 0 0 0.010 0.010	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.005 0.011	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.025 0.022 0.046	0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.036 0.007 0.066 0.075 0.071 0.03	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0.028 0.028 0.088 11 0.074 0.022 0 0.126	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.027 0.058 0.015 0.058 0.061 0.012 0.061 0.062 0.062 0.062	0,408 0,599 0,557 0.18 0.155 0,247 0,269 0,225 0,207		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006 0.206 0.058 0.038 0.011 0.044	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0 0.006 0 0 0 0 0 0.004	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.010 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.596 0.596 0.791	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.811 0.843
TCGA DX-AB3C 01A-11R-A011-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A02X-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A02X-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A03X-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A33C-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A33C-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A33C-07 TCGA DX-AB3C 01A-12R-A03C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.002 0.132 0.051 0.036 0.036	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0 0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235 0.299 0.219 0.148 0.277 0.235 0.265 0.281	0 0.009 0.011 0 0 0.026 0 0.018 0 0 0.025 0.016	0.018 0 0 0.001 0.001	0.057 0.007 0.0035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.006 0.012	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.022 0.046 0 0 0.034 0.034	0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.075 0.075 0.071 0.03	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0.028 0.028 0.028 0.028	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.065 0.027 0.051 0.058 0.069 0.069 0.036 0.069 0.036 0.069	0,408 0,599 0,557 0.18 0.155 0,247 0,269 0.225 0.207		0 0.031 0 0.004 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006 0.206 0.058 0.038	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0 0.006 0 0 0 0 0 0 0.004 0	0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.722 0.599	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.811 0.843
TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 01A 12R.A23C-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A23C-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A39D-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A39D-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A39C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.025 0.132 0.051 0.036 0.136 0.047 0.031 0.047	0.002 0.003 0 0.003 0 0 0.001 0 0.001 0 0 0.001 0 0 0 0 0 0	0	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.025 0.107 0.107 0.107 0.014 0.042 0.041 0.015 0.156 0.011 0.095 0.031	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.275 0.13 0.177 0.235 0.219 0.219 0.219 0.219 0.219 0.218 0.277 0.389 0.135 0.265 0.281 0.187 0.136	0 0.009 0.011 0 0 0.026 0 0.018 0 0.025 0.016 0.018 0 0.025	0.018 0 0.001 0.01 0.013 0.003 0 0 0 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.005 0.011	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.046 0.034 0.028 0.028	0 0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0 0.014 0.001 0 0.014 0.008	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.075 0.075 0.071 0.03 0.094 0.015 0.036	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0 0.088 0.074 0.022 0.028 0.074 0.022 0.026 0.026 0.026	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.015 0.051 0.051 0.051 0.069 0.012 0.069 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.073	0,408 0,599 0,557 0.18 0.155 0,247 0,269 0.225 0.207		0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006 0.206 0.058 0.038 0.038 0.031	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.599 0.556 0.543 0.742 0.689 0.723	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.811 0.843 0.745 0.763 0.763 0.763 0.763
TCGA DX.AB3C 01A 11R.A011-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A020-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A025-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A025-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A035-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A035-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A035-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A035-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A326-07 TCGA DX.AB3C 91A 11R.A327-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.002 0.031 0.051 0.036 0.136 0.047 0.031 0.051 0.051	0.002 0.003 0 0.003 0 0 0 0.001 0 0 0.001 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.011 0.035 0.156 0.011 0.095 0.011 0.095	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.127 0.177 0.235 0.269 0.199 0.148 0.277 0.135 0.265 0.261 0.187 0.136 0.076 0.136	0 0.009 0.011 0 0 0.026 0 0.018 0 0.025 0.016 0.018 0 0.025	0.018 0 0.001 0.013 0.003 0 0 0 0.010 0.010	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.005 0.011	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.022 0.046 0.031 0.040 0.031 0.040 0.034 0.028 0.012	0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.125 0.041 0.043 0.036 0.075 0.071 0.03 0.094 0.015 0.03 0.094	0.075 0.165 0.046 0.028 0 0 0 0 0 0 0.028 0.028 0.028 0.028 0.028 0.021 0.074 0.022 0 0.126 0.096 0.023	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.012 0.069 0.036 0.062 0.041 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.072 0.072 0.072 0.073 0.072 0.073 0.072 0.073 0.074 0.075 0.0	0,408 0,599 0,557 0.18 0.155 0,247 0,269 0.225 0.207		0 0.031 0 0.004 0 0 0.026 0 0 0.001 0 0.004 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006 0.206 0.008 0.0137 0.009 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.599 0.556 0.742 0.699 0.743 0.699 0.723 0.784 0.783 0.784 0.783 0.784 0.	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.843 0.845 0.726 0.783 0.793 0.793 0.793
TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 01A 12R.A23C-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A23C-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A39D-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A39D-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.A39C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.025 0.132 0.051 0.036 0.136 0.047 0.031 0.047	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.025 0.107 0.107 0.107 0.014 0.042 0.041 0.015 0.156 0.011 0.095 0.031	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.177 0.235 0.799 0.219 0.148 0.277 0.385 0.135 0.165 0.265 0.281 0.187 0.136 0.076	0 0.009 0.011 0 0 0.026 0 0.018 0 0.025 0.016 0.018 0 0.025	0.018 0 0.001 0.01 0.013 0.003 0 0 0 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.005 0.011	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.046 0.034 0.028 0.028	0 0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0 0.014 0.001 0 0.014 0.008	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.075 0.075 0.071 0.03 0.094 0.015 0.036	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0 0.088 0.074 0.022 0.028 0.074 0.022 0.026 0.026 0.026	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.015 0.051 0.051 0.051 0.069 0.012 0.069 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.073	0,408 0,599 0,557 0.18 0.155 0,247 0,269 0.225 0.207		0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.009 0.062 0.006 0.008 0.038 0.038 0.011 0.048 0.048 0.048	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0 0.006 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.160 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.599 0.556 0.543 0.742 0.689 0.723	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.811 0.843 0.745 0.763 0.763 0.763 0.763
TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB11-07 TICGA DX.AB3C 01A-32R.A2X-07 TICGA DX.AB3C 01A-32R.A2X-07 TICGA DX.AB3C 01A-11R.A23C-07 TICGA DX.AB3C 01A-11R.A33C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.132 0.051 0.051 0.047 0.031 0.047 0.031 0.051 0.051 0.051 0.051 0.051	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.035 0.156 0.011 0.095 0.031	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.13 0.127 0.177 0.235 0.269 0.199 0.148 0.277 0.135 0.265 0.261 0.187 0.136 0.076 0.136	0 0.009 0.011 0 0 0.026 0 0.018 0 0.025 0.016 0.018 0 0.025	0.018 0 0.001 0.01 0.013 0.003 0 0 0 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010 0.010	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.005 0.011	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.022 0.046 0.031 0.040 0.031 0.040 0.034 0.028 0.012	0 0 0.029 0 0 0 0.004 0.012 0.012 0.014 0.008 0 0 0 0 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.055 0.041 0.043 0.055 0.041 0.043 0.066 0.070 0.066 0.071 0.03 0.094 0.015 0.03 0.055 0.036 0.036 0.036	0.075 0.165 0.046 0.028 0 0 0 0 0 0 0.028 0.028 0.028 0.028 0.028 0.021 0.074 0.022 0 0.126 0.096 0.023	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.056 0.056 0.012 0.069 0.036 0.062 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072	0.200 0.189 0.18 0.185 0.247 0.225 0.207 0.27 0.27 0.28 0.28 0.28 0.28		0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.03 0.137 0.227 0.127 0.009 0.062 0.006 0.206 0.008 0.0137 0.009 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.021 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.615 0.701 0.615 0.722 0.599 0.556 0.543 0.742 0.689 0.723 0.783 0.783 0.783	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.843 0.726 0.783 0.730 0.691
TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB11-07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C0 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C0 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C0 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB3C0 07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB3C 07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.089 0.091 0.021 0.031 0.036 0.036 0.031 0.045 0.047 0.031 0.031 0.051 0.051 0.051 0.051	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0.015 0 0 0.002 0 0 0	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.011 0.035 0.156 0.014 0.095 0.035 0.095 0.031 0.095 0.031 0.096 0.031	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.177 0.235 0.177 0.235 0.177 0.235 0.199 0.219 0.148 0.277 0.255 0.135 0.165 0.265 0.281 0.187 0.106 0.076 0.106 0.258	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.018 0 0.001 0.001 0.013 0.003 0 0 0 0.01 0.014 0.016 0.004 0.004 0.017	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.011 0.046 0.011 0 0.002	0 0 0.019 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.035 0.022 0.035 0.022 0.034 0.034 0.028 0.012 0.022 0.048 0.012 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.075 0.071 0.066 0.075 0.071 0.03 0.094 0.015 0.03 0.055 0.036 0.029 0.038 0.063	0.075 0.165 0.044 0.028 0.028 0.088 0.074 0.022 0.088 0.074 0.022 0.096 0.037 0.058	0.01 0.034 0.007 0.089 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.061 0.062 0.062 0.061 0.079 0.061 0.079 0.061 0.079 0.023 0.023 0.021 0.002 0.0022 0.0022 0.0038	0.18 0.18 0.18 0.155 0.227 0.225 0.207 0.248 0.28 0.28 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 0.27 0.27 0.27 0.28 0.28 0.27 0.27 0.28 0.28 0.29 0.		0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.009 0.062 0.006 0.006 0.006 0.006 0.008 0.011 0.048 0.0137 0.086 0.085 0.0985 0.0066 0.078	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0.001 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.080 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.599 0.556 0.543 0.742 0.689 0.723 0.783 0.721 0.750 0.510 0.510	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.843 0.726 0.726 0.783 0.791 0.743
TCGA DX.A83C 01A 11R.A411-07 TCGA DX.A18U 01A-32R.A24X-07 TCGA DX.A18U 01A-32R.A24X-07 TCGA DX.A18U 01A-32R.A24X-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A39C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A39C-07 TCGA DX.A78C 01A-11R.A39C-07 TCGA DX.A78C 01A-11R.A39C-07 TCGA DX.A38C-01A-11R.A39C-07 TCGA MB.A37S-01A-11R.A32C-07 TCGA MB.A37S-01A-11R.A32C-07 TCGA MB.A37S-01A-11R.A32C-07 TCGA MB.A37S-01A-11R.A32C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A32C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A32C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A32C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A39C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A32C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A39C-07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.021 0.051 0.036 0.136 0.047 0.031 0.026 0.105 0.008 0.03 0.008 0.03	0.002 0.003 0.003 0.003 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.001 0.003	0 0 0.015 0 0 0.002 0 0 0	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.107 0.107 0.107 0.042 0.041 0.035 0.156 0.011 0.095 0.031 0.026 0.014 0.054 0.054 0.054 0.054 0.054 0.054 0.054 0.055	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.177 0.235 0.177 0.235 0.177 0.235 0.199 0.219 0.148 0.277 0.255 0.135 0.165 0.265 0.281 0.187 0.106 0.076 0.106 0.258	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.018 0 0 0.001 0.001 0.013 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.011 0.046 0.011 0 0.002	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.022 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.032 0.046 0.032 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.032 0.048 0.028 0.048 0.	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.104 0.061 0.037 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.07 0.066 0.071 0.03 0.094 0.015 0.03 0.036 0.036 0.037 0.094 0.015 0.030 0.094 0.015 0.030 0.094 0.015 0.030 0.094 0.018 0.066 0.0101	0.075 0.165 0.044 0.028 0.028 0.088 0.088 0.088 0.008 0.022 0.022 0.026 0.023 0.023 0.025 0.023	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.015 0.058 0.061 0.012 0.069 0.036 0.061 0.072 0.051 0.072 0.051 0.072 0.061 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.073	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.127 0.029 0.062 0.058 0.038 0.038 0.031 0.048 0.137 0.086 0.085 0.085 0.085 0.085	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.599 0.556 0.742 0.689 0.742 0.689 0.723 0.783 0.783 0.783 0.791 0.793 0.794 0.	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.813 0.764 0.845 0.726 0.783 0.791 0.845 0.786
TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB11-07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C0 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C0 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C0 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB3C0 07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB3C 07	0.009 0.069 0.158 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.089 0.091 0.021 0.031 0.036 0.036 0.031 0.045 0.047 0.031 0.031 0.051 0.051 0.051 0.051	0.002 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0.015 0 0 0.002 0 0 0	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.011 0.035 0.156 0.014 0.095 0.035 0.095 0.031 0.095 0.031 0.096 0.031	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.177 0.235 0.177 0.235 0.177 0.235 0.199 0.219 0.148 0.277 0.255 0.135 0.165 0.265 0.281 0.187 0.106 0.076 0.106 0.258	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.018 0 0.001 0.001 0.013 0.003 0 0 0 0.01 0.014 0.016 0.004 0.004 0.017	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.011 0.046 0.011 0 0.002	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.035 0.022 0.035 0.022 0.034 0.034 0.028 0.012 0.022 0.048 0.012 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.104 0.061 0.037 0.07 0.031 0.043 0.123 0.055 0.041 0.043 0.036 0.075 0.071 0.066 0.075 0.071 0.03 0.094 0.015 0.03 0.055 0.036 0.029 0.038 0.063	0.075 0.165 0.044 0.028 0.028 0.088 0.074 0.022 0.088 0.074 0.022 0.096 0.037 0.058	0.01 0.034 0.007 0.089 0.089 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.061 0.062 0.062 0.061 0.079 0.061 0.079 0.061 0.079 0.023 0.023 0.021 0.002 0.0022 0.0022 0.0038	0.18 0.18 0.18 0.155 0.227 0.225 0.207 0.248 0.28 0.28 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 1.161 0.28 0.27 0.27 0.27 0.27 0.28 0.28 0.27 0.27 0.28 0.28 0.29 0.	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.009 0.062 0.006 0.006 0.006 0.006 0.008 0.011 0.048 0.0137 0.086 0.085 0.0985 0.0066 0.078	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.020 0.000 0.080 0.080 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.470 0.654 0.701 0.615 0.722 0.599 0.556 0.543 0.742 0.689 0.723 0.783 0.721 0.750 0.510 0.510	0.732 1.028 1.043 0.850 0.771 0.973 0.867 0.883 0.791 0.737 0.813 0.761 0.843 0.726 0.726 0.783 0.791 0.743
TICGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.Ad2C TICGA DX.AB3C 01A-11R.Ad2C TICGA DX.AB3C 01A-11R.Ad3C-07	0.009 0.069 0.058 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.089 0.089 0.089 0.022 0.032 0.036 0.036 0.047 0.031 0.051 0.051 0.005 0.018 0.03 0.068 0.06	0.002 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.001 0.0024	0.015 0.019 0.025 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.035 0.156 0.011 0.095 0.095 0.014 0.053 0.053 0.053 0.053		0.179 0.203 0.125 0.125 0.127 0.13 0.13 0.179 0.218 0.13 0.170 0.219 0.148 0.277 0.13 0.135 0.160 0.076 0.07	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.018 0 0 0.001 0.001 0.013 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.011 0.046 0.011 0 0.002	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.026 0.031 0.046 0.034 0.028 0.022 0.022 0.022 0.046 0.037 0.055	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.104 0.661 0.062 0.07 0.037 0.07 0.033 0.055 0.055 0.051 0.061 0.071 0.03 0.055 0.071 0.03 0.055 0.071 0.03 0.055	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.01 0.031 0.033 0.007 0.007 0.007 0.008 0.011 0.068 0.015 0.051 0.051 0.051 0.062 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.072 0.061 0.073 0.032 0.033 0.033 0.033 0.033 0.033 0.031 0.031	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 8.001 0.019 0.041 0.041 0.03 0.137 0.022 0.050 0.050 0.058 0.038 0.013 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.507 0.654 0.659 0.572 0.654 0.722 0.659 0.722 0.729	0.732 1.028 0.850 0.771 0.867 0.883 0.867 0.813
TICGA DX.ABJC.01A.11R.Ad11-07 TICGA DX.ABJC.01A.12R.AJCA.07 TICGA DX.ABJC.01A.11R.AJCA.07	0.009 0.069 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.089 0.089 0.089 0.089 0.020 0.032 0.051 0.036 0.047 0.031 0.051 0.026 0.008 0.03 0.068 0.06 0.06 0.07 0.073	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.024 0 0.003 0.003	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.107 0.107 0.014 0.042 0.041 0.035 0.156 0.011 0.095 0.031 0.026 0.030 0.038 0.021 0.054 0.077 0.095 0.028 0.114		0.179 0.203 0.223 0.125 0.277 0.275 0.177 0.235 0.177 0.235 0.177 0.235 0.199 0.219 0.148 0.277 0.255 0.135 0.165 0.265 0.281 0.187 0.106 0.076 0.106 0.258	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.018 0 0 0.001 0.001 0.010 0.013 0.003 0 0 0.011 0.004 0.004 0.004 0.004 0.0061 0.0061 0.0061 0.0061	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.005 0.011 0.046 0.011 0.046 0.011 0.046 0.011	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.063 0.019 0.019 0.031 0.046 0.031 0.046 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.068 0.022 0.068	0.029 0.000 0.001 0.001 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009	0.104 0.061 0.061 0.071 0.072 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.01 0.031 0.031 0.007 0.089 0.089 0.091 0.068 0.061 0.051 0.069 0.061 0.069 0.036 0.061 0.072 0.051 0.061 0.072 0.051 0.061 0.072 0.073 0.022 0.033 0.053	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.019 0.041 0.013 0.03 0.137 0.227 0.0127 0.006 0.006 0.006 0.008 0.011 0.048 0.013 0.038 0.011 0.048 0.017 0.086	0.008 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.470 0.658 0.672 0.470 0.654 0.597 0.470 0.654 0.742 0.743 0.742	0.732 1.028 0.850 0.771 0.867 0.873 0.867 0.873 0.813 0.813 0.813 0.843 0.730 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793
TCGA DX.A83C 01A 11R.A411-07 TCGA DX.A18U 01A-32R.A24X-07 TCGA DX.A18U 01A-32R.A24X-07 TCGA DX.A18U 01A-32R.A24X-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A35C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A35C-07 TCGA DX.A78E-01A-12R.A35E-07 TCGA DX.A78E-01A-12R.A35E-07 TCGA DX.A78E-01A-12R.A35C-07 TCGA DX.A86C-01A-12R.A35C-07 TCGA DX.A18U 01A-11R.A32C-07	0.009 0.069 0.058 0.054 0.031 0.045 0.098 0.099 0.129 0.002 0.051 0.036 0.047 0.036 0.136 0.047 0.051 0.051 0.051 0.051 0.051 0.051 0.071	0.002 0 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.001 0.0024	0.015 0.119 0.034 0.025 0.031 0.107 0.107 0.107 0.014 0.042 0.041 0.035 0.156 0.011 0.095 0.013 0.036 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.125 0.127 0.130 0.177 0.137 0.137 0.137 0.138 0.177 0.136 0.167 0.106 0.106 0.258 0.197 0.199 0.199 0.199 0.199 0.199 0.190	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.018 0 0 0 0.001 0.011 0.013 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0.01 0.004 0.016 0.004 0.001 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.026 0.011 0.046 0.011 0 0 0 0.05 0.011 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.022 0.046 0.031 0.046 0.034 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.024 0.024 0.024 0.029 0.029 0.029	0.029 0.009 0.0004 0.012 0.012 0.012 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.008 0.008 0.009	0.104 0.061 0.07 0.037 0.07 0.031 0.123 0.123 0.043 0.043 0.043 0.065 0.071 0.036 0.065 0.071 0.036 0.066 0.055 0.066 0.069 0.066 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069 0.069	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.01 0.031 0.034 0.007 0.089 0.091 0.068 0.015 0.027 0.051 0.053 0.061 0.062 0.061 0.072 0.061 0.072 0.072 0.073	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 8.001 0.019 0.041 0.041 0.03 0.137 0.022 0.050 0.050 0.058 0.038 0.013 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.701 0.651 0.701 0.651 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.701 0.653 0.701 0.653 0.701 0.701 0.653 0.701 0.701 0.653 0.701 0.701 0.653 0.701	0.732 1.028 0.850 0.771 0.863 0.867 0.791 0.737 0.813 0.863 0.791 0.726 0.726 0.730 0.691 0.743 0.693 0.693 0.743 0.693 0.743 0.693 0.743
TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad11-07 TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad2C0 TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad2C0 TCGA DX.AB3C 01A 11R.Ad3C0-07 TCGA DX.AB3C0-11R.Ad3C0-07 TCGA DX.	0.009 0.069 0.058 0.054 0.031 0.047 0.031 0.129 0.051 0.051 0.051 0.068 0.068 0.03 0.068 0.03 0.068 0.03 0.07 0.173	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.024 0 0.003 0.003	0.015 0.119 0.034 0.025 0.031 0.107 0.107 0.014 0.042 0.041 0.035 0.156 0.011 0.035 0.031 0.026 0.014 0.053 0.038 0.21 0.054 0.077 0.095		0.179 0.203 0.125 0.125 0.127 0.13 0.13 0.179 0.218 0.13 0.170 0.219 0.148 0.277 0.13 0.135 0.160 0.076 0.07	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.018 0 0 0.001 0.001 0.010 0.013 0.003 0 0 0.011 0.004 0.004 0.004 0.004 0.0061 0.0061 0.0061 0.0061	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.026 0.011 0.046 0.011 0 0 0 0.05 0.011 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.063 0.019 0.019 0.031 0.046 0.031 0.046 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.048 0.022 0.068 0.022 0.068	0.029 0.000 0.001 0.001 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009 0.009	0.104 0.061 0.061 0.075 0.075 0.075 0.075 0.081 0.089 0.089 0.094	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.01 0.031 0.031 0.007 0.089 0.089 0.091 0.068 0.061 0.051 0.069 0.061 0.069 0.036 0.061 0.072 0.051 0.061 0.072 0.051 0.061 0.072 0.073 0.022 0.033 0.053	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 8.001 0.019 0.041 0.041 0.03 0.137 0.022 0.050 0.050 0.058 0.038 0.013 0	0.008 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.470 0.658 0.672 0.470 0.654 0.597 0.470 0.654 0.742 0.743 0.742	0.732 1.028 0.850 0.771 0.867 0.873 0.867 0.873 0.813 0.813 0.813 0.843 0.730 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793 0.691 0.793
TICGA DX.AB3C 01A 11R.A011-07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.A011-07 TICGA DX.AB3C 01A-31R.A02C-07 TICGA DX.AB3C 01A-31R.A02C-07 TICGA DX.AB3C 01A-31R.A03C-07 TICGA	0.009 0.069 0.058 0.054 0.031 0.045 0.098 0.099 0.129 0.002 0.051 0.036 0.047 0.031 0.047 0.051 0.068 0.068 0.068 0.068 0.07 0.133 0.07 0.145 0.071 0.035	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.024 0 0.003 0.003	0.015 0.119 0.034 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.035 0.156 0.011 0.035 0.031 0.026 0.014 0.053 0.038 0.21 0.054 0.077 0.095 0.0114 0.054		0.179 0.203 0.203 0.125 0.127 0.215 0.137 0.235 0.148 0.148 0.135 0.265 0.167 0.136 0.160 0.166 0.106	0.009 0.011 0.026 0.018 0.018 0.018 0.019 0.017 0.019 0.019 0.007 0.008	0.018 0 0 0.001 0.001 0.010 0.013 0.003 0 0 0.011 0.004 0.004 0.004 0.004 0.0061 0.0061 0.0061 0.0061	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.026 0.011 0.046 0.011 0 0 0 0.05 0.011 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.052 0.042 0.055 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.022 0.046 0.031 0.046 0.034 0.028 0.012 0.022 0.048 0.024 0.024 0.056 0.008 0.029 0.008 0.029 0.008 0.029	0.029 0.009 0.0004 0.012 0.012 0.012 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.008 0.008 0.009	0.104 0.061 0.061 0.077 0.07 0.07 0.07 0.07 0.07 0.07 0.	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0.028 0.088 0.074 0.022 0.126 0.096 0.035 0.035 0.024 0.036 0.035 0.024	0.01 0.031 0.033 0.007 0.089 0.081 0.068 0.015 0.055 0.051 0.069 0.061 0.016 0.072 0.051 0.069 0.036 0.061 0.072 0.053 0.061 0.072 0.072 0.072 0.073 0.073 0.073 0.073 0.074 0.075 0	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.031 0.031 0.027 0.062 0.052 0.058 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.048 0.058 0.068 0.078 0.085 0.098	0.008 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.106 0.106 0.537 0.658 0.262 0.722 0.659 0.556 0.722 0.659 0.556 0.422 0.689 0.723 0.721 0.659 0.722 0.659 0.722 0.659 0.722 0.659 0.723 0.723	0.732 1.028 0.850 0.850 0.867 0.813 0.791 0.813 0.761 0.813 0.761 0.813 0.761 0.843 0.843 0.783 0.691 0.996 0.783 0.691 0.996 0.996 0.998 0.998 0.998
TICGA DIX.ABJC.01A.11R.AB11-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A2GA-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A2GA-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A2GA-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A3GC-07	0.009 0.069 0.058 0.054 0.031 0.045 0.098 0.099 0.129 0.051 0.036 0.047 0.031 0.051 0.051 0.051 0.068 0.06 0.06 0.07 0.173 0.071 0.145 0.071 0.062	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.024 0 0.003 0.003	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.014 0.011 0.035 0.156 0.014 0.053 0.038 0.026 0.014 0.053 0.038 0.21 0.054 0.07 0.095 0.028 0.114 0.027 0.016 0.016 0.014	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.125 0.127 0.237 0.137 0.237 0.237 0.237 0.237 0.237 0.237 0.239 0.148 0.219 0.148 0.219 0.148 0.219 0.148 0.219 0.125 0.221 0.130 0.130 0.106 0.076 0.106 0.076 0.106 0.252 0.219 0.130 0.253	0.009 0.011 0.026 0.018 0.028 0.018 0.018 0.009 0.000	0.018 0 0 0 0 0.001 0.011 0 0.013 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.057 0.007 0.007 0.008	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.0105 0.064 0.037 0.055 0.061 0.019 0.031 0.046 0.034 0.022 0.046 0.034 0.028 0.012 0.068 0.020 0.068 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0.029 0.001 0.001 0.012 0.012 0.012 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.014 0.008 0.029 0.027 0.029 0.029 0.029 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0.104 0.061 0.061 0.075 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075	0.075 0.165 0.044 0.028 0.008	0.01 0.031 0.033 0.007 0.009 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.069 0.069 0.036 0.061 0.072 0.051 0.072 0.051 0.069 0.036 0.061 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.073 0.033 0.023 0.021 0.099 0.037 0.038 0.065 0.051 0.066 0.069 0	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.051 0.001 0.011 0.013 0.03 0.03 0.03 0.027 0.020 0.062 0.006 0.013 0.086 0.013 0.086 0.087 0.086 0.098	0.008 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.59 0.507 0.470 0.658 0.702 0.597 0.470 0.599 0.722 0.599 0.742 0.682 0.742 0.682 0.742 0.682 0.744 0.742 0.744 0.742 0.744 0.742 0.7442 0.744 0.742	0.732 1.028 0.850 0.871 0.867 0.771 0.867 0.873 0.781 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791
TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB11-07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB11-07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C 07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB2C 07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB3C 07 TICGA	0.009 0.069 0.058 0.054 0.031 0.045 0.098 0.099 0.129 0.002 0.051 0.036 0.047 0.031 0.047 0.051 0.068 0.068 0.068 0.068 0.07 0.133 0.07 0.145 0.071 0.035	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.024 0 0.003 0.003	0.015 0.107 0.034 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.042 0.041 0.001 0.035 0.156 0.011 0.095 0.031 0.026 0.014 0.053 0.038 0.038 0.054 0.077 0.095 0.028 0.114 0.027 0.016 0.041 0.105 0.011 0.095		0.179 0.203 0.125 0.127 0.125 0.13 0.177 0.177 0.178 0.188 0.177 0.135 0.168 0.178 0.136 0.179 0.148 0.135 0.159 0.168 0.168 0.168 0.168 0.168 0.168	0.009 0.011 0.026 0.018 0.018 0.018 0.019 0.019 0.019 0.019 0.019 0.0004 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0004 0.0005	0.018 0 0 0 0 0.001 0.011 0 0.013 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.057 0 0.007 0.035 0.008 0 0.022 0 0.026 0.012 0 0.026 0.011 0.046 0.011 0 0 0 0.05 0.011 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0 0.105 0.064 0.037 0.055 0.011 0.019 0.035 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.031 0.046 0.022 0.048 0.022 0.048 0.024 0.022 0.048 0.024 0.055 0.008 0.065 0.008 0.065	0.029 0.001 0.001 0.012 0.012 0.012 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.014 0.008 0.029 0.027 0.029 0.029 0.029 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0.104 0.061 0.061 0.072 0.072 0.073 0.073 0.073 0.073 0.075 0.041 0.055 0.041 0.056 0.075 0.071 0.056 0.075 0.071 0.078 0.078 0.079	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0.028 0.088 0.074 0.022 0.126 0.096 0.035 0.035 0.024 0.036 0.035 0.024	0.01 0.031 0.031 0.007 0.089 0.081 0.068 0.061 0.051 0.051 0.069 0.036 0.061 0.072 0.051 0.061 0.072 0.051 0.061 0.072 0.061 0.072 0.073 0.073 0.072 0.073 0.073 0.073 0.074 0.074 0.074 0.075 0	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.031 0.031 0.027 0.062 0.052 0.058 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.048 0.058 0.068 0.078 0.085 0.098	0.008 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.106 0.537 0.470 0.658 0.659 0.599 0.596 0.722 0.783 0.742 0.783 0.742 0.783 0.742 0.783 0.742 0.783 0.	0.732 1.028 0.850 0.791 0.791 0.791 0.737 0.867 0.761 0.737 0.751 0.761
TICGA DIX.ABJC.01A.11R.AB11-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A2GA-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A2GA-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A2GA-07 TICGA DIX.ABJC.01A.12R.A3GC-07	0.009 0.009 0.009 0.0158 0.054 0.054 0.098 0.089 0.129 0.0129 0.0129 0.051 0.032 0.051 0.032 0.051 0.047 0.031 0.021 0.056 0.036 0.036 0.037 0.071 0.035 0.068 0.071 0.035 0.068	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.015 0 0.002 0 0 0 0.001 0.024 0 0.003 0.003	0.015 0.119 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.014 0.011 0.035 0.156 0.014 0.053 0.038 0.026 0.014 0.053 0.038 0.21 0.054 0.07 0.095 0.028 0.114 0.027 0.016 0.016 0.014	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.179 0.203 0.125 0.127 0.237 0.137 0.237 0.237 0.237 0.237 0.237 0.237 0.239 0.148 0.219 0.148 0.219 0.148 0.219 0.148 0.219 0.125 0.221 0.130 0.130 0.106 0.076 0.106 0.076 0.106 0.252 0.219 0.130 0.253	0.009 0.011 0.026 0.018 0.018 0.018 0.019 0.019 0.019 0.019 0.019 0.0004 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0004 0.0005	0.018 0 0 0 0 0.001 0.011 0 0.013 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.057 0.007 0.007 0.008	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.0105 0.064 0.037 0.055 0.061 0.019 0.031 0.046 0.034 0.022 0.046 0.034 0.028 0.012 0.068 0.020 0.068 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0.029 0.001 0.001 0.012 0.012 0.012 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.014 0.008 0.029 0.027 0.029 0.029 0.029 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0.104 0.061 0.061 0.075 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075 0.075 0.071 0.075 0.071 0.075	0.075 0.165 0.044 0.028 0.008	0.01 0.031 0.033 0.007 0.009 0.011 0.068 0.015 0.027 0.051 0.069 0.069 0.036 0.061 0.072 0.051 0.072 0.051 0.069 0.036 0.061 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.073 0.033 0.023 0.021 0.099 0.037 0.038 0.065 0.051 0.066 0.069 0	0.18 0.18 0.18 0.247 0.225 0.207 0.207 0.207 0.207 0.207 0.208 0.28 0.27 0.28 0.27 0.28 0.29 0.29 0.20	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.051 0.001 0.011 0.013 0.03 0.03 0.03 0.027 0.020 0.062 0.006 0.013 0.086 0.013 0.086 0.087 0.086 0.098	0.008 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.59 0.507 0.470 0.658 0.702 0.597 0.470 0.599 0.722 0.599 0.742 0.682 0.742 0.682 0.742 0.682 0.744 0.742 0.744 0.742 0.744 0.742 0.7442 0.744 0.742	0.732 1.028 0.850 0.871 0.867 0.771 0.867 0.873 0.781 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791 0.813 0.791
TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB11-07 TICGA DX.AB3C 01A 11R.AB11-07 TICGA DX.BASC 01A-11R.AB2C 07 TICGA DX.ABSC 01A-11R.AB3C 07	0.009 0.069 0.058 0.054 0.031 0.045 0.098 0.089 0.129 0.002 0.032 0.051 0.036 0.047 0.031 0.021 0.051 0.036 0.047 0.031 0.021 0.051 0.036 0.047 0.051 0.036 0.047 0.051 0.036 0.047 0.051 0.036 0.051	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0.015 0 0 0 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0.001 0.0024 0 0.003 0.001 0.0221 0.0029 0.003 0.003 0.001 0.009	0.015 0.019 0.034 0.025 0.025 0.031 0.109 0.157 0.107 0.014 0.041 0.011 0.035 0.031 0.026 0.014 0.053 0.038 0.026 0.014 0.053 0.038 0.026 0.014 0.053 0.031 0.026 0.014 0.053 0.031 0.026 0.014 0.053 0.031 0.026 0.014 0.053 0.031 0.026 0.014 0.053 0.031 0.031 0.026 0.014 0.053 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031 0.031		0.179 0.203 0.125 0.127 0.125 0.13 0.177 0.177 0.178 0.188 0.177 0.135 0.168 0.178 0.136 0.179 0.148 0.135 0.159 0.168 0.168 0.168 0.168 0.168 0.168	0.009 0.011 0.026 0.018 0.018 0.018 0.019 0.019 0.019 0.019 0.019 0.0004 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0019 0.0004 0.0004 0.0005	0.018 0 0 0 0 0.001 0.011 0 0.013 0.003 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.057 0.007 0.007 0.008	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.052 0.042 0.056 0.064 0.037 0.055 0.064 0.037 0.055 0.064 0.031 0.046 0.031 0.046 0.034 0.022 0.048 0.022 0.048 0.024 0.022 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068 0.068	0.029 0.001 0.001 0.012 0.012 0.012 0.012 0.012 0.013 0.014 0.008 0.014 0.008 0.029 0.027 0.029 0.029 0.029 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008 0.008	0.104 0.061 0.070 0.071 0.072 0.073 0.073 0.073 0.073 0.073 0.075 0.041 0.043 0.075 0.075 0.071 0.076 0.075 0.071 0.076 0.075 0.071 0.076 0.075 0.071 0.076 0.075 0.077 0.071 0.076 0.077	0.075 0.165 0.046 0.044 0.028 0.028 0.088 0.074 0.022 0.026 0.095 0.095 0.086 0.023 0.086 0.024 0.0686 0.024 0.0686 0.024 0.0686 0.025 0.0686 0.076	0.01 0.031 0.033 0.007 0.089 0.081 0.068 0.051 0.055 0.051 0.058 0.061 0.012 0.036 0.061 0.072 0.053 0.061 0.072 0.053 0.061 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.073 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.072 0.073 0.073 0.074 0.075 0	0.255 0.247 0.18 0.155 0.247 0.269 0.207 0.275 0.208 0.248 0.288 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.248 0.250 0.260 0.27 0.27 0.27 0.27 0.27 0.27 0.27 0.2	0.013 0.002 0 0.005 0.005 0.002 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.031 0 0.004 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.158 0.001 0.019 0.041 0.031 0.032 0.027 0.062 0.058 0.038 0.038 0.038 0.038 0.038 0.046 0.058 0.058 0.059	0.008 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.000 0.000	0.247 0.721 0.142 0.106 0.537 0.658 0.262 0.701 0.615 0.701 0.615 0.722 0.658 0.722 0.720 0.731 0.536 0.722 0.658 0.722 0.742 0.659 0.723 0.720 0.	0.732 1.028 0.850 0.850 0.871 0.873 0.867 0.873 0.791 0.813 0.761 0.813 0.761 0.813 0.761 0.813 0.761 0.813 0.761 0.813 0.761 0.813 0.761 0.813 0.761 0.783

					т.	cells CD4	T cells CD4	Trolls	T cells	T cells							Dendritic	Dendritic							
Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 m	emory esting	memory	follicular	regulatory		NK cells resting	NK cells activated	Monocytes			Macrophages M2	cells		ells Mast		osinophils	Neutrophil	sP-value	Correlation	RMSE
TCGA-MB-A8JL-01A-11R-A36F-07	0.109	0	0.01	0.014	0	0.22	0.019	0.005	0.007	0	0.04	0	0.025	0.2	0.011	0.312	0	0.001 0.0	25	0	0	0	0.000	0.514	0.861
TCGA-DX-AB2S-01A-11R-A39D-07 TCGA-DX-AB2J-01A-11R-A38C-07	0.141	0	0.025	0.092	0	0.242	0.02	0	0.058	0	0.008	0.029	0.036 0.127	0.086	0.078	0.189	0.005	0.002 0.0 0.008 0.1		0	0	0	0.000	0.622	0.808
TCGA-DX-A23U-01A-11R-A26T-07	0.047	0	0	0	0	0.23	0	0	0.006	0.027	0	0.008	0	0.21	0.043	0.423	0	0 0	0.	.007	0	0	0.000	0.704	0.741
TCGA-DX-A2J0-01A-11R-A21T-07 TCGA-SI-A71O-06A-11R-A38C-07	0.262 0.071	0	0.038	0.057	0	0.203	0.009	0.006	0.005	0	0.017	0.032	0.029	0.046	0.017	0.244	0	0.003 0.0	_	0	0	0.001	0.000	0.529	0.853 0.835
TCGA-MJ-A68J-01A-11R-A30C-07	0.071	0	0.011	0.032	0	0.232	0.02	0.006	0.003	0	0.017	0.013	0.032	0.046	0.014	0.345	0.048	0.029 0.2	16	0	0	0	0.000	0.657	0.794
TCGA-DX-A6BH-01A-12R-A30C-07	0.05	0	0	0.008	0	0.279	0.011	0	0.005	0	0.028	0	0.005	0.187	0.052	0.257	0	0 0.1		0	0	0	0.000	0.678	0.779
TCGA-DX-A1L1-01A-11R-A24X-07 TCGA-Z4-AAPG-01A-11R-A39D-07	0.135	0	0.003	0.08	0	0.195	0.039	0	0.017	0	0.011	0.034	0.025	0	0.11	0.3	0	0.008 0.0		0	0	0.008	0.000	0.516	0.863 0.793
TCGA-DX-AB2H-01A-11R-A39D-07	0.122	0	0	0.049	0	0.102	0.007	0.025	0.031	0	0	0.031	0.035	0.268	0.056	0.229	0	0 0.0	16	0	0	0	0.010	0.305	0.962
TCGA-38-A9HO-01A-11R-A38C-07 TCGA-DX-A3UD-01A-11R-A30C-07	0.039	0	0 006	0.207	0	0.151	0	0.04	0.062	0	0.007	0.015	0.094	0 002	0.069	0.318	0.032	0 0.0	00	0		0	0.000	0.710	0.751
TCGA-PC-A5DL-01A-11R-A26T-07	0.064	0	0.004	0.034	0	0.357	0	0	0.03	0	0.042	0.013	0.092	0.014	0.063	0.166	0.032	0 0.1		0	0	0	0.000	0.592	0.827
TCGA-MB-A5YA-01A-11R-A29R-07	0.054	0.003	0	0.014 0.017	0	0.214	0	0	0.011	0	0.019	0.027	0.115	0	0.03	0.283	0	0.016 0.2	15	0	0	0	0.000	0.522	0.862
TCGA-WK-A8XS-01A-11R-A37L-07 TCGA-DX-AB2Q-01A-11R-A39D-07	0.057	0	0.004	0.017	0	0.231	0.011	0.019	0.017	0	0.055	0	0.061	0.041	0.041	0.306	0	0.039 0.0	12 0.	.009	0.003	0.01	0.010	0.632	0.957 0.795
TCGA-DX-A8BX-01A-11R-A37L-07	0.02	0	0	0	0	0.042	0	0.002	0	0	0.016	0.006	0.169	0	0.023	0.691	0	0.016 0.0	15	0	0	0	0.000	0.677	0.745
TCGA-K1-A42X-02A-11R-A24X-07 TCGA-DX-A6BA-01A-11R-A30C-07	0.088	0	0.006	0.053	0	0.266	0.001	0.024	0.001	0	0.023	0.012	0.041	0.008	0.006	0.218	0	0.015 0.0 0.015 0.0	4	0	0	0	0.020	0.238	0.985 0.842
TCGA-DX-A48N-01A-11R-A30C-07	0.068	0	0	0	0	0.211	0	0	0	0	0.063	0	0.102	0	0.021	0.427	0	0.059 0.0	_	0	0	0	0.000	0.352	0.938
TCGA-DX-A6B7-01A-11R-A30C-07 TCGA-IE-A6BZ-01A-11R-A30C-07	0.099	0	0	0.086	0	0.245	0.021	0.001	0.037	0.006	0.059	0.014	0.025	0 001	0.011	0.249	0.003	0.015 0.2	33	0	0	0.003	0.000	0.381	0.925 0.913
TCGA-QQ-A8VF-01A-11R-A37L-07	0.032	0	0.021	0.086	0	0.222	0.014	0.017	0.05	0	0.021	0.014	0.013	0.001	0.06	0.143	0	0 0.0)2	0	0	0	0.000	0.668	0.775
TCGA-DX-A6YU-01A-12R-A33J-07	0.043	0	0	0.181	0	0.183	0.009	0.008	0.015	0	0.004	0.002	0.063	0	0.077	0.409	0	0.0)7	0	0	0	0.000	0.733	0.738
TCGA-MB-A5Y9-01A-11R-A29R-07 TCGA-DX-A23Y-01A-11R-A27Q-07	0.052 0.112	0	0.025	0.109 0.177	0	0.189	0.021	0.005	0.028	0	0.023	0.017	0.037	0.029	0.02	0.4	0	0 0.0	_	0	0	0.004	0.000	0.423	0.905 0.752
TCGA-DX-A1L3-01A-11R-A24X-07	0.031	0	0	0.037	0	0.173	0	0.015	0.018	0	0.011	0.009	0.044	0	0.057	0.423	0	0 0.1		0	0	0	0.000	0.698	0.769
TCGA-K1-A3PN-01A-11R-A22K-07 TCGA-OO-A8VD-01A-42R-A39D-07	0.106	0	0.006	0.039	0.002	0.325	0.022	0	0	0	0.065	0	0.065	0.146	0.019	0.272	0.005	0.013 0.0 0.012 0.1	_	0	0.003	0	0.000	0.483	0.879
TCGA-DX-AB30-01A-11R-A39D-07	0.079	0	0	0.038	0	0.193	0.012	0	0.041	0	0.043	0	0.025	0.211	0.041	0.245	0	0.012 0.0		0	0	0	0.000	0.399	0.917
TCGA-DX-A8BZ-01A-11R-A37L-07 TCGA-DX-A23T-01A-11R-A26T-07	0.005	0.009	0	0.005	0	0.063	0.006	0	0.001	0	0.037	0	0.007	0.273	0.001	0.546	0	0 0.0	_	0	0	0	0.000	0.826	0.617
TCGA-DX-A23T-01A-11R-A26T-07 TCGA-X6-A7WA-01A-12R-A355-07	0.089	0	0.016	0.08	0	0.287	0.012	0	0.013	0	0.013	0.003	0.103 0.155	0.051	0.034	0.323	0.001	0 0.0	_	0	0	0.009	0.000	0.347 0.521	0.940 0.860
TCGA-3B-A9HZ-01A-11R-A39D-07	0.045	0	0.003	0.067	0	0.301	0.003	0	0.002	0	0.011	0.012	0.069	0.012	0.037	0.3	0	0.007 0.3	3	0	0	0	0.000	0.672	0.788
TCGA-3B-A9HR-01A-11R-A38C-07 TCGA-74-AAPF-01A-11R-A39D-07	0.036	0.031	0.016	0.029	0.012	0.236	0	0.031	0.01	0	0.024	0.007	0.015	0.083	0.008	0.292	0	0.015 0.1		.015	0 006	0	0.000	0.340	0.942 0.818
TCGA-DX-A3U9-01A-11R-A30C-07	0.05	0	0	0.024	0	0.267	0	0.031	0.007	0	0.054	0.023	0.017	0.102	0.021	0.268	0	0 0.1	57	0	0	0	0.020	0.251	0.980
TCGA-DX-A6YT-01A-21R-A355-07	0.032	0	0	0.03	0	0.138	0	0	0.026	0	0	0.032	0.053	0	0.052	0.59	0	0.024 0.0	23	0	0	0	0.000	0.544	0.841
TCGA-FX-A800-01A-11R-A36F-07 TCGA-DX-A3LY-01B-11R-A27Q-07	0.104	0	0	0.039	0	0.226	0.011	0.017	0.005	0	0.069	0.012	0.054	0.086	0.011	0.356	0	0 0.0	13	0	0	0.016	0.010	0.259	0.980
TCGA-VT-AB3D-01A-12R-A41I-07	0.074	0	0.008	0.292	0	0.071	0	0.08	0.084	0.006	0	0.03	0.04	0.037	0.053	0.214	0	0 0	0	.01	0	0	0.000	0.536	0.846
TCGA-SI-AA8B-01A-11R-A38C-07 TCGA-X6-A8C4-01A-11R-A36F-07	0.007	0.004	0.001	0.005	0	0.134	0.012	0.024	0.024	0	0.041	0.02	0.02	0.294	0.02	0.406	0	0 0.0		.035	0	0	0.000	0.717	0.725 0.892
TCGA-DX-A7EI-01A-11R-A33j-07	0.202	0	0.007	0.064	0	0.341	0.002	0.012	0.024	0	0.023	0.02	0.023	0.038	0.043	0.15	0	0.001 0.0		0	0	0	0.000	0.388	0.923
TCGA-DX-A7ET-01A-11R-A36F-07	0 000	0.02	0.006	0.246	0	0.108	0.032	0.028	0.084	0	0.017	0.017	0.038	0	0.072	0.31	0	0 0.0	_	0		0	0.000	0.535	0.848
TCGA-3B-A9HT-01A-11R-A39D-07 TCGA-X6-A8C3-01A-11R-A36F-07	0.093	0	0.025	0.106 0.099	0	0.215	0.02	0.027	0.01	0	0.036	0.009	0.04	0.059	0.065	0.283	0	0 0.0		0	0	0.005	0.000	0.539	0.851 0.759
TCGA-DX-AB2V-01A-11R-A41I-07	0.113	0	0.001	0.031	0	0.093	0.013	0	0.016	0	0.111	0	0.067	0	0.022	0.467	0.018	0.017 0.0		0	0	0	0.000	0.514	0.861
TCGA-IE-A4EH-01A-11R-A24X-07 TCGA-DX-A3UF-01A-11R-A30C-07	0.051	0	0 002	0.024	0	0.24	0 001	0.025	0.005	0	0.065	0.002	0.026	0.081	0.029	0.37	0	0.02 0.0	_	0		0	0.000	0.383	0.924
TCGA-IS-A3KA-01A-11R-A21T-07	0.066	0	0.017	0.326	0	0.11	0.065	0.07	0.084	0	0.030	0.017	0.026	0.117	0.017	0.054	0.003	0 0.0	_	.016	0.013	0	0.020	0.225	1.012
TCGA-DX-A8BS-01A-11R-A37L-07	0.027	0	0.001	0.045	0	0.147	0.019	0.017	0.004	0	0.05	0	0.064	0.132	0.044	0.44	0	0 0.0	0.	.007	0	0.002	0.000	0.684	0.762
TCGA-DX-AB2O-01A-12R-A39D-07 TCGA-DX-A2/1-01A-11R-A21T-07	0.089	0	0.003	0.133	0	0.151	0.001	0.039	0.039	0	0.047	0.017	0.045		0.06	0.335	0	0 0.0		0		0	0.000	0.618	0.810 0.752
TCGA-QQ-A8VH-01A-11R-A37L-07	0.126	0	0.013	0.035	0	0.184	0.022	0		0	0.056	0	0.004	0.127	0.008	0.399	0	0.009 0.0	L7	0	0	0	0.000	0.420	0.907
TCGA-DX-A3UA-01A-12R-A30C-07 TCGA-DX-A6YS-01A-12R-A355-07	0.061	0	0.002	0.017 0.025	0	0.133	0.02	0.013	0.025	0	0.036	0.022	0.064	0.254	0.042	0.354	0.004	0 0.0		0	0	0.001	0.000	0.647	0.782 0.912
TCGA-DX-A8BT-01A-11R-A37L-07	0.117	0	0.024	0.023	0	0.153	0	0.002	0.024	0	0.055	0.022	0.025	0.051	0.031	0.481	0.004	0.004 0.0		0	0	0	0.000	0.676	0.774
TCGA-DX-A7EQ-01A-11R-A466-07	0.058	0	0	0.003	0	0.119	0	0.018	0.002	0	0.058	0	0.033	0.256	0.02	0.396	0	0 0.0		.003	0	0	0.010	0.327	0.959
TCGA-WP-A9GB-01A-11R-A37L-07 TCGA-K1-A42W-01A-11R-A24X-07	0.071	0.003	0	0.031 0.026	0	0.216	0.007	0.089	0.054	0	0.053	0.009	0.046	0.062	0.015 0.036	0.302	0	0.015 0.0 0 0.0		0	0	0	0.050	0.171	1.015 0.793
TCGA-RN-AAAQ-01A-21R-A39D-07	0.015	0.007	0	0	0.007	0.141	0	0	0	0	0.02	0.021	0.263	0.007	0.007	0.473	0	0.023 0.0	16	0	0	0	0.000	0.663	0.771
TCGA-DX-A48R-01A-11R-A30C-07 TCGA-IF-A4AK-01A-21R-A24X-07	0.048	0	0 005	0.039	0	0.351	0.006 0.018	0.011	0	0	0.046	0	0.054	0.021	0.025 0.058	0.339	0	0.035 0.0 0 0.0	_	.003	0.002	0	0.010	0.270	0.974 0.835
TCGA-DX-A48L-01A-11R-A30C-07	0.069	0	0.003	0.012	0	0.24	0.018	0.011	0	0	0.030	0	0.028	0.155	0.054	0.369	0	0.003 0.0	55	0	0.004	0	0.000	0.282	0.853
TCGA-SI-A710-01A-12R-A33j-07	0.005	0.014	0.002	0.033	0	0.163	0.003	0.029	0.014	0	0.014	0	0	0.282	0.037	0.311	0	0 0.0	_	0	0	0	0.000	0.661	0.773
TCGA-N1-A6IA-01A-12R-A32Q-07 TCGA-X9-A971-01A-11R-A38C-07	0.015 0.027	0.008	0.003	0.005	0.039	0.256	0.009	0	0	0	0.053	0.014	0,009	0.328	0.023	0.231	0	0 0.0		0	0.026	0.002	0.000	0.727	0.730 0.774
TCGA-PC-A5DM-01A-11R-A27Q-07	0.038	0	0	0.008	0	0.172	0.031	0		0	0.032	0	0.107	0.155	0.002	0.396	0	0.013 0.0		0	0	0	0.000	0.620	0.803
TCGA-RN-A68Q-01A-11R-A30C-07 TCGA-DX-AB2P-01A-11R-A38C-07	0.041	0	0.004	0.028	0	0.13	0 001	0.015	0.002	0	0.026	0.002	0.306	0.2	0.027 0.021	0.366	0	0.002 0		.031	0.025	0	0.000	0.408	0.914 0.763
TCGA-VT-A80J-02A-11R-A41I-07	0.078	0	0	0.012	0	0.146	0.039	0.006	0.051	0	0.034	0	0.016	0.116	0.056	0.349	0.007	0 0.0		0	0	0	0.000	0.544	0.848
TCGA-K1-A3PO-11A-12R-A21T-07 TCGA-X2-A95T-01A-11R-A371-07	0.058	0	0	0.016	0	0.155	0.010	0.013	0.004	0	0.02	0.002	0.07	0 124	0.004	0.428	0.003	0.009 0.2	36	0	0	0	0.000	0.443	0.897
TCGA-X2-A95T-01A-11R-A37L-07 TCGA-JV-A75J-01A-11R-A32Q-07	0.103 0.135	0	0.008	0.049	0	0.269	0.019	0.013	0.004	0	0.046	0	0.025	0.124 0.271	0.034	0.284	0	0.005 0.0	09 0.	.005	0	0	0.000	0.452	0.892 1.028
TCGA-KD-A5QT-01A-11R-A27Q-07	0.138	0	0.011	0.042	0	0.239	0	0.047	0.021	0	0	0.035	0.045	0.034	0.054	0.2	0	0.003 0.1	_	0	0	0	0.000	0.467	0.886
TCGA-WK-A8XX-01A-11R-A37L-07 TCGA-FX-A3NK-01A-11R-A21T-07	0.014	0.003	0.001	0.011 0.028	0	0.223	0.01	0.005	0.001	0	0.04	0 004	0.081	0.034	0.021	0.491	0.006	0.02 0.0 0 0.1		0	0	0.003	0.000	0.700 0.561	0.761 0.836
TCGA-DX-AATS-01A-12R-A41I-07	0.024	0	0	0.003	0	0.108	0.025	0.006	0.017	0	0.017	0	0	0.184	0.003	0.427	0	0.007 0.0		0	0	0.005	0.000	0.618	0.800
TCGA-DX-A3M2-01A-21R-A22K-07	0.014	0	0.002	0.141	0	0.111	0.014	0	0.012	0	0.025	0	0.057	0	0.053	0.514	0	0 0.0	58	0	0	0	0.000	0.636	0.793
TCGA-DX-A6B9-01A-12R-A32Q-07 TCGA-VT-A80G-01A-11R-A36F-07	0.056 0.078	0	0	0.013	0	0.302	0.019	0.02	0.008	0	0.028	0.048	0.054	0	0.029	0.214 0.329	0.006	0.001 0.2	23	0	0	0.005	0.000	0.354	0.936 0.887
TCGA-WK-A8XZ-01A-11R-A37L-07	0.074	0	0	0.025	0	0.287	0	0	0	0	0.041	0.01	0.095	0	0.056	0.283	0	0.022 0.1	07	0	0	0	0.000	0.457	0.891
TCGA-DX-A3U7-01A-11R-A29R-07 TCGA-DX-AB2E-01A-11R-A39D-07	0.102	0	0.01	0.017 0.126	0	0.291	0.017 0.024	0.032	0.001	0	0.068	0.003	0.022	0.112	0.035 0.045	0.26	0	0 0.0		0.032	0	0	0.000	0.586 0.621	0.830 0.804
TCGA-DX-A7EF-01A-11R-A33J-07	0.032	0	0.002	0	0	0.126	0.007	0.008	0.007	0	0.054	0.006	0	0.27	0.045	0.338	0	0 0.0	_	0	0	0	0.000	0.621	0.804
TCGA-WK-A8XT-01A-11R-A37L-07	0.166	0	0	0.021	0	0.185	0	0.027	0.049	0	0.105	0	0.047	0.088	0.018	0.204	0.014	0 0.0		0		0	0.090	0.131	1.026
TCGA-DX-AB2L-01A-32R-A41I-07 TCGA-QQ-A5VC-01A-31R-A32Q-07	0.105 0.012	0	0	0.014	0	0.121	0.013	0.002	0.02	0	0.051	0.037	0.01	0.091 0.15	0.012	0.325	0	0 0.0		0	0.013	0.009	0.000	0.763 0.506	0.713 0.865
TCGA-JV-A5VF-01A-11R-A29R-07	0.011	0.019	0	0	0	0.161	0.066	0	0	0	0.071	0	0	0.308	0.002	0.361	0	0 0	0.	.001	0	0	0.000	0.699	0.740
TCGA-DX-A3M1-01A-11R-A22K-07 TCGA-IS-A3K7-01A-11R-A21T-07	0.096	0.005	0.003	0.087	0	0.178	0.009	0.021	0.007	0.004	0.035	0.035	0.005 0.019	0.117	0.05 0.041	0.454	0	0 0.0	11	0		0.001	0.000	0.659	0.780
TCGA-IW-A3M4-01A-11R-A21T-07	0.011	0	0.003	0	0	0.228	0	0.011	0	0.001	0.009	0.035	0.019	0.094	0.009	0.242	0	0.01 0.1	11 0.	.021	0	0	0.000	0.874	0.767
TCGA-38-A9HX-01A-11R-A39D-07	0.049	0	0.006	0.014	0	0.209	0.019	0 000	0.000	0	0.064	0	0.062 0.035	0.207 0.064	0.002	0.151	0	0.139 0		.055	0.002	0.022	0.000	0.492 0.760	0.873 0.707
TCGA-X6-A7W8-01A-21R-A355-07 TCGA-DX-A8BN-01A-11R-A37L-07	0.036	0	0.001	0.025 0.018	0	0.106	0.005	0.01	0.008	0	0.02	0.002	0.035	0.064	0.033	0.565	0	0 0.0	_	0	0	0.01	0.000	0.760	0.707
TCGA-IS-A3K8-01A-11R-A21T-07	0.106	0	0.005	0.05	0	0.206	0.003	0.019	0.007	0	0.018	0.01	0.019	0.171	0.02	0.276	0	0.0	91	0	0	0	0.000	0.536	0.853
TCGA-DX-A6YV-01A-12R-A355-07 TCGA-DX-AB37-01A-11R-A41I-07	0.041	0	0.015	0.106	0	0.173	0.015	0.012	0.023	0	0.056	0.042	0.026 0.097	0.176	0.029 0.019	0.425	0	0.005 0.0 0.001 0.0		0	0	0.002	0.000	0.452	0.892 0.966
TCGA-HS-A5N8-01A-11R-A26T-07	0.063	0	0.001	0.106	0	0.218	0.046	0.008	0	0	0.052	0	0.046	0.022	0.004	0.433	0	0.031 0.0	23	0	0	0.006	0.000	0.555	0.842
TCGA-DX-A8BQ-01A-11R-A37L-07 TCGA-DX-A6BE-01A-41R-A32Q-07	0.016 0.078	0	0	0.238 0.102	0	0.105	0.009 0.012	0.024	0.022	0.028	0.045	0.016	0.057 0.056	0.042	0.051 0.058	0.396	0	0 0.0		0	0	0	0.000	0.797	0.698 0.744
TCGA-DX-A6BE-01A-41R-A32Q-07 TCGA-DX-A3UB-01A-11R-A30C-07	0.078	0	0.006	0.102	0	0.208	0.012	0	0.004	0	0.045	0.007	0.056	0.042	0.058	0.387	0	0 0.0		0		0	0.000	0.746	0.744
											-														

	B cells	B cells	Plasm		1	T cells CD4 memo	s CD4	T cells CD4		T cells regulatory	T cells gamma	NK cells	NK cells		Macrophages	sMacrophages	Macrophage:	Dendritic scells	Dendritic cells	Mast cells						
Input Sample	naive	memory	cells		s CD8 r	naive restin	ng i	activated		(Tregs)	delta	resting	activated	Monocytes		M1	M2	resting	activated		activated	Eosinophil	Neutrophils		Correlation	
TCGA-HS-A5NA-01A-11R-A26T-07	0.049	0	0		049	0 0.2	233	0.015	0.028	0.014	0	0.016	0.01	0.095	0.167	0.054	0.199	0.002	0	0.053	0	0.016	0	0.000	0.489	0.875
TCGA-3B-A9HV-01A-11R-A39D-07	0.138	0	0.0	11 0.0		0 0.2	238	0.004	0.002	0.007	0	0.072	0	0.047	0.087	0.005	0.243	0	0.02	0.084	0.02	0	0	0.030	0.212	0.993
TCGA-SI-AA8C-01A-11R-A38C-07	0.07	0	0	0.0	_	0 0.2	298	0.007	0	0.016	0	0.032	0	0.038	0.177	0.03	0.233	0	0.016	0.04	0	0	0	0.000	0.523	0.858
TCGA-DX-A3LT-01A-12R-A21T-07	0.03	0	0	0.0	067		209	0.024	0	0.019	0	0.004	0	0.03	0.091	0.015			0	0.188	0	0	0.002	0.000	0.511	0.865
TCGA-IF-A3RQ-01A-11R-A22K-07	0.02	0	0		0	0 0.1					0.011	0.042	0.01	0.087	0	0.024			0	0.026	0		0	0.000	0.557	0.832
TCGA-X6-A7WD-01A-21R-A355-07	0.015	0.006	0		024	0 0.1	166					0.04	0	0.011	0.155	0.012			0.006	0.156	0.006	0	0	0.000	0.632	0.796
TCGA-DX-A6Z2-01A-12R-A36F-07	0.04	0	0.0	0.0	094	0 0.3				0		0.008	0.01	0.112	0.014	0.037	0.224	0.011	0.015	0.107	0		0	0.000	0.752	0.744
TCGA-IW-A3M5-01A-22R-A21T-07	0.094	0	0	0.0	019	0 0.1	108		0.006	0.015		0.013	0.005	0.03	0.314	0.008			0	0.042	0		0	0.000	0.697	0.742
TCGA-X6-A8C2-01A-11R-A36F-07	0.015	0.004	0	0.0	014	0 0.1	112	0.033	0			0.028	0	0.022	0.324	0.011			0.005	0.047	0		0	0.000	0.718	0.722
TCGA-FX-A48G-01A-11R-A24X-07	0.055	0	0.0	0.3	131	0 0.1	133		0.026	0.062		0	0.077	0.043	0.008	0.016			0	0.105	0		0	0.000	0.458	0.889
TCGA-DX-A3UC-01A-11R-A30C-07	0.106	0	0.0	12 0.0	029	0 0.3	25		0.019	0.017		0.032	0.014	0.084	0.033	0.018	0.28	0.006	0.007	0.094	0	0	0	0.000	0.571	0.840
TCGA-DX-A48K-01A-11R-A30C-07	0.086	0	0	0.0	006	0 0.1	146		0.022	0.006		0.04	0.006	0.039	0.028	0.026	0.502		0.003	0.092	0		0	0.000	0.633	0.798
TCGA-Z4-A8JB-01A-23R-A37L-07	0.12	0	0.0	0.0	034	0 0.2	217		0	0		0.009	0.008	0.014	0.062	0.037	0.26	0.003	0	0.225	0		0	0.000	0.548	0.849
TCGA-X6-A8C5-01A-11R-A36F-07	0.086	0	0.0	05 0.0	085	0 0.2	248	0	0	0	0	0.025	0.024	0.139	0	0.03	0.262	0	0	0.097	0	0	0	0.000	0.669	0.791
TCGA-HB-A3YV-01A-11R-A24X-07	0.134	0	0	0.0	_	0 0.2	202	0.008	0.04	0.028	0	0.053	0	0.086	0.053	0.029	0.277	0	0.011	0.005	0	0.003	0	0.000	0.330	0.947
TCGA-00-A5V2-01A-11R-A320-07	0.058	0	0.0	0.0			116	0.001	0.013	0.012	0	0.032	0.002	0.078	0.206	0.001	0.406	0	0	0.027	0	0	0	0.000	0.596	0.811
TCGA-K1-A6RU-01A-11R-A32Q-07	0.066	0	0.0	0.0		0 0.1	136		0.004	0.011	0	0.019	0.02	0.082	0	0.039	0.482	0	0	0.09	0	0	0	0.000	0.661	0.785
TCGA-DX-AB2G-01A-11R-A39D-07	0.054	0	0.0		044		168	0.002	0.004	0.021	0	0.013	0.02	0.104	0	0.033	0.402	0	0	0.034	0	0	0.006	0.000	0.646	0.789
TCGA-X9-A973-01A-11R-A38C-07	0.094	0	0.0	0.0	_	0 0.1		0.002	0	0.021	0	0.017	0.004	0.203	0.043	0.040	0.400	0	0	0.027	0	0.003	0.000	0.000	0.530	0.852
TCGA-X9-A973-01A-11R-A38C-07 TCGA-DX-A48P-01A-11R-A30C-07	0.094	0	0.0	0.0				0.001	0.007	0	0	0.012	0.003	0.055	0.043	0.012	0.402	0.003	0		0	0.003	0.004	0.000	0.520	0.862
TCGA-DX-A48P-01A-11R-A30C-07		0	0.0				202	0.005	0.007	0	0	0.014		_	0		0.332	0.003	0 007	0.192	0	0	0		_	
	0.04	0	0.0		197		173	0.019	0.012	0.028	0	U	0.029	0.072	0.001	0.058	0.306	0	0.007	0.051	Ü	0	0	0.000	0.601	0.818
TCGA-DX-A8BU-01A-11R-A37L-07	0.143	0	0.0		_	0 0.2		0.026	0.018	0	0	0.062	0	0.016	0.119	0.02	0.255	0	0.011	0.025	Ü	0	0	0.000	0.473	0.882
TCGA-SI-A71P-01A-12R-A33J-07	0.098	U	0		.04	0 0.1		0.008	0	Ü	0	0.032	Ü	0.225	U	0.034	0.402	0	0.004	0.009	U	0.002	0	0.000	0.626	0.802
TCGA-DX-A23R-01A-11R-A26T-07	0.161	0	0.0	0.0		0 0.1		0.031	0.021	0.004	0	0.024	0.005	0.04	0.055	0.047	0.303	0	0.007	0.079	0	0	0	0.000	0.335	0.943
TCGA-DX-A1KZ-01A-11R-A24X-07	0.023	0	0	0.0	_	0 0.1		0.001	0	0	0	0.038	0	0.069	0	0.007	0.547	0	0	0.086	0	0	0	0.000	0.638	0.791
TCGA-FX-A3TO-01A-11R-A22K-07	0.038	0	0.0		029		175	0.006	0.004	0.006		0.038	0.005	0.049	0.025	0.016	0.513	0	0.054	0.025	0	0	0.007	0.000	0.531	0.851
TCGA-SG-A849-01A-11R-A355-07	0.047	0	0.0	05 0.3	187	0 0.1	162	0.011	0.052	0.041		0.001	0.016	0.07	0	0.09	0.284	0.012	0	0.022	0	0	0	0.000	0.728	0.745
TCGA-3B-A9HL-01A-11R-A38C-07	0.025	0	0	0.0	015	0 0.2	242			0		0.056	0	0.037	0	0.016			0.026	0		0.041	0.001	0.000	0.543	0.844
TCGA-SG-A6Z4-01A-22R-A33J-07	0.025	0.004	0		0		144	0.016	0.01	0.008		0.061	0	0.01	0.207	0.023	0.434		0	0.054	0		0.002	0.000	0.665	0.769
TCGA-DX-A7EU-01A-22R-A36F-07	0.045	0	0.0	0.0	061	0 0.1	137		0.003	0.006		0.027	0	0.087	0	0.05	0.53		0.004	0.047	0		0	0.000	0.670	0.773
TCGA-HB-A3L4-01A-11R-A21T-07	0.047	0	0.0	0.0	011	0 0.1	134		0.011	0.015		0.064	0	0.026	0.208	0.014			0	0.031	0		0	0.000	0.671	0.766
TCGA-IE-A4EJ-01A-11R-A24X-07	0.11	0	0.0	0.0	072	0 0.2	219	0.037	0.006	0.022		0.054	0	0.048	0	0.072	0.319		0.003	0.029	0			0.000	0.391	0.920
TCGA-QQ-A5VD-01A-21R-A32Q-07	0.034	0.016	0	0.0	044	0 0.1	139		0.006	0.039		0	0.035	0.047	0.285	0.03	0.2	0.015	0	0.109	0			0.000	0.840	0.673
TCGA-DX-A8BJ-01A-11R-A41I-07	0.02	0.009	0	0.0	017	0 0.3	22	0.034	0.006	0.004		0.036	0	0	0.294	0.019			0.003	0.015			0	0.000	0.725	0.728
TCGA-DX-A8BL-01A-11R-A41I-07	0.085	0	0.0	48 0.3	114	0 0.2	237		0.031	0.062		0.009	0.026	0.045	0.036	0.077	0.193		0	0.036	0		0	0.010	0.259	0.979
TCGA-DX-A1KY-01A-11R-A24X-07	0.207	0	0		0	0 0.	17	0.014	0.013	0		0.056	0	0.067	0	0.014			0.018	0.048	0		0.005	0.020	0.239	0.986
TCGA-KD-A5QU-01A-11R-A27Q-07	0.032	0	0.0	0.0	091	0 0.2	211		0.011	0.004		0.019	0.002	0.01	0.179	0.051	0.289		0	0.089	0		0	0.000	0.599	0.818
TCGA-PC-A5DK-01A-11R-A27Q-07	0.135	0	0.0	0.3	118	0 0.2			0.004	0.012		0	0.039	0.057	0.005	0.037	0.111	0.002	0	0.18	0		0	0.000	0.608	0.813
TCGA-DX-A1KX-01A-22R-A24X-07	0.128	0	0.0	0.0	029	0 0.2	219			0.01		0.029	0.005	0.037	0.102	0.048	0.339		0.004	0.045	0		0.002	0.000	0.663	0.788
TCGA-MJ-A68H-01A-11R-A30C-07	0.049	0	0		0	0 0.2	287	0.018	0.008	0.016		0.053	0	0.052	0.006	0.046	0.381	0.016	0.01	0.058	0	0	0	0.000	0.411	0.911
TCGA-PC-A5DN-01A-12R-A27Q-07	0.101	0	0	0.0	019	0 0.2	264	0.003	0	0	0	0.034	0	0.049	0.184	0.035	0.285	0	0	0	0.025	0.001	0	0.000	0.396	0.918
TCGA-DX-AB3B-01A-11R-A41I-07	0.166	0	0.0	38 0.	.04	0 0.2	261	0	0.028	0.006	0	0	0.031	0	0.159	0.013	0.143	0	0	0.118	0	0	0	0.000	0.345	0.941
TCGA-DX-A1L4-01A-12R-A26T-07	0.028	0	0	0.0	009	0 0.1	139	0.001	0	0.006	0	0.005	0.006	0.252	0.139	0.005	0.331	0	0.015	0.008	0.031	0	0.025	0.000	0.622	0.797
TCGA-DX-AB32-01A-11R-A41I-07	0.026	0.005	0	0.3	111	0 0.1		0.001	0.036	0.067	0	0.005	0.015	0.046	0.066	0.076	0.344	0	0	0.004	0.002	0	0	0.000	0.824	0.689
TCGA-QQ-A5VB-01A-11R-A36F-07	0.022	0	0		157		128	0	0.058	0.037	0	0	0.052	0.035	0.002	0.058	0.433	0	0	0	0.017	0	0	0.000	0.759	0.718
TCGA-UE-A6QU-01A-12R-A32Q-07	0.069	0	0.0	0.1	205	0 0.1	24	0	0.013	0.019	0	0.045	0.012	0.028	0.087	0.074	0.209	0	0	0	0.023	0	0	0.000	0.723	0.718
TCGA-UE-A6QU-01A-12R-A32Q-07 TCGA-HB-A2OT-01A-11R-A21T-07	0.009	0.000	0.0	0.1	0	0.01	106	0.068	0.013	0.015	0	0.043	0.012	0.020	0.561	0.003	0.183	0	0	0	0.019	0	0.002	0.000	0.723	0.738
TCGA-NB-A201-01A-11R-A211-07	0.009	0.008	0.0	04 04	005		074	0.006	0.002	0.019	0	0.039	0.016	0.003	0.301	0.003	0.103	0	0	0.118	0.019	0	0.002	0.000	0.798	0.850
TCGA-DX-A3LW-01A-21R-A211-07	0.218	0.027	0.0	0.0	005	0.0	225	0	0.003	0.019	0	0.014	0.016	0.033	0.156	0.038	0.337	0	0.026	0.118	0.112	0.007	0.002	0.000	0.333	0.830
TCGA-MJ-ABSU-01A-11R-A3SS-07	0.048	0.027	0	0.0	159	0 0.1	165	C	0.029	0.031	0	0.015	0.062	0.06	0.130	0.013	0.237	0.002		0.066	0.112	0.004	0.013	0.000	0.351	0.939
		0	0		159			0.000	0.029	0.031	0	0.015	0.023	0.077	0.20	0.003	0.331	0.003	0.011	0.000	0.012	0	0			
TCGA-K1-A6RV-01A-11R-A32Q-07	0.023	0	0.0	0.0	013	0 0.1	118	0.003	0	0	0	0.012	0.001	0	0.29	0.005	0.519	0	0	0	0.012	0	0	0.000	0.790	0.650
TCGA-UE-A6QT-01A-12R-A32Q-07	0.097	0	0		.15	0 0.2	231	0.018	0.021	0.027	0	0.035	0	0.046	0.076	0.084	0.173	0	0	0.041	0	0	0	0.000	0.506	0.865
TCGA-3B-A9HJ-01A-11R-A38C-07	0.278	0.1	0.0		064	0 0.1		0.02	0.003	0.032	0	0.012	0.001	0.006	0.06	0.016	0.132	0	0	0.057	0	0	0.004	0.000	0.697	0.742
TCGA-DX-A1L0-01A-11R-A24X-07	0.096	0	0.0		019	0 0.1	155		0.012	0.026	0	0.052	0.021	0.072	0	0.085	0.436	0	0	0.024	0	0	0	0.000	0.513	0.862
TCGA-K1-A3PN-02A-11R-A22K-07	0.024	0.02	0		019	0 0.2	263	0	0	0	0	0.037	0.001	0.041	0.023	0.019	0.395	0.014	0.029	0.116	0	0	0	0.000	0.498	0.872
TCGA-DX-A7EO-01A-11R-A36F-07	0.11	0	0	0.0		0 0.2	222	0	0.021	0.02		0.046	0.036	0.049	0.207	0.012	0.148	0	0	0.041	0	0	0	0.160	0.106	1.045
TCGA-DX-A8BK-01A-11R-A37L-07	0.01	0.014	0		108		111	0.025	0.003	0.031		0	0.024	0.069	0.022	0.028	0.47		0	0.084	0	0	0.001	0.000	0.740	0.740
TCGA-DX-AB2X-01A-11R-A38C-07	0.018	0	0	0.0	031	0 0.1	137			0.021		0.015	0.006	0.09	0.254	0.007			0.002	0.022			0	0.000	0.733	0.718
TCGA-QQ-A8VG-01A-11R-A37L-07	0.052	0	0	0.0	086	0 0.	12		0.011	0.018		0.022	0	0.152	0.093	0.016			0.029	0.026	0		0	0.000	0.751	0.734