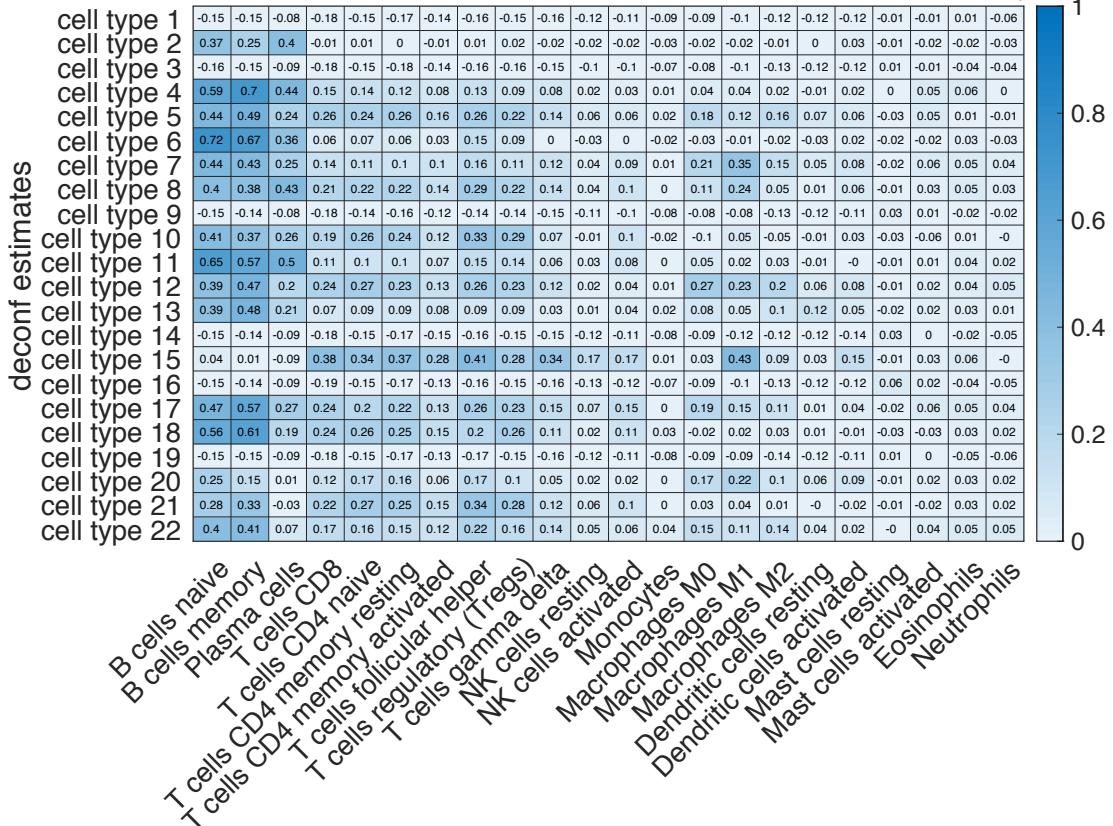


F Correlations between deconf estimated csGEPs and GEPs of leukocyte subtype

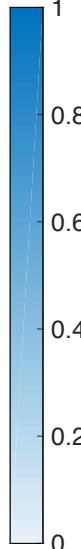


B cells naive
B cells memory
Plasma cells
T cells CD8
T cells CD4 naive
T cells CD4 memory resting
T cells CD4 memory activated
T cells CD4 follicular helper
T cells regulatory helper (Tregs)
T cells gamma delta
NK cells resting
NK cells activated
Monocytes M0
Macrophages M1
Macrophages M2
Dendritic cells resting
Dendritic cells activated
Mast cells resting
Mast cells activated
Eosinophils
Neutrophils

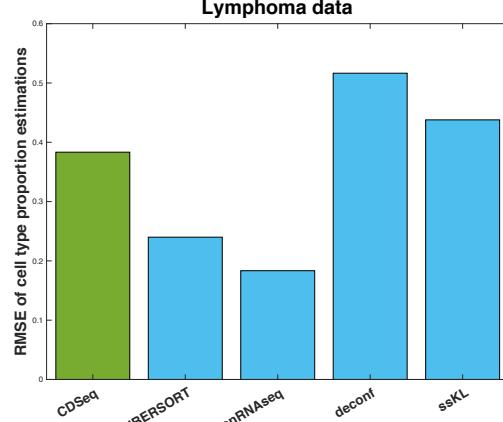
LM22

G Correlations between ssKL estimated csGEPs and GEPs of leukocyte subtype

ssKL estimates	cell type 1	cell type 2	cell type 3	cell type 4	cell type 5	cell type 6	cell type 7	cell type 8	cell type 9	cell type 10	cell type 11	cell type 12	cell type 13	cell type 14	cell type 15	cell type 16	cell type 17	cell type 18	cell type 19	cell type 20	cell type 21	cell type 22
	0.46	0.55	0.25	0.22	0.25	0.24	0.13	0.22	0.3	0.05	-0.01	0.09	0.01	0.11	0.09	0.13	0.07	0.07	-0.02	0	0.02	0.03
	0.75	0.81	0.41	0.29	0.29	0.28	0.18	0.26	0.29	0.15	0.06	0.12	0.03	0.06	0.06	0.07	0.02	0.01	-0.02	0	0.05	0.03
	0.42	0.42	0.02	0.23	0.2	0.23	0.18	0.2	0.14	0.22	0.13	0.16	0.01	0.09	0.19	0.11	0.04	0.12	-0.01	0.08	0.07	-0
	0.49	0.56	0.34	0.38	0.36	0.37	0.23	0.43	0.35	0.24	0.1	0.15	0.01	0.15	0.23	0.14	0.04	0.09	-0.02	0.03	0.03	0.01
	0.64	0.66	0.5	0.26	0.26	0.26	0.16	0.31	0.26	0.15	0.05	0.12	0.01	0.09	0.18	0.05	0	0.05	-0.01	0.03	0.06	0.03
	0.52	0.55	0.35	0.2	0.18	0.16	0.12	0.22	0.17	0.14	0.05	0.09	0.01	0.28	0.32	0.2	0.07	0.09	-0.01	0.06	0.05	0.06
	0.51	0.5	0.08	0.19	0.25	0.23	0.13	0.26	0.26	0.06	-0.01	0.09	-0	-0	0.03	0.01	-0.02	-0.02	-0.03	0.05	0.01	
	0.62	0.62	0.43	0.13	0.16	0.16	0.11	0.2	0.18	0.05	0.01	0.08	0.02	0.06	0.06	0.07	0.07	0.04	-0.02	-0	0.03	0.01
	0.76	0.79	0.57	0.1	0.1	0.08	0.06	0.1	0.09	0.04	0.01	0.02	0.01	0.08	0.03	0.05	-0.01	0.01	-0	0.03	0.05	0.02
	0.79	0.76	0.5	0.13	0.13	0.12	0.07	0.19	0.14	0.06	0.01	0.04	-0	0.03	0.04	0.03	-0.02	0.02	-0.01	0	0.04	0
	0.66	0.67	0.32	0.11	0.1	0.09	0.04	0.16	0.1	0.04	0	0.02	-0.01	0.05	0.07	0.02	-0.02	0.03	-0.01	0	0.03	-0
	0.57	0.68	0.27	0.23	0.19	0.18	0.12	0.21	0.19	0.17	0.06	0.09	0.01	0.2	0.11	0.13	-0	0.02	-0.02	0.03	0.04	0.05
	0.53	0.46	0.37	0.09	0.13	0.12	0.05	0.14	0.14	0.01	-0.01	0.02	-0.01	0.07	0.02	0.04	-0.01	0.01	-0.02	-0	-0.01	-0.01
	0.59	0.7	0.44	0.23	0.26	0.24	0.13	0.29	0.29	0.1	0.01	0.12	0	0.07	0.13	0.04	-0.01	0.03	-0.02	0.01	0.04	0.04
	0.35	0.32	0.12	0.31	0.27	0.28	0.18	0.37	0.29	0.23	0.08	0.12	-0	0.08	0.36	0.06	-0.01	0.08	-0.03	-0.01	0.04	0.02
	0.49	0.47	0.17	0.21	0.24	0.23	0.15	0.3	0.24	0.1	0.03	0.06	0.04	0.11	0.14	0.11	0.05	0.03	-0.01	0.02	0.06	0.04
	0.61	0.62	0.48	0.12	0.11	0.09	0.06	0.12	0.1	0.04	-0.01	0.01	0	0.02	0.11	0.01	-0.02	0.01	-0.01	0	0.04	0
	0.56	0.4	0.37	0.02	0.04	0.03	0.01	0.09	0.04	0	-0.01	-0	-0.01	-0	-0	-0.01	-0.02	0	-0.01	-0.01	0.02	-0.01
	0.24	0.26	0.28	0.31	0.35	0.35	0.21	0.43	0.27	0.16	0.05	0.05	0.01	0.13	0.2	0.1	0.1	0.15	0	0.05	0.07	0.01
	0.34	0.42	0.25	0.27	0.23	0.25	0.18	0.29	0.19	0.2	0.12	0.18	0.02	0.2	0.25	0.15	0.04	0.09	-0	0.12	0.07	0.03
	0.61	0.67	0.39	0.29	0.25	0.24	0.16	0.31	0.26	0.21	0.1	0.16	-0.01	-0.01	0.05	0.02	0.03	0.04	-0.03	0.02	0.05	0
	0.54	0.6	0.32	0.26	0.32	0.3	0.14	0.25	0.25	0.09	0.01	0.04	0.03	0.09	0.16	0.07	0.04	0.06	-0.02	-0.01	0.05	0.01



H



S7 Fig. Results of deconvolution of 14 follicular lymphoma tumors samples. We show flow-cytometry measurements versus estimated cell proportions: (A) CDSeq; (B) CIBERSORT; (C) DeconRNAseq; (D) deconf; (E) ssKL. We used 0.6 as a threshold to infer the identities of estimated cell types. We show correlations between estimated csGEPs and the LM22 GEPs: (F) deconf; (G) ssKL; (H) RMSEs of proportion estimations. For deconf and ssKL, we used the cell type with the highest correlation (0.38 and 0.35, respectively) with T cell GEPs as the T cell population.