

Internal Cluster validation measures Table

Clustering Method	FMI	rand	adjrand	nmi1	jaccard	purity	mvi
PAM PRAD_miRNASeqGene	0.2024	0.6474	0.0037	0.0741	0.1026	0.2056	0.4839
PAM PRAD_RNASeq2Gene	0.2330	0.6607	0.0394	0.1346	0.1196	0.2379	0.5202
PAM PRAD_RPPAArray	0.2325	0.6550	0.0324	0.0843	0.1210	0.2298	0.5161
PAM average integration	0.2287	0.6543	0.0291	0.1168	0.1185	0.2339	0.5161
PAM SNF integration	0.2375	0.6670	0.0496	0.1288	0.1206	0.2419	0.5282
PAM NEMO integration	0.2325	0.6593	0.0373	0.1270	0.1197	0.2177	0.5161
Spectral NEMO integration	0.3051	0.6505	0.0791	0.1289	0.1752	0.3024	0.5403
Spectral SNF integration	0.2354	0.6651	0.0460	0.1304	0.1199	0.2298	0.5242