TCGA.AN.ADAL TCGA.BN.ADBAL TCGA.BN	0.064 0.064 0.064 0.062 0.064 0.062 0.064 0.	0.029 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.13 0.076 0.117 0.006 0.016 0.016 0.007 0.077 0.007 0.007 0.003 0.007 0.006 0.008 0.002 0.006 0.005	Cells CD8 (1987)	naive resting control of the control	0.025 0.06 0.077 0.038 0.032 0.035 0.016 0.007 0.033 0.096 0.074 0.003 0.028 0.028	helper 0.089 0.089 0.071 0.093 0 0.02 0.042 0.035 0.077 0.009 0.046 0.041 0.041 0.066 0.088 0.09 0.004 0.052	(Tregs) (1002) (delta 0 0.002 0 0 0 0 0 0 0.049 0 0.024 0 0.011 0 0.032 0 0 0.012	resting 0 0.006 0 0.007 0.012 0.007 0 0 0 0 0 0.002 0.002 0.002 0.001 0 0.0021	activated 0.017 0 0.021 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	Monocytes 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.191 0.202 0.139 0.009 0.891 0.091 0.093 0.092 0.1 0.143	0.133 0.048 0.085 0.132 0.095 0.06 0.11 0.246 0.025 0.056	M2 0.14 0.08 0.034 0.106 0.179 0.208 0.207 0.072 0.072 0.103	0.012 0 0.086 0.014 0 0 0 0 0 0.005	0 0.041 0 0 0 0.046 0 0 0.025 0	0.033 0.043 0.003 0.113 0 0.029 0.006 0.035	0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.007 0 0.003 0.008 0 0.003	0.010 0.010 0.010 0.010 0.010 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000 0.000	0.303 0.305 0.262 0.280 0.634 0.410 0.150 0.413 0.492 0.186 0.243	0.965 0.960 0.980 0.971 0.782 0.913 1.040 0.919 0.883
TCGA_EV_A658 TCGA_BA_IAEW O.C.TCGA_BA_IAEW O.C.TCGA_IAEW O.C.TC	0.064 0.002 0.0079 0.013 0.0064 0.0070 0.017	0 0 0 0 0 0	0.117 0.016 0 0.007 0.071 0.004 0.005 0 0.005 0 0.005 0 0.006 0.003 0.007 0.076 0.003 0.007 0.008 0.009 0.008 0.009 0.000 0.005 0 0.000 0.005 0.000	0.135 0.12 0.018 0.018 0.037 0.072 0.168 0.106 0.271 0.082 0.09 0.07 0.045 0.012 0.231 0.064 0.057 0.051 0.192 0.226 0.235 0.023 0.034	0 0.174 0 0.105 0 0.105 0 0.021 0 0.076 0 0.07 0 0.035 0 0.117 0 0.135 0 0.155 0 0.06 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.19 0 0.09 0 0.09	0.06 0.077 0.038 0.032 0.035 0.016 0.007 0.013 0.096 0.074 0.003 0.028 0.012 0.055	0.093 0.02 0.042 0.035 0.077 0.076 0.046 0.041 0.066 0.088 0.09 0.094 0.052	0.13 0.003 0.014 0.035 0.018 0.065 0.051 0.069 0.039 0.017	0 0.007 0.024 0 0.011 0 0.032 0	0.012 0.007 0 0 0 0 0 0.002 0.026	0 0 0 0 0.035 0.02	0 0.037 0 0 0 0 0.006 0	0.009 0.881 0.53 0.295 0.093 0.092 0.1 0.143	0.085 0.132 0.095 0.06 0.11 0.246 0.025 0.056	0.034 0.106 0.179 0.208 0.207 0.072 0.072	0.014 0 0 0 0 0 0	0 0 0 0.046	0.003 0.113 0 0.029 0.006 0.035 0.052	0 0 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0.007 0 0.003 0.008 0 0.003	0.010 0.010 0.000 0.000 0.030 0.000 0.000 0.000	0.262 0.280 0.634 0.410 0.150 0.413 0.492 0.186	0.980 0.971 0.782 0.913 1.040 0.919 0.883
TCGA.AR.A1AR 0. TCGA.BR.A1AR 1. TCGA.B	0.002 0.002 0.003 0.004 0.0064 0.0099 0.0051 0.0052 0.0052 0.0062 0.0062 0.0062 0.0062 0.0064 0.0062 0.0062 0.0064 0.0064 0.0064 0.0062 0.0064 0.0062 0.0062 0.0062 0.0064 0.0062 0.		0 0.007 0.007 0.004 0.005 0.005 0.002 0.003 0.007 0.003 0.003 0.003 0.003 0.003 0.004 0.008 0.002 0.004 0.005 0.002	0.018 0.037 0.072 0.168 0.106 0.271 0.082 0.09 0.07 0.045 0.012 0.231 0.014 0.057 0.051 0.192 0.226 0.233 0.034	0 0.105 0 0.121 0 0.076 0 0.07 0 0.035 0 0.117 0 0.173 0 0.155 0 0.06 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.19 0 0.19	0.038 0.032 0.035 0.016 0.007 0.035 0.013 0.096 0.074 0.003 0.028 0.012 0.055 0.012 0.058	0.042 0.035 0.077 0.009 0.076 0.046 0.041 0.041 0.066 0.088 0.09 0.004 0.052	0.035 0.018 0.065 0.051 0.069 0.039 0.017 0 0.065 0.026 0.024	0 0.007 0.024 0 0.011 0 0.032 0	0.012 0.007 0 0 0 0 0 0.002 0.026	0.02	0.037 0 0 0 0 0 0.006 0	0.092 0.1 0.143	0.095 0.06 0.11 0.246 0.025 0.056	0.179 0.208 0.207 0.072 0.072	0 0 0 0 0	0	0 0.029 0.006 0.035 0.052	0 0 0 0 0	0 0 0 0 0	0.007 0 0.003 0.008 0 0.003	0.000 0.000 0.030 0.000 0.000 0.020	0.634 0.410 0.150 0.413 0.492 0.186 0.243	0.782 0.913 1.040 0.919 0.883
TCGA.DB.A1XQ TCGA.DB.A1XQ TCGA.DB.A1XQ TCGA.DB.A1XQ TCGA.DA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G66P TCGA.CA.G67D TCGA.CA.G7D	0.013 0.064 0.069 0.052		0.004 0.057 0 0.026 0.003 0.007 0.076 0.035 0.094 0.008 0.002 0.005 0	0.072 0.168 0.106 0.271 0.082 0.09 0.07 0.045 0.012 0.231 0.057 0.051 0.192 0.226 0.295 0.023 0.034	0 0.121 0 0.076 0 0.07 0 0.035 0 0.117 0 0.173 0 0.155 0 0.05 0 0.045 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.021	0.035 0.016 0.007 0.035 0.013 0.096 0.074 0.003 0 0.028 0.012 0.055 0	0.035 0.077 0.009 0.076 0.046 0.041 0.066 0.088 0.09 0.004 0.052	0.018 0.065 0.051 0.069 0.039 0.017 0 0.065 0.026 0.024	0 0.011 0 0.032 0 0	0.01	0.02	0 0 0.006 0	0.092 0.1 0.143	0.11 0.246 0.025 0.056	0.207 0.072 0.072	0 0 0 0.005	0	0.006 0.035 0.052	0 0 0 0	0 0 0 0	0.003 0.008 0 0.003 0	0.030 0.000 0.000 0.020	0.150 0.413 0.492 0.186 0.243	0.913 1.040 0.919 0.883
TCGA BH A08G O. (CA BH A08G	0.064 0.064 0.099 0.0052 0.052 0.051 0		0.004 0.057 0 0.026 0.003 0.007 0.076 0.035 0.094 0.008 0.002 0.005 0	0.168 0.106 0.271 0.082 0.09 0.07 0.045 0.012 0.231 0.014 0.057 0.051 0.192 0.226 0.295 0.023 0.034	0 0.076 0 0.075 0 0.035 0 0.117 0 0.173 0 0.155 0 0.065 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.192	0.016 0.007 0.035 0.013 0.096 0.074 0.003 0 0.028 0.012 0.055 0	0.077 0.009 0.076 0.046 0.041 0.041 0.066 0.088 0.09 0.004 0.052	0.065 0.051 0.069 0.039 0.017 0 0.065 0.026 0.024	0 0.011 0 0.032 0 0	0.01	0.02	0 0.006 0 0	0.092 0.1 0.143	0.246 0.025 0.056	0.072 0.072	0 0.005	0.025	0.052	0 0	0 0	0.008	0.000 0.000 0.020	0.413 0.492 0.186 0.243	0.919 0.883
TCGA, OLA66P TCGA, WALRIP TCGA,	0.0017 0.0017 0.0052 0.0052 0.0059 0.0051 0.0044 0.0088 0.0088 0.0089 0.0062 0.0064 0.0064 0.0064 0.0064 0.0064 0.0064 0.0064 0.0065 0.		0 0.026 0.003 0.007 0.007 0.003 0.035 0.094 0.008 0.002 0.004 0.005 0	0.271 0.082 0.09 0.07 0.045 0.012 0.231 0.014 0.064 0.057 0.051 0.192 0.226 0.228 0.023 0.034	0 0.035 0 0.117 0 0.173 0 0.155 0 0.06 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.022 0 0.09 0 0.09	0.013 0.096 0.074 0.003 0 0.028 0.012 0.055 0 0.044 0.058	0.046 0.041 0.041 0.066 0.088 0.09 0.004 0.052	0.069 0.039 0.017 0 0.065 0.026 0.024 0.017	0 0.032 0 0	0.01		0.006 0 0	0.1 0.143	0.056		0.005	0		0	0	0.003	0.020	0.186 0.243	_
TCGA.EW.AIP8 O.(TCGA.BY.AIP8 O.(TCGA.BY.BY.BY.BY.BY.BY.BY.BY.BY.BY.BY.BY.BY.	0.052 0.049 0.051 0.021 0.044 0.088 0.043 0.039 0.062 0.001 0 0.004 0.0053 0.0053 0.0028 0.053 0.028 0.053	0.001 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0 0.026 0.003 0.007 0.007 0.003 0.035 0.094 0.008 0.002 0.004 0.005 0	0.09 0.07 0.045 0.012 0.231 0.014 0.064 0.057 0.051 0.192 0.226 0.785 0.023 0.034	0 0.117 0 0.173 0 0.155 0 0.06 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.221 0 0.192 0 0.074	0.013 0.096 0.074 0.003 0 0.028 0.012 0.055 0 0.044 0.058	0.046 0.041 0.041 0.066 0.088 0.09 0.004 0.052	0.039 0.017 0 0.065 0.026 0.024 0.017	0 0.032 0 0	0.01	0 0 0	0	0.143					0.071			0.005		0.243	
TCGA.EZ.A18N 0.(6.REZ.A18N 0.(6.REZ.A18N 0.(6.REZ.A18N 0.(6.REZ.A18N 0.(6.REZ.A18N 0.REZ.A17C 0.(6.REZ.A17C 0.(6.R	0.049 0.051 0.121 0.044 0.088 0.088 0.039 0.062 0.039 0.0011 0.0064 0.0028 0.053 0.122 0.053	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.003 0.007 0.076 0.003 0.035 0.094 0.008 0.002 0.004 0.005 0 0	0.07 0.045 0.012 0.231 0.014 0.064 0.057 0.051 0.192 0.226 0.285 0.023 0.034	0 0.155 0 0.06 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.221 0 0.192 0 0.074	0.074 0.003 0 0.028 0.012 0.055 0 0.044	0.041 0.066 0.088 0.09 0.004 0.052 0.037	0 0.065 0.026 0.024 0.017	0 0 0	0.01	0	0		0.053	0.272	0.091	0	0	0.119	0.002	0.005			0.989
TCGA.A7.A6WW 0.1. TCGA.B4.A0W 0.1. TCGA.B4.BAW 0.1. TCGA.BAW 0.1	0.121 0.044 0.088 0.043 0.039 0.062 0.0039 0.011 0 0.064 0 0.028 0.053 0.053 0.053 0.053	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.003 0.035 0.094 0.008 0.002 0.004 0.005 0 0 0 0.002	0.012 0.231 0.014 0.064 0.057 0.051 0.192 0.226 0.285 0.023 0.034	0 0.06 0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.221 0 0.192 0 0.074 0 0	0.012 0.055 0 0.044 0.058	0.088 0.09 0.004 0.052 0.037	0.026 0.024 0.017	0 0 0.012	0.021 0	0		0.125 0.066	0.071	0.224	0.011	0.011	0.016	0	0	0	0.020	0.167	1.016 0.927
TCGA A2 A017	0.044 0.088 0.043 0.039 0.062 0.039 0 0.011 0 0.0064 0 0.028 0.053 0.122 0.076 0.007 0.0067	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.003 0.035 0.094 0.008 0.002 0.004 0.005 0 0 0 0.002	0.231 0.014 0.064 0.057 0.051 0.192 0.226 0.285 0.023 0.034	0 0.045 0 0.073 0 0.19 0 0.221 0 0.192 0 0.074 0 0	0.012 0.055 0 0.044 0.058	0.09 0.004 0.052 0.037	0.024 0.017	0.012	U	0.024	0	0.316	0.113	0.141	0	0	0	0.013	0	0.003	0.010	0.305	0.967
TCGA DB A1JG 0.0.4556 0.0.4566 0.	0.043 0.039 0.062 0.039 0 0.011 0 0.064 0 0.028 0.053 0.122 0.076 0.007	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.094 0.008 0.002 0.004 0.005 0 0 0 0.002 0.002	0.057 0.051 0.192 0.226 0.285 0.023 0.034	0 0.19 0 0.221 0 0.192 0 0.074 0 0	0 0.044 0.058	0.037				0.024	0.041	0.261	0.073	0.104 0.169	0.005	0.086	0.026	0	0	0.027 0.026	0.010	0.364 0.178	0.935 1.019
TCGA, OLASD6 0.(CTGA, OLASD6 0.CTGA,	0.039 0.062 0.039 0 0.011 0 0.064 0 0.028 0.053 0.122 0.076 0.007	0 0 0 0 0 0.001 0 0	0.008 0.002 0.004 0.005 0 0 0 0.002 0.002	0.051 0.192 0.226 0.285 0.023 0.034	0 0.192 0 0.074 0 0 0 0	0.058			0	0.009	0.021	0	0.575 0.123	0.023	0.118	0.009	0	0.032	0	0	0	0.000	0.495	0.876 0.984
TCGA BH.A0RX 0.(LTCGA AO.A)B6 TCGA AO.A128 0.(LTCGA AO.A128 0.(LTCGA AO.A128 0.LTCGA AP.A)B4 TCGA EZ.A1LJ 0.(LTCGA AR.A0TU TCGA AR.A0TU TCGA AR.A1AQ 0.(LTCGA AR.A)AQ 0.(LTCGA AR.A)AQ 0.(LTCGA AR.A)AQ 0.(LTCGA AC.A)AQ 0.(LTCGA A	0.039 0.011 0.0064 0.0028 0.053 0.122 0.076 0.007	0 0 0 0.001 0 0 0		0.192 0.226 0.285 0.023 0.034	0 0.074 0 0 0 0	0.058		0.006	0	0	0.006	0.02	0.034	0.119	0.292	0.043	0	0.117	0	0	0	0.060	0.117	1.035
TCGA.AD.A128 0.0 TCGA.AR.A0U4 0.0 TCGA.AR.A0TU TCGA.AR.A0TU TCGA.AR.A0TU TCGA.AR.A0TU TCGA.AR.A0TO TCGA.AR.A0TO TCGA.AR.A0TO TCGA.AR.A0ATO 0.0 TCGA.AR.A0AT 0.0 TCGA.AR.A0AT 0.0 TCGA.AR.A0AT 0.0 TCGA.AR.A0AT 0.0 TCGA.AR.A0AU 0.0 TCGA.AR.A0XU 0.0 TCGA.AR.A0XU 0.0 TCGA.AR.A0XU 0.0 TCGA.AR.A0XU 0.0	0 0.0064 0 0.028 0.053 0.122 0.076 0.007 0.067	0 0 0.001 0 0 0 0		0.285 0.023 0.034	0 0 0 0 0 0 0 0.084	0.020	0.055	0.016 0.062	0.014	0.022	0.016 0.017	0.012	0.126 0.161	0.22	0.148	0.032	0.013	0.021	0	0.007	0.003	0.010 0.100	0.297	0.974 1.057
TCGA.AR.A0U4 TCGA.EZ.AILI 0 TCGA.AR.A0TU TCGA.AR.A1AQ 0 TCGA.AI.A0SP 0 TCGA.AI.A0SP 0 TCGA.AI.A0SP 0 TCGA.AI.A3XS 0 TCGA.AI.A3XS 0 TCGA.AI.A0AT 0 TCGA.GM.A3XL 0 TCGA.AI.A0XU 0 TCGA.AI.A0XU 0 TCGA.AI.A0XU 0	0 0.0064 0 0.028 0.053 0.122 0.076 0.007 0.067	0.001 0 0 0 0 0		0.034	0 0.084	0.019	0.074	0.05 0.034	0.085	0.034	0.015 0.031	0	0.102 0.056	0.135 0.19	0.076 0.163	0	0.158	0.022	0	0	0 004	0.000	0.412 0.511	0.916 0.859
TCGA.AR.AOTU TCGA.AR.AOTU TCGA.AR.AIAQ 0.0. TCGA.AI.AOSP 0.0. TCGA.A2.A3XS 0.0. TCGA.AN.AOAT 0.0. TCGA.AN.AOAT 0.0. TCGA.AN.AOXU 0.0. TCGA.AN.AOXU 0.0. TCGA.A3XU 0.0.	0 0.028 0.053 0.122 0.076 0.007 0.067	0 0 0 0				0.006	0.007	0.005		0.013	0.051	0.021	0.532	0.186	0.081	0.02	0	0.043	0.018	0	0.004	0.000	0.592	0.807
TCGA.A1.A0SP 0.0 TCGA.A2.A3XS 0.3 TCGA.AN.A0AT 0.0 TCGA.GM.A3XL 0.0 TCGA.AN.A0XU 0.0 TCGA.AN.A0XU 0.0	0.053 0.122 0.076 0.007 0.067 0.084	0 0 0 0			0 0.145 0 0.011	0.013 0.156	0.094	0.034	0.001	0	0.014	0.025	0.332	0.175	0.079 0.126	0.035	0.133	0.025	0.005	0	0	0.020	0.168	1.042 0.944
TCGA.A2.A3XS 0.3 TCGA.AN.A0AT 0.(TCGA.GM.A3XL 0.(TCGA.AN.A0XU 0.(TCGA.AN.A0XU 0.(0.122 0.076 0.007 0.067 0.084	0	0.047	0.149	0 0.033 0 0.149	0.1	0.084	0.027	0.006	0.003	0.027	0.012	0.203	0.111	0.128 0.087	0.031	0	0.035	0	0	0	0.020 0.010	0.160 0.211	1.020
TCGA.GM.A3XL 0.0 TCGA.AN.A0XU 0.0 TCGA.A2.A3XU 0.0	0.007 0.067 0.084	0	U	0.104	0 0.149	0	0.049	0.127	0	0	0.027	0.008	0.293	0.085	0.087	0.005	0.004	0.033	0	0.01	0	0.010	0.211	0.991
TCGA.AN.A0XU 0.0 TCGA.A2.A3XU 0.0	0.084	0	0.079	0.109 0.178	0 0.178	0.026 0.133	0.065	0.037 0.024	0	0.069	0	0	0.29 0.121	0.122 0.111	0.093	0.036	0.028	0.03	0.004	0	0	0.010 0.010	0.210 0.215	1.013 0.997
		0	0.034	0.103	0 0.018	0.071	0.087	0	0	0.033	0.014	0	0.278	0.107	0.136	0.032	0	0.02	0	0	0	0.010	0.222	1.000
U.)		0	0.174	0.088	0 0 0.117	0	0.078	0.02	0	0.015	0.024	0.022	0.355	0.028	0.144	0.005	0.137	0.004	0	0	0	0.010	0.249 0.427	1.006 0.905
	0.044	0	0.003	0.122	0 0.139 0 0.11	0.02	0.033	0.033	0.006	0 0.017	0	0	0.295	0.119	0.097 0.114	0.049	0	0.041	0	0	0.002	0.010 0.030	0.256 0.147	0.988 1.071
TCGA.E2.A573 0.0	0.038	0	0.021	0.102	0 0.106	0.024	0.094	0.086	0.036	0.017	0.024	0	0.233	0.132	0.098	0.013	0	0.016	0	0	0	0.050	0.130	1.045
TCGA.BH.A18V 0.0 TCGA.B6.A400 0.0	0.013	0	0.006	0.006	0 0.119 0 0.071	0.001	0.056	0.03	0	0.011	0.022	0	0.443	0.106 0.051	0.157 0.054	0.173	0.107	0.042	0	0	0	0.010	0.362 0.552	0.949 0.834
TCGA.C8.A12V 0.0 TCGA.BH.A1F6 0.0	0.003	0.019	0.028 0.027	0.2 0.126	0 0.079 0 0.093	0.036	0.069	0.047		0	0.044	0	0.098	0.191	0.092	0.062	0	0.031 0.016	0	0	0.014	0.020 0.010	0.156 0.217	1.038
TCGA.A8.A08R 0.0	0.032	0	0.027	0.065	0 0.127	0.056	0.052	0.029		0.018	0	0	0.202	0.144	0.118	0	0	0.034	0	0	0.014	0.020	0.160	1.036
	0.079	0	0.024	0.154	0 0.188	0.048	0.06	0.079	0.015	0.016	0.006	0.034	0.135	0.092	0.088	0.021	0.014	0.035	0	0	0	0.000	0.430	0.902
TCGA.D8.A142 0.0	0.005	0.014	0.123	0.089	0 0.11	0.016	0.059	0.026	0	0.011	0	0	0.316	0.069	0.119	0.02	0	0.023	0	0	0	0.010	0.241	0.995
TCGA.E2.A574 TCGA.A7.A6VV 0.0	0.059	0.018	0.005	0.162	0 0.077 0 0.075	0	0.025	0.043	0	0.013	0.005	0	0.591	0.005	0.057	0	0	0.004	0	0	0	0.020	0.155	1.088 0.915
	0.047	0.052 0.057	0.039	0.15 0.151	0 0.135 0 0.06	0.016	0.097	0.055 0.141	0.007	0	0.013	0	0.074 0.085	0.138	0.032	0.1	0.01	0.033	0	0	0.001	0.010	0.246 0.473	0.988
TCGA.LL.A441 0.2	0.287	0.037	0.053	0.091	0 0.089	0.024	0.062	0.074	0	0	0.011	0	0.135	0.073	0.051	0.002	0	0.013	0	0	0	0.000	0.634	0.784
TCGA.A2.A04P 0.0 TCGA.BH.A0BL 0.1	0.086	0.027	0.066	0.069	0 0.201 0 0.223	0.041	0.13	0.058	0.023	0.006	0.014	0.012	0.042	0.155 0.143	0.07	0.006	0.027	0.038	0	0	0	0.010	0.260 0.499	0.988 0.868
TCGA.E2.A1LK TCGA.E2.A159 0.0	0.063	0.039	0 0.013	0.043	0 0.003 0 0.156	0.115	0.031 0.017	0.035	0.017	0	0.027	0	0.594 0.096	0.01 0.088	0.141 0.155	0.047	0.059	0.068	0.018	0	0	0.060 0.020	0.106 0.167	1.127 1.012
TCGA.A2.A04T 0.1	0.106	0	0.042	0.181	0 0.025	0.088	0.099	0.03	0	0	0.013	0	0.193	0.082	0.1	0.033	0	0.009	0	0	0	0.010	0.367	0.931
TCGA.A2.A3XY 0. TCGA.E2.A150 0.0	0.09	0.002	0	0.023	0 0.115 0 0.17	0.01	0.101	0.076	0	0.008	0	0	0.326	0.137	0.068	0.009	0	0.036	0	0	0	0.000	0.496 0.353	0.868
	0.042	0.055	0.044	0.116	0 0.202 0 0.172	0.071	0.036	0.052	0.018	0	0.01	0 0.019	0.128 0.045	0.089 0.174	0.14 0.121	0.034	0.021	0.041	0	0	0	0.030	0.151	1.025 0.884
	0.134	0.055	0.066	0.056	0 0.212	0.014	0.066	0.059	0.003	0	0	0.019	0.177	0.174	0.074	0.028	0	0.038	0	0	0	0.000	0.467	0.925
	0.032	0.031	0.016	0.144	0 0.123 0 0.138	0.068	0.107	0.032	0	0	0.015 0.019	0.01	0.173 0.212	0.109	0.073	0.041 0.129	0	0.028	0	0	0.009	0.030	0.148	1.028
	0.023	0	0.004	0.089	0 0.153	0.05	0.073	0.012	0	0.036	0	0	0.294	0.105	0.126	0	0.017	0.019	0	0	0	0.000	0.493	0.870
	0.101	0	0.033	0.157	0 0.161	0.062	0.059	0.039	0.004	0	0.008	0.004	0.146	0.103	0.076	0.017	0	0.042	0	0	0	0.020	0.158	1.025
	0.08	0	0.001 0.053	0.24 0.142	0 0.286 0 0.07	0.091 0.066	0.072	0.01	0.029	0	0	0.01	0.081 0.159	0.073	0.086	0.017	0	0.025 0.045	0	0	0	0.010 0.010	0.308 0.281	0.964 0.969
TCGA.GM.A2DF 0.0	0.069	0	0.107	0.047	0 0.121	0	0.085	0.075	0.003	0	0.034	0	0.265	0.084	0.107	0	0	0	0	0.004	0	0.010	0.227	1.000
	0.065	0	0.034 0	0.201 0.227	0 0.112 0 0.041	0.07	0.018	0.047	0.012	0	0.003	0.019	0.138	0.014	0.206 0.078	0.168 0.085	0	0.106 0.036	0.003	0	0.004	0.020	0.195 0.393	0.999
TCGA.LLA740 0.(0.012 0.076	0	0.025	0.005	0 0.079 0 0.078	0.025	0.027	0.041	0	0	0.004	0	0.352	0.029	0.16	0.15	0.029	0.062	0	0.003	0	0.010 0.100	0.370 0.100	0.937 1.049
TCGA.A2.A3XX 0.1	0.112	0	0.006	0.267	0 0.076	0.014	0.043	0.004	0.004	0.04	0.053	0	0.357	0.115	0.136	0.007	0	0.079	0	0.003	0	0.020	0.164	1.036
TCGA.B6.A402 0.0 TCGA.E2.A1LL	0.046	0.003	0.011 0.018	0.034	0 0.038 0 0.094	0.004	0.02 0.061	0.03 0.016	0	0.007	0.02	0	0.633	0.08 0.129	0.1	0.129	0	0.069	0.001	0	0	0.010 0.110	0.339 0.096	0.992 1.062
TCGA.BH.A0E6 0.	0.14	0	0.033	0.178	0 0	0	0.057	0.082	0.008	0	0.019	0	0.318	0.069	0.053	0	0	0.042	0	0	0	0.010	0.234	0.997
TCGA.E2.A14R	0.076	0.017	0.036 0.029	0.209	0 0.209	0.042	0.031	0.052 0.055	0.012	0	0	0	0.082	0.088 0.136	0.123 0.061	0.041	0	0.011	0	0	0	0.010 0.190	0.298 0.068	0.965 1.086
	0.079 0.161	0	0 0.027	0.055 0.075	0 0.157	0,003	0.006	0		0.007	0.007	0.013 0.01	0.084	0.049	0.344 0.167	0.032	0.065 0.026	0.115 0.035	0	0.022	0.013	0.120	0.088 0.102	1.045 1.047
TCGA.B6.A409 0.0	0.043	0	0.013	0.08	0 0.198	0.009	0.058	0.1	0	0	0.02	0	0.195	0.09	0.105	0.023	0	0.061	0	0	0.005	0.030	0.142	1.031
TCGA.EW.A10V 0. TCGA.OL.A66I 0.	0.07	0.02	0.034	0.234 0.277	0 0.151 0 0.055	0.032	0.042	0.062	0.018	0	0.008	0.001	0.125 0.121	0.081	0.086	0.08	0	0.036 0.034	0	0	0.001	0.010	0.258 0.521	0.985 0.855
TCGA.A2.A0D2 0.0	0.079	0	0.004	0.157	0 0.109	0.084	0.027	0.005	0.005	0.008	0	0.005	0.242	0.105	0.092	0.048	0	0.031	0	0	0	0.010	0.211	1.002
TCGA.BH.A18G	0.02	0	0.001	0.015	0 0.084 0 0.213	0.064	0.082	0.035	0	0.002	0.028	0.134	0.436	0.163	0.124 0.224	0	0.003	0.038	0	0	0	0.000 0.280	0.544 0.055	0.838 1.062
	0.016 0.043	0	0.12	0.051	0 0.086 0 0.067	0.084	0.044	0.04	0	0.019	0.008	0	0.281 0.642	0.099	0.124	0.008	0.005	0.027	0,008	0	0	0.010	0.230 0.294	0.996 1.014
TCGA.A7.A0DA	0	0.012	0.001	0.058	0 0.091	0	0.048	0.054	0	0	0	0	0.441	0.087	0.2	0	0	0.009	0	0	0	0.010	0.334	0.967
TCGA.E2.A14X 0.0 TCGA.OL.A6VO 0.0	0.086	0	0.112 0	0.12	0 0.186 0 0.061	0.022	0.144	0.006 0.026	0.037 0.016	0	0.007	0	0.089 0.617	0.081	0.075 0.082	0.014	0	0.021	0	0.004	0	0.010	0.268 0.133	0.981 1.110
TCGA.D8.A1JF 0.1	0.127 0.103	0	0.181 0.013	0.111	0 0.12 0 0.094	0.005	0.023	0.012	0.019	0	0.006	0 002	0.13	0.064	0.154 0.107	0.005	0	0.049	0	0	0	0.000	0.425 0.496	0.906 0.875
TCGA.A2.A0SX 0.	0.02	0.013	0.009	0.112	0 0.219	0.005	0.058	0.074	0.016	0	0.006	0.002	0.257	0.085	0.08	0.001	0.006	0.009	0	0	0	0.100	0.098	1.060
	0.102	0.088	0.037 0.074	0.041	0 0.197 0 0.236	0.017	0.072 0.056	0.005 0.039	0.024	0	0	0	0.25 0.11	0.114	0.146 0.044	0	0.01	0.018 0.019	0	0	0	0.020	0.197 0.424	1.012 0.906
TCGA.S3.AA10 0.0	0.014	0.015	0.023	0.141	0 0.086	0.044	0.1	0.083	0	0	0.054	0	0.193	0.156	0.062	0	0	0.03	0	0	0	0.020	0.201	1.016
TCGA.C8.A27B 0.0	0.042	U	0.008	0.1	0 0.099	0.059	0.055	800.0	0.026	0.006	U	U	U.357	0.117	0.088	0.002	0.015	0.01	U	0	0.008	0.010	0.344	0.949

Input Sample	B cells	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	T cells CD4 memory resting			regulatory	T cells gamma delta		NK cells activated			sMacrophages M1	Macrophage M2		cells	Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	:P-value	Pearson Correlation	RMSE
TCGA.D8.A1XK	0.083	0	0.045	0.053		0.131	0.071	0.024	0	0	0.015	0.002		0.386	0.062	0.09	0	0	0	0.033	0		0.010	0.220	1.009
TCGA.AQ.A54N	0.062	0	0.025	0.147		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		0.130	0.077	1.058
TCGA.A2.A0YM	0.03	0	0.004	0.032		0.089	0.009	0.036	0.019		0	0.01			0.086	0.082	0	0.068	0	0	0		0.000	0.620	0.784
TCGA.AR.A0TS	0.234	0	0.051	0.098		0.187	0.047	0.038	0.039		0.018	0		0.076	0.095	0.109	0		0.007	0	0		0.000	0.506	0.862
TCGA.E2.A1LS	0.097	0	0	0.111		0.17	0	0.113	0		0		0.055		0.164	0.195	0	0.095	0	0	0		0.480	0.025	1.097
TCGA.AQ.A04J	0.217	0	0.064	0.111		0.186	0.063	0.017	0		0.013	0	0.004	0.103	0.074	0.063	0.033	0.025	0.026	0	0		0.000	0.471	0.882
TCGA.AO.A0J2	0.058	0	0.009	0.121		0.112	0.084	0.096	0.028	0.001	0.058	0.001		0.11	0.136	0.13	0.023	0.003	0.031	0	0		0.010	0.312	0.957
TCGA.EW.A1PH	0.047	0	0.033	0.16		0.163	0.072	0.067	0		0.016	0		0.188	0.109	0.068	0.049	0.016	0.013	0	0		0.020	0.162	1.023
TCGA.C8.A1HJ	0.105	0	0.025	0.113		0.138	0.076	0.035	0.007	0.024	0.031	0		0.119	0.186	0.078	0	0.039	0.023	0	0		0.010	0.271	0.983
TCGA.D8.A147	0.166	0	0.015	0.04		0.205	0	0.059	0.027	0.007	0	0.002		0.265	0.065	0.105	0	0.035	0.01	0	0		0.000	0.420	0.907
TCGA.EW.A10W	0.08	0	0.026	0.017		0.113	0.006	0.064	0.041	0.002	0.007	0			0.094	0.083	0.043	0	0.024	0	0		0.010	0.233	1.006
TCGA.A7.A26I	0.117	0	0.014	0		0.199	0	0.014	0.037	0	0	0.021			0.014	0.228	0	0	0.049	0	0		0.010	0.257	0.989
TCGA.AC.A6IW	0.02	0	0	0.116		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		0.010	0.373	0.928
TCGA.GI.A2C9	0.011	0	0	0.031		0.094	0	0.034	0.025		0	0.019		0.207	0.047	0.263	0.12	0.068	0.075	0	0		0.010	0.335	0.949
TCGA.OL.A5D7	0.071	0	0.031	0.144		0.16	0.096	0.07	0.111		0	0		0.094	0.132	0.074	0	0	0.016	0	0		0.010	0.244	0.993
TCGA.C8.A26Y	0.103	0	0	0.02		0.067	0	0.106	0.038	0.013	0	0			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		0.161	0.022	0.062	0.045	0.009	0	0.015		0.181	0.112	0.088	0.012	0	0.034	0	0		0.050	0.127	1.043
TCGA.BH.A0B3	0	0.02	0.087	0.119		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		0.020	0.191	1.013
TCGA.AO.A129	0.111	0	0.099	0.128		0.172	0.031	0.076	0.026		0	0.009		0.122	0.131	0.079	0	0	0.016	0	0		0.010	0.351	0.942
TCGA.AN.A0G0	0.017	0	0.003	0.041		0.105	0.045	0.088	0.02		0.063	0			0.08	0.156	0.004	0	0.014	0	0		0.430	0.032	1.098
TCGA.OL.A5RW	0.014	0.036	0	0		0.141	0	0.073	0.04	0	0	0			0.133	0.139	0	0.104	0.034	0	0		0.020	0.190	1.027
TCGA.A2.A0CM	0.015	0	0.002	0.158		0.156	0.075	0.075	0.042	0	0	0.013		0.215	0.132	0.084	0	0	0.032	0	0		0.020	0.205	1.012
TCGA.A2.A0D0	0.056	0	0.003	0.179		0.111	0.055	0.073	0.032		0.01	0.013		0.243	0.082	0.098	0.045	0	0	0	0		0.010	0.243	0.991
TCGA.EW.A1PB	0.005	0	0	0.132		0.046	0.041	0.042	0.027		0.017	0.028		0.082	0.326	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		0.112	0.024	0.024	0.023	0.017	0.004	0		0.515	0.101	0.063	0.02	0	0.033	0	0		0.000	0.408	0.925
TCGA.AO.A1KR	0.032	0	0.013	0.25		0.054	0.073	0.181	0.065	0.017	0	0.012		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		0.013	0	0.072	0.04	0	0.007	0.008			0.105	0.123	0	0.079	0.069	0	0		0.010	0.233	0.998
TCGA.GM.A2DB	0.111	0.053	0.021	0.096		0.098	0	0.07	0.065	0	0	0		0.258	0.135	0.068	0.004	0	0.023	0	0		0.010	0.356	0.940
TCGA.D8.A27H	0.084	0	0.003	0.021		0.155	0.001	0.041	0.031	0	0	0			0.092	0.177	0.005	0	0.085	0	0		0.020	0.165	1.028
TCGA.C8.A26X	0	0.011	0.111	0.108		0	0.055	0.058	0.036	0.044	0.023	0		0.262	0.117	0.133	0.011	0	0.032	0	0		0.020	0.201	1.010
TCGA.AR.A1AY	0.006	0	0.003	0.035		0.067	0	0.015	0.017		0	0.046			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		0.133	0.015	0.06	0.084	0	0.033	0		0.198	0.11	0.054	0	0.048	0.029	0	0		0.020	0.204	1.007
TCGA.BH.A0E0	0.033	0	0	0.045		0.127	0.004	0.084	0.117	0	0	0.015	0.007	0.01	0	0.087	0.346	0.09	0.031	0	0		0.020	0.196	1.006
TCGA.D8.A143	0.062	0	0.035	0.11		0.193	0.041	0.071	0.023		0.006	0		0.157	0.093	0.162	0.025	0	0.023	0	0		0.030	0.150	1.025