

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8 naive	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 memory activated	T cells CD4 T follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	Absolute score	
TCGA.A2.A0YE	0.05			0.017	0.073	0.135	0.032	0.091	0.017	0.003	0.008	0.031	0.107	0.074	0.078	0.007	0.052	0.019				0.010	0.303	0.559	
TCGA.AN.A0AL	0.182	0	0.097	0.037	0	0.135	0.032	0.091	0.017	0.003	0.008	0	0.257	0.062	0.102	0	0.052	0.055	0	0	0	0.010	0.305	1.273	
TCGA.EW.A6S8		0.051	0.206	0.238	0	0.119	0.106	0.165	0.23	0	0	0.036	0.246	0.151	0.06	0.151	0	0.006	0	0	0	0.010	0.262	1.766	
TCGA.BH.A1EW	0.076	0	0.019	0.143	0	0.133	0.091	0	0.004	0	0.008	0	0.044	0.01	0.156	0.125	0.016	0	0.134	0	0.009	0.010	0.280	1.184	
TCGA.AR.A1AR	0.032	0	0	0.029	0	0.273	0.06	0.032	0.021	0.077	0.019	0	0	0.503	0.15	0.282	0	0	0	0	0	0.000	0.634	1.573	
TCGA.D8.A13Z	0.097	0	0.009	0.045	0	0.129	0.039	0.052	0.043	0	0.008	0	0	0.119	0.073	0.255	0	0.056	0.036	0	0.004	0.000	0.410	1.224	
TCGA.D8.A1XQ	0.015	0	0.084	0.085	0	0.142	0.042	0.041	0.022	0.008	0	0	0	0.141	0.13	0.243	0	0	0.007	0	0.009	0.030	0.150	1.174	
TCGA.BH.A0B6	0.085	0	0.005	0.222	0	0.101	0.021	0.101	0.085	0.032	0	0.046	0	0.122	0.214	0.095	0	0.033	0.046	0	0	0.000	0.413	1.318	
TCGA.S3.AA15	0.263	0.04	0.008	0.257	0	0.188	0.018	0.024	0.138	0	0	0.054	0.017	0.249	0.068	0.194	0.014	0	0.139	0	0.007	0.000	0.492	2.693	
TCGA.OL.A6P9		0.106	0.106	0.008	0	0.065	0.065	0.141	0.129	0.02	0	0.068	0	0.186	0.105	0.192	0.044	0	0.132	0	0	0.020	0.186	1.865	
TCGA.EW.A1P8	0.015	0.001	0	0	0.075	0	0.108	0.012	0.042	0.036	0	0.062	0	0.132	0.049	0.251	0.084	0	0	0.11	0.001	0.004	0.010	0.243	0.922
TCGA.A8.A07C	0.052	0	0.026	0.09	0	0.174	0.097	0.041	0.017	0.032	0.026	0	0	0.125	0.071	0.228	0	0.011	0.016	0	0	0.020	0.167	1.006	
TCGA.E2.A14N	0.043	0	0.002	0.061	0	0.11	0.064	0.036	0	0	0.009	0	0	0.057	0.176	0.064	0.009	0.034	0.008	0	0	0.000	0.393	0.875	
TCGA.A2.A070	0.033	0	0.005	0.029	0	0.098	0.002	0.042	0.041	0	0.013	0	0	0.201	0.072	0.089	0	0	0	0.008	0	0.002	0.010	0.305	0.635
TCGA.A7.A6VV	0.1	0	0.063	0.01	0	0.05	0	0.073	0.022	0	0	0.02	0.034	0.216	0.06	0.086	0	0.071	0	0	0	0.023	0.010	0.364	0.826
TCGA.A2.A072	0.026	0	0.002	0.136	0	0.027	0.016	0.053	0.014	0.007	0	0.005	0	0.105	0.065	0.1	0.003	0	0.015	0	0.015	0.020	0.178	0.591	
TCGA.BH.A0AV	0.061	0	0.024	0.01	0	0.05	0.008	0.013	0.012	0	0.006	0	0	0.095	0.016	0.081	0	0	0.022	0	0	0.000	0.495	0.689	
TCGA.D8.A1J5	0.065	0	0.142	0.098	0	0.135	0.083	0.08	0.023	0	0	0.031	0	0.186	0.146	0.213	0.014	0	0.086	0	0	0.010	0.242	1.517	
TCGA.OL.A056	0.027	0	0.005	0.039	0	0.151	0	0.025	0.004	0	0	0.008	0.014	0.023	0.081	0.2	0.029	0	0.08	0	0	0.060	0.117	0.683	
TCGA.BH.A0BW	0.101	0	0.003	0.084	0	0.113	0.071	0.091	0.026	0	0.036	0.027	0	0.207	0.35	0.243	0	0.022	0.034	0	0.012	0.005	0.010	0.297	1.636
TCGA.BH.A0B6	0.076	0	0.008	0.171	0	0.142	0.112	0.106	0.121	0.027	0	0.032	0.024	0.31	0.005	0.163	0.062	0	0.071	0	0	0.100	0.098	1.931	
TCGA.A0.A0J6	0	0	0.005	0.216	0	0	0.018	0.07	0.047	0.081	0.032	0.014	0	0.097	0.129	0.072	0	0.151	0.021	0	0	0.000	0.412	0.955	
TCGA.A0.A128	0.027	0	0	0.211	0	0	0.102	0.12	0.083	0	0	0.074	0	0.137	0.002	0.214	0	0	0.118	0	0.01	0.000	0.511	2.425	
TCGA.AR.A0J4	0	0.002	0.001	0.03	0	0.11	0.005	0.01	0.006	0	0.017	0	0.028	0.002	0.245	0.107	0.026	0	0	0.023	0	0.003	0.000	0.592	1.314
TCGA.E2.A1J1	0.065	0	0	0.035	0	0.148	0.014	0.096	0.035	0.001	0	0	0.025	0.095	0.179	0.081	0	0	0	0.005	0	0.020	0.168	1.023	
TCGA.AR.A0TU		0	0.002	0.166	0	0.011	0.158	0.067	0.02	0.007	0	0.014	0.004	0.163	0.081	0.128	0.036	0.135	0.025	0	0	0.010	0.340	1.016	
TCGA.AR.A1AQ	0.05	0	0.106	0.263	0	0.059	0.177	0.149	0.047	0.011	0.006	0	0	0.38	0.196	0.227	0.056	0	0.063	0	0	0.020	0.160	1.771	
TCGA.A1.A0S9	0.058	0	0.052	0.044	0	0.164	0.004	0.054	0.039	0	0	0.03	0.013	0.095	0.071	0.096	0.102	0.005	0.036	0	0.011	0.001	0.010	0.211	1.101
TCGA.A2.A3X5	0.156	0	0	0.133	0	0.241	0	0.106	0.162	0	0	0.048	0.01	0.124	0.109	0.125	0.006	0	0.059	0	0	0.010	0.243	1.278	
TCGA.AN.A0AT	0.071	0	0	0.102	0	0.166	0.024	0.061	0.035	0	0	0	0.27	0.114	0.087	0	0	0	0.004	0	0	0.010	0.210	0.933	
TCGA.GM.A3XL	0.007	0	0.079	0.177	0	0	0.133	0.092	0.024	0	0.069	0	0	0.121	0.111	0.093	0.036	0.028	0.03	0	0	0.010	0.215	0.999	
TCGA.AN.A0XU	0.067	0	0.034	0.104	0	0.018	0.072	0.087	0	0	0.033	0.014	0	0.24	0.108	0.137	0.032	0	0.02	0	0	0.010	0.222	1.008	
TCGA.A2.A3XU	0.017	0	0.036	0.018	0	0	0	0.016	0.004	0	0	0.005	0	0.073	0.008	0.03	0.001	0	0	0	0	0.010	0.249	0.207	
TCGA.AR.A256	0.018	0	0	0.018	0	0.067	0	0.038	0.019	0	0.009	0	0.013	0.175	0.04	0.059	0.042	0.079	0.002	0	0	0.000	0.427	0.578	
TCGA.EW.A1P1	0.056	0	0.004	0.157	0	0.179	0.025	0.042	0.042	0.007	0	0	0	0.38	0.153	0.125	0.064	0	0.053	0	0	0.010	0.256	1.288	
TCGA.C8.A131	0.02	0	0.008	0.067	0	0.09	0.019	0.037	0.011	0	0.014	0	0	0.017	0.021	0.093	0	0	0.019	0	0.001	0.030	0.147	0.818	
TCGA.E2.A573	0.07	0	0.039	0.189	0	0.196	0	0.172	0.158	0.066	0	0.044	0	0.43	0.243	0.181	0.023	0	0.029	0	0	0.050	0.130	1.842	
TCGA.BH.A1B9	0.014	0	0.006	0.006	0	0.127	0.001	0.059	0.033	0	0	0.024	0	0.114	0.113	0.168	0	0	0.045	0	0	0.010	0.362	1.070	
TCGA.B6.A000	0.004	0	0	0.032	0	0.087	0.002	0.086	0.055	0	0.013	0	0	0.402	0.063	0.066	0.211	0.131	0.001	0	0	0.000	0.552	1.218	
TCGA.C8.A12V	0.008	0.056	0.081	0.113	0	0.229	0.105	0.2	0.136	0	0.127	0	0	0.281	0.214	0.295	0.18	0	0.088	0	0	0.020	0.156	2.888	
TCGA.BH.A1F6	0.052	0	0.034	0.156	0	0.115	0.079	0.061	0.017	0.001	0	0	0	0.121	0.107	0.251	0	0	0.019	0	0.017	0.010	0.217	1.232	
TCGA.AR.A0B8	0.039	0	0.017	0.081	0	0.157	0.07	0.065	0.036	0	0.022	0	0	0.22	0.179	0.147	0	0	0.042	0	0	0.020	0.160	1.240	
TCGA.GM.A2D8	0.129	0	0	0.251	0	0.108	0.079	0.098	0.13	0.024	0	0.009	0	0.22	0.151	0.145	0.034	0	0.057	0	0	0.000	0.430	1.634	
TCGA.E2.A1A2	0.154	0	0.04	0.136	0	0.100	0.124	0.093	0	0	0.026	0	0.056	0.059	0.223	0.101	0.024	0.022	0.068	0	0	0.010	0.348	1.657	
TCGA.D8.A1A2	0.004	0.013	0.112	0.081	0	0.1	0.014	0.053	0.024	0	0.01	0	0	0.105	0.063	0.108	0.018	0	0.021	0	0	0.010	0.241	0.910	
TCGA.E2.A574	0	0.004	0.001	0.033	0	0.015	0	0.005	0.009	0	0.003	0	0	0.119	0.001	0.011	0	0	0.001	0	0	0.020	0.155	0.202	
TCGA.A7.A6VV	0.05	0	0.026	0.017	0	0.063	0	0.02	0.033	0	0	0.004	0	0.402	0.068	0.077	0	0	0.018	0	0	0.000	0.431	0.834	
TCGA.A2.A057	0.15	0.165	0.123	0.15	0	0.175	0.052	0.172	0.177	0.023	0	0.042	0	0.237	0.242	0.102	0.1	0.031	0.105	0	0.004	0.010	0.246	3.194	
TCGA.E2.A1B6	0.013	0.159	0.102	0.11	0	0.167	0.021	0.146	0.11	0.079	0	0	0	0.237	0.208	0.094	0	0.032	0.056	0	0	0.000	0.473	2.790	
TCGA.LL.A441	0.009	0.099	0.141	0.242	0	0.237	0.064	0.165	0.199	0	0	0.03	0	0	0.194	0.136	0.004	0	0.035	0	0	0.000	0.634	2.675	
TCGA.A2.A04P	0.094	0.029	0.072	0.076	0	0.219	0	0.142	0.063	0	0	0.016	0.013	0.046	0.169	0.076	0.007	0.03	0.042	0	0	0.010	0.260	1.093	
TCGA.BH.A0B1	0.011	0	0.057	0.052	0	0.005	0.074	0.102	0.04	0.042	0.011	0	0.002	0.143	0.26	0.111	0.144	0	0.058	0	0.001	0.000	0.499	1.821	
TCGA.E2.A1XK	0	0.017	0	0.018	0	0.005	0	0.013	0.015	0	0	0.011	0	0.255	0.004	0.061	0	0.026	0	0.008	0	0	0.060	0.106	0.429
TCGA.E2.A159	0.114	0	0.023	0.152	0	0.205	0.211	0.031	0.012	0.03	0	0.001	0	0.175	0.16	0.203									

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4 naive	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 memory activated	T cells follicular helper	T cells regulatory (Tregs)	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophages M0	Macrophages M1	Macrophages M2	Dendritic cells resting	Dendritic cells activated	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	Absolute score
TCGA.D8.A1XX	0.079	0	0.043	0.05	0	0.125	0.068	0.023	0	0	0.015	0.002	0	0.505	0.059	0.086	0	0	0	0.032	0	0.004	0.010	0.220	0.955
TCGA.AQ.A54N	0.025	0	0.01	0.06	0	0.037	0	0.074	0.019	0	0	0.011	0.017	0.029	0.036	0.072	0	0.004	0.011	0	0	0	0.130	0.077	0.405
TCGA.A2.A0YM	0.032	0	0.004	0.034	0	0.094	0.009	0.038	0.02	0	0	0.01	0	0.57	0.092	0.087	0	0.073	0	0	0	0	0.000	0.620	1.064
TCGA.AR.A0T5	0.571	0	0.129	0.247	0	0.505	0.117	0.095	0.098	0	0.046	0	0	0.192	0.238	0.273	0	0	0.016	0	0	0	0.000	0.506	2.508
TCGA.E2.A1L5	0.023	0	0	0.026	0	0.04	0	0.026	0	0	0	0	0.013	0	0.039	0.046	0	0.022	0	0	0	0	0.480	0.025	0.235
TCGA.AQ.A04J		0	0.121	0.21	0		0.118	0.032	0	0	0.025	0	0.008	0.194	0.14	0.119	0.061	0.048	0.048	0	0	0	0.000	0.471	1.887
TCGA.AQ.A0J2	0.043	0	0.007	0.09	0	0.084	0.063	0.071	0.021	0	0.043	0.001	0	0.082	0.101	0.097	0.017	0.002	0.023	0	0	0	0.010	0.312	0.745
TCGA.EW.A1PH	0.042	0	0.03	0.145	0	0.147	0.065	0.061	0	0	0.014	0	0	0.17	0.099	0.061	0.044	0.015	0.012	0	0	0	0.020	0.162	0.904
TCGA.C8.A1HJ	0.074	0	0.018	0.08	0	0.097	0.053	0.024	0.005	0.017	0.022	0	0	0.084	0.131	0.055	0	0.028	0.016	0	0	0	0.010	0.271	0.703
TCGA.D8.A147	0.187	0	0.017	0.045	0	0.231	0	0.067	0.031	0.008	0	0.002	0	0.145	0.073	0.118	0	0.039	0.011	0	0	0	0.000	0.420	1.129
TCGA.EW.A1OW	0.068	0	0.022	0.014	0	0.096	0.005	0.055	0.035	0.002	0.006	0	0	0.141	0.08	0.071	0.037	0	0.02	0	0	0	0.010	0.233	0.854
TCGA.A7.A28I	0.134	0	0.016	0	0	0.228	0	0.016	0.042	0	0	0.024	0	0.551	0.016	0.292	0	0	0.056	0	0	0	0.010	0.257	1.147
TCGA.AC.A6IW	0.028	0	0	0.159	0	0.095	0.062	0.165	0.088	0	0	0.026	0.037	0.021	0.176	0.213	0.254	0	0.035	0	0	0	0.010	0.373	1.370
TCGA.GJ.A2C9	0.009	0	0	0.025	0	0.076		0.028	0.021	0	0	0.015	0	0.168	0.038	0.213	0.097	0.056	0.061	0	0	0.004	0.010	0.335	0.812
TCGA.OL.A5D7	0.093	0	0.04	0.188	0	0.209	0.126	0.091	0.145	0	0	0	0	0.122	0.171	0.097	0	0	0.021	0	0	0	0.010	0.244	1.301
TCGA.C8.A26Y	0.089	0	0	0.017	0	0.057	0	0.091	0.032	0.011	0	0	0	0.405	0.059	0.097	0	0	0	0	0	0	0.010	0.352	0.858
TCGA.E2.A1LH	0.042	0.019	0.05	0.119	0	0.255	0.035	0.098	0.071	0.013	0	0.023	0	0.285	0.177	0.139	0.019	0	0.053	0	0	0	0.050	0.127	1.579
TCGA.BH.A0B3	0	0.021	0.093	0.127	0	0.015	0.098	0.074	0.055	0	0	0.024	0.031	0.133	0.195	0.115	0.043	0	0.042	0	0	0.003	0.020	0.191	1.068
TCGA.AQ.A129	0.167	0	0.149	0.193	0	0.259	0.047	0.114	0.039	0	0	0.014	0	0.185	0.198	0.12	0	0	0.024	0	0	0	0.010	0.351	1.507
TCGA.AN.A0G0	0.007	0	0.001	0.018	0	0.046	0.02	0.039	0.009	0	0.028	0	0	0.159	0.035	0.069	0.002	0	0.006	0	0	0.002	0.430	0.032	0.440
TCGA.OL.A5RW	0.009	0.022	0	0	0	0.088	0	0.045	0.025	0	0	0	0	0.177	0.082	0.086	0	0.065	0.021	0	0	0	0.020	0.190	0.620
TCGA.A2.A0CM	0.02	0	0.002	0.212	0	0.209	0.1	0.1	0.056	0	0	0.018	0.002	0.145	0.178	0.112	0	0	0.042	0	0	0	0.020	0.205	1.341
TCGA.A2.A0D0	0.038	0	0.002	0.124	0	0.077	0.038	0.05	0.022	0	0.007	0.009	0	0.168	0.057	0.068	0.031	0	0	0	0	0.001	0.010	0.243	0.692
TCGA.EW.A1PB	0.008	0	0	0.22	0	0.076	0.069	0.071	0.044	0	0.028	0.047	0	0.138	0.145	0.169	0.001	0	0.068	0	0	0	0.000	0.450	1.670
TCGA.A2.A3XT	0.055	0	0.015	0.002	0	0.128	0.027	0.027	0.027	0.019	0.005	0	0.002	0.501	0.116	0.072	0.023	0	0.038	0	0	0	0.000	0.408	1.146
TCGA.AQ.A1KR	0.017	0	0.007	0.134	0	0.029	0.039	0.097	0.035	0.009	0	0.007	0	0.018	0.082	0.024	0.003	0.017	0.018	0	0	0	0.060	0.119	0.535
TCGA.A7.A0CE	0.033	0	0.024	0.05	0	0.007	0	0.042	0.023	0	0.004	0.005	0	0.173	0.061	0.071	0	0.046	0.04	0	0	0	0.010	0.233	0.579
TCGA.GM.A2DB	0.108	0.052	0.02	0.094	0	0.096	0	0.068	0.064	0	0	0	0	0.252	0.132	0.066	0.004	0	0.022	0	0	0	0.010	0.356	0.977
TCGA.D8.A2TH	0.041	0	0.001	0.01	0	0.075	0	0.02	0.015	0	0	0	0	0.145	0.045	0.086	0.003	0	0.041	0	0	0.002	0.020	0.165	0.484
TCGA.C8.A26X	0	0.018	0.187	0.183	0		0.093	0.098	0.061	0.074	0.038	0	0	0.145	0.198	0.224	0.019	0	0.053	0	0	0	0.020	0.201	1.689
TCGA.AR.A1AY	0.003	0	0.001	0.016	0	0.03	0	0.007	0.007	0	0	0.02	0	0.194	0.021	0.051	0	0	0.004	0	0	0	0.010	0.367	0.444
TCGA.A7.A4SD	0.057	0	0.083	0.154	0	0.168	0.019	0.075	0.106	0	0.042	0	0	0.249	0.138	0.068	0	0.06	0.037	0	0	0.002	0.020	0.204	1.257
TCGA.BH.A0E0	0.018	0	0	0.025	0	0.071	0.002	0.047	0.065	0	0	0.008	0.004	0.006	0	0.048	0.193	0.05	0.017	0	0	0.002	0.020	0.196	0.557
TCGA.D8.A143	0.061	0	0.035	0.109	0	0.192	0.041	0.071	0.023	0	0.006	0	0	0.156	0.093	0.161	0.025	0	0.022	0	0	0	0.030	0.150	0.994