

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 (Treg)	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	RMSE
TCGA.A2.A07E	0.089		0.13	0.031	0.131	0.131	0.089	0.093	0.003	0.006	0.017		0.191	0.133	0.14	0.012		0.033				0.010	0.303	0.965
TCGA.AN.A0AL	0.143		0.076	0.029		0.22	0.025	0.071	0.013				0.202	0.048	0.08		0.041	0.043				0.010	0.305	0.960
TCGA.EW.A6S8		0.029	0.117	0.135		0.068	0.06	0.093	0.13		0.021		0.139	0.085	0.034	0.086		0.093				0.010	0.262	0.980
TCGA.BH.A1EW	0.064		0.016	0.12		0.158	0.077		0.003	0.007		0.037	0.005	0.132	0.106	0.014		0.113			0.007	0.010	0.280	0.971
TCGA.AR.A1AR	0.02			0.018		0.174	0.038	0.02	0.014	0.049			0.101	0.095	0.179							0.000	0.634	0.782
TCGA.D8.A13Z	0.079		0.007	0.037		0.105	0.032	0.042	0.035		0.007		0.1	0.06	0.208		0.046	0.029			0.003	0.000	0.410	0.913
TCGA.D8.A1XQ	0.013		0.071	0.072		0.121	0.035	0.035	0.018	0.007			0.125	0.11	0.207			0.006			0.008	0.030	0.150	1.040
TCGA.BH.A0B6	0.064		0.008	0.168		0.076	0.016	0.077	0.065	0.024		0.035	0.093	0.246	0.072		0.025	0.035				0.000	0.413	0.919
TCGA.S3.AA15	0.099	0.015	0.002	0.106		0.07	0.007	0.009	0.051			0.006	0.092	0.025	0.072	0.005		0.052			0.003	0.000	0.492	0.883
TCGA.OL.A6P6		0.057	0.057	0.211		0.035	0.035	0.076	0.069	0.011		0.036	0.1	0.056	0.103	0.024		0.071				0.020	0.186	1.012
TCGA.EW.A1P8	0.017	0.001		0.082		0.117	0.013	0.046	0.039		0.082		0.143	0.053	0.272	0.091			0.119	0.002	0.005	0.010	0.243	0.989
TCGA.A8.A07C	0.052		0.026	0.09		0.173	0.096	0.041	0.017	0.032	0.026		0.125	0.071	0.224		0.011	0.016				0.020	0.167	1.016
TCGA.E2.A14N	0.049		0.003	0.07		0.113	0.074	0.041			0.01		0.066	0.201	0.073	0.011	0.039	0.01				0.000	0.393	0.927
TCGA.A2.A07D	0.051		0.007	0.045		0.155	0.003	0.066	0.065		0.021		0.116	0.113	0.141				0.013		0.003	0.010	0.305	0.967
TCGA.A7.A6VV	0.121		0.076	0.012		0.06		0.088	0.026		0.024	0.041	0.261	0.073	0.104		0.086				0.027	0.010	0.364	0.935
TCGA.A2.A072	0.044		0.003	0.231		0.045	0.028	0.09	0.024	0.012		0.009	0.178	0.11	0.169	0.005		0.026			0.026	0.020	0.178	1.019
TCGA.BH.A0AV	0.088		0.035	0.014		0.073	0.012	0.004	0.017		0.009		0.152	0.023	0.118			0.032				0.000	0.495	0.876
TCGA.D8.A1J5	0.043		0.094	0.064		0.19	0.055	0.052	0.015		0.021		0.123	0.096	0.181	0.009		0.057				0.010	0.242	0.984
TCGA.OL.A5D6	0.039		0.008	0.057		0.221		0.037	0.006		0.006	0.02	0.034	0.119	0.243	0.043		0.117				0.060	0.117	1.035
TCGA.BH.A0B6	0.062		0.002	0.051		0.192	0.044	0.055	0.016		0.022	0.016	0.126	0.22	0.148		0.013	0.021		0.007	0.003	0.010	0.297	0.974
TCGA.BH.A0B8	0.039		0.004	0.192		0.074	0.058	0.055	0.062	0.014		0.017	0.161	0.158	0.085	0.032		0.037				0.100	0.098	1.057
TCGA.A0.A0J6			0.005	0.226		0.0	0.019	0.074	0.05	0.085	0.034		0.102	0.135	0.076		0.158	0.022				0.000	0.412	0.916
TCGA.A0.A128	0.011			0.215		0.127	0.05	0.034			0.031		0.056	0.19	0.163			0.049			0.004	0.000	0.511	0.859
TCGA.AR.A0J4		0.001		0.023		0.084	0.005	0.007	0.005		0.013		0.021	0.161	0.186	0.081	0.02		0.018		0.002	0.000	0.592	0.807
TCGA.E2.A1J1	0.064			0.034		0.145	0.013	0.094	0.034	0.001			0.025	0.171	0.175	0.079				0.005		0.020	0.168	1.042
TCGA.AR.A0TU			0.002	0.163		0.011	0.156	0.066	0.019	0.006		0.014	0.161	0.08	0.126	0.035	0.133	0.025				0.010	0.340	0.944
TCGA.AR.A1AQ	0.028		0.06	0.149		0.033	0.1	0.084	0.027	0.006	0.003		0.203	0.111	0.128	0.031		0.035				0.020	0.160	1.020
TCGA.A1.A0S9	0.053		0.047	0.04		0.149	0.001	0.049	0.036			0.027	0.012	0.064	0.087	0.093	0.004	0.033		0.01		0.010	0.211	1.002
TCGA.E2.A1X5	0.122			0.104		0.188		0.083	0.127			0.038	0.008	0.097	0.085	0.098	0.005		0.046			0.010	0.243	0.991
TCGA.AN.A0AT	0.076			0.109		0.178	0.026	0.065	0.037				0.123	0.122	0.093				0.004			0.010	0.210	1.013
TCGA.GM.A1X1	0.007		0.079	0.178		0.133	0.092	0.024		0.069			0.121	0.111	0.093	0.036	0.028	0.03				0.010	0.215	0.997
TCGA.AN.A0XU	0.067		0.034	0.103		0.018	0.071	0.087		0.033	0.014		0.278	0.107	0.136	0.032		0.02				0.010	0.222	1.000
TCGA.A2.A1XU	0.084		0.174	0.088			0.078	0.02			0.024		0.152	0.028	0.144	0.005						0.010	0.249	1.006
TCGA.AR.A2S6	0.032			0.031		0.117		0.066	0.033		0.015		0.002	0.069	0.101	0.072	0.137	0.004				0.000	0.427	0.905
TCGA.EW.A1P1	0.044		0.003	0.122		0.139	0.02	0.033	0.033	0.006			0.195	0.119	0.097	0.049		0.041				0.010	0.256	0.988
TCGA.CR.A111			0.009	0.082		0.11	0.024	0.045	0.014		0.017		0.131	0.025	0.114			0.023			0.002	0.030	0.147	1.071
TCGA.E2.A573	0.038		0.021	0.102		0.106		0.094	0.086	0.036		0.024	0.233	0.132	0.098	0.013		0.016				0.050	0.130	1.045
TCGA.BH.A1B8	0.013		0.006	0.006		0.119	0.001	0.056	0.03		0.022		0.143	0.106	0.157			0.042				0.010	0.362	0.949
TCGA.B6.A0J0	0.003			0.026		0.001	0.002	0.07	0.045		0.011		0.164	0.051	0.054	0.173	0.107	0.001				0.000	0.552	0.834
TCGA.CR.A12V	0.003	0.019	0.028	0.2		0.079	0.036	0.069	0.047		0.044		0.098	0.191	0.092	0.062		0.031				0.020	0.156	1.038
TCGA.BH.A1F6	0.042		0.027	0.126		0.093	0.065	0.049	0.014	0.001			0.262	0.087	0.204			0.016			0.014	0.010	0.217	1.003
TCGA.AR.A0B8	0.032		0.013	0.065		0.127	0.056	0.052	0.029		0.018		0.135	0.144	0.118			0.034				0.020	0.160	1.036
TCGA.GM.A2D8	0.079			0.154		0.188	0.048	0.06	0.079	0.015			0.135	0.092	0.088	0.021		0.035				0.000	0.430	0.902
TCGA.E2.A1A2	0.093			0.024	0.082		0.152	0.075	0.056		0.016		0.034	0.036	0.135	0.061	0.014	0.014	0.041			0.010	0.348	0.943
TCGA.D8.A1A2	0.005	0.014	0.123	0.089		0.11	0.016	0.059	0.026		0.011		0.101	0.069	0.119	0.02		0.023				0.010	0.241	0.995
TCGA.E2.A574		0.018	0.005	0.162		0.077		0.025	0.043		0.013		0.141	0.005	0.057			0.004				0.020	0.155	1.088
TCGA.A7.A6VV	0.059		0.032	0.02		0.075		0.024	0.039			0.005	0.145	0.082	0.092			0.022				0.000	0.431	0.915
TCGA.A2.A0S7	0.047	0.052	0.039	0.15		0.135	0.016	0.097	0.055	0.007	0.013		0.074	0.138	0.032	0.1	0.01	0.033			0.001	0.010	0.246	0.988
TCGA.E2.A1B6	0.123	0.057	0.037	0.151		0.06	0.097	0.052	0.141	0.028			0.085	0.103	0.034		0.012	0.02				0.000	0.473	0.880
TCGA.LL.A441		0.037	0.053	0.091		0.089	0.024	0.062	0.074		0.011		0.135	0.073	0.051	0.002		0.013				0.000	0.634	0.784
TCGA.A2.A04P	0.086	0.027	0.066	0.069		0.201		0.13	0.058		0.014	0.012	0.042	0.155	0.07	0.006	0.027	0.038				0.010	0.260	0.988
TCGA.BH.A0B1	0.174		0.031	0.028		0.223	0.041	0.056	0.022	0.023	0.006		0.001	0.079	0.143	0.061	0.079		0.032			0.000	0.499	0.868
TCGA.E2.A1XK		0.039		0.043		0.003	0.0	0.031	0.035		0.027		0.141	0.01	0.141		0.059		0.018			0.060	0.106	1.127
TCGA.E2.A1S9	0.063		0.013	0.16		0.156	0.115	0.017	0.006	0.017		0.001	0.096	0.088	0.155	0.047		0.068				0.020	0.167	1.012
TCGA.A2.A04T	0.106		0.042	0.181		0.025	0.088	0.099	0.03		0.013		0.193	0.082	0.1	0.033		0.009				0.010	0.367	0.931
TCGA.A2.A3XY	0.09			0.023		0.115	0.01	0.101	0.076		0.008		0.125	0.137	0.068	0.009		0.036				0.000	0.496	0.868
TCGA.E2.A1S0	0.007	0.002		0.006		0.17	0.008	0.092	0.052		0.011		0.171	0.15	0.084	0.015		0.026				0.010	0.353	0.949
TCGA.GM.A2D0	0.042			0.116		0.202	0.071	0.036	0.052	0.018		0.01	0.128	0.089	0.14	0.034	0.021	0.041				0.030	0.151	1.025
TCGA.D8.A27																								

Input Sample	B cells naive		B cells memory		Plasma cells		T cells CD8		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		RMSE	
	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory	naive	memory				
TCGA.D8.A1XX	0.083	0	0.045	0.053	0	0.131	0.071	0.024	0	0	0.015	0.002	0	0.002	0.043	0.071	0.088	0.178	0	0.011	0.027	0	0	0.033	0	0.005	0.010	0.220	1.009																			
TCGA.AQ.A54N	0.062	0	0.025	0.147	0	0.092	0	0.183	0.047	0	0	0.026	0.043	0.071	0.088	0.178	0	0.011	0.027	0	0	0.033	0	0.005	0.010	0.220	1.009																					
TCGA.A2.A0YM	0.03	0	0.004	0.032	0	0.089	0.009	0.036	0.019	0	0	0.01	0	0.012	0.086	0.082	0	0.068	0	0	0	0.000	0.620	0.784																								
TCGA.AR.A0T5	0.234	0	0.051	0.098	0	0.187	0.047	0.038	0.039	0	0.018	0	0	0.076	0.095	0.109	0	0	0.007	0	0	0	0.000	0.506	0.862																							
TCGA.E2.A1L5	0.097	0	0	0.111	0	0.17	0	0.113	0	0	0	0	0.055	0	0.164	0.195	0	0.095	0	0	0	0	0.480	0.025	1.097																							
TCGA.AQ.A04J	0.217	0	0.064	0.111	0	0.186	0.063	0.017	0	0	0.013	0	0.004	0.103	0.074	0.063	0.033	0.025	0.026	0	0	0	0.000	0.471	0.882																							
TCGA.AQ.A0J2	0.058	0	0.009	0.121	0	0.112	0.084	0.096	0.028	0.001	0.058	0.001	0	0.11	0.136	0.13	0.023	0.003	0.031	0	0	0	0.010	0.312	0.957																							
TCGA.EW.A1PH	0.047	0	0.033	0.16	0	0.163	0.072	0.067	0	0	0.016	0	0	0.188	0.109	0.068	0.049	0.016	0.013	0	0	0	0.020	0.162	1.023																							
TCGA.C8.A1HJ	0.105	0	0.025	0.113	0	0.138	0.076	0.035	0.007	0.024	0.031	0	0	0.119	0.186	0.078	0	0.039	0.023	0	0	0	0.010	0.271	0.983																							
TCGA.D8.A147	0.166	0	0.015	0.04	0	0.205	0	0.059	0.027	0.007	0	0.002	0	0.265	0.065	0.105	0	0.035	0.01	0	0	0	0.000	0.420	0.907																							
TCGA.EW.A1OW	0.08	0	0.026	0.017	0	0.113	0.006	0.064	0.041	0.002	0.007	0	0	0.4	0.094	0.083	0.043	0	0.024	0	0	0	0.010	0.233	1.006																							
TCGA.A7.A28I	0.117	0	0.014	0	0	0.199	0	0.014	0.037	0	0	0.021	0	0.001	0.014	0.228	0	0.049	0	0	0	0.010	0.257	0.989																								
TCGA.AC.A6IW	0.02	0	0	0.116	0	0.069	0.046	0.12	0.065	0	0	0.019	0.027	0.016	0.128	0.155	0.193	0	0.026	0	0	0	0.010	0.373	0.928																							
TCGA.G1.A2C9	0.011	0	0	0.031	0	0.094	0.034	0.025	0	0	0.019	0	0.207	0.047	0.263	0.12	0.068	0.075	0	0	0.005	0.010	0.335	0.949																								
TCGA.OL.A5D7	0.071	0	0.031	0.144	0	0.16	0.096	0.07	0.111	0	0	0	0	0.094	0.132	0.074	0	0.016	0	0	0	0.010	0.244	0.993																								
TCGA.C8.A26Y	0.103	0	0	0.02	0	0.067	0	0.106	0.038	0.013	0	0	0	0.017	0.069	0.113	0	0	0	0	0	0.010	0.352	0.955																								
TCGA.E2.A1LH	0.026	0.012	0.032	0.189	0	0.161	0.022	0.062	0.045	0.009	0	0.015	0	0.181	0.112	0.088	0.012	0	0.034	0	0	0	0.050	0.127	1.043																							
TCGA.BH.A0B3	0	0.02	0.087	0.119	0	0.014	0.092	0.069	0.051	0	0	0.023	0.029	0.124	0.183	0.107	0.04	0	0.039	0	0	0.003	0.020	0.191	1.013																							
TCGA.AQ.A129	0.111	0	0.099	0.128	0	0.172	0.031	0.076	0.026	0	0	0.009	0	0.122	0.131	0.079	0	0.016	0	0	0	0.010	0.351	0.942																								
TCGA.AN.A0G0	0.017	0	0.003	0.041	0	0.105	0.045	0.088	0.02	0	0.063	0	0	0.001	0.08	0.156	0.004	0	0.014	0	0	0.003	0.430	0.032	1.098																							
TCGA.OL.A5RW	0.014	0.036	0	0	0	0.141	0	0.073	0.04	0	0	0	0	0.005	0.133	0.139	0	0.104	0.034	0	0	0	0.020	0.190	1.027																							
TCGA.A2.A0CM	0.015	0	0.002	0.158	0	0.156	0.075	0.075	0.042	0	0	0.013	0.002	0.215	0.132	0.084	0	0	0.032	0	0	0	0.020	0.205	1.012																							
TCGA.A2.A0D0	0.056	0	0.003	0.179	0	0.111	0.055	0.073	0.032	0	0.01	0.013	0	0.243	0.082	0.098	0.045	0	0	0	0.001	0.010	0.243	0.991																								
TCGA.EW.A1PB	0.005	0	0	0.132	0	0.046	0.041	0.042	0.027	0	0.017	0.028	0	0.082	0.006	0.213	0.001	0	0.041	0	0	0.000	0.450	0.906																								
TCGA.A2.A3XT	0.048	0	0.013	0.002	0	0.112	0.024	0.024	0.023	0.017	0.004	0	0.002	0.111	0.101	0.063	0.02	0	0.033	0	0	0.000	0.408	0.925																								
TCGA.AQ.A1KR	0.032	0	0.013	0.25	0	0.054	0.073	0.181	0.065	0.017	0	0.012	0.001	0.034	0.153	0.044	0.006	0.032	0.033	0	0	0.060	0.119	1.067																								
TCGA.A7.A0CE	0.058	0	0.042	0.086	0	0.013	0	0.072	0.04	0	0.007	0.008	0	0.262	0.105	0.123	0	0.079	0.069	0	0	0.010	0.233	0.998																								
TCGA.GM.A2D8	0.111	0.053	0.021	0.096	0	0.098	0	0.07	0.065	0	0	0	0	0.258	0.135	0.068	0.004	0	0.023	0	0	0.010	0.356	0.940																								
TCGA.D8.A2TH	0.084	0	0.003	0.021	0	0.155	0.001	0.041	0.031	0	0	0	0	0.1	0.092	0.177	0.005	0	0.085	0	0	0.004	0.020	0.165	1.028																							
TCGA.C8.A26X	0	0.011	0.111	0.108	0	0	0.055	0.058	0.036	0.044	0.023	0	0	0.262	0.117	0.133	0.011	0	0.032	0	0	0	0.020	0.201	1.010																							
TCGA.AR.A1AY	0.006	0	0.003	0.035	0	0.067	0	0.015	0.017	0	0	0.046	0	0.04	0.047	0.115	0	0	0.01	0	0	0.010	0.367	0.976																								
TCGA.A7.A4SD	0.045	0	0.066	0.122	0	0.133	0.015	0.06	0.084	0	0.033	0	0	0.198	0.11	0.054	0	0.048	0.029	0	0	0.001	0.020	0.204	1.007																							
TCGA.BH.A0E0	0.033	0	0	0.045	0	0.127	0.004	0.084	0.117	0	0	0.015	0.007	0.01	0	0.087	0.115	0.09	0.031	0	0	0.003	0.020	0.196	1.006																							
TCGA.D8.A143	0.062	0	0.035	0.11	0	0.193	0.041	0.071	0.023	0	0.006	0	0	0.157	0.093	0.162	0.025	0	0.023	0	0	0	0.030	0.150	1.025																							