

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				0.005	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				0.005	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				0.007	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	0.280	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	0.001	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	0.047	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				0.001	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			0.026	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	0.011	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				0.033	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				0.001	0.393	0.927	
TCGA.A2.A070	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	0.005	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	0.002	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	0.028	0.178	1.019
TCGA.BH.A0AV	0.088		0.035	0.014		0.073	0.012	0.004	0.017		0.009		0.172	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				0.011	0.242	0.984	
TCGA.OL.A506	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				0.079	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	0.005	0.297	0.974
TCGA.BH.A0AR	0.039		0.004	0.192		0.074	0.058	0.055	0.062	0.014		0.017	0.012	0.161	0.158	0.085	0.032		0.037			0.107	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				0.001	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			0.032	0.168	1.042	
TCGA.AR.A0TU			0.002	0.163		0.011	0.156	0.066	0.019	0.006		0.014	0.004	0.161	0.08	0.126	0.035	0.133	0.025			0.002	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				0.038	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	0.195	0.064	0.087	0.093	0.004	0.033		0.01	0.017	0.211	1.002	
TCGA.A2.A3K5	0.122			0.104		0.188		0.083	0.127			0.038	0.008	0.097	0.085	0.098	0.005		0.046			0.011	0.243	0.991	
TCGA.AN.A0AT	0.076			0.109		0.178	0.026	0.065	0.037				0.12	0.122	0.093				0.004			0.019	0.210	1.013	
TCGA.GM.A3XL	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				0.017	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			0.016	0.222	1.000	
TCGA.A2.A3XU	0.084		0.174	0.088			0.078	0.02			0.024		0.152	0.028	0.144	0.005						0.011	0.249	1.006	
TCGA.AR.A256	0.032			0.031		0.117		0.066	0.033		0.015		0.022	0.102	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				0.009	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	0.049	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			0.070	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				0.002	0.362	0.949	
TCGA.B6.A0J0	0.003			0.026		0.001	0.002	0.07	0.045		0.011		0.104	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				0.041	0.156	1.038	
TCGA.BH.A1F6	0.042		0.027	0.126		0.093	0.065	0.049	0.014	0.001			0.052	0.087	0.204			0.016			0.014	0.017	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				0.038	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		0.151	0.075	0.056		0.016		0.034	0.036	0.135	0.061	0.014	0.014	0.041			0.002	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				0.013	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				0.043	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	0.011	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				0.007	0.260	0.988	
TCGA.BH.A0B8	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			0.095	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			0.032	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				0.002	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				0.002	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			0.044	0.151		

Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD4				T cells CD8	T cells CD4 memory resting	T cells CD4 memory activated	T cells CD4 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
TCGA.D8.A1XX	0.083	0	0.045	0.053	0	0.131	0.071	0.024	0	0	0.015	0.002	0	0.508	0.062	0.09	0	0	0	0.033	0	0.005	0.016	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	0.153	0.077	1.058			
TCGA.A2.A0YM	0.03	0	0.004	0.032	0	0.089	0.009	0.036	0.019	0	0	0.01	0	0.152	0.086	0.082	0	0.068	0	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	0.383	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	0.004	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	0.035	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	0.007	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	0.013	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	0.205	0.014	0.228	0	0	0.049	0	0	0	0.008	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	0.001	0.373	0.928			
TCGA.G1.A2C9	0.011	0	0	0.031	0	0.094	0	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	0.003	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	0.016	0	0	0	0.011	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	0.076	0.069	0.113	0	0	0	0	0	0	0.002	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	0.072	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	0.026	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	0.016	0	0	0	0.002	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	0.201	0.08	0.156	0.004	0	0.014	0	0	0.003	0.339	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	0.285	0.133	0.139	0	0.104	0.034	0	0	0	0.026	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	0.022	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	0.001	0.011	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	0.206	0.213	0.001	0	0.041	0	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	0.115	0.101	0.063	0.02	0	0.033	0	0	0	0.001	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	0.078	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	0.202	0.105	0.123	0	0.079	0.069	0	0	0.013	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	0.002	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	0.7	0.092	0.177	0.005	0	0.085	0	0	0.004	0.033	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	0.022	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	0.204	0.047	0.115	0	0	0.01	0	0	0	0.002	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	0.022	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	0.024	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	0.047	0.150	1.025			