



República Federativa do Brasil
Ministério da Indústria, Comércio Exterior
e Serviços
Instituto Nacional da Propriedade Industrial

(11) PI 0903187-1 B1



(22) Data do Depósito: 09/09/2009

(45) Data de Concessão: 18/12/2018

(54) Título: MÉTODO DE PREDIÇÃO DA RESPOSTA CLÍNICA DO PACIENTE INFECTADO PELO VÍRUS DA DENGUE DURANTE OS PRIMEIROS DIAS APÓS O INÍCIO DOS SINTOMAS, MÉTODO DE DIAGNÓSTICO DE INFECÇÃO PELO VÍRUS DA DENGUE, E, KIT PARA DETERMINAR O PROGNÓSTICO DA RESPOSTA CLÍNICA DO PACIENTE INFECTADO POR DENGUE

(51) Int.Cl.: G01N 33/48.

(73) Titular(es): FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ.

(72) Inventor(es): ERNESTO MARQUES JUNIOR; ULISSES M. BRAGA-NETO; EDUARDO NASCIMENTO.

(57) Resumo: MARCADOPES PROGNÓSTICOS DE PESPOSTA CLÍNICA DE PACIENTES INFECTADOS COM VÍRUS DA DENGUE A invenção se refere a um método para fornecer o prognóstico de resposta clínica de pacientes infectados com o vírus da dengue conduzido através da análise da expressão de um grupo de genes, bem como polimorfismo alélico e níveis de proteínas codificadas por eles através dos seguintes métodos: microarranjos de DNA, northern blot, PCR, PCR quantitativa, western blot, ELISA e citometria de fluxo, O uso de qualquer dos métodos acima referidos, ou outros relacionados, é a base para desenvolvimento de kits preditores de resposta clínica, desta forma facilitando o manejo clínico.

MÉTODO DE PREDIÇÃO DA RESPOSTA CLÍNICA DO PACIENTE INFECTADO PELO VÍRUS DA DENGUE DURANTE OS PRIMEIROS DIAS APÓS O INÍCIO DOS SINTOMAS, MÉTODO DE DIAGNÓSTICO DE INFECÇÃO PELO VÍRUS DA DENGUE, E, KIT PARA DETERMINAR O PROGNÓSTICO DA RESPOSTA

5 CLÍNICA DO PACIENTE INFECTADO POR DENGUE

Esta invenção diz respeito a prognósticos para a resposta clínica de pacientes infectados pelo vírus da dengue, baseados no nível de expressão dos genes listados nas Tabelas 2-7, ou em suas proteínas codificadas, bem como
10 polimorfismo alélico, em amostras biológicas.

FUNDAMENTOS DA INVENÇÃO

O vírus da dengue é um membro da família Flaviviridae, género flavivírus com quatro sorotipos antigenicamente distintos (DENV-1 a DENV-4). A infecção pelo
15 vírus da dengue é um problema de saúde pública mundial, com uma incidência estimada em 50-100 milhões de casos de febre do dengue (FD ou dengue clássica), resultando em 500.000 casos clínicos de febre hemorrágica do dengue com risco de vida (FHD ou dengue hemorrágica) e 24.000 mortes por ano
20 (Green e Rothman 2006). A FHD é caracterizada por vasculopatia, o que leva a um extravasamento plasmático súbito que reduz o volume sanguíneo e pode resultar em choque hipovolêmico, o que é conhecido como Síndrome de Choque do Dengue (SCD) . Não há nenhuma terapia antiviral para o
25 tratamento da infecção por dengue nem meios para impedir o desenvolvimento da FHD.

Durante a fase aguda da infecção, os pacientes com FD e FHD têm quadros clínicos muito similares. No entanto, a defervescência (depois de 2 a 7 dias do início dos sintomas)
30 é acompanhada por sinais de perturbações circulatórias em pacientes com FHD (OMS 1999). Por isso, acreditamos que a assinatura genética diferenciando as duas diferentes formas

clínicas de dengue poderia ser uma ferramenta poderosa a ser usada em áreas endêmicas para prever a resposta do paciente, facilitando o manejo clínico.

O conceito atualmente aceito como subjacente à imunopatologia da FHD se apóia na sequência de infecção e indução de anticorpos não-neutralizantes (Endy, Nisalak et al. 2004; Pang, Cardosa et al. 2007), bem como na ativação de clones de célula T reativa-cruzada (MANGADA, Endy et al. 2002; Mongkolsapaya, Dejnirattisai et al. 2003; MANGADA Rothman e 2005; Mongkolsapaya, Duangchinda et al. 2006) ambos adquiridos após a infecção primária. Alguns dos "marcadores" de gravidade encontrados no sangue periférico, que foram correlacionados com o extravasamento plasmático na FHD incluem citocinas inflamatórias, quimiocinas e moléculas de aderência expressas em níveis elevados (Green, Vaughn et al. 1999; Juffrie, van der Meer et al. 2000; Mustafa, Elbishbishi et al. 2001; Suharti, van Gorp et al. 2002; Hatfield, Hung et al. 2003; Nguyen, Lei et al. 2004; Cardier, Marino et al. 2005; Tseng, Lo et al. 2005), a ativação de complemento (Avirutnan, Punyadee et al. 2006), além de aumentar a frequência das células ativadas (Green, Vaughn et al. 1999; Azeredo, De Oliveira-Pinto et al. 2006) e ocorrência de apoptose (Mongkolsapaya, et al Dejnirattisai. 2003; Myint, Endy et al. 2006). Estas descobertas contribuíram para o avanço da compreensão dos mecanismos imunológicos envolvidos no desenvolvimento da FHD, mas não foi provado que nenhuma delas seja confiável ou útil como marcador biológico para uso clínico.

O microarranjo de DNA tem sido utilizado como uma ferramenta para localizar "assinaturas genéticas" e prever com sucesso a resposta clínica do paciente com câncer (van de Vijver, He et al. 2002; Chen, Yu et al. 2007), bem como para 5 infecções bacterianas e virais (Ramilo, Allman et al. 2007; Scherer, Magness et al. 2007). Van de Vijver et al (2002) relataram o uso de perfil prognóstico de 70 genes, previamente associado com o risco de metástase distante precoce em pacientes jovens com câncer de mama cujos 10 linfonodos foram negativos para a presença de células cancerosas, como um instrumento de orientação para a terapia adjuvante nesses doentes (van de Vijver, He et al. 2002). Desta forma, melhora-se a seleção de pacientes que iriam se beneficiar com o tratamento adjuvante sistêmico, reduzindo as 15 taxas tanto de tratamento excessivo como de subtratamento.

No modelo de infecção de dengue, o padrão de expressão gênica foi caracterizado junto com a fase de infecção em pessoas acometidas com a forma mais grave da doença, em duas diferentes coortes de dengue: Simmons et al. (2007) mostraram 20 uma assinatura molecular em Células Mononucleares do Sangue Periférico (PBMCs), representando as fases aguda e convalescente da Síndrome de Choque do Dengue e eles relataram que os transcritos gênicos para 24 genes estimulados por IFN foram menos abundantes em adultos (6 25 pacientes) com síndrome de choque do dengue do que em 8 pacientes com dengue sem SCD, enquanto que genes envolvidos em apoptose estavam expressos em maior quantidade (Simmons, Popper et al. 2007). Recentemente Ubol et al (2008) em uma coorte de crianças da Tailândia confirmaram conceitualmente

os resultados mostrados neste relatório e no estudo vietnamita, associando a diminuição da resposta imune inata e o aumento da apoptose com o desenvolvimento de FHD (Ubol, Masrinoul et al. 2008), mas o padrão genético difere do que mostramos aqui. Uma possível razão pode ser a faixa etária utilizada, na medida em que sabe-se que fenotipicamente o repertório da resposta imune é diferente durante os primeiros anos, onde predomina a resposta inata, comparativamente aos adultos (Pettiford, Jason et al. 2002). Em contraste, Kruif et al. (2008) relataram uma associação geral da gravidade do dengue e maior quantidade de expressão dos genes envolvidos na resposta imune inata (de Kruif, Setiati et al. 2008).

Vários exames laboratoriais de dengue baseados em sorologia ou detecção viral estão disponíveis e são capazes de confirmar o diagnóstico de infecção de dengue. Quando utilizados separadamente, cada um desses exames têm limitações, porém, quando utilizados nas combinações corretas, é possível confirmar ou afastar com segurança o diagnóstico de infecção pelo vírus da dengue. No entanto, a maior limitação no manejo clínico de casos de dengue é a capacidade do clínico avaliar o risco de um determinado paciente infectado de dengue desenvolver os seus sintomas fatais e a sua real necessidade de ser hospitalizado. A incidência de FHD é de aproximadamente 1% e é fatal se não for tratada rapidamente. Mesmo sob assistência médica a taxa de mortalidade devido a FHD pode atingir 10 a 20%. Infelizmente a maior parte dessas mortes poderiam ser evitadas com os cuidados médicos adequados. Um dos principais culpados da falta de assistência adequada é o caos causado pelos grandes

surtos. A Organização Mundial de Saúde (OMS) estabeleceu critérios clínicos para definir os casos de FHD, mas as dificuldades tanto para preencher esses critérios como para identificar precocemente os casos graves, fazem com que o manejo clínico das formas graves da doença se torne um desafio até mesmo maior (Bandyopadhyay, Lum et al. 2006; Deen, Harris et al. 2006). Por isso, a busca de novas ferramentas para prever a resposta clínica do paciente é essencial para facilitar a avaliação da necessidade de intervenções médicas.

10 **SUMÁRIO DA INVENÇÃO**

A presente invenção consiste num método de avaliar a resposta clínica do paciente infectado com o vírus da dengue durante a fase aguda da infecção e antes de surgirem os sinais de vasculopatia. O método consiste na análise dos níveis de expressão de um grupo de genes (Tabelas 2-7), ou proteínas codificadas por eles, assim como polimorfismos alélicos.

Num aspecto da invenção, a predição da resposta clínica dos pacientes infectados com o vírus da dengue é baseada na análise de expressão dos 73 genes mostrados na Tabela 6, originados pela combinação dos melhores 200 genes mais significativos (menor valor p) e 200 maiores diferenças na expressão (magnitude fold change) entre dengue clássica e dengue hemorrágica.

Num outro aspecto da invenção, os genes na Tabela 2 são usados para caracterização e diferenciação da expressão gênica em pessoas infectadas com vírus da dengue (FD + FHD) de outras causas de doenças febris (não dengue ou ND).

Ainda um aspecto da invenção, diz respeito ao uso da Análise de Discriminação Linear, como regra de classificação, e resubstituição potencializada (bolstered resubstitution), como estimador de erro, de genes na forma isolada, dupla, 5 trio ou mais genes para prever resposta clínica de pacientes infectados com vírus da dengue.

Em outro aspecto da invenção, a expressão de duplas de genes baseados na lista de 1981 genes (Tabela 7) é usada como classificador para prever resposta clínica de pacientes 10 infectados com vírus da dengue.

Em outro aspecto da invenção, a expressão de trio de genes baseados na lista de 1981 genes (Tabela 7) é usada como classificador para prever resposta clínica de pacientes infectados com vírus da dengue.

15 Em outro aspecto da invenção, a expressão de quarteto de genes baseados na lista de 1981 genes (Tabela 7) é usada como classificador para prever resposta clínica de pacientes infectados com vírus da dengue.

Em ainda um outro aspecto da invenção, a avaliação da 20 expressão gênica pode ser realizada por qualquer das técnicas destinadas a detectar RNA, cDNA, cRNA (PCR, RT-PCR, PCR quantitativa, microarranjo de DNA, Northern blotting e outros).

Em ainda um outro aspecto da invenção, a avaliação dos 25 níveis dos produtos proteicos codificados pelos genes mostrados na Tabela 7 pode ser realizada por qualquer técnica destinada a detectar formas desnaturadas e nativas das proteínas (ELISA, Western blotting, dot-blotting, citometria de fluxo e outros).

BREVE DESCRIÇÃO DAS FIGURAS

FIG. 1 mostra medidas de ruído e eficiência. A seta indica o único arranjo, no grupo não dengue, que mostrou reduzida tanto a relação sinal/ruído quanto percentagem de chamadas presentes.

FIG. 2 é um gráfico de degradação de RNA.

FIG. 3 mostra a análise exploratória dos dados baseados nos 1981 genes selecionados. (A) dendrograma de agrupamento hierárquico. (B) Gráfico MDS 2-D. (C) Gráfico MDS 3-D. A elipse em (B) representa os dois maiores grupos de amostras.

FIG. 4 mostra os 40 melhores genes diferencialmente expressos entre amostras FD e FHD. (A) Mapa de expressão com anotação do GeneBank. (B) Dendrograma de agrupamento hierárquico (apenas os 40 melhores genes). (C) Gráfico MDS 3-D (apenas os 40 melhores genes).

FIG. 5 mostra o classificador para o par de genes PSMB9 e MT2A, na discriminação de FD contra FHD. Menor expressão de ambos os genes é característica de FHD, enquanto maior expressão de ambos os genes é característica de FD. A probabilidade estimada de erro para este classificador é de apenas 5.38%.

FIG. 6 mostra níveis de expressão de genes para discriminação entre pacientes FD e FHD. (A) para todos os genes testados, os ensaios de pPCR foram realizados usando uma mistura de 8 pacientes FD e 8 FHD usados no ensaio de microarranjos. (B) Para todos os genes, os ensaios de qPCR foram realizados para um grupo de 8 amostras FD e 8 FHD usados no ensaio de microarranjo (coluna branca), ou um grupo de 8 amostras FD e 8 FHD independentes (coluna cinza). O

experimento foi realizado duas vezes e cada grupo foi analisado em triplicata.

FIG. 7 fornece gráficos Vulcões mostrando os valores p correlacionados com a magnitude de diferença de expressão (fold change) em pacientes FD versus FHD e casos de dengue (FD+FHD) versus não dengue. Os genes destacados em vermelho e azul representam os 40 melhores genes de acordo com os valores p e magnitude de diferença de expressão respectivamente.

10 DESCRIÇÃO DETALHADA DA INVENÇÃO

A tecnologia de microarranjos de DNA é uma importante ferramenta para estudar a expressão de RNAm simultaneamente de todos os genes num genoma. Esta tecnologia consiste de milhares de diferentes sequências de DNA representando diferentes genes adsorvidos em regiões conhecidas de uma matriz sólida, tais como lâmina de vidro. As lâminas podem ser hibridizadas com sondas derivadas de RNAm de células ou tecidos. Arranjos de oligonucleotídeos (composto por DNA de 25-mers) se baseia na estratégia do pareamento perfeito/despareamento (match/mismatch) da sonda no chip de DNA, onde são usadas sondas que pareiam perfeitamente (match) e sondas que diferem da primeira por uma base em seu centro (mismatch) e que por isso não hibridizam ao chip de DNA. Neste tipo de microarranjo, apenas um fluorocromo é usado para 25 marcação do RNA complementar (RNAc) e o sinal é detectado usando um equipamento de escaneamento óptico. A quantificação da sonda hibridizada é realizada comparando os sinais dos oligos "mismatch" (hibridização não específica) e os oligos que pareiam perfeitamente (match).

Microarranjos de DNA tem sido usado como ferramenta para achar "assinaturas gênicas" e predizer com sucesso a resposta clínica de pacientes com câncer (van de Vijver, He et al. 2002; Chen, Yu et al. 2007) assim como para infecções bacterianas e virais (Ramilo, Allman et al. 2007; Scherer, Magness et al. 2007). van de Vijver et al (2002) relataram o uso de perfil prognóstico usando 70 genes como ferramenta para guiar a terapia adjuvante nesses pacientes através da seleção daqueles pacientes que realmente se beneficiariam desse tratamento adjuvante sistêmico e reduzindo tanto a taxa de tratamento excessivo ou subtratamento. Os 70 genes utilizados por esses autores foram previamente associados com risco de metástase distante em pacientes jovens com câncer de mama e cujo linfonodos foram negativos para a presença de células cancerosas (van de Vijver, He et al. 2002).

Há muitas evidências que fatores genéticos, envolvidos em susceptibilidade/resistência à doenças infecciosas, influenciam a resposta imune em humanos. Esses fatores são complexos e geneticamente controlados e não seguem um perfil de herança Mendeliana (Clementi and Di Gianantonio 2006). Alguns desses fatores identificados por microarranjos de DNA são envolvidos com alteração da regulação gênica e algumas vezes devido a polimorfismos que interferem com a expressão gênica de várias formas, seja diretamente se ligando ao promotor, seja interferindo na cascata de sinais que interfere com a ativação gênica. Polimorfismo genético do hospedeiro relacionado com resposta imune tem sido mostrado estar correlacionado com expressão gênica alterada e susceptibilidade a desenvolver FHD, tais como o alelo TNF-308,

associado com elevados níveis de $TNF\alpha$, tem sido correlacionado com aumentado risco de desenvolver a forma mais grave da doença (Fernandez-Mestre, Gendzekhadze et al. 2004; Soundravally and Hoti 2007). Uma associação tem sido recentemente relatada entre o genótipo selvagem AA MBL2, altos níveis de MBL e alto risco de desenvolver trombocitopenia associado com infecção pelo vírus da dengue (Acioli-Santos, Segat et al. 2008). Por outro lado, polimorfismo no promotor de CD209 (Sakuntabhai, Turbpaiboon et al. 2005), foi associado com reduzida expressão de DC-SIGN e, possivelmente, reduzida susceptibilidade de células dendriticas a infecção pelo vírus da dengue. Portanto, a procura por alteração na expressão gênica entre diferentes quadros clínicos de dengue usando microarranjos de DNA pode elucidar em alta escala os fatores genéticos e mecanismos imunopatológicos relacionados com gravidade da dengue.

Usando essa tecnologia, o perfil de expressão gênica foi caracterizado em pessoas que desenvolveram FHD em duas diferentes coortes: Simmons et al. (2007) mostraram uma assinatura molecular em células mononucleares de sangue periférico (PBMC) representando as fases aguda e convalescente de pacientes que desenvolveram a síndrome de choque de dengue (SCD). Neste trabalho eles relataram que transcritos gênicos para 24 genes estimulados por interferon estavam menos abundante em adultos (6 pacientes) com SCD do que e 8 pacientes com pacientes FHD que não desenvolveram choque, enquanto aqueles genes envolvidos em apoptose estavam expressos em maior quantidade. Recentemente Ubol et al (2008) numa coorte de crianças Tailandesas também observaram redução

na expressão de genes da imunidade inata e aumento da expressão de genes envolvidos em apoptose com gravidade da infecção pelo vírus da dengue (Ubol, Masrinoul et al. 2008).

5 Durante a fase aguda da infecção, pacientes afetados com a forma benigna (FD) e maligna (FHD) da doença desenvolvem o mesmo quadro clínico. No entanto, durante o período de defervescência (4 a 7 dias do início dos sintomas) é acompanhado pelos distúrbios circulatórios, cuja magnitude é diretamente proporcional a gravidade da doença (WHO 1999). Com
10 isso, os eventos que precedem a defervescência são determinantes para resposta clínica do paciente.

A presente invenção fornece o uso da expressão diferencial de um grupo de genes como ferramenta prognóstica para prever resposta clínica de pacientes infectados com
15 dengue baseado nos dados de expressão gênica obtida, antes de começarem os sintomas circulatórios, usando microarranjos de oligonucleotídeos. Amostras de sangue heparinizado (também pode ser utilizado citrato de sódio ou EDTA como anticoagulante) coletados de pacientes (Tabela 1), cuja
20 infecção pelo vírus da dengue foi confirmada por sorologia para IgM assim como isolamento viral ou detecção de RNA viral através de RT-PCR; foram usados. Isolamento de PBMC usando gradiente de densidade pode ser usado para minimizar o "ruído" causado pelos granulócitos. Consequentemente,
25 moderada a pequena mudanças na expressão gênica entre as diferentes manifestações clínicas de dengue pode ser prontamente detectada. Uma vez obtidas as amostras contendo as células, o RNA mensageiro ou total pode ser extraído e amplificado para avaliação da expressão gênica. O RNA

amplificado é então marcado para que este possa ser hibridizado num microarranjo de DNA, que por sua vez, é escaneado e os dados obtidos são processados para a obtenção dos dados de perfil de expressão gênica.

5 A qualidade dos dados do microarranjo de DNA é avaliada usando vários critérios:

inspeção visual,
 medida da relação ruído/eficiência,
 genes controles embutidos (spiked in) de amplificação
 10 (dap, thr, phe, lys) e hibridização (bioB, bioC, bioD, cre),
 expressão de genes constitutivos (GAPDH - gliceraldeído-3-fosfatase desidrogenase humano- e beta actina), e
 gráficos de degradação de RNA.

Inspeção visual baseada em arquivos de alta definição
 15 DAT não deve revelar sinais de arranhões ou manchas e as sondas oligos B2 devem ser visíveis (perfil de tabuleiro de xadrez bem como o nome do arranjo).

Medida da relação ruído/eficiência é feita pelo programa MAS 5.0. Fator Q de ruído, background, fator de escalonamento
 20 e percentagem de sondas presentes devem ser similar entre os microarranjos.

A seleção dos genes preditores de resposta clínica de pacientes infectados com vírus da dengue, bem como aqueles característicos de infecção pelo vírus da dengue independente
 25 da manifestação clínica [comparação entre casos de dengue (FD + FHD) e grupo não dengue ou ND, cuja etiologia da doença febril foi desconhecida mas que foi descartada a possibilidade de ser pelo vírus da dengue], foi baseado em 26 microarranjos de oligonucleotídeos distribuídos como se segue:

7 oriundos de pacientes com FD, 10 de pacientes FHD e 8 de
pacientes ND. Esses microarranjos foram analisados através do
programa Affymetrix MAS 5.0 (Hubbell, Liu et al. 2002) para
normalizar os dados e produzir sinal e detectar as sondas
5 presentes dentre os 54.675 transcritos gênicos em cada
microarranjo. Desses, 12.299 transcritos foram considerados
presentes ($p < 0.04$) em todas os microarranjos, enquanto 20.365
transcritos foram considerados ausentes em qualquer dos
microarranjos. Para manter apenas os genes mais promissores
10 para futuras análises, foram empregados dois filtros
inespecíficos: (i) filtro de detecção para eliminar genes não
expressos, o que manteve apenas os genes considerados
presentes em pelo menos 24 dos 26 microarranjos, resultando
num total de 15.848 genes. Desta forma, foram tolerados 3.549
15 genes ($15.848 - 12.299 = 3.549$) que foram considerados
ausentes em um ou dois microarranjos; (ii) filtro de
variância para eliminar genes de expressão constitutiva, o
que manteve os maiores 1/8 dos 15.848 genes previamente
citados, resultando em 1981 genes com potencial prognóstico
20 (Tabela 7). Esses genes foram confirmados como potenciais
prognósticos quando foram realizados agrupamento hierárquico
e escalonamento multidimensional em 2D e 3-D (Figure 3),
revelando a formação de dois grandes grupos, um grupo
contendo amostras ND e metade das amostras FD; e outro grupo
25 contendo pacientes FHD, duas amostras ND e a outra metade dos
pacientes FD. A medida de dissimilaridade usada foi $1 - r$,
onde r é correlação de Pearson dos valores transformados em
log. Os microarranjos foram coloridos de acordo com a classe
diagnóstica. Nota-se que as amostras FHD constituem um grupo

mais coeso do que o grupo ND, representado por pacientes com doenças febris de etiologia desconhecida. Enquanto as amostras FD podem ser divididas em dois grupos, um similar e outro diferente das amostras FHD, este último estando mais próximo das amostras ND. O pequeno valor de estresse (13.52% no Gráfico 2-D e 7.32% no Gráfico 3-D), particularmente no Gráfico 3-D significa que a estrutura que os dados representam é intrinsecamente de baixa dimensão, o que indica que um pequeno número de assinaturas gênicas pode representar o conteúdo discriminatório dos dados.

Em seguida foi realizado um teste estatístico entre as médias (Welch two-sample t-tests) para achar os genes que foram diferencialmente expressos entre os diferentes grupos analisados. Duas comparações foram consideradas: FD verso FHD e Dengue (FD+FHD) verso ND. Gráficos de vulcão na Figura 4 mostram que os valores p foram bem correlacionados com magnitude de diferença de expressão (fold change) em ambas as comparações. A lista de genes com maiores "fold-change" mostrados nos gráficos vulcão são mostrados nas Tabelas 2 e 3.

A Figura 5 mostra o mapa de expressão para os 40 mais significativos (menores valores p) genes que discriminam os grupos FD de FHD de acordo com o critério do teste Welch t, assim como o agrupamento hierárquico e gráficos MDS para os mesmos 40 genes.

Entre os 200 mais significativos genes diferencialmente expressos entre FD e FHD de acordo com o Welch two-sample t-tests foi comparado com 200 genes com maiores "fold-change" da média de expressão dos níveis de RNAm, há 73 genes em comum (Tabela 6), o que representa os melhores genes mais

significativos e com maior diferença na magnitude de expressão (fold-change) entre FD e FHD.

Dentre os genes diferencialmente expressos entre FD e FHD, 19 fazem parte da categoria de resposta imune, incluindo HLA-DP $\alpha\beta$ genes, complement factor D, CX3CR, MyD88, TNFSF17 (BCMA), TNFSF13 (APRIL). Sete genes foram incluídos no grupo de resposta a defesa, entre eles temos o gene de Resistência a mixovírus (Mx), 2', 5'-oligoadenilato sintetase (OAS1 and OAS2) e fatores estimulados por IFN. Estes foram expressos em menor magnitude em pessoas que depois desenvolveram FHD. Este genes tem sido implicados em resposta imune inata, confirmando que esse braço da resposta imune pode ser crucial para a resposta clínica de pacientes infectados com o vírus da dengue. Além disso, 6 genes (PDCD4, PACAP, Tumor protein D52, MAGED1, pro-apoptotic caspase adaptor protein and TNF ligand super family) associados com apoptose estão expressos em maior quantidade em pacientes FHD. Além disso, CD53, uma tetraspanina produzida por monócitos e linfócitos B e previne essas células de sofrerem apoptose (Yunta and Lazo 2003) estava expressa em menor quantidade no grupo FHD, reforçando a premissa de que aumento de células que sofre apoptose está associado com desenvolvimento da forma mais severa da doença.

Comparando com o estudo conduzido por Simmons et al (2007) (Simmons, Popper et al. 2007), existe uma consistência nos genes propostos como sendo prognósticos para desenvolvimento de FHD. Neste estudo, alguns genes estimulados por IFN, cuja expressão estava reduzida em pacientes desenvolvendo SCD, tais como as MX, IFIT, and OAS, bem como níveis elevados de "pro-apoptotic caspase adaptor protein" e

PDCD5 (programmed cell death 5) fazem parte da nossa lista de genes prognósticos.

Desta forma, com base nos 1981 genes identificados foram selecionados grupos de genes marcadores de FHD para serem utilizados em ensaios mais simples, tais como PCR quantitativa. Para isso, foi realizada uma seleção exaustiva com todas as possíveis combinações de genes isolados ou combinados em forma de dupla ou trio, através análise discriminante linear como método de classificação, implementado pela estimativa direta das médias das amostras e matrizes de covariância para cada classe diagnóstica (Braga-Neto 2005); e precisão de classificação estimada pelo método de resubstituição potencializada (bolstead resubstitution, Braga-Neto 2004), que é ideal para seleção de grupo de genes numa situação com número menor de amostra (Sima, Attoor et al. 2005; Sima, Braga-Neto et al. 2005).

A Tabela 5 mostra os melhores genes na forma isolada (40) ou combinada [dupla (40) ou trio (100)], ranqueados pelo erro estimado. Há 37 únicos genes entre os melhores 40 pares, enquanto há 86 únicos genes em os melhores 100 trios. A lista de trios é dominada pelos genes PSMB9, MT2A e LOC400368. A média do erro estimado para os melhores classificadores contendo 1 gene (40) = 0.1639 ± 0.0286 , 2 genes (40) = 0.0686 ± 0.0096 , 3 genes (100) = 0.0395 ± 0.0040 , o que indica que a classificação usando pares de genes é mais precisa que 1 gene, enquanto a classificação utilizando 3 genes é mais precisa do que 2 genes (a margem de erro acima se refere a um intervalo de confiança de 95%). O método de seleção acima descrito com 2 ou 3 genes tem um potencial de "selecionar" genes que

não são possíveis de serem encontrados usando métodos univariados, tais como t-test. Isto pode ser visto na lista com os melhores duplas de classificadores. Por exemplo, o gene HLA-F (cuja expressão é reduzida in FHD em relação a FD).

5 A Figura 6 mostra o gráfico contendo um dos genes classificadores baseado na dupla de genes PSMB9 e MT2A. A probabilidade de erro em futuros dados para este classificador é de 5.38%. Neste caso, reduzida expressão de ambos os genes é característica de FHD, enquanto aumento de
 10 expressão é característica de FD. Para confirmar a potencialidade desses genes como preditores de gravidade de dengue, selecionamos alguns (PSMB9, MT2A, HLA-F and C3aR1) para desenvolver ensaios de RT-PCR quantitativo com amostras FD e FHD. Os genes foram amplificados e detectados usando o
 15 ensaio de expressão gênica TaqMan® com iniciadores (primers) e sondas comercialmente disponíveis (Applied Biosystems). O RNA foi extraído com auxílio do kit RNeasy (Qiagen). O RNA total foi reversamente transcrito usando o sistema de síntese da primeira fita SuperScript III para PCR quantitativo usando
 20 iniciadores aleatórios (random primers) e a PCR quantitativa foi realizada no ABI PRISM 7500 (Applied Biosystems). Beta actina foi usado como controle endógeno e todos os dados foram normalizados baseados neste gene constitutivo. As amostras usadas neste ensaio são descritas na Tabela 1
 25 (amostras de pacientes ND, bem como os pacientes FHD 105 e 112 não foram usados). Os resultados de RT-PCR quantitativa foram comparáveis com aqueles obtidos nos ensaios de microarranjos (Figura 7). Além disso, usando um grupo de amostras independentes daquelas amostras usadas nos ensaios

de microarranjos, os níveis de expressão dos genes citados acima também foram confirmados (Figura 7). Desta forma, os resultados do ensaio de PCR quantitativa confirmaram a expressão dos genes selecionados em amostras coletadas na primeira visita médica de um paciente infectado com vírus da dengue, podendo prever se uma pessoa infectada pelo vírus da dengue pode desenvolver ou não FHD. Portanto, o objeto desta invenção representa um meio útil de guiar o manejo clínico de pacientes com dengue.

Métodos de escolha para estabelecer níveis de expressão gênica para predição de resposta clínica de pacientes com dengue incluem microarranjos de DNA, RT-PCR, northern blot, RT-PCR competitiva, RT-PCR em tempo real, differential display RT-PCR. Enquanto é possível conduzir essas técnicas usando reações de PCR individuais, é melhor amplificar o DNA complementar (cDNA) e analisá-lo via PCR quantitativa e então normalizar os resultados usando a expressão de algum gene constitutivo. Em seguida, as análises poderão ser feitas usando quantificação tanto absoluta quanto relativa para que o perfil de expressão gênica possa ser determinado.

Níveis de proteínas codificadas pelos genes preditivos de gravidade da dengue, quantificados de qualquer fluido corpóreo (sangue, plasma, soro, exudados) podem ser usadas para prognóstico de gravidade da dengue. No entanto, amostras de plasma são preferidas. Para estes tipos de amostras, qualquer ensaio imunológico (ELISA, imunofluorescência, western blot, dot blot etc) pode ser empregado. Além do mais, níveis de proteínas podem ser indiretamente avaliados através da análise da frequência de células (PBMC, por exemplo)

expressando uma dada proteína em qualquer compartimento de células por citometria de fluxo.

O uso de qualquer dos métodos acima mencionados e outros relacionados constitui uma fonte para desenvolvimento de kits preditores de gravidade da dengue durante a fase aguda da infecção e antes que o extravasamento plasmático ocorra em pacientes FHD.

A invenção é ilustrada pelo seguintes exemplos a seguir os quais não devem ser considerados como limitantes do escopo de proteção.

EXEMPLOS

Os genes analisados de acordo com esta invenção são tipicamente relacionados a completa sequência de ácidos nucleicos que codificam para produção de uma proteína ou peptídeo. No entanto, a identificação da sequência completa não é necessária do ponto de vista analítico. Isto é, porções da sequência ou ESTs podem ser selecionadas de acordo com os princípios bem conhecidos para as quais as sondas podem ser desenhadas para avaliar a expressão gênica para o correspondente gene.

Exemplo 1 - Desenho da coorte de dengue e estratégia para estudos de genômica funcional

Uma coorte de casos febris de casos suspeitos de infecção pelo vírus da dengue atendidos em 3 hospitais da cidade de Recife, Pernambuco, Brasil, foi estabelecido e descrito (Cordeiro, Schatzmayr et al. 2007; Cordeiro, Silva et al. 2007). Brevemente, apenas a completa explicação dos objetivos do estudo, a cada participante desta coorte (ou responsável) foi solicitado a assinatura do termo de

consentimento e foi pedido uma doação sequencial de sangue dentro de um período de 30 dias após o início dos sintomas. Soro, plasma e PBMC foram separados e criopreservados. O diagnóstico de dengue foi realizado através de isolamento viral em células C6/36 (Igarashi 1978) e RT-PCR (Lanciotti, Calisher et al. 1992) nas amostras coletadas no dia da admissão (primeira amostra) assim como através de sorologia para identificação de IgM (Bio-Manguinhos, Fundação Oswaldo Cruz, Brasil ou PanBio, Pty., Ltd., Brisbane, Austrália) e IgG (PanBio, Pty., Ltd., Brisbane, Austrália) anti-dengue na primeira e subsequentes amostras. O tipo de infecção foi caracterizado baseado na cinética de produção de IgM/IgG e títulos de anticorpos em ensaio de inibição de hemaglutinação (HI) (Clarke and Casals 1958).

Os casos de dengue (confirmados por sorologia, RT-PCR ou isolamento viral) foram clinicamente classificados de acordo com o critério da Organização Mundial de Saúde em duas classes: febre de dengue (FD ou dengue clássica) e febre hemorrágica do dengue (FHD) (OPAS 1995). Os casos de FD foram caracterizados por febre (39°C to 40°C) durando até 7 dias acompanhado por pelo menos 2 dos sintomas, tais com odor de cabeça, dor retrorbital, mialgia, artralgia e rash. Os casos de FHD foram definidos com a mesma sintomatologia encontrada em FD, mas com evidência de hemorragia, trombocitopenia (plaquetas <1000.000/mm³) e extravasamento plasmático seguindo a defervescência.

Este estudo foi revisado e aprovado pelo comitê de ética do Ministério da Saúde Brasileiro CONEP : 4909; Processo nº 25000.119007/2002-03; CEP: 68/02. Além disso, o comitê de

revisão institucional da Universidade Johns Hopkins (EUA) também revisou e aprovou este estudo como protocolo JHM-IRB-3: 03-08-27-01.

Os estudos de genômica funcional foram realizados com amostras de PBMC coletadas no momento da primeira visita médica. Amostras provenientes de 18 casos confirmados de dengue (RT-PCR, isolamento viral e/ou IgM positivos), genótipo III, e 8 amostras controles provenientes de casos febris que foram negativos para dengue em todos os testes realizados em 3 ou mais amostras (aqui chamados de não dengue ou ND) foram usados nessa avaliação. As amostras foram divididas em três grupos: FD, FHD e ND. As amostras referentes a esses três grupos foram selecionadas para evitar diferença significativa em relação a idade, gênero, histórico de infecção pelo vírus da dengue e dias de sintomas. Nenhum dos pacientes apresentaram sintomas de FHD no momento que as amostras usadas nessa avaliação foram coletadas. No momento da coleta das amostras, os pacientes relataram que tiveram sintomas por menos de 8 dias (media de 5.3 dias). Entre os casos confirmados de dengue, 8 foram caracterizados como FD e 10 foram classificados como FHD (Tabela 1). Em negrito na Tabela 1 estão indicadas as amostras usadas exclusivamente nos ensaios de qPCR. FD: febre do dengue; FHD: febre hemorrágica do dengue; ND: Non-Dengue; M: macho; F: fêmea; Pos: positivo; Neg: negativo; -: sem informação.

Exemplo 2 - Processamento das amostras para hibridização nos chips gênicos

Amostras de sangue coletados dos pacientes cadastrados nesta avaliação foram coletadas em tubos vacutainers

heparinizados (BD Vacutainer) e dentro 2 horas da coleta, as amostras PBMC foram separadas por gradiente de densidade usando Ficoll-Paque (Amersham Biosciences) e criopreservadas em 10% (v/v) de dimetil sulfoxide (DMSO; Sigma-Aldrich) em soro fetal bovino inativado (FBS; Hyclone). Quatro milhões de células foram descongelados e imediatamente lisadas com Trizol (Invitrogen) para extração de RNA total com clorofórmio e precipitação com álcool isopropílico de acordo com as instruções do fabricante [a expressão usando amostras frescas ou congeladas foram comparadas e se mostraram ser similares, razão pela qual células congeladas foram escolhidas para estudos de genômica funcional (dados não mostrados)].

O RNA total foi, então, purificado usando o kit RNeasy MinElute Cleanup (Qiagen) de acordo com o protocolo do fabricante e quantificado por espectrofotometria a 260nm e 280nm (espectro ultravioleta). RNA total foi usado para a síntese de RNA complementar (cRNA) através do kit de marcação do alvo em dois ciclos (Affymetrix). Brevemente, RNA isolado de PBMC foi marcado com biotina e hibridizado a microarranjos de oligonucleotídeos (Affymetrix) usando um método de síntese de cDNA em dois ciclos. No primeiro ciclo, a primeira fita de cDNA foi preparada usando um iniciador T7-(dT) e a transcriptase reversa Superscript II (Invitrogen) a partir de 10-100ng de RNA celular. A síntese da segunda fita foi realizada usando DNA polimerase I de *Escherichia coli* e cDNA de dupla fita foi usado no ensaio de transcrição *in vitro* (IVT) para amplificação de cRNA usando o kit Megascript T7 (Ambion). O produto deste primeiro ciclo de reações foi usado

para transcrição reversa de cDNA como descrito para o primeiro ciclo. Este cDNA foi usado para IVT para síntese de cRNA marcado com biotina, que foi fragmentado e enviado para o Microarray Core Facility na Universidade Johns Hopkins para hibridização do cRNA ao chip de DNA humano U133 Plus 2.0 (Affymetrix), marcação e escaneamento.

Exemplo 3 - Controle de qualidade dos microarranjos

A qualidade dos dados dos microarranjos foi avaliada usando os seguintes critérios: inspeção visual, medidas da relação ruído/eficiência, controles embutidos, expressão de genes constitutivos, e gráficos de degradação de RNA. Inspeção visual baseada em arquivos de alta resolução DAT não revelaram arranhões ou manchas, e as sondas B2-oligo (num formato de tabuleiro de xadrez e o nome do microarranjo) foram também visíveis. Medidas de ruído/eficiência foram feitas pelo programa Affymetrix MAS 5.0 que pode ser usado para avaliar a qualidade dos microarranjos (Figure 1). Fatores Q de ruído, background, fatores de escalonamento e percentagem de genes presentes foram similares em todas os microarranjos. Os valores médios de background foram abaixo de 100 para 20 dos 26 microarranjos; os fatores de escalonamento foram dentro da ordem de 3x para 25 dos 26 microarranjos; e a percentagem de genes presentes foi em torno de 40% ou mais para 25 dos 26 microarranjos. Nenhum dos 6 microarranjos que apresentaram alto background tiveram uma taxa de genes presentes significativamente abaixo de 40%. Todos as sondas 3' e as sondas da parte intermediária para todos os genes controles embutidos (dap, thr, phe, lys) estavam presentes em todos os microarranjos, assim como para

o grupo de genes procarióticos usados para o controle da hibridização (bioB, bioC, bioD, cre) e genes constitutivos GAPDH (gliceraldeído-3-fosfatase desidrogenase humano) e beta-actina. Além do mais, o gráfico de degradação de RNA mostrando a intensidade média das sondas na mesma posição numérica em todos os grupos de sondas (para todos os genes) demonstra uma consistente tendência de aumento na intensidade de sinal a partir do final 5' para o final 3', o que é esperado devido a decréscimo na eficiência na síntese de cDNA (Figura 2).

Exemplo 5 - Validação dos dados de Microarranjo de DNA através de PCR em tempo real quantitativo

Quatro genes diferencialmente expressos entre DF e FHD (MT2A, PSMB9, C3aR1 e HLA-F) foram selecionados para quantificação por PCR em tempo real quantitativo (qPCR). Os genes foram amplificados e detectados usando ensaios de expressão gênica TaqMan® com iniciadores e sondas comercialmente disponíveis (Applied Biosystems). Extração de RNA foi realizada usando o kit RNease (Qiagen) de acordo com as instruções do fabricante. RNA total foi reversamente transcrito a cDNA usando o sistema de síntese de primeira fita Superscript III (Invitrogen) para qPCR usando iniciadores aleatórios (radom primers) de acordo com a sugestão do fabricante. qPCR foi realizado no aparelho ABI PRISM 7500 (Applied Biosystems). O gene para beta actina foi selecionado como um controle endógeno e todos os dados foram normalizados contra este. A reação foi realizada em triplicata e incluiu 2 µl de cDNA, iniciadores (20 µM cada) e 6.25 µM da sonda específica ou comercialmente pré-desenhada

mistura para ensaio de expressão gênica (Applied Biosystems), beta-actina humana (Applied Biosystems), mistura universal para PCR TaqMan (Applied Biosystems) e água adicionados para um volume final de 25 µl. Triplicatas de controles não templates (NTC) foram incluídos cada vez que qPCR foi realizada. Os ciclos de reações foram: após incubação de 2-min a 50°C e 10 minutos a 95°C, as amostras passaram por 40 ciclos de 95°C por 15 segundos e 60°C por 1min. A linha de base e o "threshold" utilizados para a determinação do "Cycle threshold" foram ajustados manualmente através do programa Sequence Detection Software, versão 1.4 (Applied Biosystems). A eficiência de amplificação (E) da molécula-alvo foi calculada a partir da fórmula ($E = 10^{(-1/\text{Slope})} - 1$) onde "slope" é inclinação da reta gerada pelos Cts obtidos de curva padrão, dado automaticamente pelo programa. Para os cálculos de quantificação relativa, foi utilizado o método baseado nos valores de Delta Ct [ABI PRISM® 7000 Sequence Detection System and AppliedBiosystems 7500 Real-Time PCR System - User Bulletin, Applied Biosystems] uma vez que os ensaios apresentam eficiência de amplificação de 100% ± 10% [Application Note 127AP05-02]. As amostras usadas nos ensaios de qPCR são descritas na Tabela 1 (amostras de pacientes ND e pacientes FHD número 105 e 112 não foram usados).

Exemplo 6 - Análise Estatística

Controle de qualidade dos dados dos pacientes, análise estatística e gráficos foram realizados usando o programa Affymetrix MAS 5.0 (Hubbell, Liu et al. 2002) e o pacote estatístico R de acesso aberto, versão 2.5.0 (Ihaka 1996) e biblioteca adicional, em particular a biblioteca BioConductor,

versão 1.16 (Gentleman, Carey et al. 2004). Dendogramas e gráficos MDS foram produzidos com as funções R "hclust" e "isoMDS", respectivamente, enquanto os mapas de expressão (heatmaps) foram obtidos com as funções "hset.emap" e "heatmap". Os valores p correspondentes a two-tailed Welch's two-sample t test foram obtidos com a função "t-test". Análise de categoria funcional foi realizada com o programa EASE (Expression Analysis Systematic Explorer) no website DAVID Bioinformatic (<http://david.abcc.ncifcrf.gov>) (Dennis, Sherman et al. 2003). O método de classificação usou análise discriminante linear implementado pela direta estimativa da média das amostras e matrizes de covariância para cada classe diagnóstica (Braga-Neto 2005). A precisão da classificação foi estimada pelo método de resubstituição potencializada (bolsted resubstitution, Braga-Neto 2004), que é adequado para seleção de grupo de genes quando o número de amostra é baixo (Sima, Attoor et al. 2005; Sima, Braga-Neto et al. 2005).

Exemplo 7 - Processamento dos dados de Microarranjos de DNA

Programa Affymetrix MAS 5.0 foi usado para escalonar os dados e produzir sinal e "detection calls" para os 54.675 genes em cada dos 26 microarranjos. Destes, 12.2999 foram considerados presentes ($p < 0.04$) em todas os microarranjos, enquanto 20.365 não estavam presentes em nenhum dos microarranjos. Para manter apenas os genes promissores para futuras análises, foram empregados dois filtros não específicos: (i) filtro de detecção para eliminar genes não expressos, o que manteve apenas os genes considerados presentes em pelo menos 24 dos 26 microarranjos, resultando

num total de 15.848 genes. Desta forma, foram tolerados 3.549 genes ($15.848 - 12.299 = 3.549$) que foram considerados ausentes em um ou dois microarranjos; (ii) filtro de variância para eliminar genes de expressão constitutiva, o
5 que manteve os maiores 1/8 dos 15.848 genes previamente citados, resultando em 1981 genes com potencial prognóstico (Tabela 7).

Exemplo 8 - Análise exploratória

A Figura 3A mostra o dendograma para o agrupamento
10 hierárquico dos 26 microarranjos de acordo com a expressão dos 1981 genes selecionados no estágio de pré-processamento. Foram empregados "Average linkage" e correlação de Pearson dos valores de expressão transformados em log. Foi observado que as amostras caíram em dois grandes grupos: o da direita
15 contendo amostras ND e metade das amostras FD; enquanto o grupo da esquerda contém todas as amostras FHD, duas amostras ND (incluindo o outlier ND_199) e a outra metade dos pacientes FD. Este fato está de acordo com a intuição de que
20 ND e FHD são os grupos mais diferentes e amostras FD formando um grupo intermediário. Isto é confirmado pelos gráficos de escalonamento multidimensional (MDS) em 2-D e 3-D para os 1981 genes, mostrados na Figura 3B e C. A medida de dissimilaridade usada foi $1 - r$, onde r é a correlação de Pearson dos valores transformados em log. Microarranjos foram
25 coloridos de acordo com a classe diagnóstica. Pode-se observar que as amostras FHD constituem um grupo mais coeso do que as amostras ND, como esperado já que o grupo ND foi obtido de indivíduos com doença febril de etiologia desconhecida, enquanto as amostras FD podem ser divididas em

dois grupos, um similar e um outro diferente de FHD, sendo este último mais próximo do grupo ND (esses são os dois grupos marcados na Figura 5). O baixo valor de stress (13.52% no gráfico 2-D e 7.32% no caso 3-D), particularmente no gráfico 3-D, significa que a estrutura delineante dos dados é intrinsecamente de baixa dimensão, o que indica que o pequeno número de assinaturas gênicas é capaz de representar o conteúdo discriminatório no dados.

Exemplo 9 - Análise de expressão diferencial

Foram realizados os testes estatísticos das diferenças entre as médias (Welch two-sample t-tests) para encontrar genes diferencialmente expressos entre os diferentes grupos diagnósticos. Foram consideradas duas principais comparações: FD *versus* FHD e dengue (FD + FHD) *versus* ND. A primeira comparação corresponde as 18 amostras oriundas dos pacientes comprovadamente infectados com vírus da dengue e é a mais importante comparação para a presente invenção, pois esta discrimina entre a forma benigna (FD) e maligna (FHD) da doença. Importantes genes usados para caracterizar estas duas manifestações clínicas assim como aqueles específicos para infecção pelo vírus da dengue são mostrados nas Tabelas 2 e 3. Gráfico de vulcão na Figura 4 e a correspondente lista de genes (Tabelas 2 e 3) mostram que os valores p correlacionam bem com magnitude de diferença de expressão (fold-change) em ambas as situações analisadas.

A Figura 5 mostra o mapa de expressão (heatmap) para os melhores 40 genes que discriminam as amostras FD de FHD, de acordo com critério de Welch t-test, assim como o agrupamento hierárquico e gráficos MDS para os 40 melhores

genes discriminatórios entre FD e FHD. A Tabela 4 mostra os resultados da análise da representação de categoria funcional da lista dos melhores 40 genes discriminatórios entre FD e FHD com o programa EASE como descrito no Exemplo 6. A análise indicou o enriquecimento de certas categorias de genes. Cinco categorias apresentaram scores significantes ($p < 0.05$) após a correção de Benferroni para múltiplos testes, incluindo aqueles envolvidos na resposta imune e defesa, resposta a estímulos bióticos, ligação a cobre/cádmio e homeostase do ion cobre (Tabela 4).

Exemplo 10 - Identificação dos genes classificadores

Além da seleção univariada realizada por testes t, foi realizada a seleção exaustiva (todas as possíveis combinações) de genes isolados, bem como duplas e trios a partir dos 10981 genes, usando análise de discriminação linear e resubstituição potencializada. A Tabela 5 mostra os classificadores baseados em 1, 2 ou 3 genes, ranqueados pelo erro de classificação estimado. Há 37 únicos genes entre os melhores 40 pares, enquanto há 87 únicos genes entre os melhores 100 trios classificadores. A lista dos trios de genes é dominada pelos genes PSMB9, MT2A, e LOC400368. Na verdade, apenas um trio não contém qualquer desses três, este é SFRS5, PDCD4, MKNK2, cujo erro estimado é de 0.0383. As médias para o erro estimado dos melhores classificadores são:

classificador com 1 gene (40) = 0.1639 ± 0.0286 ,
classificador com 2 genes (40) = 0.0686 ± 0.0096 ,
classificador com 3 genes (100) = 0.0395 ± 0.0040 , o que indica que a classificação com pares de genes é mais acurado do que genes individuais, enquanto a classificação com tripla

de genes é mais precisa do que com pares (a margem de erro acima se refere ao intervalo de confiança de 95%). A seleção com dois e três genes têm o potencial de recuperar genes que usando métodos univariados (tais como test-t) não é possível recuperar. Isto é possível se perceber na lista dos melhores classificadores com 2 genes, por exemplo, o gene HLA-F (que é menos expresso em FHD do que FD). A Figura 6 mostra o gráfico para o classificador com 2 genes PSMB9 e MT2A. A probabilidade estimada de erro em futuros dados é de 5.38%. Neste caso, a menor expressão de ambos os genes é assinatura de FHD, enquanto maior expressão de ambos os genes é característico de FD.

Exemplo 11 - Validação dos dados de microrranjos usando PCR em tempo real quantitativo

Ensaio de PCR em tempo real quantitativo (qPCR) foram realizados para validar os resultados obtidos nos ensaios de microarranjos. Foram selecionados os seguintes genes: PSMB9, MT2A, HLA-F and C3aR1, cuja expressão foi predominante em amostras FD comparado às amostras FHD. qPCRs dos genes acima citados foram realizados usando oito amostras FD e oito FHD obtidas dos mesmos pacientes testados nos ensaios de microarranjos. De acordo com a Figura 7A, a quantificação por qPCR mostrou uma boa correlação com os dados dos microarranjos. Além disso, qPCR foi também realizado num grupo de amostra independentes das amostras utilizadas nos ensaios de microarranjos, coletadas dentro de 11 dias do início dos sintomas e antes do início dos sintomas de vasculopatia. Os resultados de qPCR também indicaram que os níveis de expressão dos genes selecionados foram mais

reduzidos em FHD do que em FD, corroborando com os resultados obtidos com o modelo 2D mostrado na Figura 3. Com isso, cada um dos quatro genes foram expressos em menor quantidade em FHD e eles foram corretamente classificados nas amostras analisadas (Figura 7B).

REFERÊNCIAS

Acioli-Santos, B., L. Segat, et al. (2008). "MBL2 Gene polymorphisms protect against development of thrombocytopenia associated with severe dengue phenotype." Hum Immunol **69**(2): 122-8.

Anantapreecha, S., S. Chanama, et al. (2005). "Serological and virological features of dengue fever and dengue haemorrhagic fever in Thailand from 1999 to 2002." Epidemiol Infect **133**(3): 503-7.

Avirutnan, P., N. Punyadee, et al. (2006). "Vascular leakage in severe dengue virus infections: a potential role for the nonstructural viral protein NS1 and complement." J Infect Dis **193**(8): 1078-1088.

Azeredo, E. L., L. M. De Oliveira-Pinto, et al. (2006). "NK cells, displaying early activation, cytotoxicity and adhesion molecules, are associated with mild dengue disease." Clin Exp Immunol **143**(2): 345-356.

Bandyopadhyay, S., L. C. Lum, et al. (2006). "Classifying dengue: a review of the difficulties in using the WHO case classification for dengue haemorrhagic fever." Trop Med Int Health **11**(8): 1238-1255.

Braga-Neto, U. M. D., E. (2005). Classification. In Genomic Signal Processing and Statistics. EURASIP Book Series on

Signal Processing and Communication. I. S. E. Dougherty,
J. Chen and Z. J. Wang, Hindawi Publishing Corporation.

Braga-Neto, U. M. D., E. (2004). "Bolstered Error
Estimation." Pattern Recognition **37**(6): 1267-1281.

5 Cardier, J. E., E. Marino, et al. (2005). "Proinflammatory
factors present in sera from patients with acute dengue
infection induce activation and apoptosis of human
microvascular endothelial cells: possible role of TNF-
alpha in endothelial cell damage in dengue." Cytokine
10 **30**(6): 359-365.

Chen, H. Y., S. L. Yu, et al. (2007). "A five-gene signature
and clinical outcome in non-small-cell lung cancer." N
Engl J Med **356**(1): 11-20.

Clarke, D. H. and J. Casals (1958). "Techniques for
15 hemagglutination and hemagglutination-inhibition with
arthropod-borne viruses." Am J Trop Med Hyg **7**(5): 561-
573.

Clementi, M. and E. Di Gianantonio (2006). "Genetic
susceptibility to infectious diseases." Reprod Toxicol
20 **21**(4): 345-9.

Cordeiro, M. T., H. G. Schatzmayr, et al. (2007). "Dengue and
dengue hemorrhagic fever in the State of Pernambuco,
1995-2006." Rev Soc Bras Med Trop **40**(6): 605-11.

Cordeiro, M. T., A. M. Silva, et al. (2007).
25 "Characterization of a dengue patient cohort in Recife,
Brazil." The American Journal of Tropical Medicine and
Hygiene **Submitted**.

- de Kruif, M. D., T. E. Setiati, et al. (2008). "Differential gene expression changes in children with severe dengue virus infections." PLoS Negl Trop Dis **2**(4): e215.
- Deen, J. L., E. Harris, et al. (2006). "The WHO dengue classification and case definitions: time for a
5 reassessment." Lancet **368**(9530): 170-173.
- Dennis, G., Jr., B. T. Sherman, et al. (2003). "DAVID: Database for Annotation, Visualization, and Integrated Discovery." Genome Biol **4**(5): P3.
- 10 Endy, T. P., A. Nisalak, et al. (2004). "Relationship of preexisting dengue virus (DV) neutralizing antibody levels to viremia and severity of disease in a prospective cohort study of DV infection in Thailand." J Infect Dis **189**(6): 990-1000.
- 15 Fernandez-Mestre, M. T., K. Gendzekhadze, et al. (2004). "TNF-alpha-308A allele, a possible severity risk factor of hemorrhagic manifestation in dengue fever patients." Tissue Antigens **64**(4): 469-72.
- Gentleman, R. C., V. J. Carey, et al. (2004). "Bioconductor:
20 open software development for computational biology and bioinformatics." Genome Biol **5**(10): R80.
- Green, S., S. Pichyangkul, et al. (1999). "Early CD69 expression on peripheral blood lymphocytes from children with dengue hemorrhagic fever." J Infect Dis **180**(5):
25 1429-1435.
- Green, S. and A. Rothman (2006). "Immunopathological mechanisms in dengue and dengue hemorrhagic fever." Curr Opin Infect Dis **19**(5): 429-436.

- Green, S., D. W. Vaughn, et al. (1999). "Elevated plasma interleukin-10 levels in acute dengue correlate with disease severity." J Med Virol **59**(3): 329-334.
- Harris, E., E. Videz, et al. (2000). "Clinical, epidemiologic, and virologic features of dengue in the 1998 epidemic in Nicaragua." Am J Trop Med Hyg **63**(1-2): 5-11.
- Hubbell, E., W. M. Liu, et al. (2002). "Robust estimators for expression analysis." Bioinformatics **18**(12): 1585-92.
- Igarashi, A. (1978). "Isolation of a Singh's Aedes albopictus cell clone sensitive to Dengue and Chikungunya viruses." J Gen Virol **40**(3): 531-544.
- Ihaka, R. G., R (1996). "R: a language for data analysis and graphics." J. Comput. Grph. Stat **5**: 299-314.
- Juffrie, M., G. M. van Der Meer, et al. (2000). "Inflammatory mediators in dengue virus infection in children: interleukin-8 and its relationship to neutrophil degranulation." Infect Immun **68**(2): 702-707.
- Lanciotti, R. S., C. H. Calisher, et al. (1992). "Rapid detection and typing of dengue viruses from clinical samples by using reverse transcriptase-polymerase chain reaction." J Clin Microbiol **30**(3): 545-551.
- Mangada, M. M., T. P. Endy, et al. (2002). "Dengue-specific T cell responses in peripheral blood mononuclear cells obtained prior to secondary dengue virus infections in Thai schoolchildren." J Infect Dis **185**(12): 1697-1703.
- Mangada, M. M. and A. L. Rothman (2005). "Altered cytokine responses of dengue-specific CD4+ T cells to heterologous serotypes." J Immunol **175**(4): 2676-2683.

- Mongkolsapaya, J., W. Dejnirattisai, et al. (2003). "Original antigenic sin and apoptosis in the pathogenesis of dengue hemorrhagic fever." Nat Med **9**(7): 921-927.
- 5 Mongkolsapaya, J., T. Duangchinda, et al. (2006). "T cell responses in dengue hemorrhagic fever: are cross-reactive T cells suboptimal?" J Immunol **176**(6): 3821-3829.
- Murgue, B., X. Deparis, et al. (1999). "Dengue: an evaluation of dengue severity in French Polynesia based on an
10 analysis of 403 laboratory-confirmed cases." Trop Med Int Health **4**(11): 765-73.
- Mustafa, A. S., E. A. Elbishbishi, et al. (2001). "Elevated levels of interleukin-13 and IL-18 in patients with dengue hemorrhagic fever." FEMS Immunol Med Microbiol
15 **30**(3): 229-233.
- Myint, K. S., T. P. Endy, et al. (2006). "Cellular immune activation in children with acute dengue virus infections is modulated by apoptosis." J Infect Dis **194**(5): 600-607.
- 20 Nguyen, T. H., H. Y. Lei, et al. (2004). "Dengue hemorrhagic fever in infants: a study of clinical and cytokine profiles." J Infect Dis **189**(2): 221-232.
- Nogueira, R. M., H. G. Schatzmayr, et al. (2005). "Dengue virus type 3, Brazil, 2002." Emerg Infect Dis **11**(9):
25 1376-81.
- OPAS (1995). Dengue y Dengue hemorrágico en las Américas: guías para su prevención y control, Washington, D.C., Organización Panamericana de la Salud.

Wichmann, O., S. Hongsiriwon, et al. (2004). "Risk factors and clinical features associated with severe dengue infection in adults and children during the 2001 epidemic in Chonburi, Thailand." Trop Med Int Health **9**(9): 1022-1029.

Yunta, M. and P. A. Lazo (2003). "Apoptosis protection and survival signal by the CD53 tetraspanin antigen." Oncogene **22**(8): 1219-1224.

Tabela 2. Lista de genes mostrados no “gráfico vulcão” Dengue (FD+FHD) vs. ND de acordo com “fold change” e valor p.

Simbolo	Descrição	p-val	fc	méd_sig
CD52	CD52 antigen (CAMPATH-1 antigen)	0.000039	-1.9724	8.12979
ZFP36L1	zinc finger protein 36, C3H type-like 1	0.000059	-1.9941	7.26806
HLA-DPA1	major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1	0.000117	-2.5446	6.93612
HDLBP	high density lipoprotein binding protein (vigilin)	0.000131	+2.7809	7.39547
PITPNC1	phosphatidylinositol transfer protein, cytoplasmic 1	0.000133	-1.8424	7.20502
MAGED1	melanoma antigen family D, 1	0.000153	+2.1404	6.85927
SPCS3	signal peptidase complex subunit 3 homolog (S. cerevisiae)	0.000207	+2.2348	7.35861
FLJ20701	...	0.000423	-2.0834	6.04034
SEC23B	Sec23 homolog B (S. cerevisiae)	0.000480	+1.8829	7.10342
TRIM25	tripartite motif-containing 25	0.000612	+1.9769	7.63673
TRA1	tumor rejection antigen (gp96) 1	0.000664	+4.3968	6.42347
...	...	0.000687	-2.0036	7.61945
LOC440667	...	0.000687	-2.3399	7.88564
HLA-DQB1	major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1	0.000702	-2.3344	6.54292
CD83	CD83 antigen (activated B lymphocytes, immunoglobulin superf	0.000844	-2.8956	7.65248
MAN1A1	mannosidase, alpha, class 1A, member 1	0.001023	+2.4278	7.25466
PDIA6	protein disulfide isomerase family A, member 6	0.001064	+2.8677	6.78112
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.001162	+5.5892	6.50222
TARDBP	TAR DNA binding protein	0.001218	+1.8105	7.54527
PDIA4	protein disulfide isomerase family A, member 4	0.001223	+2.7304	6.94884
MGC11256	...	0.001435	+2.4209	7.81936
LOC91353	...	0.001704	+4.5913	8.19856
GMPPB	GDP-mannose pyrophosphorylase B	0.001715	+2.7956	6.78685
DERL1	Der1-like domain family, member 1	0.001716	+1.9988	7.78196
PDIA6	protein disulfide isomerase family A, member 6	0.001844	+2.5145	7.19699
PDIA6	protein disulfide isomerase family A, member 6	0.001923	+2.5691	7.10724

SPCS2	signal peptidase complex subunit 2 homolog (S. cerevisiae)	0.002134	+2.0393	7.45086
DC36	...	0.002190	+2.2111	7.45736
TRD@	T cell receptor delta locus	0.002300	-1.8996	7.40155
LOC400741	...	0.002411	-2.0124	7.25052
CD38	CD38 antigen (p45)	0.002578	+3.3724	7.38196
IGKV1D-13	immunoglobulin kappa variable 1D-13	0.002587	+3.6265	7.14328
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.002701	+4.3190	5.94850
PRC1	protein regulator of cytokinesis 1	0.002702	+2.6800	6.27996
KLRB1	killer cell lectin-like receptor subfamily B, member 1	0.003008	-2.2458	7.32421
MMD	monocyte to macrophage differentiation-associated	0.003105	+1.9302	6.80604
EGR1	early growth response 1	0.003240	-2.3419	6.41955
HLA-DQA1	major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1	0.003294	-3.7052	6.71183
C19orf10	chromosome 19 open reading frame 10	0.003448	+1.8677	7.41872
ITM2C	integral membrane protein 2C	0.003476	+2.6957	6.33080
DUSP2	dual specificity phosphatase 2	0.003588	-1.7949	7.53773
HSPA5	heat shock 70kDa protein 5 (glucose-regulated protein, 78kDa)	0.003715	+2.2640	7.04440
BTG1	B-cell translocation gene 1, anti-proliferative	0.004162	-2.0340	6.83080
EGR1	early growth response 1	0.004223	-1.8033	6.36035
TIFA	...	0.004504	+1.7820	7.28424
IFI16	interferon, gamma-inducible protein 16	0.004681	+1.9522	8.22690
SAMD9L	sterile alpha motif domain containing 9-like	0.004820	+2.6353	6.35057
PLAUR	plasminogen activator, urokinase receptor	0.005299	-2.2833	6.42455
UBE2J1	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1 (UBC6 homolog, yeast)	0.005315	+2.0183	7.46490
IGKC	immunoglobulin kappa constant	0.005329	+2.4514	7.86119
KIAA0746	...	0.005694	+2.3672	6.84767
CRR9	...	0.005779	+2.1834	7.12743
C5orf14	chromosome 5 open reading frame 14	0.005805	+1.7734	7.30565
KLHL14	kelch-like 14 (Drosophila)	0.005924	+4.4604	6.19582
SIGLEC10	sialic acid binding Ig-like lectin 10	0.005997	-2.7531	6.48276
ARMET	arginine-rich, mutated in early stage tumors	0.006618	+1.9474	7.23923
TRD@	T cell receptor delta locus	0.006991	-1.8322	6.98857
TXNDC5	thioredoxin domain containing 5	0.007668	+2.3417	8.67580
C7orf24	chromosome 7 open reading frame 24	0.007762	+1.9157	6.78388

LOC339562	...	0.008089	+2.6159	6.33496
...	...	0.008115	+2.5068	8.17149
SMC4L1	SMC4 structural maintenance of chromosomes 4-like 1 (yeast)	0.008325	+2.9479	6.25656
UBE2J1	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1 (UBC6 homolog, yeast)	0.008359	+1.8638	6.94727
NT5C3	5'-nucleotidase, cytosolic III	0.008360	+1.8688	6.91759
DF	D component of complement (adipsin)	0.008687	-2.7181	6.85144
P4HB	procollagen-proline, 2- oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4	0.008716	+1.7954	8.04407
PALM2- AKAP	...	0.008921	+2.2190	7.14109
RASGEF1B	RasGEF domain family, member 1B	0.009825	-3.0515	5.90641
SEC13L1	SEC13-like 1 (<i>S. cerevisiae</i>)	0.010184	+1.8486	7.24982
TUBB	tubulin, beta polypeptide	0.010994	+2.1076	6.89461
SEC11L3	SEC11-like 3 (<i>S. cerevisiae</i>)	0.011247	+2.1820	6.70416
PRDX4	peroxiredoxin 4	0.011364	+1.9468	7.18909
SSR3	signal sequence receptor, gamma (translocon-associated prote	0.011751	+1.9620	7.69621
ZWINT	ZW10 interactor	0.011795	+2.8555	7.04377
IER3	immediate early response 3	0.012348	-2.1041	7.27412
MGC27165	...	0.012667	+4.0779	6.48172
NCOA3	nuclear receptor coactivator 3	0.012749	+2.2970	6.70409
IL8	interleukin 8	0.012961	-1.8904	7.50247
HIST1H3H	histone 1, H3h	0.013216	+2.4035	6.20241
G0S2	G0/G1switch 2	0.013273	-2.6994	6.11488
PPIB	peptidylprolyl isomerase B (cyclophilin B)	0.013490	+2.0063	8.39863
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.013786	+3.3635	7.22352
RORA	RAR-related orphan receptor A	0.013877	-1.7492	7.79580
PRDX3	peroxiredoxin 3	0.014354	+1.9203	6.97942
BST2	bone marrow stromal cell antigen 2	0.014571	+1.7981	6.98131
FYN	FYN oncogene related to SRC, FGR, YES	0.014649	-1.8662	6.81907
CLEC7A	C-type lectin domain family 7, member A	0.014745	-2.2778	6.56259

Tabela 3. Lista de genes mostrados no “gráfico vulcão” FD vs. FHD de acordo com “fold change” e valor p.

Simbolo	Descrição	p value	Fold-change	Média sinal
	...	0.000119	2.3447	6.7868
	...	0.000119	2.3447	6.7868
UBE2J1	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1 (UBC6 homolog, yeast)	0.000419	-2.3147	7.37628
UBE2J1	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1 (UBC6 homolog, yeast)	0.000419	-2.3147	7.37628
CD300A	CD300A antigen	0.000864	2.1544	7.07896
CD300A	CD300A antigen	0.000864	2.1544	7.07896
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.001172	-3.0718	6.38877
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.001172	-3.0718	6.38877
MT1X	metallothionein 1X	0.001294	2.2122	7.5485
MT1X	metallothionein 1X	0.001294	2.2122	7.5485
MAGED1	melanoma antigen family D, 1	0.001644	-2.0342	7.06166
MAGED1	melanoma antigen family D, 1	0.001644	-2.0342	7.06166
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa	0.00216	1.9967	7.83435
VAMP3	vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)	0.002351	1.8814	7.11909
C3AR1	complement component 3a receptor 1	0.002707	4.5817	6.08138
C3AR1	complement component 3a receptor 1	0.002707	4.5817	6.08138
MYD88	myeloid differentiation primary response gene (88)	0.002823	1.8194	8.06109
FCGR3B	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor (CD16b)	0.002868	4.1952	6.1543
FCGR3B	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor (CD16b)	0.002868	4.1952	6.1543
SAMHD1	SAM domain and HD domain 1	0.003019	2.4624	5.7873
SAMHD1	SAM domain and HD domain 1	0.003019	2.4624	5.7873
UBE2G1	ubiquitin-conjugating enzyme E2G 1 (UBC7 homolog, yeast)	0.003307	-2.1036	6.92056
UBE2G1	ubiquitin-conjugating enzyme E2G 1 (UBC7 homolog, yeast)	0.003307	-2.1036	6.92056
EGR1	early growth response 1	0.00334	3.2916	6.10353
EGR1	early growth response 1	0.00334	3.2916	6.10353
MT1H	metallothionein 1H	0.003445	2.0475	6.75503
MT1H	metallothionein 1H	0.003445	2.0475	6.75503
TPD52	tumor protein D52	0.003567	-2.2114	7.0498
TPD52	tumor protein D52	0.003567	-2.2114	7.0498
POU2AF1	POU domain, class 2, associating factor 1	0.00391	-2.7707	8.05215

POU2AF1	POU domain, class 2, associating factor 1	0.00391	-2.7707	8.05215
PPAPDC1B	phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1B	0.004347	-2.3491	7.07497
PPAPDC1B	phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1B	0.004347	-2.3491	7.07497
LOC441168	...	0.004813	2.3726	8.08179
LOC441168	...	0.004813	2.3726	8.08179
SIDT2	SID1 transmembrane family, member 2	0.00485	1.9548	8.34325
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa	0.004938	2.3334	7.01359
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa	0.004938	2.3334	7.01359
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa	0.005006	2.4888	7.58986
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa	0.005006	2.4888	7.58986
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.005057	-2.9244	7.02255
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.005057	-2.9244	7.02255
TRA1	tumor rejection antigen (gp96) 1	0.005488	-1.9074	8.2753
CRR9	...	0.006054	-1.8843	7.36728
NDUFB6	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6, 17kDa	0.006174	-1.828	7.27376
RNASET2	ribonuclease T2	0.006686	2.0165	7.81902
RNASET2	ribonuclease T2	0.006686	2.0165	7.81902
GBP2	guanylate binding protein 2, interferon-inducible	0.007125	1.8139	7.64193
EGR1	early growth response 1	0.007242	4.6155	6.04876
EGR1	early growth response 1	0.007242	4.6155	6.04876
CD97	CD97 antigen	0.007485	2.2044	6.8153
CD97	CD97 antigen	0.007485	2.2044	6.8153
TYROBP	TYRO protein tyrosine kinase binding protein	0.007507	2.8639	7.71104
TYROBP	TYRO protein tyrosine kinase binding protein	0.007507	2.8639	7.71104
LOC91353	...	0.007524	-2.578	8.63641
LOC91353	...	0.007524	-2.578	8.63641
SERPINA1	serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteínase,	0.00763	2.463	7.455
SERPINA1	serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antiproteínase,	0.00763	2.463	7.455
FGL2	fibrinogen-like 2	0.007811	2.6573	7.57893
FGL2	fibrinogen-like 2	0.007811	2.6573	7.57893
TUBA3	...	0.008598	1.8686	8.62436
TNFRSF17	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 17	0.009406	-2.7543	7.26921
TNFRSF17	tumor necrosis factor receptor	0.009406	-2.7543	7.26921

GMNN	superfamily, member 17 geminin, DNA replication inhibitor	0.009426	-2.2142	7.19724
GMNN	geminin, DNA replication inhibitor	0.009426	-2.2142	7.19724
SMC4L1	SMC4 structural maintenance of chromosomes 4-like 1 (yeast)	0.009866	-2.2396	6.61279
SMC4L1	SMC4 structural maintenance of chromosomes 4-like 1 (yeast)	0.009866	-2.2396	6.61279
FGR	Gardner-Rasheed feline sarcoma viral (v-fgr) oncogene homolo	0.009879	2.1941	7.25545
FGR	Gardner-Rasheed feline sarcoma viral (v-fgr) oncogene homolo	0.009879	2.1941	7.25545
TNFSF13	tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13	0.010068	2.352	6.33822
IGLC2	immunoglobulin lambda constant 2 (Kern-Oz- marker)	0.010428	-2.6368	6.33398
...	...	0.011066	-2.6563	7.40797
IGKV1D-13	immunoglobulin kappa variable 1D-13	0.011292	-2.3235	7.51906
...	...	0.011735	2.152	7.57258
SEC11L3	SEC11-like 3 (S. cerevisiae)	0.011854	-2.0503	6.92968
CX3CR1	chemokine (C-X3-C motif) receptor 1	0.012371	2.3472	7.89988
DF	D component of complement (adipsin)	0.013175	2.7446	6.51822
FN5	...	0.013342	2.1468	6.62795
SAMD9L	sterile alpha motif domain containing 9-like	0.01406	2.3893	7.12239
LOC441168	...	0.014525	3.2665	6.68643
PACAP	...	0.015153	-2.4229	7.03573
KIAA0746	...	0.015464	-2.0754	7.06113
HLA-DPB1	major histocompatibility complex, class II, DP beta 1	0.015645	2.4265	7.80659
...	...	0.016187	-2.6756	7.03496
...	...	0.01639	-2.3461	6.36245
PACAP	...	0.016535	-2.367	7.80789
S100A9	S100 calcium binding protein A9 (calgranulin B)	0.017515	2.0885	8.32804
S100A6	S100 calcium binding protein A6 (calcyclin)	0.019028	2.0002	7.28308

Tabela 4. Análise EASE da abundância funcional da lista dos 40 mais significantes genes discriminatórios entre FD e FHD. Categorias funcionais estatisticamente significantes ($p < 0.05$) após correção para multiplicidade de teste.

5

Genes de Resposta Imunológica		Genes de Resposta de Defesa		Resposta a Genes de Estimulo Biótico		Genes de ligação de Cobrr/Cadmio		Genes de Homeostasia de Cobre Ferro	
EASE score	Bonferroni	EASE score	Bonferroni	EASE score	Bonferroni	EASE score	Bonferroni	EASE score	Bonferroni
3.91E-06	1.19E-03	1.11E-05	3.38E-03	2.26E-05	6.89E-03	3.12E-05	9.53E-03	1.52E-04	4.64E-02
CD300A		CD300A		CD300A					
CD97		CD97		CD97					
CX3CR1		CX3CR1		CX3CR1			<i>MT1H</i>		<i>MT1H</i>
C3AR1		C3AR1		C3AR1					MT1X
CFD		CFD		CFD			<i>MT1X</i>		
FCGR3B		FCGR3B		FCGR3B					
GBP1		GBP1		GBP1					
GBP2		GBP2		GBP2					
IGKV1D-13		IGKV1D-13		IGKV1D-13					
HLA-DPA1		HLA-DPA1		HLA-DPA1					
HLA-DPB1		HLA-DPB1		HLA-DPB1					
MYD88		MYD88		MYD88					
POU2AF1		POU2AF1		POU2AF1					
S100A9		S100A9		S100A9					
TNFSF12-TNFSF13		TNFSF12-TNFSF13		TNFSF12-TNFSF13					
TNFSF13		TNFSF13		TNFSF13					
TNFRSF17		TNFRSF17		TNFRSF17					
TYROBP		TYROBP		TYROBP					
		FGR							

Tabela 5. Classificadores baseados em genes individuais, duplas ou trios ranqueados pelo erro estimado.

Gene 1	Gene 2	Gene 3	Erro Estimado
<i>1-Gene Classificados</i>			
MT2A	-	-	0.0870
PSMB9	-	-	0.0927
IGLC2	-	-	0.1182
ADAR	-	-	0.1202
LOC400368	-	-	0.1277
FCGR3B	-	-	0.1301
HLA-F	-	-	0.1314
CD53	-	-	0.1365
VAMP3	-	-	0.1389
CXXC5	-	-	0.1443
DKFZP586	-	-	0.1477
LOC91353	-	-	0.1513
LRRFIP1	-	-	0.1555
MT1H	-	-	0.1604
SAMHD1	-	-	0.1626
UBE2J1	-	-	0.1634
PDCD4	-	-	0.1669
PACAP	-	-	0.1674
POU2AF1	-	-	0.1688
KLHL14	-	-	0.1695
FYB	-	-	0.1708
PACAP	-	-	0.1729
(no symbol)	-	-	0.1734
SEC11L3	-	-	0.1749
NDUFB6	-	-	0.1767
MT1X	-	-	0.1772
NCL	-	-	0.1793
C1QBP	-	-	0.1821
HIST1H4C	-	-	0.1850
SAMHD1	-	-	0.1881
TNFRSF17	-	-	0.1885
IFITM1	-	-	0.1893
IGKC	-	-	0.1910
CHSY1	-	-	0.1920
MRLC2	-	-	0.1933
CXXC5	-	-	0.1941
LOC400741	-	-	0.1956
ATP6V0E	-	-	0.1963
HSPA5	-	-	0.1966
TPD52	-	-	0.1970
<i>2-Genes Classificados</i>			
PSMB9	LRRFIP1	-	0.0351
H3F3B	MT2A	-	0.0496
SFRS5	PDCD4	-	0.0501

LRRFIP1	LOC400368	-	0.0504
PSMB9	MT2A	-	0.0538
MT2A	TMBIM4	-	0.0589
HA-1	LOC400368	-	0.0602
RHOA	MT2A	-	0.0603
MT2A	XRN1	-	0.0635
MRLC2	LOC400368	-	0.0661
NCL	PSMB9	-	0.0665
DKFZP586	LOC400368	-	0.0666
MT2A	CNOT2	-	0.0669
ITM2B	LOC400368	-	0.0687
PSMB9	HA-1	-	0.0688
CD52	LOC400368	-	0.0702
ADAR	MT2A	-	0.0708
MT2A	HIPK3	-	0.0709
SELL	MT2A	-	0.0710
PSMB9	ATP6V0E	-	0.0713
PSMB9	MRLC2	-	0.0715
NCL	MT2A	-	0.0721
RAP1B	MT2A	-	0.0730
MT2A	LOC400368	-	0.0733
PSMB9	HLA-C	-	0.0736
ADAR	PSMB9	-	0.0740
PSMB9	FNBP3	-	0.0742
MT2A	ACTR3	-	0.0743
PSMB9	ARHGEF6	-	0.0744
UBE2J1	LOC400368	-	0.0752
SFRS5	MT2A	-	0.0762
RPS25	PSMB9	-	0.0765
TMSB4X	LOC400368	-	0.0766
PSMB9	RPL14	-	0.0766
RPS15A	LOC400368	-	0.0769
PSMB9	GNA13	-	0.0769
EIF5A	LOC400368	-	0.0769
ARPC1B	BTN3A3	-	0.0770
PSMB9	MYL6	-	0.0772
RPL9	LOC400368	-	0.0773

3-Genes Classificados

HNRPA1	PSMB9	MT2A	0.0256
LRRFIP1	MRLC2	LOC400368	0.0302
PSMB9	SAP18	LRRFIP1	0.0316
PSMB9	LRRFIP1	LOC400368	0.0319
ADAR	PSMB9	ARHGEF6	0.0321
PSMB9	HLA-B	MT2A	0.0323
LRRFIP1	RPS21	LOC400368	0.0324
DEK	LRRFIP1	LOC400368	0.0326
EIF4A2	PSMB9	LRRFIP1	0.0326
DEK	ADAR	PSMB9	0.0329
PSMB9	HLA-C	MT2A	0.0331
MT2A	ACTB	LOC400368	0.0332
CAP1	LRRFIP1	LOC400368	0.0339

PSMB9	MT2A	HLA-C	0.0339
PSMB9	MT2A	HNRPA1	0.0340
PSMB9	MT2A	RPL14	0.0344
PSMB9	DDX17	MT2A	0.0344
PSMB9	MT2A	HLA-A	0.0353
MT2A	ARHGEF10	LOC400368	0.0353
HNRPA1	MT2A	LOC400368	0.0353
ADAR	PSMB9	LRRFIP1	0.0358
HLA-E	PSMB9	MT2A	0.0362
PSMB9	MT2A	EEF1D	0.0362
LRRFIP1	ITM2B	LOC400368	0.0364
PSMC1	PSMB9	LRRFIP1	0.0367
LRRFIP1	PTMA	LOC400368	0.0374
SKP1A	LRRFIP1	LOC400368	0.0374
PSMB9	H3F3B	MT2A	0.0378
PSMB9	MT2A	PTPRC	0.0381
LRRFIP1	TMSB4X	LOC400368	0.0382
SFRS5	PDCD4	MKNK2	0.0383
PSMB9	MT2A	RAC2	0.0384
PSMB1	PSMB9	LRRFIP1	0.0385
DEK	PSMB9	LRRFIP1	0.0389
LRRFIP1	MRFAP1	LOC400368	0.0389
LRRFIP1	ARPC2	LOC400368	0.0390
EIF4A2	LRRFIP1	LOC400368	0.0392
PSMB9	DDX17	LRRFIP1	0.0394
PSMB9	MT2A	MRLC2	0.0395
ADAR	PSMB9	MT2A	0.0397
PSMB9	MT2A	RPS19	0.0397
MT2A	HNRPA1	LOC400368	0.0402
TMEM66	PSMB9	MT2A	0.0402
LRRFIP1	GLTSCR2	LOC400368	0.0403
PSMB9	MT2A	HLA-A	0.0403
LRRFIP1	CD47	LOC400368	0.0403
LRRFIP1	KPNB1	LOC400368	0.0404
PSMB9	SNX3	MT2A	0.0404
PSMB9	LRRFIP1	C1orf43	0.0405
UBE2J1	IGKC	LOC400368	0.0406
PSMB9	LRRFIP1	IFITM1	0.0407
PSMB9	BTN3A3	LRRFIP1	0.0408
UCP2	LRRFIP1	LOC400368	0.0408
SAP18	LRRFIP1	LOC400368	0.0411
LRRFIP1	HA-1	LOC400368	0.0411
HNRPA1	HA-1	LOC400368	0.0411
UBE2J1	IGKC	LOC400368	0.0411
NAPIL1	LRRFIP1	LOC400368	0.0412
LRRFIP1	MORF4L1	LOC400368	0.0413
LRRFIP1	MT2A	LOC400368	0.0413
ARL6IP5	LRRFIP1	LOC400368	0.0415
LRRFIP1	GGA1	LOC400368	0.0416
STK24	LRRFIP1	LOC400368	0.0416
PSMB10	LRRFIP1	LOC400368	0.0417

PSMB9	EEF1A1	MT2A	0.0417
PSMB9	MT2A	LOC440055	0.0418
RPL35	LRRFIP1	LOC400368	0.0420
---	LRRFIP1	LOC400368	0.0420
RPS29	PSMB9	MT2A	0.0420
MT2A	RPL14	LOC400368	0.0423
ACTB	MT2A	LOC400368	0.0425
RPS27	PSMB9	MT2A	0.0425
LRRFIP1	H3F3B	LOC400368	0.0425
HA-1	HNRPA1	LOC400368	0.0425
NCL	MT2A	RAC2	0.0427
ARPC1B	PSMB9	BTN3A3	0.0428
LRRFIP1	PSMB1	LOC400368	0.0429
TOMM7	LRRFIP1	LOC400368	0.0429
MT2A	HLA-A	LOC400368	0.0430
COX4I1	LRRFIP1	LOC400368	0.0430
CAP1	ADAR	PSMB9	0.0430
LRRFIP1	SEPT9	LOC400368	0.0431
---	UBE2J1	LOC400368	0.0431
PSMB9	LRRFIP1	---	0.0432
TXNL4A	PSMB9	LRRFIP1	0.0433
---	UBE2J1	LOC400368	0.0433
---	UBE2J1	LOC400368	0.0434
ADAR	PSMB9	CD52	0.0435
NCL	RAP1B	MT2A	0.0435
TPD52	IGKC	LOC400368	0.0436
ACTB	MT2A	LOC400368	0.0436
EIF4A2	PSMB9	MT2A	0.0436
LRRFIP1	YWHAB	LOC400368	0.0436
PTMA	LRRFIP1	LOC400368	0.0437
HLA-B	MT2A	LOC400368	0.0438
PSMB9	LRRFIP1	KPNB1	0.0439
LRRFIP1	TMSB10	LOC400368	0.0439
LAMP1	PSMB9	MT2A	0.0440
LRRFIP1	---	LOC400368	0.0440
MT2A	DAZAP2	LOC400368	0.0440
HNRPA1	PSMB9	MT2A	0.0256
LRRFIP1	MRLC2	LOC400368	0.0302

Tabela 6. Lista dos 73 genes diferencialmente expressos entre casos de FD e FHD que foram comuns entre aqueles 200 mais significantes genes de acordo com o teste Welch's t-test e os 200 genes com maiores "fold-change" da média de expressão dos níveis de RNAm.

Simbolo	Título do Gene	p-val	rank	fc	méd_sig
RNF36	ring finger protein 36	0.000119	2	2.3447	6.7868
UBE2J1	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1 (UBC6 homolog, yeast)	0.000419	4	-2.3147	7.3763
CD300A	CD300a molecule	0.000864	8	2.1544	7.079
IGL@	Immunoglobulin lambda locus	0.001172	9	-3.0718	6.3888
MT1X	metallothionein 1X	0.001294	11	2.2122	7.5485
MAGED 1	melanoma antigen family D, 1	0.001644	14	-2.0342	7.0617
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa /// guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa	0.00216	20	1.9967	7.8344
VAMP3	vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)	0.002351	22	1.8814	7.1191
C3AR1	complement component 3a receptor 1	0.002707	27	4.5817	6.0814
MYD88	myeloid differentiation primary response gene (88)	0.002823	30	1.8194	8.0611
FCGR3B	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor (CD16b)	0.002868	31	4.1952	6.1543
SAMHD 1	SAM domain and HD domain 1	0.003019	32	2.4624	5.7873
UBE2G1	ubiquitin-conjugating enzyme E2G 1 (UBC7 homolog, yeast)	0.003307	33	-2.1036	6.9206
EGR1	early growth response 1	0.00334	35	3.2916	6.1035
MT1H	metallothionein 1H	0.003445	37	2.0475	6.755
TPD52	tumor protein D52	0.003567	38	-2.2114	7.0498
POU2AF 1	POU domain, class 2, associating factor 1	0.00391	40	-2.7707	8.0521

PPAPDC 1B	Phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1B	0.004347	45	-2.3491	7.075
RP1- 93H18.5	hypothetical protein LOC441168	0.004813	51	2.3726	8.0818
SIDT2	SID1 transmembrane family, member 2	0.00485	52	1.9548	8.3433
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon- inducible, 67kDa /// guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa	0.004938	54	2.3334	7.0136
GBP1	guanylate binding protein 1, interferon- inducible, 67kDa	0.005006	55	2.4888	7.5899
LOC966 10 ///	Hypothetical protein similar to KIAA0187 gene product ///	0.005057	56	-2.9244	7.0226
IGL@ HSP90B 1	Immunoglobulin lambda locus heat shock protein 90kDa beta (Grp94), member 1	0.005488	59	-1.9074	8.2753
CRR9	cisplatin resistance related protein CRR9p	0.006054	64	-1.8843	7.3673
NDUFB 6	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 6, 17kDa	0.006174	66	-1.828	7.2738
RNASE T2	ribonuclease T2	0.006686	70	2.0165	7.819
GBP2	guanylate binding protein 2, interferon- inducible /// guanylate binding protein 2, interferon-inducible	0.007125	76	1.8139	7.6419
EGR1	Early growth response 1	0.007242	77	4.6155	6.0488
CD97	CD97 molecule	0.007485	79	2.2044	6.8153
TYROB P	TYRO protein tyrosine kinase binding protein	0.007507	80	2.8639	7.711
CTA- 246H3.1	similar to omega protein	0.007524	81	-2.578	8.6364
SERPIN A1	serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha- 1 antiproteinase, antitrypsin), member 1	0.00763	83	2.463	7.455
FGL2	fibrinogen-like 2	0.007811	87	2.6573	7.5789
TUBA3	tubulin, alpha 3	0.008598	93	1.8686	8.6244
TNFRSF 17	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 17	0.009406	98	-2.7543	7.2692
GMNN	geminin, DNA replication inhibitor	0.009426	99	-2.2142	7.1972
SMC4L1	SMC4 structural maintenance of chromosomes 4-like 1 (yeast)	0.009866	102	-2.2396	6.6128
FGR	Gardner-Rasheed feline sarcoma viral (v- fgr) oncogene homolog	0.009879	103	2.1941	7.2555
TNFSF1 3 ///	tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 13 /// tumor	0.010068	105	2.352	6.3382

TNFSF1 2- TNFSF1 3	necrosis factor (ligand) superfamily, member 12-member 13				
IGL@	Immunoglobulin lambda locus	0.010428	106	-2.6368	6.334
GNAS	GNAS complex locus	0.010903	111	-1.8682	8.2788
UAP1	UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase 1	0.010949	112	-1.9816	6.8578
ARMET	arginine-rich, mutated in early stage tumors	0.011018	113	-1.8831	7.4254
---	Immunoglobulin kappa light chain (IGKV) mRNA variable region, joining region, and constant region ///	0.011066	114	-2.6563	7.408
	Immunoglobulin kappa light chain (IGKV) mRNA variable region, joining region, and constant region				
HLA- DPA1	major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1	0.011235	115	1.9378	7.2184
IGKV1D -13 ///	immunoglobulin kappa variable 1D-13 ///	0.011292	116	-2.3235	7.5191
LOC649 876	similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor				
PYCAR D	PYD and CARD domain containing	0.011531	117	1.904	7.3968
KIAA15 05	KIAA1505 protein	0.011735	118	2.152	7.5726
SEC11L 3	SEC11-like 3 (<i>S. cerevisiae</i>)	0.011854	120	-2.0503	6.9297
CX3CR1	chemokine (C-X3-C motif) receptor 1	0.012371	124	2.3472	7.8999
MT1E	metallothionein 1E (functional)	0.012654	125	1.8414	6.5549
CFD	complement factor D (adipsin)	0.013175	130	2.7446	6.5182
C11orf7 5	chromosome 11 open reading frame 75	0.013342	133	2.1468	6.628
SRPRB	signal recognition particle receptor, B subunit	0.01398	139	-1.8251	7.2025
SAMD9 L	sterile alpha motif domain containing 9- like	0.01406	142	2.3893	7.1224
RP1- 93H18.5	hypothetical protein LOC441168	0.014525	151	3.2665	6.6864
PACAP	proapoptotic caspase adaptor protein	0.015153	156	-2.4229	7.0357
KIAA07 46	KIAA0746 protein	0.015464	162	-2.0754	7.0611

HLA-DPB1	major histocompatibility complex, class II, DP beta 1	0.015645	166	2.4265	7.8066
PRDX4	peroxiredoxin 4	0.01571	167	-1.8982	7.3706
---	Transcribed locus	0.016136	171	-1.9733	6.7522
LOC652745	similar to Ig kappa chain V-I region Walker precursor	0.016187	172	-2.6756	7.035
TCF7L2	transcription factor 7-like 2 (T-cell specific, HMG-box)	0.016262	174	1.8697	8.0753
---	Immunoglobulin kappa chain, V-region (SPK.3)	0.01639	176	-2.3461	6.3625
PACAP	proapoptotic caspase adaptor protein	0.016535	178	-2.367	7.8079
ITM2C	integral membrane protein 2C /// integral membrane protein 2C	0.016602	179	-1.9904	6.6164
C9orf19	chromosome 9 open reading frame 19	0.0169	182	1.9849	6.9941
LRRC59	leucine rich repeat containing 59	0.017101	185	-1.8304	7.1703
S100A9	S100 calcium binding protein A9 (calgranulin B)	0.017515	189	2.0885	8.328
SPTLC2	serine palmitoyltransferase, long chain base subunit 2	0.017518	190	1.9835	7.0682
PARP12	poly (ADP-ribose) polymerase family, member 12	0.017657	193	1.9566	7.7735
S100A6	S100 calcium binding protein A6 (calcyclin)	0.019028	199	2.0002	7.2831

Tabela 7. Lista dos 1981 genes após o processamento dos dados de microarranjo.

Símbolo	GenBank	Descrição	méd_sig	p-val	Fold change
RPS16	AA583817	ribosomal protein S16	9.72102	0.277282	1.0953
RPS20	BF184532	ribosomal protein S20	9.68353	0.148291	1.1517
...	NM_173704	...	9.63312	0.143144	1.1571
RPL37A	NM_000998	ribosomal protein L37a	9.63014	0.235864	1.124
HUWE1	NM_017627	HECT, UBA and WWE domain containing	9.59332	0.263327	1.1138
IGL@	AA680302	immunoglobulin lambda locus	9.59311	0.26474	-1.2208
RPS6	NM_001010	ribosomal protein S6	9.58439	0.448575	1.0543
RPS2	AI183766	ribosomal protein S2	9.58222	0.203036	1.1329
RPL5	BF214492	ribosomal protein L5	9.58055	0.60019	1.0277
TPT1	BG498776	tumor protein, translationally-cont	9.57284	0.250297	1.1063
RPL10A	BG231561	ribosomal protein L10a	9.57011	0.183032	1.1372
RPLP1	NM_001003	ribosomal protein, large, P1	9.56849	0.355849	1.0739
...	AFFX-HUM_A	...	9.5606	0.222693	1.1384
RPS11	NM_001015	ribosomal protein S11	9.55964	0.158163	1.1408
TMSB10	NM_021103	thymosin beta 10	9.55496	0.071749	1.1801
RPS3A	NM_001006	ribosomal protein S3A	9.55158	0.532298	1.0521
EEF1A1	NM_001403	eukaryotic translation elongation f	9.55085	0.188962	1.1368
...	NM_173710	...	9.5493	0.116896	1.1738
OAF	NM_173705	OAF homolog (Drosophila)	9.54913	0.370259	1.0809
B2M	NM_004048	beta-2-microglobulin	9.54197	0.090167	1.1779
RPS10	AA320764	ribosomal protein S10	9.53284	0.235061	1.118
RPS19	NM_001022	ribosomal protein S19	9.53197	0.202512	1.1221
UNC5B	AF253979	unc-5 homolog B (C. elegans)	9.51965	0.362171	1.084
RPL41	NM_021104	ribosomal protein L41	9.51841	0.204405	1.1252
ACTB	AA809056	actin, beta	9.51448	0.042627	1.2607
RPS19	BE259729	ribosomal protein S19	9.5107	0.284201	1.0841
RPS23	NM_001025	ribosomal protein S23	9.51007	0.594312	1.0499
EEF1A1	AL515273	eukaryotic translation elongation f	9.50998	0.15173	1.1471
ACTB	AK025873	actin, beta	9.50928	0.044908	1.2484
OAF	NM_173705	OAF homolog (Drosophila)	9.50312	0.288608	1.1074
RPL15	NM_002948	ribosomal protein L15	9.50277	0.386678	1.0834
RPL23A	BF125158	ribosomal protein L23a	9.50045	0.388508	1.0715
RPS3A	AI925635	ribosomal protein S3A	9.49856	0.553253	1.0479
RPL31	NM_000993	ribosomal protein L31	9.49816	0.313692	1.086
FAU	NM_001997	Finkel-Biskis-Reilly murine sarcoma	9.49129	0.2122	1.096
RPL23A	U43701	ribosomal protein L23a	9.49081	0.331343	1.0855
RPL23A	BC001865	ribosomal protein L23a	9.48737	0.312354	1.0872
EEF1D	AI613383	eukaryotic translation elongation f	9.48636	0.213286	1.1055
RPS4X	NM_001007	ribosomal protein S4, X-linked	9.48595	0.408488	1.0624
RPS29	NM_001032	ribosomal protein S29	9.48084	0.150919	1.1499
TPT1	AI721229	tumor protein, translationally-cont	9.47991	0.285558	1.1002
RPL39	BC001019	ribosomal protein L39	9.47553	0.096318	1.1696

ACTB	NM_001101	actin, beta	9.47114	0.0697	1.1949
RPS15	NM_001018	ribosomal protein S15	9.46707	0.196897	1.1154
...	AFFX-R2-P1	...	9.46578	0.089216	1.2245
RPS9	BE348997	ribosomal protein S9	9.46084	0.253801	1.1066
IGL@	M87790	immunoglobulin lambda locus	9.4486	0.593009	-1.1058
UBB	NM_018955	ubiquitin B	9.44118	0.220373	1.1155
RPL3	NM_000967	ribosomal protein L3	9.43772	0.671052	-1.0755
RPL7	NM_000971	ribosomal protein L7	9.436	0.801954	1.0063
EEF1A1	BE786672	eukaryotic translation elongation f	9.43375	0.427973	1.0545
RPLP0	BC005863	ribosomal protein, large, P0	9.42602	0.763185	1.0109
	NM_002136	heterogeneous nuclear ribonucleopro	9.41967	0.406989	1.0617
HNRNPA1					
RPS27	NM_001030	ribosomal protein S27 (metallopanst	9.41628	0.336861	1.0765
RPS10	BC004334	ribosomal protein S10	9.41607	0.712702	1.0426
HLA-C	M63438	major histocompatibility complex, c	9.41477	0.750739	-1.0047
RPS10	NM_001014	ribosomal protein S10	9.41418	0.75229	1.0432
RPS21	NM_001024	ribosomal protein S21	9.40759	0.429942	1.0654
HLA-C	BC005332	major histocompatibility complex, c	9.40659	0.785125	-1.0054
RPLP0	BC003655	ribosomal protein, large, P0	9.40178	0.4799	1.0697
UNC5B	AF253979	unc-5 homolog B (C. elegans)	9.40113	0.582518	1.044
HLA-C	AK024836	major histocompatibility complex, c	9.39887	0.024909	1.2349
RPS13	NM_001017	ribosomal protein S13	9.39684	0.459016	1.0558
...	AI799007	...	9.39384	0.197631	1.1377
S100A8	NM_002964	S100 calcium binding protein A8	9.39086	0.015169	1.5466
RPLP0	NM_001002	ribosomal protein, large, P0	9.38461	0.485979	1.0669
EEF1A1	BE964125	eukaryotic translation elongation f	9.37992	0.13346	1.1524
RPL3	BG339228	ribosomal protein L3	9.37871	0.839669	-1.044
RPL28	NM_000991	ribosomal protein L28	9.3748	0.39936	1.0608
RPL9	NM_000661	ribosomal protein L9	9.37473	0.258157	1.1118
RPL3	BC006483	ribosomal protein L3	9.36888	0.737559	-1.068
RP11-78J2	AL568186	heterogeneous nuclear ribonucleopro	9.36012	0.367155	1.0744
RPL24	AI560573	ribosomal protein L24	9.35859	0.501768	1.0478
RPL27	NM_000988	ribosomal protein L27	9.3577	0.503576	1.0509
ACTB	AFFX-HSAC0	actin, beta	9.3571	0.01343	1.3012
EEF1A1	NM_001402	eukaryotic translation elongation f	9.35146	0.240016	1.1134
RPSA	AW304232	ribosomal protein SA	9.35114	0.471434	1.0593
RPL30	L05095	ribosomal protein L30	9.35061	0.243352	1.092
RPS4X	AW132023	ribosomal protein S4, X-linked	9.35047	0.581757	1.0265
RPS2	NM_002952	ribosomal protein S2	9.34567	0.439845	1.0667
EIF1	BF246436	eukaryotic translation initiation f	9.34057	0.631992	1.0154
GAPDH	AFFX-HUMGA	glyceraldehyde-3-phosphate déydrog	9.33581	0.89193	-1.0392
ACTG1	AW190090	actin, gamma 1	9.33579	0.445738	1.0586
FTL	BG537190	ferritin, light polypeptide	9.33422	0.071832	1.2664
RPS16	AI200589	ribosomal protein S16	9.33387	0.391346	1.0779
HLA-C	AW575927	major histocompatibility complex, c	9.32293	0.355996	1.084
ACTG1	BE741683	actin, gamma 1	9.32133	0.44021	1.0587
RPS3	U14990	ribosomal protein S3	9.32019	0.477698	1.0542
HLA-C	BC004489	major histocompatibility complex, c	9.31866	0.033383	1.2311
RPS2	AA630314	ribosomal protein S2	9.31738	0.4672	1.0644

...	NM_173709	...	9.31716	0.46121	1.1032
RPL37	BF216701	ribosomal protein L37	9.31715	0.311818	1.0865
RPL13A	BC001675	ribosomal protein L13a	9.30846	0.850195	1.0084
RPL7A	NM_000972	ribosomal protein L7a	9.30744	0.98087	-1.0241
HLA-A	AA573862	major histocompatibility complex, c	9.30649	0.039143	1.2435
FTHP1	J04755	ferritin, heavy polypeptide pseudog	9.30328	0.153458	1.2082
RPS6	BC000524	ribosomal protein S6	9.30218	0.76263	1.0115
HLA-E	NM_005516	major histocompatibility complex, c	9.29981	0.005682	1.3252
...	AFFX-R2-P1	...	9.29925	0.141108	1.1733
	R01140	heat shock protein 90kDa alpha (cyt	9.29619	0.472471	1.0427
HSP90AA					
1					
ACTG1	BG026805	actin, gamma 1	9.28695	0.481606	1.0628
RPL34	NM_000995	ribosomal protein L34	9.28618	0.345932	1.0919
HMGB1	AF283771	high-mobility group box 1	9.28533	0.420569	1.0493
RPL12	AK026491	ribosomal protein L12	9.28392	0.529619	1.0438
PPIA	AI708767	peptidylprolyl isomerase A (cycloph	9.28151	0.801456	1.0087
HLA-C	M12679	major histocompatibility complex, c	9.27185	0.006432	1.3952
UBC	AB009010	ubiquitin C	9.26849	0.179327	1.1239
HLA-A	AI923492	major histocompatibility complex, c	9.26464	0.066598	1.2639
PPIA	BC001224	peptidylprolyl isomerase A (cycloph	9.26039	0.73387	1.0166
RPL17	NM_000985	ribosomal protein L17	9.25929	0.590458	1.0354
IGLJ3	X57812	immunoglobulin lambda joining 3	9.2531	0.852679	-1.0772
LAMP1	NM_005561	lysosomal-associated membrane prote	9.2518	0.02758	1.2336
IGHA1	S55735	immunoglobulin heavy constant alpha	9.24575	0.161432	-1.2587
RPL13A	BF942308	ribosomal protein L13a	9.24495	0.907602	-1.019
RPS7	AI970731	ribosomal protein S7	9.24089	0.394691	1.0693
IGHG3	M87789	immunoglobulin heavy constant gamma	9.23447	0.118872	-1.4418
PPIA	BE731738	peptidylprolyl isomerase A (cycloph	9.23348	0.914791	-1.0103
PPIA	NM_021130	peptidylprolyl isomerase A (cycloph	9.23292	0.774203	1.0124
IFITM2	AA749101	interferon induced transmembrane pr	9.22991	0.010733	1.3418
RPL12	AA281332	ribosomal protein L12	9.22863	0.442312	1.059
PPIA	BC005982	peptidylprolyl isomerase A (cycloph	9.22852	0.766783	1.0121
ACTG1	BC001920	actin, gamma 1	9.22635	0.391136	1.0697
TMSB4X	AL133228	thymosin beta 4, X-linked	9.22436	0.09178	1.1714
TXNIP	NM_006472	thioredoxin interacting protein	9.22385	0.017551	1.3428
RPS18	NM_022551	ribosomal protein S18	9.22347	0.640855	1.0232
B2M	AW188940	beta-2-microglobulin	9.22284	0.064391	1.1544
CFL1	NM_005507	cofilin 1 (non-muscle)	9.22219	0.209578	1.1488
HLA-B	L42024	major histocompatibility complex, c	9.22158	0.060992	1.2255
	Z98200	similar to ribosomal protein L3	9.22142	0.462473	-1.1381
LOC64274					
1					
	BE963164	similar to Elongation factor 1-gamm	9.21894	0.893903	1.0008
LOC65400					
7					
ACTG1	AA703939	actin, gamma 1	9.21769	0.478674	1.0512
ACTG1	NM_001614	actin, gamma 1	9.215	0.624088	1.0412
ACTG1	AL515810	actin, gamma 1	9.21184	0.445591	1.0659
RPL12	NM_000976	ribosomal protein L12	9.20909	0.583603	1.0366

ACTG1	AU145192	actin, gamma 1	9.20749	0.830784	1.0105
ATP13A5	NM_173702	ATPase type 13A5	9.19998	0.345577	1.0798
RPS28	BC000354	ribosomal protein S28	9.19855	0.381597	1.0702
RPL17	BE733979	ribosomal protein L17	9.19503	0.70165	1.0193
CXCR4	AJ224869	chemokine (C-X-C motif) receptor 4	9.19395	0.356133	1.0951
GAPDH	BE561479	glyceraldéyde-3-phosphate déydrog	9.19303	0.95088	-1.0228
RPLP0	AI953822	ribosomal protein, large, P0	9.1842	0.76663	-1.0503
RPL27A	NM_000990	ribosomal protein L27a	9.18373	0.344058	-1.1138
RPL8	NM_000973	ribosomal protein L8	9.18043	0.859466	-1.0191
RPL10	NM_006013	ribosomal protein L10	9.17945	0.36895	1.0721
TPT1	AL565449	tumor protein, translationally-cont	9.16944	0.678257	1.0367
RPL13	AA961748	ribosomal protein L13	9.16757	0.501828	1.0519
RPL17	BG168283	ribosomal protein L17	9.16715	0.586324	1.0361
CALM1	NM_006888	calmodulin 1 (phosphorylase kinase,	9.16373	0.124191	1.1384
RPL23A	NM_000984	ribosomal protein L23a	9.15434	0.316639	1.0878
RPL32	NM_000994	ribosomal protein L32	9.14479	0.452238	1.0551
PARK7	NM_007262	Parkinson disease (autosomal recess	9.13486	0.868402	-1.0256
RPL14	AA838274	ribosomal protein L14	9.13319	0.249666	1.1051
RPL14	AV698647	ribosomal protein L14	9.124	0.203838	-1.304
EEF1G	AF119850	eukaryotic translation elongation f	9.11523	0.926845	-1.0024
MYL6	BE734356	myosin, light chain 6, alkali, smoo	9.11311	0.039513	1.2264
TPT1	AI888178	tumor protein, translationally-cont	9.1127	0.254352	1.1035
RPL13	AI186735	ribosomal protein L13	9.11066	0.871378	1.0094
OAZ1	D87914	ornithine decarboxylase antizyme 1	9.10971	0.084005	1.1848
RPL7A	BE559788	ribosomal protein L7a	9.10954	0.454251	-1.1136
ACTR3	Z78330	ARP3 actin-related protein 3 homolo	9.10385	0.267007	1.0904
RPL13A	NM_012423	ribosomal protein L13a	9.10061	0.631542	-1.0628
FTH1	NM_002032	ferritin, heavy polypeptide 1	9.09524	0.297546	1.2596
RPL7	BG389744	ribosomal protein L7	9.09364	0.515805	-1.086
TUBA1B	BC006379	tubulin, alpha 1b	9.08109	0.841614	1.0253
RPL13A	BC000514	ribosomal protein L13a	9.077	0.864916	1.0343
ACTG1	AL567820	actin, gamma 1	9.07471	0.831466	-1.0315
H3F3A	AI955655	H3 histone, family 3A	9.07186	0.425505	1.0604
EEF1G	NM_001404	eukaryotic translation elongation f	9.07124	0.915188	1.0009
HLA-DRB4	NM_021983	major histocompatibility complex, c	9.07049	0.004755	1.615
RPL13	BC004954	ribosomal protein L13	9.06753	0.987902	-1.0063
RPS14	AF116710	ribosomal protein S14	9.06718	0.829329	1.0027
RPLP2	NM_001004	ribosomal protein, large, P2	9.06705	0.96404	1.0063
IGHM	BC001872	immunoglobulin heavy constant mu	9.06679	0.060332	-1.5376
LDHB	BE042354	lactate déydrogenase B	9.06533	0.254782	-1.1837
RPL6	NM_000970	ribosomal protein L6	9.06527	0.763928	-1.0322
GAPDH	AK026525	glyceraldéyde-3-phosphate déydrog	9.06447	0.691828	-1.0585
HMGB1	NM_002128	high-mobility group box 1	9.06167	0.634429	-1.0681
...	AFFX-HUMRG	...	9.05778	0.754369	1.0464
PSAP	NM_002778	prosaposin (variant Gaucher disease	9.0513	0.014358	1.4793
PGK1	NM_000291	phosphoglycerate kinase 1	9.04979	0.708498	1.0253
RPL13	AA789278	ribosomal protein L13	9.04579	0.705579	-1.0621
RPS17	BC004886	ribosomal protein S17	9.04447	0.86706	-1.0172
IFITM2	NM_006435	interferon induced transmembrane pr	9.0441	0.008667	1.4253

ATP5A1	AI587323	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	9.04128	0.343458	-1.1345
VDAC3	BC002456	voltage-dependent anion channel 3	9.04039	0.855195	-1.038
RPS6	BE741754	ribosomal protein S6	9.03922	0.87524	1.011
GAPDH	BF689355	glyceraldéyde-3-phosphate déydrog	9.03653	0.721786	-1.0612
	AL356115	similar to v-fos transformation eff	9.03645	0.469549	-1.0701
LOC43999					
2					
RPS15A	NM_001019	ribosomal protein S15a	9.03616	0.703533	1.0195
H3F3B	Z48950	H3 histone, family 3B (H3.3B)	9.03523	0.018645	1.2441
CCDC72	BG167522	coiled-coil domain containing 72	9.03313	0.558874	1.0339
...	AFFX-CREX-	...	9.03182	0.11733	1.1922
GLTSCR2	NM_015710	glioma tumor suppressor candidate r	9.03081	0.321885	1.095
RPS17	NM_001021	ribosomal protein S17	9.02791	0.677306	1.0101
LDHB	NM_002300	lactate déydrogenase B	9.02343	0.142411	-1.2633
PTP4A2	U48297	protein tyrosine phosphatase type I	9.0221	0.290558	1.09
RPL38	NM_000999	ribosomal protein L38	9.01145	0.463186	1.0524
RPL4	AI953886	ribosomal protein L4	9.00683	0.291573	-1.1686
RPL4	BC005817	ribosomal protein L4	9.00391	0.291551	-1.1778
CALM2	NM_001743	calmodulin 2 (phosphorylase kinase,	9.00315	0.061735	1.2351
HLA-DPA1	M27487	major histocompatibility complex, c	8.99731	0.116661	1.3641
RPS16	NM_001020	ribosomal protein S16	8.98755	0.504482	-1.0885
SUB1	BG231551	SUB1 homolog (S. cerevisiae)	8.98712	0.785248	-1.0771
SRGN	NM_002727	serglycin	8.98252	0.021124	1.2154
NPM1	BC002398	nucleophosmin (nucleolar phosphopro	8.97804	0.942268	-1.0452
GZMB	J03189	granzyme B (granzyme 2, cytotoxic T	8.9728	0.839811	1.0587
...	AFFX-HUMRG	...	8.97248	0.927282	-1.0267
RPS25	AA888388	ribosomal protein S25	8.968	0.451603	1.0507
RAC2	BE138888	ras-related C3 botulinum toxin subs	8.96722	0.04496	1.2077
RPL19	NM_000981	ribosomal protein L19	8.96643	0.984973	-1.02
IFITM3	BF338947	interferon induced transmembrane pr	8.95608	0.004324	1.5349
TUBA1B	BC006481	tubulin, alpha 1b	8.9533	0.82065	1.0221
H3F3A	AA477655	H3 histone, family 3A	8.95196	0.779353	1.0034
YBX1	BC002411	Y box binding protein 1	8.94972	0.491025	-1.085
FTL	BG538564	ferritin, light polypeptide	8.94766	0.038142	1.318
TXNDC5	NM_030810	thioredoxin domain containing 5	8.94106	0.030516	-1.748
SFRS11	NM_004768	splicing factor, arginine/serine-ri	8.93673	0.153725	-1.1644
YWHAZ	NM_003406	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan	8.93617	0.4536	1.0417
LDHA	NM_005566	lactate déydrogenase A	8.93369	0.229237	-1.2105
TUBA1B	AL581768	tubulin, alpha 1b	8.93318	0.700624	-1.052
UBA52	AF348700	ubiquitin A-52 residue ribosomal pr	8.93116	0.191727	1.1365
	BF026595	similar to 40S ribosomal protein S1	8.93012	0.569538	-1.101
LOC40205					
7					
	BE043477	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal	8.92881	0.00176	1.3477
ATP6V0E					
1					
SAT1	NM_002970	spermidine/spermine N1-acetyltransf	8.92734	0.052755	1.253
PSMB1	W86293	proteasome (prosome, macropain) sub	8.92652	0.290971	1.065
EIF1	AL537707	eukaryotic translation initiation f	8.92356	0.225941	1.1509

RPL4	NM_000968	ribosomal protein L4	8.92326	0.231891	-1.2041
HMGN2	BC003689	high-mobility group nucleosomal bin	8.91576	0.995282	-1.0087
CUGBP2	U69546	CUG triplet repeat, RNA binding pro	8.91464	0.12645	1.1179
ANP32B	NM_006401	acidic (leucine-rich) nuclear phosph	8.91131	0.75023	-1.0683
LAPTM5	NM_006762	lysosomal associated multispinning	8.89919	0.01393	1.3365
	NM_001175	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI	8.89875	0.147922	1.1675
ARHGDIB					
HLA-DRB5	NM_002125	major histocompatibility complex, c	8.89872	0.024751	1.392
EIF1	W67644	eukaryotic translation initiation f	8.89125	0.286604	1.1281
MCL1	AI275690	myeloid cell leukemia sequence 1 (B	8.8908	0.010518	1.4101
ETS1	BE218980	v-ets erythroblastosis virus E26 on	8.89057	0.337203	1.0935
PGAM1	NM_002629	phosphoglycerate mutase 1 (brain)	8.88869	0.404531	1.057
TPT1	AF072098	tumor protein, translationally-cont	8.88478	0.351409	-1.0899
EIF1	AF083441	eukaryotic translation initiation f	8.88283	0.190526	1.1643
RPLP0-like	AA555113	ribosomal protein P0-like	8.88164	0.224729	-1.2465
JTB	NM_006694	jumping translocation breakpoint	8.87785	0.181525	-1.1605
PPIB	NM_000942	peptidylprolyl isomerase B (cycloph	8.87774	0.179995	-1.1752
HMGB2	BC000903	high-mobility group box 2	8.87201	0.630332	-1.058
DDX5	NM_004396	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypept	8.87179	0.071368	1.1292
STK24	AF083420	serine/threonine kinase 24 (STE20 h	8.87093	0.745207	1.0089
NBPF12	AI800419	neuroblastoma breakpoint family, me	8.87085	0.019139	1.3092
KARS	NM_005548	lysyl-tRNA synthetase	8.86896	0.184249	1.2056
GAPDH	AFFX-HUMGA	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrog	8.86808	0.422229	-1.1047
RAP1B	NM_015646	RAP1B, member of RAS oncogene famil	8.86544	0.201436	1.1411
NCOA4	AL162047	nuclear receptor coactivator 4	8.85785	0.080125	1.202
LYZ	AV711904	lysozyme (renal amyloidosis)	8.85778	0.037997	1.4136
NACA	NM_005594	nascent polypeptide-associated comp	8.85536	0.424115	-1.0899
NACA	BF976260	nascent polypeptide-associated comp	8.85465	0.43483	-1.0977
HSPA8	AA704004	heat shock 70kDa protein 8	8.85434	0.562599	1.0674
TUBA1B	BE300252	tubulin, alpha 1b	8.85365	0.791074	-1.04
RPL29	BF683426	ribosomal protein L29	8.85113	0.981075	-1.0072
JTB	AF151056	jumping translocation breakpoint	8.85066	0.360407	-1.1149
HLA-DRB1	U65585	major histocompatibility complex, c	8.84778	0.004772	1.6714
H3F3A	BF312331	H3 histone, family 3A	8.84764	0.948572	-1.0226
RPL22	BG152979	ribosomal protein L22	8.84735	0.21061	-1.1931
RPL18	NM_000979	ribosomal protein L18	8.84354	0.603153	-1.0798
COX7A2	NM_001865	cytochrome c oxidase subunit VIIa p	8.84329	0.862977	-1.056
CALM1	BC000454	calmodulin 1 (phosphorylase kinase,	8.84239	0.491245	1.0676
SEPT9	AB023208	septin 9	8.83562	0.318261	1.0829
RPL21	NM_000982	ribosomal protein L21	8.83217	0.491557	-1.0984
	AL121916	similar to Ribosomal protein S4, X-	8.82901	0.320864	-1.1639
LOC390183					
TMEM66	NM_016127	transmembrane protein 66	8.82831	0.449138	1.0411
SFRS10	NM_004593	splicing factor, arginine/serine-ri	8.82767	0.722992	1.0123
MRFAP1	BG435643	Mof4 family associated protein 1	8.82497	0.009441	1.2186

PABPC1	AI734929	poly(A) binding protein, cytoplasmic	8.82396	0.788552	-1.0244
YWHAB	NM_014052	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan	8.82329	0.042936	1.2248
USMG5	BG291685	upregulated during skeletal muscle	8.82282	0.40484	-1.0995
SNX3	AB047360	sorting nexin 3	8.82178	0.081311	1.1552
DUSP1	NM_004417	dual specificity phosphatase 1	8.81961	0.074007	1.5588
HNRPM	AL713781	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.81197	0.333136	-1.1198
PTPRC	Y00062	protein tyrosine phosphatase, recep	8.81028	0.030575	1.1735
EIF4G2	NM_001418	eukaryotic translation initiation f	8.80702	0.496202	-1.072
FKBP11	NM_016594	FK506 binding protein 11, 19 kDa	8.80684	0.031309	-1.5631
EIF3EIP	NM_016091	eukaryotic translation initiation f	8.80043	0.244783	-1.2092
RPL5	NM_000969	ribosomal protein L5	8.79898	0.115551	-1.2494
ARL6IP5	NM_006407	ADP-ribosylation-like factor 6 inte	8.79615	0.008646	1.2454
RPS9	NM_001013	ribosomal protein S9	8.7888	0.649216	1.0829
LRRFIP1	AF130054	leucine rich repeat (in FLII) inter	8.7862	0.001476	1.4494
CD53	NM_000560	CD53 molecule	8.78328	0.00198	1.3513
SELL	NM_000655	selectin L (lymphocyte adhesion mol	8.78176	0.017184	1.252
TNFAIP3	NM_006290	tumor necrosis factor, alpha-induce	8.77338	0.310663	1.1847
RPS5	NM_001009	ribosomal protein S5	8.77137	0.261117	-1.2117
SEC11A	NM_014300	SEC11 homolog A (S. cerevisiae)	8.77122	0.671295	1.0215
NDUFS6	NM_004553	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-	8.7707	0.487406	-1.0913
H3F3B	NM_005324	H3 histone, family 3B (H3.3B)	8.77049	0.006003	1.2459
RPL22	D17652	ribosomal protein L22	8.76953	0.224893	-1.1997
IFI30	NM_006332	interferon, gamma-inducible protein	8.76733	0.006894	1.7446
ITM2B	NM_021999	integral membrane protein 2B	8.76641	0.018103	1.239
SNHG5	BG339050	small nucleolar RNA host gene (non-	8.76076	0.686548	1.0655
ANXA2	BE908217	annexin A2	8.7589	0.112224	1.1966
LBR	NM_002296	lamin B receptor	8.73636	0.49024	1.0725
DAZAP2	NM_014764	DAZ associated protein 2	8.73274	0.040265	1.192
CAP1	AA806142	CAP, adenylate cyclase-associated p	8.73267	0.095262	1.1986
	NM_012286	mortality factor 4 like 2	8.73006	0.983915	-1.0086
MORF4L2					
DAZAP2	N34846	DAZ associated protein 2	8.7283	0.015479	1.3032
PSME2	NM_002818	proteasome (prosome, macropain) act	8.72604	0.344588	1.1192
	AJ224080	similar to ribosomal protein L7a	8.7241	0.427953	-1.137
LOC15266					
3					
RPL15	AF279903	ribosomal protein L15	8.72273	0.776328	-1.0353
IGJ	AV733266	immunoglobulin J polypeptide, linke	8.71951	0.543791	-1.0706
COPB1	NM_016451	coatamer protein complex, subunit b	8.71621	0.955809	-1.0384
TRAM1	BC000687	translocation associated membrane p	8.71566	0.215917	-1.1522
HSPA8	AF217511	heat shock 70kDa protein 8	8.71414	0.887456	1.0461
OAZ1	AF090094	ornithine decarboxylase antizyme 1	8.71171	0.16295	1.1394
TUBA1C	BC004949	tubulin, alpha 1c	8.70601	0.690914	-1.0738
CDV3	AK025647	CDV3 homolog (mouse)	8.70557	0.416355	-1.1748
NFKBIZ	AB037925	nuclear factor of kappa light polyp	8.70271	0.184594	1.2322
JTB	BC004239	jumping translocation breakpoint	8.70164	0.147036	-1.1991
MRLC2	U26162	myosin regulatory light chain MRLC2	8.69791	0.001244	1.2847
CBX3	NM_016587	chromobox homolog 3 (HP1 gamma	8.6959	0.626431	-1.0583
		homo			
NBPF1	BF740216	neuroblastoma breakpoint family, me	8.69552	0.020385	1.307
RPL14	U16738	ribosomal protein L14	8.69417	0.733336	-1.0329

SLC25A6	AI961224	solute carrier family 25 (mitochond	8.69288	0.411253	-1.0783
SNRPG	NM_003096	small nuclear ribonucleoprotein pol	8.69182	0.564187	-1.0556
NBPF11	BE299495	neuroblastoma breakpoint family, me	8.69027	0.027597	1.2842
EIF4A2	NM_001967	eukaryotic translation initiation f	8.68518	0.27169	1.0921
GNAS	NM_000516	GNAS complex locus	8.68128	0.136389	-1.2194
HIF1A	NM_001530	hypoxia-inducible factor 1, alpha s	8.68125	0.55657	1.096
ANXA2	NM_004039	annexin A2	8.67919	0.198595	1.1553
	AW574664	similar to RPL13 protein	8.67576	0.510046	-1.1066
LOC38834					
4					
ANXA2	BC001388	annexin A2	8.67456	0.150184	1.1769
TUBA1B	NM_006082	tubulin, alpha 1b	8.67401	0.649176	-1.0709
HNRPD	D55672	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.67246	0.109788	-1.2204
GNAS	AI591100	GNAS complex locus	8.6705	0.21107	-1.1814
RPL13A	BF979419	ribosomal protein L13a	8.67017	0.656611	-1.0468
H2AFZ	BF718636	H2A histone family, member Z	8.66877	0.128288	-1.2753
RAB1A	BC000905	RAB1A, member RAS oncogene	8.66619	0.265013	1.084
		family			
YWHAQ	BF033313	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan	8.66619	0.548594	-1.0615
SUMO2	AI971724	SMT3 suppressor of mif two 3 homolo	8.66018	0.264149	1.1115
NDUFB8	NM_005004	NADH déhydrogenase (ubiquinone) 1 b	8.65785	0.457879	-1.0677
COX4I1	NM_001861	cytochrome c oxidase subunit IV iso	8.65772	0.993453	1.0122
CD47	BG230614	CD47 molecule	8.65507	0.197202	1.0755
RPS26	NM_001029	ribosomal protein S26	8.65078	0.128958	-1.3425
HNRPH1	NM_005520	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.64889	0.11545	1.1881
C20orf118	AA603344	chromosome 20 open reading frame 11	8.6481	0.001997	1.5776
GNAS	NM_016592	GNAS complex locus	8.64755	0.216701	-1.1834
...	AFFX-M2783	...	8.64732	0.329731	-1.1112
NBPF1	N32025	neuroblastoma breakpoint family, me	8.64711	0.040338	1.2668
PPIB	NM_000942	peptidylprolyl isomerase B (cycloph	8.64481	0.061964	-1.3924
HNRPA3	BC012090	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.64043	0.213013	1.1624
DDX17	Z97056	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box	8.63854	0.19513	1.1077
		polypept			
SKP1	AA927664	S-phase kinase-associated protein 1	8.63829	0.272737	1.0682
GDI2	NM_001494	GDP dissociation inhibitor 2	8.63786	0.502036	1.0918
IGLL3	AL022324	immunoglobulin lambda-like polypept	8.63641	0.007524	-2.578
SPCS2	NM_014752	signal peptidase complex subunit 2	8.63436	0.211341	-1.2067
ADD3	NM_019903	adducin 3 (gamma)	8.63106	0.883335	1.0068
TPM3	BC000771	tropomyosin 3	8.62948	0.006796	1.2679
TUBA1A	AF141347	tubulin, alpha 1a	8.62436	0.008598	1.8686
RRM2	BE966236	ribonucleotide reductase M2 polypep	8.62408	0.07486	-1.5518
SULT1C4	NM_006588	sulfotransferase family, cytosolic,	8.62073	0.607141	-1.0942
YWHAQ	AA854017	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan	8.62006	0.83803	-1.0346
MATR3	AA129420	matrin 3	8.61975	0.947878	-1.0071
FNTA	BG168896	farnesyltransferase, CAAX box, alph	8.61832	0.420763	1.0906
CIRBP	NM_001280	cold inducible RNA binding protein	8.61794	0.667038	1.0242
PSMC2	NM_002803	proteasome (prosome, macropain) 26S	8.61788	0.768603	-1.0291
...	AFFX-CREX-	...	8.61406	0.120663	1.203
SPCS1	NM_014041	signal peptidase complex subunit 1	8.61253	0.03051	-1.4228
	NM_006791	mortality factor 4 like 1	8.61235	0.438021	1.0409
MORF4L1					

ADAR	NM_001111	adenosine deaminase, RNA-specific	8.61157	0.002492	1.3729
HNRPK	BC000355	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.61084	0.826012	1.0163
...	AV756161	...	8.61014	0.8532	-1.045
C11orf10	NM_014206	chromosome 11 open reading frame 10	8.60968	0.051991	-1.2891
PTMA	NM_002823	prothymosin, alpha (gene sequence 2	8.6087	0.658373	1.021
BTN3A3	NM_006994	butyrophilin, subfamily 3, member A	8.60384	0.005682	1.3936
IFITM1	NM_003641	interferon induced transmembrane pr	8.60378	0.001576	1.5969
TUBA1C	BC005946	tubulin, alpha 1c	8.60342	0.694183	-1.0727
SEC61B	NM_006808	Sec61 beta subunit	8.60329	0.063735	-1.3585
PABPC3	NM_030979	poly(A) binding protein, cytoplasmic	8.60118	0.388877	-1.104
CYCS	BC005299	cytochrome c, somatic	8.60042	0.075356	-1.2815
PTMA	AF348514	prothymosin, alpha (gene sequence 2	8.5994	0.144158	1.2109
ARPC2	BG034239	actin related protein 2/3 complex,	8.59816	0.127318	1.1544
RPL36AL	NM_001001	ribosomal protein L36a-like	8.59726	0.229918	-1.236
PRICKLE	NM_017601	prickle homolog 4 (Drosophila)	8.59693	0.728453	-1.0464
4					
STAT1	NM_007315	signal transducer and activator of	8.59651	0.022135	1.4528
C20orf118	BF437747	chromosome 20 open reading frame 11	8.5961	0.001886	1.6089
RPS27A	NM_002954	ribosomal protein S27a	8.59553	0.070705	-1.4124
TMEM123	BG538627	transmembrane protein 123	8.59401	0.349258	1.1005
RHOA	BC001360	ras homolog gene family, member A	8.59283	0.016069	1.1702
RPS24	BC000523	ribosomal protein S24	8.59161	0.393334	-1.1115
TMBIM4	AF161526	transmembrane BAX inhibitor motif c	8.58976	0.310843	1.1017
SERBP1	AF131807	SERPINE1 mRNA binding protein 1	8.58742	0.385759	-1.1135
CD52	N90866	CD52 molecule	8.58717	0.032139	1.3885
C20orf24	NM_018840	chromosome 20 open reading frame 24	8.58661	0.023381	1.1904
SAT1	M55580	spermidine/spermine N1-acetyltransf	8.5846	0.077824	1.5407
SLC25A5	NM_001152	solute carrier family 25 (mitochond	8.58375	0.198028	-1.1865
ITGB1	BG500301	integrin, beta 1 (fibronectin recep	8.58222	0.847869	1.0179
DHX15	NM_001358	DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box	8.57962	0.983785	-1.0249
HMGN1	NM_004965	polypept			
NPM1	AA191576	high-mobility group nucleosome bind	8.57611	0.373303	-1.0987
...	AFFX-	nucleophosmin (nucleolar phosphopro	8.57503	0.040137	-1.5236
HUMRG		...	8.57265	0.788727	-1.0247
ATP5E	NM_006886	ATP synthase, H+ transporting, mito	8.57105	0.962371	-1.0062
SFPQ	AL558875	splicing factor proline/glutamine-r	8.57035	0.708656	-1.0445
SLC25A3	NM_002635	solute carrier family 25 (mitochond	8.56151	0.267652	-1.1243
FCN1	NM_002003	ficolin (collagen/fibrinogen domain	8.55761	0.059741	1.9616
GNA13	AI928136	guanine nucleotide binding protein	8.55261	0.160771	1.141
PRF1	AI445650	perforin 1 (pore forming protein)	8.55224	0.146867	1.3625
EIF3F	NM_003754	eukaryotic translation initiation f	8.55096	0.087846	-1.2208
SSR4	NM_006280	signal sequence receptor, delta (tr	8.5484	0.039545	-1.3429
ACTR3	NM_005721	ARP3 actin-related protein 3 homolo	8.54681	0.299654	1.1411
GZMA	NM_006144	granzyme A (granzyme 1, cytotoxic T	8.54675	0.861827	1.0809
PPP1CC	NM_002710	protein phosphatase 1, catalytic su	8.54295	0.14502	-1.1641
SERP1	NM_014445	stress-associated endoplasmic retic	8.54186	0.289653	-1.1623
ATP5B	NM_001686	ATP synthase, H+ transporting, mito	8.54112	0.256857	-1.1449
NACAP1	AF315951	nascent-polypeptide-associated comp	8.53938	0.48654	1.1192

OGT	AF070560	O-linked N-acetylglucosamine (GlcNA	8.53847	0.383879	-1.1115
SNX3	AL078596	sorting nexin 3	8.53255	0.025265	1.1446
MRCL3	NM_006471	myosin regulatory light chain MRCL3	8.5315	0.021295	1.2678
CARS	AI769685	cysteinyl-tRNA synthetase	8.53135	0.559251	1.0334
BTG1	AL535380	B-cell translocation gene 1, anti-p	8.53125	0.66227	1.0778
TFRC	BC001188	transferrin receptor (p90, CD71)	8.52902	0.258864	1.1189
GLRX	NM_002064	glutaredoxin (thioltransferase)	8.52836	0.363547	1.2252
SFRS3	BC000914	splicing factor, arginine/serine-ri	8.52745	0.196148	-1.2157
NDUFB2	NM_004546	NADH déhydrogenase (ubiquinone) 1 b	8.52523	0.808646	1.0203
CAPZA1	NM_006135	capping protein (actin filament) mu	8.52204	0.563771	1.0601
EIF4A1	BC006210	eukaryotic translation initiation f	8.52195	0.319129	-1.1174
HINT1	AK054976	histidine triad nucleotide binding	8.51944	0.801409	-1.0371
ARPC2	NM_005731	actin related protein 2/3 complex,	8.51808	0.382069	1.1455
ENO1	NM_001428	enolase 1, (alpha)	8.51426	0.78052	-1.0508
C11orf31	AA526939	chromosome 11 open reading frame 31	8.51262	0.885715	-1.0008
RPL22	NM_000983	ribosomal protein L22	8.5116	0.064639	-1.3701
RPN2	AL514285	ribophorin II	8.50781	0.026513	-1.3485
H3F3B	BC001124	H3 histone, family 3B (H3.3B)	8.50458	0.008086	1.2685
RRM2	BC001886	ribonucleotide reductase M2 polypep	8.49655	0.075038	-1.6033
WAC	AL135461	WW domain containing adaptor with c	8.49213	0.470841	1.0736
XAF1	AA142842	XIAP associated factor 1	8.4916	0.026902	1.8594
RPL35	NM_007209	ribosomal protein L35	8.49106	0.953744	-1.017
AQP3	N74607	aquaporin 3 (Gill blood group)	8.48628	0.041547	-1.5061
SLC38A2	AF298897	solute carrier family 38, member 2	8.4831	0.724251	1.0312
SEPT2	NM_004404	septin 2	8.48295	0.601425	-1.0528
PNRC2	NM_017761	proline-rich nuclear receptor coact	8.48146	0.529099	1.0428
SERBP1	BC002488	SERPINE1 mRNA binding protein 1	8.48085	0.074077	-1.2827
RPN2	AI560720	ribophorin II	8.48047	0.020623	-1.3683
	X79536	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.48	0.109978	-1.1823
HNRNPA1					
PSME1	NM_006263	proteasome (prosome, macropain) act	8.47861	0.020071	1.1923
ATP5C1	AV711183	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	8.47568	0.35253	-1.0916
VCAN	BF218922	versican	8.47389	0.379926	1.2321
PSMB4	NM_002796	proteasome (prosome, macropain) sub	8.47364	0.347902	-1.0981
RPL11	NM_000975	ribosomal protein L11	8.47332	0.879096	-1.0063
GTF3A	NM_002097	general transcription factor IIIA	8.47227	0.126196	-1.195
EEF1B2	NM_001959	eukaryotic translation elongation f	8.47175	0.074916	-1.3207
HLA-C	BG536224	major histocompatibility complex, c	8.46867	0.028967	-1.7709
PTP4A2	AF208850	protein tyrosine phosphatase type I	8.46819	0.626678	-1.0479
PLAC8	NM_016619	placenta-specific 8	8.46743	0.160626	1.4257
PSMA6	BC002979	proteasome (prosome, macropain) sub	8.46112	0.745441	1.0126
ATP5F1	BC005960	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	8.46058	0.306271	-1.11
GTF3A	BE542815	general transcription factor IIIA	8.45894	0.185403	-1.1777
	NM_003542	histone cluster 1, H4c	8.45875	0.040247	-1.7231
HIST1H4C					
PSMB9	NM_002800	proteasome (prosome, macropain) sub	8.45623	0.00005	1.5788
HSPD1	NM_002156	heat shock 60kDa protein 1 (chapero	8.45522	0.014228	-1.6062
CANX	M94859	calnexin	8.448	0.06167	-1.3139
GPX1	NM_000581	glutathione peroxidase 1	8.44558	0.551288	1.1574
PABPC1	U64661	poly(A) binding protein, cytoplasmic	8.44432	0.43789	-1.0964

YWHAZ	NM_003406	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan	8.44163	0.973987	-1.0225
SNRPD3	NM_004175	small nuclear ribonucleoprotein D3	8.44146	0.098063	-1.2019
GNLY	M85276	granulysin	8.44141	0.369248	1.3198
UBC	M26880	ubiquitin C	8.44112	0.036395	1.2383
HNRNPR	BC001449	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.44106	0.215056	-1.1047
CROP	NM_006107	cisplatin resistance-associated ove	8.44072	0.549831	-1.1129
IFI16	AF208043	interferon, gamma-inducible protein	8.43852	0.126521	1.388
HLA-F	AW514210	major histocompatibility complex, c	8.43622	0.000621	1.43
RTN4	AF320999	reticulon 4	8.43528	0.00766	1.2524
KLF2	NM_016270	Kruppel-like factor 2 (lung)	8.43483	0.382317	1.1502
HLA-B	L07950	major histocompatibility complex, c	8.43407	0.03959	1.3362
CLIC1	AF034607	chloride intracellular channel 1	8.43405	0.194511	1.1505
RANBP9	AF306510	RAN binding protein 9	8.42932	0.148105	-1.1877
	BG420237	heat shock protein 90kDa alpha (cyt	8.42928	0.464569	1.0409
HSP90AA					
1					
C20orf24	BC004446	chromosome 20 open reading frame 24	8.4271	0.038037	1.2048
MAPRE1	NM_012325	microtubule-associated protein, RP/	8.4262	0.931121	-1.0322
H3F3A	BE869922	H3 histone, family 3A	8.42557	0.937962	-1.08
RPL3	L22453	ribosomal protein L3	8.4254	0.098997	-1.3361
KLF6	BU683415	Kruppel-like factor 6	8.42156	0.046383	1.5129
YME1L1	NM_014263	YME1-like 1 (S. cerevisiae)	8.42027	0.8865	-1.0083
SUB1	BE784583	SUB1 homolog (S. cerevisiae)	8.41998	0.039766	-1.331
CAPN2	M23254	calpain 2, (m/II) large subunit	8.4195	0.411411	1.0755
IL23A	AL559122	interleukin 23, alpha subunit p19	8.41855	0.904095	1.0529
ATP5C1	BC000931	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	8.41843	0.375003	-1.0987
IRF2BP2	AW242432	interferon regulatory factor 2 bind	8.4171	0.227106	1.2063
IL7R	BE217880	interleukin 7 receptor	8.41659	0.973402	1.0126
TRIB1	NM_025195	tribbles homolog 1 (Drosophila)	8.41559	0.796679	1.0818
RPL35A	AW402660	ribosomal protein L35a	8.41197	0.872273	-1.029
SSR1	NM_003144	signal sequence receptor, alpha (tr	8.41137	0.00612	-1.5507
PRPF40A	NM_017892	PRP40 pre-mRNA processing factor	8.40789	0.276653	1.0767
		40			
SRP14	NM_003134	signal recognition particle 14kDa (	8.40329	0.403397	-1.0662
	AF028832	heat shock protein 90kDa alpha (cyt	8.40219	0.38341	-1.0762
HSP90AA					
1					
NONO	NM_007363	non-POU domain containing, octamer-	8.40037	0.631831	-1.0413
ALDOA	AK026577	aldolase A, fructose-bisphosphate	8.40029	0.405992	1.1089
	AI133727	zinc finger CCCH-type, antiviral 1	8.39856	0.49176	1.0454
ZC3HAV1					
NFKBIA	AI078167	nuclear factor of kappa light polyp	8.39693	0.723447	1.0851
HLA-	AJ297586	major histocompatibility complex, c	8.39671	0.017874	1.7361
DRB1					
PRDX1	L19184	peroxiredoxin 1	8.39621	0.233972	-1.1572
DNAJC1	BF591419	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C,	8.3948	0.295562	-1.1586
	BE963765	family with sequence similarity 120	8.39418	0.86461	1.0183
FAM120A					
	NM_002137	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.39305	0.128769	-1.1834
HNRNPA2					
B1					

HNRPDL	D89092	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.3923	0.849824	-1.0149
LAP3	NM_015907	leucine aminopeptidase 3	8.39046	0.092932	1.4073
XRN1	BG534738	5'-3' exoribonuclease 1	8.3903	0.007922	1.3637
IKZF1	AI741188	IKAROS family zinc finger 1 (Ikaros	8.38925	0.1615	1.1392
PTPRO	U20489	protein tyrosine phosphatase, recep	8.38858	0.45852	-1.0965
...	AI475680	...	8.38786	0.73979	1.0292
YY1	NM_003403	YY1 transcription factor	8.38742	0.894068	1.006
EIF4A1	NM_001416	eukaryotic translation initiation f	8.38655	0.411834	-1.0963
ATP5L	AF070655	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	8.38536	0.130216	-1.1949
MKNK2	NM_017572	MAP kinase interacting serine/threo	8.38535	0.007243	1.374
CD99	NM_002414	CD99 molecule	8.38057	0.768741	1.0809
GLUL	AL161952	glutamate-ammonia ligase (glutamine	8.38042	0.026311	1.7408
SFRS2	NM_003016	splicing factor, arginine/serine-ri	8.37976	0.549051	-1.1154
BAT2D1	AL096857	BAT2 domain containing 1	8.37657	0.65826	1.0339
SSR2	NM_003145	signal sequence receptor, beta (tra	8.37371	0.053499	-1.3037
RASSF5	BC004270	Ras association (RalGDS/AF-6) domai	8.37363	0.425454	1.0467
	BG505670	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.37123	0.337738	-1.1205
HNRPA3P					
1					
	AF217092	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 a	8.37103	0.540797	-1.0946
NDUFA12					
ATF4	NM_001675	activating transcription factor 4 (	8.37068	0.038601	-1.2466
PDIA6	BE910010	protein disulfide isomerase family	8.37012	0.020271	-1.4064
UCP2	U94592	uncoupling protein 2 (mitochondrial	8.37008	0.034364	1.3434
COX6B1	NM_001863	cytochrome c oxidase subunit Vib po	8.36865	0.526681	1.0611
KPNB1	BG249565	karyopherin (importin) beta 1	8.36813	0.6602	-1.0783
CD164	NM_006016	CD164 molecule, sialomucin	8.36798	0.03153	1.1897
C14orf2	AF116639	chromosome 14 open reading frame 2	8.36406	0.324647	-1.0952
HIATL1	AF130099	hippocampus abundant transcript-lik	8.36375	0.140116	-1.1371
MX1	NM_002462	myxovirus (influenza virus) resista	8.36328	0.520428	1.3424
ARF4	NM_001660	ADP-ribosylation factor 4	8.36192	0.385816	-1.1148
RPL35A	BE968801	ribosomal protein L35a	8.3604	0.165992	-1.1602
COX7B	NM_001866	cytochrome c oxidase subunit VIIb	8.35879	0.552375	-1.0948
CUTA	AF230924	cutA divalent cation tolerance homo	8.35867	0.068731	-1.241
GGA1	AW009695	golgi associated, gamma adaptin ear	8.35687	0.629857	1.0509
SFRS5	NM_006925	splicing factor, arginine/serine-ri	8.35184	0.027215	1.2557
MSN	NM_002444	moesin	8.35141	0.181786	1.1855
DUT	U62891	deoxyuridine triphosphatase	8.35055	0.188521	-1.2369
ATP5L	AL050277	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	8.34504	0.083496	-1.2366
NARS	NM_004539	asparaginyl-tRNA synthetase	8.34449	0.635304	-1.0749
SIDT2	AA150165	SID1 transmembrane family, member	8.34325	0.00485	1.9548
		2			
GHITM	AF131820	growth hormone inducible transmembr	8.34322	0.106941	-1.2067
DEK	NM_003472	DEK oncogene (DNA binding)	8.34219	0.098052	1.1739
ISG20	U88964	interferon stimulated exonuclease g	8.34132	0.524488	1.1486
TP53INP1	AW341649	tumor protein p53 inducible nuclear	8.33664	0.013329	-1.4612
RPL23	NM_000978	ribosomal protein L23	8.33294	0.947883	-1.0515
EEF1D	NM_001960	eukaryotic translation elongation f	8.33234	0.745396	-1.037
DDX3X	NM_001356	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box	8.33229	0.953913	-1.0772
		polypept			
RPL36	NM_015414	ribosomal protein L36	8.32832	0.321675	-1.097

S100A9	NM_002965	S100 calcium binding protein A9	8.32804	0.017515	2.0885
GCH1	NM_000161	GTP cyclohydrolase 1 (dopa-respons	8.32697	0.002631	1.6161
ALDOA	NM_000034	aldolase A, fructose-bisphosphate	8.32541	0.537656	1.0768
ATP5C1	NM_005174	ATP synthase, H+ transporting, mito	8.32478	0.402435	-1.0772
HNRNPC	AV725195	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.32323	0.619889	-1.0633
MT2A	NM_005953	metallothionein 2A	8.32201	0.000184	1.7931
	U49245	Rab geranylgeranyltransferase, beta	8.32127	0.727953	-1.0337
RABGGT					
B					
CEBPB	AL564683	CCAAT/enhancer binding protein (C/E	8.3206	0.041769	1.7553
C2orf25	NM_015702	chromosome 2 open reading frame 25	8.31939	0.118611	-1.1739
HLA-E	X56841	major histocompatibility complex, c	8.31854	0.026943	1.4724
BTF3	X74070	basic transcription factor 3	8.31805	0.081674	-1.1602
FGD2	NM_173558	FYVE, RhoGEF and PH domain containi	8.31601	0.048059	1.9222
S100A4	NM_002961	S100 calcium binding protein A4	8.314	0.020537	1.6863
CTSS	AK024855	cathepsin S	8.31386	0.052636	1.5002
XPO1	D89729	exportin 1 (CRM1 homolog, yeast)	8.31266	0.714281	1.0576
COX4I1	AA854966	cytochrome c oxidase subunit IV iso	8.31042	0.337784	1.1079
RGS1	S59049	regulator of G-protein signaling 1	8.30962	0.667615	-1.1409
BTG1	NM_001731	B-cell translocation gene 1, anti-p	8.30697	0.347294	1.097
EIF3E	BC000734	eukaryotic translation initiation f	8.30594	0.229759	-1.1144
RBM39	NM_004902	RNA binding motif protein 39	8.30573	0.621206	1.0377
...	AFFX-R2-EC	...	8.30493	0.136681	1.188
IL23A	M15564	interleukin 23, alpha subunit p19	8.30309	0.613798	-1.0291
	AL550722	transmembrane protein 50A	8.30289	0.50782	-1.0896
TMEM50					
A					
ERH	NM_004450	enhancer of rudimentary homolog (Dr	8.30258	0.964687	-1.0172
CKAP4	NM_006825	cytoskeleton-associated protein 4	8.29994	0.229647	-1.2417
HNRPD	M94630	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.29747	0.160675	-1.1848
GGA1	AW001443	golgi associated, gamma adaptin ear	8.29674	0.586356	1.0567
URG4	BF970023	up-regulated gene 4	8.29555	0.306455	-1.1575
ARPC2	AF279893	actin related protein 2/3 complex,	8.29498	0.249624	1.1009
STARD7	NM_020151	StAR-related lipid transfer (START)	8.29465	0.954305	-1.0062
RPS27L	NM_015920	ribosomal protein S27-like	8.29376	0.540076	1.0992
SMCR8	N25727	Smith-Magenis syndrome chromosome r	8.29287	0.088141	1.2924
RPL24	NM_000986	ribosomal protein L24	8.29274	0.506332	-1.0651
	W72220	hypothetical LOC646890	8.29227	0.24446	1.0969
LOC64689					
0					
SEPT7	AU157515	septin 7	8.29012	0.615907	1.0426
RAC1	BG292367	ras-related C3 botulinum toxin subs	8.28598	0.142416	1.1527
SDCBP	NM_005625	syndecan binding protein (syntenin)	8.2835	0.062812	1.3584
GNLY	NM_006433	granulysin	8.28235	0.383517	1.3033
FOXP1	AK026898	forkhead box P1	8.28233	0.950153	-1.039
	NM_006559	KH domain containing, RNA binding,	8.282	0.880587	-1.0146
KHDRBS1					
ISG15	NM_005101	ISG15 ubiquitin-like modifier	8.28172	0.083812	1.913

CAP1	NM_006367	CAP, adenylate cyclase-associated p	8.28066	0.057672	1.2419
FTH1	AA083483	ferritin, heavy polypeptide 1	8.28056	0.360314	1.4026
GNAS	AF088184	GNAS complex locus	8.27878	0.010903	-1.8682
GNB2L1	NM_006098	guanine nucleotide binding protein	8.27566	0.157792	-1.2041
HSP90B1	NM_003299	heat shock protein 90kDa beta (Grp9	8.2753	0.005488	-1.9074
ANXA1	NM_000700	annexin A1	8.27519	0.121859	1.247
SNRPA1	NM_003090	small nuclear ribonucleoprotein pol	8.27426	0.266829	-1.0958
COX8A	NM_004074	cytochrome c oxidase subunit 8A (ub	8.27069	0.766653	-1.0428
RPS8	NM_001012	ribosomal protein S8	8.27038	0.160062	-1.168
PPP6C	NM_016294	protein phosphatase 6, catalytic su	8.2644	0.335491	-1.1229
	AI671747	mitogen-activated protein kinase 1	8.26426	0.590003	-1.0544
MAPK1IP					
1L					
S100A10	NM_002966	S100 calcium binding protein A10	8.26219	0.064505	1.2626
HNRPDL	NM_005463	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.25823	0.180024	-1.1425
DBI	NM_020548	diazepam binding inhibitor (GABA re	8.25394	0.284601	1.0937
PTGES3	BC003005	prostaglandin E synthase 3 (cytosol	8.25277	0.892391	-1.0057
PTMA	BF686442	prothymosin, alpha (gene sequence 2	8.25224	0.652471	1.0518
MAP3K5	NM_005923	mitogen-activated protein kinase ki	8.25208	0.25101	1.1085
CCT2	NM_006431	chaperonin containing TCP1, subunit	8.24577	0.063573	-1.3234
CD3D	NM_000732	CD3d molecule, delta (CD3-TCR	8.24324	0.9706	1.0481
compl					
KCMF1	NM_020122	potassium channel modulatory factor	8.23504	0.155602	-1.1713
TNPO1	AI307759	transportin 1	8.23501	0.339538	-1.1128
HMGB1	BF673940	high-mobility group box 1	8.23251	0.474802	-1.072
GAPDH	AFFX-	glyceraldéyde-3-phosphate déydrog	8.2321	0.169197	-1.258
	HUMGA				
P4HB	J02783	procollagen-proline, 2-oxoglutarate	8.23102	0.086088	-1.3641
NDUFA1	NM_004541	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 a	8.2212	0.626282	-1.2111
SUMO3	NM_006936	SMT3 suppressor of mif two 3 homolo	8.2195	0.437147	1.0869
LGALS1	NM_002305	lectin, galactoside-binding, solubl	8.21919	0.572261	1.1837
EDF1	AB002282	endothelial differentiation-related	8.21902	0.526316	-1.1349
RAN	AF054183	RAN, member RAS oncogene family	8.21807	0.065397	-1.3724
FBXO9	AL031178	F-box protein 9	8.21739	0.409716	1.0657
	NM_003945	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal	8.21734	0.002317	1.3355
ATP6V0E					
1					
UBE2L6	NM_004223	ubiquitin-conjugating enzyme E2L 6	8.21408	0.008367	1.6999
YPEL5	NM_016061	yippee-like 5 (Drosophila)	8.21168	0.904653	1.0332
ATP5O	NM_001697	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	8.21023	0.242888	-1.1563
EEF2	NM_001961	eukaryotic translation elongation f	8.20901	0.058201	-1.4298
MTCH1	AF189289	mitochondrial carrier homolog 1 (C.	8.20823	0.655524	1.1502
PSMA1	BC005932	proteasome (prosome, macropain) sub	8.20799	0.076977	-1.1429
BTF3	R83000	basic transcription factor 3	8.20789	0.738831	-1.0181
ATP6V1A	AF113129	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal	8.2055	0.524883	1.1079
DDX47	NM_016355	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box	8.20268	0.432305	-1.1056
polypept					
CHCHD2	NM_016139	coiled-coil-helix-coiled-coil-helix	8.20227	0.116734	-1.2208
DICER1	BF590131	dicer 1, ribonuclease type III	8.19873	0.448877	1.0573
VAPA	AF154847	VAMP (vesicle-associated membrane	8.19855	0.484614	-1.0647
p					

IFI16	NM_005531	interferon, gamma-inducible protein	8.19783	0.083394	1.3594
COX5B	AI557312	cytochrome c oxidase subunit Vb	8.19555	0.386195	1.05
BTF3	NM_001207	basic transcription factor 3	8.19465	0.369525	-1.074
GSPT1	BE906054	G1 to S phase transition 1	8.18832	0.121258	-1.2841
RPL36A	NM_021029	ribosomal protein L36a	8.18795	0.106761	-1.3204
HNRNPC	NM_004500	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.1878	0.804821	-1.0209
DYRK1A	D86550	dual-specificity tyrosine-(Y)-phosp	8.18478	0.898476	-1.0302
ANAPC5	T33068	anaphase promoting complex subunit	8.18364	0.295651	-1.1779
WARS	NM_004184	tryptophanyl-tRNA synthetase	8.18244	0.104168	2.0094
COX7C	NM_001867	cytochrome c oxidase subunit VIIc	8.18229	0.443055	-1.0968
ARMCX6	AK000818	armadillo repeat containing, X-link	8.18138	0.798858	-1.0141
IQGAP1	NM_003870	IQ motif containing GTPase activati	8.18103	0.141181	1.1429
SH3KBP1	AF230904	SH3-domain kinase binding protein 1	8.18004	0.40147	1.0527
COX6A1	NM_004373	cytochrome c oxidase subunit VIa po	8.17859	0.109778	-1.2556
CCT8	NM_006585	chaperonin containing TCP1, subunit	8.17805	0.205106	-1.1569
UQCRC2	AV727381	ubiquinol-cytochrome c reductase co	8.17547	0.229933	-1.1033
TMED2	AK024976	transmembrane emp24 domain traffick	8.17265	0.15154	-1.2146
HLA-B	D83043	major histocompatibility complex, c	8.16695	0.07086	1.366
ISG20	NM_002201	interferon stimulated exonuclease g	8.16677	0.867817	1.0728
STK17B	N51102	serine/threonine kinase 17b	8.16663	0.099987	1.172
CMTM6	NM_017801	CKLF-like MARVEL transmembrane	8.16611	0.217529	1.2073
		doma			
PHC3	AI042019	polyhomeotic homolog 3 (Drosophila)	8.16489	0.217167	-1.1318
H2AFY	NM_004893	H2A histone family, member Y	8.16429	0.469588	1.0658
HNRPH1	AV753392	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.16164	0.650321	-1.0907
CHMP4A	NM_014169	chromatin modifying protein 4A	8.16139	0.244815	1.1012
ATP5L	NM_006476	ATP synthase, H+ transporting, mito	8.16055	0.097009	-1.2291
GMFG	NM_004877	glia maturation factor, gamma	8.1584	0.107106	1.199
IL23A	AF043179	interleukin 23, alpha subunit p19	8.15722	0.828678	1.0446
HSPA8	AF352832	heat shock 70kDa protein 8	8.15684	0.898128	1.0527
ZFP36L2	U07802	zinc finger protein 36, C3H type-li	8.1533	0.699391	1.0579
CDIPT	NM_006319	CDP-diacylglycerol--inositol 3-phos	8.15137	0.193167	1.1208
	AI743115	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 a	8.15083	0.455681	-1.0867
NDUFA11					
USP7	AI160440	ubiquitin specific peptidase 7 (her	8.15075	0.774305	1.0109
EIF3K	AW083133	eukaryotic translation initiation f	8.14838	0.387202	-1.101
CORO1A	U34690	coronin, actin binding protein, 1A	8.1448	0.662056	1.1124
BUB3	AF047473	BUB3 budding uninhibited by benzimi	8.14397	0.223256	-1.142
IFI44	NM_006417	interferon-induced protein 44	8.14365	0.216154	1.3768
C1orf41	AV702994	chromosome 1 open reading frame 41	8.14335	0.234725	-1.2484
RAC1	BC004247	ras-related C3 botulinum toxin subs	8.1431	0.053696	1.2382
ATP1B3	U51478	ATPase, Na+/K+ transporting, beta 3	8.14151	0.722562	-1.0507
USP3	AF077040	ubiquitin specific peptidase 3	8.14094	0.975649	1.0204
RTN4	AB015639	reticulon 4	8.14039	0.118429	1.1444
RPL10A	NM_007104	ribosomal protein L10a	8.14036	0.079958	-1.4033
NADK	AI334128	NAD kinase	8.13858	0.303548	1.2529
HLA-C	BG485135	major histocompatibility complex, c	8.13812	0.039267	-1.6007
TMBIM4	AF182414	transmembrane BAX inhibitor motif c	8.13702	0.331949	1.1757
PHF11	BF055474	PHD finger protein 11	8.13442	0.013218	1.4247
UQCR	NM_006830	ubiquinol-cytochrome c reductase, 6	8.1329	0.532081	1.1853
PRKCB1	M13975	protein kinase C, beta 1	8.13205	0.232981	1.1366

CCT4	NM_006430	chaperonin containing TCP1, subunit	8.13147	0.16879	-1.1908
SF3B1	NM_012433	splicing factor 3b, subunit 1, 155k	8.13137	0.098079	-1.1353
NDUFB9	AF261090	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 b	8.13045	0.040803	-1.254
NAP1L1	AW148801	nucleosome assembly protein 1-like	8.12871	0.429853	-1.0828
	AF134715	tumor necrosis factor (ligand) supe	8.12797	0.060071	1.9273
TNFSF13					
B					
SOD1	NM_000454	superoxide dismutase 1, soluble (am	8.12528	0.613424	-1.0658
AFG3L2	AA905788	AFG3 ATPase family gene 3-like 2 (y	8.12264	0.309957	-1.1194
KLF6	BG250721	Kruppel-like factor 6	8.12184	0.047534	1.5436
CCL5	NM_002985	chemokine (C-C motif) ligand 5	8.11657	0.7246	1.4152
ACTR3	Z78330	ARP3 actin-related protein 3 homolo	8.11364	0.059794	1.2148
SNRPB	AL049650	small nuclear ribonucleoprotein pol	8.11331	0.303023	-1.131
HNRPD	AA865357	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.11085	0.733618	-1.0929
JAK1	AL039831	Janus kinase 1 (a protein tyrosine	8.11071	0.530372	1.0315
HMHA1	BE349017	histocompatibility (minor) HA-1	8.1093	0.092012	1.2394
HSPC152	NM_016404	hypothetical protein HSPC152	8.10919	0.326201	-1.1359
GSTO1	NM_004832	glutathione S-transferase omega 1	8.10821	0.090006	1.3182
CCL5	M21121	chemokine (C-C motif) ligand 5	8.1054	0.620439	1.3123
ATP5J2	NM_004889	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	8.1041	0.63643	-1.0692
JUND	NM_005354	jun D proto-oncogene	8.10089	0.272302	1.1922
PAG1	AK000680	phosphoprotein associated with glyc	8.10064	0.643176	-1.1113
SLC38A1	BF247552	solute carrier family 38, member 1	8.09983	0.292745	-1.1328
HIPK3	AV693403	homeodomain interacting protein kin	8.098	0.014359	1.2149
	NM_007278	GABA(A) receptor-associated protein	8.09673	0.099454	1.394
GABARA					
P					
ICAM3	NM_002162	intercellular adhesion molecule 3	8.09583	0.024752	1.2527
CRELD2	NM_024324	cysteine-rich with EGF-like domains	8.0945	0.073672	-1.4127
FDFT1	AA872727	farnesyl-diphosphate farnesyltransf	8.09397	0.849569	-1.001
CD48	NM_001778	CD48 molecule	8.0936	0.073903	1.1852
ASAH1	AI934569	N-acylsphingosine amidohydrolase (a	8.09224	0.149826	1.3797
CHST6	NM_021615	carbohydrate (N-acetylglucosamine 6	8.09216	0.216899	1.5145
	AL022398	TRAF3 interacting protein 3	8.09147	0.717668	1.0645
TRAF3IP3					
SET	NM_003011	SET translocation (myeloid leukemia	8.09111	0.497269	-1.1402
STOM	M81635	stomatin	8.09103	0.020133	1.4155
GZMH	M36118	granzyme H (cathepsin G-like 2, pro	8.0882	0.163366	1.7024
NDUFS5	NM_004552	NADH déydrogenase (ubiquinone) Fe-	8.08662	0.012009	-1.3304
ZNF207	NM_003457	zinc finger protein 207	8.08452	0.11384	-1.1966
PECAM1	AW574504	platelet/endothelial cell adhesion	8.08292	0.492454	1.1582
PIP4K2A	BE878277	phosphatidylinositol-5-phosphate 4-	8.08197	0.181779	1.1271
FAM26F	AV734646	family with sequence similarity 26,	8.08179	0.004813	2.3726
IER2	NM_004907	immediate early response 2	8.08119	0.103088	1.2748
VIM	AI922599	vimentin	8.08044	0.373999	-1.1106
PSMB2	NM_002794	proteasome (prosome, macropain) sub	8.07895	0.083045	-1.367
NUCKS1	AW515443	nuclear casein kinase and cyclin-de	8.07748	0.443498	-1.1117
SCO2	NM_005138	SCO cytochrome oxidase deficient ho	8.07667	0.039569	1.8079
SLC25A6	AA916851	solute carrier family 25 (mitochond	8.07578	0.415097	-1.0743
NLRC5	AA005023	NLR family, CARD domain	8.07544	0.004076	1.7472
		containing			

TCF7L2	AI949687	transcription factor 7-like 2 (T-ce	8.07535	0.016262	1.8697
GNS	BE880245	glucosamine (N-acetyl)-6-sulfatase	8.07425	0.158787	1.6006
NDUFA6	NM_002490	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 a	8.07369	0.741775	1.0076
KPNA2	NM_002266	karyopherin alpha 2 (RAG cohort 1,	8.06967	0.057832	-1.3577
...	AFFX-BIODN	...	8.06934	0.11027	1.212
ARF1	AF052179	ADP-ribosylation factor 1	8.06919	0.517062	1.0392
FBXO9	AF176704	F-box protein 9	8.06764	0.353218	1.1014
ARGLU1	NM_018011	arginine and glutamate rich 1	8.06662	0.68851	-1.0125
STAT1	BC002704	signal transducer and activator of	8.06656	0.131885	1.4237
H2AFZ	NM_002106	H2A histone family, member Z	8.06542	0.051489	-1.5297
RPL29	NM_000992	ribosomal protein L29	8.06512	0.55845	-1.1119
C11orf58	NM_014267	chromosome 11 open reading frame 58	8.06336	0.314178	-1.1069
MYD88	U70451	myeloid differentiation primary res	8.06109	0.002823	1.8194
WSB1	NM_015626	WD repeat and SOCS box-containing	8.06062	0.00276	1.4536
		1			
TROVE2	AL538601	TROVE domain family, member 2	8.06052	0.265045	-1.107
HLA-E	M31183	major histocompatibility complex, c	8.05639	0.055986	1.263
	BF968578	pleckstrin homology domain containi	8.05497	0.194794	1.1324
PLEKHA2					
HNRNPU	NM_004501	heterogeneous nuclear ribonucleopro	8.05472	0.7649	-1.0324
POU2AF1	NM_006235	POU class 2 associating factor 1	8.05215	0.00391	-2.7707
	BC000649	ubiquinol-cytochrome c reductase, R	8.05026	0.191958	-1.1716
UQCRFS1					
...	AF112222	...	8.04967	0.920772	-1.0059
WIPF1	AW058622	WAS/WASL interacting protein	8.04929	0.66926	-1.0195
		family			
MAX	BC003525	MYC associated factor X	8.04404	0.210946	1.1229
PSMG2	NM_020232	proteasome (prosome, macropain) ass	8.04348	0.428247	-1.0691
XRCC6	NM_001469	X-ray repair complementing defectiv	8.04347	0.249394	-1.1711
NDUFB1	NM_004545	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 b	8.0421	0.846981	1.0042
TACC1	NM_006283	transforming, acidic coiled-coil co	8.04071	0.549207	1.0396
CD55	AI679555	CD55 molecule, decay accelerating f	8.04067	0.784258	1.1724
FAM46C	AL046017	family with sequence similarity 46,	8.03968	0.096586	-1.4895
NOMO2	AL512687	NODAL modulator 2	8.03869	0.098951	-1.3523
PAN3	AI970788	PAN3 polyA specific ribonuclease su	8.03825	0.89689	1.0132
VCAN	NM_004385	versican	8.03597	0.385148	1.292
PPA1	NM_021129	pyrophosphatase (inorganic) 1	8.03509	0.069984	-1.3591
MBNL1	AW296451	muscleblind-like (Drosophila)	8.0338	0.486855	1.0128
PSMA1	NM_002786	proteasome (prosome, macropain) sub	8.03335	0.014331	-1.314
PSMB8	U17496	proteasome (prosome, macropain) sub	8.03203	0.186064	1.1656
	AF161469	nucleolar protein NOP5/NOP58	8.03187	0.093332	-1.3236
NOP5/NOP5					
SLC38A1	NM_030674	solute carrier family 38, member 1	8.0278	0.025016	-1.4021
C1orf43	BC000152	chromosome 1 open reading frame 43	8.02721	0.059845	-1.1982
LNPEP	AA156754	leucyl/cystinyl aminopeptidase	8.02703	0.026253	1.2604
GYG1	AF087942	glycogenin 1	8.02642	0.534641	-1.2035
CYBA	NM_000101	cytochrome b-245, alpha polypeptide	8.02426	0.053699	1.277
TRIM22	AA083478	tripartite motif-containing 22	8.0224	0.030426	1.6719
SNHG1	AL530869	small nucleolar RNA host gene (non-	8.02118	0.004411	-1.4879
MRPL3	BC003375	mitochondrial ribosomal protein L3	8.0203	0.015573	-1.3782

	BE260771	keratinocyte associated protein 2	8.01882	0.136134	-1.2214
KRTCAP2					
RPS20	NM_001023	ribosomal protein S20	8.0188	0.565374	-1.0488
ITM2B	AF092128	integral membrane protein 2B	8.01825	0.242755	1.1838
EPSTI1	AA781795	epithelial stromal interaction 1 (b	8.01662	0.077436	1.644
SRP72	BE856385	signal recognition particle 72kDa	8.01516	0.006937	-1.4357
SNHG6	BG169443	small nucleolar RNA host gene (non-	8.01504	0.308839	-1.0917
DDX21	NM_004728	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box	8.01428	0.485314	-1.0679
		polypept			
TDG	NM_003211	thymine-DNA glycosylase	8.01252	0.40529	-1.0824
NCOA7	AL035689	nuclear receptor coactivator 7	8.01191	0.071178	1.5739
PTMA	AL121585	prothymosin, alpha (gene sequence 2	8.01149	0.471739	-1.1039
TOP1	J03250	topoisomerase (DNA) I	8.00829	0.525123	-1.0487
CSDE1	AA167775	cold shock domain containing E1, RN	8.00733	0.520295	-1.1743
C14orf166	NM_016039	chromosome 14 open reading frame 16	8.00683	0.041707	-1.2839
AP3S1	NM_001284	adaptor-related protein complex 3,	8.00663	0.970597	-1.0021
DERL1	NM_024295	Der1-like domain family, member 1	8.00362	0.082843	-1.3332
...	AFFX-R2-EC	...	8.00211	0.085496	1.2493
TIMM23	AI804075	translocase of inner mitochondrial	8.0019	0.095141	-1.225
PCNA	NM_002592	proliferating cell nuclear antigen	8.00098	0.085038	-1.4205
LGALS3	BC001120	lectin, galactoside-binding, solubl	7.99569	0.552808	-1.1585
NTN2L	AW404894	netrin 2-like (chicken)	7.99496	0.019948	-1.9949
RNASEK	BE744389	ribonuclease, RNase K	7.99337	0.321241	1.0922
EPC1	AK024117	enhancer of polycomb homolog 1 (Dro	7.99307	0.896893	-1.0439
SNX5	AA131508	sorting nexin 5	7.99189	0.025089	-1.3304
	D25304	Rac/Cdc42 guanine nucleotide exchan	7.99103	0.161681	1.1065
ARHGEF6					
TEGT	NM_003217	testis enhanced gene transcript (BA	7.99026	0.370488	1.0665
MYADM	BE908995	myeloid-associated differentiation	7.98985	0.448536	1.1484
ARPC1B	NM_005720	actin related protein 2/3 complex,	7.98766	0.024046	1.2572
TRMT5	AB037814	TRM5 tRNA methyltransferase 5	7.98761	0.391108	-1.0948
		homol			
PGM2	BF512139	phosphoglucosyltransferase 2	7.98617	0.724018	1.0917
DDX39	NM_005804	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box	7.98519	0.211137	-1.2886
		polypept			
USP1	NM_003368	ubiquitin specific peptidase 1	7.98427	0.103234	-1.3175
TBCA	NM_004607	tubulin folding cofactor A	7.98365	0.195429	-1.1178
NKG7	NM_005601	natural killer cell group 7 sequenc	7.98363	0.530321	1.2459
COX5A	NM_004255	cytochrome c oxidase subunit Va	7.97854	0.106624	-1.267
ROD1	AI735576	ROD1 regulator of differentiation 1	7.97738	0.049041	1.1834
	NM_003022	SH3 domain binding glutamic acid-ri	7.97732	0.043681	1.2939
SH3BGRL					
UQCRH	NM_006004	ubiquinol-cytochrome c reductase hi	7.97623	0.010479	-1.5162
HCLS1	NM_005335	hematopoietic cell-specific Lyn sub	7.9739	0.394064	1.0679
ANAPC5	BC006301	anaphase promoting complex subunit	7.97301	0.285519	-1.176
CYFIP2	AL161999	cytoplasmic FMR1 interacting protei	7.97235	0.608979	1.0753
C7orf30	BG397444	chromosome 7 open reading frame 30	7.97118	0.09616	-1.1582
TALDO1	NM_006755	transaldolase 1	7.97109	0.472856	1.1701
PSMB1	NM_002793	proteasome (prosome, macropain) sub	7.96981	0.055941	-1.1383
ATP5I	BC003679	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	7.96511	0.120927	-1.4173
PPT1	NM_000310	palmitoyl-protein thioesterase 1 (c	7.96429	0.409818	1.1569

RPS14	AF116710	ribosomal protein S14	7.96324	0.326332	-1.2222
...	AL031589	...	7.96259	0.071552	-1.4326
	BG107203	RAB GTPase activating protein 1-lik	7.96179	0.1958	1.2853
RABGAP1					
L					
SET	M93651	SET translocation (myeloid leukemia	7.96036	0.329404	-1.1751
PSMB3	NM_002795	proteasome (prosome, macropain) sub	7.9592	0.464727	-1.1011
SRI	L12387	sorcin	7.9591	0.041935	1.2553
ACLY	NM_001096	ATP citrate lyase	7.95858	0.588659	-1.0694
NDUFA4	NM_002489	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 a	7.95513	0.218428	-1.1443
PSMB10	NM_002801	proteasome (prosome, macropain) sub	7.95506	0.008457	1.4388
NAP1L1	AI888672	nucleosome assembly protein 1-like	7.95473	0.429714	-1.1087
CECR1	NM_017424	cat eye syndrome chromosome region,	7.9532	0.054082	1.4717
EIF3H	NM_003756	eukaryotic translation initiation f	7.953	0.13323	-1.1329
PSMC1	NM_002802	proteasome (prosome, macropain) 26S	7.95027	0.028256	-1.2037
IFI44L	NM_006820	interferon-induced protein 44-like	7.94977	0.31081	1.5435
PFDN5	AB055804	prefoldin subunit 5	7.94688	0.148682	1.2697
NAP1L1	AI985751	nucleosome assembly protein 1-like	7.93972	0.423449	-1.0898
IFI27	NM_005532	interferon, alpha-inducible protein	7.93893	0.948533	1.3222
IFNGR1	NM_000416	interferon gamma receptor 1	7.9384	0.291485	1.2536
LIMS1	AL110164	LIM and senescent cell antigen-like	7.93759	0.888499	-1.0143
HLA-G	M90684	major histocompatibility complex, c	7.93684	0.137039	1.2659
C15orf15	AF165521	chromosome 15 open reading frame 15	7.93433	0.869033	1.0055
TINP1	NM_014886	TGF beta-inducible nuclear protein	7.93385	0.118064	-1.2099
TYMS	NM_001071	thymidylate synthetase	7.93346	0.043902	-1.7356
CLTC	NM_004859	clathrin, heavy chain (Hc)	7.93169	0.262781	-1.1206
DAD1	NM_001344	defender against cell death 1	7.93131	0.084036	-1.3032
ARPC5	AL516350	actin related protein 2/3 complex,	7.93019	0.023254	1.3929
MESDC2	AK026606	mesoderm development candidate 2	7.92901	0.271806	-1.1771
EIF4E2	BF516289	eukaryotic translation initiation f	7.9273	0.215405	1.1607
RNF213	AA233374	ring finger protein 213	7.92579	0.004581	1.553
DKC1	NM_001363	dyskeratosis congenita 1, dyskerin	7.92572	0.057177	-1.2269
	NM_004493	hydroxysteroid (17-beta) déydrogen	7.92345	0.608285	-1.0662
HSD17B1					
0					
FKBP5	AI753747	FK506 binding protein 5	7.9231	0.057854	1.4185
CD52	NM_001803	CD52 molecule	7.91932	0.524059	1.1436
RBMS1	AL517946	RNA binding motif, single stranded	7.91705	0.046484	1.2965
MIF	NM_002415	macrophage migration inhibitory fac	7.91423	0.106448	-1.3398
SAT1	BE326919	spermidine/spermine N1-acetyltransf	7.91179	0.264597	1.8175
CSTA	NM_005213	cystatin A (stefin A)	7.90955	0.072264	1.8634
HLA-F	NM_018950	major histocompatibility complex, c	7.90836	0.017175	1.3924
ECOP	NM_030796	EGFR-coamplified and overexpressed	7.9055	0.07665	-1.3057
MCM6	NM_005915	minichromosome maintenance	7.90157	0.038118	-1.602
complex					
PPTC7	AW300598	PTC7 protein phosphatase homolog (S	7.90069	0.356898	-1.0665
...	AFFX-R2-BS	...	7.90066	0.884237	-1.2344
SSR3	AW087870	signal sequence receptor, gamma (tr	7.90011	0.014039	-1.7728
CX3CR1	U20350	chemokine (C-X3-C motif) receptor 1	7.89988	0.012371	2.3472
SFRS7	BF033354	splicing factor, arginine/serine-ri	7.89544	0.436289	-1.1439
RBM39	AI890947	RNA binding motif protein 39	7.89424	0.448342	-1.0918

SFT2D1	BF975327	SFT2 domain containing 1	7.89083	0.798093	-1.0423
TIMM8B	NM_012459	translocase of inner mitochondrial	7.88921	0.681191	-1.0325
FBXL5	AF142481	F-box and leucine-rich repeat prote	7.88865	0.016196	1.3524
YWHAZ	BC003623	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan	7.8884	0.698486	-1.1792
ODC1	NM_002539	ornithine decarboxylase 1	7.88718	0.09129	-1.3131
LSM14A	BG054966	LSM14A, SCD6 homolog A (S.	7.88606	0.059241	-1.179
		cerevisi			
	AF131831	CDC42 small effector 2	7.88516	0.198825	-1.15
CDC42SE					
2					
SFRS9	NM_003769	splicing factor, arginine/serine-ri	7.8827	0.667166	-1.0837
HNRPA3	AA528233	heterogeneous nuclear ribonucleopro	7.88217	0.37059	-1.1008
SAP18	U78303	Sin3A-associated protein, 18kDa	7.88139	0.150022	-1.1034
ZFAND5	AF062347	zinc finger, AN1-type domain 5	7.88095	0.063681	1.4311
H3F3B	AW138159	H3 histone, family 3B (H3.3B)	7.87842	0.377711	1.161
PEBP1	AF130103	phosphatidylethanolamine binding pr	7.87794	0.019274	-1.5278
CCT7	NM_006429	chaperonin containing TCP1, subunit	7.87698	0.076044	-1.3172
RBM15	NM_022768	RNA binding motif protein 15	7.87652	0.407893	-1.177
PHB2	NM_007273	prohibitin 2	7.87581	0.140475	-1.2495
SFRS6	AL031681	splicing factor, arginine/serine-ri	7.87558	0.051458	-1.2458
TPI1	NM_000365	triosephosphate isomerase 1	7.8746	0.487514	-1.1066
	NM_014736	KIAA0101	7.87436	0.049651	-1.6844
KIAA0101					
SERF2	BE568651	small EDRK-rich factor 2	7.87325	0.421448	1.0767
ADD3	BE545756	adducin 3 (gamma)	7.87255	0.392151	-1.0707
CROP	NM_016424	cisplatin resistance-associated ove	7.87218	0.567651	-1.1491
CFLAR	AF005775	CASP8 and FADD-like apoptosis	7.87209	0.169911	-1.255
		regul			
ATP5J	NM_001685	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	7.87151	0.023635	-1.3658
TCF7	NM_003202	transcription factor 7 (T-cell spec	7.87083	0.340212	-1.1737
LAPTM5	AI589086	lysosomal associated multispinning	7.87044	0.168989	1.1309
RAP2B	AW005535	RAP2B, member of RAS oncogene	7.86988	0.363821	1.0953
		famil			
...	AW084125	...	7.86975	0.545528	-1.2461
COP1	NM_052889	caspase-1 dominant-negative inhibit	7.86974	0.015776	1.7438
EVI2B	BC005926	ecotropic viral integration site 2B	7.86582	0.361829	1.1354
ARPP-19	AF084555	cyclic AMP phosphoprotein, 19 kD	7.86548	0.500026	-1.1665
NDUFC2	NM_004549	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1,	7.86547	0.022416	-1.3152
CLEC2B	BC005254	C-type lectin domain family 2, memb	7.86529	0.427371	1.1774
UFC1	NM_016406	ubiquitin-fold modifier conjugating	7.86429	0.14366	-1.171
HDAC1	NM_004964	histone deacetylase 1	7.86357	0.695006	-1.0059
CBFB	NM_001755	core-binding factor, beta subunit	7.86157	0.302277	-1.1185
ADSL	NM_000026	adenylosuccinate lyase	7.86154	0.115159	-1.2038
NDUFB8	NM_005004	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 b	7.861	0.268462	-1.1956
DENR	AB014731	density-regulated protein	7.86099	0.405568	-1.09
	AW268585	casein kinase 1, alpha 1	7.8604	0.96556	-1.0223
CSNK1A1					
PSCDBP	L06633	pleckstrin homology, Sec7 and coile	7.85981	0.561005	-1.094
HMGNI	NM_004965	high-mobility group nucleosome bind	7.85924	0.068964	-1.5046
	NM_003730	ribonuclease T2	7.85874	0.055491	1.5828
RNASET2					

STAT1	AFFX-HUMIS	signal transducer and activator of	7.85697	0.024373	1.6813
	AL136226	similar to LOC100037086 protein	7.85677	0.164486	-1.3105
LOC72817					
9					
NOLC1	D21262	nucleolar and coiled-body phosphop	7.85496	0.086744	-1.2281
PABPC1	AI760366	poly(A) binding protein, cytoplasmic	7.85478	0.94926	1.0167
NMI	NM_004688	N-myc (and STAT) interactor	7.8532	0.006946	1.5219
EIF3G	BC000733	eukaryotic translation initiation f	7.85094	0.730483	1.0383
COX6C	NM_004374	cytochrome c oxidase subunit VIc	7.85042	0.051302	-1.2906
FLJ22662	NM_024829	hypothetical protein FLJ22662	7.84999	0.053703	2.112
SLC2A3	NM_006931	solute carrier family 2 (facilitate	7.84894	0.186639	1.3041
ANP32E	AW612574	acidic (leucine-rich) nuclear phosph	7.84885	0.081693	-1.3476
TRIM25	BE563152	tripartite motif-containing 25	7.8476	0.016936	1.4518
EIF3K	AF085358	eukaryotic translation initiation f	7.84658	0.270938	-1.1342
GNG5	NM_005274	guanine nucleotide binding protein	7.84483	0.61179	-1.1253
HINT1	U27143	histidine triad nucleotide binding	7.84463	0.157242	-1.2225
C22orf32	AV751709	chromosome 22 open reading frame 32	7.84213	0.500757	-1.0839
C1orf63	AF267856	chromosome 1 open reading frame 63	7.84158	0.439394	1.0608
EEF2	AI004246	eukaryotic translation elongation f	7.84131	0.207484	-1.4015
SET	AV702810	SET translocation (myeloid leukemia	7.84122	0.085839	-1.5046
CHSY1	NM_014918	chondroitin sulfate synthase 1	7.84111	0.001841	1.4027
CD74	K01144	CD74 molecule, major histocompatibi	7.84047	0.046954	1.6994
NPC2	NM_006432	Niemann-Pick disease, type C2	7.84034	0.081141	1.6014
MTHFD2	NM_006636	methylenetetrahydrofolate dehydroge	7.84011	0.637543	1.0358
STAT2	H98105	signal transducer and activator of	7.83876	0.032873	1.7502
	AB018289	KIAA0746 protein	7.83845	0.103401	-1.4586
KIAA0746					
TRAC	M12959	T cell receptor alpha constant	7.83803	0.637512	1.0284
CD63	NM_001780	CD63 molecule	7.838	0.071032	1.3863
SON	X63071	SON DNA binding protein	7.83641	0.545264	-1.0938
RPL22	AW071997	ribosomal protein L22	7.8349	0.526305	-1.0577
GBP1	NM_002053	guanylate binding protein 1, interf	7.83435	0.00216	1.9967
TncRNA	BE675516	trophoblast-derived noncoding RNA	7.83321	0.053576	1.5296
KLC1	AF222691	kinesin light chain 1	7.83289	0.651812	1.0619
NR3C1	AI432196	nuclear receptor subfamily 3, group	7.83164	0.121456	1.1614
BCLAF1	NM_014739	BCL2-associated transcription facto	7.83153	0.063633	-1.1958
NOSIP	NM_015953	nitric oxide synthase interacting p	7.83121	0.78545	1.146
ARL8B	NM_018184	ADP-ribosylation factor-like 8B	7.83004	0.925295	1.0273
SNRPE	NM_003094	small nuclear ribonucleoprotein pol	7.82908	0.114942	-1.3543
	AF271775	PI-3-kinase-related kinase SMG-1 ps	7.82841	0.641383	1.0778
LOC44035					
4					
	AI862255	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal	7.82795	0.103392	1.2433
ATP6V0E					
1					
TNFAIP8	NM_014350	tumor necrosis factor, alpha-induce	7.82731	0.782193	-1.0404
C16orf72	AA526970	chromosome 16 open reading frame 72	7.82672	0.772311	1.0845
HINT1	N32864	histidine triad nucleotide binding	7.82349	0.193143	-1.17
	D80006	MOB1, Mps One Binder kinase activat	7.82278	0.08179	1.1991
MOBKL1					
B					

ZNF313	AF090934	zinc finger protein 313	7.82269	0.007947	1.2929
SFRS9	NM_003769	splicing factor, arginine/serine-rich 9	7.82236	0.545666	-1.1601
ALOX5	NM_000698	arachidonate 5-lipoxygenase	7.82228	0.158777	1.7109
HLA-G	M90685	major histocompatibility complex, class I, G	7.82127	0.038981	1.3489
CD69	L07555	CD69 molecule	7.82017	0.687162	1.0872
	NM_003730	ribonuclease T2	7.81902	0.006686	2.0165
RNASET2					
BZW1	NM_014670	basic leucine zipper and W2 domains	7.81898	0.177089	-1.1269
DYNLT1	NM_006519	dynein, light chain, Tctex-type 1	7.81805	0.061789	1.3837
NOLA2	BC000009	nucleolar protein family A, member 2	7.81794	0.117219	-1.2346
HNRPK	AI701949	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	7.81234	0.63527	-1.0982
SFRS5	AW084582	splicing factor, arginine/serine-rich 5	7.81152	0.311355	1.1523
TLE4	NM_007005	transducin-like enhancer of split 4	7.81145	0.132057	1.3109
TPI1	BF116254	triosephosphate isomerase 1	7.81126	0.534216	-1.0895
CUL3	AF062537	cullin 3	7.81014	0.134901	-1.152
LCK	NM_005356	lymphocyte-specific protein tyrosin kinase	7.80984	0.620879	1.0406
	AK021514	hypothetical protein LOC152719	7.80935	0.322153	1.2531
LOC152719					
	NM_016459	hypothetical protein MGC29506	7.80789	0.016535	-2.367
MGC29506					
HLA-DPB1	NM_002121	major histocompatibility complex, class II, DPB1	7.80659	0.015645	2.4265
CHD2	AV756026	chromodomain helicase DNA binding protein 2	7.80599	0.443294	-1.133
CTSB	NM_001908	cathepsin B	7.80529	0.034551	1.723
DNAJC9	BE551340	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 9	7.80528	0.056206	-1.4413
PPTC7	AA521311	PTC7 protein phosphatase homolog (S)	7.80492	0.477164	1.1038
GUSB	NM_000181	glucuronidase, beta	7.80487	0.894855	1.0117
TEGT	AF033095	testis enhanced gene transcript (BAT1)	7.80374	0.094836	-1.2708
PIK3AP1	AW575754	phosphoinositide-3-kinase adaptor protein 1	7.80278	0.002432	1.784
EIF3B	U78525	eukaryotic translation initiation factor 3B	7.80229	0.08966	-1.206
CNPY2	NM_014255	canopy 2 homolog (zebrafish)	7.80183	0.036005	-1.348
TXNL1	NM_004786	thioredoxin-like 1	7.8013	0.30414	-1.2076
RHEB	NM_005614	Ras homolog enriched in brain	7.79979	0.145509	1.1426
TPP1	NM_000391	tripeptidyl peptidase I	7.79764	0.105129	1.3029
SRGN	J03223	serglycin	7.79742	0.27782	1.1307
ARS2	AI523895	arsenate resistance protein 2	7.79677	0.169276	-1.1821
MYLIP	AW292746	myosin regulatory light chain interacting protein	7.79607	0.365412	1.1535
C20orf24	AF274948	chromosome 20 open reading frame 24	7.79507	0.074121	1.2021
ELOVL5	AL136939	ELOVL family member 5, elongation factor	7.79473	0.203901	-1.1545
SATB1	NM_002971	SATB homeobox 1	7.79286	0.53287	-1.1779
CD38	NM_001775	CD38 molecule	7.79243	0.03203	-1.7441
IL10RA	NM_001558	interleukin 10 receptor, alpha	7.79042	0.075688	1.2713
TNFAIP8	BC005352	tumor necrosis factor, alpha-inducible protein 8	7.78993	0.841802	-1.0513
PLSCR3	AI783924	phospholipid scramblase 3	7.78967	0.405584	1.0809
ISCU	AY009128	iron-sulfur cluster scaffold homolog	7.78952	0.012091	-1.3315
SQRDL	NM_021199	sulfide quinone reductase-like (yeast)	7.78824	0.003312	1.4912
UQCRC1	NM_003365	ubiquinol-cytochrome c reductase complex	7.7878	0.622634	-1.0617

MAFF	AL021977	v-maf musculoaponeurotic fibrosarco	7.78766	0.738139	1.145
TMED8	AK025695	transmembrane emp24 protein transpo	7.78137	0.508269	-1.0791
IRAK1	NM_001569	interleukin-1 receptor-associated k	7.78133	0.214125	-1.4576
NAT13	NM_025146	N-acetyltransferase 13	7.78116	0.065522	-1.291
PDE4C	NM_000923	phosphodiesterase 4C, cAMP-specific	7.78109	0.25063	1.1866
MRPL20	NM_017971	mitochondrial ribosomal protein L20	7.78045	0.016396	-1.2407
	NM_005003	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1,	7.7794	0.219845	-1.2044
NDUFAB1					
SNX18	AU146771	sorting nexin 18	7.77704	0.15195	1.2225
	AF217990	homocysteine-inducible, endoplasmic	7.77613	0.234465	-1.1203
HERPUD1					
SEPW1	AW514401	selenoprotein W, 1	7.77532	0.110662	1.2029
RBPJ	AL513759	recombination signal binding protei	7.77514	0.739594	1.0815
C6orf32	NM_015864	chromosome 6 open reading frame 32	7.77475	0.048169	1.4238
PARP12	NM_022750	poly (ADP-ribose) polymerase family	7.77347	0.017657	1.9566
ACBD3	NM_022735	acyl-Coenzyme A binding domain	7.77159	0.205912	-1.1597
		cont			
HNRPM	AF061832	heterogeneous nuclear ribonucleopro	7.76851	0.189384	-1.159
BUB3	AF081496	BUB3 budding uninhibited by benzimi	7.76831	0.065539	-1.3456
	AW006185	hypothetical LOC283666	7.76594	0.44857	-1.1251
LOC28366					
6					
LRRFIP1	BF965566	leucine rich repeat (in FLII) inter	7.76381	0.084756	1.2432
...	AV755522	...	7.76233	0.165238	1.3526
MDH2	BC001917	malate déydrogenase 2, NAD (mitoch	7.76125	0.068119	-1.3197
HP1BP3	AK023129	heterochromatin protein 1, binding	7.761	0.039728	1.2879
ZNF706	NM_016096	zinc finger protein 706	7.76023	0.089784	-1.2373
AAK1	AW451954	AP2 associated kinase 1	7.75954	0.703591	-1.0683
NCL	NM_005381	nucleolin	7.75885	0.000569	-1.5782
TM9SF2	NM_004800	transmembrane 9 superfamily member	7.75885	0.027909	-1.4065
	BF209337	hypothetical LOC541471	7.75746	0.298291	-1.1599
LOC54147					
1					
MICB	NM_005931	MHC class I polypeptide-related seq	7.75672	0.772778	1.0784
MYCBP2	AA488899	MYC binding protein 2	7.75577	0.995848	-1.0321
TXNDC1	AL080080	thioredoxin domain containing 1	7.75221	0.485506	-1.0883
	AW340595	family with sequence similarity 91,	7.74928	0.182376	1.1404
FAM91A2					
FAM107B	BC004872	family with sequence similarity 107	7.74756	0.499811	-1.0544
ARPC3	AF004561	actin related protein 2/3 complex,	7.74657	0.084024	1.3605
CD2	NM_001767	CD2 molecule	7.74656	0.362389	1.3499
MYCBP2	NM_015057	MYC binding protein 2	7.74341	0.908252	-1.0037
YWHAQ	NM_006826	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan	7.74296	0.17355	-1.1902
COX7C	AF042165	cytochrome c oxidase subunit VIIc	7.74258	0.807011	-1.039
AP1S2	AA551090	adaptor-related protein complex 1,	7.74165	0.064008	1.5971
	AV729406	hypothetical protein LOC647979	7.74088	0.949464	-1.0534
LOC64797					
9					
RAB8B	AI807023	RAB8B, member RAS oncogene	7.73834	0.041937	1.1996
		family			
PCMT1	NM_005389	protein-L-isoaspartate (D-aspartate	7.73767	0.045632	1.2617

TAP1	NM_000593	transporter 1, ATP-binding cassette	7.73755	0.013995	1.462
CGGBP1	BF979809	CGG triplet repeat binding protein	7.7372	0.690437	-1.0409
PSMB7	NM_002799	proteasome (prosome, macropain) sub	7.73632	0.159487	-1.1414
TARDBP	NM_007375	TAR DNA binding protein	7.73201	0.609571	-1.0645
PDE4B	NM_002600	phosphodiesterase 4B, cAMP-specific	7.73163	0.399776	-1.1585
SNX3	BE962615	sorting nexin 3	7.73033	0.134193	1.1233
TXNDC4	BC005374	thioredoxin domain containing 4 (en	7.72965	0.2594	-1.1368
CRTC3	NM_022769	CREB regulated transcription coacti	7.7277	0.27079	-1.1452
NUSAP1	NM_016359	nucleolar and spindle associated pr	7.72637	0.064059	-1.5978
FYN	M14333	FYN oncogene related to SRC, FGR, Y	7.7257	0.567563	1.0851
VDAC2	L08666	voltage-dependent anion channel 2	7.72313	0.089074	-1.2089
NDUFB4	NM_004547	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 b	7.72166	0.125707	-1.1992
VPS35	NM_018206	vacuolar protein sorting 35 homolog	7.72133	0.18938	1.2765
PPHLN1	NM_016488	periphilin 1	7.72121	0.668043	-1.0863
PRR11	AK000296	proline rich 11	7.72094	0.110951	1.1819
PPP1CB	AI700962	protein phosphatase 1, catalytic su	7.71929	0.535542	-1.1476
VPS4B	AF195514	vacuolar protein sorting 4 homolog	7.7165	0.24156	1.1774
EIF3C	BC000533	eukaryotic translation initiation f	7.71464	0.576111	-1.1357
FBL	M30448	fibrillarin	7.71345	0.062648	-1.3937
PSMA5	NM_002790	proteasome (prosome, macropain) sub	7.71335	0.326924	-1.1319
TYROBP	NM_003332	TYRO protein tyrosine kinase bindin	7.71104	0.007507	2.8639
HNRNPC	AA664258	heterogeneous nuclear ribonucleopro	7.71058	0.387002	-1.1427
	AI986192	serpin peptidase inhibitor, clade B	7.71009	0.189443	1.581
SERPINB9					
EIF5	AK026933	eukaryotic translation initiation f	7.70884	0.735741	1.0475
MALAT1	BE708432	metastasis associated lung adenocar	7.70861	0.039277	1.5142
CBWD5	AV709992	COBW domain containing 5	7.7071	0.020212	-1.5882
BLVRA	NM_000712	biliverdin reductase A	7.70582	0.03669	1.5987
PFDN5	NM_002624	prefoldin subunit 5	7.70578	0.53748	1.1262
TMED10	BE780075	transmembrane emp24-like traffickin	7.70531	0.011932	-1.3384
PTGER4	AA897516	prostaglandin E receptor 4 (subtype	7.70461	0.358765	1.1919
...	AFFX-DAPX-	...	7.70305	0.926458	-1.3185
PTEN	AK024986	phosphatase and tensin homolog (mut	7.70196	0.125612	1.2289
DUSP22	NM_020185	dual specificity phosphatase 22	7.70104	0.143362	1.1578
CLINT1	NM_014666	clathrin interactor 1	7.70064	0.055364	-1.2644
SETD2	AI761110	SET domain containing 2	7.69961	0.591759	-1.0521
SAMD9L	BE966604	sterile alpha motif domain containi	7.69861	0.126238	1.8851
CAB39	NM_016289	calcium binding protein 39	7.69848	0.427307	1.0981
NAP1L1	NM_004537	nucleosome assembly protein 1-like	7.69746	0.365014	-1.1487
TGFBR3	AW193698	transforming growth factor, beta re	7.69733	0.918318	1.1724
ANP32B	AV712577	acidic (leucine-rich) nuclear phosp	7.69711	0.237782	-1.2431
ESD	AU145746	esterase D/formylglutathione hydrol	7.6957	0.760036	1.0544
PSMA4	NM_002789	proteasome (prosome, macropain) sub	7.69483	0.020933	1.2925
TXNL4A	NM_006701	thioredoxin-like 4A	7.69333	0.01074	-1.3401
SGK1	NM_005627	serum/glucocorticoid regulated kina	7.69052	0.709699	1.1343
	AK023063	translocase of inner mitochondrial	7.69006	0.038309	-1.291
TIMM17A					
REXO2	NM_015523	REX2, RNA exonuclease 2 homolog (S.	7.68937	0.094987	-1.3334
BLVRA	BC005902	biliverdin reductase A	7.68887	0.042683	1.5364

KBTBD2	AF161402	kelch repeat and BTB (POZ) domain c	7.65478	0.332791	-1.1842
CAPZB	U03271	capping protein (actin filament) mu	7.65426	0.063275	1.2362
C8orf59	BF674436	chromosome 8 open reading frame 59	7.65366	0.330133	-1.13
SNRNPB	J04564	small nuclear ribonucleoprotein pol	7.65286	0.787873	-1.0088
ITGB2	NM_000211	integrin, beta 2 (complement compon	7.6523	0.031817	1.4305
CCT3	NM_005998	chaperonin containing TCP1, subunit	7.65149	0.094926	-1.2758
LITAF	AB034747	lipopolysaccharide-induced TNF fact	7.65111	0.892974	-1.0235
LITAF	NM_004862	lipopolysaccharide-induced TNF fact	7.65038	0.748136	-1.0584
GRN	NM_002087	granulin	7.6487	0.095302	1.6698
CNDP2	NM_018235	CNDP dipeptidase 2 (metallopeptidas	7.64763	0.018839	1.5663
HNRPAB	NM_004499	heterogeneous nuclear ribonucleopro	7.6475	0.026283	-1.5461
TCIRG1	NM_006019	T-cell, immune regulator 1, ATPase,	7.64672	0.11177	1.4449
HADHA	AI972144	hydroxyacyl-Coenzyme A déydrogenas	7.64496	0.227576	-1.2751
HDLBP	AA515560	high density lipoprotein binding pr	7.64419	0.113027	-1.8803
DPM1	NM_003859	dolichyl-phosphate mannosyltransfer	7.64394	0.045461	-1.2781
PDCD10	BC002506	programmed cell death 10	7.64317	0.929259	1.0005
HCST	AF285447	hematopoietic cell signal transduce	7.64258	0.066254	1.4105
GBP2	NM_004120	guanylate binding protein 2, interf	7.64193	0.007125	1.8139
	AB011100	KIAA0528	7.64193	0.557386	1.0826
KIAA0528					
PGK1	NM_000291	phosphoglycerate kinase 1	7.64048	0.824762	-1.0473
SORL1	AV728268	sortilin-related receptor, L(DLR cl	7.64047	0.699823	-1.0597
EIF4A3	NM_014740	eukaryotic translation initiation f	7.64006	0.077666	-1.3463
ACTB	AFFX-HSAC0	actin, beta	7.63897	0.83752	-1.0353
LYN	NM_002350	v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral rel	7.63878	0.148443	1.6308
ITSN2	U61167	intersectin 2	7.63774	0.151286	-1.1829
PSMD2	NM_002808	proteasome (prosome, macropain) 26S	7.63759	0.489536	-1.1115
	BC006107	Rho GTPase activating protein 9	7.63661	0.142569	1.1795
ARHGAP9					
PRKCH	NM_024064	protein kinase C, eta	7.6348	0.950108	1.0768
	AA532655	hypothetical LOC642441	7.63466	0.526681	1.0626
LOC64244					
1					
MRPL47	AI189156	mitochondrial ribosomal protein L47	7.63417	0.411821	-1.1572
SUB1	AV715940	SUB1 homolog (S. cerevisiae)	7.63286	0.026136	-1.3039
RBM5	NM_005778	RNA binding motif protein 5	7.63107	0.768865	-1.0712
RORA	BC040965	RAR-related orphan receptor A	7.6292	0.837724	-1.1189
CTSH	NM_004390	cathepsin H	7.62474	0.484803	1.5466
	AL571684	HCV F-transactivated protein 1	7.6246	0.179093	1.1974
LOC40115					
2					
	NM_016171	hypothetical gene supported by BC01	7.6242	0.280802	1.243
LOC44145					
4					
TARP	M27331	TCR gamma alternate reading frame p	7.62325	0.206759	1.4124
ARPC5L	AU158936	actin related protein 2/3 complex,	7.62292	0.980358	1.0329
EIF3C	NM_003752	eukaryotic translation initiation f	7.61952	0.297822	-1.2262
	NM_019555	Rho guanine nucleotide exchange fac	7.61652	0.016341	1.3373
ARHGEF3					
SUMO2	AK024823	SMT3 suppressor of mif two 3 homolo	7.61631	0.992351	1.0376

CRTAP	BQ876971	cartilage associated protein	7.61515	0.303588	1.2446
ECHDC1	AL109939	enoyl Coenzyme A hydratase domain c	7.61129	0.619859	-1.0557
MGEA5	AF307332	meningioma expressed antigen 5 (hya	7.60983	0.765516	1.0303
CDKN1B	BC001971	cyclin-dependent kinase inhibitor 1	7.60896	0.781614	-1.0792
CIRBP	NM_001280	cold inducible RNA binding protein	7.60839	0.747999	-1.2397
SP110	NM_004509	SP110 nuclear body protein	7.60812	0.00872	1.7371
USP14	NM_005151	ubiquitin specific peptidase 14 (tR	7.60677	0.021071	-1.4681
RBM25	AV757384	RNA binding motif protein 25	7.60566	0.504875	1.1059
IGL@	AJ249377	immunoglobulin lambda locus	7.60489	0.024751	-2.276
OCIAD1	H09533	OCIA domain containing 1	7.60459	0.139441	1.1284
SFRS1	BC006181	splicing factor, arginine/serine-ri	7.60329	0.202276	-1.207
CCND3	NM_001760	cyclin D3	7.60316	0.03019	1.3374
	NM_014033	methyltransferase like 7A	7.60293	0.002606	-1.585
METTL7A					
RCSD1	AI659418	RCSD domain containing 1	7.60286	0.02614	1.2837
PTBP1	BC002397	polypyrimidine tract binding protei	7.60284	0.566035	-1.1215
RAB8A	BC002977	RAB8A, member RAS oncogene	7.6024	0.232362	1.1982
		family			
RBL2	X76061	retinoblastoma-like 2 (p130)	7.60119	0.63202	1.0944
TOMM7	NM_019059	translocase of outer mitochondrial	7.60107	0.683046	1.0374
UHRF2	BF511410	ubiquitin-like, containing PHD and	7.59971	0.643307	1.0558
	W84421	embigin homolog (mouse) pseudogene	7.59742	0.801185	-1.0343
LOC64712					
1					
CDC25B	NM_021873	cell division cycle 25 homolog B (S	7.59643	0.527043	-1.0346
SP110	AF280095	SP110 nuclear body protein	7.59548	0.0269	1.8226
CHMP5	NM_015961	chromatin modifying protein 5	7.59535	0.190712	1.3799
SEPT6	D50918	septin 6	7.59449	0.642472	-1.0339
UBL5	NM_024292	ubiquitin-like 5	7.59393	0.558221	1.1465
JOSD3	AF275800	Josephin domain containing 3	7.59186	0.19658	1.1678
ETS1	AA702930	v-ets erythroblastosis virus E26 on	7.59159	0.683206	-1.1849
UQCRQ	NM_014402	ubiquinol-cytochrome c reductase, c	7.59127	0.052296	-1.3784
SPCS3	AL136660	signal peptidase complex subunit 3	7.59062	0.020842	-1.6207
GBP1	AW014593	guanylate binding protein 1, interf	7.58986	0.005006	2.4888
TXNIP	AA812232	thioredoxin interacting protein	7.58879	0.139682	1.4068
CREG1	NM_003851	cellular repressor of E1A-stimulate	7.58617	0.06744	1.7291
ACTR2	NM_005722	ARP2 actin-related protein 2 homolo	7.58578	0.336164	-1.1813
MNDA	NM_002432	myeloid cell nuclear differentiatio	7.58475	0.044113	1.846
C19orf10	AL524093	chromosome 19 open reading frame 10	7.58374	0.013063	-1.7683
EIF3K	AF119846	eukaryotic translation initiation f	7.58167	0.186686	-1.1911
ID2	AI819238	inhibitor of DNA binding 2, dominan	7.58066	0.284787	1.3264
CD47	AL118798	CD47 molecule	7.58055	0.571242	1.1101
	BC001727	ankyrin repeat domain 10	7.58047	0.617954	-1.0351
ANKRD10					
WTAP	AU147416	Wilms tumor 1 associated protein	7.57985	0.125873	-1.2422
APBB1IP	AI093231	amyloid beta (A4) precursor protein	7.57972	0.029023	1.3843
FGL2	NM_006682	fibrinogen-like 2	7.57893	0.007811	2.6573
CMPK2	AI742057	cytidine monophosphate (UMP-CMP)	7.57862	0.299205	1.3557
		ki			
...	AA526907	...	7.57802	0.255906	1.2036
IFI35	BC001356	interferon-induced protein 35	7.57709	0.063075	1.7289

C14orf2	NM_004894	chromosome 14 open reading frame 2	7.57518	0.627111	-1.0523
PF4	NM_002619	platelet factor 4 (chemokine (C-X-C	7.57337	0.75131	-1.2073
FGL2	AW135176	fibrinogen-like 2	7.57258	0.011735	2.152
PAC SIN2	NM_007229	protein kinase C and casein kinase	7.57082	0.199546	1.3663
KIAA0174	NM_014761	KIAA0174	7.56978	0.038297	1.4021
RPL22L1	BE274422	ribosomal protein L22-like 1	7.56951	0.009481	-1.621
ZFAND5	AW471220	zinc finger, AN1-type domain 5	7.56933	0.586264	1.2604
C19orf22	W07773	chromosome 19 open reading frame 22	7.56927	0.931835	-1.0658
PSMD14	NM_005805	proteasome (prosome, macropain) 26S	7.56905	0.123876	-1.3085
GOLPH3	NM_022130	golgi phosphoprotein 3 (coat-protei	7.56816	0.584915	-1.066
EVI2A	NM_014210	ecotropic viral integration site 2A	7.5677	0.086504	1.275
NUB1	AF300717	negative regulator of ubiquitin-lik	7.56685	0.015278	1.6007
CTNNB1	AW362945	catenin (cadherin-associated protei	7.56606	0.145529	1.5022
	AI708524	OK/SW-cl.16	7.56507	0.426833	-1.1241
LOC44055					
2					
CD44	BE903880	CD44 molecule (Indian blood group)	7.56473	0.558221	-1.0431
MARCH6	BF000409	membrane-associated ring finger (C3	7.56463	0.013467	-1.3494
DYNLL1	NM_003746	dynein, light chain, LC8-type 1	7.56367	0.253683	-1.2446
ARRB2	AL832061	arrestin, beta 2	7.56323	0.062545	1.7626
APLP2	NM_001642	amyloid beta (A4) precursor-like pr	7.56241	0.133196	1.4098
MRPL53	AV726817	mitochondrial ribosomal protein L53	7.56013	0.34919	-1.1371
CMBL	BE537881	carboxymethylenebutenolidase homolo	7.56006	0.333511	1.0747
XRCC5	AA205834	X-ray repair complementing defectiv	7.56003	0.048827	-1.3751
MRPL9	BC004517	mitochondrial ribosomal protein L9	7.55995	0.094155	-1.2938
CTSC	NM_001814	cathepsin C	7.55947	0.096722	1.247
MX2	NM_002463	myxovirus (influenza virus) resista	7.55943	0.041424	2.1826
FBXO10	BF969806	F-box protein 10	7.55907	0.105034	-1.3277
PIM1	M24779	pim-1 oncogene	7.5587	0.330076	1.1246
NAMPT	NM_005746	nicotinamide phosphoribosyltransfer	7.5582	0.401092	1.3771
TSC22D3	AL110191	TSC22 domain family, member 3	7.55805	0.270426	1.239
RNF213	AI523817	ring finger protein 213	7.55698	0.021716	1.7133
	AA398569	similar to bK246H3.1 (immunoglobuli	7.55684	0.053479	-1.3375
LOC91316					
PDCD4	N92498	programmed cell death 4 (neoplastic	7.55561	0.000465	-1.4445
ASAH1	AI379338	N-acylsphingosine amidohydrolase (a	7.55424	0.251223	1.3524
ERP29	NM_006817	endoplasmic reticulum protein 29	7.5541	0.135128	-1.2378
NHP2L1	AF155235	NHP2 non-histone chromosome	7.55201	0.014327	-1.3928
		protein			
KRAS	W80678	v-Ki-ras2 Kirsten rat sarcoma viral	7.55122	0.401921	-1.1013
PRKACB	AA130247	protein kinase, cAMP-dependent, cat	7.55067	0.47977	-1.0582
YTHDF2	BC002559	YTH domain family, member 2	7.5503	0.159619	-1.1997
SCOTIN	BC001463	scotin	7.54927	0.008933	1.4562
MT1X	NM_005952	metallothionein 1X	7.5485	0.001294	2.2122
IL6ST	AL049265	interleukin 6 signal transducer (gp	7.54659	0.172712	-1.1861
SP100	NM_003113	SP100 nuclear antigen	7.5456	0.76144	1.0909
SORL1	NM_003105	sortilin-related receptor, L(DLR cl	7.54378	0.648127	-1.1037
PTTG1IP	NM_004339	pituitary tumor-transforming 1 inte	7.54347	0.022243	1.5717
KLRF1	NM_016523	killer cell lectin-like receptor su	7.54219	0.362944	1.2632
MPEG1	T64884	macrophage expressed gene 1	7.54219	0.109901	1.7748

HLA-DRA	M60334	major histocompatibility complex, c	7.53958	0.074368	1.7024
TncRNA	AV699657	trophoblast-derived noncoding RNA	7.53898	0.469198	1.1495
...	AI355441	...	7.53775	0.487568	1.5091
ATG3	AF202092	ATG3 autophagy related 3 homolog (S	7.5331	0.104555	1.2959
SCP2	NM_002979	sterol carrier protein 2	7.53261	0.689884	-1.091
OLA1	NM_013341	Obg-like ATPase 1	7.53169	0.098121	-1.3585
TAF10	NM_006284	TAF10 RNA polymerase II, TATA box b	7.53086	0.789107	-1.0356
SNRPD2	NM_004597	small nuclear ribonucleoprotein D2	7.52668	0.284636	-1.246
PTPRJ	AI631833	protein tyrosine phosphatase, recep	7.52601	0.167334	1.2153
SMAP2	AL137764	stromal membrane-associated GTPase-	7.5256	0.195852	1.291
LEF1	AF288571	lymphoid enhancer-binding factor 1	7.5253	0.346488	-1.2846
MAGT1	BG292405	magnesium transporter 1	7.52387	0.057105	-1.3367
KLF4	BF514079	Kruppel-like factor 4 (gut)	7.52317	0.028447	2.1705
SAMD9	AA741307	sterile alpha motif domain containi	7.52251	0.045497	2.2987
SMCHD1	AV699744	structural maintenance of chromosom	7.52033	0.506626	-1.0667
ARL4C	BG435404	ADP-ribosylation factor-like 4C	7.51949	0.803521	1.0818
IGKV1D-13	AW408194	immunoglobulin kappa variable 1D-13	7.51906	0.011292	-2.3235
CBX4	AI570531	chromobox homolog 4 (Pc class homol	7.51868	0.1376	-1.2016
PRNP	NM_000311	prion protein (p27-30) (Creutzfeldt	7.5181	0.190006	1.1833
PRELID1	AF153607	PRELI domain containing 1	7.51744	0.755179	1.0634
MAN1A1	BG287153	mannosidase, alpha, class 1A, membe	7.51738	0.016691	-1.7464
TUBB	BC001002	tubulin, beta	7.51425	0.164881	-1.2605
NUP153	NM_005124	nucleoporin 153kDa	7.51356	0.290198	-1.1644
MTDH	AI886796	metadherin	7.51177	0.034911	-1.4497
EIF2S1	NM_004094	eukaryotic translation initiation f	7.50966	0.063345	-1.3382
CTBP1	BF337195	C-terminal binding protein 1	7.50955	0.206279	1.1575
TLOC1	BE866511	translocation protein 1	7.50919	0.364502	-1.3357
	AI620911	golgi autoantigen, golgin subfamily	7.50826	0.036389	1.2952
GOLGA8G					
TUFM	NM_003321	Tu translation elongation factor, m	7.50771	0.089252	-1.3499
TAGLN2	NM_003564	transgelin 2	7.50657	0.801935	-1.0711
NME2	NM_002512	non-metastatic cells 2, protein (NM	7.50512	0.079858	-1.3013
DNAJA1	AL534104	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily A,	7.50394	0.093258	1.254
	NM_018590	chondroitin sulfate N-acetylgalacto	7.50278	0.032418	1.4213
CSGALNACT					
PLCG2	NM_002661	phospholipase C, gamma 2 (phosphati	7.50223	0.259505	-1.3438
ICAM2	AA126728	intercellular adhesion molecule 2	7.49956	0.108815	1.3548
HINT1	NM_005340	histidine triad nucleotide binding	7.49859	0.236295	-1.172
SLC7A7	NM_003982	solute carrier family 7 (cationic a	7.49659	0.024929	1.9475
	AK098740	hypothetical protein LOC202051	7.49571	0.824139	-1.0248
LOC202051					
CNOT2	BG105204	CCR4-NOT transcription complex, sub	7.49562	0.911068	-1.0029
DBT	NM_001918	dihydrolipoamide branched chain tra	7.49442	0.012876	1.3057
C5orf26	BF314746	chromosome 5 open reading frame 26	7.494	0.267609	-1.1904

ZMIZ2	AA868332	zinc finger, MIZ-type containing 2	7.49286	0.413808	1.0621
IL18RAP	NM_003853	interleukin 18 receptor accessory p	7.49267	0.799441	-1.0059
RAB27A	AF125393	RAB27A, member RAS oncogene family	7.49264	0.152316	-1.2575
...	H15073	...	7.4892	0.561536	-1.0862
RBMX	AI452524	RNA binding motif protein, X-linked	7.48838	0.11949	-1.2771
PDIA6	NM_005742	protein disulfide isomerase family	7.48819	0.020639	-1.6636
	AB046820	KIAA1600	7.48724	0.918689	-1.0282
KIAA1600					
MTDH	AI972475	metadherin	7.48459	0.087143	-1.483
P2RY8	AI436587	purinergic receptor P2Y, G-protein	7.48332	0.781117	1.0328
NOL7	AF130102	nucleolar protein 7, 27kDa	7.48322	0.003969	-1.4731
ITGAM	NM_000632	integrin, alpha M (complement compo	7.48256	0.220182	1.2548
CNOT6L	AW514857	CCR4-NOT transcription complex, sub	7.48203	0.206903	-1.2963
DDOST	BC002594	dolichyl-diphosphooligosaccharide-p	7.48163	0.006695	-1.6168
PTTG1	NM_004219	pituitary tumor-transforming 1	7.48147	0.061812	-1.6711
C6orf62	AL136632	chromosome 6 open reading frame 62	7.47929	0.221789	1.1691
SLAMF7	AL121985	SLAM family member 7	7.47911	0.617842	1.0548
RPS21	AW024383	ribosomal protein S21	7.47875	0.701514	1.0728
USP4	NM_003363	ubiquitin specific peptidase 4 (pro	7.47733	0.231369	1.2597
MAP3K2	AI125541	mitogen-activated protein kinase ki	7.47715	0.786999	-1.0287
MPEG1	BF590697	macrophage expressed gene 1	7.47382	0.039243	2.0856
AKAP2	BG540494	A kinase (PRKA) anchor protein 2	7.47092	0.175072	-1.2104
MDM4	AA961420	Mdm4, transformed 3T3 cell double m	7.47089	0.732265	-1.0289
CENTD1	AB011152	centaurin, delta 1	7.47025	0.108507	1.3393
WIPF1	BF446719	WAS/WASL interacting protein family	7.4694	0.655506	-1.0311
KPNB1	AA861608	karyopherin (importin) beta 1	7.46879	0.105199	1.1363
YME1L1	AF070656	YME1-like 1 (S. cerevisiae)	7.46872	0.014474	-1.4003
SELPLG	AI741056	selectin P ligand	7.46846	0.002757	1.5125
RHOG	NM_001665	ras homolog gene family, member G (	7.46808	0.032551	1.4664
PRR11	NM_018304	proline rich 11	7.46652	0.863727	-1.0063
MCM5	AA807529	minichromosome maintenance complex	7.46633	0.084716	-1.4164
TXNIP	AI439556	thioredoxin interacting protein	7.46546	0.206057	1.3365
C20orf118	AV715309	chromosome 20 open reading frame 11	7.46429	0.005605	1.7538
YME1L1	AJ295618	YME1-like 1 (S. cerevisiae)	7.46389	0.16034	-1.245
IARS	NM_013417	isoleucyl-tRNA synthetase	7.46337	0.016927	-1.7784
IMPDH2	NM_000884	IMP (inosine monophosphate) déydro	7.46123	0.049026	-1.5509
CSK	NM_004383	c-src tyrosine kinase	7.46116	0.029042	1.3099
C6orf48	NM_016947	chromosome 6 open reading frame 48	7.46101	0.913713	-1.0409
SMC1A	D80000	structural maintenance of chromosom	7.46013	0.220713	-1.1873
EDF1	AB002282	endothelial differentiation-related	7.45753	0.28854	-1.1791
GRN	AK023348	granulin	7.45646	0.105118	1.6091
	AW516297	Notch homolog 2 (Drosophila) N-term	7.45595	0.300512	1.3554
NOTCH2					
NL					
MDH1	NM_005917	malate déydrogenase 1, NAD (solubl	7.45588	0.077683	-1.2739
	AF119873	serpin peptidase inhibitor, clade A	7.455	0.00763	2.463
SERPINA					

1					
TIFA	AA195074	TRAF-interacting protein with forkh	7.45438	0.025884	-1.5536
MRCL3	NM_006471	myosin regulatory light chain MRCL3	7.45291	0.346892	1.1996
	NM_024715	thioredoxin domain containing 15	7.4518	0.021086	-1.6983
TXNDC15					
MBNL1	AI697540	muscleblind-like (Drosophila)	7.45172	0.796887	-1.0028
CXXC5	AK001782	CXXC finger 5	7.44996	0.005124	-1.4299
IRF8	AI073984	interferon regulatory factor 8	7.44988	0.17711	1.4919
	BC002538	serpin peptidase inhibitor, clade B	7.44743	0.747091	1.1748
SERPINB9					
GARS	D30658	glycyl-tRNA synthetase	7.4472	0.014336	-1.4931
ANXA5	NM_001154	annexin A5	7.44647	0.992456	-1.0378
ILF3	AF141870	interleukin enhancer binding factor	7.44341	0.033018	-1.3358
EFHD2	NM_024329	EF-hand domain family, member D2	7.44186	0.160768	1.3945
RPL18A	NM_000980	ribosomal protein L18a	7.43716	0.723726	-1.1276
TES	NM_015641	testis derived transcript (3 LIM do	7.43591	0.015809	1.3989
MTDH	AV700332	metadherin	7.43543	0.00632	-1.619
...	AW392551	...	7.43535	0.086173	1.7432
ZEB2	AF086037	zinc finger E-box binding homeobox	7.43467	0.611448	1.2008
RSAD2	AW189843	radical S-adenosyl methionine domai	7.43424	0.112533	3.1446
FAM45A	BE565675	family with sequence similarity 45,	7.43319	0.25883	1.3032
C22orf9	AK025608	chromosome 22 open reading frame 9	7.43169	0.029455	1.5386
SEC13	NM_030673	SEC13 homolog (S. cerevisiae)	7.43053	0.044417	-1.517
TAP2	AA573502	transporter 2, ATP-binding cassette	7.42979	0.282417	1.4458
KRAS	BF673699	v-Ki-ras2 Kirsten rat sarcoma viral	7.42914	0.420004	1.1519
LTB	NM_002341	lymphotoxin beta (TNF superfamily,	7.4288	0.692661	1.099
NPM1	AB042278	nucleophosmin (nucleolar phosphopro	7.42798	0.012864	-1.5668
EPSTI1	AA633203	epithelial stromal interaction 1 (b	7.42772	0.024256	1.8602
ZRANB2	AF065391	zinc finger, RAN-binding domain con	7.42648	0.263617	-1.159
MAFB	NM_005461	v-maf musculoaponeurotic fibrosarco	7.42634	0.270495	1.846
CENPL	BF316352	centromere protein L	7.4262	0.244093	-1.2485
SHMT2	AW190316	serine hydroxymethyltransferase 2 (	7.42611	0.086216	-1.4549
ARMET	NM_006010	arginine-rich, mutated in early sta	7.42537	0.011018	-1.8831
SRPR	NM_003139	signal recognition particle recepto	7.42306	0.022959	-1.4447
ID2	NM_002166	inhibitor of DNA binding 2, dominan	7.42165	0.088197	1.4365
CDC16	AF164598	cell division cycle 16 homolog (S.	7.41847	0.396208	1.0932
METTL9	NM_016025	methyltransferase like 9	7.4176	0.801467	-1.0204
LRRFIP1	BE674143	leucine rich repeat (in FLII) inter	7.4172	0.511552	1.1306
RUNX3	AA541630	runt-related transcription factor 3	7.41682	0.555748	1.2072
CDC2L2	AI767436	cell division cycle 2-like 2 (PITSL	7.41653	0.824159	-1.0472
CACYBP	AF057356	calcyclin binding protein	7.4165	0.122575	-1.3223
UTRN	N66570	utrophin	7.41403	0.047842	1.4964
BTBD1	NM_025238	BTB (POZ) domain containing 1	7.41175	0.792259	1.127
ACSL1	NM_021122	acyl-CoA synthetase long-chain fami	7.41119	0.350623	1.6535
TUBB	BC005838	tubulin, beta	7.41074	0.066409	-1.4973
PDIA6	BC001312	protein disulfide isomerase family	7.40816	0.035045	-1.5616
...	M85256	...	7.40797	0.011066	-2.6563
C11orf2	NM_013265	chromosome 11 open reading frame2	7.40774	0.53236	-1.0565
EIF3CL	AA679705	eukaryotic translation initiation f	7.40692	0.470087	-1.1872
PALM2-	NM_007203	PALM2-AKAP2	7.40378	0.177918	-1.3389
AKA					

UFM1	NM_016617	ubiquitin-fold modifier 1	7.40251	0.398044	-1.16
VCL	NM_014000	vinculin	7.40223	0.082591	1.4216
PAM	NM_000919	peptidylglycine alpha-amidating mon	7.40209	0.135836	1.3469
SAMM50	NM_015380	sorting and assembly machinery comp	7.40034	0.243735	-1.2337
SMC4	AL136877	structural maintenance of chromosom	7.39896	0.094838	-1.4237
PYCARD	BC004470	PYD and CARD domain containing	7.39683	0.011531	1.904
	BE616972	DKFZP434B0335 protein	7.39624	0.757367	-1.0095
DKFZP43					
4B					
RNF19A	AB029316	ring finger protein 19A	7.39262	0.522571	-1.0718
PTPRC	AI809341	protein tyrosine phosphatase, recep	7.39148	0.052605	1.3771
	AB011093	rho/rac guanine nucleotide exchange	7.39039	0.291828	1.1023
ARHGEF1					
8					
C1QBP	AU151801	complement component 1, q subcompon	7.38926	0.01763	-1.5754
UBE2G1	AW299555	ubiquitin-conjugating enzyme E2G 1	7.38718	0.007798	-1.6871
SFPQ	NM_005066	splicing factor proline/glutamine-r	7.38689	0.195069	-1.4149
TFRC	NM_003234	transferrin receptor (p90, CD71)	7.38343	0.806645	-1.0436
GIMAP2	AI431931	GTPase, IMAP family member 2	7.38245	0.014479	1.4662
TCEB2	NM_007108	transcription elongation factor B (	7.38243	0.814389	-1.0055
TRIP12	AI149880	thyroid hormone receptor interactor	7.38147	0.535201	1.1087
	AL121871	similar to rCG57659	7.38132	0.311524	-1.1384
LOC39250					
1					
EIF5	AL080102	eukaryotic translation initiation f	7.38014	0.036975	-1.4581
EPRS	NM_004446	glutamyl-prolyl-tRNA synthetase	7.37844	0.22597	-1.241
CCNI	AF135162	cyclin I	7.37819	0.514545	-1.1161
SLC35E1	NM_024881	solute carrier family 35, member E1	7.37691	0.105694	1.3175
UBE2J1	AF161502	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1	7.37628	0.000419	-2.3147
GZMK	NM_002104	granzyme K (granzyme 3	tryptase II	1402	1402
MFSD1	NM_022736	major facilitator superfamily domai	7.37496	0.092063	1.4239
STAT6	BC004973	signal transducer and activator of	7.37457	0.014624	1.583
TSPAN13	NM_014399	tetraspanin 13	7.37428	0.280816	-1.2046
NOTCH2	AA291203	Notch homolog 2 (Drosophila)	7.37239	0.048744	1.3852
	AI377324	hypothetical protein LOC338758	7.37209	0.140501	1.886
LOC33875					
8					
DSTN	NM_006870	destrin (actin depolymerizing facto	7.37099	0.80006	-1.0207
PRDX4	NM_006406	peroxiredoxin 4	7.3706	0.01571	-1.8982
SP3	AU144413	Sp3 transcription factor	7.36925	0.590485	-1.0834
ALG5	NM_013338	asparagine-linked glycosylation 5 h	7.36738	0.004891	-1.6276
CUL1	AA682674	cullin 1	7.36732	0.255345	1.3226
	AB045223	CLPTM1-like	7.36728	0.006054	-1.8843
CLPTM1L					
PPP2R5C	AL834350	protein phosphatase 2, regulatory s	7.36255	0.864325	1.0222
TRAPPC4	NM_016146	trafficking protein particle comple	7.3612	0.315876	-1.1929
EIF5B	BG261322	eukaryotic translation initiation f	7.36103	0.046033	-1.6475
SF3B5	NM_031287	splicing factor 3b, subunit 5, 10kD	7.36094	0.126615	-1.2765
IER5	NM_016545	immediate early response 5	7.35968	0.147159	1.3095

TMPO	AL566034	thymopoietin	7.35949	0.274761	-1.1248
GNG2	AU146329	guanine nucleotide binding protein	7.35845	0.789904	1.0497
FAM101B	BG036514	family with sequence similarity 101	7.35813	0.322931	-1.1424
ARPC5L	NM_030978	actin related protein 2/3 complex,	7.35652	0.143945	-1.2524
ZWINT	NM_007057	ZW10 interactor	7.35345	0.059843	-1.5759
...	AI678013	...	7.35134	0.388349	1.7867
RUNX3	NM_004350	runt-related transcription factor 3	7.34961	0.527132	1.1439
ADA	NM_000022	adenosine deaminase	7.3489	0.276034	-1.2502
ITGAE	NM_002208	integrin, alpha E (antigen CD103, h	7.34825	0.028698	-1.437
FAM35A	NM_019054	family with sequence similarity 35,	7.34824	0.313082	-1.2523
	AW590838	KIAA0999 protein	7.3457	0.695174	1.0339
KIAA0999					
	AF204231	golgi autoantigen, golgin subfamily	7.34547	0.710158	-1.0178
GOLGA8					
A					
FNDC3B	NM_022763	fibronectin type III domain contain	7.34525	0.108133	-1.3457
CTBP1	NM_001328	C-terminal binding protein 1	7.34475	0.237025	1.1919
KCTD12	AI718937	potassium channel tetramerisation d	7.33935	0.067832	1.6798
BCL6	NM_001706	B-cell CLL/lymphoma 6 (zinc finger	7.33849	0.384674	1.2629
CCDC84	BF446390	coiled-coil domain containing 84	7.33821	0.8569	-1.0274
CFLAR	U97075	CASP8 and FADD-like apoptosis	7.33561	0.205271	-1.2368
		regul			
DDIT4	NM_019058	DNA-damage-inducible transcript 4	7.33493	0.460119	1.3483
TNFSF10	AW474434	tumor necrosis factor (ligand) supe	7.33489	0.034056	2.1349
DNAJB9	AL080081	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B,	7.33431	0.121042	-1.3201
CSDA	AL556190	cold shock domain protein A	7.33318	0.868653	1.0345
C17orf91	AF070569	chromosome 17 open reading frame 91	7.33291	0.649458	1.1213
DUSP2	NM_004418	dual specificity phosphatase 2	7.3312	0.837541	1.1135
SURF4	AK026646	surfeit 4	7.33035	0.478109	-1.0955
LAT	AF036906	linker for activation of T cells	7.33018	0.541589	1.2306
HNRPD	W74620	heterogeneous nuclear ribonucleopro	7.32906	0.046949	-1.4034
DDX6	BF129093	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box	7.32766	0.204121	-1.2211
		polypept			
CENPL	BG329175	centromere protein L	7.3258	0.684594	-1.1379
MYLIP	AF212221	myosin regulatory light chain inter	7.32522	0.384416	1.1556
RNASE2	NM_002934	ribonuclease, RNase A family, 2 (li	7.32392	0.159557	1.886
SF3A1	BF129339	splicing factor 3a, subunit 1, 120k	7.32298	0.139399	-1.3486
NFKBIZ	BE646573	nuclear factor of kappa light polyp	7.3168	0.062552	1.5799
PPBP	R64130	pro-platelet basic protein (chemoki	7.31478	0.884264	1.0208
P2RX5	U49396	purinergic receptor P2X, ligand-gat	7.31217	0.185142	-1.2985
	AL566172	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal	7.31157	0.307694	1.0931
ATP6V0D					
1					
SP110	AF280094	SP110 nuclear body protein	7.31119	0.011853	1.7032
SNRPA1	AA872471	small nuclear ribonucleoprotein pol	7.31014	0.517405	1.0701
HSPA5	AF216292	heat shock 70kDa protein 5 (glucose	7.3077	0.012754	-1.7213
ASH1L	AI806500	ash1 (absent, small, or homeotic)-l	7.30676	0.548217	1.0246
...	AV687517	...	7.3061	0.575499	-1.2606
FAM133B	AK000119	family with sequence similarity 133	7.30573	0.248908	1.5029
COPS8	BC003090	COP9 constitutive photomorphogenic	7.30543	0.893859	-1.0822
RHOH	BE676335	ras homolog gene family, member H	7.3021	0.023192	-1.3712

CAPZA2	AV685920	capping protein (actin filament) mu	7.30208	0.200162	1.22
APLP2	BC000373	amyloid beta (A4) precursor-like pr	7.30058	0.11537	1.4335
	NM_025151	RAB11 family interacting protein 1	7.29837	0.137782	1.4148
RAB11FIP 1					
CKS2	NM_001827	CDC28 protein kinase regulatory sub	7.29782	0.05086	-1.6631
KPNA2	BC005978	karyopherin alpha 2 (RAG cohort 1,	7.29757	0.020279	-1.714
	NM_015965	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 a	7.29716	0.849285	1.0985
NDUFA13					
SEC23B	BC005032	Sec23 homolog B (S. cerevisiae)	7.29611	0.55733	-1.0956
ANP32E	NM_030920	acidic (leucine-rich) nuclear phosph	7.29143	0.028548	-1.5776
LARS	D84223	leucyl-tRNA synthetase	7.28708	0.547248	-1.2256
CD83	NM_004233	CD83 molecule	7.28581	0.758757	-1.1233
NLN	AK026655	neurolysin (metallopeptidase M3 fam	7.28481	0.045965	1.2729
NCF1	AW072388	neutrophil cytosolic factor 1, (chr	7.28401	0.135512	2.0212
S100A6	NM_014624	S100 calcium binding protein A6	7.28308	0.019028	2.0002
LYN	AI356412	v-yes-1 Yamaguchi sarcoma viral rel	7.28236	0.135674	1.6915
PLSCR1	AI825926	phospholipid scramblase 1	7.28196	0.069662	1.5452
NEK9	AL117502	NIMA (never in mitosis gene a)- rel	7.28137	0.524007	1.077
USO1	NM_003715	USO1 homolog, vesicle docking prote	7.27916	0.264755	-1.182
...	N25986	...	7.27813	0.262853	-1.3216
RAP1A	AW793677	RAP1A, member of RAS oncogene famil	7.27715	0.716187	-1.1077
C1QBP	L04636	complement component 1, q subcompon	7.27666	0.014995	-1.7889
NDUFB6	NM_002493	NADH déydrogenase (ubiquinone) 1 b	7.27376	0.006174	-1.828
FOXP1	AF146696	forkhead box P1	7.27194	0.552374	-1.18
HSBP1	AK026575	heat shock factor binding protein 1	7.27088	0.160599	1.4323
	NM_001192	tumor necrosis factor receptor supe	7.26921	0.009406	-2.7543
TNFRSF1 7					
HERC5	NM_016323	hect domain and RLD 5	7.26865	0.122196	1.985
RP11- 345P	AL031282	similar to solute carrier family 35	7.26626	0.691802	-1.0472
HLA- DMA	X76775	major histocompatibility complex, c	7.2657	0.057443	1.605
AIM1	U83115	absent in melanoma 1	7.26495	0.400738	1.1912
CTSS	NM_004079	cathepsin S	7.2641	0.163119	1.3006
DC2	AF201937	DC2 protein	7.26335	0.031519	-1.7041
	AL137317	KIAA1267	7.26008	0.660292	1.0498
KIAA1267					
AHNAK	BG287862	AHNAK nucleoprotein	7.25701	0.5372	1.0405
S100A12	NM_005621	S100 calcium binding protein A12	7.25689	0.283587	1.5395
CD8A	AW006735	CD8a molecule	7.25626	0.912661	1.459
	BE675995	CDC42 small effector 2	7.25621	0.517273	-1.1396
CDC42SE 2					
FGR	NM_005248	Gardner-Rasheed feline sarcoma vira	7.25545	0.009879	2.1941
HLA- DMB	NM_002118	major histocompatibility complex, c	7.25493	0.039745	1.6869
PDIA4	BC006344	protein disulfide isomerase family	7.25466	0.088648	-1.4799

OPTN	NM_021980	optineurin	7.25407	0.750935	1.0696
JARID2	BG029530	jumonji, AT rich interactive domain	7.25247	0.255552	1.1914
RICTOR	W49629	rapamycin-insensitive companion of	7.25181	0.784326	1.0186
PFKFB3	NM_004566	6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2	7.24874	0.703927	1.2746
...	AW151360	...	7.24431	0.046937	1.7632
NOL5A	NM_006392	nucleolar protein 5A (56kDa with KK	7.24373	0.144876	-1.2938
PCBP2	NM_005016	poly(rC) binding protein 2	7.2433	0.320261	-1.1694
RGS2	NM_002923	regulator of G-protein signaling 2,	7.24252	0.151817	1.6989
TNFSF10	NM_003810	tumor necrosis factor (ligand) supe	7.24195	0.044441	2.3425
	BG170478	hypothetical gene supported by AK09	7.24133	0.83899	-1.078
LOC40150					
4					
MCM7	D55716	minichromosome maintenance	7.23949	0.112466	-1.3777
		complex			
DTX3L	AA577672	deltex 3-like (Drosophila)	7.23914	0.004459	1.734
TGFBR2	D50683	transforming growth factor, beta re	7.23882	0.930821	-1.1678
HRB	AI989512	HIV-1 Rev binding protein	7.23788	0.658439	1.2047
TAGAP	BF591040	T-cell activation RhoGTPase activat	7.23547	0.146357	1.279
PGF	AK023843	placental growth factor	7.23391	0.413203	1.0952
...	AFFX-R2-BS	...	7.23137	0.611685	-1.7638
FCER1G	NM_004106	Fc fragment of IgE, high affinity I	7.2292	0.020635	2.5666
RASA2	AI888503	RAS p21 protein activator 2	7.22599	0.868336	-1.0089
NUCKS1	NM_022731	nuclear casein kinase and cyclin-de	7.22519	0.55243	-1.0862
FEN1	BC000323	flap structure-specific endonucleas	7.22509	0.092411	-1.4038
...	AC004544	...	7.22353	0.609314	-1.0597
	AA863228	hypothetical protein LOC728855	7.22337	0.066898	1.2586
LOC72885					
5					
GIMAP1	NM_130759	GTPase, IMAP family member 1	7.22249	0.006328	1.7139
AIF1	BF213829	allograft inflammatory factor 1	7.22048	0.041111	2.4635
RAB24	AK021761	RAB24, member RAS oncogene	7.21845	0.043692	1.5203
		family			
HLA-DPA1	M27487	major histocompatibility complex, c	7.21841	0.011235	1.9378
UBE2L3	BG531983	ubiquitin-conjugating enzyme E2L 3	7.21706	0.13575	-1.2806
IL7R	NM_002185	interleukin 7 receptor	7.2168	0.624437	1.1379
CXXC5	BC006428	CXXC finger 5	7.21492	0.003382	-1.6791
MAP3K1	AA211369	mitogen-activated protein kinase ki	7.21372	0.356893	1.148
GLTP	AI052020	glycolipid transfer protein	7.20911	0.601343	1.0788
ADFP	BC005127	adipose differentiation-related pro	7.2073	0.153079	1.3121
CCND2	NM_001759	cyclin D2	7.20479	0.174284	-1.3075
SRPRB	NM_021203	signal recognition particle recepto	7.20248	0.01398	-1.8251
	BC000893	histone cluster 1, H2bk	7.2021	0.928604	-1.0368
HIST1H2BK					
	AK027074	KIAA1702 protein	7.20059	0.453221	-1.1038
KIAA1702					
CAMK2G	NM_001222	calcium/calmodulin-dependent protei	7.19942	0.357869	-1.2771
CD36	M98399	CD36 molecule (thrombospondin	7.19905	0.24264	1.4246
		recep			
PRDX3	NM_006793	peroxiredoxin 3	7.19854	0.204156	-1.2433

	NM_005739	RAS guanyl releasing protein 1 (cal	7.19784	0.624123	1.0989
RASGRP1					
GMNN	NM_015895	geminin, DNA replication inhibitor	7.19724	0.009426	-2.2142
ZBTB20	NM_015642	zinc finger and BTB domain containi	7.19694	0.69319	-1.0781
PLXNC1	AF035307	plexin C1	7.19673	0.015321	1.5884
SLC38A2	NM_018573	solute carrier family 38, member 2	7.19504	0.07105	-1.2892
PRKCH	AL512701	protein kinase C, eta	7.1924	0.98413	-1.0181
HLA-DRA	M60333	major histocompatibility complex, c	7.18903	0.076158	1.9596
ITGB2	AW303397	integrin, beta 2 (complement compon	7.18675	0.017817	1.658
CLEC7A	AF313468	C-type lectin domain family 7, memb	7.18478	0.220047	1.4178
LAMP1	NM_005561	lysosomal-associated membrane prote	7.18225	0.371746	1.1169
APLP2	BC004371	amyloid beta (A4) precursor-like pr	7.18219	0.082365	1.5294
TRIM14	NM_014788	tripartite motif-containing 14	7.18179	0.007725	1.5941
SFRS11	AW241752	splicing factor, arginine/serine-ri	7.18168	0.194301	-1.3656
GBP5	BG545653	guanylate binding protein 5	7.17838	0.022718	2.7614
DR1	AW516932	down-regulator of transcription 1,	7.17832	0.855321	1.0704
NOLA3	NM_018648	nucleolar protein family A, member	7.17454	0.742457	-1.0845
NCF2	BC001606	neutrophil cytosolic factor 2 (65kD	7.17178	0.093362	2.0307
	AL134724	hypothetical LOC151162	7.17144	0.924836	-1.0157
LOC151162					
TNFAIP3	AI738896	tumor necrosis factor, alpha-induce	7.17131	0.594602	1.1375
	AA744636	ankyrin repeat domain 44	7.17126	0.597802	1.0351
ANKRD44					
LIPA	NM_000235	lipase A, lysosomal acid, cholester	7.17109	0.153066	1.315
SOCS3	AI244908	suppressor of cytokine signaling 3	7.17045	0.283484	1.3454
LRRC59	AK025328	leucine rich repeat containing 59	7.17028	0.017101	-1.8304
GLCCI1	AI761989	glucocorticoid induced transcript 1	7.16872	0.063945	-1.4757
C6orf62	BE465032	chromosome 6 open reading frame 62	7.16704	0.886	1.0798
MAFB	AW135013	v-maf musculoaponeurotic fibrosarco	7.16636	0.175796	2.1682
CSE1L	AF053640	CSE1 chromosome segregation 1-like	7.16629	0.085477	-1.4435
CCR2	NM_000647	chemokine (C-C motif) receptor 2	7.16298	0.855911	1.0397
TRD@	X06557	T cell receptor delta locus	7.16241	0.252075	1.2233
SAT1	BE971383	spermidine/spermine N1-acetyltransf	7.16209	0.11076	2.2781
RANBP9	BE674964	RAN binding protein 9	7.16204	0.46828	-1.3041
RUFY1	NM_025158	RUN and FYVE domain containing 1	7.16193	0.986618	1.0282
TIPARP	AL556438	TCDD-inducible poly(ADP-ribose)	7.1581	0.156938	1.1786
LBH	NM_030915	pol limb bud and heart development homo	7.15752	0.80578	1.1163
BST2	NM_004335	bone marrow stromal cell antigen 2	7.15713	0.102735	1.5857
IL8	NM_000584	interleukin 8	7.15616	0.3474	1.0429
PRO1073	NM_014086	PRO1073 protein	7.1561	0.595472	-1.0439
TSPO	NM_000714	translocator protein (18kDa)	7.15465	0.046167	1.7312
	NM_015675	growth arrest and DNA-damage-induci	7.15422	0.379925	1.4345
GADD45B					
STMN1	NM_005563	stathmin 1/oncoprotein 18	7.15282	0.050935	-1.5726
GRN	BC000324	granulin	7.14984	0.071057	1.7539
MAL	NM_002371	mal, T-cell differentiation protein	7.14856	0.359485	-1.2609
	NM_004125	hypothetical protein LOC552891	7.14835	0.356859	1.2888
LOC55289					

1

ICOS	AB023135	inducible T-cell co-stimulator	7.14686	0.557642	-1.0967
CDV3	AV646549	CDV3 homolog (mouse)	7.14654	0.127723	-1.4526
PFN1	NM_005022	profilin 1	7.14346	0.946311	-1.0757
CST7	AF031824	cystatin F (leukocystatin)	7.14178	0.192562	1.6091
SLC7A1	AA148507	solute carrier family 7 (cationic a	7.14149	0.014555	-1.6575
RRM1	NM_001033	ribonucleotide reductase M1	7.14092	0.084178	-1.4211
JMJD6	AK021780	jumonji domain containing 6	7.14044	0.897614	1.0674
	NM_003516	histone cluster 2, H2aa3	7.13839	0.164608	1.5113
HIST2H2					
AA					
TCF4	BF592782	transcription factor 4	7.13586	0.381035	-1.1181
GSPT1	AA580082	G1 to S phase transition 1	7.13564	0.568937	-1.0317
CDCA7L	AK022955	cell division cycle associated 7-li	7.1356	0.143749	-1.348
BHLHB2	NM_003670	basic helix-loop-helix domain conta	7.13462	0.604043	1.0804
YAF2	AA651631	YY1 associated factor 2	7.13239	0.555127	1.1112
CYFIP1	BC005097	cytoplasmic FMR1 interacting protei	7.13211	0.172208	1.542
RPN1	NM_002950	ribophorin I	7.1321	0.023576	-1.5921
	AL050378	hypothetical protein DKFZp586I1420	7.13198	0.579265	1.1509
DKFZp586					
I					
RB1CC1	AI801666	RB1-inducible coiled-coil 1	7.1292	0.467613	-1.1598
CDC42	BC002711	cell division cycle 42 (GTP binding	7.12828	0.590256	-1.1013
GIMAP5	NM_018384	GTPase, IMAP family member 5	7.12764	0.639744	1.2795
DCN	NM_001920	decorin	7.12744	0.034471	-1.5559
EIF4A1	U79273	eukaryotic translation initiation f	7.12535	0.156318	1.2588
TKT	L12711	transketolase (Wernicke-Korsakoff s	7.12473	0.222755	1.2949
MS4A6A	AF253977	membrane-spanning 4-domains, subfam	7.12424	0.073503	1.8167
LCP2	AI123251	lymphocyte cytosolic protein 2 (SH2	7.12395	0.025919	1.6107
TRGC2	M13231	T cell receptor gamma constant 2	7.12357	0.372068	1.3134
SAMD9L	BE669858	sterile alpha motif domain containi	7.12239	0.01406	2.3893
UBE2J1	AF151039	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1	7.12047	0.016637	-1.7689
TUBB	AF141349	tubulin, beta	7.11976	0.064298	-1.5503
VAMP3	BC003570	vesicle-associated membrane protein	7.11909	0.002351	1.8814
MALAT1	AI446756	metastasis associated lung adenocar	7.11904	0.23813	1.4949
APLP2	AI525212	amyloid beta (A4) precursor-like pr	7.11836	0.073467	1.6494
JUN	BG491844	jun oncogene	7.11786	0.995998	-1.0078
IDH2	U52144	isocitrate déydrogenase 2 (NADP+),	7.11618	0.163975	-1.2185
PTPLAD1	AL573951	protein tyrosine phosphatase-like A	7.11593	0.083071	-1.369
FGFBP2	AB021123	fibroblast growth factor binding pr	7.11442	0.580816	1.8223
CCL5	AF043341	chemokine (C-C motif) ligand 5	7.11339	0.671914	1.2602
...	AI092770	...	7.10964	0.390894	1.2454
ACTR2	BE566290	ARP2 actin-related protein 2 homolo	7.10953	0.759885	-1.0509
CNIH4	AL136930	cornichon homolog 4 (Drosophila)	7.10846	0.032449	1.5332
PDIA6	AK026926	protein disulfide isomerase family	7.10777	0.046214	-1.6005
NT5C3	AF312735	5'-nucleotidase, cytosolic III	7.10744	0.42022	1.3836
SEC22B	AA890010	SEC22 vesicle trafficking protein h	7.10737	0.217271	-1.2908
GIMAP5	AI435089	GTPase, IMAP family member 5	7.10544	0.574153	1.1821
DEGS1	BC000961	degenerative spermatocyte homolog 1	7.10495	0.104756	1.4108
C9orf72	BC020851	chromosome 9 open reading frame 72	7.10325	0.148838	1.8555

ZEB2	AI623184	zinc finger E-box binding homeobox	7.10254	0.492952	1.5442
MGAT4A	AW006441	mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein	7.0993	0.625945	-1.1936
PRDX2	L19185	peroxiredoxin 2	7.09884	0.11358	-1.4173
	NM_024901	DENN/MADD domain containing 2D	7.09818	0.329203	1.3884
DENND2					
D					
VAMP1	AU150319	vesicle-associated membrane protein	7.09782	0.294172	-1.3303
WDR42A	AI208342	WD repeat domain 42A	7.09521	0.946306	1.0427
	AI554300	serpin peptidase inhibitor, clade B	7.09301	0.015523	1.4988
SERPINB1					
	AA502643	platelet-activating factor acetylhy	7.09227	0.110366	-1.5971
PAFAH1B					
1					
	NM_012197	RAB GTPase activating protein 1	7.09226	0.089805	1.4141
RABGAP1					
DPYSL2	NM_001386	dihydropyrimidinase-like 2	7.09196	0.046244	1.6057
IFIT2	AA131041	interferon-induced protein with tet	7.09145	0.079307	2.3699
OCC-1	BF969397	overexpressed in colon carcinoma-1	7.09021	0.074651	-1.4051
TCF4	AI927067	transcription factor 4	7.08771	0.131507	-1.4672
KLRB1	NM_002258	killer cell lectin-like receptor su	7.08637	0.522235	1.0554
GMPPB	NM_021971	GDP-mannose pyrophosphorylase B	7.08461	0.02346	-1.8817
ATP5G1	AL080089	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito	7.08317	0.035607	-1.5588
SET	W26593	SET translocation (myeloid leukemia	7.08154	0.512452	-1.2066
	NM_004900	apolipoprotein B mRNA editing	7.08014	0.150737	-1.4155
APOBEC3		enzym			
B					
CHD1	NM_001270	chromodomain helicase DNA binding	7.07912	0.834607	1.0789
		p			
CD300A	AF020314	CD300a molecule	7.07896	0.000864	2.1544
OAS1	NM_016816	2',5'-oligoadenylate synthetase 1,	7.07526	0.227757	1.6868
	BF111651	phosphatidic acid phosphatase type	7.07497	0.004347	-2.3491
PPAPDC1					
B					
NTN2L	AF103529	netrin 2-like (chicken)	7.07069	0.027016	-2.0572
CD27	NM_001242	CD27 molecule	7.07025	0.112686	-1.3892
DDX60L	AK023743	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box	7.06917	0.053039	1.6755
		polypept			
SPTLC2	BC005123	serine palmitoyltransferase, long c	7.06817	0.017518	1.9835
RPL22	BE250348	ribosomal protein L22	7.06653	0.309923	-1.2338
ITPK1	AF279372	inositol 1,3,4-triphosphate 5/6 kin	7.06589	0.013765	1.4769
BCL11B	AA918317	B-cell CLL/lymphoma 11B (zinc finge	7.06482	0.767873	-1.0564
NDRG1	NM_006096	N-myc downstream regulated gene 1	7.06288	0.007598	1.4415
HLA-	AI583173	major histocompatibility complex, c	7.06267	0.046951	1.8401
DQB1					
IRF1	NM_002198	interferon regulatory factor 1	7.06259	0.046606	1.6269
MAGED1	AF217963	melanoma antigen family D, 1	7.06166	0.001644	-2.0342
	AA522514	KIAA0746 protein	7.06113	0.015464	-2.0754
KIAA0746					
STAG3L1	AA554827	stromal antigen 3-like 1	7.06066	0.511692	1.1105
SYK	AW467357	spleen tyrosine kinase	7.05962	0.587708	-1.0093
MS4A6A	NM_022349	membrane-spanning 4-domains,	7.05799	0.024153	2.4807

		subfam			
ELF4	U32645	E74-like factor 4 (ets domain trans	7.05752	0.004034	1.6688
FAM46A	AW246673	family with sequence similarity 46,	7.05721	0.052725	2.382
NR3C1	AI934556	nuclear receptor subfamily 3, group	7.0552	0.765834	-1.0115
	AL353759	histone cluster 1, H2ac	7.05419	0.789519	-1.0609
HIST1H2					
AC					
SOD2	W46388	superoxide dismutase 2, mitochondri	7.05353	0.861515	-1.3685
TPD52	AA524023	tumor protein D52	7.0498	0.003567	-2.2114
	AI859834	transcriptional adaptor 2 (ADA2 hom	7.0496	0.77299	1.0361
MGC2187					
4					
CXCR4	L01639	chemokine (C-X-C motif) receptor 4	7.04848	0.714744	-1.2804
CCR5	NM_000579	chemokine (C-C motif) receptor 5	7.04793	0.227199	1.4096
ZFP36L1	BG250310	zinc finger protein 36, C3H type-li	7.04767	0.163363	1.3606
ABLIM1	NM_006720	actin binding LIM protein 1	7.04749	0.253045	-1.397
NUDT5	BC000025	nudix (nucleoside diphosphate linke	7.04507	0.044097	-1.6975
...	BE865517	...	7.04074	0.003804	1.5431
POLR2L	BC005903	polymerase (RNA) II (DNA directed)	7.04022	0.030649	-1.7389
HLA-C	U62824	major histocompatibility complex, c	7.03785	0.231917	1.346
	AF151024	hypothetical protein MGC29506	7.03573	0.015153	-2.4229
MGC2950					
6					
...	AJ408433	...	7.03496	0.016187	-2.6756
C6orf32	AB002384	chromosome 6 open reading frame 32	7.03424	0.22556	1.3397
ZEB1	NM_030751	zinc finger E-box binding homeobox	7.03309	0.972692	-1.04
CTLA4	AI733018	cytotoxic T-lymphocyte-associated p	7.03276	0.470188	-1.1414
KLF10	NM_005655	Kruppel-like factor 10	7.03208	0.833274	1.0774
MYO1G	BE646398	myosin IG	7.03128	0.027158	1.5904
CTSS	BC002642	cathepsin S	7.03103	0.121835	1.4725
DPYD	NM_000110	dihydropyrimidine déydrogenase	7.03016	0.169686	1.3614
PLEK	NM_002664	pleckstrin	7.02538	0.070595	1.5824
IGLV1-44	U96394	immunoglobulin lambda variable 1-44	7.02255	0.005057	-2.9244
WAS	U12707	Wiskott-Aldrich syndrome (eczema-th	7.02112	0.689594	1.0171
RNF135	BC005084	ring finger protein 135	7.02051	0.041324	1.9632
FLJ11286	AI862559	hypothetical protein FLJ11286	7.01933	0.027339	1.9741
FYB	AF198052	FYN binding protein (FYB-120/130)	7.01908	0.023791	1.441
RANBP1	NM_002882	RAN binding protein 1	7.01866	0.042887	-1.5489
	L48784	hypothetical gene supported by AB08	7.01833	0.05133	-1.8554
LOC40096					
3					
...	BE500942	...	7.0169	0.503995	1.1605
PITPNC1	NM_012417	phosphatidylinositol transfer prote	7.0165	0.783095	-1.0205
FPR1	NM_002029	formyl peptide receptor 1	7.01379	0.07639	2.3093
GBP1	BC002666	guanylate binding protein 1, interf	7.01359	0.004938	2.3334
	U03891	apolipoprotein B mRNA editing	7.0133	0.116343	2.1383
APOBEC3					
A					
	AI510829	Rho GTPase activating protein 15	7.01185	0.331165	-1.4751
ARHGAP1					
5					

NCOA3	NM_006534	nuclear receptor coactivator 3	7.01173	0.671273	-1.1932
NOTCH2	AU158495	Notch homolog 2 (Drosophila)	7.0107	0.094728	1.4133
MS4A6A	AF237908	membrane-spanning 4-domains, subfam	7.00974	0.085451	1.8192
RPS11	BF680255	ribosomal protein S11	7.00798	0.442837	-1.0779
GCA	NM_012198	grancalcin, EF-hand calcium binding	7.00743	0.138807	1.4326
NCF1	NM_000265	neutrophil cytosolic factor 1, (chr	7.00541	0.104483	2.0763
	BC020552	programmed cell death 6 pseudogene	7.00517	0.131366	-1.9796
LOC72861					
3					
CSF2RB	AV756141	colony stimulating factor 2 recepto	6.99579	0.39196	1.4117
C9orf19	H92988	chromosome 9 open reading frame 19	6.9941	0.0169	1.9849
IL8	BG340548	interleukin 8	6.99336	0.019738	-2.2463
TRAPPC5	BF433657	trafficking protein particle comple	6.99303	0.152229	1.4736
FOXO3	N25732	forkhead box O3	6.99217	0.100346	1.3492
PDE4D	AI082004	phosphodiesterase 4D, cAMP-specific	6.98535	0.238967	-1.3065
TGFBR3	NM_003243	transforming growth factor, beta re	6.98469	0.732594	1.1537
IFI6	NM_022873	interferon, alpha-inducible protein	6.98176	0.213753	1.605
C1orf162	AW662189	chromosome 1 open reading frame 162	6.98117	0.033182	2.1046
NAGK	NM_017567	N-acetylglucosamine kinase	6.98114	0.044515	2.1669
LACTB	BE892574	lactamase, beta	6.98027	0.158193	1.4705
GBP2	BF509371	guanylate binding protein 2, interf	6.97688	0.173086	1.4967
MMD	NM_012329	monocyte to macrophage differentiat	6.9765	0.342755	-1.2891
CTSB	NM_001908	cathepsin B	6.97419	0.075968	1.6974
PHF1	AL021366	PHD finger protein 1	6.96878	0.45642	-1.0607
PIK3R1	AI680192	phosphoinositide-3-kinase, regulato	6.96826	0.979601	-1.0663
CTSB	W47179	cathepsin B	6.96701	0.08545	1.8221
IRF7	NM_004030	interferon regulatory factor 7	6.96633	0.068472	1.7286
QKI	AA935633	quaking homolog, KH domain RNA bind	6.96561	0.97386	1.0798
TRIM8	NM_030912	tripartite motif-containing 8	6.96477	0.377591	1.2891
PIK3IP1	AL540260	phosphoinositide-3-kinase interacti	6.96192	0.378665	-1.3307
C7orf24	AK021779	chromosome 7 open reading frame 24	6.95869	0.113088	-1.4106
COTL1	AL565621	coactosin-like 1 (Dictyostelium)	6.95562	0.429298	1.3715
RNF149	AW969703	ring finger protein 149	6.95284	0.149306	1.673
EIF4B	BF247371	eukaryotic translation initiation f	6.94954	0.07694	-1.5107
VPS35	BG537579	vacuolar protein sorting 35 homolog	6.94857	0.159665	1.3425
SEPX1	NM_016332	selenoprotein X, 1	6.94571	0.026552	1.7838
ISCA1	BG387555	iron-sulfur cluster assembly 1 homo	6.94407	0.317862	-1.1999
NFATC2	AA489681	nuclear factor of activated T-cells	6.94069	0.758079	1.3427
IER3	NM_003897	immediate early response 3	6.93712	0.709751	-1.1538
CCR1	AI421071	chemokine (C-C motif) receptor 1	6.93654	0.050617	2.4401
KLF10	AW292830	Kruppel-like factor 10	6.93556	0.385597	1.3605
OAS2	NM_016817	2'-5'-oligoadenylate synthetase 2,	6.93337	0.081678	1.7448
SEC11C	AF212233	SEC11 homolog C (S. cerevisiae)	6.92968	0.011854	-2.0503
	AV724266	ankyrin repeat domain 10	6.92755	0.478365	-1.1314
ANKRD10					
RYBP	W84482	RING1 and YY1 binding protein	6.92684	0.177661	-1.2562
VCAN	BF590263	versican	6.92446	0.416176	1.1818
CHD1	AU155298	chromodomain helicase DNA binding	6.92423	0.727865	-1.1054

...	AFFX-R2-BS	...	6.92351	0.830122	-1.7299
RBM39	BE466173	RNA binding motif protein 39	6.92228	0.77089	1.0609
UBE2G1	BC002775	ubiquitin-conjugating enzyme E2G 1	6.92056	0.003307	-2.1036
	NM_016142	hydroxysteroid (17-beta) déydrogen	6.91876	0.358301	-1.3522
HSD17B1					
2					
RAB31	BE789881	RAB31, member RAS oncogene family	6.91495	0.141937	1.7572
CCL3	NM_002983	chemokine (C-C motif) ligand 3	6.91345	0.541792	1.0035
GOT2	NM_002080	glutamic-oxaloacetic transaminase 2	6.91156	0.231453	-1.5351
IFNGR1	AI458949	interferon gamma receptor 1	6.91041	0.654853	1.3743
IGHM	X17115	immunoglobulin heavy constant mu	6.908	0.971852	1.0089
PAICS	AA902652	phosphoribosylaminoimidazole carbox	6.90641	0.032405	-1.7396
FLJ43663	AA417078	hypothetical LOC378805	6.90546	0.445461	-1.1995
ARL4C	BC001051	ADP-ribosylation factor-like 4C	6.90423	0.39386	1.2068
SYNCRIP	NM_006372	synaptotagmin binding, cytoplasmic	6.90175	0.088592	-1.4881
AKAP13	M90360	A kinase (PRKA) anchor protein 13	6.8983	0.045386	1.7568
GLCCI1	AA058770	glucocorticoid induced transcript 1	6.89694	0.234472	-1.3977
C16orf33	NM_024571	chromosome 16 open reading frame 33	6.89628	0.127879	-1.2984
CDC42	N92917	cell division cycle 42 (GTP binding	6.88917	0.799504	1.1011
CD8B	NM_004931	CD8b molecule	6.88606	0.538535	1.1676
GBP5	BG271923	guanylate binding protein 5	6.885	0.065443	1.8802
HLA-DQB1	M17565	major histocompatibility complex, c	6.88466	0.079155	1.9154
UPP1	NM_003364	uridine phosphorylase 1	6.88143	0.017462	1.7345
IL1RN	U65590	interleukin 1 receptor antagonist	6.88109	0.340721	1.5453
MAML2	AI148006	mastermind-like 2 (Drosophila)	6.88	0.613849	1.0164
	AK023116	hypothetical protein BC004921	6.87802	0.023226	1.5507
LOC93349					
FABP5	NM_001444	fatty acid binding protein 5 (psori	6.87515	0.037904	-1.617
	AL530441	casein kinase 1, gamma 2	6.87398	0.111173	1.2173
CSNK1G2					
PCTK2	AA436887	PCTAIRE protein kinase 2	6.86625	0.251535	-1.2816
...	AFFX-LYSX-	...	6.86246	0.915527	-1.5547
...	BF512254	...	6.86092	0.894648	-1.1871
HSP90B1	AI582238	heat shock protein 90kDa beta (Grp9	6.85808	0.095424	-1.8055
UAP1	S73498	UDP-N-acteylglucosamine pyrophospho	6.85782	0.010949	-1.9816
NADK	BC001709	NAD kinase	6.85706	0.015096	1.7331
AP1S2	NM_003916	adaptor-related protein complex 1,	6.85641	0.061417	1.5901
FBXO11	NM_018693	F-box protein 11	6.85565	0.725629	1.0217
ZFP36	NM_003407	zinc finger protein 36, C3H type, h	6.85557	0.133838	1.6744
JARID2	NM_004973	jumonji, AT rich interactive domain	6.85296	0.675705	1.0684
MCM2	NM_004526	minichromosome maintenance complex	6.8511	0.077386	-1.4297
HSPA1A	NM_005345	heat shock 70kDa protein 1A	6.8511	0.093623	2.02
AZIN1	AI742383	antizyme inhibitor 1	6.85109	0.703535	-1.1644
LY86	NM_004271	lymphocyte antigen 86	6.8442	0.060639	1.7259
RAB31	AF183421	RAB31, member RAS oncogene family	6.84267	0.117838	1.7087
GLIPR1	AI912583	GLI pathogenesis-related 1 (glioma)	6.84013	0.148953	1.3332

KCTD12	AA551075	potassium channel tetramerisation d	6.83789	0.025993	1.8453
PTPLAD1	AJ271091	protein tyrosine phosphatase-like A	6.83371	0.142372	-1.3359
...	AI707896	...	6.83035	0.053332	1.7104
RAP2B	N20927	RAP2B, member of RAS oncogene famil	6.8283	0.048376	1.417
SFRS3	BE927772	splicing factor, arginine/serine-ri	6.82812	0.27746	-1.3711
GARNL4	AK000478	GTPase activating Rap/RanGAP domain	6.82692	0.113182	1.7985
STK17A	AW194730	serine/threonine kinase 17a	6.82643	0.139806	-1.3344
IL12RB1	NM_153701	interleukin 12 receptor, beta 1	6.82551	0.144978	1.2185
	AF180519	GABA(A) receptors associated protei	6.82548	0.247472	1.7786
GABARA					
PL3					
STK4	AI763206	serine/threonine kinase 4	6.82347	0.956478	-1.0819
...	AW512196	...	6.81886	0.010007	1.5776
CD97	NM_001784	CD97 molecule	6.8153	0.007485	2.2044
TSC22D1	AK027071	TSC22 domain family, member 1	6.80768	0.693231	1.1615
ETV6	AF147300	ets variant gene 6 (TEL oncogene)	6.8066	0.58475	1.2642
BCL2	AU146384	B-cell CLL/lymphoma 2	6.80617	0.512082	1.0624
PTPRE	AA775177	protein tyrosine phosphatase, recep	6.80604	0.180328	1.3884
ELL2	AW057518	elongation factor, RNA polymerase I	6.80324	0.192568	-1.7096
KLRK1	NM_007360	killer cell lectin-like receptor su	6.80258	0.802833	1.2847
CTBP2	AF222711	C-terminal binding protein 2	6.80118	0.02151	1.8254
MALAT1	AF001540	metastasis associated lung adenocar	6.79622	0.142517	1.2835
KRT10	M19156	keratin 10 (epidermolytic hyperkera	6.79566	0.090969	-1.6333
BRWD2	BF062828	bromodomain and WD repeat domain	6.79355	0.721716	-1.037
co					
TRIM69	BM976092	tripartite motif-containing 69	6.7868	0.000119	2.3447
TRA@	AW007751	T cell receptor alpha locus	6.78564	0.199719	1.2429
DUSP6	BC003143	dual specificity phosphatase 6	6.78413	0.055966	2.5524
SLC2A3	AW197431	solute carrier family 2 (facilitate	6.78371	0.128836	1.433
AP1S2	AF251295	adaptor-related protein complex 1,	6.78003	0.129304	1.4557
CXCR4	AF348491	chemokine (C-X-C motif) receptor 4	6.77836	0.61256	-1.2641
CAMKK2	AK024748	calcium/calmodulin-dependent protei	6.77194	0.192387	1.4644
CCL4	NM_002984	chemokine (C-C motif) ligand 4	6.76722	0.490448	-1.1534
GIMAP4	NM_018326	GTPase, IMAP family member 4	6.76541	0.048545	1.7799
BASP1	NM_006317	brain abundant, membrane attached s	6.76512	0.258315	-1.3442
PAK1	AU154408	p21/Cdc42/Rac1-activated kinase 1 (	6.76026	0.020967	1.9259
MT1H	NM_005951	metallothionein 1H	6.75503	0.003445	2.0475
ANP32E	AI697657	acidic (leucine-rich) nuclear phosp	6.75217	0.016136	-1.9733
PSAP	M32221	prosaposin (variant Gaucher disease	6.74555	0.076822	1.4875
TncRNA	AI042152	trophoblast-derived noncoding RNA	6.74254	0.066395	1.5084
BACH2	AI052447	BTB and CNC homology 1, basic leuci	6.73005	0.041431	-1.6115
SEC14L1	AI017770	SEC14-like 1 (S. cerevisiae)	6.72301	0.020707	-2.0975
TLR2	NM_003264	toll-like receptor 2	6.71644	0.304005	1.7565
FBXO5	NM_012177	F-box protein 5	6.7028	0.054797	-1.5874
FOSL2	AI670862	FOS-like antigen 2	6.70192	0.612354	1.1101
CTNNB1	AF130085	catenin (cadherin-associated protei	6.69747	0.346638	1.3935
CD44	NM_000610	CD44 molecule (Indian blood group)	6.69603	0.643084	-1.0849
MAML2	BF358386	mastermind-like 2 (Drosophila)	6.69589	0.559976	-1.068
FAM26F	AV734646	family with sequence similarity 26,	6.68643	0.014525	3.2665

...	AI655467	...	6.68015	0.02401	2.2238
SLA	U44403	Src-like-adaptor	6.67936	0.086301	1.6713
FER1L3	NM_013451	fer-1-like 3, myoferlin (C. elegans	6.67763	0.037863	2.3014
...	AFFX-PHEX-	...	6.67115	0.930535	-1.8022
BRI3	AB055977	brain protein I3	6.67018	0.06886	1.6603
MS4A1	AW474852	membrane-spanning 4-domains, subfam	6.66725	0.332659	1.1704
WARS	M61715	tryptophanyl-tRNA synthetase	6.66474	0.035392	2.6189
DUSP6	BC003143	dual specificity phosphatase 6	6.66131	0.035796	2.5553
ELL2	AW960145	elongation factor, RNA polymerase I	6.65868	0.433958	-1.458
NLRP3	NM_004895	NLR family, pyrin domain containing	6.65751	0.305145	1.1479
FLJ45445	AL040396	hypothetical LOC399844	6.65652	0.20665	1.6106
NR4A2	NM_006186	nuclear receptor subfamily 4, group	6.65413	0.69775	-1.1243
CD58	R64696	CD58 molecule	6.65187	0.581994	1.2954
CD36	AW299226	CD36 molecule (thrombospondin recep	6.65103	0.127415	1.6703
RPL38	BC000603	ribosomal protein L38	6.65076	0.423418	1.0077
...	AA393940	...	6.64943	0.392231	1.1523
...	AI351653	...	6.64939	0.965783	1.1026
TUBB1	N63244	tubulin, beta 1	6.64426	0.56416	-1.1933
SAMD9L	AI064690	sterile alpha motif domain containi	6.643	0.124245	1.6462
GINS2	BC003186	GINS complex subunit 2 (Psf2 homolo	6.64092	0.057406	-1.8078
FYN	BG222258	FYN oncogene related to SRC, FGR, Y	6.63635	0.483944	1.2341
C11orf75	NM_020179	chromosome 11 open reading frame 75	6.62795	0.013342	2.1468
TYMP	NM_001953	thymidine phosphorylase	6.62316	0.133613	1.7705
HLA-C	M20812	major histocompatibility complex, c	6.61859	0.024304	-1.9034
HLA-	AI128225	major histocompatibility complex, c	6.61738	0.37239	1.6745
DPA1					
ITM2C	NM_030926	integral membrane protein 2C	6.61644	0.016602	-1.9904
SMC4	NM_005496	structural maintenance of chromosom	6.61279	0.009866	-2.2396
...	BG165011	...	6.60993	0.080853	-1.5291
tcag7.907	AW006934	hypothetical LOC402483	6.60869	0.138441	1.8472
VPS37C	BM452172	vacuolar protein sorting 37 homolog	6.60687	0.111928	1.8702
MBNL2	BE328496	muscleblind-like 2 (Drosophila)	6.58821	0.124987	-1.7822
	BG332462	family with sequence similarity 128	6.58645	0.639565	-1.0216
FAM128A					
KLHL14	AB037805	kelch-like 14 (Drosophila)	6.58278	0.019275	-2.3468
...	AI343473	...	6.58177	0.883977	-1.1807
WDR61	BF791874	WD repeat domain 61	6.58015	0.479318	1.6652
	AI926479	hypothetical protein LOC283663	6.5797	0.600396	-1.5841
LOC28366					
3					
TLR8	AW872374	toll-like receptor 8	6.57962	0.034218	2.0356
...	AV717590	...	6.56834	0.041413	-1.855
BAT2D1	BF110903	BAT2 domain containing 1	6.56237	0.51209	-1.7216
PRC1	NM_003981	protein regulator of cytokinesis 1	6.56227	0.052759	-1.7871
...	BF510692	...	6.56005	0.218008	-1.3941
C13orf15	NM_014059	chromosome 13 open reading frame 15	6.55673	0.815108	1.3007
MT1E	BF217861	metallothionein 1E	6.5549	0.012654	1.8414
NFKB1	R37337	nuclear factor of kappa light polyp	6.54436	0.719548	-1.0463

HCK	NM_002110	hemopoietic cell kinase	6.54265	0.060487	2.1608
RNF144B	AI953847	ring finger 144B	6.53878	0.042506	2.9791
MALAT1	AA827878	metastasis associated lung adenocar	6.53835	0.943034	-1.1608
WTAP	BE464729	Wilms tumor 1 associated protein	6.53738	0.403701	-1.4199
EZR	AA670344	ezrin	6.52246	0.213627	-1.2624
CFD	NM_001928	complement factor D (adipsin)	6.51822	0.013175	2.7446
PHF19	BE544837	PHD finger protein 19	6.51192	0.109919	-1.5748
HERC6	NM_017912	hect domain and RLD 6	6.51025	0.240036	1.5461
...	AFFX-THR3-	...	6.50818	0.997535	-1.7527
ADM	NM_001124	adrenomedullin	6.50619	0.111558	2.0849
CEBPD	NM_005195	CCAAT/enhancer binding protein (C/E	6.50223	0.042689	2.2678
EMILIN2	AF270513	elastin microfibril interfacier 2	6.50221	0.136331	1.8051
ARF6	AA243143	ADP-ribosylation factor 6	6.49979	0.885069	-1.3269
CLEC4A	NM_016184	C-type lectin domain family 4, memb	6.48539	0.070909	1.5993
LY96	NM_015364	lymphocyte antigen 96	6.47833	0.028722	1.8432
FOS	BC004490	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral	6.47306	0.117172	1.7601
NELL2	NM_006159	NEL-like 2 (chicken)	6.47135	0.160413	-1.8655
LST1	NM_007161	leukocyte specific transcript 1	6.46765	0.038581	2.7433
RSBN1	AK022166	round spermatid basic protein 1	6.45176	0.737834	1.0279
...	AFFX-R2-BS	...	6.4452	0.967272	-1.3919
	NM_000295	serpin peptidase inhibitor, clade A	6.44127	0.025155	2.6517
SERPINA1					
CTSL1	NM_001912	cathepsin L1	6.44026	0.075111	2.0229
FCGR1B	L03419	Fc fragment of IgG, high affinity I	6.43791	0.034844	2.6418
NR4A2	S77154	nuclear receptor subfamily 4, group	6.43655	0.615487	-1.2521
KYNU	D55639	kynureninase (L-kynurenine hydrolas	6.43563	0.050925	2.0858
C4orf18	AF260333	chromosome 4 open reading frame 18	6.42955	0.132761	1.5552
SMCHD1	AA336502	structural maintenance of chromosom	6.42658	0.130073	1.3682
	NM_003536	histone cluster 1, H3h	6.42655	0.158024	-1.577
HIST1H3H					
GAS7	BE439987	growth arrest-specific 7	6.42452	0.181941	1.8954
ARGLU1	R53084	arginine and glutamate rich 1	6.41881	0.862775	-1.7157
H2AFY	BE503981	H2A histone family, member Y	6.39933	0.486676	1.3278
HMMR	NM_012485	hyaluronan-mediated motility recept	6.39826	0.092274	-1.5011
CREM	D14826	cAMP responsive element modulator	6.39628	0.373941	-1.563
AIF1	AF299327	allograft inflammatory factor 1	6.39356	0.202238	1.603
IGL@	H53689	immunoglobulin lambda locus	6.38877	0.001172	-3.0718
CCNB2	NM_004701	cyclin B2	6.377	0.02646	-2.2304
...	AV764378	...	6.37123	0.494228	1.049
...	AF103530	...	6.36245	0.01639	-2.3461
DTL	AK001261	denticleless homolog (Drosophila)	6.36065	0.04699	-1.8529
TIMP1	NM_003254	TIMP metalloproteinase inhibitor 1	6.35391	0.318715	1.5269
CST3	NM_000099	cystatin C (amyloid angiopathy and	6.34496	0.077443	1.8675
...	BE739287	...	6.34092	0.706553	1.1033
TNFSF13	AF114013	tumor necrosis factor (ligand) supe	6.33822	0.010068	2.352
RPL14	AF103591	ribosomal protein L14	6.33398	0.010428	-2.6368
IL1B	M15330	interleukin 1, beta	6.33362	0.985823	-2.1685
CENTA2	NM_018404	centaurin, alpha 2	6.33111	0.087184	2.2723

RGL1	AF186779	ral guanine nucleotide dissociation	6.31839	0.202314	2.1334
EPSTI1	BE645480	epithelial stromal interaction 1 (b	6.31463	0.0678	2.013
LILRB2	AF004231	leukocyte immunoglobulin-like recep	6.31411	0.049719	2.6937
MS4A7	AI301935	membrane-spanning 4-domains, subfam	6.30867	0.035119	2.5679
BLVRB	NM_000713	biliverdin reductase B (flavin redu	6.30777	0.040453	1.8995
FLJ11903	AU120130	similar to hypothetical protein MGC	6.29959	0.316305	1.2428
LILRB1	AI681260	leukocyte immunoglobulin-like recep	6.29676	0.052061	2.2342
LST1	AI735692	leukocyte specific transcript 1	6.29361	0.037098	2.8309
CLEC7A	BC013385	C-type lectin domain family 7, memb	6.29216	0.162446	1.8897
CDCA7	AY029179	cell division cycle associated 7	6.27819	0.204965	-1.1017
HLA-DQB1	M32577	major histocompatibility complex, c	6.27559	0.525221	1.2395
HLA-DQA1	BG397856	major histocompatibility complex, c	6.2684	0.270192	2.0622
S100A11	NM_005620	S100 calcium binding protein A11	6.256	0.024816	1.8793
DLG7	NM_014750	discs, large homolog 7 (Drosophila)	6.25423	0.033649	-2.0616
ZCCHC2	BE676543	zinc finger, CCHC domain containing	6.24429	0.075008	1.8192
...	BF724558	...	6.24224	0.106534	2.182
SLC31A2	NM_001860	solute carrier family 31 (copper tr	6.23459	0.035495	2.4407
CLEC12A	NM_138337	C-type lectin domain family 12, mem	6.23324	0.279177	1.35
BANK1	NM_017935	B-cell scaffold protein with ankyri	6.21968	0.53668	-1.1604
CHURC1	BE568660	churchill domain containing 1	6.18873	0.391562	1.2923
ZNF600	AI620827	zinc finger protein 600	6.18727	0.155702	1.2628
ZNF331	NM_018555	zinc finger protein 331	6.18617	0.231555	-1.3646
OASL	NM_003733	2'-5'-oligoadenylate synthetase-lik	6.18186	0.029524	2.7191
FCGR3B	J04162	Fc fragment of IgG, low affinity II	6.1543	0.002868	4.1952
TNFSF10	U57059	tumor necrosis factor (ligand) supe	6.14789	0.052835	2.325
ANKRD22	AI097229	ankyrin repeat domain 22	6.14069	0.042713	2.6953
...	AW016812	...	6.13308	0.369829	1.905
SIGLEC10	AF301007	sialic acid binding Ig-like lectin	6.12976	0.025479	3.3761
CD44	BE467023	CD44 molecule (Indian blood group)	6.12947	0.539482	-1.4378
NCAPG	NM_022346	non-SMC condensin I complex, subuni	6.12877	0.042418	-2.2595
PLAUR	U08839	plasminogen activator, urokinase re	6.1285	0.637177	1.0997
LST1	AF000424	leukocyte specific transcript 1	6.12233	0.041172	2.2944
...	AFFX-DAPX-	...	6.11575	0.843948	-1.4703
EGR1	NM_001964	early growth response 1	6.10353	0.00334	3.2916
C3AR1	U62027	complement component 3a receptor 1	6.08138	0.002707	4.5817
...	AFFX-R2-BS	...	6.06704	0.944989	-1.6537
EGR1	AI459194	early growth response 1	6.04876	0.007242	4.6155
LYZ	U25677	lysozyme (renal amyloidosis)	6.04567	0.097348	2.0446
LGALS2	NM_006498	lectin, galactoside-binding, solubl	5.99647	0.053018	1.6653
ANKRD22	AI925518	ankyrin repeat domain 22	5.97178	0.037611	2.5852
CREM	AI800640	cAMP responsive element modulator	5.94068	0.458181	-1.4787
LILRA2	NM_006866	leukocyte immunoglobulin-like recep	5.90652	0.045384	2.2348
FOSB	NM_006732	FBJ murine osteosarcoma viral oncog	5.90285	0.144303	1.6763
LILRB2	NM_005874	leukocyte immunoglobulin-like recep	5.88697	0.02635	3.289
...	AFFX-R2-BS	...	5.87851	0.932598	-1.7862

...	AFFX-PHEX-	...	5.84298	0.781562	-2.0474
IFIT3	NM_001549	interferon-induced protein with tet	5.81069	0.077607	2.9505
G0S2	NM_015714	G0/G1switch 2	5.78858	0.787938	1.2464
BCL2A1	NM_004049	BCL2-related protein A1	5.7881	0.231424	1.5545
SAMHD1	AF147427	SAM domain and HD domain 1	5.7873	0.003019	2.4624
PID1	AL080280	phosphotyrosine interaction domain	5.62461	0.807122	1.9415
...	BF110534	...	5.58112	0.500238	1.6184
HBA1	T50399	hemoglobin, alpha 1	5.34606	0.441238	1.9256
CDKN1C	N33167	cyclin-dependent kinase inhibitor 1	5.33359	0.038424	7.9145
C15orf48	AF228422	chromosome 15 open reading frame 48	5.00893	0.729228	-1.3972

REIVINDICAÇÃO

1. Método de predição da resposta clínica do paciente infectado pelo vírus da dengue durante os primeiros dias após o início dos sintomas, **caracterizado** pela identificação da expressão diferencial de genes selecionados a partir de um grupo de 1981 genes listados na Tabela 7, ou dos seus polimorfismos alélicos, bem como pela análise dos níveis de expressão das suas proteínas codificadas.

2. Método de diagnóstico de infecção pelo vírus da dengue, diferenciando de outras doenças febris, durante os primeiros dias após o início dos sintomas, **caracterizado** pela identificação da expressão diferencial de genes selecionados a partir de um grupo de 1981 genes listados na Tabela 7, ou dos seus polimorfismos alélicos, bem como pela análise dos níveis de expressão das suas proteínas codificadas.

3. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato da identificação da expressão diferencial de genes selecionados compreender identificação de sequências de ácidos nucleicos isolados, seus complementos, partes, ou polimorfismo alélico, bem como a análise dos níveis de expressão do produto codificado dos referidos ácidos nucleicos isolados.

4. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato da identificação da expressão diferencial de genes selecionados compreender identificação de sequências de ácidos nucleicos isolados, seus complementos, partes, ou polimorfismo alélico, bem como a análise dos níveis de expressão dos produtos codificados de genes em dupla.

5. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato da identificação da expressão diferencial de genes selecionados compreender identificação de sequências de ácidos nucleicos isolados, seus complementos, partes, ou polimorfismo alélico, bem como a análise dos níveis de expressão das proteínas codificadas de genes em trio.

6. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato da identificação da expressão diferencial de genes selecionados compreender identificação de sequências de ácidos nucleicos isolados, seus complementos, partes, ou polimorfismo alélico, bem como a análise dos níveis de expressão das proteínas codificadas de genes em quarteto ou grupos maiores.

7. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato de ser conduzido com ácidos nucleicos extraídos de Células Mononucleares do Sangue Periférico (PBMC), bem como qualquer dos seus conteúdos celulares selecionados dentre células B, células T, Monócitos, Macrófagos, células NK e dendríticas.

8. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato de ser conduzido em qualquer compartimento celular, bem como qualquer líquido corporal, tal como sangue, plasma, soro, exsudato e outros.

9. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato de utilizar a Análise de Discriminação Linear como regra de classificação, e a potencializada (bolstered resubstitution) como estimador de erro, para seleção exaustiva de grupos de genes preditores da

resposta clínica de pacientes infectados com vírus da dengue, usando-se um, dois ou três ou mais genes expressos diferencialmente.

10. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato do grupo de genes incluir os 73 genes listados na Tabela 6.

11. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato do grupo de genes incluir os classificadores listados na Tabela 5.

12. Método de acordo com a reivindicação 2, **caracterizado** pelo fato do grupo de genes incluir os genes listados na Tabela 2.

13. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato do valor p indicando modulação diferencial ser menor que 0,05.

14. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato de haver pelo menos uma diferença de 2 vezes na expressão dos genes modulados.

15. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato dos sorotipos infecciosos do vírus de dengue serem DENV1, DENV2, DENV3 ou DENV 4, bem como infecções múltiplas com qualquer combinação deles.

16. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato de compreender pacientes acometidos por infecção primária.

17. Método de acordo com a reivindicação 1, **caracterizado** pelo fato de compreender pacientes acometidos por infecção secundária.

18. Kit para determinar o prognóstico da resposta

clínica do paciente infectado por dengue, **caracterizado** por compreender materiais para detectar sequências de ácidos nucleicos, seus complementos, partes, polimorfismo alélico de um gene ou combinação de genes serem selecionados a partir da lista de 1981 transcritos ou para detectar proteínas codificadas pelas referidas sequências de ácidos nucleicos ou células contendo as referidas proteínas.

19. Kit para diagnóstico de dengue, **caracterizado** por compreender materiais para detectar sequência de ácidos nucleicos, seus complementos, partes, polimorfismo alélico de um gene ou combinação de genes serem selecionados a partir da lista de 1981 transcritos ou para detectar proteínas codificadas pelas referidas sequências de ácidos nucleicos ou células contendo as referidas proteínas.

20. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** pelo fato da combinação incluir todos os genes individualmente.

21. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** pelo fato da combinação incluir todos os genes em duplas.

22. Kit de acordo a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** pelo fato da combinação incluir todos os genes em trios.

23. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** pelo fato da combinação incluir todos os genes em quartetos ou mais.

24. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em uma matriz de microarranjo para identificar a expressão diferencial dos genes.

25. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em uma reação de PCR quantitativa para identificar a expressão diferencial dos genes.

26. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em uma reação de RT-PCR para identificar a expressão diferencial dos genes.

27. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em uma reação de Northern blotting para identificar a expressão diferencial dos genes.

28. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em uma reação de PCR para identificar a expressão diferencial do polimorfismo alélico dos genes.

29. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em teste de ELISA para identificar a produção diferencial de proteína codificada pelos genes.

30. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em teste de Western blotting para identificar a produção diferencial de proteína codificada pelos genes.

31. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em teste de Dot-blotting para identificar a produção diferencial de proteína codificada pelos genes.

32. Kit de acordo com a reivindicação 18 ou 19, **caracterizado** por ocorrer em teste de citometria de fluxo para identificar a produção diferencial de proteína codificada pelos genes ou qualquer compartimento celular.

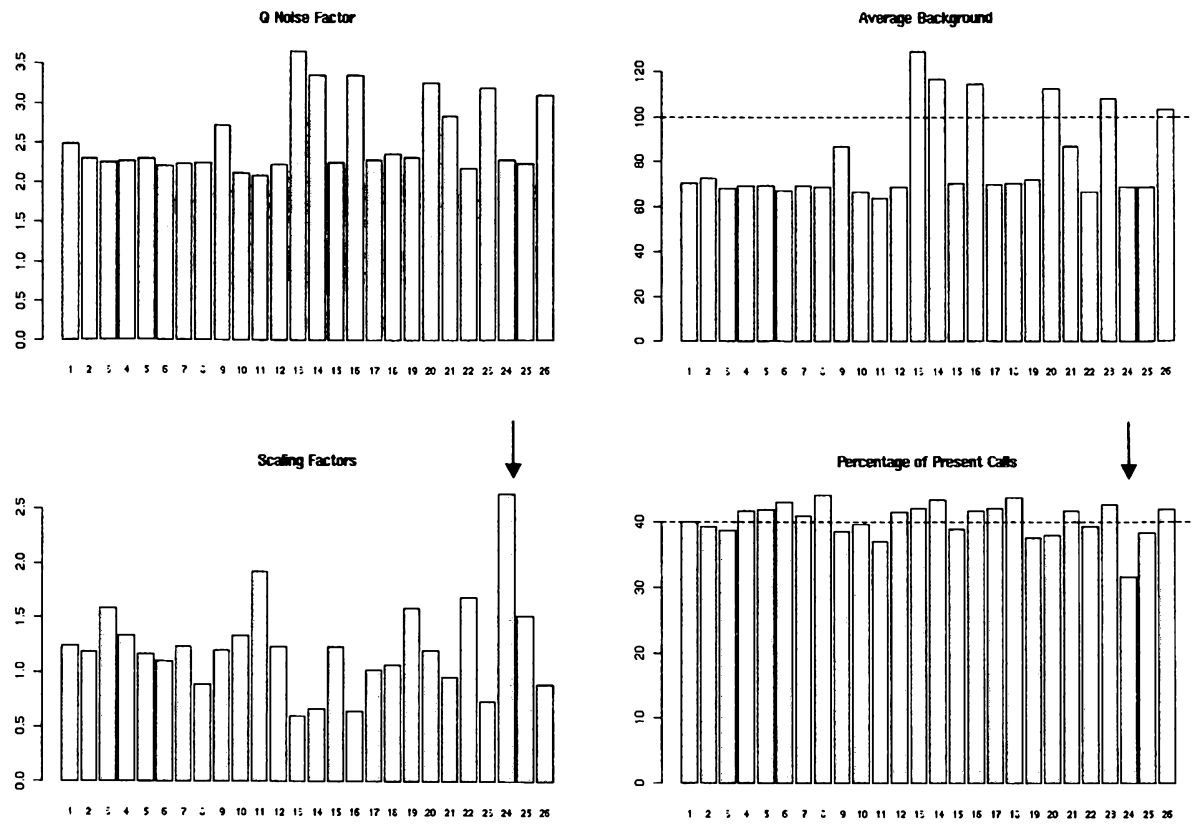
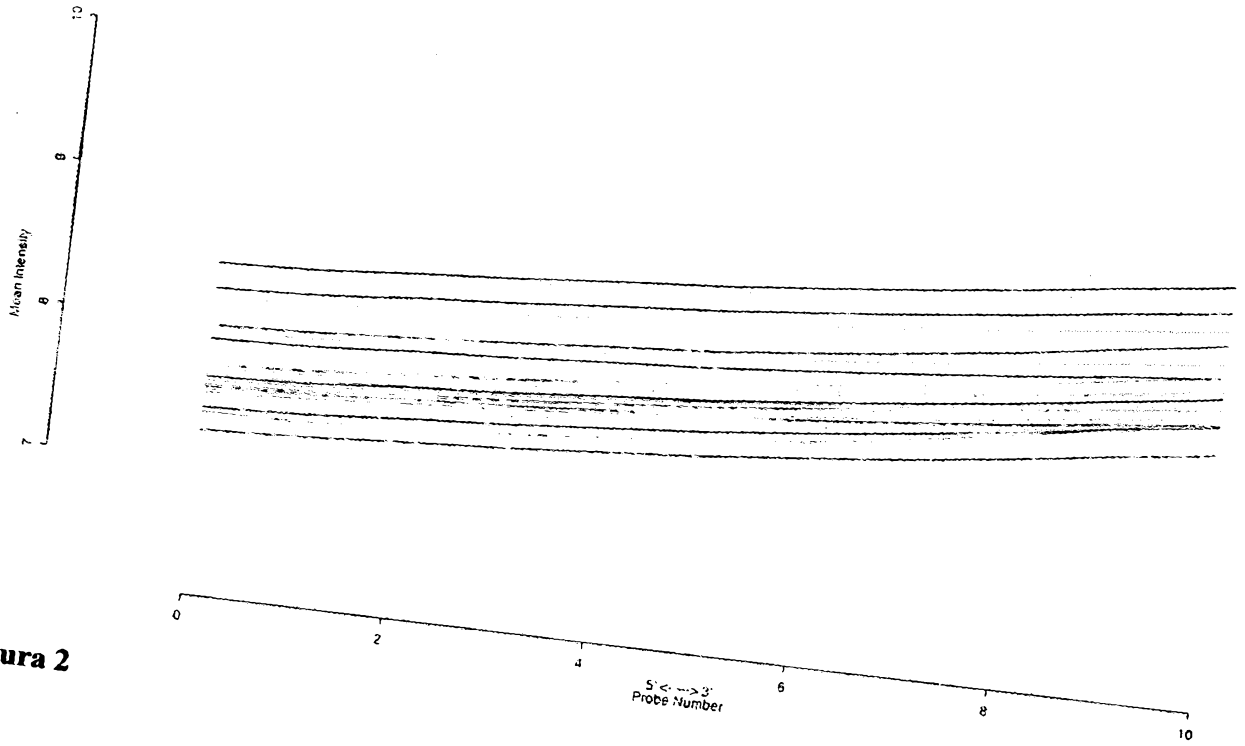
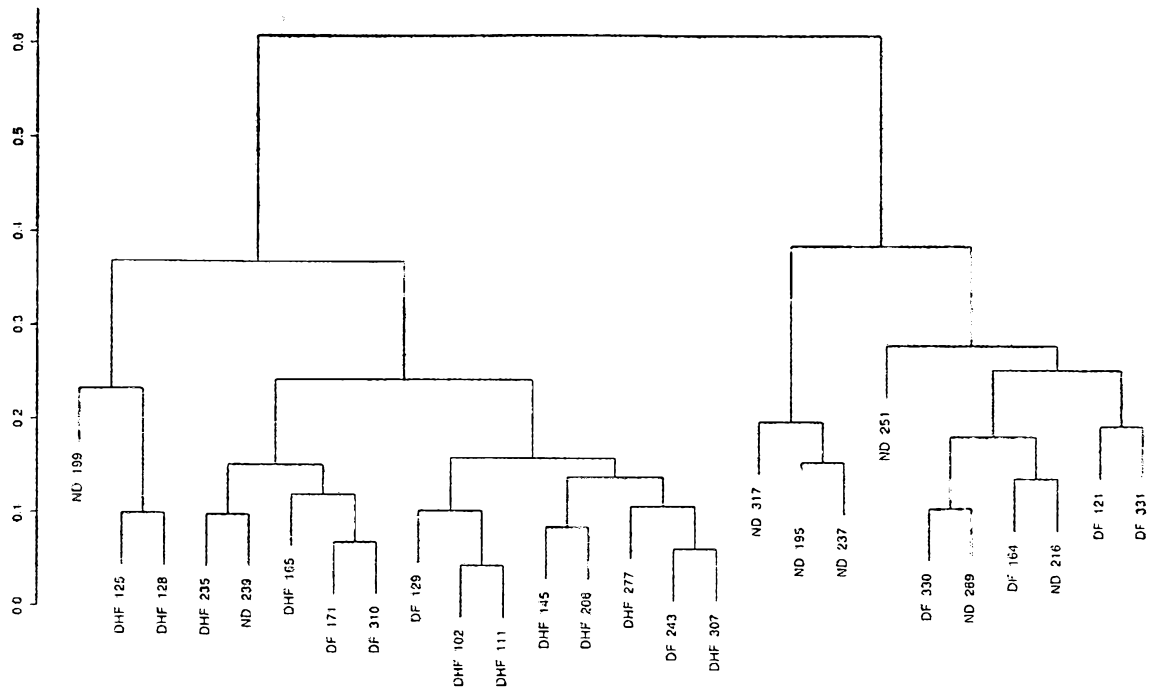
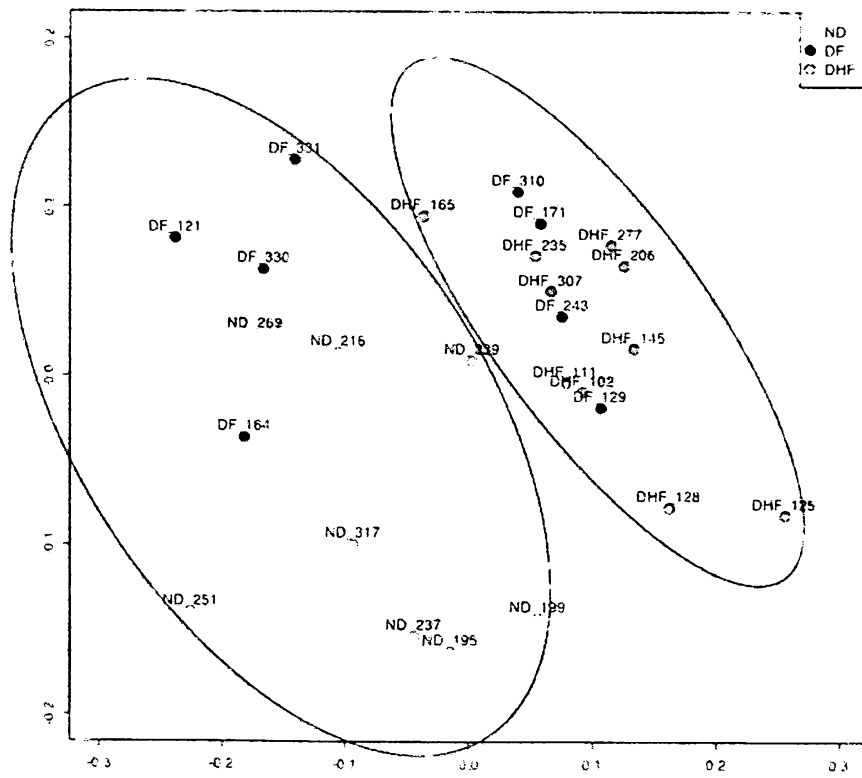


Figura 1

**Figura 2**

A**B**

C

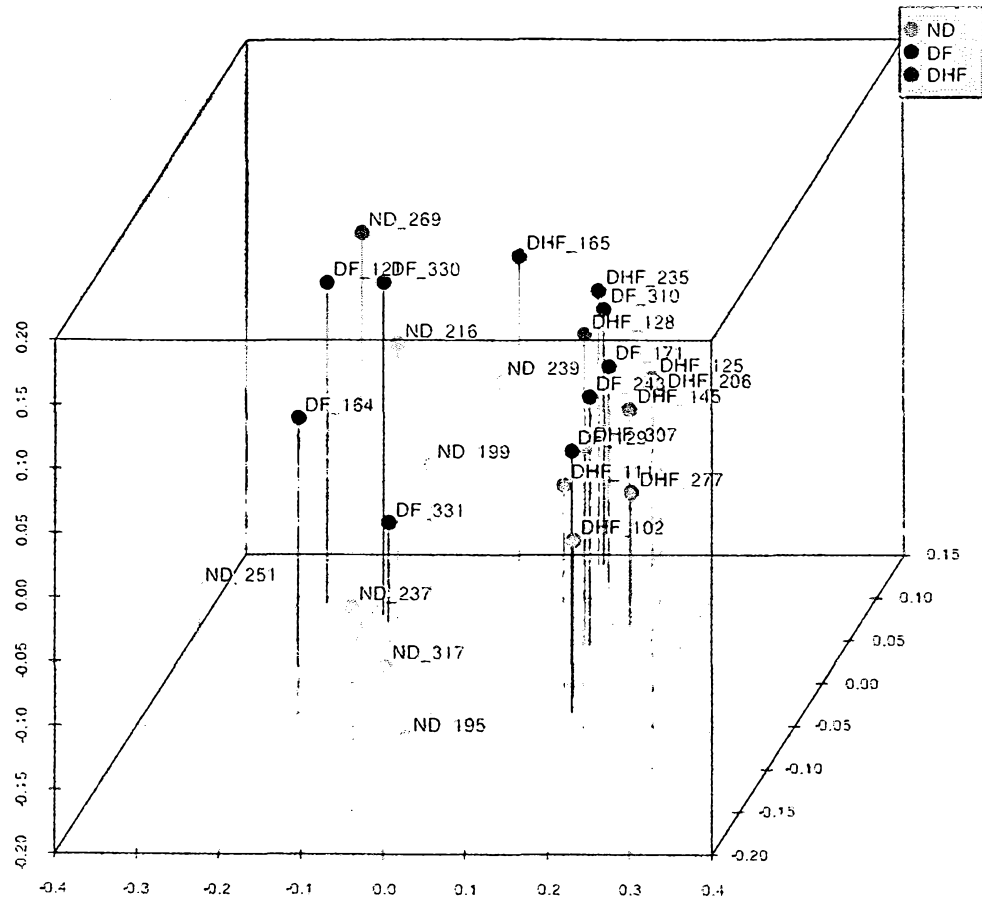


Figura 3

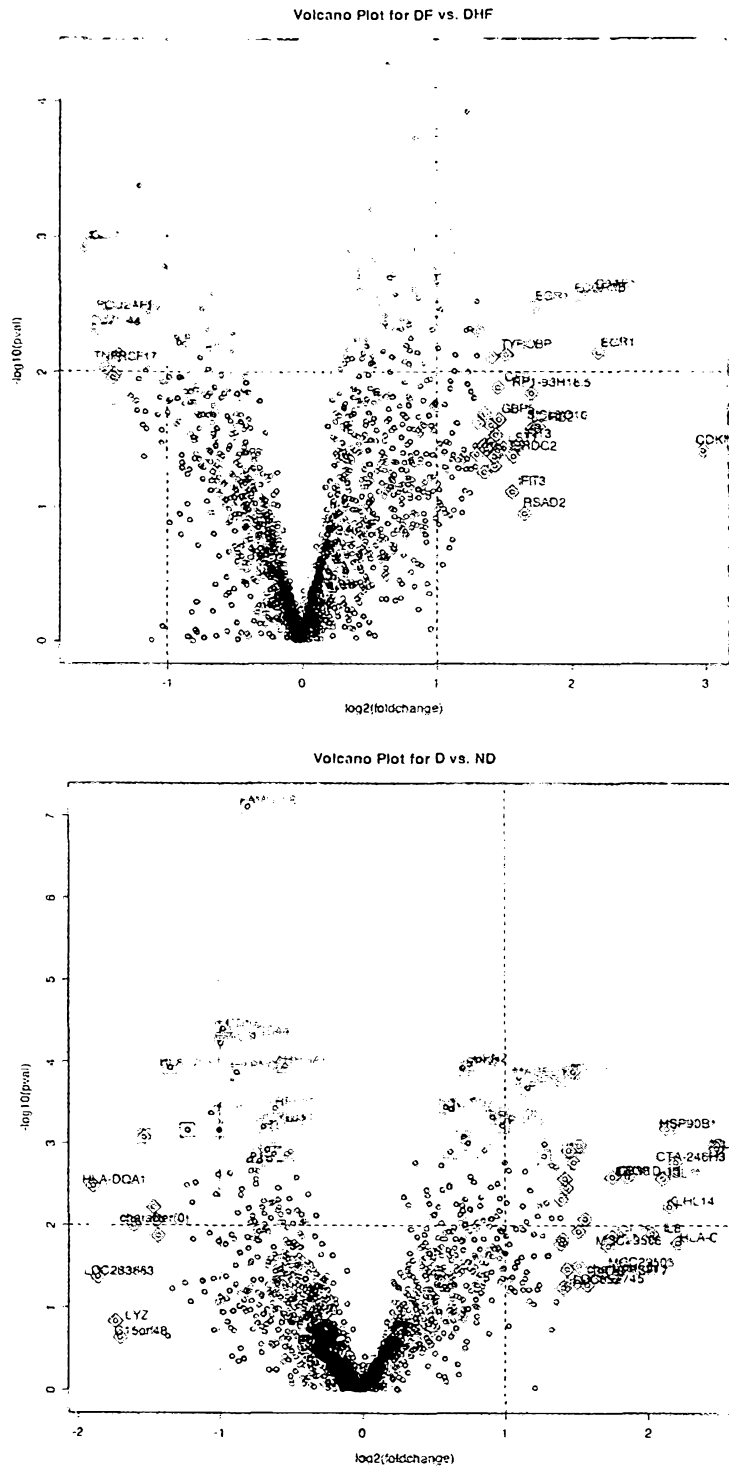
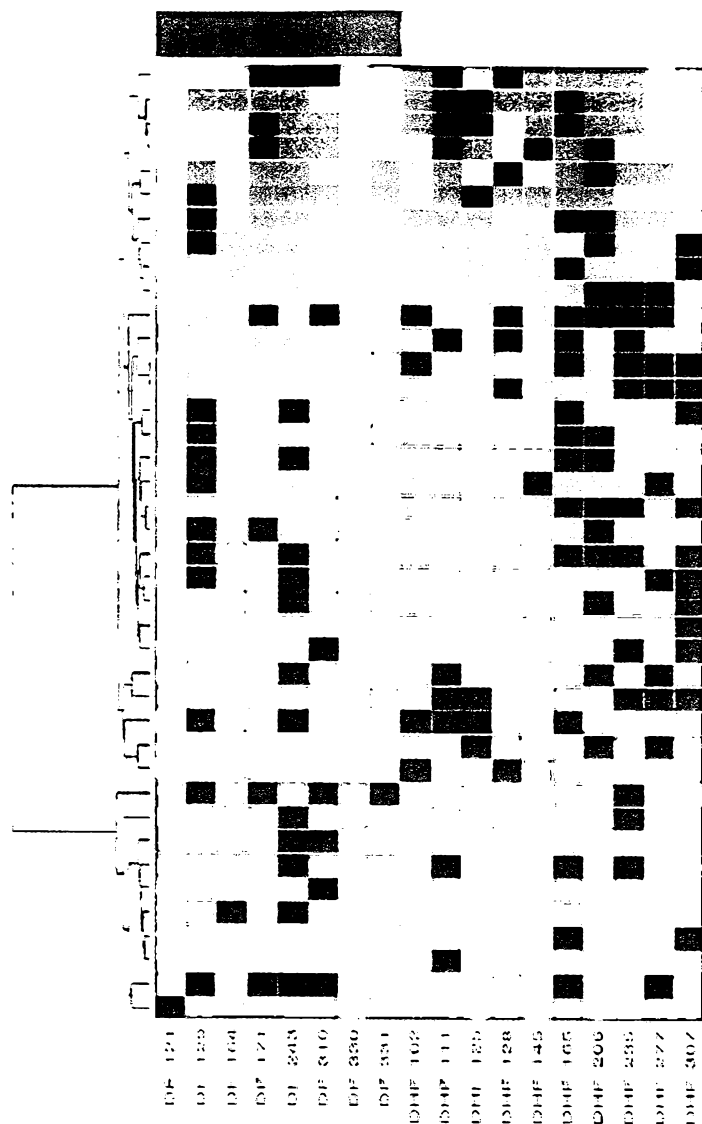


Figura 4

A

DF

DHF



Gene	GenBank	Description
SELPLG	AF741056	selectin P ligand
MT1H	NV_005951	metallothionein 1H
MT2A	NV_005953	metallothionein 2A
MT1X	NV_005952	metallothionein 1X
GBP1	NV_002053	guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa
SQRDL	NV_021199	sulfide quinone reductase-like (yeast)
FCGR3B	J04162	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor (CD16b)
C3AR1	U62027	complement component 3a receptor 1
PSMB9	NV_002800	proteasome (prosome, macropain) subunit 9 (large peptidase 2)
LOC400368	BM976092	
EGR1	NV_001954	early growth response 1
LOC400741	BE855517	
SAMHD1	BF437747	SAM domain and HD domain 1
SAMHD1	AA603344	SAM domain and HD domain 1
ATP6V0E	NV_003945	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal 9kDa, V0 subunit e
GCH1	NV_000161	GTP cyclohydrolase 1 (dopa-responsive dystonia)
CHSY1	NV_014918	carbohydrate (chondroitin) synthase 1
PIK3AP1	AK575754	phosphoinositide-3-kinase adaptor protein 1
VAMP3	BC003570	vesicle-associated membrane protein 3 (cellubrevin)
MYD88	U70451	myeloid differentiation primary response gene (88)
IFITM1	NV_003641	interferon induced transmembrane protein 1 (9-27)
CD330A	AF070314	CD330A antigen
WSB1	NM_015626	WD repeat and SOCS box-containing 1
HLA-F	AK514210	major histocompatibility complex, class I, F
SAMHD1	AF147427	SAM domain and HD domain 1
ATP6V0E	BE043477	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal 9kDa, V0 subunit e
CD53	NV_000580	CD53 antigen
ADAR	NV_001111	adenosine deaminase, RNA-specific
MRLC2	U26162	
LRRFIP1	AF130054	leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1
PDCD4	N92498	programmed cell death 4 (neoplastic transformation inhibitor)
DKFZP	NM_014033	
UBE2J1	AF161502	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1 (UBC6 homolog, yeast)
IGLC2	H53689	immunoglobulin lambda constant 2 (Kappa-Ox-mark)
UBE2G1	BC002775	ubiquitin-conjugating enzyme E2, J1 (UBC6 homolog, yeast)
POU2AF1	NV_006235	POU domain, class 2, associating factor 1
MAGED1	AF217963	melanoma antigen family D, 1
TPD52	AA524623	tumor protein D52
NCL	NV_005391	nucleolin
CXXC5	BC006428	CXXC finger 5

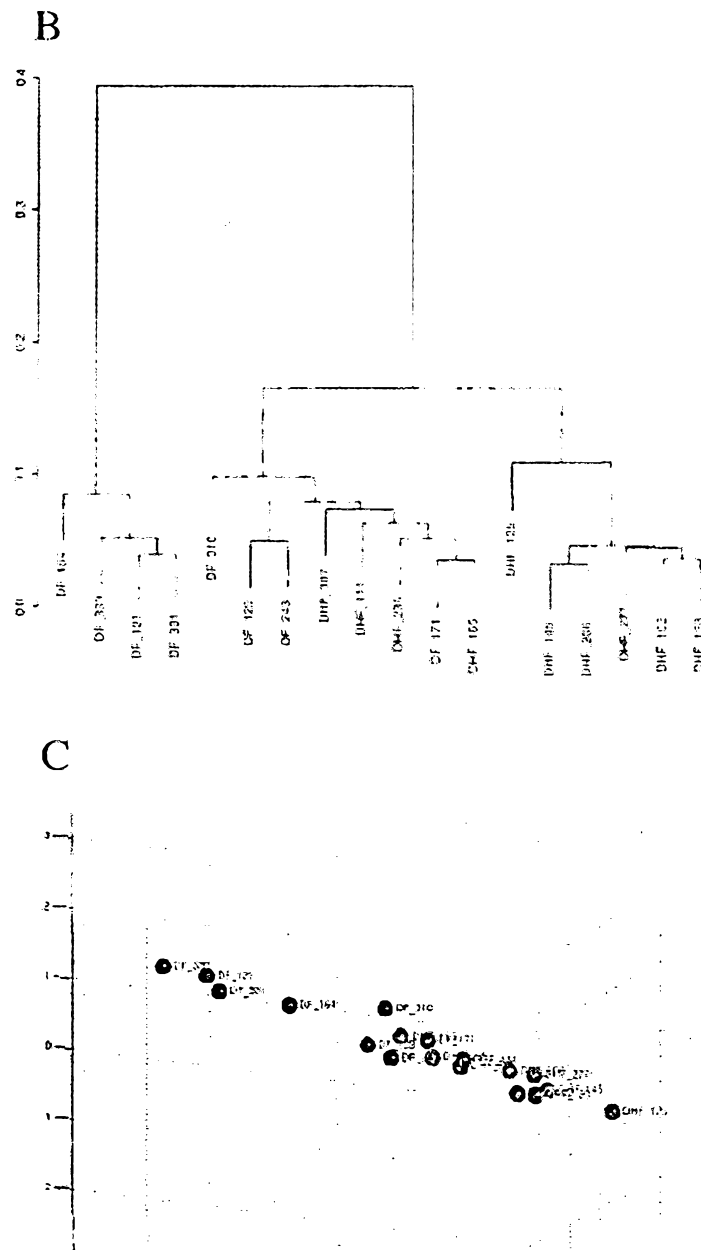
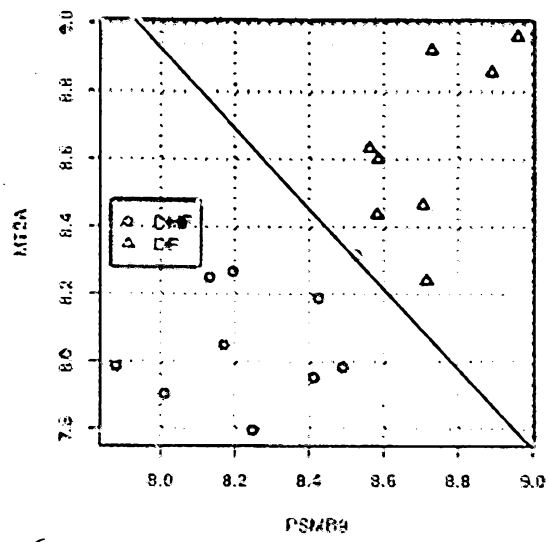


Figura 5

**Figura 6**

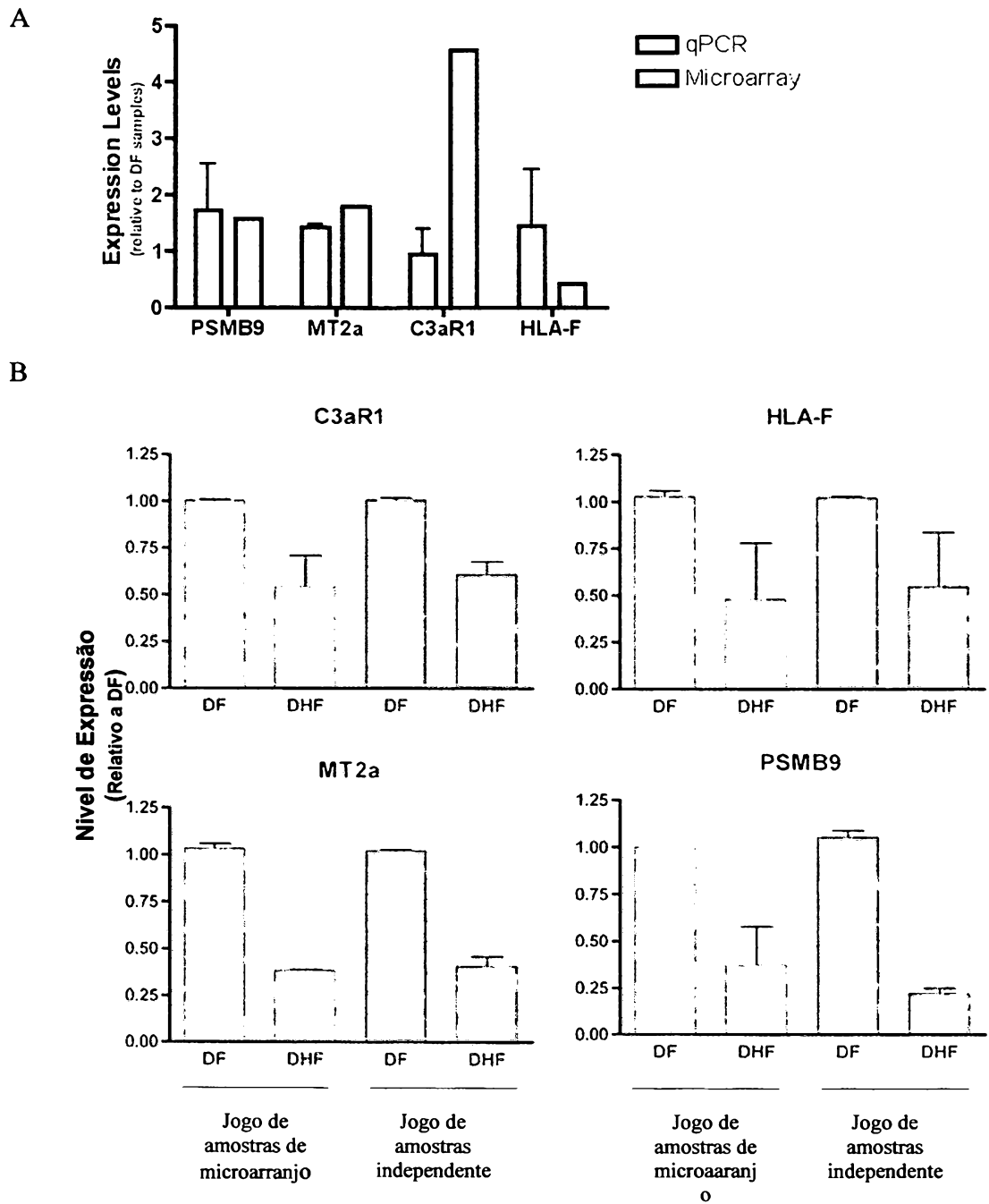


Figura 7