						T cells CD4	T cells CD	T cells	T cells	T cells							Dendritic	Dendritic							
Input Sample	B cells naive	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4	memory	memory activated	follicular helper	regulatory (Tregs)	gamma delta	NK cells resting	NK cells activated	Monocytes	Macrophage M0	Macrophages M1	Macrophage M2	scells resting		Mast cells resting	Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils		Pearson Correlation	Absolute score
TCGA.A2.A0YE TCGA.AN.A0AL	0.05	0	0.073	0.017	0	0.073	0.032	0.05	0.001	0.003	0 008	0.01	0	0.107	0.074	0.078	0.007	0.052	0.019	0	0	0	0.005	0.303	0.559 1.273
TCGA.EW.A6SB	0.102	0.051	0.206	0.238	0	0.119	0.106	0.165	0.23	0.005	0.000	0.036	0	0.246	0.151	0.06	0.151	0.052	0.006	0	0	0	0.003	0.262	1.766
TCGA.BH.A1EW TCGA.AR.A1AR	0.076	0	0.019	0.143	0	0.349	0.091	0.032	0.004	0.077	0.008	0	0.044	0.01	0.156 0.15	0.125	0.016	0	0.134	0	0	0.009	0.007	0.280 0.634	1.184 1.573
TCGA.D8.A13Z	0.032	0	0.009	0.025	0	0.129	0.039	0.052	0.021	0.077	0.019	0	0	0.379	0.073	0.255	0	0.056	0.036	0	0	0.004	0.000	0.410	1.224
TCGA.DB.A1XQ TCGA.BH.A0BG	0.015	0	0.084	0.085	0	0.142	0.042	0.041	0.022	0.008	0	0.046	0	0.347 0.122	0.13	0.243	0	0.033	0.007	0	0	0.009	0.047	0.150 0.413	1.174
TCGA.S3.AA15	0.265	0.04	0.989	0.222	0	0.188	0.021	0.024	0.138	0.032	0	0.054	0.017	0.249	0.068	0.194	0.014	0.055	0.139	0	0	0.007	0.000	0.492	2.693
TCGA.OL.A66P TCGA.EW.A1P8	0.015	0.106	0.106	0.506 0.075	0	0.065 0.108	0.065	0.141	0.129 0.036	0.02	0 000	0.068	0	0.186 0.132	0.105 0.049	0.192	0.044	0	0.132	0.11	0 001	0 004	0.026 0.011	0.186 0.243	1.865 0.922
TCGA.A8.A07C	0.015	0.001	0.026	0.075	0	0.108	0.012	0.042	0.036	0.032	0.002	0	0	0.132	0.049	0.231	0.084	0.011	0.016	0.11	0.001	0.004	0.011	0.243	1.006
TCGA.E2.A14N TCGA.A2.A0T0	0.043	0	0.002	0.061	0	0.31	0.064	0.036	0.041	0	0.009	0	0	0.057	0.176	0.064	0.009	0.034	0.008	0 000	0	0 002	0.001	0.393	0.875
TCGA.A7.A6VW	0.033	0	0.063	0.029	0	0.05	0.002	0.042	0.022	0	0.013	0.02	0.034	0.216	0.072	0.086	0	0.071	0	0.008	0	0.002	0.003	0.364	0.826
TCGA.A2.A0T2 TCGA.BH.A0AV	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 0.022	0	0	0.015	0.028	0.178 0.495	0.591
TCGA.DB.A1JG	0.061	0	0.024	0.01	0	0.05 0.288	0.008	0.003	0.012	0	0.006	0.031	0	0.186	0.016	0.081 0.275	0.014	0	0.022	0	0	0	0.000	0.495	0.689 1.517
TCGA.OL.A5D6 TCGA.BH.A0BW	0.027 0.101	0	0.005	0.039	0	0.151	0.071	0.025 0.091	0.004	0	0.036	0.004	0.014	0.023	0.081	0.2	0.029	0	0.08	0	0.012	0	0.079	0.117 0.297	0.683 1.636
TCGA.BH.A0RX	0.101	0	0.003	0.084	0	0.142	0.112	0.106	0.121	0.027	0.036	0.027	0.024	0.31	0.306	0.163	0.062	0.022 0	0.071	0	0.012	0.003	0.107	0.098	1.931
TCGA.AO.A0J6 TCGA.AO.A128	0.027	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 0.118	0	0	0.01	0.001	0.412 0.511	0.955 2.425
TCGA.AR.A0U4	0.027	0.002	0.001	0.03	0	0.11	0.008	0.12	0.006	0	0.017	0.074	0.028	0.699	0.462	0.107	0.026	0	0.118	0.023	0	0.003	0.000	0.592	1.314
TCGA.E2.A1LI	0.065	0	0	0.035 0.166	0	0.148	0.014	0.096	0.035	0.001	0	0.014	0.025	0.339 0.163	0.179	0.081	0.036	0.135	0.025	0.005	0	0	0.032	0.168	1.023 1.016
TCGA.AR.A1AQ	0.05	0	0.106	0.166	0	0.059	0.138	0.149	0.02	0.007	0.006	0.014	0.001	0.103	0.196	0.128	0.056	0.133	0.023	0	0	0	0.002	0.160	1.771
TCGA.A1.A0SP TCGA.A2.A3XS	0.058 0.156	0	0.052	0.044	0	0.164	0.004	0.054	0.039	0	0	0.03	0.013	0.323 0.124	0.071 0.109	0.096 0.125	0.102	0.005	0.036 0.059	0	0.011	0.001	0.017 0.011	0.211	1.101 1.278
TCGA.A2.A3XS TCGA.AN.A0AT	0.156	0	0	0.133	0	0.241	0.024	0.106	0.162	0	0	0.048	0.01	0.124	0.109	0.125	0.006	0	0.059	0.004	0	0	0.011	0.243	0.933
TCGA.GM.A3XL	0.007 0.067	0	0.079	0.177 0.104	0	0.019	0.133	0.092 0.087	0.024	0	0.069	0.014	0	0.121	0.111 0.108	0.093 0.137	0.036 0.032	0.028	0.03	0	0	0	0.017 0.016	0.215 0.222	0.999 1.008
TCGA.A2.A3XU	0.067	0	0.034	0.104	0	0.018	0.072	0.087	0.004	0	0.033	0.005	0	0.28	0.006	0.137	0.001	0	0	0	0	0	0.016	0.222	0.207
TCGA.AR.A256 TCGA.EW.A1P1	0.018	0	0.004	0.018 0.157	0	0.067 0.179	0 0.025	0.038	0.019	0.007	0.009	0	0.013	0.175	0.04	0.059 0.125	0.042	0.079	0.002	0	0	0	0.000	0.427 0.256	0.578 1.288
TCGA.C8.A131	0.036	0	0.004	0.137	0	0.179	0.023	0.042	0.042	0.007	0.014	0	0	0.417	0.021	0.093	0.064	0	0.019	0	0	0.001	0.049	0.230	0.818
TCGA.E2.A573 TCGA.BH.A18V	0.07	0	0.039	0.189	0	0.196 0.127	0 001	0.172 0.059	0.158	0.066	0	0.044	0	0.43	0.243 0.113	0.181 0.168	0.023	0	0.029 0.045	0	0	0	0.070 0.002	0.130 0.362	1.842 1.070
TCGA.B6.A400	0.014	0	0.000	0.032	0	0.127	0.001	0.039	0.055	0	0.013	0.024	0	0.468	0.063	0.066	0.211	0.131	0.043	0	0	0	0.002	0.552	1.218
TCGA.C8.A12V TCGA.BH.A1F6	0.008	0.056	0.081	0.578 0.156	0	0.229	0.105	0.2	0.136	0 001	0	0.127	0	0.282	0.552 0.107	0.265	0.18	0	0.088	0	0	0.017	0.041	0.156 0.217	2.888 1.232
TCGA.A8.A08R	0.032	0	0.034	0.130	0	0.113	0.079	0.065	0.017	0.001	0.022	0	0	0.323	0.107	0.147	0	0	0.019	0	0	0.017	0.017	0.160	1.240
TCGA.GM.A2DH TCGA.E2.A1AZ	0.129 0.154	0	0.04	0.251 0.136	0	0.308	0.079 0.124	0.098	0.13	0.024	0.026	0.009	0.056	0.22	0.151 0.223	0.145 0.101	0.034	0.022	0.057 0.068	0	0	0	0.000	0.430 0.348	1.634 1.657
TCGA.D8.A142	0.004	0.013	0.112	0.130	0	0.1	0.124	0.053	0.024	0	0.026	0	0.036	0.288	0.063	0.101	0.024	0.022	0.008	0	0	0	0.002	0.241	0.910
TCGA.E2.A574 TCGA.A7.A6VV	0.05	0.004	0.001	0.033	0	0.015 0.063	0	0.005	0.009	0	0.003	0 004	0	0.119	0.001 0.068	0.011	0	0	0.001	0	0	0	0.043	0.155 0.431	0.202 0.834
TCGA.A2.A0ST	0.05	0.165	0.028	0.017	0	0.003	0.052	0.02	0.033	0.023	0	0.042	0	0.237	0.44	0.102	0.32	0.031	0.105	0	0	0.004	0.000	0.431	3.194
TCGA.E2.A1B6 TCGA.LL.A441	0.343	0.159 0.099	0.102	0.421	0	0.167	0.271 0.064	0.146 0.165	0.393	0.079	0	0.03	0	0.237	0.288	0.094	0 004	0.032	0.056	0	0	0	0.000	0.473 0.634	2.790 2.675
TCGA.A2.A04P	0.094	0.029	0.141	0.076	0	0.219	0.064	0.142	0.063	0	0	0.016	0.013	0.046	0.169	0.076	0.004	0.03	0.033	0	0	0	0.007	0.260	1.093
TCGA.BH.A0BL TCGA.E2.A1LK	0.318	0.017	0.057	0.052	0	0.405	0.074	0.102	0.04	0.042	0.011	0.011	0.002	0.143	0.26	0.111	0.144	0.026	0.058	0.008	0	0.001	0.000	0.499 0.106	1.821 0.429
TCGA.E2.A159	0.114	0.017	0.023	0.292	0	0.285	0.211	0.013	0.013	0.03	0	0.001	0	0.175	0.16	0.283	0.085	0.020	0.125	0.000	0	0	0.032	0.167	1.828
TCGA.A2.A04T TCGA.A2.A3XY	0.112 0.127	0	0.044	0.191	0	0.027 0.163	0.093	0.105 0.143	0.031	0	0.011	0.014	0	0.204	0.087	0.106 0.097	0.035	0	0.009	0	0	0	0.002	0.367 0.496	1.056 1.417
TCGA.E2.A150	0.006	0.002	0	0.006	0	0.154	0.014	0.084	0.047	0	0.011	0	0	0.341	0.136	0.076	0.013	0	0.023	0	0	0	0.002	0.353	0.907
TCGA.GM.A2DD TCGA.D8.A27M	0.071	0.116	0.092	0.197 0.176	0	0.342	0.12	0.062	0.089	0.031	0	0.017	0.04	0.216 0.095	0.151	0.237	0.058	0.035	0.07	0	0	0	0.044	0.151	1.696 2.112
TCGA.AO.A0J4	0.124	0.110	0.096	0.083	0	0.312	0.021	0.097	0.043	0.016	0	0	0.04	0.26	0.192	0.108	0.030	0	0.125	0	0	0	0.001	0.386	1.472
TCGA.A2.A04Q TCGA.AN.A0AR	0.072	0.069	0.035	0.321 0.026	0	0.274	0.15	0.239	0.071	0	0	0.033	0 004	0.385	0.242	0.163	0.091	0	0.063	0	0	0.019	0.048	0.148	2.225 0.440
TCGA.D8.A1JL	0.037	0	0.007	0.141	0	0.242	0.078	0.116	0.019	0	0.056	0	0	0.464	0.165	0.199	0	0.026	0.03	0	0	0	0.000	0.493	1.581
TCGA.EW.A3U0 TCGA.E2.A158	0.269 0.029	0	0.013	0.417	0	0.427	0.164	0.156	0.103	0.009	0	0.078	0.01	0.389	0.274	0.202	0.046	0	0.112	0	0	0	0.039	0.158 0.176	2.656 0.383
TCGA.GM.A2DI	0.198	0	0.003	0.59	0	0.703	0.224	0	0.024	0	0	0	0.024	0.042	0.087	0.213	0.041	0	0.061	0	0	0	0.005	0.308	2.460
TCGA.LL.A5YO TCGA.GM.A2DF	0.273	0	0.15 0.154	0.407	0	0.201 0.174	0.188	0.206 0.121	0.236	0.084	0	0.048	0	0.454	0.256 0.12	0.188 0.154	0.086	0	0.129	0 n.	0.006	0	0.007 0.014	0.281 0.227	2.860 1.435
TCGA.A2.A1G6	0.069	0	0.036	0.213	0	0.119	0	0.019	0.049	0	0	0.003	0.021	0	0.014	0.218	0.178	0	0.112	0.004	0	0.005	0.024	0.195	1.059
TCGA.BH.A0B9 TCGA.LL.A740	0.042	0	0.02	0.313	0	0.057	0.097	0.113	0.118	0.017	0	0.001	0	0.19 0.28	0.156 0.023	0.108 0.127	0.118	0.023	0.049	0	0	0	0.001	0.393	1.379 0.795
TCGA.AC.A2BK	0.024	0	0.003	0.085	0	0.025	0.004	0.018	0.001	0	0	0.017	0	0.012	0.028	0.071	0.002	0	0.025	0	0.001	0	0.106	0.100	0.318
TCGA.A2.A3XX TCGA.B6.A402	0.11	0	0.006	0.018 0.014	0	0.075	0.054	0.042	0.011	0.004	0.04	0	0	0.352	0.113	0.134	0	0	0.024	0	0.002	0	0.033	0.164	0.985
TCGA.E2.A1LL	0	0.001	0.007	0.004	0	0.037	0.002	0.024	0.006	0	0	0.008	0	0.099	0.051	0.077	0.051	0	0.027	0	0	0	0.113	0.096	0.393
TCGA.BH.A0E6 TCGA.E2.A1L7	0.128	0	0.03	0.162 0.264	0	0.264	0.053	0.052	0.075	0.008	0	0.017	0	0.29	0.063 0.111	0.048	0.051	0	0.038	0	0	0	0.013	0.234 0.298	0.912 1.261
TCGA.E2.A14R	0	0.018	0.031	0.108	0	0.097	0.027	0.073	0.059	0.013	0	0	0	0.402	0.147	0.066	0.006	0	0.029	0	0	0	0.181	0.068	1.076
TCGA.AO.A12F TCGA.AN.A04D	0.036	0	0,008	0.025 0.021	0	0.071	0,001	0.003	0	0	0.003	0.003	0.006	0.038	0.014	0.156 0.047	0.014	0.03	0.052	0	0.01	0.006	0.125 0.100	0.088	0.453
TCGA.B6.A409	0.032	0	0.01	0.06	0	0.15	0.007	0.044	0.076	0	0	0.015	0	0.147	0.068	0.079	0.017	0	0.046	0	0	0.004	0.054	0.142	0.757
TCGA.EW.A10V TCGA.OL.A66I	0.162	0.046	0.078	0.537	0	0.347	0.073 0.151	0.097	0.143	0.042	0	0.019	0.002	0.287 0.244	0.186 0.237	0.198 0.096	0.001 0.162	0	0.082	0 0	0	0.002	0.008	0.258 0.521	2.299 2.021
TCGA.A2.A0D2	0.082	0	0.004	0.163	0	0.113	0.088	0.028	0.005	0.006	0.008	0	0.005	0.251	0.11	0.096	0.05	0	0.032	0	0	0	0.017	0.211	1.040
TCGA.A7.A4SE TCGA.BH.A18G	0.018	0	0.001	0.014	0	0.078	0.026	0.076	0.033	0	0.002	0.012	0.056	0.404	0.151	0.115	0	0,001	0.035 0.025	0	0	0	0.000	0.544 0.055	0.926 0.416
TCGA.A7.A6VY	0.02	0	0.152	0.065	0	0.109	0.106	0.056	0.002	0	0.007	0.001	0	0.356	0.125	0.157	0.011	0	0.023	0	0	0	0.013	0.230	1.266
TCGA.A8.A070 TCGA.A7.A0DA	0.031	0.006	0.007	0.042	0	0.048	0.02	0.016 0.024	0.033	0	0	0.006	0	0.463 0.222	0.017 0.044	0.03	0	0.004	0.005	0.006	0	0	0.005	0.294	0.722 0.504
TCGA.E2.A14X	0.128	0	0.168	0.18	0	0.278	0.033	0.215	0.009	0.056	0	0.011	0	0.133	0.121	0.112	0.021	0	0.031	0	0	0	0.007	0.268	1.496
TCGA.OL.A6VO TCGA.D8.A1JF	0.006	0	0.122	0.016 0.075	0	0.043	0.004	0.048	0.018	0.011	0	0.02	0	0.437 0.088	0.044	0.058	0.003	0	0.004	0 0.	0.003	0	0.063	0.133 0.425	0.708 0.675
TCGA.D8.A27F	0.066	0	0.008	0.007	0	0.06	0.003	0	0	0	0	0.004	0.001	0.367	0.025	0.069	0	0	0.031	0	0	0	0.000	0.496	0.642
TCGA.A2.A0SX TCGA.A1.A0SO	0.039	0.025	0.017	0.22	0	0.432	0.083	0.115	0.146	0.032	0	0	0	0.508 0.096	0.168 0.044	0.158	0.002	0.011	0.018	0 0	0	0	0.109 0.024	0.098 0.197	1.975 0.383
TCGA.EW.A1P7	0.332	0.244	0.205	0.362	0	0.653	0	0.154	0.107	0.067	0	0	0	0.305	0.133	0.121	0	0.028	0.052	0	0	0	0.000	0.424	2.762
TCGA.S3.AA10 TCGA.C8.A27B	0.027	0.029	0.044	0.273 0.131	0	0.168 0.129	0.085	0.193	0.161	0.033	0.008	0.105	0	0.374	0.303 0.152	0.121 0.115	0.003	0.019	0.058	0 0	0	0.01	0.022	0.201 0.344	1.941 1.299
								-																	

Input Sample	B cells	B cells memory	Plasma cells	T cells CD8	T cells CD4		T cells CD4 memory activated	T cells follicular helper	regulatory	T cells gamma delta	NK cells resting	NK cells activated			Macrophages	Macrophage:		cells		Mast cells activated	Eosinophils	Neutrophils	P-value	Pearson Correlation	Absolute score
TCGA.D8.A1XK	0.079	0	0.043	0.05	0	0.125	0.068	0.023	0	0	0.015	0.002	0	0.369	0.059	0.086	0	0	0	0.032	0	0.004	0.016	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		0.153	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			0.092	0.087	0	0.073	0	0	0		0.000	0.620	1.064
TCGA.AR.A0TS	0.587	0	0.129	0.247	0	0.469	0.117	0.095	0.098	0	0.046	0		0.192	0.238	0.273	0		0.016	0	0		0.000	0.506	2.508
TCGA.E2.A1LS	0.023	0	0	0.026	0	0.04	0	0.026	0		0		0.013		0.039	0.046	0	0.022	0	0	0		0.383	0.025	0.235
TCGA.AQ.A04J	0.41	0	0.121	0.21	0	0.352	0.118	0.032	0		0.025	0		0.194	0.14	0.119	0.061	0.048	0.048	0	0		0.000	0.471	1.887
TCGA.AO.A0J2	0.043	0	0.007	0.09	0	0.084	0.063	0.071	0.021	0	0.043	0.001		0.082	0.101	0.097	0.017		0.023	0	0		0.004	0.312	0.745
TCGA.EW.A1PH	0.042	0	0.03	0.145	0	0.147	0.065	0.061	0		0.014	0		0.17	0.099	0.061	0.044	0.015	0.012	0	0		0.035	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		0.084	0.131	0.055	0	0.028	0.016	0	0		0.007	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			0.073	0.118	0	0.039	0.011	0	0		0.000	0.420	1.129
TCGA.EW.A10W	0.068	0	0.022	0.014	0	0.096	0.005	0.055	0.035	0.002	0.006	0			0.08	0.071	0.037	0	0.02	0	0		0.013	0.233	0.854
TCGA.A7.A26I	0.134	0	0.016	0	0	0.228	0	0.016	0.042	0	0	0.024			0.016	0.262	0		0.056	0	0		0.008	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	0.264		0.035	0	0		0.001	0.373	1.370
TCGA.GI.A2C9	0.009	0	0	0.025	0	0.076	0	0.028	0.021	0	0	0.015		0.168	0.038	0.213	0.097	0.056	0.061	0	0		0.003	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		0.122	0.171	0.097	0		0.021	0	0		0.011	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			0.059	0.097	0		0	0	0		0.002	0.352	0.858
TCGA.E2.A1LH	0.042	0.019	0.05	0.299	0	0.255	0.035	0.098	0.071	0.013	0	0.023			0.177	0.139	0.019		0.053	0	0		0.072	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		0.026	0.191	1.068
TCGA.AO.A129	0.167	0	0.149	0.193	0	0.259	0.047	0.114	0.039	0	0	0.014		0.185	0.198	0.12	0		0.024	0	0		0.002	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		0.159	0.035	0.069	0.002	0	0.006	0	0		0.339	0.032	0.440
TCGA.OL.A5RW	0.009	0.022	0	0	0	0.088	0	0.045	0.025	0	0	0		0.177	0.082	0.086	0	0.065	0.021	0	0		0.026	0.190	0.620
TCGA.A2.A0CM	0.02	0	0.003	0.212	0	0.209	0.1	0.1	0.056	0	0	0.018			0.178	0.112	0		0.042	0	0		0.022	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		0.168	0.057	0.068	0.031	0	0	0	0		0.011	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		0.138	0.544	0.356	0.001		0.068	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		0.591	0.116	0.072	0.023	0	0.038	0	0		0.001	0.408	1.146
TCGA.AO.A1KR	0.017	0	0.007	0.134	0	0.029	0.039	0.097	0.035	0.009	0	0.007		0.018	0.082	0.024	0.003	0.017	0.018	0	0		0.078	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		0.173	0.061	0.071	0	0.046	0.04	0	0		0.013	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		0.252	0.132	0.066	0.004		0.022	0	0		0.002	0.356	0.977
TCGA.D8.A27H	0.041	0	0.001	0.01	0	0.075	0	0.02	0.015	0	0	0		0.145	0.045	0.086	0.003		0.041	0	0		0.033	0.165	0.484
TCGA.C8.A26X	0	0.018	0.187	0.183	0	0	0.093	0.098	0.061	0.074	0.038	0			0.198	0.224	0.019	0	0.053	0	0		0.022	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			0.021	0.051	0		0.004	0	0		0.002	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		0.249	0.138	0.068	0	0.06	0.037	0	0		0.022	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		0.024	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		0.156	0.093	0.161	0.025	0	0.022	0	0		0.047	0.150	0.994