

# Lasso and Cox regression analyses APC related DEGs Constructing immune scoring model

id	futime	fusion	SSTR2	SCG2	CCL19	CD22	NFATC1	LHB	riskScore	risk
TCGA-A M-5820	0.038 35616 4	0	0.090 50476	4.712 204	0.537 9994	0.162 8935	0.384 9265	0	1.395 82712 7	high
TCGA-F 4-6854	0.043 83561 6	0	0.085 04743	1.416 936	4.032 803	0.177 929	0.551 3765	0	1.151 05850 4	low
TCGA-A M-5821	0.076 71232 9	0	0.055 00639	2.497 458	2.192 594	1.059 692	1.121 955	0.321 1569	1.781 76481 4	high
TCGA-A A-A020	0.076 71232 9	0	0.014 86308	0.929 9766	0.750 9969	0.063 16226	0.377 5192	0.297 5269	1.422 61907	high
TCGA-A A-3818	0.082 19178 1	1	0.072 1406	1.083 314	0.583 2155	0.085 83939	0.208 2223	0	1.093 51712	low
TCGA-A A-3856	0.082 19178 1	0	0.186 6675	0.420 7324	8.879 764	0.731 3504	0.756 9285	0	1.134 49072 7	low
TCGA-A A-3821	0.084 93150 7	0	0.184 2426	0.335 0011	0	0.165 2913	1.943 976	1.741 621	5.563 68734 7	high
TCGA-A A-3494	0.084 93150 7	0	0.045 89694	0.382 9003	0.721 4871	0.058 5132	0.198 7113	0.076 56316	1.116 88787 4	low
TCGA-A A-A01V	0.084 93150 7	0	0.016 48716	0.095 22412	1.666 116	0.077 07037	0.342 6304	0.082 50937	1.114 37730 3	low
TCGA-A A-3496	0.084 93150 7	0	0.139 6321	0.432 0357	3.628 432	0.267 0218	0.602 3796	0.224 609	1.333 70056 4	high
TCGA-A A-A01S	0.084 93150 7	0	0.070 7625	0.015 71922	0	0.013 87906	0.164 9668	0.326 8876	1.357 00971	high
TCGA-A Z-4323	0.117 80821 9	1	7.727 598	23.16 609	225.7 216	23.12 822	7.163 986	1.841 546	163.1 84019 6	high
TCGA-5 M-AAT4	0.134 24657 5	1	0.078 89829	5.346 753	0.132 8849	0.043 58728	0.177 6273	0.197 4217	1.693 47759	high
TCGA-A	0.161	1	0.057	0.041	0.243	0.012	0.091	0.181	1.187	low

Z-6608	64383 6		8754	78352	6924	29739	87645	022	74948 2	w
TCGA-A A-A02H	0.167 12328 8	1	0.230 2005	0.941 7702	1.550 866	0.122 2827	0.282 3857	0.576 0147	1.828 27790 9	hi gh
TCGA-A A-3666	0.167 12328 8	1	0.084 46584	0.548 8261	0.569 0483	0.134 605	0.938 6191	0	1.116 91190 7	lo w
TCGA-C K-6748	0.167 12328 8	0	0.048 58025	2.404 083	0.178 5198	0.216 7693	0.529 6459	0.033 15245	1.258 71832 6	hi gh
TCGA-A A-3952	0.167 12328 8	1	0.055 90697	0.909 9889	0.256 8045	0.123 111	1.016 609	0.228 9144	1.404 87546 9	hi gh
TCGA-A A-3930	0.167 12328 8	1	0.167 048	0.916 5708	3.629 435	0.255 5599	0.433 9417	0.125 3978	1.244 46246 4	lo w
TCGA-A A-3966	0.167 12328 8	0	0.190 6409	1.535 711	3.853 056	0.179 0855	1.033 899	0.150 6402	1.375 87819 2	hi gh
TCGA-C A-5256	0.178 08219 2	0	0.010 78438	0.420 4362	1.525 747	0.041 24645	0.093 38219	0.080 95504	1.113 54174 8	lo w
TCGA-C A-5254	0.186 30137	0	0.039 45642	0.721 6409	0.310 1219	0.142 5232	0.349 2463	0.131 6388	1.215 60712 1	lo w
TCGA-A A-A02E	0.246 57534 2	1	0.025 1165	0.417 0595	0.126 9078	0.016 01029	0.391 4717	0.188 5418	1.249 23040 4	lo w
TCGA-C M-6680	0.249 31506 8	0	0.116 3091	1.479 474	2.994 384	0.268 317	0.774 5256	0.083 15207	1.270 57630 4	hi gh
TCGA-C A-5255	0.254 79452 1	0	0.024 08509	0.965 0558	0.334 665	0.149 6901	0.114 7043	0.135 5995	1.218 08177 2	lo w
TCGA-A Z-6607	0.265 75342 5	1	0.150 8662	12.84 295	5.336 043	1.434 162	2.252 04	0.738 591	5.463 02412 2	hi gh
TCGA-C A-5796	0.271 23287 7	0	0.035 94905	0.069 20973	0.766 9335	0.127 3078	0.529 182	0.059 96854	1.108 35263 4	lo w
TCGA-C A-5797	0.273 97260 3	0	0.019 65922	0.879 9726	0.844 3346	0.169 1766	0.408 5511	0.036 89394	1.134 61317 2	lo w

TCGA-A A-A00N	0.334 24657 5	1	0.084 95217	0.470 2103	0.429 2435	0.099 27868	1.293 435	0.425 1399	1.658 04247 2	hi gh
TCGA-C M-6678	0.334 24657 5	0	0.030 16282	1.782 302	0.562 7288	0.044 37006	0.257 1623	0.104 5029	1.253 21115 5	hi gh
TCGA-C M-4752	0.336 98630 1	0	0.139 1294	0.730 512	4.154 023	0.403 1219	0.525 6979	0	1.115 56736	lo w
TCGA-C M-6677	0.419 17808 2	0	0.153 5654	0.743 1123	2.264 877	0.380 973	0.531 8904	0	1.115 58746 1	lo w
TCGA-A A-3696	0.419 17808 2	1	0 199	1.441 199	0.336 2179	0 0	0.460 9464	0.999 0109	2.740 50028 3	hi gh
TCGA-C M-5862	0.419 17808 2	1	0.075 54959	0.976 5888	0.109 067	0.036 69213	0.168 2191	0.054 01214	1.133 35288 6	lo w
TCGA-C M-6676	0.419 17808 2	0	0.134 0371	1.223 159	0.677 258	0.143 5404	0.510 6771	0.040 247	1.173 73693 1	lo w
TCGA-A Z-4616	0.427 39726	1	0.160 0925	4.969 934	0.404 4551	0.125 8611	0.679 2598	0.440 6473	2.140 74657 5	hi gh
TCGA-A Z-6605	0.435 61643 8	1	0.203 1431	1.810 938	22.49 231	0.848 2649	1.478 597	0.132 6028	1.479 96705 9	hi gh
TCGA-A Z-4614	0.471 23287 7	1	0.081 74621	0.368 8576	0.051 63057	0.026 0542	1.349 324	0.383 5273	1.587 83178 6	hi gh
TCGA-D M-A285	0.490 41095 9	1	0.121 8723	2.075 269	0.063 70267	0.064 29223	0.693 2197	0.063 09366	1.273 78592 3	hi gh
TCGA-C M-6168	0.495 89041 1	0	0.200 3194	2.862 772	18.37 473	1.424 255	1.194 185	0.077 11467	1.517 76141 2	hi gh
TCGA-A A-3681	0.498 63013 7	0	0.091 36839	0.395 7841	2.539 147	0.786 2666	0.534 0335	0.228 6248	1.362 83404	hi gh
TCGA-C M-6171	0.498 63013 7	0	0.337 0221	26.02 663	0.312 1973	0.379 5361	0.252 9177	0.084 33071	5.761 64068 7	hi gh
TCGA-C M-4743	0.504 10958	0	0.430 3906	0.162 5322	1.137 516	0.067 53198	1.146 696	1.391 733	3.826 69663	hi gh

	9								2	
TCGA-A	0.504									
A-3662	10958	0	0.066	0.511	4.610	1.004	0.374	0.130	1.258	hi
	9		84259	9486	886	072	9562	8957	69754	gh
TCGA-F	0.515								1.863	hi
4-6570	06849	1	0.174	2.460	1.812	0.363	5.280	0.079	72325	gh
	3		0733	151	409	1466	132	19481	6	
TCGA-A	0.580								1.126	lo
A-3663	82191	0	0.114	0.236	0.594	0.125	0.716	0.049	65947	w
	8		4679	1168	905	0856	4817	10146	4	
TCGA-C	0.580								1.201	lo
M-6165	82191	0	0.108	1.745	5.010	0.379	0.709	0	88184	w
	8		7556	845	302	2503	0578		3	
TCGA-A	0.580								1.342	hi
A-3511	82191	0	0.111	1.807	0.760	0.368	0.420	0.145	84934	gh
	8		6101	742	0928	0974	1887	7083	9	
TCGA-C	0.580								1.254	hi
M-6172	82191	0	0.135	0.451	0.238	0.143	0.414	0.177	17789	gh
	8		8139	8905	6907	0342	1618	3066	7	
TCGA-A	0.586								3.303	hi
A-3489	30137	1	0.377	6.978	61.48	9.222	2.677	0.069	68505	gh
			813	782	381	164	037	17381	9	
TCGA-C	0.586								1.113	lo
M-4744	30137	0	0.044	0.088	1.850	0.121	0.177	0.091	57074	w
			76603	14308	664	9253	9574	64857		
TCGA-D	0.624								1.055	lo
M-A1DA	65753	1	0.064	0.142	0.422	0.075	0.197	0.028	67917	w
	4		54791	5436	0707	03002	2665	50243	8	
TCGA-D	0.627								1.375	hi
5-6898	39726	0	0.095	2.201	2.271	0.452	0.872	0.104	91335	gh
			01957	893	748	0544	9457	3828	1	
TCGA-D	0.646								1.248	lo
M-A280	57534	1	0.064	0.212	0.155	0.054	0.571	0.184	72725	w
	2		49069	8433	1697	81203	7221	4235	7	
TCGA-C	0.663								1.208	lo
M-6170	01369	0	0.043	2.011	5.723	0.536	0.457	0	03934	w
	9		3735	45	844	6975	3141		5	
TCGA-A	0.663								1.087	lo
A-3989	01369	1	0.047	0.639	2.056	0.190	0.456	0	91585	w
	9		8836	5428	53	7686	0876		3	
TCGA-A	0.663								1.434	hi
A-3980	01369	0	0.168	0.217	1.053	0.228	1.394	0.260	82060	gh
	9		0242	5146	915	9843	722	9599	8	
TCGA-C	0.665								1.206	lo
M-6169	75342	0	0.278	0.952	3.202	0.503	1.305	0	50640	w
			14	6563	951	0312	028			

	5								9	
TCGA-A	0.676								1.275	hi
6-3810	71232	0	0.258	2.658	2.285	0.175	0.839	0	78945	gh
	9		4187	581	027	0221	1199		6	
TCGA-G	0.695								1.210	lo
4-6295	89041	0	0.081	0.122	16.09	1.594	0.713	0.048	72918	w
	1		4131	2556	246	247	4172	89145	9	
TCGA-F	0.717								1.532	hi
4-6459	80821	1	0.264	4.089	2.059	0.398	1.003	0.079	45031	gh
	9		6744	185	5	1658	818	47316	9	
TCGA-C	0.747								1.139	lo
M-5341	94520	0	0.096	0.357	1.305	0.089	0.400	0.080	22305	w
	5		85591	3983	041	17992	7014	78528	4	
TCGA-D	0.753								1.699	hi
5-6926	42465	0	0.142	3.717	1.242	0.174	0.930	0.246	66961	gh
	8		1264	606	92	2254	1066	2075	5	
TCGA-A	0.761								1.080	lo
6-6650	64383	0	0.057	0.340	0.455	0.047	0.260	0.037	56439	w
	6		64232	1594	8746	92641	4136	62636	4	
TCGA-A	0.764								1.834	hi
6-3808	38356	0	0.196	1.375	14.15	0.517	1.564	0.420	03702	gh
	2		1383	575	773	9674	922	6713	7	
TCGA-A	0.767								1.250	lo
6-6138	12328	0	0.134	1.404	6.363	0.419	0.993	0.042	22270	w
	8		9425	51	777	3374	1997	20717	9	
TCGA-A	0.783								1.260	hi
6-5659	56164	0	0.123	2.218	1.311	0.192	0.313	0.063	85550	gh
	4		4035	083	562	5875	1968	88636	6	
TCGA-D	0.786								1.460	hi
5-6927	30137	0	0.084	1.298	0.822	0.230	0.668	0.265	64165	gh
			96549	393	8458	1821	2772	7541	3	
TCGA-5	0.794								4.837	hi
M-AAT6	52054	1	0.336	1.005	17.59	0.729	2.572	1.442	80780	gh
	8		2698	771	775	8183	061	442	6	
TCGA-C	0.832								1.216	lo
M-5863	87671	0	0.057	1.454	8.835	0.116	0.847	0.039	46885	w
	2		41704	61	318	4545	4579	18291	9	
TCGA-C	0.832								1.158	lo
M-5860	87671	0	0.105	0.933	0.532	0.138	0.444	0.052	64562	w
	2		4009	4308	5664	8529	1655	74749	9	
TCGA-C	0.838								2.193	hi
A-6718	35616	1	0.142	1.706	7.886	0.568	2.048	0.561	53958	gh
	4		1226	505	636	9988	912	5108	9	
TCGA-A	0.838	1	0.087	0.304	0.975	0.179	0.456	0.922	2.414	hi

A-3848	35616 4		79901	258	9815	0934	1521	7122	07207 6	gh
TCGA-A A-3811	0.838 35616 4	1	0.108 603	0.903 9822	1.807 632	0.415 368	0.602 9593	0	1.132 82758 7	low
TCGA-D 5-6922	0.843 83561 6	0	0.211 3454	3.421 956	1.607 818	0.236 1389	1.568 903	0.035 65179	1.456 53416 2	high
TCGA-D 5-7000	0.854 79452 1	0	0.072 26165	0.570 3896	0.657 2183	0.239 5253	0.473 4578	0.144 6523	1.236 48501	low
TCGA-A 6-6649	0.898 63013 7	0	0.104 6474	1.727 691	10.57 518	0.883 547	1.106 179	0.296 4361	1.650 57320 5	high
TCGA-A 6-3807	0.912 32876 7	0	0.175 4328	2.436 598	3.123 579	0.426 0118	0.520 8262	0.125 421	1.389 49904	high
TCGA-N H-A50U	0.915 06849 3	1	0.073 55898	2.543 516	0.117 3715	0.185 0902	0.506 2066	0.087 18704	1.328 65466 7	high
TCGA-A A-3680	0.917 80821 9	1	0.061 98283	2.729 684	8.142 805	0.553 1457	1.321 65	0	1.346 07500 2	high
TCGA-C M-5861	0.917 80821 9	0	0.116 3387	0.463 4013	0.040 54015	0.046 02976	1.705 597	0.602 2887	1.992 67381 6	high
TCGA-F 4-6461	0.926 02739 7	1	0.217 2451	2.318 527	29.43 078	7.136 786	1.453 104	0.189 0773	2.227 83569 8	high
TCGA-A 6-5660	0.936 98630 1	0	0.077 68227	0.464 1371	0.406 0453	0.109 2808	0.477 8152	0.040 21634	1.112 62824 4	low
TCGA-D 5-6932	0.947 94520 5	0	0.117 4913	0.560 5737	2.581 115	0.143 2751	0.621 4743	0.115 0397	1.212 69182 9	low
TCGA-A 6-6137	0.953 42465 8	0	0.050 27089	0.129 0432	1.749 827	0.413 021	0.532 0293	0.125 7894	1.198 06582 3	low
TCGA-D 5-5541	0.958 90411	0	0.159 2223	0.798 275	2.055 978	0.202 9897	0.928 7139	0.066 40182	1.210 01221 8	low
TCGA-D 5-6928	0.969 86301 4	0	0.360 7207	1.554 774	27.61 16	4.361 963	4.256 336	0.282 9065	2.446 48431 6	high

TCGA-A Z-6606	0.978 08219 2	1	0.072 70345	0.115 8372	0.532 0294	0.233 3189	0.145 4456	0.075 27758	1.103 85298 3	low
TCGA-A Y-6386	0.986 30137	0	0.041 3646	0.143 3445	2.117 924	0.147 658	0.300 8686	0	1.040 61344 9	low
TCGA-A 6-5666	0.991 78082 2	0	0.084 49654	0.122 0057	0.213 4707	0.138 5012	0.083 61798	0	1.023 74786 7	low
TCGA-T 9-A92H	0.991 78082 2	0	0.088 22559	1.086 563	0.026 22255	0.095 93647	0.148 2956	0.038 95778	1.128 35991 7	low
TCGA-D 5-6931	1	0	0.281 2718	1.591 375	9.368 326	0.794 0174	0.566 6355	0.129 2707	1.359 17569 2	high
TCGA-A 6-5657	1.005 47945 2	0	0.153 5408	2.233 023	48.24 953	5.926 638	1.816 468	0.083 31931	1.950 16819 4	high
TCGA-A Z-6600	1.008 21917 8	1	0.280 2718	2.313 527	10.65 244	1.400 796	1.290 756	0.037 23742	1.424 15693 7	high
TCGA-C A-6716	1.016 43835 6	0	0.020 62277	2.382 199	0.364 7071	0.065 729	0.223 2162	0	1.184 10147 1	low
TCGA-D 5-5538	1.021 91780 8	0	0.086 42084	0.662 6471	2.619 986	0.357 1235	0.660 5858	0.089 48064	1.208 62751	low
TCGA-D 5-6920	1.032 87671 2	0	0.144 3683	0.881 6637	1.602 42	0.280 6049	0.438 5556	0.106 5963	1.221 67092 2	low
TCGA-C A-6715	1.049 31506 8	0	0.211 7379	0.503 9524	0.094 05381	0.020 76468	0.137 0045	0.069 86598	1.117 30749 6	low
TCGA-A 6-2684	1.060 27397 3	0	0.124 1943	2.940 943	4.016 159	0.284 9996	0.436 3056	0.799 1043	2.567 15019 3	high
TCGA-C A-6717	1.063 01369 9	0	0.204 1445	3.146 836	45.77 606	2.606 119	2.541 654	0.041 41757	1.764 19290 7	high
TCGA-N H-A6GC	1.065 75342 5	0	0.055 12546	5.717 674	0.185 6908	0.029 2827	0.477 3325	0.068 96831	1.577 57375 8	high
TCGA-C M-5348	1.076 71232	0	0.212 8273	1.829 015	2.954 019	0.418 4362	1.860 639	0.615 9533	2.273 16078	high

	9									
TCGA-A	1. 082								1. 344	hi
A-3939	19178	0	0. 127	1. 392	1. 488	0. 179	0. 243	0. 201	77351	gh
	1		2217	231	64	2656	515	0556	1	
TCGA-A	1. 087								1. 174	lo
A-3973	67123	0	0. 064	0. 674	2. 098	0. 173	0. 286	0. 097	07161	w
	3		89947	7063	7	7523	6026	43607	7	
TCGA-F	1. 104								2. 151	hi
4-6809	10958	1	0. 264	6. 455	79. 45	2. 645	1. 386	0. 109	72747	gh
	9		8298	046	262	26	419	431	5	
TCGA-D	1. 109								1. 101	lo
M-A1D7	58904	1	0. 055	0. 271	1. 011	0. 085	0. 268	0. 061	66102	w
	1		14463	3116	334	92578	814	32648	1	
TCGA-D	1. 112								1. 588	hi
5-6930	32876	0	0. 109	1. 959	22. 16	3. 424	2. 162	0	87858	gh
	7		6483	242	109	822	959		7	
TCGA-F	1. 115								1. 406	hi
4-6460	06849	0	0. 285	2. 669	14. 27	1. 311	0. 733	0. 046	12861	gh
	3		6212	593	66	664	982	10905		
TCGA-D	1. 117								1. 151	lo
5-6929	80821	0	0. 136	0. 506	1. 049	0. 200	0. 666	0. 053	97531	w
	9		0238	5222	032	7955	4055	74152		
TCGA-F	1. 120								1. 460	hi
4-6569	54794	0	0. 229	2. 682	14. 93	0. 605	1. 930	0. 035	29331	gh
	5		2981	825	028	752	231	49011	9	
TCGA-D	1. 126								1. 120	lo
5-5540	02739	0	0. 055	0. 311	1. 023	0. 029	0. 053	0. 098	48732	w
	7		54307	3623	533	15742	75308	10465	5	
TCGA-F	1. 136								1. 653	hi
4-6463	98630	0	0. 234	7. 018	2. 130	0. 299	0. 565	0	07962	gh
	1		8989	286	315	4685	8678		8	
TCGA-A	1. 161								1. 293	hi
6-2682	64383	1	0. 057	0. 835	1. 636	0. 073	0. 641	0. 173	85487	gh
	6		84274	199	689	74269	1027	6831		
TCGA-A	1. 161								4. 807	hi
A-A004	64383	0	0. 043	0	5. 387	2. 149	1. 609	1. 514	42665	gh
	6		22404		225	117	395	191	3	
TCGA-A	1. 167								1. 035	lo
A-3667	12328	0	0. 070	0. 029	0. 611	0. 205	0. 288	0	91757	w
	8		57762	11656	3353	6643	1056			
TCGA-A	1. 167								1. 292	hi
A-A02K	12328	1	0. 047	0. 068	0. 192	0. 212	0. 250	0. 250	83300	gh
	8		72172	90602	9014	9385	0001	7626	8	
TCGA-C	1. 167	0	0. 083	1. 662	1. 172	0. 156	0. 513	0. 197	1. 385	hi



M-5868	12328 8		18532	608	461	2864	6901	1937	64551	gh
TCGA-D M-A288	1.169 86301 4	1	0.039 96021	0.471 2091	0	0.216 5144	0.164 3577	0.249 9742	1.316 70463 9	hi gh
TCGA-C M-6163	1.169 86301 4	0	0.131 7081	1.528 577	4.570 538	0.716 0035	0.768 1988	0.037 30914	1.253 12775 2	lo w
TCGA-D 5-6924	1.191 78082 2	0	0.310 4612	2.017 256	1.481 539	0.637 6802	0.716 8774	0	1.246 3942	lo w
TCGA-C A-6719	1.191 78082 2	0	0.117 4215	7.087 866	2.286 388	0.266 5364	0.798 5245	0.085 9948	1.811 73220 2	hi gh
TCGA-A U-3779	1.208 21917 8	0	0.098 07677	0.274 3778	1.672 512	0.425 905	0.721 8615	0.184 058	1.293 07847 2	hi gh
TCGA-A 6-4105	1.210 95890 4	1	0.231 3015	0.543 2729	2.773 744	0.141 5434	0.726 3649	0.231 5079	1.357 90977 3	hi gh
TCGA-A A-3844	1.243 83561 6	0	0.064 99185	0.102 3737	1.671 797	0.067 79206	0.312 0792	0.088 70433	1.119 76818	lo w
TCGA-A A-A01C	1.252 05479 5	0	0.112 7067	0.940 2683	0.253 1026	0.079 82657	0.693 9947	0	1.122 66414 7	lo w
TCGA-A A-A017	1.252 05479 5	0	0.092 05439	0.814 1261	0.813 9764	0.110 0236	0.572 9163	0.086 378	1.193 46216 2	lo w
TCGA-A A-3679	1.252 05479 5	0	0.056 93008	0.234 8631	1.972 488	0.072 57916	0.492 9588	0.122 1019	1.178 07386 7	lo w
TCGA-A 6-5656	1.265 75342 5	0	0.173 3165	0.213 1793	0.356 778	0.106 3873	0.519 7046	0.337 305	1.433 48810 5	hi gh
TCGA-A 6-2685	1.271 23287 7	0	0.551 995	2.721 183	15.04 425	0.973 8468	1.390 469	0	1.405 97768 7	hi gh
TCGA-A D-6888	1.293 15068 5	1	0.026 70162	0.051 40642	0.067 45852	0.045 38856	0.055 87571	0.066 8136	1.072 07492 5	lo w
TCGA-D 5-6541	1.298 63013 7	0	0.127 47	2.133 894	0.905 7319	0.330 0968	0.888 1859	0.388 7316	1.754 59057 5	hi gh

TCGA-C K-4952	1.301 36986 3	0	0.081 3295	0.322 94	0.128 4184	0.081 00433	0.871 4893	0.076 31444	1.169 18761	low
TCGA-A Y-5543	1.312 32876 7	0	0.039 55567	0.114 2299	3.530 959	0.420 2402	0.218 828	0.164 9624	1.212 70383 3	low
TCGA-F 4-6806	1.317 80821 9	0	0.065 90157	1.106 19	1.956 289	1.218 243	0.403 0167	0.061 83785	1.244 10492 6	low
TCGA-A A-3833	1.328 76712 3	0	0.197 3173	1.617 548	4.438 251	0.494 998	4.574 571	0.382 2453	2.218 39145 2	high
TCGA-A 6-2686	1.336 98630 1	0	0.254 3952	0.635 1654	12.85 4	0.456 0805	1.514 434	0.517 2013	1.897 31315 1	high
TCGA-A A-3971	1.339 72602 7	0	0.434 3657	0.803 5826	3.566 467	0.925 8262	0.499 532	0	1.159 97465 4	low
TCGA-D 5-6540	1.345 20547 9	0	0.071 63947	0.488 2424	0.115 8328	0.062 10569	1.593 002	0.387 1983	1.635 42996 2	high
TCGA-F 4-6807	1.353 42465 8	0	0.206 5016	5.117 851	25.69 579	1.202 376	1.910 867	0.138 8189	1.923 91360 4	high
TCGA-F 4-6805	1.358 90411	0	0.144 9514	2.890 295	8.091 338	0.800 7825	0.992 156	0.103 6291	1.478 79109 5	high
TCGA-A Y-4070	1.358 90411	1	0.335 3782	0.345 8979	4.418 033	0.565 0002	0.601 5525	0.449 568	1.654 88618 1	high
TCGA-A 6-2672	1.378 08219 2	0	0.579 8685	0.117 9267	1.072 936	0.968 3318	1.810 422	1.471 401	4.518 92906 3	high
TCGA-N H-A8F8	1.4	1	0.201 5188	1.545 51	5.441 676	0.336 9348	0.663 6553	0	1.184 10943 1	low
TCGA-A A-3866	1.419 17808 2	0	0.155 7763	0.328 7402	2.664 036	0.504 1295	0.814 5102	0	1.116 31685 1	low
TCGA-A A-3846	1.419 17808 2	0	0.118 0382	0.448 5184	0.565 0293	0.182 1659	0.312 0081	0.093 27124	1.157 35010 2	low
TCGA-D 5-6538	1.427 39726	0	0.036 54631	0.851 8536	0.158 28	0.066 56034	0.146 9256	0.039 1917	1.108 57009	low

									5	
TCGA-A	1.430		0.191	0.553	1.877	0.155	0.814	0.087	1.202	lo
6-2680	13698	0	583	2584	38	4291	3795	16088	14823	w
	6								1	
TCGA-A	1.432		0.561	3.144	2.160	1.941	0.760	0.200	1.728	hi
6-2674	87671	0	1118	335	127	668	6146	5759	81517	gh
	2									
TCGA-C	1.463		0.066	1.111	7.321	0.619	0.682	0.039	1.208	lo
K-4947	01369	0	34871	301	742	1753	5237	84475	49703	w
	9								8	
TCGA-D	1.479		0.087	1.088	1.432	0.173	0.390	0.042	1.156	lo
5-6531	45205	0	85938	552	042	4354	2046	55054	72003	w
	5								5	
TCGA-A	1.482		0.060	0.161	1.883	0.083	0.189	0.069	1.096	lo
6-2677	19178	0	56809	4555	301	15696	6126	94861	63575	w
	1								4	
TCGA-D	1.487		0.094	2.097	0.061	0.178	0.710	0.091	1.316	hi
5-6536	67123	0	60761	55	68132	975	8622	63744	56520	gh
	3								3	
TCGA-A	1.498		0.060	0.073	1.693	0.129	0.369		1.040	lo
A-3831	63013	0	94975	33845	807	5063	4356	0	64754	w
	7								7	
TCGA-A	1.504		0.225	0.883	6.429	0.431	0.383	0.241	1.388	hi
A-3875	10958	0	5107	8201	772	2495	5665	8342	19485	gh
	9								5	
TCGA-A	1.512		0.040	1.374	9.520	0.511	1.050	0.225	1.478	hi
6-2681	32876	0	09123	846	868	116	131	7144	07576	gh
	7								9	
TCGA-D	1.520		0.073	0.311	0.558	0.117	0.139	0.197	1.237	lo
5-6532	54794	0	68769	596	4901	4289	0066	5539	34780	w
	5								5	
TCGA-D	1.561		0.020	3.736	0.032	0.057	0.244	0.120	1.435	hi
M-A1D6	64383	1	84139	181	40205	22837	3232	3461	19224	gh
	6								5	
TCGA-A	1.583		0.150	0.260	1.264	0.153	0.260		1.048	lo
A-3688	56164	0	1445	1548	409	1333	0209	0	87056	w
	4								8	
TCGA-A	1.586		0.231	0.525	2.114	0.924	2.997	0.112	1.492	hi
A-3713	30137	0	6339	065	256	0217	8	1809	24628	gh
									4	
TCGA-A	1.586		0.189	0.285	6.253	0.305	2.279	1.858	6.354	hi
A-3715	30137	1	765	9174	293	0397	018	053	79637	gh
									5	
TCGA-A	1.589	0	0.072	0.587	5.106	1.146	0.352	0.295	1.472	hi

A-3530	04109 6		18429	4661	226	148	2982	5629	26516 9	gh
TCGA-A A-3986	1.589 04109 6	0	0.112 8028	0.586 3588	25.02 152	1.315 864	1.059 786	0.169 3552	1.405 61061 1	hi gh
TCGA-N H-A50V	1.610 95890 4	0	0.089 88767	0.459 8274	0.570 971	0.268 4825	0.513 7039	0.038 55766	1.123 24948 6	lo w
TCGA-F 4-6856	1.619 17808 2	0	0.137 1537	2.284 039	1.617 013	0.163 1978	0.467 1292	0.205 9141	1.450 13636 5	hi gh
TCGA-D 5-5539	1.632 87671 2	0	0.099 73742	2.747 908	4.630 891	0.611 7113	0.550 8549	0.202 3508	1.531 70449 3	hi gh
TCGA-C M-4751	1.663 01369 9	0	0.121 7985	2.003 348	8.829 931	1.009 312	1.618 667	0.357 7711	1.850 73926 7	hi gh
TCGA-D 5-6529	1.682 19178 1	0	0.138 1533	0.674 6099	3.223 752	0.742 9451	1.083 17	0.188 559	1.390 65723 9	hi gh
TCGA-D 5-6530	1.701 36986 3	0	0.092 02224	0.137 1583	3.989 716	0.359 5214	1.056 432	0.044 56662	1.156 61456 1	lo w
TCGA-A A-3955	1.747 94520 5	0	0.093 17108	0.317 9822	0.513 5692	0.118 7822	0.124 6827	0	1.038 69694	lo w
TCGA-C K-5916	1.761 64383 6	1	0.051 8895	1.395 458	5.538 67	0.285 2848	2.642 518	0.194 7593	1.591 76207 7	hi gh
TCGA-A 6-2671	1.775 34246 6	0	0.143 4276	0.971 2138	1.849 251	0.138 7163	0.817 9693	0.297 0116	1.483 00917	hi gh
TCGA-A D-6548	1.780 82191 8	0	0.148 4775	1.209 011	5.682 011	0.729 2372	0.552 2057	0.073 08688	1.250 55871 8	lo w
TCGA-A A-3968	1.832 87671 2	0	0.167 0256	0.500 8927	3.960 034	0.384 9265	0.717 5767	0	1.114 55994 7	lo w
TCGA-A A-A02R	1.835 61643 8	1	0.038 83222	1.233 548	3.251 483	0.212 1708	5.471 251	0.583 003	2.702 27921 4	hi gh
TCGA-C M-4746	1.915 06849 3	0	0.028 99455	0.100 4775	0.293 0054	0	0.075 31933	0	1.012 69040 6	lo w

TCGA-A A-3941	2	0	0.037 96108	0.749 1041	1.918 085	0.217 7816	0.816 2859	0.094 98737	1.223 64266 6	low
TCGA-A A-3979	2	0	0.068 94317	0.066 3653	0.580 5896	0.058 59628	0.114 4212	0.345 0234	1.381 77577 2	high
TCGA-A A-3950	2	0	0.056 50165	0.265 1463	1.855 683	0.090 04118	0.770 5671	0.318 1053	1.433 28662 8	high
TCGA-A A-3867	2.002 73972 6	0	0.241 2969	1.064 592	10.09 241	0.469 9829	0.522 3488	0	1.148 36431 6	low
TCGA-D M-A0XD	2.035 61643 8	1	0.063 52449	3.551 023	0.137 5605	0.153 2954	0.390 9354	0.238 4294	1.601 75034 8	high
TCGA-A 6-A566	2.076 71232 9	1	0.373 9816	1.385 653	1.283 53	0.265 3789	1.729 138	0.105 9383	1.389 38766 2	high
TCGA-A A-3819	2.084 93150 7	0	0.143 8121	0.775 2351	2.761 267	0.342 2413	0.253 2054	0.071 97023	1.165 62926 4	low
TCGA-A D-6895	2.090 41095 9	0	0.171 91	1.691 283	5.623 955	0.438 3301	2.495 251	0.218 7247	1.658 52121 4	high
TCGA-A A-A01X	2.167 12328 8	0	0.055 99434	0.352 8042	8.179 143	0.759 2895	0.401 1083	0.229 2721	1.345 89598 3	high
TCGA-A A-3949	2.167 12328 8	0	0.234 4043	2.577 499	9.839 551	0.333 3192	1.600 35	0	1.352 39849 3	high
TCGA-A D-6965	2.205 47945 2	0	0.070 83303	2.405 939	0.886 2355	0.580 5243	0.449 7861	0	1.239 82802 5	low
TCGA-D M-A28A	2.205 47945 2	1	0.073 54111	1.395 6	0.026 54187	0.080 36251	0.475 3213	0.315 4574	1.502 28432 3	high
TCGA-A A-3982	2.252 05479 5	0	0.131 8128	0.456 783	4.329 126	0.630 1717	0.918 8026	0	1.140 73046 3	low
TCGA-A A-3994	2.252 05479 5	0	0.041 01432	0.693 7331	0.473 6819	0.082 16753	0.750 8756	0	1.107 63295 8	low
TCGA-A A-3869	2.252 05479	1	0.092 44156	0.157 0325	2.857 465	0.201 0418	0.541 4832	0.163 2777	1.229 94436	low

	5								2	
TCGA-A	2. 257								1. 847	hi
U-6004	53424	0	0. 075	0. 361	3. 442	1. 485	1. 093	0. 488	24882	gh
	7		1509	7046	795	033	232	9167	1	
TCGA-G	2. 350								1. 075	lo
4-6294	68493	1	0. 040	0. 203	0. 137	0. 179	0. 183	0. 040	19947	w
	2		71584	8058	1518	9474	3308	75217	5	
TCGA-A	2. 498								1. 666	hi
A-3870	63013	0	0. 058	1. 644	7. 830	0. 561	1. 982	0. 264	23700	gh
	7		70044	312	231	2712	325	3877	2	
TCGA-A	2. 504								1. 131	lo
A-3862	10958	0	0. 098	0. 972	1. 245	0. 324	0. 597	0	40377	w
	9		58925	7546	371	6984	5805		7	
TCGA-A	2. 504								1. 164	lo
A-3861	10958	0	0. 052	0. 171	3. 986	0. 351	0. 309	0. 111	89027	w
	9		09714	94	125	0651	3327	7363	7	
TCGA-A	2. 583								1. 669	hi
A-3877	56164	0	0. 118	0. 837	1. 016	0. 196	1. 850	0. 355	42259	gh
	4		3705	4919	767	181	075	4283	5	
TCGA-A	2. 583								1. 041	lo
A-A01I	56164	0	0. 031	0. 399	0. 405	0. 051	0. 162	0	00642	w
	4		20316	0555	4174	14618	1133		8	
TCGA-A	2. 589								1. 089	lo
A-3858	04109	0	0. 065	0. 467	1. 877	0. 145	0. 653	0	39584	w
	6		91429	2203	188	1478	7719		7	
TCGA-A	2. 589								1. 243	lo
A-3860	04109	0	0. 193	0. 645	5. 734	0. 723	0. 731	0. 090	21081	w
	6		1821	0445	611	4605	8358	6349		
TCGA-Q	2. 608								2. 180	hi
G-A5Z2	21917	0	0. 130	0. 169	5. 280	8. 301	1. 008	0. 294	31096	gh
	8		6215	7456	002	375	524	1607	8	
TCGA-A	2. 671								1. 373	hi
A-3855	23287	0	0. 135	0. 948	1. 159	0. 232	0. 469	0. 234	62925	gh
	7		6084	9095	565	7294	6943	9162	1	
TCGA-A	2. 745								1. 328	hi
Z-4615	20547	0	0. 148	1. 155	0. 748	0. 075	1. 937	0. 074	21674	gh
	9		1465	117	5496	54772	033	13933	1	
TCGA-A	2. 750								1. 079	lo
A-3947	68493	0	0. 164	0. 511	1. 022	0. 064	0. 503	0	45225	w
	2		4132	3195	451	49459	7555		3	
TCGA-A	2. 753								1. 034	lo
A-A01T	42465	0	0. 356	0. 107	1. 349	0. 009	0. 218	0	85686	w
	8		1553	1369	677	45950	4469		7	
TCGA-A	2. 753	0	0. 119	0. 268	12. 76	0. 712	0. 817	0. 099	1. 230	lo

A-3815	42465 8		7134	8866	977	2287	7626	85014	50192 1	w
TCGA-A	2.756								1.111	lo
A-3851	16438 4	0	0.065 41745	0.841 5271	6.069 9	0.454 9066	0.365 6184	0	67050 9	w
TCGA-F	2.805								1.097	lo
4-6808	47945 2	0	0.042 39156	0.265 2422	0.321 292	0.094 57743	0.327 3035	0.053 03673	56226 2	w
TCGA-A	2.835								1.127	lo
A-3956	61643 8	0	0.347 3031	0.852 5085	2.544 521	0.343 1472	0.526 2784	0	55902 4	w
TCGA-A	2.838								1.229	lo
A-3975	35616 4	0	0.389 4599	0.881 0091	2.886 18	0.314 4598	0.500 2306	0.097 45184	10379	w
TCGA-A	2.915								1.894	hi
A-A010	06849 3	0	0.107 6864	0.984 7688	1.450 971	0.343 2187	1.103 41	0.538 9124	33451 2	gh
TCGA-A	2.917								1.187	lo
A-3502	80821 9	0	0.027 80354	0.120 4377	0.070 2424	0.354 4624	0.740 3106	0.104 3563	33107 3	w
TCGA-A	2.917								2.513	hi
A-A01R	80821 9	0	0.093 77967	0.382 3333	5.128 695	0.393 8383	0.926 6811	0.911 0266	34404 5	gh
TCGA-A	2.920								1.665	hi
A-3812	54794 5	0	0.088 27128	0.424 8536	3.568 114	0.125 0394	1.155 007	0.441 7502	32470 5	gh
TCGA-F	2.950								1.380	hi
4-6855	68493 2	0	0.095 4721	3.286 426	0.656 0617	0.228 8255	0.720 878	0.057 33437	55925 3	gh
TCGA-G	2.983								2.288	hi
4-6586	56164 4	0	0.032 03848	0.316 1154	1.834 674	0.292 7246	0.642 6941	0.841 7606	50336 1	gh
TCGA-F	2.989								1.685	hi
4-6703	04109 6	0	0.487 5946	3.398 032	15.45 413	0.819 4158	1.603 348	0.151 2489	77208 9	gh
TCGA-G	2.994								1.281	hi
4-6314	52054 8	0	0.180 0637	2.717 145	11.63 544	0.274 8254	0.770 8036	0	00804 8	gh
TCGA-D	2.997								1.219	lo
M-A28F	26027 4	1	0.044 77135	1.243 665	3.705 686	0.250 0569	0.280 6036	0.096 02421	15735 1	w
TCGA-A									1.142	lo
A-3692	3	1	0.115 0712	0.398 7668	4.511 882	0.240 5917	0.422 4753	0.069 10433	74901	w
TCGA-A	3.002	0	0.070	0.271	1.138	0.047	0.878	0	1.087	lo

A-3854	73972 6		41506	1286	531	87782	0047		75085 7	w
TCGA-G 4-6315	3.060 27397 3	0	0.062 56573	0.152 1507	3.061 47	0.705 2811	0.250 9195	0.098 87614	1.166 88733 6	lo w
TCGA-A A-3841	3.079 45205 5	0	0.112 5143	0.252 7169	6.316 76	0.844 7167	0.963 4383	0.375 3822	1.593 26122 6	hi gh
TCGA-A A-3842	3.084 93150 7	0	0.036 5102	0.711 6871	0.276 7163	0.058 18276	0.537 4424	0.137 0354	1.231 50518 4	lo w
TCGA-A A-A01Z	3.084 93150 7	0	0.014 01261	0.424 893	0.354 0124	0.142 9155	0.345 8062	0.105 1884	1.164 42392 4	lo w
TCGA-A A-3495	3.087 67123 3	0	0.133 5751	0.243 6263	4.404 765	0.241 9946	0.346 9888	0.105 5481	1.163 36012 3	lo w
TCGA-A A-3685	3.087 67123 3	0	0.105 2133	0.414 9978	12.00 679	0.170 1219	0.311 0882	0.038 52701	1.102 45473 8	lo w
TCGA-A A-A01P	3.172 60274	1	0.164 2426	1.707 495	5.477 205	0.523 475	2.564 665	0.410 9729	1.986 46071 5	hi gh
TCGA-D M-A0XF	3.183 56164 4	1	0.228 3545	0.223 639	0.541 7948	0.068 35113	0.232 121	0.178 8717	1.221 19610 6	lo w
TCGA-A A-3837	3.249 31506 8	0	0.182 206	2.762 441	6.674 671	0.464 5823	0.532 4822	0.341 941	1.724 96025 5	hi gh
TCGA-A A-A024	3.254 79452 1	1	0.207 6448	0.328 836	0.473 8236	0.017 07888	0.179 8	0	1.041 71269 9	lo w
TCGA-5 M-AATE	3.287 67123 3	0	0.029 37654	0.387 8141	0.593 7312	0.235 4102	0.334 3175	0	1.063 15036 8	lo w
TCGA-A A-A02Y	3.331 50684 9	0	0.018 40359	0.053 14637	0.302 2144	0.049 85762	0.119 5178	0	1.015 14912 6	lo w
TCGA-A A-A02F	3.331 50684 9	0	0.155 0041	1.256 793	0.180 7384	0.022 80138	0.180 6786	0	1.102 44937 1	lo w
TCGA-C K-4950	3.361 64383 6	0	0.075 42059	0.804 1904	2.970 49	0.638 5503	0.559 2945	0.058 0676	1.194 47108 9	lo w



TCGA-A A-A03J	3.413 69863	0	0.072 96567	0.386 3057	1.966 286	0.317 8274	0.810 8244	0.547 7308	1.797 26149 7	hi gh
TCGA-A A-A02W	3.416 43835 6	0	0.111 1214	1.146 069	1.015 995	0.161 9049	0.224 514	0.158 8866	1.271 98043	hi gh
TCGA-D 5-6534	3.605 47945 2	0	0.274 902	3.548 355	59.20 153	1.311 599	3.348 765	0.625 3347	3.022 23872 1	hi gh
TCGA-D M-A1DB	3.693 15068 5	1	0.045 07719	0.052 07004	0.564 8561	0.048 27321	0.224 8268	0.162 4227	1.181 96976 9	lo w
TCGA-A A-3678	3.917 80821 9	0	0.069 54168	0.240 9892	1.686 614	0.200 9569	0.457 6438	0.069 60373	1.130 01775 9	lo w
TCGA-A A-3675	3.920 54794 5	0	0.016 47271	0.251 4432	0.570 739	0.048 00175	0.264 8983	0.105 9905	1.140 61458	lo w
TCGA-G 4-6627	3.928 76712 3	0	0.373 5522	5.045 51	46.36 94	2.197 431	1.502 686	0.044 1597	1.821 49212 3	hi gh
TCGA-A A-3673	4.169 86301 4	0	0.058 56374	1.014 732	5.144 263	0.648 984	0.487 6006	0.067 63385	1.215 16385 7	lo w
TCGA-A Z-4313	4.197 26027 4	0	0.023 70278	0.182 532	1.197 646	0.030 21825	0.205 2428	0.237 2393	1.269 74462 8	hi gh
TCGA-A A-3972	4.249 31506 8	0	0.070 88118	0.148 8673	0.390 7048	0.156 0853	0.485 4296	0	1.055 60737 1	lo w
TCGA-G 4-6628	4.4	0	0.157 7678	0.485 9798	9.778 546	0.536 3611	1.473 127	0	1.185 48152 6	lo w
TCGA-A A-3864	4.416 43835 6	0	0.075 05812	0.333 4689	1.050 234	0.103 0511	0.294 9681	0.086 6828	1.134 91373 4	lo w
TCGA-G 4-6304	4.468 49315 1	0	0.079 38186	0.275 0893	1.283 514	0.047 22785	0.151 2212	0.079 4527	1.109 18492 6	lo w
TCGA-A A-3664	4.501 36986 3	0	0.294 552	5.050 526	1.116 227	0.211 2295	0.454 3134	0	1.445 81340 1	hi gh
TCGA-G 4-6307	4.586 30137	0	0.075 35438	0.177 1247	4.197 084	1.056 748	0.186 6439	0.289 4085	1.403 77479	hi gh

									1	
TCGA-A	4. 687								2. 174	hi
6-A56B	67123	1	0. 066	1. 409	0. 523	0. 084	1. 293	0. 666	35525	gh
	3		56134	596	1628	85787	599	2073	3	
TCGA-A	4. 835								1. 113	lo
A-3506	61643	0	0. 061	0. 919	2. 845	0. 312	0. 445	0	95377	w
	8		20313	0689	055	1071	1657		5	
TCGA-A	4. 865								1. 193	lo
Z-4315	75342	0	0. 041	0. 454	2. 003	0. 183	0. 651	0. 102	39076	w
	5		02167	11	639	0423	2138	6457	9	
TCGA-S	5. 010								1. 171	lo
S-A7HO	95890	0	0. 117	0. 562	0. 134	0. 068	0. 136	0. 120	82366	w
	4		3682	3308	7805	01395	2758	1428	4	
TCGA-D	5. 065								1. 096	lo
M-A28G	75342	1	0. 036	0. 201	0. 243	0. 039	0. 166	0. 072	04815	w
	5		09613	5294	1805	88254	6971	25668	5	
TCGA-A	5. 084								1. 070	lo
A-3655	93150	0	0. 085	0. 561	0. 767	0. 120	0. 341	0	82619	w
	7		03173	2729	2242	0203	8496		8	
TCGA-A	5. 153								1. 472	hi
6-A567	42465	1	0. 030	1. 418	1. 179	0. 360	0. 467	0. 276	52033	gh
	8		70578	767	134	1456	9523	5986	3	
TCGA-A	5. 246								1. 102	lo
A-3509	57534	0	0. 071	1. 010	0. 442	0. 111	0. 369	0	43132	w
	2		08767	653	0793	5427	3298		7	
TCGA-A	5. 331								1. 175	lo
A-3510	50684	0	0. 156	0. 525	8. 516	0. 338	0. 495	0. 078	83090	w
	9		0597	7855	158	2281	4855	09946	4	
TCGA-G	5. 487								1. 155	lo
4-6303	67123	1	0. 063	1. 072	1. 119	0. 246	0. 477	0. 032	95572	w
	3		00259	822	669	502	8184	61662	5	
TCGA-A	5. 632								1. 364	hi
D-6889	87671	0	0. 071	0. 347	0. 318	0. 029	0. 265	0. 300	91066	gh
	2		599	366	3603	20969	3503	9841	1	
TCGA-C	5. 846								1. 451	hi
K-4951	57534	1	0. 127	0. 635	0. 982	0. 136	1. 657	0. 230	57460	gh
	2		9182	3774	4379	9877	039	4582	4	
TCGA-G	6. 213								3. 114	hi
4-6299	69863	0	0. 178	10. 61	4. 011	0. 245	3. 654	0. 219	60740	gh
			0459	204	441	5931	595	1043	2	
TCGA-A	6. 506								1. 107	lo
A-3660	84931	0	0. 130	0. 395	1. 895	0. 261	0. 275	0. 044	51786	w
	5		991	4737	346	8833	8298	69586	1	
TCGA-D	6. 780	1	0. 004	0. 109	0. 550	0. 030	0. 272	0	1. 028	lo

M-A28C	82191 8		73937 1	4918	7796	2107	9048		42669 8	w
TCGA-G 4-6297	6.865 75342 5	0	0.247 2662	2.715 096	3.486 638	0.868 73	1.003 322	0	1.342 76710 8	hi gh
TCGA-A A-3697	7.087 67123 3	0	0.173 8229	0.379 2664	1.795 608	0.325 0188	0.357 8879	0	1.074 56080 3	lo w
TCGA-D M-A1HA	7.123 28767 1	0	0.058 09922	3.322 053	0.164 3946	0.245 9113	1.074 584	0.628 0315	2.351 47834	hi gh
TCGA-G 4-6625	7.649 31506 8	0	0.193 2422	1.424 277	18.36 23	2.283 436	1.356 113	0.173 2071	1.597 22281 1	hi gh
TCGA-D M-A1D4	7.728 76712 3	1	0.040 1842	0.051 57555	0.225 6015	0.014 23059	0.463 9411	0.033 51671	1.070 18005 4	lo w
TCGA-D M-A28M	7.931 50684 9	0	0.022 45177	0.772 1475	0.082 50441	0.013 01062	0.075 99677	0	1.056 63401 3	lo w
TCGA-D M-A28K	8.186 30137	0	0.082 09924	0.812 8743	0.148 153	0.037 38102	0.210 7308	0.220 1049	1.303 93084 2	hi gh
TCGA-A Z-6601	8.334 24657 5	1	0.150 6721	1.429 663	16.74 885	1.711 652	1.628 512	0.040 39462	1.403 12397 4	hi gh
TCGA-C K-4948	8.536 98630 1	0	0.093 29659	0.653 4974	1.384 128	0.346 7038	0.682 3814	0.149 0104	1.274 49176 3	hi gh
TCGA-D M-A28H	9.756 16438 4	0	0.094 30115	0.292 7498	1.572 39	0.168 312	0.138 8145	0.070 78897	1.108 50774 4	lo w
TCGA-D M-A0X9	9.975 34246 6	0	0.023 20797	0.211 3726	0.306 6917	0.050 07103	0.173 1333	0.160 8139	1.186 96181 8	lo w
TCGA-D M-A28E	9.994 52054 8	0	0.047 19873	0.053 00623	0.344 4771	0.033 42934	0.090 82105	0	1.013 14891 3	lo w
TCGA-D M-A1D0	10.88 76712 3	0	0.048 91049	0.130 7824	0.054 91851	0.009 23779 5	0.622 7267	0.217 5739	1.280 29452 5	hi gh
TCGA-D M-A282	11.59 72602 7	0	0.016 1553	0.373 2297	0.093 29027	0.014 71151	0.115 9081	0.069 2988	1.098 84444 1	lo w

TCGA-D	11.69							1.062	1o
M-A1D9	86301	0	0.041	0.300	0.114	0.060	0.167	0.028	19703
	4		66968	837	8439	36811	2886	4365	5w