(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 685 960**

(51) Int. CI.:

C12Q 1/68 (2008.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **23.10.2008 E 13174147 (2)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **04.07.2018 EP 2644713**

(54) Título: **Un método para el diagnóstico de neoplasias - II**

(30) Prioridad:

23.10.2007 US 982115 P

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
15.10.2018

(73) Titular/es:

CLINICAL GENOMICS PTY LTD (50.0%)
Riverside Life Sciences Building,11 Julius Avenue
North Ryde, New South Wales 2113, AU y
COMMONWEALTH SCIENTIFIC AND INDUSTRIAL RESEARCH ORGANISATION (50.0%)

(72) Inventor/es:

LAPOINTE, LAWRENCE C;
DUNNE, ROBERT;
YOUNG, GRAEME P;
LOCKETT, TREVOR JOHN;
WILSON, WILLIAM J y
MOLLOY, PETER LAURENCE

(74) Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Un método para el diagnóstico de neoplasias - II

Campo de la invención

La presente descripción se refiere en general a moléculas de ácido nucleico con respecto a las cuales los cambios en el ADN o ARN o en los perfiles de expresión de la proteína son indicativos del inicio, la predisposición a la aparición y/o progresión de una neoplasia. Más particularmente, la presente descripción se refiere a moléculas de ácido nucleico con respecto a las cuales los cambios en el ADN o ARN o en los perfiles de expresión de la proteína son indicativos del inicio y/o progresión de una neoplasia del intestino grueso, tal como un adenoma o un adenocarcinoma. El ADN o los perfiles de expresión de la presente descripción son útiles en una gama de aplicaciones que incluyen, sin restricción, aquellas relacionadas con el diagnóstico y/o control de neoplasias colorrectales, tales como adenocarcinomas colorrectales. Por consiguiente, en un aspecto relacionado, la presente descripción se refiere a un método de exploración de un sujeto para detectar el inicio, la predisposición al inicio y/o progresión de una neoplasia mediante el cribado de la modulación en el ADN o ARN o el perfil de expresión de la proteína de uno o más marcadores de moléculas de ácido nucleico.

El alcance de la presente invención se define mediante las reivindicaciones adjuntas 1 a 6.

Antecedentes de la invención

Los detalles bibliográficos de las publicaciones mencionadas por el autor en esta memoria descriptiva se recogen alfabéticamente al final de la descripción.

La referencia en esta memoria descriptiva a cualquier publicación anterior (o información derivada de la misma), o a cualquier cuestión conocida, no es, y no debe tomarse como una aceptación o admisión o cualquier forma de sugerencia de que esa publicación previa (o información derivada de la misma) o cuestión conocida forma parte del conocimiento general común en el campo de la actividad al que se refiere esta memoria descriptiva.

Los adenomas son tumores benignos, o neoplasias, de origen epitelial que se derivan del tejido glandular o exhiben estructuras glandulares claramente definidas. Algunos adenomas muestran elementos tisulares reconocibles, como el tejido fibroso (fibroadenomas) y la estructura epitelial, mientras que otros, como los adenomas bronquiales, producen compuestos activos que pueden dar lugar a síndromes clínicos.

Los adenomas pueden progresar hasta convertirse en una neoplasia invasora, que entonces se denominan adenocarcinomas. En consecuencia, los adenocarcinomas se definen como tumores epiteliales malignos que surgen de estructuras glandulares, que son partes constituyentes de muchos órganos del cuerpo. El término adenocarcinoma también se aplica a tumores que muestran un patrón de crecimiento glandular. Estos tumores pueden subclasificarse de acuerdo con las sustancias que producen, por ejemplo secretores de moco y adenocarcinomas serosos, o a la disposición microscópica de sus células en patrones, por ejemplo, adenocarcinomas papilares y foliculares. Estos carcinomas pueden ser sólidos o quísticos (cistadenocarcinomas). Cada órgano puede producir tumores que muestran una variedad de tipos histológicos, por ejemplo, el ovario puede producir carcinomas mucinosos y cistadenocarcinomas.

Los adenomas en diferentes órganos se comportan de manera diferente. En general, la posibilidad general de que el carcinoma esté presente dentro de un adenoma (es decir, un foco de cáncer que se ha desarrollado dentro de una lesión benigna) es aproximadamente del 5%. Sin embargo, esto está relacionado con el tamaño de un adenoma. Por ejemplo, en el intestino grueso (colon y recto específicamente) la aparición de un cáncer dentro de un adenoma es rara en los adenomas de menos de 1 centímetro. Tal desarrollo se estima en 40 a 50% en adenomas que son mayores de 4 centímetros y muestran ciertos cambios histopatológicos tales como cambios vellosos o displasia de alto grado. Los adenomas con un mayor grado de displasia tienen una mayor incidencia de carcinomas. En cualquier adenoma colorrectal dado, los predictores de la presencia de un cáncer presente o de su aparición futura en el órgano incluyen el tamaño (especialmente mayor a 9 mm), el grado de cambio de una morfología tubular a vellosa, la presencia de displasia de alto grado y el cambio morfológico descrito como "adenoma dentado". En cualquier individuo dado, las características adicionales de edad avanzada, aparición familiar de adenoma o cáncer colorrectal, sexo masculino o la multiplicidad de adenomas, predicen un futuro mayor riesgo de cáncer en el órgano, los denominados factores de riesgo para el cáncer. Excepto por la presencia de adenomas y su tamaño, ninguno de estos se define de forma objetiva y todos aquellos que no sean el número y el tamaño están sujetos a un error de observación y a la confusión en cuanto a la definición precisa de la característica en cuestión. Debido a que tales factores pueden ser difíciles de evaluar y definir, su valor como predictores del riesgo actual o futuro de cáncer es impreciso.

Una vez que se ha desarrollado un adenoma esporádico, la probabilidad de que ocurra un nuevo adenoma es aproximadamente del 30% en 26 meses.

Los adenomas colorrectales representan una clase de adenomas que exhiben una incidencia creciente, particularmente en los países más desarrollados. Las causas de los adenoma y de su progresión a adenocarcinomas siguen siendo objeto de intensas investigaciones. Hasta la fecha se ha especulado que, además de la predisposición

genética, los factores ambientales (como la dieta) juegan un papel en el desarrollo de esta condición. La mayoría de los estudios indican que los factores ambientales relevantes se relacionan con altos contenidos en grasa en la dieta, poca fibra, pobre ingesta de verduras, tabaquismo, obesidad, inactividad física e ingesta de carbohidratos altamente refinados.

Los adenomas colónicos son áreas localizadas del epitelio displásico que inicialmente involucran solo uno o varios folículos y pueden no sobresalir de la superficie, pero con un aumento en el tamaño, generalmente pueden sobresalir como resultado de un desequilibrio en la proliferación y/o apoptosis. Los adenomas se pueden clasificar de varias maneras. Una es por su apariencia macroscópica y los principales descriptores incluyen grados de protuberancia: pólipo sésil (es decir, sobresaliente pero sin un tallo distinto) o pedunculado (es decir, que tiene un tallo). Otras descriptores generales incluyen el tamaño real en la dimensión más grande y el número real en el colon/recto. Mientras que los adenomas pequeños (menos de, por ejemplo, 5 ó 10 milímetros) presentan una superficie lisa curtida, los adenomas pedunculados y especialmente los más grandes tienden a tener una superficie de color rojo-marrón adoquinada o lobulada. Los adenomas sésiles más grandes pueden exhibir una superficie vellosa más suave. Otro conjunto de descriptores incluye la clasificación histopatológica; los principales descriptores del valor clínico incluyen el grado de displasia (bajo o alto), si el foco del cáncer invasivo está presente o no, el grado de cambio de la formación de glándulas tubulares a la formación de glándulas vellosas (por lo tanto, la clasificación es tubular, vellosa o tubulevellosa), presencia del cambio hiperplásico mixto y de los llamados adenomas "dentados" y sus subgrupos. Los adenomas pueden ubicarse en cualquier sitio en el colon y/o el recto, aunque tienden a ser más comunes en el recto y el colon distal. Todos estos descriptores, con la excepción del número y el tamaño, son relativamente subjetivos y están sujetos a desacuerdos interobservadores.

Las diversas características descriptivas de los adenomas son valiosas no solo para determinar el estado neoplásico de cualquier adenoma determinado cuando se detecta, sino también para predecir el riesgo futuro de una persona de desarrollar adenomas colorrectales o cáncer. Las características de un adenoma o número de adenomas en un individuo que apuntan a un mayor riesgo futuro de cáncer o recurrencia de nuevos adenomas incluyen: tamaño del adenoma más grande (especialmente 10 mm o más), grado de cambio velloso (especialmente al menos 25% de dicho cambio y particularmente 100% de dicho cambio), displasia de alto grado, número (3 o más de cualquier tamaño o estado histológico) o presencia de características de adenoma dentado. Ninguno, excepto el tamaño o el número, es objetivo y todos son relativamente subjetivos y están sujetos a desacuerdos interobservadores. Estos predictores de riesgo de neoplasia futura (por lo tanto, "riesgo") son vitales en la práctica porque se utilizan para determinar la frecuencia y la necesidad de una vigilancia colonoscópica futura y su frecuencia. Una clasificación más precisa del riesgo podría reducir la carga de trabajo de la colonoscopia, hacerla más rentable y reducir el riesgo de complicaciones por procedimientos innecesarios.

Los adenomas son generalmente asintomáticos, por lo que dificultan su diagnóstico y tratamiento en una etapa anterior a la aparición de características invasivas y se convierten en cáncer. Es técnicamente imposible predecir la presencia o ausencia de carcinomas en función de la apariencia macroscópica de los adenomas, aunque es más probable que los adenomas más grandes muestren una región de cambios malignos que los adenomas más pequeños. Los adenomas sésiles presentan una mayor incidencia de malignidad que los adenomas pediculados del mismo tamaño. Algunos adenomas causan pérdida de sangre que se puede observar o detectar en las heces; mientras que a veces son visibles a simple vista; son, a menudo, cuando aparecen, microscópicos o están "ocultos". Los adenomas más grandes tienden a sangrar más que los adenomas más pequeños. Sin embargo, dado que la sangre en las heces, ya sea evidente u oculta, también puede ser indicativa de afecciones no adenomatosas, el diagnóstico preciso de adenoma se vuelve difícil sin la aplicación de procedimientos altamente invasivos como la colonoscopia combinada con la adquisición de tejido por extracción (es decir, polipectomía) o biopsia y posterior análisis histopatológico.

En consecuencia, existe una necesidad constante de elucidar las causas del adenoma y desarrollar protocolos de diagnóstico más ilustrativos o ayudas para el diagnóstico que permitan dirigir la colonoscopia a individuos con más probabilidades de tener adenomas. Estos adenomas pueden ser de alto riesgo, avanzados o ninguno de estos; en particular protocolos que permitirán el diagnóstico rápido, rutinario y preciso del adenoma. Además, puede ser difícil después de la colonoscopia asegurarse de que se hayan extirpado todos los adenomas, especialmente en una persona que ha tenido adenomas múltiples. Una prueba de detección precisa puede minimizar la necesidad de llevar a cabo una segunda colonoscopia temprana para garantizar que el colon haya sido eliminado de neoplasmas. Por consiguiente, la identificación de marcadores moleculares para adenomas proporcionaría medios para comprender la causa de adenomas y cáncer, mejorar el diagnóstico de adenomas, incluido el desarrollo de pruebas de cribado útiles, dilucidar el estadio histológico de un adenoma y caracterizar el riesgo futuro de un paciente de padecer neoplasia colorrectal en base al estado molecular de un adenoma y facilitar el tratamiento de los adenomas.

Hasta la fecha, las investigaciones se han centrado en la identificación de mutaciones genéticas que conducen al desarrollo de neoplasmas colorrectales. En el trabajo que conduce a la presente invención, sin embargo, se ha determinado que los cambios en el ADN o ARN o los perfiles de expresión de proteína de genes que también se expresan en individuos sanos son indicativos del desarrollo de neoplasmas del intestino grueso, tales como adenomas y adenocarcinomas. Se ha determinado además que, en relación con las neoplasias del intestino grueso, se puede hacer un diagnóstico basado en el cribado de uno o más de un panel de estos genes expresados diferencialmente. En un aspecto relacionado, también se ha determinado adicionalmente que, en la medida en que el tejido neoplásico ha sido identificado por el método de la invención o por algún otro método, la presente invención proporciona otros

medios adicionales para caracterizar ese tejido como un adenoma o un cáncer. En otro aspecto más, se ha determinado que una proporción de estos genes se caracteriza por la expresión génica que se produce en el contexto del tejido no neoplásico pero no en el contexto del tejido neoplásico, lo que facilita el desarrollo de análisis cualitativos que no requieren un análisis relativo a realizar contra un nivel de referencia de control no neoplásico o normal. Por consiguiente, los inventores han identificado un panel de genes que facilitan el diagnóstico del desarrollo de adenocarcinomas y adenomas y/o el control de estados caracterizados por el desarrollo de estos tipos de neoplasmas.

Sumario de la invención

A lo largo de esta memoria descriptiva y las reivindicaciones que siguen, a menos que el contexto requiera lo contrario, se entenderá que la palabra "comprender" y las variaciones tales como "comprende" y "que comprende" implican la inclusión de un número entero indicado o paso o grupo de números enteros o pasos, pero no la exclusión de ningún otro número entero o paso o grupo de números enteros o pasos.

Como se usa en el presente documento, la expresión "derivado de" se tomará para indicar que un número entero particular o grupo de números enteros se ha originado a partir de la especie especificada, pero no se ha obtenido necesariamente directamente de la fuente especificada. Además, como se usa en la presente memoria, las formas singulares de "un/uno/una", "y" y "el/la" incluyen los referentes en plural, a menos que el contexto indique claramente lo contrario.

A menos que se defina lo contrario, todos los términos y expresiones técnicas y científicas usadas en la presente memoria tienen el mismo significado que entiende comúnmente cualquier experto habitual en la técnica a la que pertenece esta invención.

La especificación del sujeto contiene información de la secuencia de aminoácidos y nucleótidos preparada usando el programa PatentIn Version 3.4, presentado en esta memoria después de la bibliografía. Cada secuencia de aminoácidos y nucleótidos se identifica en el listado de secuencias mediante el indicador numérico <210> seguido del identificador de secuencia (por ejemplo, <210> 1, <210> 2, etc.). La longitud, el tipo de secuencia (aminoácido, ADN, etc.) y el organismo fuente para cada secuencia se indican mediante la información proporcionada en los campos del indicador numérico <211>, <212> y <213>, respectivamente. Las secuencias de aminoácidos y nucleótidos a las que se hace referencia en la memoria descriptiva se identifican mediante el indicador SEQ ID NO: seguido del identificador de secuencia (p. ej. SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, etc.). El identificador de secuencia referido en la especificación se correlaciona con la información proporcionada en el campo de indicador numérico <400> en el listado de secuencias, que es seguido por el identificador de secuencia (por ejemplo, <400> 1, <400> 2, etc.). Es decir, la SEQ ID NO: 1, como se detalla en la especificación, se correlaciona con la secuencia indicada como <400> 1 en la lista de secuencias.

Un aspecto de la presente invención se refiere a un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

200600_at	208399_s_at	217546_at	203296_s_at
200621_at	208450_at	217757_at	203343_at
200795_at	208581_x_at	217762_s_at	203474_at
200799_at	208747_s_at	217764_s_at	203638_s_at
200845_s_at	208763_s_at	217767_at	203963_at
200859_x_at	208788_at	217897_at	204018_x_at
200897_s_at	208789_at	217967_s_at	204034_at
200974_at	208791_at	218087_s_at	204036_at
200986_at	208792_s_at	218162_at	204130_at
201041_s_at	208894_at	218224_at	204388_s_at

201058_s_at	209047_at	218312_s_at	204389_at
201061_s_at	209074_s_at	218353_at	204508_s_at
201069_at	209101_at	218418_s_at	204532_x_at
201105_at	209116_x_at	218468_s_at	204607_at
201137_s_at	209138_x_at	218469_at	204673_at
201141_at	209147_s_at	218559_s_at	204818_at
201150_s_at	209156_s_at	218756_s_at	204895_x_at
201289_at	209167_at	219014_at	204897_at
201300_s_at	209170_s_at	219087_at	205112_at
201324_at	209191_at	219508_at	205259_at
201348_at	209209_s_at	219607_s_at	205403_at
201426_s_at	209210_s_at	219669_at	205480_s_at
201427_s_at	209283_at	219799_s_at	205554_s_at
201438_at	209301_at	220026_at	205593_s_at
201496_x_at	209312_x_at	220037_s_at	205892_s_at
201497_x_at	209335_at	220376_at	205929_at
201539_s_at	209357_at	220834_at	206000_at
201540_at	209373_at	221541_at	206094_x_at
201616_s_at	209436_at	221667_s_at	206262_at
201617_x_at	209457_at	221747_at	206377_at
201645_at	209496_at	221748_s_at	206385_s_at
201667_at	209498_at	222043_at	206664_at
201739_at	209612_s_at	222162_s_at	207126_x_at
201743_at	209613_s_at	222453_at	207245_at
201744_s_at	209621_s_at	222513_s_at	207390_s_at
201842_s_at	209651_at	222717_at	207392_x_at
201852_x_at	209656_s_at	222722_at	207432_at

201858_s_at	209667_at	223121_s_at	207761_s_at
201859_at	209668_x_at	223122_s_at	208596_s_at
201865_x_at	209687_at	223235_s_at	208920_at
201893_x_at	209735_at	223343_at	209114_at
201920_at	209763_at	223395_at	209374_s_at
201957_at	209868_s_at	223551_at	209458_x_at
202007_at	209948_at	223623_at	209791_at
202037_s_at	210084_x_at	223952_x_at	210107_at
202069_s_at	227099_s_at	224009_x_at	210524_x_at
202133_at	210133_at	224352_s_at	210735_s_at
202222_s_at	210139_s_at	224412_s_at	211372_s_at
202242_at	210298_x_at	224480_s_at	211538_s_at
202274_at	210299_s_at	224560_at	211549_s_at
202283_at	210302_s_at	224663_s_at	211637_x_at
202291_s_at	210495_x_at	224694_at	211699_x_at
202388_at	210517_s_at	224823_at	211745_x_at
202555_s_at	210764_s_at	224836_at	212224_at
202620_s_at	210809_s_at	224840_at	212592_at
202686_s_at	210946_at	224959_at	212741_at
202746_at	210982_s_at	224963_at	212814_at
202760_s_at	211161_s_at	224964_s_at	213317_at
202766_s_at	211548_s_at	225207_at	213451_x_at
202888_s_at	211596_s_at	225242_s_at	213629_x_at
202920_at	211643_x_at	225269_s_at	213921_at
202953_at	211644_x_at	225275_at	213953_at
202957_at	211645_x_at	225353_s_at	214164_x_at
202992_at	211671_s_at	225381_at	214433_s_at

202994_s_at	211696_x_at	225442_at	214598_at
202995_s_at	211719_x_at	225575_at	214916_x_at
203000_at	211798_x_at	225602_at	215125_s_at
203001_s_at	211813_x_at	225604_s_at	215299_x_at
203066_at	211848_s_at	225626_at	215867_x_at
203131_at	211889_x_at	225688_s_at	216336_x_at
203305_at	211896_s_at	225710_at	216491_x_at
203382_s_at	211959_at	225720_at	216510_x_at
203477_at	211964_at	225721_at	217022_s_at
203645_s_at	211985_s_at	225782_at	217109_at
203680_at	211990_at	225894_at	217110 _ s _ at
203729_at	211991_s_at	225895_at	217165_x_at
203748_x_at	212077_at	226001_at	217232_x_at
203766_s_at	212091_s_at	226051_at	217414_x_at
203881_s_at	212097_at	226084_at	218541_s_at
203908_at	212136_at	226103_at	218546_at
203913_s_at	212158_at	226303_at	219059_s_at
203914_x_at	212185_x_at	226304_at	219543_at
203951_at	212192_at	226333_at	219796_s_at
203980_at	212195_at	226430_at	219948_x_at
204069_at	212230_at	226492_at	220075_s_at
204083_s_at	212233_at	226682_at	220266_s_at
204122_at	212265_at	226694_at	220468_at
204135_at	212288_at	226818_at	220645_at
204326_x_at	212386_at	226834_at	220812_s_at
204438_at	212387_at	226841_at	221004_s_at
204457_s_at	212397_at	227006_at	221305_s_at

204570_at	212414_s_at	227061_at	221584_s_at
204688_at	212419_at	227235_at	221841_s_at
204697_s_at	212464_s_at	227265_at	221896_s_at
204719_at	212667_at	227404_s_at	223484_at
204745_x_at	212671_s_at	227529_s_at	223597_at
204834_at	212713_at	227561_at	223754_at
204894_s_at	212730_at	227623_at	224342_x_at
204931_at	212764_at	227662_at	224989_at
204938_s_at	212859_x_at	227705_at	224990_at
204939_s_at	212956_at	227727_at	225458_at
204940_at	213068_at	227826_s_at	225728_at
204955_at	213071_at	227827_at	226147_s_at
205097_at	213428_s_at	228202_at	226302_at
205200_at	213509_x_at	228504_at	226594_at
205267_at	213624_at	228507_at	226654_at
205382_s_at	213746_s_at	228640_at	226811_at
205412_at	213891_s_at	228706_s_at	227052_at
205433_at	214027_x_at	228707_at	227522_at
205464_at	214038_at	228750_at	227682_at
205547_s_at	214091_s_at	228766_at	227725_at
205683_x_at	214142_at	228846_at	227735_s_at
205935_at	214414_x_at	228854_at	227736_at
205950_s_at	214505_s_at	228885_at	228133_s_at
206134_at	214677_x_at	229530_at	228195_at
206143_at	214696_at	229839_at	228232_s_at
206149_at	214752_x_at	230087_at	228241_at
206198_s_at	214768_x_at	230264_s_at	228469_at

206199_at	214777_at	230788_at	228961_at
206208_at	215049_x_at	230830_at	229070_at
206209_s_at	215076_s_at	231120_x_at	229254_at
206422_at	215118_s_at	231579_s_at	229659_s_at
206461_x_at	215176_x_at	231773_at	229831_at
206561_s_at	215193_x_at	234764_x_at	230595_at
206576_s_at	215382_x_at	234987_at	231925_at
206637_at	215388_s_at	236300_at	231975_s_at
206641_at	215657_at	236313_at	233565_s_at
206710_s_at	216207_x_at	242317_at	235146_at
206784_at	216401_x_at	200884_at	235766_x_at
207003_at	216442_x_at	201495_x_at	235849_at
207080_s_at	216474_x_at	202266_at	238143_at
207134_x_at	216576_x_at	202350_s_at	238750_at
207266_x_at	216834_at	202731_at	238751_at
207502_at	216984_x_at	202741_at	239272_at
207961_x_at	217148_x_at	202742_s_at	241994_at
207977_s_at	217179_x_at	202768_at	242447_at
207980_s_at	217235_x_at	202838_at	242601_at
208131_s_at	217258_x_at	203058_s_at	243278_at; y/o
208370_s_at	217378_x_at	203060_s_at	
208383_s_at	217480_x_at	203240_at	

(ii)

CLCA4	VIM	CA12	AP1S2
ZG16	SMPDL3A	FKBP5	EMP3
CA2	P2RY14	HSPB8	MMP28
CA1	CHGA	TPSB2	UGT2A3

MS4A12	C15orf48	FGL2	RGS5
AQP8	COL3A1	C1QB	PTGIS
SLC4A4	CYR61	ANGPTL1	DUSP5
CEACAM7	TRPM6	MEP1A	MFAP4
TAGLN	OSTbeta	GUCY1A3	UGT1A6
GUCA1B	IGLV1-44	UGDH	PRKAR2B
GCG	VSIG2	DUSP1	HHLA2
ADH1B	IGHM	C2orf40	LOC652128
UGT2B17	LRRC19	PLN	C3
ADAMDEC1	CD163	UGT2B15	ATP2B4
MT1M	CEACAM1	PDLIM3	HBA1
AKR1B10	TIMP2	TP53INP2	TCF21
FN1	ENTPD5	ATP8B1	PPID
MGP	DDR2	ANK3	PPAP2B
CXCL12	CHRDL1	CTGF	SPON1
PDK4	SRGN	MUCDHL	PHLDB2
CA4	PDE9A	SDPR	RARRES2
PYY	PMP22	COL14A1	ETHE1
IGHA1	FLNA	DSCR1	MMP2
TPM2	STMN2	CITED2	SRI
C6orf105	MYL9	MT1H	CNTN3
HPGD	SEMA6D	NEXN	RGS2
ADH1C	PADI2	MUC2	COL6A1
CLCA1	SEPP1	NID1	FBN1
FABP1	TGFB1I1	HBB	MXD1
ENAM	SFRP2	GCNT2	PLCE1
CFD	UGT1A3	C20orf118	KCNMB1

GUCA2B	MS4A7	SLC20A1	CALM1
FBLN1	ALDH1A1	CD14	HLA-DPB1
LOC63928	SGK	KCTD12	SMOC2
ABCA8	CFL2	RBMS1	LOC285382
POSTN	C1S	PTRF	CLIC5
DCN	SELENBP1	TSPAN1	APOE
ITLN1	MT1E	UGT1A9	SERPINF1
COL6A2	ADAMTS1	COX7A1	PPP1R12B
FCGBP	ITM2A	MUC12	HSPB6
SLC26A2	POU2AF1	PDCD4	FNBP1
PGM5	FAM55D	CAV1	C4orf34
DMN	C6orf204	FAM46C	SORBS2
GPNMB	AKAP12	LRIG1	GPA33
IGFBP5	TUBB6	HLA-DPA1	GALNAC4S-
CLEC3B	LGALS2	C1orf115	6ST
LOC253012	KIAA0828	HBA2	CFHR1
DPT	MGC14376	EDIL3	MGC13057
PCK1	PPP1R14A	DES	C10orf56
CNN1	MUC4	MT2A	SULT1A1
HSD17B2	PKIB	KCNMA1	TTRAP
PLAC8	PIGR	GAS1	CCL28
TMEM47	ASPN	TBC1D9	IDH3A
OGN	A2M	C7	EDG2
CALD1	LOC25845	P2RY1	UGT1A8
ACTG2	LGALS1	NR3C1	RAB27A
MGC4172	BCHE	STOM	ANTXR1
MAB21L2	ST6GALNAC1	CKB	EMP1

RPL24	GJA1	CLU	CSRP1
ABCG2	SCNN1B	SLC26A3	PLEKHC1
CCDC80	FABP4	SDC2	LOC572558
UGT1A1	F13A1	SST	FOXP2
MRC1	CD36	HLA-DRA	HSPA2
HSD11B2	SPARCL1	TSC22D3	ATP1A2
ANPEP	ZCWPW2	IL6ST	TNXB
MATN2	TNC	C1QC	FUCA1
PRNP	MT1A	MT1X	MRGPRF
ABI3BP	LOC652745	AOC3	HIGD1A
HLA-C	MALL	PPAP2A	MFSD4
NDE1	GNG2	ZSCAN18	AXL
SRPX	DNASE1L3	IVD	AQP1
WWTR1	EGR1	SFRP1	MAP1B
HMGCS2	CMBL	COL4A2	PALLD
LOC646627	GCNT3	GPM6B	MPEG1
KRT20	SERPING1	EPB41L3	KLHL5
KLF4	MEIS1	MAOA	TCEAL7
FHL1	EDN3	DMD	FILIP1L
ARL14	MSN	MSRB3	IQGAP2
LUM	MT1G	PLOD2	PRDX6
SORBS 1	TPSAB1	C9orf19	RAB31
METTL7A	GPX3	MIER3	LOC96610
FAM129A	CDKN2B	XDH	FGFR2
SCARA5	FOSB	CLDN23	PAPSS2
SI	HSPA1A	SGCE	XLKD1
ACTA2	CYBRD1	FOXF2	SMTN

CD177	PTGER4	AGR3	C8orf4
C10orf99	MAG1	IGLJ3	SDCBP2
COL15A1	BEST2	QKI	CCL11
NR3C2	HLA-DQA1	LOC399959	ELOVL5
DHRS9	PRIMA1	ANKRD25	FOXF1
LMOD1	MT1F	CRISPLD2	RELL1
EFEMP1	MAFB	ANK2	PNMA1
GREM1	FAM107A	LOC283666	LOC339562
IL1R2	PRKACB	CRYAB	PALM2-
LOC387763	SELM	ACAT1	AKAP2
TIMP3	TYROBP	IGL@	PAG1
MYLK	TNS1	PBLD	HCLS1
CLDN8	MYH11	CCL8	RGS1
RDX	ITM2C	LIFR	FXYD6
TSPAN7	CES2	HLA-DRB1	OLFML3
TNFRSF17	MS4A4A	UGP2	COL6A3
SYNPO2	PDGFRA	IGKV1D-13	

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

Otro aspecto de la presente descripción proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

220026_a; y/o

(ii) CLCA4

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión del gen o transcripciones del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

En otro aspecto más, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

214142_a; y/o

(ii) ZG 16

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

En otro aspecto más, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, los genes o las transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

209301_at	205950_s_at;

y/o

(ii)

CA2	CA1

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

Todavía en otro aspecto más, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

220834_a; y/o

(ii) MS4A12

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

Todavía en otro aspecto más, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

206784_a; y/o

(ii) AQP8

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

En un aspecto adicional, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

el gen, los genes o las transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

(i) 203908_at, 206198_s_at, 205547_s_at, 207003_at, 206422_at, 209613_s_at, 207245_at; y/o

(ii) SLC4A4, CEACAM7, TAGLN, GUCA1B, GCG, ADH1B, UGT2B17,

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

En otro aspecto adicional, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

el gen, los genes o las transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

(i) 203908_at, 206198_s_at, 205547_s_at, 207003_at, 206422_at, 209613_s_at, 207245_at; y/o

(ii) SLC4A4, CEACAM7, TAGLN, GUCA1B, GCG, ADH1B, UGT2B17,

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

Todavía en otro aspecto adicional, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, los genes o las transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

225207_at	211548_s_at	205382_s_at	204083_s_at
206208_at	206262_at	207502_at	212592_at
207080_s_at	210107_at	202995_s_at	204719_at
215118_s_at	205892_s_at	206149_at	229070_at; y/o

(ii)

PDK4	HPGD	CFD	TPM2
CA4	ADH1C	GUCA2B	ENAM
PYY	CLCA1	FBLN1	ABCA8
IGHA1	FABP1	LOC63928	C6orf105

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

Todavía en otro aspecto adicional, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

210809_s_at	201617_x_at	202133_at	217967 _s_at
201893_x_at	202274_at	204607_at	229839_at
223597_at	218756_s_at	238143_at	206664_at
209156_s_at	210302_s_at	213953_at	200974_at
203240_at	228885_at	220266_s_at	219669_at

224963_at	209735_at	210299_s_at	227736_at
226303_at	228504_at	220468_at	203477_at
212730_at	225242_s_at	201744_s_at	205259_at
201141_at	215125_s_at	218087_s_at	203951_at
211959_at	204438_at	207761_s_at	204818_at
205200_at	204130_at	223395_at	219014_at
242601_at	202888_s_at	214768_x_at	209656_s_at
213068_at	202350_s_at	228133_s_at	222722_at;
208383_s_at	201300_s_at	204955_at	y/o

(ii)

POSTN	OGN	WWTR1	FAM129A
DCN	CALD1	HMGCS2	SCARA5
ITLN1	ACTG2	LOC646627	SI
COL6A2	MGC4172	KRT20	ACTA2
FCGBP	MAB21L2	KLF4	CD177
SLC26A2	RPL24	FHL1	C10orf99
PGM5	ABCG2	ARL14	COL15A1
DMN	CCDC80	LUM	NR3C2
GPNMB	UGT1A1	SORBS1	CNN1
IGFBP5	MRC1	METTL7A	HSD17B2
CLEC3B	HSD11B2	PRNP	PLAC8
LOC253012	ANPEP	ABI3BP	TMEM47
DPT	MATN2	HLA-C	SRPX
PCK1	NDE1		

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

En un aspecto relacionado, la presente descripción se refiere a un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

200600_at	203680_at	211959_at	215076_s_at
200665_s_at	203729_at	211964_at	215193_x_at
200799_at	203748_x_at	211985_s_at	219087_at
200845_s_at	204069_at	211990_at	219607_s_at
200859_x_at	204122_at	211991_s_at	221541_at
200897_s_at	204135_at	212077_at	222043_at
200974_at	204438_at	212091_s_at	222453_at
200986_at	204457_s_at	212136_at	222513_s_at
201041_s_at	204570_at	215382_x_at	223121_s_at
201061_s_at	204688_at	215388_s_at	223122_s_at
201069_at	205412_at	216442_x_at	223235_s_at
201105_at	205683_x_at	216474_x_at	223343_at
201137_s_at	205935_at	216834_at	224560_at
201141_at	207134_x_at	217480_x_at	224694_at
201150_s_at	207266_x_at	217757_at	224840_at
201289_at	208131_s_at	217762_s_at	224964_s_at
201300_s_at	208370_s_at	217764_s_at	225242_s_at
201426_s_at	208747_s_at	217767_at	225269_s_at
201438_at	208788_at	217897_at	225353_s_at
201616_s_at	208789_at	218162_at	225381_at
201617_x_at	208894_at	218224_at	225442_at
201645_at	209047_at	218312_s_at	225602_at
201667_at	209101_at	218353_at	225604_s_at
201743_at	209138_x_at	218418_s_at	225626_at
201744_s_at	209147_s_at	218468_s_at	225688_s_at

201842_s_at	209156_s_at	218469_at	225710_at
201852_x_at	209191_at	218559_s_at	226001_at
201858_s_at	209209_s_at	212158_at	226051_at
201859_at	209210_s_at	212185_x_at	226084_at
201865_x_at	209312_x_at	212195_at	226103_at
201893_x_at	209335_at	212230_at	226430_at
201920_at	209436_at	212233_at	226682_at
202007_at	209457_at	212265_at	226694_at
202069_s_at	209496_at	212386_at	226818_at
202133_at	209621_s_at	212387_at	226834_at
202283_at	209651_at	212397_at	226841_at
202291_s_at	209656_s_at	212414_s_at	227061_at
202403 _s_at	209868_s_at	212419_at	227099_s_at
202620_s_at	210084_x_at	212464_s_at	227235_at
202686_s_at	210133_at	212667_at	227404_s_at
202760_s_at	210139_s_at	212671_s_at	227529_s_at
202766_s_at	210495_x_at	212713_at	227561_at
202953_at	210517_s_at	212764_at	227623_at
202957_at	210764_s_at	212956_at	227705_at
202994_s_at	210809_s_at	213428_s_at	227727_at
202995_s_at	210982_s_at	213509_x_at	228507_at
203066_at	211161_s_at	213746_s_at	228750_at
203131_at	211596_s_at	213891_s_at	228846_at
203305_at	211671_s_at	214038_at	229530_at
203382_s_at	211719_x_at	214677_x_at	230264_s_at
203477_at	211813_x_at	214752_x_at	231579_s_at
203645_s_at	211896_s_at	215049_x_at	234987_at; y/o

(ii)

A2M	CYBRD1	LOC283666	PTGIS
ACAT1	CYR61	LOC339562	PTRF
ACTA2	DCN	LOC387763	QKI
AKAP12	DDR2	LOC399959	RAB31
ANKRD25	DSCR1	LRIG1	RARRES2
ANTXR1	DUSP1	LUM	RBMS1
AP1S2	DUSP5	MAFB	RDX
APOE	EFEMP1	MAP1B	RELL1
AQP1	EGR1	MEIS1	RGS1
ASPN	ELOVL5	MFAP4	RGS5
ATP2B4	EMP3	MGP	SDC2
AXL	F13A1	MMP2	SELM
C10orf56	FBLN1	MPEG1	SEPT6
C1QB	FBN1	MRC1	SERPINF1
C1QC	FILIP1L	MRGPRF	SERPING1
C1S	FKBP5	MS4A4A	SFRP2
C20orf118	FLNA	MS4A7	SGCE
C3	FN1	MSN	SLC20A1
C9orf19	FOXF1	MT2A	SMOC2
CALD1	FXYD6	MXD1	SORBS1
CALM1	GALNAC4S-6ST	NEXN	SPARC
CCDC80	GAS1	NID1	SPON1
CCL11	GJA1	NR3C1	SRGN
CCL8	GNG2	OLFML3	STOM
CD14	GPNMB	PAG1	TBC1D9
CD163	GREM1	PALLD	TCEAL7

CES2	GUCY1A3	PALM2-AKAP2	TGFB1I1
CFHR1	HCLS1	PDGFRA	TIMP2
CLU	HLA-DPA1	PDLIM3	TIMP3
COL14A1	HLA-DPB1	PHLDB2	TMEM47
COL15A1	HLA-DQA1	PLEKHC1	TNC
COL1A2	HLA-DRA	PLOD2	TPSAB1
COL3A1	HLA-DRB1	PMP22	TPSB2
COL4A2	HSPA1A	PNMA1	TUBB6
COL6A1	IDH3A	POSTN	TYROBP
COL6A2	IGFBP5	PPAP2A	VIM
COL6A3	IGL@	PPAP2B	WWTR1
COX7A1	IGLJ3	PRDX6	ZSCAN18
CRISPLD2	IL6ST	PRKAR2B	
CTGF	KLHL5	PRNP	
	LGALS1		

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta a la aparición de un estado de adenoma.

En otro aspecto de la presente descripción, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen o genes detectados por Affymetrix probeset IDs:

200884_at	206262_at	215867_x_at	227522_at
201495_x_at	206377_at	216336_x_at	227682_at
202266_at	206385_s_at	216491_x_at	227725_at
202350_s_at	206664_at	216510_x_at	227735_s_at
202731_at	207126_x_at	217022_s_at	227736_at
202741_at	207245_at	217109_at	228133_s_at
202742_s_at	207390_s_at	217110_s_at	228195_at

202768_at	207392_x_at	217165_x_at	228232_s_at
202838_at	207432_at	217232_x_at	228241_at
203058_s_at	207761_s_at	217414_x_at	228469_at
203060_s_at	208596_s_at	218541_s_at	228961_at
203240_at	208920_at	218546_at	229070_at
203296_s_at	209114_at	219059_s_at	229254_at
203343_at	209374_s_at	219543_at	229659_s_at
203474_at	209458_x_at	219796_s_at	229831_at
203638_s_at	209791_at	219948_x_at	230595_at
203963_at	210107_at	220075_s_at	231925_at
204018_x_at	210524_x_at	220266_s_at	231975_s_at
204034_at	210735_s_at	220468_at	233565_s_at
204036_at	211372_s_at	220645_at	235146_at
204130_at	211538_s_at	220812_s_at	235766_x_at
204388_s_at	211549_s_at	221004_s_at	235849_at
204389_at	211637_x_at	221305_s_at	238143_at
204508_s_at	211699_x_at	221584_s_at	238750_at
204532_x_at	211745_x_at	221841_s_at	238751_at
204607_at	212224_at	221896_s_at	239272_at
204673_at	212592_at	223484_at	241994_at
204818_at	212741_at	223597_at	242447_at
204895_x_at	212814_at	223754_at	242601_at
204897_at	213317_at	224342_x_at	243278_at; y/o
205112_at	213451_x_at	224989_at	
205259_at	213629_x_at	224990_at	
205403_at	213921_at	225458_at	
205480_s_at	213953_at	225728_at	

205554_s_at	214164_x_at	226147_s_at	
205593_s_at	214433_s_at	226302_at	
205892_s_at	214598_at	226594_at	
205929_at	214916_x_at	226654_at	
206000_at	215125_s_at	226811_at	
206094_x_at	215299_x_at	227052_at	

(ii)

ADH1C	FOSB	LOC96610	SDCBP2
AGR3	FOXF2	MAOA	SELENBP1
ALDH1A1	FOXP2	MATN2	SI
ANK3	FUCA1	MEP1A	SMTN
ARL14	GPA33	METTL7A	SORBS2
ATP1A2	HBA1	MFSD4	SRI
ATP8B1	HBA2	MGC13057	SST
BEST2	HBB	MIER3	ST6GALNAC1
C10orf99	HHLA2	MMP28	SULT1A1
C15orf48	HIGD1A	MT1A	TNXB
C1orf115	HMGCS2	MT1F	TSPAN1
C4orf34	HPGD	MT1M	TTRAP
C6orf105	HSD11B2	MUC12	UGDH
C8orf4	HSD17B2	MUC2	UGP2
CA12	HSPA2	MUC4	UGT1A1
CCL28	IGHA1	MUCDHL	UGT1A3
CKB	IGHM	MYH11	UGT1A6
CLCA1	IL1R2	NDE1	UGT1A8
CLDN8	IL8	NR3C2	UGT1A9
CLIC5	IQGAP2	P2RY1	UGT2A3

CMBL	ITLN1	PADI2	UGT2B15
CNTN3	ITM2C	PAPSS2	UGT2B 17
DNASE1L3	KCNMA1	PBLD	VSIG2
EDG2	KIAA0828	PDCD4	XDH
ENAM	KLF4	PDE9A	XLKD1
ENTPD5	KRT20	PIGR	ZCWPW2
ETHE1	LOC253012	PLCE1	
FABP1	LOC25845	PPID	
FAM46C	LOC285382	PRKACB	
FAM55D	LOC572558	PTGER4	
FCGBP	LOC646627	RAB27A	
FGFR2	LOC652128	SCARA5	

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula cancerosa o una célula predispuesta a la aparición de un estado de cáncer.

En otro aspecto más, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcriptos detectados por Affymetπx probeset IDs

202920_at	209613_s_at	228504_at	214598_at
203881_s_at	220037_s_at	228706_s_at	219948_x_at
204719_at	220376_at	228766_at	220812_s_at
204931_at	222717_at	228854_at	221305_s_at
204940_at	224412_s_at	228885_at	229831_at
205433_at	225381_at	230788_at	231925_at
206637_at	225575_at	231120_x_at	235146_at
207080_s_at	227529_s_at	231773_at	238751_at
207980_s_at	227623_at	203296_s_at	243278_at; y/o
209170_s_at	227705_at	206664_at	

209209_s_at	227827_at	211549_s_at	

(ii)

ADH1B	CD36	P2RY1	PLEKHC1
SORBS2	BCHE	ANK2	LRRC19
PYY	TCEAL7	XLKD1	LIFR
ABCA8	ANGPTL1	LOC399959	ATP1A2
RPL24	DMD	AKAP12	HPGD
SI	GCNT2	UGT2A3	GPM6B
CLDN8	SDPR	HHLA2	UGT1A8
P2RY14	PKIB	SORBS2	FOXP2
PLN	CITED2	CLDN23	
TRPM6	TCF21	CNTN3	

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) que no está sustancialmente por encima de los niveles de fondo es indicativo de una célula neoplásica o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

En un aspecto adicional, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método la detección del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

209209_s_at, 225381_at, 227529_s_at, 227623_at, 227705_at; y/o

(ii) AKAP12, LOC399959, PLEKHC1, TCEAL7,

en una muestra biológica de dicho individuo en donde un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) que no está sustancialmente por encima de los niveles de fondo es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado de adenoma.

Todavía en otro aspecto adicional, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

203296_s_at	214598_at	221305_s_at	235146_at
206664_at	219948_x_at	229831_at	238751_at
211549_s_at	220812_s_at	231925_at	243278_at;

y/o

(ii)

ATP1A2	FOXP2	P2RY1	UGT1A8
CLDN8	HHLA2	SI	UGT2A3
CNTN3	HPGD	SORBS2	

en una muestra biológica de dicho individuo en donde un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) que no está sustancialmente por encima de los niveles de fondo es indicativo de una célula cancerosa o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

En otro aspecto adicional se proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

200600_at	202766_s_at	210495_x_at	218469_at
200665_s_at	202859_x_at	210511_s_at	218559_s_at
200832_s_at	202878_s_at	210764_s_at	218638_s_at
200974_at	202917_s_at	210809_s_at	219087_at
200986_at	202998_s_at	211161_s_at	221011_s_at
201058_s_at	203083_at	211571_s_at	221729_at
201069_at	203325_s_at	211719_x_at	221730_at
201105_at	203382_s_at	211813_x_at	221731_x_at
201141_at	203477_at	211896_s_at	37892_at
201147_s_at	203570_at	211959_at	223122_s_at
201150_s_at	203645_s_at	211964_at	223235_s_at
201162_at	203878_s_at	211966_at	224560_at
201163_s_at	204006_s_at	211980_at	224694_at
201185_at	204051_s_at	211981_at	224724_at
201261_x_at	204122_at	212077_at	225664_at
201289_at	204320_at	212344_at	225681_at
201426_s_at	204475_at	212353_at	225710_at
201438_at	204620_s_at	212354_at	225799_at
201616_s_at	205479_s_at	212464_s_at	226237_at

201645_at	205547_s_at	212488_at	226311_at
201667_at	205828_at	212489_at	226694_at
201744_s_at	207173_x_at	212667_at	226777_at
201792_at	207191_s_at	213125_at	226930_at
201842_s_at	208747_s_at	213428_s_at	227099_s_at
201852_x_at	208782_at	213524_s_at	227140_at
201859_at	208788_at	213869_x_at	227566_at
201893_x_at	208850_s_at	213905_x_at	229218_at
202237_at	208851_s_at	214247_s_at	229802_at
202238_s_at	209101_at	215049_x_at	231579_s_at
202283_at	209156_s_at	215076_s_at	231766_s_at
202291_s_at	209218_at	215646_s_at	231879_at
202310_s_at	209395_at	216442_x_at	232458_at
202311_s_at	209396_s_at	217430_x_at	233555_s_at
202403_s_at	209596_at	217762_s_at	234994_at; y/o
202404_s_at	209875_s_at	217763_s_at	
202450_s_at	209955_s_at	217764_s_at	
202620_s_at	210095_s_at	218468_s_at	

(ii)

COL1A2	INHBA	FAP	IGFBP3
CTHRC1	COL6A2	VIM	SERPINF1
FN1	ANTXR1	TIMP2	ISLR
POSTN	GPNMB	SCD	HNT
SPP1	BGN	TIMP3	COL5A1
MMP1	TAGLN	AEBP1	OLFML2B
SPARC	COL4A1	GJA1	KIAA1913
LUM	RAB31	NNMT	PALM2-AKAP2

GREM1	LGALS1	COL1A1	SERPING1
IL8	ELOVL5	SULF2	TYROBP
IGFBP5	MGP	COL6A1	ACTA2
SFRP2	MMP2	SPON2	COL3A1
SULF1	LOXL2	CTSK	PLOD2
ASPN	MYL9	MXRA5	MMP11
COL6A3	DCN	C1S	CD163
COL8A1	CALD1	DKK3	FCGR3B
COL12A1	FBN1	SRGN	PLAU
COL5A2	MMP3	LBH	MAFB
CDH11	IGFBP7	CTGF	LOC541471
THBS2	FSTL1	TNC	LOC387763
COL15A1	COL4A2	G0S2	CHI3L1
COL11A1	VCAN	SQLE	THY1
S100A8	SMOC2	EFEMP1	LOXL1
FNDC1	HTRA1	APOE	CD93
SFRP4	CYR61	MSN	

en dicha célula o población celular en la que un menor nivel de expresión de los genes del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta a la aparición de un estado de adenoma.

En otro aspecto más, se proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

200884_at	214234_s_at	226248_s_at
203240_at	214235_at	226302_at
203963_at	214433_s_at	227676_at
204508_s_at	215125_s_at	227719_at
204607_at	215867_x_at	227725_at

204811_s_at	217109_at	228232_s_at
204895_x_at	217110_s_at	229070_at
204897_at	218211_s_at	231832_at
205259_at	219543_at	232176_at
205765_at	219955_at	232481_s_at
205927_s_at	221841_s_at	235976_at
208063_s_at	221874_at	236894_at
208937_s_at	223969_s_at	237521_x_at
210107_at	223970_at	242601_at; y/o
213106_at		

(ii)

CLCA1	CTSE	ATP8B1
FCGBP	C6orf105	CACNA2D2
HMGCS2	CKB	KLF4
RETNLB	ATP8A1	CYP3A5P2
L1TD1	MUC4	CAPN9
SLITRK6	UGT1A1	NR3C2
VSIG2	SELENBP1	PBLD
LOC253012	PTGER4	CA12
ST6GALNAC1	MLPH	WDR51B
ID1	KIAA1324	FAM3D
CYP3A5		

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con un nivel de control del adenoma gastrointestinal es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

En otro aspecto más, se proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen o genes detectados por Affymetrix probeset IDs:

202404_s_at, 212464_s_at, 210809_s_at, 225681_at; y/o

(ii) COL1A2, FN1, POSTN, CTHRC1

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado de adenoma.

Todavía en otro aspecto más, se proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

209875_s_at	227140_at	204475_at;

y/o

(ii)

SPP1	MMP1

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado de adenoma.

Todavía en otro aspecto más, la presente descripción se refiere a un método para caracterizar una célula o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

200665_s_at	219087_at	37892_at	201141_at
201744_s_at	226237_at	202917_s_at	213905_x_at
218468_s_at	225664_at	226930_at	205547_s_at
202859_x_at	221730_at	204051_s_at	201438_at;
211959_at	207173_x_at	210511_s_at	y/o
223122_s_at	203083_at	209156_s_at	
212353_at	203477_at	224694_at	

(ii)

SPARC	ASPN	COL15A1	ANTXR1
LUM	COL6A3	COL11A1	GPNMB
GREM1	COL8A1	S100A8	BGN
IL8	COL12A1	FNDC1	TAGLN

IGFBP5	COL5A2	SFRP4	
SFRP2	CDH11	INHBA	
SULF1	THBS2	COL6A2	

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) en relación con un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de un adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado adenoma.

En otro aspecto más, la presente descripción se refiere a un método para caracterizar una célula o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

210107_at; y/o

(ii) CLCA1

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) en relación con un nivel de control del adenoma gastrointestinal es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

Todavía en otro aspecto más, la presente descripción se refiere a un método para caracterizar una célula o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

203240_at	219955_at	242601_at
204607_at	232481_s_at	227725_at
223969_s_at	228232_s_at; y/o	

(ii)

FCGBP	L1TD1	LOC253012
HMGCS2	SLITRK6	ST6GALNAC1
RETNLB	VSIG2	

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) en relación con un nivel de control del adenoma gastrointestinal es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

Un aspecto adicional de la presente descripción proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya célula o población celular se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen o genes detectados por Affymetrix probeset IDs:

235976_at	236894_at	237521;

y/o

(ii)

SLITRK6	L1TD1

en una muestra biológica de dicho individuo en donde la expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) a un nivel que no es sustancialmente mayor que los niveles de tejido neoplásico de fondo es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

Un aspecto relacionado de la presente descripción proporciona una matriz molecular, dicha matriz comprende una pluralidad de:

(i) moléculas de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos correspondiente a uno cualquiera o más de los genes marcadores neoplásicos descritos anteriormente o una secuencia que exhibe al menos 80% de identidad con ellos o un derivado funcional, fragmento, variante u homólogo de dicha molécula de ácido nucleico; o

(ii) moléculas de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos capaz de hibridarse con una cualquiera o más de las secuencias de (i) en condiciones de rigurosidad media o un derivado funcional, fragmento, variante u homólogo de dicha molécula de ácido nucleico; o

(iii) sondas u oligonucleótidos de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos capaz de hibridarse con una cualquiera o más de las secuencias de (i) en condiciones de rigurosidad media o un derivado funcional, fragmento, variante u homólogo de dicha molécula de ácido nucleico; o

(iv) sondas capaces de unirse a una cualquiera o más de las proteínas codificadas por las moléculas de ácido nucleico de (i) o un derivado, fragmento u homólogo de las mismas

en donde el nivel de expresión de dichos genes marcadores de (i) o proteínas de (iv) es indicativo del estado neoplásico de una célula o subpoblación celular derivada del intestino grueso.

Breve descripción de los dibujos

La Figura 1 es una representación gráfica de alcohol deshidrogenasa IB (clase I), polipéptido beta.

La Figura 2 es una representación gráfica de la metilación de MAMDC2 y GPM6B en tejidos y líneas celulares normales y neoplásicas. El panel A muestra el nivel de metilación del gen MAMDC2 evaluado por PCR específica de metilación, usando la amplificación del gen CAGE para normalizar los niveles de entrada de ADN. Cada punto representa una muestra de tejido individual o línea celular. Las muestras incluyeron ADN de 18 tejidos de cáncer colorrectal, 12 adenomas colorrectales, 22 tejidos colorrectales normales emparejados, otros 6 tejidos normales y una línea celular y 6 líneas celulares de cáncer de colon. El panel B muestra el nivel relativo de metilación del gen GPM6B evaluado mediante un ensayo COBRA. Los niveles de metilación se puntuaron entre 0 (sin digestión con enzimas de restricción) y 5 (digestión con enzimas de restricción completas). Cada punto representa una sola muestra de tejido. Las muestras incluyeron 14 tejidos de cáncer colorrectal, 11 adenomas colorrectales y 22 tejidos normales emparejados.

La Figura 3 es una representación esquemática de variantes de ARN predichas derivadas de hCG_1815491. Se usaron clones de ADNc derivados de las regiones 8579310 a 8562303 del mapa en el cromosoma 16 humano para localizar secuencias de exones. Flechas: los juegos de cebadores de oligonucleótidos se diseñaron para permitir la medición de variantes de ARN individuales por PCR. Los cebadores que cubren las uniones de corte y empalme se muestran como secuencias de intrón que se extienden, que no están incluidas en la secuencia de cebador de oligonucleótido real.

Descripción detallada de la invención

La presente invención se basa, en parte, en la elucidación de los perfiles de expresión génica que caracterizan las poblaciones celulares del intestino grueso en términos de su estado neoplásico y, más particularmente, si son malignas o premalignas. Este hallazgo ahora ha facilitado el desarrollo de medios de rutina para detectar la aparición o predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso o caracterizar poblaciones celulares derivadas del intestino grueso basándose en la detección de la regulación a la baja de la expresión de estas moléculas, en relación con los patrones y niveles de expresión control. Con este fin, además de evaluar los niveles de expresión de los genes en cuestión en relación con los niveles normales o no neoplásicos, se ha determinado que una proporción de estos genes no se expresa en el estado de enfermedad, lo que facilita el desarrollo de una prueba cualitativa simple basado en la evaluación requerida solo en relación con los niveles de fondo de la prueba.

De acuerdo con la presente descripción, se ha determinado que los genes detallados anteriormente están modulados, en términos de cambios diferenciales en sus niveles de expresión, dependiendo de si la célula que expresa ese gen es neoplásica o no. Debe entenderse que la referencia a un gen "producto de expresión" o "expresión de un gen" es una referencia ya sea a un producto de transcripción (tal como ARN primario o ARNm) o a un producto de traducción

tal como una proteína. A este respecto, se pueden evaluar los cambios en el nivel de expresión de un gen detectando los cambios en el nivel del producto de expresión que se produce (es decir, ARN o proteína), cambios en las proteínas de cromatina con las que está asociado el gen, por ejemplo, la presencia de histona H3 metilada en lisina en la posición de aminoácido número 9 ó 27 (modificaciones represivas) o cambios en el ADN mismo que actúa para inhibir la expresión, como cambios en la metilación del ADN. Estos genes y sus productos de expresión génica, ya sean transcritos de ARN, cambios en el ADN que actúan para regular negativamente la expresión o proteínas codificadas, se denominan colectivamente “marcadores neoplásicos”.

Por consiguiente, un aspecto de la presente descripción se refiere a un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, los genes o las transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

200600_at	208399_s_at	217546_at	203296_s_at
200621_at	208450_at	217757_at	203343_at
200795_at	208581_x_at	217762_s_at	203474_at
200799_at	208747_s_at	217764_s_at	203638_s_at
200845_s_at	208763_s_at	217767_at	203963_at
200859_x_at	208788_at	217897_at	204018_x_at
200897_s_at	208789_at	217967_s_at	204034_at
200974_at	208791_at	218087_s_at	204036_at
200986_at	208792_s_at	218162_at	204130_at
201041_s_at	208894_at	218224_at	204388_s_at
201058_s_at	209047_at	218312_s_at	204389_at
201061_s_at	209074_s_at	218353_at	204508_s_at
201069_at	209101_at	218418_s_at	204532_x_at
201105_at	209116_x_at	218468_s_at	204607_at
201137_s_at	209138_x_at	218469_at	204673_at
201141_at	209147_s_at	218559_s_at	204818_at
201150_s_at	209156_s_at	218756_s_at	204895_x_at
201289_at	209167_at	219014_at	204897_at
201300_s_at	209170_s_at	219087_at	205112_at
201324_at	209191_at	219508_at	205259_at
201348_at	209209_s_at	219607_s_at	205403_at
201426_s_at	209210_s_at	219669_at	205480_s_at

201427_s_at	209283_at	219799_s_at	205554_s_at
201438_at	209301_at	220026_at	205593_s_at
201496_x_at	209312_x_at	220037_s_at	205892_s_at
201497_x_at	209335_at	220376_at	205929_at
201539_s_at	209357_at	220834_at	206000_at
201540_at	209373_at	221541_at	206094_x_at
201616_s_at	209436_at	221667_s_at	206262_at
201617_x_at	209457_at	221747_at	206377_at
201645_at	209496_at	221748_s_at	206385_s_at
201667_at	209498_at	222043_at	206664_at
201739_at	209612_s_at	222162_s_at	207126_x_at
201743_at	209613_s_at	222453_at	207245_at
201744_s_at	209621_s_at	222513_s_at	207390_s_at
201842_s_at	209651_at	222717_at	207392_x_at
201852_x_at	209656_s_at	222722_at	207432_at
201858_s_at	209667_at	223121_s_at	207761_s_at
201859_at	209668_x_at	223122_s_at	208596_s_at
201865_x_at	209687_at	223235_s_at	208920_at
201893_x_at	209735_at	223343_at	209114_at
201920_at	209763_at	223395_at	209374_s_at
201957_at	209868_s_at	223551_at	209458_x_at
202007_at	209948_at	223623_at	209791_at
202037_s_at	210084_x_at	223952_x_at	210107_at
202069_s_at	227099_s_at	224009_x_at	210524_x_at
202133_at	210133_at	224352_s_at	210735_s_at
202222_s_at	210139_s_at	224412_s_at	211372_s_at
202242_at	210298_x_at	224480_s_at	211538_s_at

202274_at	210299_s_at	224560_at	211549_s_at
202283_at	210302_s_at	224663_s_at	211637_x_at
202291_s_at	210495_x_at	224694_at	211699_x_at
202388_at	210517_s_at	224823_at	211745_x_at
202555_s_at	210764_s_at	224836_at	212224_at
202620_s_at	210809_s_at	224840_at	212592_at
202686_s_at	210946_at	224959_at	212741_at
202746_at	210982_s_at	224963_at	212814_at
202760_s_at	211161_s_at	224964_s_at	213317_at
202766_s_at	211548_s_at	225207_at	213451_x_at
202888_s_at	211596_s_at	225242_s_at	213629_x_at
202920_at	211643_x_at	225269_s_at	213921_at
202953_at	211644_x_at	225275_at	213953_at
202957_at	211645_x_at	225353_s_at	214164_x_at
202992_at	211671_s_at	225381_at	214433_s_at
202994_s_at	211696_x_at	225442_at	214598_at
202995_s_at	211719_x_at	225575_at	214916_x_at
203000_at	211798_x_at	225602_at	215125_s_at
203001_s_at	211813_x_at	225604_s_at	215299_x_at
203066_at	211848_s_at	225626_at	215867_x_at
203131_at	211889_x_at	225688_s_at	216336_x_at
203305_at	211896_s_at	225710_at	216491_x_at
203382_s_at	211959_at	225720_at	216510_x_at
203477_at	211964_at	225721_at	217022_s_at
203645_s_at	211985_s_at	225782_at	217109_at
203680_at	211990_at	225894_at	217110_s_at
203729_at	211991_s_at	225895_at	217165_x_at

203748_x_at	212077_at	226001_at	217232_x_at
203766_s_at	212091_s_at	226051_at	217414_x_at
203881_s_at	212097_at	226084_at	218541_s_at
203908_at	212136_at	226103_at	218546_at
203913_s_at	212158_at	226303_at	219059_s_at
203914_x_at	212185_x_at	226304_at	219543_at
203951_at	212192_at	226333_at	219796_s_at
203980_at	212195_at	226430_at	219948_x_at
204069_at	212230_at	226492_at	220075_s_at
204083_s_at	212233_at	226682_at	220266_s_at
204122_at	212265_at	226694_at	220468_at
204135_at	212288_at	226818_at	220645_at
204326_x_at	212386_at	226834_at	220812_s_at
204438_at	212387_at	226841_at	221004_s_at
204457_s_at	212397_at	227006_at	221305_s_at
204570_at	212414_s_at	227061_at	221584_s_at
204688_at	212419_at	227235_at	221841_s_at
204697_s_at	212464_s_at	227265_at	221896_s_at
204719_at	212667_at	227404_s_at	223484_at
204745_x_at	212671_s_at	227529_s_at	223597_at
204834_at	212713_at	227561_at	223754_at
204894_s_at	212730_at	227623_at	224342_x_at
204931_at	212764_at	227662_at	224989_at
204938_s_at	212859_x_at	227705_at	224990_at
204939_s_at	212956_at	227727_at	225458_at
204940_at	213068_at	227826_s_at	225728_at
204955_at	213071_at	227827_at	226147_s_at

205097_at	213428_s_at	228202_at	226302_at
205200_at	213509_x_at	228504_at	226594_at
205267_at	213624_at	228507_at	226654_at
205382_s_at	213746_s_at	228640_at	226811_at
205412_at	213891_s_at	228706_s_at	227052_at
205433_at	214027_x_at	228707_at	227522_at
205464_at	214038_at	228750_at	227682_at
205547_s_at	214091_s_at	228766_at	227725_at
205683_x_at	214142_at	228846_at	227735_s_at
205935_at	214414_x_at	228854_at	227736_at
205950_s_at	214505_s_at	228885_at	228133_s_at
206134_at	214677_x_at	229530_at	228195_at
206143_at	214696_at	229839_at	228232_s_at
206149_at	214752_x_at	230087_at	228241_at
206198_s_at	214768_x_at	230264_s_at	228469_at
206199_at	214777_at	230788_at	228961_at
206208_at	215049_x_at	230830_at	229070_at
206209_s_at	215076_s_at	231120_x_at	229254_at
206422_at	215118_s_at	231579_s_at	229659_s_at
206461_x_at	215176_x_at	231773_at	229831_at
206561_s_at	215193_x_at	234764_x_at	230595_at
206576_s_at	215382_x_at	234987_at	231925_at
206637_at	215388_s_at	236300_at	231975_s_at
206641_at	215657_at	236313_at	233565_s_at
206710_s_at	216207_x_at	242317_at	235146_at
206784_at	216401_x_at	200884_at	235766_x_at
207003_at	216442_x_at	201495_x_at	235849_at

207080_s_at	216474_x_at	202266_at	238143_at
207134_x_at	216576_x_at	202350_s_at	238750_at
207266_x_at	216834_at	202731_at	238751_at
207502_at	216984_x_at	202741_at	239272_at
207961_x_at	217148_x_at	202742_s_at	241994_at
207977_s_at	217179_x_at	202768_at	242447_at
207980_s_at	217235_x_at	202838_at	242601_at
208131_s_at	217258_x_at	203058_s_at	243278_at;
208370_s_at	217378_x_at	203060_s_at	y/o
208383_s_at	217480_x_at	203240_at	

(ii)

CLCA4	VIM	CA12	AP1S2
ZG16	SMPDL3A	FKBP5	EMP3
CA2	P2RY14	HSPB8	MMP28
CA1	CHGA	TPSB2	UGT2A3
MS4A12	C15orf48	FGL2	RGS5
AQP8	COL3A1	C1QB	PTGIS
SLC4A4	CYR61	ANGPTL1	DUSP5
CEACAM7	TRPM6	MEP1A	MFAP4
TAGLN	OSTbeta	GUCY1A3	UGT1A6
GUCA1B	IGLV1-44	UGDH	PRKAR2B
GCG	VSIG2	DUSP1	HHLA2
ADH1B	IGHM	C2orf40	LOC652128
UGT2B17	LRRC19	PLN	C3
ADAMDEC1	CD163	UGT2B15	ATP2B4
MT1M	CEACAM1	PDLIM3	HBA1
AKR1B10	TIMP2	TP53INP2	TCF21

FN1	ENTPD5	ATP8B1	PPID
MGP	DDR2	ANK3	PPAP2B
CXCL12	CHRDL1	CTGF	SPON1
PDK4	SRGN	MUCDHL	PHLDB2
CA4	PDE9A	SDPR	RARRES2
PYY	PMP22	COL14A1	ETHE1
IGHA1	FLNA	DSCR1	MMP2
TPM2	STMN2	CITED2	SRI
C6orf105	MYL9	MT1H	CNTN3
HPGD	SEMA6D	NEXN	RGS2
ADH1C	PADI2	MUC2	COL6A1
CLCA1	SEPP1	NID1	FBN1
FABP1	TGFB1I1	HBB	MXD1
ENAM	SFRP2	GCNT2	PLCE1
CFD	UGT1A3	C20orf118	KCNMB1
GUCA2B	MS4A7	SLC20A1	CALM1
FBLN1	ALDH1A1	CD14	HLA-DPB1
LOC63928	SGK	KCTD12	SMOC2
ABCA8	CFL2	RBMS1	LOC285382
POSTN	C1S	PTRF	CLIC5
DCN	SELENBP1	TSPAN1	APOE
ITLN1	MT1E	UGT1A9	SERPINF1
COL6A2	ADAMTS1	COX7A1	PPP1R12B
FCGBP	ITM2A	MUC12	HSPB6
SLC26A2	POU2AF1	PDCD4	FNBP1
PGM5	FAM55D	CAV1	C4orf34
DMN	C6orf204	FAM46C	SORBS2

GPNMB	AKAP12	LRIG1	GPA33
IGFBP5	TUBB6	HLA-DPA1	GALNAC4S-6ST
CLEC3B	LGALS2	C1orf115	
LOC253012	KIAA0828	HBA2	CFHR1
DPT	MGC14376	EDIL3	MGC13057
PCK1	PPP1R14A	DES	C10orf56
CNN1	MUC4	MT2A	SULT1A1
HSD17B2	PKIB	KCNMA1	TTRAP
PLAC8	PIGR	GAS1	CCL28
TMEM47	ASPN	TBC1D9	IDH3A
OGN	A2M	C7	EDG2
CALD1	LOC25845	P2RY1	UGT1A8
ACTG2	LGALS1	NR3C1	RAB27A
MGC4172	BCHE	STOM	ANTXR1
MAB21L2	ST6GALNAC1	CKB	EMP1
RPL24	GJA1	CLU	CSRP1
ABCG2	SCNN1B	SLC26A3	PLEKHC1
CCDC80	FABP4	SDC2	LOC572558
UGT1A1	F13A1	SST	FOXP2
MRC1	CD36	HLA-DRA	HSPA2
HSD11B2	SPARCL1	TSC22D3	ATP1A2
ANPEP	ZCWPW2	IL6ST	TNXB
MATN2	TNC	C1QC	FUCA1
PRNP	MT1A	MT1X	MRGPRF
ABI3BP	LOC652745	AOC3	HIGD1A
HLA-C	MALL	PPAP2A	MFSD4
NDE1	GNG2	ZSCAN18	AXL

SRPX	DNASE1L3	IVD	AQP1
WWTR1	EGR1	SFRP1	MAP1B
HMGCS2	CMBL	COL4A2	PALLD
LOC646627	GCNT3	GPM6B	MPEG1
KRT20	SERPING1	EPB41L3	KLHL5
KLF4	MEIS1	MAOA	TCEAL7
FHL1	EDN3	DMD	FILIP1L
ARL14	MSN	MSRB3	IQGAP2
LUM	MT1G	PLOD2	PRDX6
SORBS1	TPSAB1	C9orf19	RAB31
METTL7A	GPX3	MIER3	LOC96610
FAM129A	CDKN2B	XDH	FGFR2
SCARA5	FOSB	CLDN23	PAPSS2
SI	HSPA1A	SGCE	XLKD1
ACTA2	CYBRD1	FOXF2	SMTN
CD177	PTGER4	AGR3	C8orf4
C10orf99	MAGI	IGLJ3	SDCBP2
COL15A1	BEST2	QKI	CCL11
NR3C2	HLA-DQA1	LOC399959	ELOVL5
DHRS9	PRIMA1	ANKRD25	FOXF1
LMOD1	MT1F	CRISPLD2	RELL1
EFEMP1	MAFB	ANK2	PNMA1
GREM1	FAM107A	LOC283666	LOC339562
IL1R2	PRKACB	CRYAB	PALM2-
LOC387763	SELM	ACAT1	AKAP2
TIMP3	TYROBP	IGL@	PAG1
MYLK	TNS1	PBLD	HCLS1

CLDN8	MYH11	CCL8	RGS1
RDX	ITM2C	LIFR	FXYD6
TSPAN7	CES2	HLA-DRB1	OLFML3
TNFRSF17	MS4A4A	UGP2	COL6A3
SYNPO2	PDGFRA	IGKV1D-13	

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

En una realización, dicha expresión se evalúa rastreando los cambios de ADN que impactan en la metilación, en particular la hipermetilación. En otra realización, la expresión se evalúa mediante la asociación de ADN con proteínas de cromatina que llevan modificaciones represivas, por ejemplo, metilación de lisinas 9 ó 27 de la histona H3.

La referencia al "intestino grueso" debe entenderse como una referencia a una célula derivada de una de las seis regiones anatómicas del intestino grueso, cuyas regiones comienzan después de la región terminal del íleon, siendo éstas:

(i) el ciego;

(ii) el colon ascendente;

(iii) el colon transverso;

(iv) el colon descendente;

(v) el colon sigmoide; y

(vi) el recto.

La referencia a "neoplasma" debe entenderse como una referencia a una lesión, tumor u otra masa encapsulada o no encapsulada u otra forma de crecimiento que comprenda células neoplásicas. Una "célula neoplásica" debe entenderse como una referencia a una célula que exhibe un crecimiento anormal. El término "crecimiento" debe entenderse en su sentido más amplio e incluye una referencia a la proliferación. En este sentido, un ejemplo de crecimiento celular anormal es la proliferación incontrolada de una célula. Otro ejemplo es la apoptosis fallida en una célula, lo que prolonga su vida útil habitual. La célula neoplásica puede ser una célula benigna o una célula maligna. En una realización preferida, el neoplasma en cuestión es un adenoma o un adenocarcinoma. Sin limitar la presente invención a ninguna teoría o modo de acción, un adenoma es generalmente un tumor benigno de origen epitelial que se deriva de tejido epitelial o exhibe estructuras epiteliales claramente definidas. Estas estructuras pueden adquirir una apariencia glandular. Puede comprender una población de células malignas dentro del adenoma, como ocurre con la progresión de un adenoma benigno a un adenocarcinoma maligno.

Preferiblemente, dicha célula neoplásica es un adenoma o adenocarcinoma e incluso más preferiblemente un adenoma o adenocarcinoma colorrectal.

Cada uno de los genes y transcripciones detallados en los subpárrafos (i) y (ii), más arriba, serían bien conocidos por la persona experta en la técnica, como lo serían sus proteínas codificadas. La identificación de los productos de expresión de estos genes y transcritos como marcadores de neoplasia se produjo en virtud del análisis de expresión diferencial utilizando chips genéticos Affymetrix HGU133A o HGU133B. Con este fin, cada chip genético se caracteriza por aproximadamente 45.000 conjuntos de sondas que detectan el ARN transcrito del genoma. En promedio, aproximadamente 11 pares de sondas detectan regiones superpuestas o consecutivas del transcrito de ARN. En general, los genes a partir de los cuales los transcriptos de ARN descritos en este documento son identificables por los conjuntos de sondas Affymetrix son genes bien conocidos y caracterizados. Sin embargo, en la medida en que algunos de los conjuntos de sondas detectan transcritos de ARN que aún no están definidos, estos transcritos se indican como "el gen, los genes o las transcripciones detectadas por la sonda Affymetrix x". En algunos casos, un único conjunto de sondas puede detectar varios genes. Debe entenderse, sin embargo, que esto no pretende ser una limitación en cuanto a cómo puede detectarse el nivel de expresión del gen o transcrito en cuestión. En el primer caso, se entenderá que el transcrito del gen en cuestión también es detectable por otros conjuntos de sondas que estarían presentes en el chip del gen Affymetrix. La referencia a un único conjunto de sondas se incluye simplemente como un identificador de la transcripción del gen de interés. Sin embargo, en términos de cribado real del transcrito, se puede

utilizar una sonda o conjunto de sondas dirigido a cualquier región del transcrito y no solo a la región de transcripción de 600 pb 3-terminal a la que a menudo se dirigen las sondas Affymetrix.

La referencia a cada uno de los genes y transcritos detallados anteriormente y sus productos de expresión transcritos y traducidos debería entenderse, por lo tanto, como una referencia a todas las formas de estas moléculas y a fragmentos o variantes de las mismas. Como apreciará la persona experta en la técnica, se sabe que algunos genes exhiben variación alélica entre individuos. Por consiguiente, debe entenderse que la presente descripción se extiende a las variantes que, en términos de las aplicaciones de diagnóstico actuales, logran el mismo resultado a pesar del hecho de que puedan existir variantes genéticas menores entre las secuencias de ácido nucleico reales entre individuos o que dentro de un individuo existe puedan existir 2 o más variantes de empalme del gen en cuestión. Por lo tanto, debe entenderse que la presente invención se extiende a todas las formas de ARN (por ejemplo, ARNm, transcrito de ARN primario, miARN, etc.), ADNc e isoformas peptídicas que surgen de corte y empalme alternativo o cualquier otra mutación, variación polimórfica o alélica. También debe entenderse que incluye la referencia a cualquier subunidad de polipéptidos tales como formas precursoras que pueden generarse, ya sea que existan como un monómero, multímero, proteína de fusión u otro complejo.

Para este fin, en términos de los genes abarcados por la presente descripción, se describen en el Ejemplo 6 medios para determinar la existencia de tales variantes, y la caracterización de las mismas. En la medida en que los genes de la presente descripción se describen por referencia a un conjunto de sondas Affymetrix, la Tabla 6 proporciona detalles de la secuencia de ácido nucleico a la que se dirige cada conjunto de sondas. En base a esta información, la persona experta podría, como una cuestión de procedimiento de rutina, identificar el gen respecto del cual esa secuencia forma parte. Un protocolo típico para hacer esto también se describe en el Ejemplo 6. Se debe entender que el "individuo" que es el sujeto de la prueba puede ser cualquier mamífero humano o no humano. Ejemplos de mamíferos no humanos incluyen primates, animales de granja (por ejemplo, caballos, ganado vacuno, ovejas, cerdos, burros), animales de laboratorio (p. ej., ratones, ratas, conejillos de indias), animales de compañía (por ejemplo, perros, gatos) y animales salvajes cautivos (por ejemplo, ciervos, zorros). Preferiblemente, el mamífero es un humano.

El método de la presente invención se basa en la comparación del nivel de los marcadores neoplásicos de una muestra biológica con los niveles de control de estos marcadores. El "nivel de control" puede ser un "nivel normal", que es el nivel de marcador expresado por una correspondiente célula de intestino grueso o una población celular que no es neoplásica.

El nivel normal (o "no neoplásico") puede determinarse usando tejidos derivados del mismo individuo que es objeto de prueba. Sin embargo, se apreciará que esto puede ser bastante invasivo para el individuo en cuestión y, por lo tanto, es más conveniente analizar los resultados de la prueba en relación con un resultado estándar que refleje resultados individuales o colectivos obtenidos de individuos que no sean el paciente en cuestión. Esta última forma de análisis es, de hecho, el método de análisis preferido, ya que permite el diseño de kits que requieren la recopilación y el análisis de una única muestra biológica, que es una muestra de prueba de interés. Los resultados estándar que proporcionan el nivel normal se pueden calcular por cualquier medio adecuado que sea bien conocido por la persona experta en la técnica. Por ejemplo, una población de tejidos normales puede evaluarse en términos del nivel de los marcadores neoplásicos de la presente invención, proporcionando de ese modo un valor estándar o intervalo de valores frente al que se analizan todas las muestras de prueba futuras. También se debe entender que el nivel normal se puede determinar a partir de los sujetos de una cohorte específica y para su uso con respecto a las muestras de prueba derivadas de esa cohorte. De acuerdo con esto, se puede determinar un número de valores estándar o intervalos que corresponden a cohortes que difieren con respecto a características tales como la edad, el sexo, la etnia o el estado de salud. Dicho "nivel normal" puede ser un nivel discreto o un intervalo de niveles. Una disminución en el nivel de expresión de los genes en cuestión con relación a los niveles normales es indicativo de que el tejido es neoplásico.

Sin limitar la presente descripción a ninguna teoría o modo de acción, aunque cada uno de los genes o transcritos descritos anteriormente se expresa diferencialmente, tampoco individualmente o en combinación, como entre células neoplásicas y no neoplásicas del intestino grueso, y por lo tanto es diagnóstico de la existencia de una neoplasia del intestino grueso, se encontró que la expresión de algunos de estos genes exhibía niveles particularmente significativos de sensibilidad, especificidad y valor predictivo positivo y negativo. Por consiguiente, en una realización preferida, se seleccionaría y evaluaría el nivel de expresión de uno o más de estos genes. Para este fin, y sin limitar la presente descripción a ninguna teoría o modo de acción, se determinó que los siguientes marcadores se expresaban en tejido neoplásico a un nivel de 3-11 veces menor que el tejido no neoplásico, cuando se evaluaba en virtud del método ejemplificado en este documento:

Número de reducciones	Gen, genes o las transcripciones detectadas por Affymetrix Sonda No:	Gen
11	220026_at	CLCA4
10	214142_at	ZG16
9	209301_at	CA1
	205950_s_at	CA2
8	220834_at	MS4A12
7	206784_at	AQP8
6	203908_at	SLC4A4
	206198_s_at	CEACAM7
	205547_s_at	TAGLN
	207003_at	GUCA1B
	206422_at	GCG
	209613_s_at	ADH1B
	207245_at	UGT2B 17
5	206134_at	ADAMDEC1
	217546_at	MT1M
	206561_s_at	AKR1B10
	211719_x_at	FN1
	202291_s_at	MGP
	209687_at	CXCL12
4	225207_at	PDK4
	206208_at	CA4
	207080_s_at	PYY
	215118_s_at	IGHA1
	204083_s_at	TPM2
	229070_at	C6orf105

	211548_s_at	HPGD
	206262_at	ADH1C
	210107_at	CLCA1
	205892_s_at	FABP1
	212592_at	ENAM
	205382_s_at	CFD
	207502_at	GUCA2B
	202995_s_at	FBLN1
	206149_at	LOC63928
	204719_at	ABCA8
3	210809_s_at	POSTN
	201893_x_at	DCN
	223597_at	ITLN1
	209156_s_at	COL6A2
	203240_at	FCGBP
	224963_at	SLC26A2
	226303_at	PGM5
	212730_at	DMN
	201141_at	GPNMB
	211959_at	IGFBP5
	205200_at	CLEC3B
	242601_at	LOC253012
	213068_at	DPT
	208383_s_at	PCK1
	203951_at	CNN1
	204818_at	HSD17B2
	219014_at	PLAC8

	209656_s_at	TMEM47
	222722_at	OGN
	201617_x_at	CALD1
	202274_at	ACTG2
	218756_s_at	MGC4172
	210302_s_at	MAB21L2
	228885_at	RPL24
	209735_at	ABCG2
	228504_at	CCDC80
	225242_s_at	UGT1A1
	215125_s_at	MRC1
	204438_at	HSD11B2
	204130_at	ANPEP
	202888_s_at	MATN2
	202350_s_at	PRNP
	201300_s_at	ABI3BP
	223395_at	HLA-C
	214768_x_at	NDE1
	228133_s_at	SRPX
	204955_at	WWTR1
	202133_at	HMGCS2
	204607_at	LOC646627
	238143_at	KRT20
	213953_at	KLF4
	220266_s_at	FHL1
	210299_s_at	ARL14
	220468_at	LUM

	201744_s_at	SORBS1
	218087_s_at	METTL7A
	207761_s_at	FAM129A
	217967_s_at	SCARA5
	229839_at	SI
	206664_at	ACTA2
	200974_at	CD177
	219669_at	C10orf99
	227736_at	COL15A1
	203477_at	NR3C2
	205259_at	

Por lo tanto, se proporciona más particularmente un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix IDs:

220026_at; y/o

(ii) CLCA4

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión del gen o transcripciones del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

En otra realización, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix IDs:

214142_at; y/o

(ii) ZG16

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta al inicio de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

En otra realización más, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix IDs:

209301_at	205950_s_at;

y/o

(ii)

CA2	CA1

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

Todavía en otra realización preferida, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

220834_at; y/o

(ii) MS4A12

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

Todavía en otra realización preferida, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

206784_at; y/o

(ii) AQP8

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

En una realización adicional, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) (i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

203908_at, 206198_s_at, 205547_s_at, 207003_at, 206422_at, 209613_s_at, 207245_at; y/o

(ii) SLC4A4, CEACAM7, TAGLN, GUCA1B, GCG, ADH1B, UGT2B17

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

En otra realización adicional, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición al inicio de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

206134_at, 217546_at, 206561_s_at, 211719_x_at, 202291_s_at, 209687_at; y/o

(ii) ADAMDEC1, MT1M, AKR1B10, FN1, MGP, CXCL12

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

En aún otra realización adicional, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método la detección del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

225207_at	211548_s_at	205382_s_at
206208_at	206262_at	207502_at
207080_s_at	210107_at	202995_s_at
215118_s_at	205892_s_at	206149_at
204083_s_at	212592_at	204719_at
229070_at; y/o		

(ii)

PDK4	HPGD	CFD
CA4	ADH1C	GUCA2B
PYY	CLCA1	FBLN1
IGHA1	FABP1	LOC63928
TPM2	ENAM	ABCA8
C6orf105		

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

En aún otra realización más, se proporciona un método de detección para el inicio o predisposición al inicio de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método la detección del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

210809_s_at	201617_x_at	202133_at
201893_x_at	202274_at	204607_at
223597_at	218756_s_at	238143_at

209156_s_at	210302_s_at	213953_at
203240_at	228885_at	220266_s_at
224963_at	209735_at	210299_s_at
226303_at	228504_at	220468_at
212730_at	225242_s_at	201744_s_at
201141_at	215125_s_at	218087_s_at
211959_at	204438_at	207761_s_at
205200_at	204130_at	217967_s_at
242601_at	202888_s_at	229839_at
213068_at	202350_s_at	206664_at
208383_s_at	201300_s_at	200974_at
203951_at	223395_at	219669_at
204818_at	214768_x_at	227736_at
219014_at	228133_s_at	203477_at
209656_s_at	204955_at	205259_at
222722_at; y/o		

(ii)

POSTN	OGN	WWTR1
DCN	CALD1	HMGCS2
ITLN1	ACTG2	LOC646627
COL6A2	MGC4172	KRT20
FCGBP	MAB21L2	KLF4
SLC26A2	RPL24	FHL1
PGM5	ABCG2	ARL14
DMN	CCDC80	LUM
GPNMB	UGT1A1	SORBS1
IGFBP5	MRC1	METTL7A

CLEC3B	HSD11B2	FAM129A
LOC253012	ANPEP	SCARA5
DPT	MATN2	SI
PCK1	PRNP	ACTA2
CNN1	ABI3BP	CD177
HSD17B2	HLA-C	C10orf99
PLAC8	NDE1	COL15A1
TMEM47	SRPX	NR3C2

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

Preferiblemente, dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

De acuerdo con estos aspectos de la presente descripción, dicho tejido del intestino grueso es preferiblemente tejido colorrectal.

En una realización, dicha expresión se evalúa rastreando los cambios de ADN que impactan en la metilación, en particular la hipermetilación. En otra realización, la expresión se evalúa mediante la asociación de ADN con proteínas de cromatina que llevan modificaciones represivas, por ejemplo, la metilación de las lisinas 9 ó 27 de la histona H3.

El método de detección de la presente invención se puede realizar en cualquier muestra biológica adecuada. Con este fin, la referencia a una "muestra biológica" debe entenderse como una referencia a cualquier muestra de material biológico derivado de un animal tal como, pero no limitado a, material celular, biofluidos (por ejemplo, sangre), heces, muestras de tejido (tales como muestras de biopsia), muestras quirúrgicas o fluido que se ha introducido en el cuerpo de un animal y posteriormente se ha eliminado (como, por ejemplo, la solución recuperada de un lavado de enema). La muestra biológica que se analiza de acuerdo con el método de la presente invención se puede analizar directamente o puede requerir alguna forma de tratamiento antes del ensayo. Por ejemplo, una biopsia o muestra quirúrgica puede requerir homogenización antes de la prueba o puede requerir el corte para la prueba in situ de los niveles de expresión cualitativa de genes individuales. Alternativamente, una muestra de células puede requerir permeabilización antes de la prueba. Además, en la medida en que la muestra biológica no esté en forma líquida, (si tal forma se requiere para la prueba) puede requerir la adición de un reactivo, tal como un tampón, para movilizar la muestra.

En la medida en que el producto de expresión del gen marcador neoplásico esté presente en una muestra biológica, la muestra biológica puede analizarse directamente o, de lo contrario, todo o parte del material de ácido nucleico presente en la muestra biológica puede aislarse antes del ensayo. En otro ejemplo más, la muestra puede purificarse parcialmente o enriquecerse de otro modo antes del análisis. Por ejemplo, en la medida en que una muestra biológica comprenda una población celular muy diversa, puede ser deseable enriquecer para una subpoblación de particular interés. Está dentro del alcance de la presente invención que la población de células diana o las moléculas derivadas de las mismas se pretraten antes de la prueba, por ejemplo, la inactivación del virus vivo o que se realice en un gel. También debe entenderse que la muestra biológica puede recogerse recientemente o puede haber sido almacenada (por ejemplo, mediante congelación) antes de la prueba o tratada de otro modo antes de la prueba (tal como sometiéndose a cultivo).

La elección de qué tipo de muestra es la más adecuada para probar de acuerdo con el método divulgado en este documento dependerá de la naturaleza de la situación. Preferiblemente, dicha muestra es una muestra fecal (de heces), lavado con enema, resección quirúrgica, muestra de tejido o sangre.

En un aspecto relacionado, se ha determinado que algunos de los marcadores definidos anteriormente en esta memoria son más indicativos del desarrollo de adenoma frente al desarrollo de cáncer o viceversa. Este es un hallazgo extremadamente valioso ya que permite caracterizar más específicamente la naturaleza probable de un neoplasma que se detecta en virtud del método de la presente invención.

Por consiguiente, en un aspecto relacionado, la presente descripción se refiere a un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método seleccionar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

200600_at	203680_at	211959_at	218469_at
200665_s_at	203729_at	211964_at	218559_s_at
200799_at	203748_x_at	211985_s_at	219087_at
200845_s_at	204069_at	211990_at	219607_s_at
200859_x_at	204122_at	211991_s_at	221541_at
200897_s_at	204135_at	212077_at	222043_at
200974_at	204438_at	212091_s_at	222453_at
200986_at	204457_s_at	212136_at	222513_s_at
201041_s_at	204570_at	212158_at	223121_s_at
201061_s_at	204688_at	212185_x_at	223122_s_at
201069_at	205412_at	212195_at	223235_s_at
201105_at	205683_x_at	212230_at	223343_at
201137_s_at	205935_at	212233_at	224560_at
201141_at	207134_x_at	212265_at	224694_at
201150_s_at	207266_x_at	212386_at	224840_at
201289_at	208131_s_at	212387_at	224964_s_at
201300_s_at	208370_s_at	212397_at	225242_s_at
201426_s_at	208747_s_at	212414_s_at	225269_s_at
201438_at	208788_at	212419_at	225353_s_at
201616_s_at	208789_at	212464_s_at	225381_at
201617_x_at	208894_at	212667_at	225442_at
201645_at	209047_at	212671_s_at	225602_at
201667_at	209101_at	212713_at	225604_s_at
201743_at	209138_x_at	212764_at	225626_at
201744_s_at	209147_s_at	212956_at	225688_s_at

201842_s_at	209156_s_at	213428_s_at	225710_at
201852_x_at	209191_at	213509_x_at	226001_at
201858_s_at	209209_s_at	213746_s_at	226051_at
201859_at	209210_s_at	213891_s_at	226084_at
201865_x_at	209312_x_at	214038_at	226103_at
201893_x_at	209335_at	214677_x_at	226430_at
201920_at	209436 at	214752_x_at	226682_at
202007_at	209457_at	215049_x_at	226694_at
202069_s_at	209496_at	215076_s_at	226818_at
202133_at	209621_s_at	215193_x_at	226834_at
202283_at	209651_at	215382_x_at	226841_at
202291_s_at	209656_s_at	215388_s_at	227061_at
202403_s_at	209868_s_at	216442_x_at	227099_s_at
202620_s_at	210084_x_at	216474_x_at	227235_at
202686_s_at	210133_at	216834_at	227404_s_at
202760_s_at	210139_s_at	217480_x_at	227529_s_at
202766_s_at	210495_x_at	217757_at	227561_at
202953_at	210517_s_at	217762_s_at	227623_at
202957_at	210764_s_at	217764_s_at	227705_at
202994_s_at	210809_s_at	217767_at	227727_at
202995_s_at	210982_s_at	217897_at	228507_at
203066_at	211161_s_at	218162_at	228750_at
203131_at	211596_s_at	218224_at	228846_at
203305_at	211671_s_at	218312_s_at	229530_at
203382_s_at	211719_x_at	218353_at	230264_s_at
203477_at	211813_x_at	218418_s_at	231579_s_at
203645_s_at	211896_s_at	218468_s_at	234987_at;

y/o

(ii)

A2M	CYBRD1	LGALS1	PRKAR2B
ACAT1	CYR61	LOC283666	PRNP
ACTA2	DCN	LOC339562	PTGIS
AKAP12	DDR2	LOC387763	PTRF
ANKRD25	DSCR1	LOC399959	QKI
ANTXR1	DUSP1	LRIG1	RAB31
AP1S2	DUSP5	LUM	RARRES2
APOE	EFEMP1	MAFB	RBMS1
AQP1	EGR1	MAP1B	RDX
ASPN	ELOVL5	MEIS1	RELL1
ATP2B4	EMP3	MFAP4	RGS1
AXL	F13A1	MGP	RGS5
C10orf56	FBLN1	MMP2	SDC2
C1QB	FBN1	MPEG1	SELM
C1QC	FILIP1L	MRC1	SEPT6
C1S	FKBP5	MRGPRF	SERPINF1
C20orf118	FLNA	MS4A4A	SERPING1
C3	FN1	MS4A7	SFRP2
C9orf19	FOXF1	MSN	SGCE
CALD1	FXYD6	MT2A	SLC20A1
CALM1	GALNAC4S-6ST	MXD1	SMOC2
CCDC80	GAS1	NEXN	SORBS1
CCL11	GJA1	NIDI	SPARC
CCL8	GNG2	NR3C1	SPON1
CD14	GPNMB	OLFML3	SRGN
CD163	GREM1	PAG1	STOM

CES2	GUCY1A3	PALLD	TBC1D9
CFHR1	HCLS1	PALM2-	TCEAL7
CLU	HLA-DPA1	AKAP2	TGFB1I1
COL14A1	HLA-DPB1	PDGFRA	TIMP2
COL15A1	HLA-DQA1	PDLIM3	TIMP3
COL1A2	HLA-DRA	PHLDB2	TMEM47
COL3A1	HLA-DRB1	PLEKHC1	TNC
COL4A2	HSPA1A	PLOD2	TPSAB1
COL6A1	IDH3A	PMP22	TPSB2
COL6A2	IGFBP5	PNMA1	TUBB6
COL6A3	IGL@	POSTN	TYROBP
COX7A1	IGLJ3	PPAP2A	VIM
CRISPLD2	IL6ST	PPAP2B	WWTR1
CTGF	KLHL5	PRDX6	ZSCAN18

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un menor nivel de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta a la aparición de un estado de adenoma.

En otra realización preferida de este aspecto de la presente descripción, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición al inicio de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionado de:

(i) el gen o genes detectados por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

200884_at	206000_at	214598_at	226147 s at
201495_x_at	206094_x_at	214916_x_at	226302 at
202266_at	206262_at	215125_s_at	226594_at
202350_s_at	206377_at	215299_x_at	226654_at
202731_at	206385_s_at	215867_x_at	226811_at
202741_at	206664_at	216336_x_at	227052 at
202742_s_at	207126_x_at	216491_x_at	227522_at
202768_at	207245_at	216510_x_at	227682_at

202838_at	207390_s_at	217022_s_at	227725_at
203058_s_at	207392_x_at	217109_at	227735_s_at
203060_s_at	207432_at	217110_s_at	227736_at
203240_at	207761_s_at	217165_x_at	228133_s_at
203296_s_at	208596_s_at	217232_x_at	228195_at
203343_at	208920_at	217414_x_at	228232_s_at
203474_at	209114_at	218541_s_at	228241_at
203638_s_at	209374_s_at	218546_at	228469_at
203963_at	209458_x_at	219059_s_at	228961_at
204018_x_at	209791_at	219543_at	229070_at
204034_at	210107_at	219796_s_at	229254_at
204036_at	210524_x_at	219948_x_at	229659_s_at
204130_at	210735_s_at	220075_s_at	229831_at
204388_s_at	211372_s_at	220266_s_at	230595_at
204389_at	211538_s_at	220468_at	231925_at
204508_s_at	211549_s_at	220645_at	231975_s_at
204532_x_at	211637_x_at	220812_s_at	233565_s_at
204607_at	211699_x_at	221004_s_at	235146_at
204673_at	211745_x_at	221305_s_at	235766_x_at
204818_at	212224_at	221584_s_at	235849_at
204895_x_at	212592_at	221841_s_at	238143_at
204897_at	212741_at	221896_s_at	238750_at
205112_at	212814_at	223484_at	238751_at
205259_at	213317_at	223597_at	239272_at
205403_at	213451_x_at	223754_at	241994_at
205480_s_at	213629_x_at	224342_x_at	242447_at
205554_s_at	213921_at	224989_at	242601_at

205593_s_at	213953_at	224990_at	243278_at;
205892_s_at	214164_x_at	225458_at	y/o
205929_at	214433_s_at	225728_at	

(ii)

ADH1C	FGFR2	LOC646627	PTGER4
AGR3	FOSB	LOC652128	RAB27A
ALDH1A1	FOXF2	LOC96610	SCARA5
ANK3	FOXP2	MAOA	SDCBP2
ARL14	FUCA1	MATN2	SELENBP1
ATP1A2	GPA33	MEP1A	SI
ATP8B1	HBA1	METTL7A	SMTN
BEST2	HBA2	MFSD4	SORBS2
C10orf99	HBB	MGC13057	SRI
C15orf48	HHLA2	MIER3	SST
C1orf115	HIGD1A	MMP28	ST6GALNAC1
C4orf34	HMGCS2	MT1A	SULT1A1
C6orf105	HPGD	MT1F	TNXB
C8orf4	HSD11B2	MT1M	TSPAN1
CA12	HSD17B2	MUC12	TTRAP
CCL28	HSPA2	MUC2	UGDH
CKB	IGHA1	MUC4	UGP2
CLCA1	IGHM	MUCDHL	UGT1A1
CLDN8	IL1R2	MYH11	UGT1A3
CLIC5	IL8	NDE1	UGT1A6
CMBL	IQGAP2	NR3C2	UGT1A8
CNTN3	ITLN1	P2RY1	UGT1A9
DNASE1L3	ITM2C	PADI2	UGT2A3

EDG2	KCNMA1	PAPSS2	UGT2B 15
ENAM	KIAA0828	PBLD	UGT2B17
ENTPD5	KLF4	PDCD4	VSIG2
ETHE1	KRT20	PDE9A	XDH
FABP1	LOC253012	PIGR	XLKD1
FAM46C	LOC25845	PLCE1	ZCWPW2
FAM55D	LOC285382	PPID	
FCGBP	LOC572558	PRKACB	

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula cancerosa o una célula predispuesta a la aparición de un estado de cáncer.

De acuerdo con estos aspectos, dichos niveles de control son preferiblemente niveles no neoplásicos y dicho tejido del intestino grueso es tejido colorrectal. Incluso más preferiblemente, dicha muestra biológica es una muestra de heces o muestra de sangre.

En una realización, dicha expresión se evalúa rastreando los cambios de ADN que impactan en la metilación, en particular la hipermetilación. En otra realización, la expresión se evalúa mediante la asociación de ADN con proteínas de cromatina que llevan modificaciones represivas, por ejemplo, la metilación de las lisinas 9 ó 27 de la histona H3.

En un aspecto relacionado, se ha determinado que una subpoblación de los marcadores de la presente descripción no solo se expresa a niveles inferiores a los niveles normales, sino que su patrón de expresión se caracteriza únicamente por el hecho de que los niveles de expresión por encima de los niveles de control de fondo no son detectables en tejidos neoplásicos. Esta determinación, por lo tanto, ha permitido el desarrollo de sistemas de evaluación cualitativos que están diseñados simplemente para detectar la expresión del marcador en relación con un nivel de fondo de control. De acuerdo con este aspecto de la presente invención, dicho "nivel de control" es, por lo tanto, el "nivel de fondo".

De acuerdo con este aspecto, se proporciona por lo tanto un método de exploración para el inicio o predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

202920_at	209613_s_at	228504_at	214598_at
203881_s_at	220037_s_at	228706_s_at	219948_x_at
204719_at	220376_at	228766_at	220812_s_at
204931_at	222717_at	228854_at	221305 s_at
204940_at	224412_s_at	228885_at	229831_at
205433_at	225381_at	230788_at	231925_at
206637_at	225575_at	231120_x_at	235146_at
207080_s_at	227529_s_at	231773_at	238751_at

207980_s_at	227623_at	203296_s_at	243278_at;
209170_s_at	227705_at	206664_at	
209209_s_at	227827_at	211549_s_at	

y/o

(ii)

ADH1B	CD36	P2RY1	PLEKHC1
SORBS2	BCHE	ANK2	LRRC19
PYY	TCEAL7	XLKD1	LIFR
ABCA8	ANGPTL1	LOC399959	ATP1A2
RPL24	DMD	AKAP12	HPGD
SI	GCNT2	UGT2A3	GPM6B
CLDN8	SDPR	HHLA2	UGT1A8
P2RY14	PKIB	SORBS2	FOXP2
PLN	CITED2	CLDN23	
TRPM6	TCF21	CNTN3	

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) que no está sustancialmente por encima de los niveles de fondo es indicativo de una célula neoplásica o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

En una realización más preferida, dichos genes o transcripciones se seleccionan de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

209613_s_at, 227827_at, 204719_at, 228504_at, 228885_at, 206664_at, 207080_s_at; y/o

(ii) ADH1B, SORBS2, PYY, ABCA8, RPL24, SI

Preferiblemente, dicha neoplasia es un adenoma o un adenocarcinoma y dicho tejido gastrointestinal es tejido colorrectal.

En otra realización más, se ha determinado que una subpoblación adicional de estos marcadores es más característica del desarrollo de adenoma, mientras que otros son más característicos del desarrollo del cáncer. Por consiguiente, se proporciona un medio conveniente de obtener cualitativamente información indicativa en relación con las características del neoplasma en cuestión.

De acuerdo con esta realización, se proporciona un método para seleccionar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

209209_s_at, 225381_at, 227529_s_at, 227623_at, 227705_at; y/o

(ii) AKAP12, LOC399959, PLEKHC1, TCEAL7

en una muestra biológica de dicho individuo en donde un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) que no está sustancialmente por encima de los niveles de fondo es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado de adenoma.

Todavía en otra realización preferida, se proporciona un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método el cribado del nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

203296_s_at	219948_x_at	231925_at
206664_at	220812_s_at	235146_at
211549_s_at	221305_s_at	238751_at
214598_at	229831_at	243278_at;

y/o

(ii)

ATP1A2	HHLA2	SORBS2
CLDN8	HPGD	UGT1A8
CNTN3	P2RY1	UGT2A3
FOXP2	SI	

en una muestra biológica de dicho individuo en donde un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) que no está sustancialmente por encima de los niveles de fondo es indicativo de una célula cancerosa o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

Preferiblemente, dicho tejido del intestino grueso es tejido colorrectal.

Más preferiblemente, dicha muestra biológica es una muestra de materia fecal o una muestra de sangre.

En una realización, dicha expresión se evalúa rastreando los cambios de ADN que impactan en la metilación, en particular la hipermetilación. En otra realización, la expresión se evalúa mediante la asociación de ADN con proteínas de cromatina que llevan modificaciones represivas, por ejemplo, la metilación de las lisinas 9 ó 27 de la histona H3.

Como se detalla anteriormente en la presente memoria, la presente invención está diseñada para detectar una población celular o celular neoplásica, que se localiza en el intestino grueso. Por consiguiente, la referencia a "población celular o célula" debe entenderse como una referencia a una célula individual o a un grupo de células. Dicho grupo de células puede ser una población difusa de células, una suspensión celular, una población de células encapsuladas o una población de células que toman la forma de un tejido.

La referencia a "expresión" se debe entender como una referencia a la transcripción y/o traducción de una molécula de ácido nucleico. A este respecto, la presente invención se ejemplifica con respecto al cribado de productos de expresión de marcadores neoplásicos que toman la forma de transcritos de ARN (por ejemplo, ARN primario o ARNm). La referencia a "ARN" debe entenderse que abarca la referencia a cualquier forma de ARN, tal como ARN primario o ARNm. Sin limitar la presente invención de ninguna manera, la modulación de la transcripción génica que conduce a una síntesis de ARN aumentada o disminuida también se correlacionará con la traducción de algunos de estos transcritos de ARN (tales como ARNm) para producir un producto de proteína.

Por consiguiente, la presente invención también se extiende a la metodología de detección que se dirige al cribado de niveles modulados o patrones de los productos de proteína marcadora neoplástica como un indicador del estado neoplásico de una población celular o célula. Aunque un método es seleccionar las transcripciones de ARNm y/o el producto proteico correspondiente, debe entenderse que la presente invención no está limitada a este respecto y se extiende al cribado de cualquier otra forma de producto de expresión de marcador neoplásico tal como, por ejemplo, una transcripción de ARN primaria.

En términos de cribado para la regulación por disminución de la expresión de un marcador, también sería bien conocido por la persona experta en la técnica que los cambios que son detectables a nivel de ADN son indicativos de cambios en la actividad de expresión génica y por lo tanto cambios en los niveles de productos de expresión. Tales cambios incluyen, pero no están limitados a, cambios en la metilación del ADN. Por consiguiente, la referencia en este documento a "detectar el nivel de expresión" y la comparación de estos "niveles de expresión" para controlar "niveles de expresión" debe entenderse como una referencia para evaluar factores de ADN que están relacionados con la transcripción, como los patrones de metilación de genes/ADN.

También sería conocido por las personas expertas en la técnica que los cambios en la estructura de la cromatina son indicativos de cambios en la expresión génica. El silenciamiento de la expresión génica a menudo está asociado con la modificación de las proteínas de la cromatina, la metilación de las lisinas en una o ambas posiciones 9 y 27 de la histona H3 son ejemplos bien estudiados, mientras que la cromatina activa está marcada por la acetilación de la lisina 9 de la histona H3. De este modo, la asociación de secuencias génicas con cromatina que lleva modificaciones represivas o activas puede usarse para realizar una evaluación del nivel de expresión de un gen.

Está dentro de la habilidad de la persona experta en la técnica determinar el método de detección más apropiado para cualquier situación dada. Con este fin, los genes que se sabe que codifican un producto de expresión que es secretado por la célula o el límite de membrana se detallan en la tabla a continuación. Se apreciará que el cribado de marcadores neoplásicos que se secretan o se unen a la membrana puede proporcionar ventajas particulares en términos del diseño de un producto de detección de diagnóstico.

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
200600_at	205593_s_at	212185_x_at	224480_s_at
200845_s_at	205765_at	212192_at	224663_s_at
200859_x_at	205892_s_at	212224_at	224694_at
200884_at	205927_s_at	212230_at	224823_at
200897_s_at	205929_at	212233_at	224836_at
200974_at	205935_at	212265_at	224840_at
201041_s_at	205935_at	212288_at	224959_at
201058_s_at	205950_s_at	212386_at	224963_at
201061_s_at	206000_at	212387_at	224964_s_at
201069_at	206094_x_at	212397_at	224989_at
201105_at	206143_at	212414_s_at	224990_at
201137_s_at	206149_at	212419_at	225207_at
201300_s_at	206198_s_at	212671_s_at	225242_s_at
201324_at	206199_at	212730_at	225269_s_at
201426_s_at	206208_at	212741_at	225381_at
201539_s_at	206209_s_at	212764_at	_ 225442_at
201540_at	206262_at	212814_at	225458_at
201616_s_at	206377_at	212859_x_at	225575_at

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
201617_x_at	206385_s_at	212956_at	225602_at
201667_at	206461_x_at	213106_at	225604_s_at
201739_at	206561_s_at	213317_at	225626_at
201743_at	206576_s_at	213509_x_at	225710_at
201865_x_at	206637_at	213629_x_at	225720_at
201920_at	206664_at	213746_s_at	225721_at
201957_at	206710_s_at	213891_s_at	225782_at
202007_at	206784_at	213953_at	225894_at
202069_s_at	207126_x_at	214027_x_at	225895_at
202133_at	207245_at	214234_s_at	226001_at
202242_at	207266_x_at	214235_at	226051_at
202266_at	207390_s_at	214414_x_at	226084_at
202274_at	207392_x_at	214433_s_at	226103_at
202388_at	207432_at	214505_s_at	226147_s_at
202555_s_at	207761_s_at	214598_at	226248_s_at
202620_s_at	207980_s_at	214677_x_at	226302_at
202686_s_at	208063_s_at	214696_at	226303_at
202731_at	208131_s_at	214752_x_at	226304_at
202741_at	208370_s_at	214768_x_at	226333_at
202742_s_at	208383_s_at	214777_at	226430_at
202746_at	208450_at	215049_x_at	226594_at
202760_s_at	208581_x_at	215118_s_at	226654_at
202768_at	208596_s_at	215125_s_at	226682_at
202888_s_at	208763_s_at	215176_x_at	226694_at
202920_at	208788_at	215193_x_at	226811_at
202957_at	208789_at	215299_x_at	226818_at

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
202992_at	208920_at	215657_at	226834_at
202994_s_at	208937_s_at	216207_x_at	226841_at
202995_s_at	209047_at	216336_x_at	227006_at
203000_at	209074_s_at	216401_x_at	227052_at
203001_s_at	209114_at	216491_x_at	227061_at
203058_s_at	209116_x_at	216576_x_at	227099_s_at
203060_s_at	209138_x_at	216834_at	227235_at
203066_at	209147_s_at	216984_x_at	227404_s_at
203131_at	209156_s_at	217022_s_at	227522_at
203240_at	209167_at	217148_x_at	227529_s_at
203305_at	209170_s_at	217165_x_at	227561_at
203343_at	209191_at	217232_x_at	227623_at
203382_s_at	209209_s_at	217235_x_at	227662_at
203474_at	209210_s_at	217378_x_at	227682_at
203638_s_at	209283_at	217414_x_at	227705_at
203645_s_at	209301_at	217480_x_at	227719_at
203680_at	209312_x_at	217546_at	227725_at
203729_at	209357_at	217762_s_at	227727_at
203748_x_at	209373_at	217764_s_at	227735_s_at
203766_s_at	209374_s_at	217897_at	227736_at
203908_at	209457_at	217967_s_at	228202_at
203913_s_at	209458_x_at	218087_s_at	228232_s_at
203914_x_at	209498_at	218211_s_at	228469_at
203951_at	209612_s_at	218224_at	228504_at
203980_at	209613_s_at	218312_s_at	228507_at
204018_x_at	209621_s_at	218353_at	228640_at

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
204034_at	209651_at	218418_s_at	228766_at
204036_at	209656_s_at	218546_at	228846_at
204069_at	209667_at	218559_s_at	228854_at
204083_s_at	209668_x_at	219014_at	228961_at
204122_at	209868_s_at	219059_s_at	229070_at
204130_at	209948_at	219508_at	229254_at
204135_at	210107_at	219543_at	229530_at
204326_x_at	210139_s_at	219607_s_at	229659_s_at
204388_s_at	210298_x_at	219796_s_at	229831_at
204389_at	210299_s_at	219948_x_at	229839_at
204438_at	210302_s_at	219955_at	230087_at
204457_s_at	210517_s_at	220026_at	230264_s_at
204532_x_at	210524_x_at	220037_s_at	230595_at
204570_at	210524_x_at	220075_s_at	230788_at
204607_at	210946_at	220266_s_at	230830_at
204688_at	211372_s_at	220376_at	231120_x_at
204697_s_at	211538_s_at	220468_at	231832_at
204719_at	211548_s_at	220812_s_at	231925_at
204745_x_at	211549_s_at	220834_at	231975_s_at
204818_at	211596_s_at	221004_s_at	232176_at
204894_s_at	211637_x_at	221305_s_at	232481_s_at
204897_at	211643_x_at	221667_s_at	233565_s_at
204931_at	211645_x_at	221747_at	234987_at
204938_s_at	211671_s_at	221748_s_at	235146_at
204939_s_at	211696_x_at	221841_s_at	235766_x_at
204940_at	211699_x_at	221874_at	235849_at

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
204955_at	211745_x_at	221896_s_at	235976_at
205097_at	211798_x_at	222513_s_at	236300_at
205112_at	211848_s_at	222717_at	236313_at
205259_at	211889_x_at	223235_s_at	236894_at
205267_at	211964_at	223343_at	237521_x_at
205403_at	211985_s_at	223395_at	238750_at
205412_at	211990_at	223484_at	241994_at
205433_at	211991_s_at	223551_at	242317_at
205464_at	212077_at	223597_at	242447_at
205480_s_at	212097_at	223623_at	242601_at
205547_s_at	212136_at	224352_s_at	243278_at
205554_s_at	212158_at	224412_s_at	
ABCA8	EGR1	LOC25845	PPID
ABI3BP	ELOVL5	LOC283666	PPP1R12B
ACAT1	EMP1	LOC285382	PPP1R14A
ACTA2	EMP3	LOC339562	PRDX6
ACTG2	ENTPD5	LOC387763	PRIMA1
ADH1B	EPB41L3	LOC399959	PRKACB
ADH1C	ETHE1	LOC572558	PRKAR2B
AKAP12	F13A1	LOC63928	PRNP
AKR1B10	FABP1	LOC652128	PTGER4
ALDH1A1	FABP4	LOC652745	PTGIS
ANK2	FAM107A	LRIG1	PTRF
ANK3	FAM129A	LRRC19	QKI
ANKRD25	FAM46C	MAB21L2	RAB27A
ANPEP	FBLN1	MAFB	RAB31

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
ANTXR1	FCGBP	MAG1	RBMS1
AOC3	FGFR2	MALL	RDX
AP1S2	FHL1	MAOA	RELL1
APOE	FILIP1L	MAP1B	RGS1
AQP1	FKBP5	MEIS1	RGS2
AQP8	FLNA	MEP1A	RGS5
ARL14	FNBP1	METTL7A	SCARA5
ATP2B4	FOSB	MFSD4	SCNN1B
ATP8A1	FOXF1	MGC14376	SDC2
AXL	FOXF2	MIER3	SDCBP2
BCHE	FOXP2	MLPH	SDPR
BEST2	FXYD6	MMP2	SELENBP1
C10orf56	GALNAC4S-	MPEG1	SELM
C10orf99	6ST	MPEG1	SGCE
C15orf48	GAS1	MRC1	SGK
C1orf115	GCNT2	MRGPRF	SI
C20orf118	GCNT3	MS4A12	SLC20A1
C2orf40	GJA1	MS4A4A	SLC26A2
C4orf34	GNG2	MS4A7	SLC26A3
C6orf105	GPA33	MSN	SLC4A4
C6orf204	GPM6B	MSRB3	SLITRK6
C7	GUCY1A3	MT1A	SMOC2
C9orf19	HBA1	MT1E	SMTN
CA1	HBA2	MT1F	SORBS 1
CA2	HBB	MT1G	SRI
CA4	HCLS1	MT1H	SRPX

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
CALD1	HHLA2	MT1M	ST6GALNAC1
CALM1	HIGD1A	MT1X	STMN2
CAPN9	HLA-C	MT2A	STOM
CAV1	HLA-DPA1	MUC12	SULT1A1
CCDC80	HLA-DPB1	MUCDHL	SYNPO2
CCL28	HLA-DQA1	MXD1	TAGLN
CD14	HLA-DRB1	MYL9	TBC1D9
CD163	HMGCS2	MYLK	TCEAL7
CD36	HPGD	NEXN	TCF21
CDKN2B	HSD11B2	NIDI	TGFB1I1
CEACAM1	HSD17B2	NR3C1	TMEM47
CEACAM7	HSPA2	NR3C2	TNS1
CES2	HSPB6	OSTbeta	TP53INP2
CFL2	HSPB8	P2RY1	TPM2
CHGA	ID1	P2RY14	TRPM6
CITED2	IDH3A	PAG1	TSC22D3
CKB	IGHA1	PALLD	TSPAN1
CLCA1	IGHM	PALM2-	TSPAN7
CLCA4	IGKV1D-13	AKAP2	TTRAP
CLDN8	IGL@	PAPSS2	TUBB6
CLIC5	IGLJ3	PBLD	TYROBP
CMBL	IL1R2	PCK1	UGDH
CNN1	IQGAP2	PDCD4	UGP2
CNTN3	ITLN1	PDE9A	UGT1A1
COL4A2	ITM2A	PDGFRA	UGT1A3
COL6A2	ITM2C	PDK4	UGT1A6

El gen o los genes detectados por la sonda Affymetrix no:			
COX7A1	KCNMA1	PDLIM3	UGT1A8
CRYAB	KCNMB1	PGM5	UGT1A9
CTSE	KCTD12	PIGR	UGT2A3
CYP3A5	KIAA0828	PKIB	UGT2B15
CYP3A5P2	KIAA1324	PLAC8	UGT2B17
DDR2	KLF4	PLCE1	VIM
DES	KLHL5	PLEKHC1	VSIG2
DMN	KRT20	PLN	WDR51B
DNASE1L3	L1TD1	PLOD2	WWTR1
DSCR1	LGALS1	PMP22	XDH
DUSP1	LGALS2	PNMA1	XLKD1
DUSP5	LIFR	POU2AF1	ZSCAN18
EDG2	LMOD1	PPAP2A	LOC253012
PPAP2B			

La referencia a "molécula de ácido nucleico" debe entenderse como una referencia tanto a moléculas de ácido desoxirribonucleico como a moléculas de ácido ribonucleico y a fragmentos de las mismas. La presente invención, por lo tanto, se extiende tanto a la detección directa de los niveles de ARNm en una muestra biológica como al cribado del ADNc complementario que se ha transcrito de forma inversa a partir de una población de ARNm de interés. Está dentro de la habilidad de la persona experta en la técnica diseñar una metodología dirigida a la detección de ADN o ARN. Como se detalla anteriormente, el método de la presente invención también se extiende al cribado del producto proteico traducido del ARNm en cuestión o el ADN genómico en sí mismo.

En una realización preferida, el nivel de expresión génica se mide por referencia a genes que codifican un producto de proteína y, más particularmente, dicho nivel de expresión se mide al nivel de las proteínas. Por consiguiente, en la medida en que la presente descripción se dirige al cribado de marcadores que se detallan en la tabla anterior, dicho cribado se dirige preferiblemente a la proteína codificada.

En otra realización particularmente preferida, dicha expresión génica se evalúa analizando la metilación del ADN genómico. En otra realización, la expresión se evalúa mediante la asociación de ADN con proteínas de cromatina que llevan modificaciones represivas, por ejemplo, la metilación de las lisinas 9 ó 27 de la histona H3.

Como se detalla anteriormente, debe entenderse que aunque la presente invención se ejemplifica con respecto a la detección de moléculas de ácido nucleico expresadas (por ejemplo, ARNm), también abarca métodos de detección basados en el cribado del producto proteico de los genes en cuestión. La presente invención también debe entenderse que abarca métodos de detección basados en la identificación de proteínas y/o moléculas de ácido nucleico en una o más muestras biológicas. Esto puede ser de particular importancia en la medida en que algunos de los marcadores neoplásicos de interés pueden corresponder a genes o fragmentos de genes que no codifican un producto proteico. De acuerdo con esto, en la medida en que esto ocurra, no sería posible evaluar una proteína y el marcador en cuestión tendría que evaluarse sobre la base de los perfiles de expresión de transcripción o cambios en el ADN genómico.

El término "proteína" debe entenderse que abarca péptidos, polipéptidos y proteínas (incluyendo fragmentos de proteínas). La proteína puede estar glicosilada o no glicosilada y/o puede contener un rango de otras moléculas fusionadas, enlazadas, unidas o asociadas de otro modo a la proteína, tal como aminoácidos, lípidos, carbohidratos u

otros péptidos, polipéptidos o proteínas. La referencia en este documento a una "proteína" incluye una proteína que comprende una secuencia de aminoácidos así como una proteína asociada con otras moléculas tales como aminoácidos, lípidos, carbohidratos u otros péptidos, polipéptidos o proteínas.

Las proteínas codificadas por los marcadores neoplásicos de la presente invención pueden estar en forma multimérica lo que significa que dos o más moléculas se asocian juntas. Cuando las mismas moléculas de proteína se asocian juntas, el complejo es un homomultímero. Un ejemplo de homomultímero es un homodímero. Cuando al menos una proteína marcadora está asociada con al menos una proteína no marcadora, entonces el complejo es un heteromultímero tal como un heterodímero.

La referencia a un "fragmento" se debe entender como una referencia a una porción de la molécula o proteína de ácido nucleico en cuestión. Esto es particularmente relevante con respecto al cribado de niveles de ARN modulados en muestras de heces ya que es probable que el ARN en cuestión se haya degradado o fragmentado debido al entorno del intestino. Por lo tanto, uno puede realmente detectar fragmentos de la molécula de ARN en cuestión, cuyos fragmentos se identifican en virtud del uso de una sonda adecuadamente específica.

La referencia al "inicio" de una neoplasia, tal como adenoma o adenocarcinoma, debe entenderse como una referencia a una o más células de ese individuo que presenta displasia. En este sentido, el adenoma o adenocarcinoma puede estar bien desarrollado porque se ha desarrollado una masa de células displásicas. Alternativamente, el adenoma o el adenocarcinoma pueden estar en una etapa muy temprana en que solo se han producido relativamente pocas divisiones celulares anormales en el momento del diagnóstico. La presente invención también se extiende a la evaluación de la predisposición de un individuo al desarrollo de una neoplasia, tal como un adenoma o adenocarcinoma. Sin limitar la presente invención de ninguna manera, los niveles modificados de los marcadores neoplásicos pueden ser indicativos de la predisposición de ese individuo para desarrollar una neoplasia, tal como el desarrollo futuro de un adenoma o adenocarcinoma u otro adenoma o adenocarcinoma.

En otro aspecto relacionado de la presente descripción, se han identificado marcadores que permiten la caracterización del tejido neoplásico del intestino grueso en términos de si se trata de un adenoma o un cáncer. Este desarrollo ahora proporciona un medio simple pero preciso para caracterizar el tejido utilizando medios que no sean los métodos tradicionales que se utilizan actualmente.

De acuerdo con este aspecto de la presente descripción, se proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por Affymetrix probeset IDs:

200600_at	202859_x_at	210764_s_at	219087 at
200665_s_at	202878_s_at	210809_s_at	221011_s_at
200832_s_at	202917_s_at	211161_s_at	221729_at
200974_at	202998_s_at	211571_s_at	221730_at
200986_at	203083_at	211719_x_at	221731_x_at
201058_s_at	203325_s_at	211813_x_at	37892_at
201069_at	203382_s_at	211896_s_at	223122_s_at
201105_at	203477_at	211959_at	223235_s_at
201141_at	203570_at	211964_at	224560_at
201147_s_at	203645_s_at	211966_at	224694_at
201150_s_at	203878_s_at	211980_at	224724_at
201162_at	204006_s_at	211981_at	225664_at

201163_s_at	204051_s_at	212077_at	225681_at
201185_at	204122_at	212344_at	225710_at
201261_x_at	204320_at	212353_at	225799_at
201289_at	204475_at	212354_at	226237_at
201426_s_at	204620_s_at	212464_s_at	226311_at
201438_at	205479_s_at	212488_at	226694_at
201616_s_at	205547_s_at	212489_at	226777_at
201645_at	205828_at	212667_at	226930_at
201667_at	207173_x_at	213125_at	227099_s_at
201744_s_at	207191_s_at	213428_s_at	227140_at
201792_at	208747_s_at	213524_s_at	227566_at
201842_s_at	208782_at	213869_x_at	229218_at
201852_x_at	208788_at	213905_x_at	229802_at
201859_at	208850_s_at	214247_s_at	231579_s_at
201893_x_at	208851_s_at	215049_x_at	231766_s_at
202237_at	209101_at	215076_s_at	231879_at
202238_s_at	209156_s_at	215646_s_at	232458_at
202283_at	209218_at	216442_x_at	233555_s_at
202291_s_at	209395_at	217430_x_at	234994_at; y/o
202310_s_at	209396_s_at	217762_s_at	
202311_s_at	209596_at	217763_s_at	
202403_s_at	209875_s_at	217764_s_at	
202404_s_at	209955_s_at	218468_s_at	
202450_s_at	210095_s_at	218469_at	
202620_s_at	210495_x_at	218559_s_at	
202766_s_at	210511_s_at	218638_s_at	

(ii)

COL1A2	INHBA	FAP	IGFBP3
CTHRC1	COL6A2	VIM	SERPINF1
FN1	ANTXR1	TIMP2	ISLR
POSTN	GPNMB	SCD	HNT
SPP1	BGN	TIMP3	COL5A1
MMP1	TAGLN	AEBP1	OLFML2B
SPARC	COL4A1	GJA1	KIAA1913
LUM	RAB31	NNMT	PALM2-AKAP2
GREM1	LGALS1	COL1A1	SERPING1
IL8	ELOVL5	SULF2	TYROBP
IGFBP5	MGP	COL6A1	ACTA2
SFRP2	MMP2	SPON2	COL3A1
SULF1	LOXL2	CTSK	PLOD2
ASPN	MYL9	MXRA5	MMP_11
COL6A3	DCN	C1S	CD163
COL8A1	CALD1	DKK3	FCGR3B
COL12A1	FBN1	SRGN	PLAU
COL5A2	MMP3	LBH	MAFB
CDH11	IGFBP7	CTGF	LOC541471
THBS2	FSTL1	TNC	LOC387763
COL15A1	COL4A2	G0S2	CHI3L1
COL11A1	VCAN	SQLE	THY1
S100A8	SMOC2	EFEMP1	LOXL1
FNDC1	HTRA1	APOE	CD93
SFRP4	CYR61	MSN	

en dicha población celular o célula en la que un menor nivel de expresión de los genes del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta a la aparición de un estado de adenoma.

En otro aspecto, se proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix IDs:

200884_at	214234_s_at	226248_s_at
203240_at	214235_at	226302_at
203963_at	214433_s_at	227676_at
204508_s_at	215125_s_at	227719_at
204607_at	215867_x_at	227725_at
204811_s_at	217109_at	228232_s_at
204895_x_at	217110_s_at	229070_at
204897_at	218211_s_at	231832_at
205259_at	219543_at	232176_at
205765_at	219955_at	232481_s_at
205927_s_at	221841_s_at	235976_at
208063_s_at	221874_at	236894_at
208937_s_at	223969_s_at	237521_x_at
210107_at	223970_at	242601_at; y/o
213106_at		

(ii)

CLCA1	ST6GALNAC1	UGT1A1	CYP3A5P2
FCGBP	ID1	SELENBP1	CAPN9
HMGCS2	CYP3A5	PTGER4	NR3C2
RETNLB	CTSE	MLPH	PBLD
L1TD1	C6orf105	KIAA1324	CA12
SLITRK6	CKB	ATP8B1	WDR51B
VSIG2	ATP8A1	CACNA2D2	FAM3D
LOC253012	MUC4	KLF4	

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con un nivel de control del adenoma gastrointestinal es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

Preferiblemente, dicho tejido gastrointestinal es tejido colorrectal.

En una realización, dicha expresión se evalúa rastreando los cambios de ADN que impactan en la metilación, en particular la hipermetilación. En otra realización, la expresión se evalúa mediante la asociación de ADN con proteínas de cromatina que llevan modificaciones represivas, por ejemplo, la metilación de las lisinas 9 ó 27 de la histona H3.

La referencia a un "nivel de control de adenoma" o "nivel de control del cáncer" debe entenderse como una referencia al nivel de dicha expresión génica en una población de células gastrointestinales de adenoma o cáncer, respectivamente. Como se discutió anteriormente en relación con "niveles normales", el nivel del sujeto puede ser un nivel discreto o un intervalo de niveles. Por consiguiente, debe entenderse que la definición de "nivel de control de adenoma" o "nivel de control de cáncer" tiene una definición correspondiente a "nivel normal", aunque en el contexto de la expresión de genes por una población neoplásica de células de intestino grueso.

En términos de este aspecto de la presente invención, el análisis del sujeto se realiza en una población de células neoplásicas. Estas células se pueden derivar de cualquier manera, tales como células neoplásicas desprendidas que se han recogido mediante un lavado con enema o a partir de una muestra gastrointestinal, tal como una muestra de heces. Alternativamente, las células en cuestión pueden haberse obtenido a través de una biopsia u otra técnica quirúrgica.

Sin limitar de ningún modo este aspecto de la descripción, se ha determinado que varios de los marcadores de este aspecto de la presente invención se expresan a niveles particularmente significativos por debajo de los de las células neoplásicas. Por ejemplo, se han observado niveles de expresión disminuidos de 3 a 9 veces con respecto a los siguientes marcadores que son indicativos de adenomas gastrointestinales, cuando se evalúan mediante el método ejemplificado en este documento.

Número de reducciones	**Gen, genes o transcripciones detectadas por la sonda Affymetrix No:**	**Gen**
9	202404_s_at	COL1A2
8	225681_at	CTHRC1
7	212464_s_at	FN1
	210809_s_at	POSTN
6	209875 s at	SPP1
5	221740_at	MMP1
	204475_at	
4	200665_s_at	SPARC
	201744_s_at	LUM
	218468_s_at	GREM1
	202859_x_at	IL8
	211959_at	IGFBP5
	223122_s_at	SFRP2
	212353_at	SULF1
	219087_at	ASPN

Número de reducciones	Gen, genes o transcripciones detectadas por la sonda Affymetrix No:	Gen
	201438_at	COL6A3
	226237_at	COL8A1
	225664_at	COL12A1
	221730_at	COL5A2
	207173_x_at	CDH11
	203083_at	THBS2
	203477_at	COL15A1
3	37892_at	COL11A1
	202917_s_at	S100A8
	226930_at	FNDC1
	204051_s_at	SFRP4
	210511_s_at	INHBA
	209156_s_at	COL6A2
	224694_at	ANTXR1
	201141_at	GPNMB
	213905_x_at	BGN
	205547_s_at	TAGLN

En otro ejemplo, se han observado niveles de expresión disminuidos de entre 3 y 5 veces con respecto a los siguientes marcadores que son indicativos de cánceres gastrointestinales, cuando se evalúan mediante el método ejemplificado en este documento.

Número de reducciones	Gen, genes o transcripciones detectadas por la sonda Affymetrix No:	Gen
5	210107_at	CLCA1
3	203240_at	FCGBP
	204607_at	HMGCS2
	223969_s_at	RETNLB
	219955_at	L1TD1

Número de reducciones	Gen, genes o transcripciones detectadas por la sonda Affymetrix No:	Gen
	232481_s_at	SLITRK6
	228232_s_at	VSIG2
	242601_at	LOC253012
	227725_at	ST6GALNAC1

De acuerdo con esta realización, se proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcritos detectados por Affymetrix probeset IDs:

202404_s_at	212464_at	210809_at;	225681_at;

y/o

(ii)

COL1A2	CTHRC1	FN1	POSTN

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) en relación con un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado de adenoma.

En otra realización, se proporciona un método para caracterizar una población celular o célula neoplásica, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcritos detectados por el conjunto de sondas de Affymetrix IDs:

209875_s_at	227140_at	204475_at;

y/o

(ii)

SPP1	MMP1

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) en relación con un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de una célula de adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado de adenoma.

Preferiblemente, dicho tejido gastrointestinal es tejido colorrectal.

Todavía más preferiblemente, dicha muestra biológica es una muestra de tejido.

En otra realización preferida, la presente descripción se refiere a un método para caracterizar una población celular o célula, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

200665_s_at	212353_at	203083_at	210511_s_at
201744_s_at	219087_at	203477_at	209156_s_at
218468_s_at	226237_at	37892_at	201438_at;
202859_x_at	225664_at	202917_s_at	y/o
211959_at	221730_at	226930_at	
223122_s_at	207173_x_at	204051_s_at	

(ii)

SPARC	ASPN	COL15A1	ANTXR1
LUM	COL6A3	COL11A1	GPNMB
GREM1	COL8A1	S100A8	BGN
IL8	COL12A1	FNDC1	TAGLN
IGFBP5	COL5A2	SFRP4	
SFRP2	CDH11	INHBA	
SULF1	THBS2	COL6A2	

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) con respecto a un nivel de control del cáncer gastrointestinal es indicativo de un adenoma o una célula predispuesta al inicio de un estado adenoma.

En aún otra realización preferida, la presente descripción se refiere a un método para caracterizar una población celular o célula, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

210107_at; y/o

(ii) CLCA1

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) con respecto a un nivel de control del adenoma gastrointestinal es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

En aún otra realización preferida, la presente descripción se refiere a un método para caracterizar una población celular o célula, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

203240_at, 204607_at, 223969_s_at, 219955_at, 232481_s_at, 242601_at, 227725_at, 228232_s_at; y/o

(ii) FCGBP, HMGCS2, RETNLB, L1TD1, SLITRK6, VSIG2, LOC253012, ST6GALNAC1

en una muestra biológica de dicho individuo en el que un nivel inferior de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) con respecto a un nivel de control del adenoma gastrointestinal es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

Preferiblemente, dicho tejido gastrointestinal es tejido colorrectal.

Incluso más preferiblemente, dicha muestra biológica es una muestra de tejido.

En otro aspecto relacionado, se ha determinado que un subconjunto de los marcadores de este aspecto de la presente invención son útiles como marcadores cualitativos de caracterización de tejido neoplásico porque estos marcadores, si no son detectables a niveles sustancialmente superiores a los niveles de fondo en tejido neoplásico, son indicativos de tejido canceroso.

Según este aspecto, la presente descripción proporciona un método para caracterizar una célula neoplásica o población celular, cuya población celular o célula se deriva del intestino grueso de un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcripciones seleccionadas de:

(i) el gen o genes detectados por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

235976_at	236894_at	237521;

y/o

(ii)

SLITRK6	L1TD1

en una muestra biológica de dicho individuo en donde la expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o (ii) a un nivel que no es sustancialmente mayor que los niveles de tejido neoplásico de fondo es indicativo de un cáncer o una célula predispuesta al inicio de un estado canceroso.

Preferiblemente, dicho tejido gastrointestinal es tejido colorrectal.

Todavía más preferiblemente, dicha muestra biológica es una muestra de tejido.

En una realización más preferida, los métodos de la presente descripción se dirigen preferiblemente al cribado de proteínas codificadas por los marcadores de la presente descripción o a cambios en la metilación del ADN del ADN genómico. En otra realización, la expresión se evalúa mediante la asociación de ADN con proteínas de cromatina que llevan modificaciones represivas, por ejemplo, la metilación de las lisinas 9 ó 27 de la histona H3.

Aunque el método preferido es detectar el producto de expresión o cambios en el ADN de los marcadores neoplásicos con el fin de diagnosticar el desarrollo de neoplasias o su predisposición, la detección de cambios inversos en los niveles de dichos marcadores puede desearse bajo ciertas circunstancias, por ejemplo, para monitorear la efectividad del tratamiento terapéutico o profiláctico dirigido a la modulación de un trastorno neoplásico, como el desarrollo de adenoma o adenocarcinoma. Por ejemplo, cuando la expresión reducida de los marcadores en cuestión indica que un individuo ha desarrollado una afección caracterizada por el desarrollo de un adenoma o adenocarcinoma, por ejemplo, el cribado de un aumento en los niveles de estos marcadores posteriormente al inicio de un régimen terapéutico puede utilizarse para indicar inversión u otra forma de mejora de la condición del individuo en cuestión.

El método de la presente invención es, por lo tanto, útil como una prueba única o como un monitor permanente de aquellos individuos que se considera que están en riesgo de desarrollar neoplasias o como un monitor de la efectividad de los regímenes de tratamiento terapéutico o profiláctico dirigidos a inhibir o no ralentizar el desarrollo de neoplasias. En estas situaciones, el mapeo de la modulación de los niveles de expresión de marcadores neoplásicos en una o más clases de muestras biológicas es un indicador valioso del estado de un individuo o de la eficacia de un régimen terapéutico o profiláctico que se usa actualmente. Por consiguiente, debe entenderse que el método de la presente descripción se extiende a la monitorización de aumentos o disminuciones en los niveles de expresión del marcador en un individuo en relación con su nivel normal (como se define anteriormente), niveles de control de fondo, niveles de cáncer, niveles de adenoma o relativos a uno o más niveles de expresión de marcador más tempranos determinados a partir de una muestra biológica de dicho individuo.

Los medios para evaluar los marcadores de neoplasma expresados en el sujeto en una muestra biológica se pueden lograr mediante cualquier método adecuado, que son bien conocidos por las personas expertas en la técnica. Con este fin, se apreciará que, en la medida en que se está examinando una población celular homogénea (como una biopsia tumoral o una población celular que se ha enriquecido a partir de una población de partida heterogénea) o una sección de tejido, se puede utilizar una amplia gama de técnicas tales como hibridación in situ, evaluación de perfiles de expresión mediante microensayos, inmunoensayos y similares (descritos posteriormente en más detalle en este documento) para detectar la ausencia o la regulación a la baja del nivel de expresión de uno o más marcadores de interés. Sin embargo, en la medida en que se explora una población celular heterogénea o un fluido corporal en el que se encuentran poblaciones heterogéneas de células, como una muestra de sangre, la ausencia o reducción en el nivel

de expresión de un marcador particular puede ser indetectable debido a la expresión inherente del marcador por células no neoplásicas que están presentes en la muestra. Es decir, una disminución en el nivel de expresión de un subgrupo de células puede no ser detectable. En esta situación, un mecanismo más apropiado para detectar una reducción en una subpoblación neoplásica de los niveles de expresión de uno o más marcadores de la presente invención es a través de medios indirectos, tales como la detección de cambios epigenéticos.

Sin limitar la presente invención a ninguna teoría o modo de acción, durante el desarrollo la expresión génica está regulada por procesos que alteran la disponibilidad de genes para la expresión en diferentes linajes celulares sin ninguna alteración en la secuencia del gen, y estos estados pueden heredarse a través de una división celular - un proceso llamado herencia epigenética. La herencia epigenética está determinada por una combinación de metilación del ADN (modificación de la citosina para dar 5-metil citosina, 5meC) y por modificaciones de las proteínas cromosómicas de las histonas que empacan el ADN. Así, la metilación del ADN en sitios CpG y modificaciones tales como la desacetilación de la histona H3 en la lisina 9 y la metilación en la lisina 9 ó 27 se asocian con la cromatina inactiva, mientras que el estado inverso es la falta de metilación del ADN, la acetilación de la lisina 9 de la histona H3 se asocia con la cromatina abierta y la expresión génica activa. En el cáncer, esta regulación epigenética de la expresión génica se encuentra con frecuencia alterada (Esteller y Herman, 2000; Jones y Baylin, 2002). Los genes como el supresor tumoral o los genes supresores de metástasis a menudo se silencian mediante la metilación del ADN, mientras que otros genes pueden hipometilarse y expresarse de manera inapropiada. Por lo tanto, entre los genes que muestran una disminución o pérdida de expresión en el cáncer, esto a menudo se caracteriza por la metilación del promotor o la región reguladora del gen.

Hay una variedad de métodos disponibles para la detección de ADN metilado aberrante de un gen específico, incluso en presencia de un gran exceso de ADN normal (Clark, 2007). Por lo tanto, la pérdida de expresión de un gen que puede ser difícil de detectar a nivel de proteína o ARN, excepto por inmunohistoquímica, a menudo se puede detectar en muestras tumorales y en fluidos corporales de pacientes con cáncer mediante la presencia de ADN hipermetilado del promotor del gen. De manera similar, la hipometilación del ADN puede usarse para la detección de ciertos genes cuya expresión está elevada en el cáncer. Las alteraciones epigenéticas y los cambios de cromatina en el cáncer también son evidentes en la asociación alterada de histonas modificadas con genes específicos (Esteller, 2007); por ejemplo, los genes reprimidos a menudo se encuentran asociados con la histona H3 que está desacetilada y metilada en la lisina 9. El uso de anticuerpos dirigidos a las histonas alteradas permite el aislamiento del ADN asociado con estados particulares de la cromatina y su posible uso en el diagnóstico del cáncer.

Otros métodos para detectar cambios en los niveles de expresión génica, particularmente cuando la muestra biológica en cuestión no está contaminada con un gran número de células no neoplásicas, incluyen, pero no se limitan a:

(i) Detección in vivo.

Las imágenes moleculares se pueden usar después de la administración de sondas de formación de imágenes o reactivos capaces de revelar la expresión alterada de los marcadores en los tejidos intestinales.

La formación de imágenes moleculares (Moore y col., BBA, 1402: 239-249, 1988; Weissleder y col., Nature Medicine 6: 351-355, 2000) es la obtención de imágenes in vivo de la expresión molecular que se correlaciona con las macrocaracterísticas visualizadas actualmente usando técnicas "clásicas" de diagnóstico por imágenes como rayos X, tomografía computerizada (TC), MRJ, tomografía por emisión de positrones (PET) o endoscopia.

(ii) Detección de la regulación por disminución de la expresión de ARN en las células por hibridación fluorescente in situ (FISH), o en extractos de las células mediante tecnologías tales como la reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa cuantitativa (QRTPCR) o la calificación por citometría de flujo de productos de RT-PCR competitivos (Wedemeyer et al, Clinical Chemistry 48:9 1398-1405, 2002).

(iii) Evaluación de perfiles de expresión de ARN, por ejemplo, mediante tecnologías de matriz (Alon et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA: 96, 6745-6750, junio de 1999).

Una "micromatriz" es una matriz lineal o multidimensional de regiones preferiblemente discretas, teniendo cada una un área definida, formada en la superficie de un soporte sólido. La densidad de las regiones discretas en una micromatriz está determinada por el número total de polinucleótidos diana que se detectarán en la superficie de un único soporte en fase sólida. Tal como se usa en el presente documento, una micromatriz de ADN es una matriz de sondas oligonucleotídicas colocadas sobre un chip u otras superficies usadas para amplificar o clonar polinucleótidos diana. Dado que la posición de cada grupo particular de sondas en la matriz es conocida, las identidades de los polinucleótidos diana se pueden determinar basándose en su unión a una posición particular en la micromatriz.

Desarrollos recientes en tecnología de micromatrices de ADN hacen posible llevar a cabo un ensayo a gran escala de una pluralidad de moléculas de ácido nucleico diana en un único soporte en fase sólida. La Pat. U.S. Nº 5.837.832 (Chee et al.) y las solicitudes de patente relacionadas describen la inmovilización de una serie de sondas de oligonucleótidos para la hibridación y la detección de secuencias de ácido nucleico específicas en una muestra. Los polinucleótidos diana de interés aislados de un tejido de interés se hibridan con el chip de ADN y las secuencias específicas se detectan basándose en la preferencia de los polinucleótidos diana y el grado de hibridación en ubicaciones de sonda discretas. Un uso importante de las matrices es en el análisis de la expresión genética

diferencial, donde se compara el perfil de expresión de genes en diferentes células o tejidos, a menudo un tejido de interés y un tejido de control, y cualquier diferencia en la expresión génica entre los tejidos respectivos es identificada. Dicha información es útil para la identificación de los tipos de genes expresados en un tipo de tejido particular y el diagnóstico de condiciones en función del perfil de expresión.

En un ejemplo, el ARN de la muestra de interés se somete a transcripción inversa para obtener ADNc marcado. Ver la patente de los EE. UU. No. 6.410.229 (Lockhart et al.) El ADNc se hibrida luego con oligonucleótidos o ADNc de secuencia conocida dispuestos en un chip u otra superficie en un orden conocido. En otro ejemplo, el ARN se aisló de una muestra biológica y se hibridó a un chip sobre el que se anclaron sondas de ADNc. La ubicación del oligonucleótido al que se hibrida el ADNc marcado proporciona información de secuencia sobre el ADNc, mientras que la cantidad de ARN o ADNc hibridado marcado proporciona una estimación de la representación relativa del ARN o ADNc de interés. Ver Schena, et al. Science 270: 467 - 470 (1995). Por ejemplo, el uso de una micromatriz de ADNc para analizar patrones de expresión génica en cáncer humano se describe por DeRisi, et al. (Nature Genetics 14: 457 - 460 (1996)).

En una realización preferida, se preparan sondas de ácido nucleico correspondientes a los ácidos nucleicos en cuestión. Las sondas de ácido nucleico unidas al biochip están diseñadas para ser sustancialmente complementarias a los ácidos nucleicos de la muestra biológica de manera que se produce la hibridación específica de la secuencia diana y las sondas de la presente invención. Esta complementariedad no necesita ser perfecta, ya que puede haber cualquier número de desapareamientos de pares de bases que interferirán con la hibridación entre la secuencia diana y los ácidos nucleicos monocatenarios de la presente invención. Se espera que la homología general de los genes a nivel de nucleótidos sea probablemente de aproximadamente 40% o más, probablemente de aproximadamente 60% o más, e incluso más probablemente de aproximadamente 80% o más; y además que habrá secuencias contiguas correspondientes de aproximadamente 8-12 nucleótidos o más. Sin embargo, si el número de mutaciones es tan grande que no puede producirse hibridación incluso en las condiciones de hibridación menos rigurosas, la secuencia no es una secuencia diana complementaria. Por lo tanto, por "sustancialmente complementario" en este documento se entiende que las sondas son suficientemente complementarias a las secuencias diana para hibridarse en condiciones de reacción normales, particularmente en condiciones de alta rigurosidad.

Una sonda de ácido nucleico generalmente es monocatenaria, pero puede ser parcialmente única y parcialmente bicatenaria. La varadura de la sonda está dictada por la estructura, composición y propiedades de la secuencia objetivo. En general, las sondas de oligonucleótidos varían de aproximadamente 6, 8, 10, 12, 15, 20, 30 a aproximadamente 100 bases de longitud, siendo preferidas de aproximadamente 10 a aproximadamente 80 bases, y siendo particularmente preferidas de aproximadamente 15 a aproximadamente 40 bases. Es decir, generalmente genes completos rara vez se utilizan como sondas. En algunas realizaciones, se pueden usar ácidos nucleicos mucho más largos, hasta cientos de bases. Las sondas son suficientemente específicas para hibridar con una secuencia de plantilla complementaria en condiciones conocidas por los expertos en la técnica. El número de desajustes entre las secuencias de la sonda y sus secuencias complementarias de plantilla (objetivo) a las que se hibridan durante la hibridación generalmente no supera el 15%, generalmente no supera el 10% y preferiblemente no supera el 5%, según lo determina BLAST (valor predeterminado ajustes).

Las sondas de oligonucleótidos pueden incluir las bases heterocíclicas que se encuentran naturalmente en los ácidos nucleicos (uracilo, citosina, timina, adenina y guanina), así como bases modificadas y análogos de bases. Cualquier base o análogo de base modificado compatible con la hibridación de la sonda a una secuencia diana es útil en la práctica de la invención. La porción de azúcar o glucósido de la sonda puede comprender desoxirribosa, ribosa y/o formas modificadas de estos azúcares, tales como, por ejemplo, 2'-O-alquil ribosa. En una realización preferida, el resto de azúcar es 2'-desoxirribosa; sin embargo, puede usarse cualquier resto de azúcar que sea compatible con la capacidad de la sonda para hibridarse con una secuencia diana.

En una realización, las unidades de nucleósidos de la sonda están unidas por una cadena principal de fosfodiéster, como es bien conocido en la técnica. En realizaciones adicionales, los enlaces internucleótidos pueden incluir cualquier enlace conocido por un experto en la técnica que sea compatible con la hibridación específica de la sonda que incluye, pero sin limitación, fosforotioato, metilfosfonato, sulfamato (por ejemplo, patente de Estados Unidos Nº 5.470.967) y poliamida (es decir, ácidos nucleicos peptídicos). Los ácidos nucleicos peptídicos se describen en Nielsen et al. (1991) Science 254: 1497 - 1500, U.S. Pat. No. 5,714,331, y Nielsen (1999) Curr. Opin. Biotechnol. 10:71-75.

En ciertas realizaciones, la sonda puede ser una molécula quimérica; es decir, puede comprender más de un tipo de base o subunidad de azúcar, y/o los enlaces pueden ser de más de un tipo dentro del mismo cebador. La sonda puede comprender un resto para facilitar la hibridación a su secuencia diana, como se conoce en la técnica, por ejemplo, intercaladores y/o ligantes de surcos menores. Las variaciones de las bases, los azúcares y la cadena principal internucleosida, así como la presencia de cualquier grupo colgante en la sonda, serán compatibles con la capacidad de la sonda para unirse, de una manera específica de la secuencia, con su secuencia diana. Una gran cantidad de modificaciones estructurales son posibles dentro de estos límites. Ventajosamente, las sondas según la presente invención pueden tener características estructurales tales que permitan la amplificación de señal, tales características estructurales son, por ejemplo, sondas de ADN ramificadas como las descritas por Urdea et al. (Nucleic Acids Symp. Ser., 24: 197-200 (1991)) o en la Patente Europea No. EP-0225.807. Además, los métodos sintéticos para preparar las diversas bases heterocíclicas, azúcares, nucleósidos y nucleótidos que forman la sonda, y la preparación de

oligonucleótidos de secuencia predeterminada específica, están bien desarrollados y son conocidos en la técnica. Un método preferido para la síntesis de oligonucleótidos se describe en la patente de EE.UU. No. 5.419.966.

Se pueden diseñar múltiples sondas para un ácido nucleico diana particular para dar cuenta del polimorfismo y/o estructura secundaria en el ácido nucleico diana, redundancia de datos y similares. En algunas realizaciones, cuando se usa más de una sonda por secuencia, se usan sondas solapantes o sondas para diferentes secciones de un solo gen diana. Es decir, dos, tres, cuatro o más sondas se usan para generar redundancia para un objetivo en particular. Las sondas pueden superponerse (es decir, tener alguna secuencia en común), o son específicas para secuencias distintas de un gen. Cuando se han de detectar polinucleótidos diana múltiples de acuerdo con la presente invención, cada sonda o grupo de sonda correspondiente a un polinucleótido diana particular está situado en un área discreta de la micromatriz.

Las sondas pueden estar en solución, como en pozos o en la superficie de una micro-matriz, o unidas a un soporte sólido. Los ejemplos de materiales de soporte sólidos que se pueden usar incluyen un plástico, una cerámica, un metal, una resina, un gel y una membrana. Los tipos útiles de soportes sólidos incluyen placas, cuentas, material magnético, microperlas, chips de hibridación, membranas, cristales, cerámicas y monocapas autoensamblables. Un ejemplo comprende una matriz bidimensional o tridimensional, tal como un chip de gel o de hibridación con múltiples sitios de unión de sonda (Pevzner y col., J. Biomol. Struc. & Dyn. 9:399- 410, 1991; Maskos y Southern, Nuc. Acids Res. 20: 1679-84, 1992). Los chips de hibridación pueden usarse para construir matrices de sondas muy grandes que posteriormente se hibridan con un ácido nucleico diana. El análisis del patrón de hibridación del chip puede ayudar en la identificación de la secuencia de nucleótidos diana. Los patrones pueden ser analizados manualmente o por computadora, pero está claro que la secuenciación posicional por hibridación se presta para el análisis computerizado y la automatización. En otro ejemplo, se puede usar un chip Affymetrix en un soporte estructural en fase sólida en combinación con un enfoque basado en perlas fluorescentes. En otro ejemplo más, se puede utilizar una micromatriz de ADNc. A este respecto, los oligonucleótidos descritos por Lockkart et al. (es decir, las sondas de síntesis Affymetrix in situ en la fase sólida) son particularmente preferidas, es decir, fotolitografía.

Como apreciarán los expertos en la técnica, los ácidos nucleicos se pueden unir o inmovilizar a un soporte sólido en una amplia variedad de formas. Por "inmovilizado" en este documento se entiende que la asociación o unión entre la sonda de ácido nucleico y el soporte sólido es suficiente para ser estable en las condiciones de unión, lavado, análisis y eliminación. La unión puede ser covalente o no covalente. Por "unión no covalente" y equivalentes gramaticales se entiende en este documento una o más interacciones electrostáticas, hidrófilas e hidrófobas. Se incluye en la unión no covalente la unión covalente de una molécula, como la estreptavidina, al soporte y la unión no covalente de la sonda biotinilada a la estreptavidina. Por "unión covalente" y equivalentes gramaticales en este documento se entiende que los dos restos, el soporte sólido y la sonda, están unidos por al menos un enlace, que incluye enlaces sigma, enlaces pi y enlaces de coordinación. Los enlaces covalentes se pueden formar directamente entre la sonda y el soporte sólido o se pueden formar mediante un agente de reticulación o mediante la inclusión de un grupo reactivo específico en el soporte sólido o la sonda o ambas moléculas. La inmovilización también puede implicar una combinación de interacciones covalentes y no covalentes.

Las sondas de ácido nucleico se pueden unir al soporte sólido mediante unión covalente tal como mediante conjugación con un agente de acoplamiento o mediante unión covalente o no covalente tales como interacciones electrostáticas, enlaces de hidrógeno o acoplamiento anticuerpo-antígeno, o mediante combinaciones de los mismos. Los agentes de acoplamiento típicos incluyen biotina/avidina, biotina/estreptavidina, fragmento Fc de anticuerpo de proteína A/IgG de Staphylococcus aureus y quimeras de estreptavidina/proteína A (T. Sano y CR Cantor, Bio/Technology 9: 1378-81 (1991)), o derivados o combinaciones de estos agentes. Los ácidos nucleicos se pueden unir al soporte sólido mediante un enlace fotoescindible, un enlace electrostático, un enlace disulfuro, un enlace peptídico, un enlace diéster o una combinación de estos tipos de enlaces. La matriz también se puede unir al soporte sólido mediante un enlace liberable selectivamente tal como 4,4'-dimetoxitritilo o su derivado. Los derivados que se han encontrado útiles incluyen ácido 3 ó 4[bis-(4-metoxifenil)]-metilbenzoico, ácido N-succinimidil-3 ó 4[bis-(4-metoxifenil)]-metil-benzoico, ácido N-succinimidil-3 ó 4[bis-(4-metoxifenil)]-hidroximetilbenzoico, ácido N-succinimidil-3 ó 4[bis-(4-metoxifenil)]-clorometil-benzoico y sales de estos ácidos.

En general, las sondas se unen al biochip en una amplia variedad de formas, como apreciarán los expertos en la técnica. Como se describe en este documento, los ácidos nucleicos pueden sintetizarse primero, con posterior unión al biochip, o pueden sintetizarse directamente en el biochip.

El biochip comprende un sustrato sólido adecuado. Por "sustrato" o "soporte sólido" u otros equivalentes gramaticales se entiende cualquier material que pueda modificarse para contener sitios individuales discretos apropiados para la unión o asociación de las sondas de ácido nucleico y es susceptible de al menos un método de detección. El soporte en fase sólida de la presente invención puede ser de cualquier material sólido y estructuras adecuadas para soportar la hibridación y síntesis de nucleótidos. Preferiblemente, el soporte en fase sólida comprende al menos una superficie sustancialmente rígida sobre la que pueden inmovilizarse los cebadores y puede realizarse la reacción de transcriptasa inversa. Los sustratos con los que los elementos de micro-matrices de polinucleótidos están asociados de forma estable y pueden fabricarse a partir de una variedad de materiales, incluidos plásticos, cerámicas, metales, acrilamida, celulosa, nitrocelulosa, vidrio, poliestireno, acetato de polietilen-vinilo, polipropileno, polimetacrilato, polietileno, óxido de polietileno, polisilicatos, policarbonatos, teflón, fluorocarbonos, nailon, caucho de silicio, polianhídridos, ácido

poliglicólico, ácido poliláctico, poliortoésteres, polipropilfumerato, colágeno, glicosaminoglicanos y poliaminoácidos. Los sustratos pueden ser de forma bidimensional o tridimensional, como geles, membranas, películas delgadas, vidrios, placas, cilindros, perlas, cuentas magnéticas, fibras ópticas, fibras tejidas, etc. Una forma preferida de matriz es una matriz tridimensional. Una matriz tridimensional preferida es una colección de cuentas marcadas. Cada cuenta marcada tiene diferentes cebadores unidos a ella. Las marcas son detectables por medios de señalización tales como el color (Luminex, Illumina) y el campo electromagnético (Pharmaseq) y las señales en las perlas marcadas pueden detectarse de manera remota (por ejemplo, usando fibras ópticas). El tamaño del soporte sólido puede ser cualquiera de los tamaños de micromatrices estándar, útiles para la tecnología de micromatrices de ADN, y el tamaño puede adaptarse para ajustarse a la máquina particular que se usa para llevar a cabo una reacción de la invención. En general, los sustratos permiten la detección óptica y no producen una fluorescencia apreciable.

En una realización, la superficie del biochip y la sonda pueden derivatizarse con grupos funcionales químicos para la posterior unión de los dos. Así, por ejemplo, el biochip se derivatiza con un grupo funcional químico que incluye, pero no se limita a, grupos amino, grupos carboxi, grupos oxo y grupos tiol, siendo particularmente preferidos los grupos amino. Usando estos grupos funcionales, las sondas se pueden unir usando grupos funcionales en las sondas. Por ejemplo, los ácidos nucleicos que contienen grupos amino se pueden unir a superficies que comprenden grupos amino, por ejemplo, usando enlazadores como se conocen en la técnica; por ejemplo, enlazadores homo o heterobifuncionales como es bien conocido. Además, en algunos casos, se pueden usar enlazadores adicionales, tales como grupos alquilo (incluyendo grupos sustituidos y heteroalquilo).

En esta realización, los oligonucleótidos se sintetizan como se conoce en la técnica, y luego se unen a la superficie del soporte sólido. Como apreciarán los expertos en la técnica, el extremo 5' ó 3' puede estar unido al soporte sólido, o la unión puede ser a través de un nucleósido interno. En una realización adicional, la inmovilización en el soporte sólido puede ser muy fuerte, pero no covalente. Por ejemplo, se pueden preparar oligonucleótidos biotinilados, que se unen a superficies revestidas covalentemente con estreptavidina, lo que da como resultado la unión.

Las matrices pueden producirse de acuerdo con cualquier metodología conveniente, tal como preformar los elementos de micromatrices de polinucleótidos y luego asociarlos de manera estable con la superficie. Alternativamente, los oligonucleótidos se pueden sintetizar en la superficie, como se conoce en la técnica. Los expertos en la técnica conocen varias configuraciones y métodos de matrices diferentes para su producción y se describen en los documentos WO 95/25116 y WO 95/35505 (técnicas fotolitográficas), la patente de EE.UU. Nº 5.445.934 (síntesis in situ mediante fotolitografía), la patente de EE.UU. Número 5.384.261 (síntesis in situ por rutas de flujo dirigidas mecánicamente); y la patente de los EE. UU. Nº 5.700.637 (síntesis mediante detección, impresión o acoplamiento).

Otro método para acoplar ADN a perlas utiliza ligandos específicos unidos al extremo del ADN para unirse a las moléculas de unión al ligando unidas a una perla. Los posibles pares de parejas de unión a ligando incluyen biotina-avidina/estreptavidina, o diversos pares de anticuerpo/antígeno tales como anticuerpo de digoxigenina-antidigoxigenina (Smith et al., Science 258: 1122-1126 (1992)). La unión química covalente del ADN al soporte se puede lograr mediante el uso de agentes de acoplamiento estándar para unir el 5'-fosfato en el ADN a microesferas recubiertas a través de un enlace fosfoamidato. Los métodos para la inmovilización de oligonucleótidos a sustratos en estado sólido están bien establecidos. Ver Pease et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91 (11): 5022 - 5026 (1994). Un método preferido para unir oligonucleótidos a sustratos en estado sólido es descrito por Guo et al., Nucleic Acids Res. 22:5456-5465 (1994). La inmovilización se puede lograr mediante síntesis de ADN in situ (Maskos y Southern, supra) o mediante unión covalente de oligonucleótidos sintetizados químicamente (Guo et al., Supra) en combinación con tecnologías de matrices robóticas.

Además de la tecnología de fase sólida representada por matrices de biochips, la expresión génica también se puede cuantificar utilizando matrices de fase líquida. Uno de estos sistemas es la reacción en cadena de la polimerasa cinética (PCR). La PCR cinética permite la amplificación y cuantificación simultáneas de secuencias de ácido nucleico específicas. La especificidad se deriva de cebadores de oligonucleótidos sintéticos diseñados para adherirse preferentemente a secuencias de ácidos nucleicos monocatenarios que delimitan el sitio objetivo. Este par de cebadores oligonucleotídicos forman complejos específicos no unidos covalentemente en cada cadena de la secuencia diana. Estos complejos facilitan la transcripción in vitro del ADN bicatenario en orientaciones opuestas. El ciclo de temperaturas de la mezcla de reacción crea un ciclo continuo de unión de cebador, transcripción y refundición del ácido nucleico a cadenas individuales. El resultado es un aumento exponencial del producto dsDNA objetivo. Este producto se puede cuantificar en tiempo real ya sea mediante el uso de un colorante intercalante o una sonda específica de secuencia. SYBR(r) Verde 1, es un ejemplo de un colorante intercalante, que preferentemente se une a ADNds dando como resultado un aumento concomitante en la señal fluorescente. Las sondas específicas de secuencia, tales como las utilizadas con la tecnología TaqMan, consisten en un fluorocromo y una molécula de extinción unida covalentemente a los extremos opuestos de un oligonucleótido. La sonda está diseñada para unir selectivamente la secuencia de ADN diana entre los dos cebadores. Cuando las cadenas de ADN se sintetizan durante la reacción de PCR, el fluorocromo se escinde de la sonda por la actividad de exonucleasa de la polimerasa dando como resultado la eliminación de la señal. El método de señalización de la sonda puede ser más específico que el método de colorante intercalante, pero en cada caso, la intensidad de la señal es proporcional al producto de ADNds producido. Cada tipo de método de cuantificación puede usarse en matrices de fase líquida de múltiples pocillos, representando cada pocillo cebadores y/o sondas específicas para las secuencias de ácido nucleico de interés. Cuando se usa con preparaciones de ARN mensajero de tejidos o líneas celulares, una serie de reacciones de

sonda/cebador puede cuantificar simultáneamente la expresión de múltiples productos génicos de interés. Ver Germer y col., Genome Res. 10:258-266 (2000); Heid y col., Genome Res. 6:986-994 (1996).

(iv) Medición de los niveles de proteína marcadora neoplásica alterada en extractos celulares, por ejemplo, mediante inmunoensayo.

El ensayo para el producto de expresión de marcador neoplásico proteináceo en una muestra biológica se puede realizar mediante uno cualquiera de una serie de métodos adecuados que son bien conocidos por los expertos en la técnica. Los ejemplos de métodos adecuados incluyen, pero no se limitan a, cribado de anticuerpos de secciones de tejido, muestras de biopsia o muestras de fluido corporal.

En la medida en que se usen métodos de diagnóstico basados en anticuerpos, la presencia de la proteína marcadora se puede determinar de varias maneras, tales como transferencia de Western, ELISA o procedimientos de citometría de flujo. Estos, por supuesto, incluyen ensayos de sitio único y de dos sitios o "sándwich" de los tipos no competitivos, así como en los ensayos de unión competitiva tradicionales. Estos ensayos también incluyen la unión directa de un anticuerpo marcado a un objetivo.

Los ensayos de Sandwich son un ensayo útil y comúnmente utilizado. Existen varias variaciones de la técnica de ensayo en sándwich, y todas están destinadas a ser abarcadas por la presente invención. Brevemente, en un ensayo directo típico, un anticuerpo no marcado se inmoviliza en un sustrato sólido y la muestra a analizar se pone en contacto con la molécula unida. Después de un período adecuado de incubación, durante un período de tiempo suficiente para permitir la formación de un complejo anticuerpo-antígeno, un segundo anticuerpo específico para el antígeno, marcado con una molécula indicadora capaz de producir una señal detectable, se agrega y se incuba, lo que permite un tiempo suficiente para la formación de otro complejo de anticuerpo marcado con antígeno y anticuerpo. Cualquier material sin reaccionar se elimina por lavado, y la presencia del antígeno se determina mediante la observación de una señal producida por la molécula indicadora. Los resultados pueden ser cualitativos, por simple observación de la señal visible, o pueden cuantificarse comparando con una muestra de control. Las variaciones en el ensayo directo incluyen un ensayo simultáneo, en el que tanto la muestra como el anticuerpo marcado se añaden simultáneamente al anticuerpo unido. Estas técnicas son bien conocidas por los expertos en la técnica, incluyendo cualquier variación menor que será fácilmente evidente.

En el típico ensayo en sándwich directo, un primer anticuerpo que tiene especificidad por el marcador o partes antigénicas del mismo, se une covalente o pasivamente a una superficie sólida. La superficie sólida es típicamente vidrio o un polímero, siendo los polímeros más comúnmente usados celulosa, poliacrilamida, nylon, poliestireno, poli(cloruro de vinilo) o polipropileno. Los soportes sólidos pueden estar en forma de tubos, perlas, discos de microplacas o cualquier otra superficie adecuada para realizar un inmunoensayo. Los procesos de unión son bien conocidos en la técnica y generalmente consisten en entrecruzamiento, unión covalente o adsorción física, el complejo polímero-anticuerpo se lava en preparación para la muestra de prueba. Luego se agrega una alícuota de la muestra a analizar al complejo de fase sólida y se incuba durante un período de tiempo suficiente (por ejemplo, 2-40 minutos) y en condiciones adecuadas (p. ej. 25°C) para permitir la unión de cualquier subunidad presente en el anticuerpo. Después del período de incubación, la fase sólida de la subunidad de anticuerpo se lava y se seca y se incuba con un segundo anticuerpo específico para una porción del antígeno. El segundo anticuerpo está unido a una molécula indicadora que se usa para indicar la unión del segundo anticuerpo al antígeno.

Un método alternativo implica inmovilizar las moléculas diana en la muestra biológica y luego exponer el objetivo inmovilizado a un anticuerpo específico que puede o no estar marcado con una molécula indicadora. Dependiendo de la cantidad de diana y la potencia de la señal de la molécula indicadora, un objetivo unido puede ser detectable por marcado directo con el anticuerpo. Alternativamente, se expone un segundo anticuerpo marcado, específico para el primer anticuerpo, al complejo de anticuerpo del primer objetivo para formar un complejo terciario de diana-primer anticuerpo-segundo anticuerpo. El complejo es detectado por la señal emitida por la molécula indicadora.

Por "molécula indicadora", como se usa en la presente memoria descriptiva, se entiende una molécula que, por su naturaleza química, proporciona una señal identificable analíticamente que permite la detección del anticuerpo unido al antígeno. La detección puede ser cualitativa o cuantitativa. Las moléculas indicadoras más comúnmente usadas en este tipo de ensayo son enzimas, fluoróforos o moléculas que contienen radionucleidos (es decir, radioisótopos) y moléculas quimioluminiscentes.

En el caso de un inmunoensayo enzimático, se conjuga una enzima con el segundo anticuerpo, generalmente por medio de glutaraldehído o peryodato. Como se reconocerá fácilmente, sin embargo, existe una amplia variedad de técnicas de conjugación diferentes, que están fácilmente disponibles para los expertos en la técnica. Las enzimas utilizadas comúnmente incluyen peroxidasa de rábano picante, glucosa oxidasa, beta-galactosidasa y fosfatasa alcalina, entre otros. Los sustratos que se usarán con las enzimas específicas generalmente se eligen para la producción, después de la hidrólisis por la enzima correspondiente, de un cambio de color detectable. Los ejemplos de enzimas adecuadas incluyen fosfatasa alcalina y peroxidasa. También es posible emplear sustratos fluorogénicos, que producen un producto fluorescente en lugar de los sustratos cromogénicos indicados anteriormente. En todos los casos, el anticuerpo marcado con enzima se agrega al primer complejo de hapteno de anticuerpo, se deja unir, y luego se elimina por lavado el exceso de reactivo. Luego se agrega una solución que contiene el sustrato apropiado al

complejo anticuerpo-antígeno-anticuerpo. El sustrato reaccionará con la enzima ligada al segundo anticuerpo, dando una señal visual cualitativa, que puede cuantificarse adicionalmente, usualmente espectrofotométricamente, para dar una indicación de la cantidad de antígeno que estaba presente en la muestra. La "molécula indicadora" también se extiende al uso de la aglutinación celular o la inhibición de la aglutinación, tales como glóbulos rojos en perlas de látex, y similares.

Alternativamente, los compuestos fluorescentes, tales como fluoreceína y rodamina, pueden estar químicamente acoplados a anticuerpos sin alterar su capacidad de unión. Cuando se activa por iluminación con luz de una longitud de onda particular, el anticuerpo marcado con fluorocromo adsorbe la energía de la luz, induciendo un estado de excitabilidad en la molécula, seguido por la emisión de la luz a un color característico visualmente detectable con un microscopio óptico. Como en el EIA, el anticuerpo marcado con fluorescencia puede unirse al primer complejo anticuerpo-hapteno. Después de lavar el reactivo no unido, el complejo terciario restante se expone luego a la luz de la longitud de onda apropiada, la fluorescencia observada indica la presencia del hapteno de interés. Las técnicas de inmunofluorescencia y EIA están ambas bien establecidas en la técnica y son particularmente preferidas para el presente método. Sin embargo, también se pueden emplear otras moléculas indicadoras, tales como moléculas de radioisótopos, quimioluminiscentes o bioluminiscentes.

(v) Determinar la expresión alterada de marcadores neoplásicos de proteínas en la superficie celular, por ejemplo mediante inmunohistoquímica.

(vi) Determinación de la expresión de proteína alterada basada en cualquier prueba funcional adecuada, prueba enzimática o prueba inmunológica además de las detalladas en los puntos (iv) y (v) anteriores.

Una persona medianamente experta en la técnica podría determinar, como una cuestión de procedimiento de rutina, la idoneidad de aplicar un método dado a un tipo particular de muestra biológica.

Sin limitar la presente invención de ninguna manera, y como se detalla anteriormente, los niveles de expresión génica se pueden medir mediante una diversidad de métodos conocidos en la técnica. Por ejemplo, pueden medirse productos de transcripción o traducción de genes. Los productos de transcripción génica, es decir, el ARN, pueden medirse, por ejemplo, mediante ensayos de hibridación, ensayos de transcripción, transferencias Northern u otros métodos conocidos en la técnica.

Los ensayos de hibridación generalmente implican el uso de sondas de oligonucleótidos que se hibridan con los productos de transcripción de ARN monocatenarios. Por lo tanto, las sondas de oligonucleótidos son complementarias con el producto de expresión de ARN transcrito. Típicamente, una sonda específica de secuencia puede dirigirse para hibridarse con ARN o ADNc. Una "sonda de ácido nucleico", como se usa en el presente documento, puede ser una sonda de ADN o una sonda de ARN que se hibrida con una secuencia complementaria. Cualquier experto en la técnica sabrá cómo diseñar tal sonda de manera que se produzca la hibridación específica de la secuencia. Cualquier experto en la materia sabrá además cómo cuantificar la cantidad de hibridación específica de secuencia como una medida de la cantidad de expresión génica para que el gen se transcriba para producir el ARN específico.

La muestra de hibridación se mantiene en condiciones que son suficientes para permitir la hibridación específica de la sonda de ácido nucleico a un producto de expresión génica específico. La "hibridación específica", como se usa en la presente memoria, indica una hibridación casi exacta (por ejemplo, con pocos desapareamientos, si es que hay alguno). La hibridación específica puede realizarse bajo condiciones de alta rigurosidad o condiciones de severidad moderada. En una realización, las condiciones de hibridación para la hibridación específica son de alta rigurosidad. Por ejemplo, ciertas condiciones de alta rigurosidad se pueden usar para distinguir ácidos nucleicos perfectamente complementarios de aquellos de menor complementariedad. Las “condiciones de alta rigurosidad”, “condiciones de rigurosidad moderada” y “condiciones de baja rigurosidad” para hibridaciones de ácidos nucleicos se explican en las páginas 2.10.1-2.10.16 y en las páginas 6.3.1-6.3.6 de Current Protocols in Molecular Biology (Ausubel F. y col., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, (1998)).

Las condiciones exactas que determinan la rigurosidad de la hibridación dependen no solo de la fuerza iónica (por ejemplo, 0,2 x SSC, 0,1 x SSC), temperatura (por ejemplo, temperatura ambiente, 42ºC, 68ºC) y la concentración de agentes desestabilizadores tales como formamida o agentes desnaturalizantes tales como SDS, pero también factores tales como la longitud de la secuencia de los ácidos nucleicos, composición de la base, porcentaje de desajuste entre secuencias de hibridación y la frecuencia de aparición de subconjuntos de esa secuencia dentro de otras secuencias no idénticas. Por lo tanto, las condiciones equivalentes se pueden determinar variando uno o más de estos parámetros mientras se mantiene un grado similar de identidad o similitud entre las dos moléculas de ácido nucleico. Típicamente, las condiciones se usan de modo que las secuencias al menos aproximadamente 60%, al menos aproximadamente 70%, al menos aproximadamente 80%, al menos aproximadamente 90% o al menos aproximadamente 95% o más idénticas entre sí permanecen hibridadas entre sí. Variando las condiciones de hibridación desde un nivel de rigurosidad al que no se produce la hibridación hasta un nivel en el que se observa la hibridación por primera vez, pueden determinarse las condiciones que permitirán que una secuencia determinada se hibride (por ejemplo, selectivamente) con la mayoría de las secuencias complementarias en la muestra.

Las condiciones ejemplares que describen la determinación de las condiciones de lavado para condiciones de rigurosidad moderada o baja se describen en Kraus, M. y Aaronson, S., 1991. Methods Enzymol., 200: 546 - 556; y en, Ausubel y col., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, (1998). El lavado es el paso en el que generalmente se establecen las condiciones para determinar un nivel mínimo de complementariedad de los híbridos. Generalmente, comenzando desde la temperatura más baja a la que solo se produce la hibridación homóloga, cada ºC mediante el cual la temperatura de lavado final se reduce (manteniendo constante la concentración de SSC) permite un aumento de 1% en el porcentaje máximo de desapareamiento entre las secuencias que se hibridan. En general, duplicar la concentración de SSC da como resultado un aumento en la T_m, de aproximadamente 17ºC. Usando estas pautas, la temperatura de lavado puede determinarse empíricamente para rigurosidad alta, moderada o baja, dependiendo del nivel de desapareamiento buscado. Por ejemplo, un lavado de baja rigurosidad puede comprender lavar en una solución que contiene 0,2 veces SSC/0,1% SDS durante 10 minutos a temperatura ambiente; un lavado de rigurosidad moderada puede comprender el lavado en una solución precalentada (42ºC) que contiene 0,2 veces SSC/0,1% SDS durante 15 minutos a 42ºC; y un lavado de alta rigurosidad puede comprender el lavado en una solución precalentada (68ºC) que contiene 0,1 veces SSC/0,1% SDS durante 15 minutos a 68ºC. Además, los lavados se pueden realizar repetidamente o secuencialmente para obtener un resultado deseado como se conoce en la técnica. Las condiciones equivalentes pueden determinarse variando uno o más de los parámetros dados como ejemplo, como se conoce en la técnica, mientras se mantiene un grado similar de complementariedad entre la molécula de ácido nucleico diana y el cebador o sonda utilizada (por ejemplo, la secuencia que se debe administrar). hibridizado).

Un aspecto relacionado de la presente descripción proporciona una matriz molecular, cuya matriz comprende una pluralidad de:

(i) moléculas de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos correspondiente a uno cualquiera o más de los genes marcadores neoplásicos descritos anteriormente o una secuencia que muestra al menos 80% de identidad con ellos o un derivado funcional, fragmento, variante u homólogo de dicha molécula de ácido nucleico; o

(ii) moléculas de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos capaz de hibridarse con una cualquiera o más de las secuencias de (i) en condiciones de rigurosidad media o un derivado funcional, fragmento, variante u homólogo de dicha molécula de ácido nucleico; o

(iii) sondas de ácido nucleico u oligonucleótidos que comprenden una secuencia de nucleótidos capaz de hibridarse con una cualquiera o más de las secuencias de (i) en condiciones de rigurosidad media o un derivado funcional, fragmento, variante u homólogo de dicha molécula de ácido nucleico; o

(iv) sondas capaces de unirse a una cualquiera o más de las proteínas codificadas por las moléculas de ácido nucleico de (i) o un derivado, fragmento u homólogo de las mismas;

en donde el nivel de expresión de dichos genes marcadores de (i) o proteínas de (iv) es indicativo del estado neoplásico de una célula o subpoblación celular derivada del intestino grueso.

Preferiblemente, dicho porcentaje de identidad es al menos 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% o 99%.

La baja astringencia incluye y abarca desde al menos aproximadamente 1% v/v hasta al menos aproximadamente 15% v/v formamida y desde al menos aproximadamente 1M hasta al menos aproximadamente 2M de sal para la hibridación, y al menos aproximadamente 1M hasta al menos aproximadamente 2M de sal para las condiciones de lavado. Se pueden aplicar condiciones de astringencia alternativas cuando sea necesario, tales como rigurosidad media, que incluyen y abarcan desde al menos aproximadamente 16% v/v a al menos aproximadamente 30% v/v de formamida y desde al menos aproximadamente 0,5 M hasta al menos aproximadamente 0,9 M de sal para la hibridación, y al menos aproximadamente 0,5 M a al menos aproximadamente 0,9 M de sal para condiciones de lavado, o alta astringencia, que incluye y abarca desde al menos aproximadamente 31% v/v hasta al menos aproximadamente 50% v/v de formamida y desde al menos aproximadamente 0,01 M a al menos aproximadamente 0,15 M de sal para la hibridación, y de al menos aproximadamente 0,01 M a al menos aproximadamente 0,15 M de sal para las condiciones de lavado. En general, el lavado se lleva a cabo a T_m = 69,3 + 0,41 (G + C)% [19] = - 12ºC. Sin embargo, la T_m de un ADN dúplex disminuye en 1ºC con cada aumento del 1% en el número de pares basados en emparejamientos erróneos (Bonner et al (1973) J. Mol. Biol. 81:123).

Preferiblemente, las sondas en cuestión están diseñadas para unirse al ácido nucleico o proteína a la que están dirigidas con un nivel de especificidad que minimiza la incidencia de reactividad no específica. Sin embargo, se apreciará que puede no ser posible eliminar toda posible reactividad cruzada o reactividad no específica, siendo esto una limitación inherente de cualquier sistema basado en sondas.

En términos de las sondas que se usan para detectar las proteínas en cuestión, pueden tomar cualquier forma adecuada, incluidos anticuerpos y aptámeros.

Una biblioteca o matriz de ácido nucleico o sondas de proteínas proporciona información rica y muy valiosa. Además, dos o más matrices o perfiles (información obtenida del uso de una matriz) de tales secuencias son herramientas útiles

para comparar un conjunto de prueba de resultados con una referencia, como otra muestra o calibrador almacenado. Al usar una matriz, las sondas individuales típicamente se inmovilizan en ubicaciones separadas y se les permite reaccionar para reacciones de unión. Los cebadores asociados con conjuntos ensamblados de marcadores son útiles para la preparación de bibliotecas de secuencias o para la detección directa de marcadores de otras muestras biológicas.

Una biblioteca (o matriz, cuando se refiere a ácidos nucleicos separados físicamente correspondientes a al menos algunas secuencias en una biblioteca) de marcadores genéticos presenta propiedades altamente deseables. Estas propiedades están asociadas a condiciones específicas y pueden caracterizarse como perfiles regulatorios. Un perfil, como se denomina en este documento, se refiere a un conjunto de miembros que proporciona información de diagnóstico del tejido del que se derivaron originalmente los marcadores. Un perfil en muchos casos comprende una serie de puntos en una matriz hecha a partir de secuencias depositadas.

Un perfil de paciente característico generalmente se prepara mediante el uso de una matriz. Un perfil de matriz se puede comparar con uno o más perfiles de matriz u otros perfiles de referencia. Los resultados comparativos pueden proporcionar información abundante sobre estados de enfermedad, estado de desarrollo, receptividad a la terapia y otra información sobre el paciente.

Otro aspecto de la presente descripción proporciona un kit de diagnóstico para analizar muestras biológicas que comprende un agente para detectar uno o más reactivos marcadores neoplásicos útiles para facilitar la detección por el agente en el primer compartimento. También pueden incluirse otros medios, por ejemplo, para recibir una muestra biológica. El agente puede ser cualquier molécula detectora adecuada.

La presente invención se describe adicionalmente mediante los siguientes ejemplos no limitantes:

EJEMPLO 1

Métodos y materiales

Datos Affymetrix GeneChip

Los datos del perfil de expresión génica y los datos clínicos que los acompañan se adquirieron en GeneLogic Inc (Gaithersburg, MD, EE. UU.). Para cada tejido analizado, se obtuvieron datos de micromatrices de oligonucleótidos para 44.928 conjuntos de sondas (Affymetrix HGU133A y HGU133B, combinados), descriptores clínicos y experimentales, e imágenes microscópicas digitalmente archivadas de preparaciones histológicas. Se realizó un análisis de control de calidad para eliminar matrices que no cumplían con las medidas de control de calidad esenciales definidas por el fabricante.

Los niveles de expresión de transcripción se calcularon mediante Microarray Suite (MAS) 5.0 (Affymetrix) y las técnicas de normalización Robusta Multichip Average (RMA) (Affymetrix. GeneChip expression data analysis fundamentals. Affymetrix, Santa Clara, California, EE. UU., 2001; Hubbell et al. Bioinformatics, 18: 1585 - 1592, 2002; Irizarry et al. Nucleic Acid Research, 31, 2003). Se usaron datos normalizados de MAS para realizar rutinas de control de calidad estándar y se normalizó el conjunto de datos finales con RMA para todos los análisis posteriores.

Expresión diferencial univariante

Se identificaron transcritos de genes expresados de forma diferencial usando un ensayo t moderado implementado en la biblioteca de limma descargada del repositorio Bioconductor para R. (G. K. Smyth. Bioinformatics and Computational Biology Solutions using R and Bioconductor, 3 (I): Artículo 3, 2004; G K Smyth. Bioinformatics and Computational Biology Solutions using R and Bioconductor. Springer, Nueva York, 2005). Se corrigieron las estimaciones de la significación (valores de p) para ajustar la prueba de hipótesis múltiples utilizando la corrección de Bonferonni.

Patrones de expresión específicos del tejido

Para construir un filtro para la expresión génica “inactivada” hipotéticamente, se estimó por primera vez el nivel medio de expresión para todos los 44.928 conjuntos de sondas en toda la gama de los 454 tejidos. Para estimar un umbral de activación/desactivación de expresión, se clasificaron los 44.928 valores medios y se calculó el valor de expresión equivalente al percentil 30 a través del conjunto de datos. Se eligió este umbral arbitrario porque se teorizó que la mayoría de las transcripciones (y presumiblemente más del 30%) en una muestra determinada deberían ser silenciadas transcripcionalmente. Por lo tanto, este umbral representa un límite superior conservador para lo que se estima como señal no específica o de fondo.

Anotaciones de símbolos génicos

Para asignar los nombres de los conjuntos de pruebas Affymetrix a símbolos genéticos oficiales, se utilizaron los metadatos de anotación disponibles en Bioconductor. Se utilizó la versión 1.16.0 de la biblioteca Hgu133plus2, que se ensambló utilizando los datos de Entrez Gene descargados el 15 de marzo de 2007.

Estimaciones de las características de rendimiento

La utilidad de diagnóstico para cada tabla de marcadores que se muestra en el presente documento se estimó que incluía: sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo, valor predictivo negativo, razón de verosimilitud positiva, razón de verosimilitud negativa. Estas estimaciones se calcularon en los mismos datos utilizados para descubrir los marcadores y, por lo tanto, potencialmente sobreestimarán las características de rendimiento en futuras muestras de tejido. Para mejorar la generalización de las estimaciones, se utilizó una técnica de remuestreo de navaja de azúcar modificada para calcular un valor menos sesgado para cada característica.

Resultados

Se aplicó un rango de pruebas estadísticas univariadas sobre los datos de micromatrices de oligonucleótidos Affymetrix para revelar genes humanos que podrían usarse para discriminar tejidos neoplásicos colorrectales de tejidos no neoplásicos. Se identificaron además una serie de transcripciones de genes que parecen ser útiles para diferenciar los adenomas colorrectales del carcinoma colorrectal. También se identificaron un subconjunto de estas transcripciones que pueden tener una utilidad diagnóstica particular debido a que los productos proteicos se secretan o se muestran en la superficie celular de las células epiteliales. Finalmente, se identificó un subconjunto adicional de transcritos expresados específicamente en tejidos neoplásicos y en niveles bajos o casi de fondo en tejidos no neoplásicos.

Genes expresados diferencialmente en tejidos neoplásicos

A partir de un conjunto GeneChip total de 44.928 conjuntos de sonda se determinó que más de 11.000 conjuntos de sonda se expresaban diferencialmente mediante la prueba t moderada utilizando el paquete de limma en BioConductor (G. K. Smyth, 2004 supra) empleando corrección de prueba múltiple conservadora (Bonferroni). Cuando esta lista se filtró adicionalmente para incluir solo aquellos conjuntos de sondas que demostraban un cambio de expresión media doble o mayor entre los tejidos neoplásicos y no neoplásicos, se encontró que 560 conjuntos de sondas se expresaban más bajas en las neoplasias con respecto a los tejidos normales.

Estos 560 conjuntos de sondas se anotaron usando los metadatos y paquetes de anotación más recientes disponibles para los chips. Los 560 conjuntos de sondas subexpresados se asignaron a 434 símbolos génicos.

Δ-expression	Conjunto de sondas ID	Mapas de símbolos génicos
DOWN	560	434

Marcadores hipotéticos específicos para neoplasia colorrectal

Si bien los patrones de expresión génica diferencial son útiles para fines de diagnóstico, este proyecto también busca identificar las proteínas de diagnóstico arrojadas en la luz del intestino por el epitelio colorrectal neoplásico. Para descubrir las proteínas candidatas, la lista de transcripciones expresadas diferencialmente se filtró con un criterio de selección dirigido a identificar marcadores específicamente desactivados en tejidos de neoplasia colorrectal. Para identificar los genes "desactivados", los criterios de filtro se diseñaron para encontrar genes con i) niveles de expresión neoplásica por debajo de un umbral teórico de activación/desactivación y ii) señales normales al menos 2 veces superiores. El perfil de expresión de una transcripción de ejemplo que se "apaga" en tejidos neoplásicos se muestra en la Figura 1.

Ejemplo 2

Sondas elevadas en tejidos no neoplásicos en relación con los neoplásicos

Se aplicó el análisis de expresión diferencial para identificar los conjuntos de sondas regulados por disminución en los datos del chip del gen Affymetrix que miden la concentración de ARN en 454 tejidos colorrectales que incluyen 161 muestras de adenocarcinoma, 29 muestras de adenoma, 42 muestras de colitis y 222 tejidos no enfermos. Usando correcciones conservativas para múltiples pruebas de hipótesis y un corte de cambio de doblez absoluto de 2 veces se determinó que 560 conjuntos de sondas exhibían un nivel de expresión disminuido en tejidos neoplásicos con relación a controles no neoplásicos. Se han mapeado 560 de estos conjuntos de sondas a 434 símbolos de genes putativos basados en la secuencia de nucleótidos del transcrito.

Prueba de Validación/Hipótesis

Los niveles de expresión de ARN de estos candidatos se midieron en muestras clínicas derivadas de forma independiente. Se hibridaron 526 conjuntos de sondas con extractos de ARN de 68 muestras clínicas que comprendían 19 adenomas, 19 adenocarcinomas y 30 controles no enfermos usando un "chip genético Adenoma" diseñado a medida. Treinta y cuatro (34) conjuntos de sondas no se probaron ya que no se incluyeron en el diseño personalizado.

Se confirmó que 459 de 526 de los conjuntos de sondas diana (o conjuntos de sondas directamente relacionados con el mismo objetivo del gen locus) también se expresaron diferencialmente (P <0,05) en estos tejidos derivados de forma independiente. Los resultados del análisis de expresión diferencial de estos 459 conjuntos de sondas se muestran en la Tabla 1.

Se sometieron a prueba adicionalmente los 372 de los 434 loci génicos únicos a los que se sabe que hibridan los 560 comjuntos de sondas. Los 62 símbolos de genes restantes no se representaron en los datos de validación. Se observó que 328 de 372 símbolos génicos estaban representados en los datos de validación por al menos un conjunto de sonda expresado diferencialmente y muchos símbolos incluían múltiples conjuntos de sondas contra regiones a través del locus putativo. En la Tabla 2 se muestra una lista completa de conjuntos de pruebas que se unen a los loci de destino.

Conclusión

Los conjuntos de sondas candidatos y los símbolos mostrados en las Tablas 1 y 2, respectivamente, se expresan diferencialmente más abajo en los tejidos colorrectales neoplásicos en comparación con los controles no neoplásicos.

Ejemplo 3

Conjuntos de sondas que demuestran un perfil específico de no neoplasia

Durante el análisis de los datos de descubrimiento, se observó un nuevo perfil de expresión entre fenotipos neoplásicos y no neoplásicos. Se formuló la hipótesis de que un subconjunto de conjuntos de sondas expresados diferencialmente de forma cuantitativa se expresaba adicionalmente cualitativamente de manera diferencial. Dichos conjuntos de sondas no muestran evidencia de una actividad de expresión génica en tejidos neoplásicos, es decir, estos conjuntos de sondas parecen expresarse por encima de los niveles de fondo solo en tejidos no neoplásicos. Esta observación y la hipótesis resultante se basan en dos principios:

1. Que la mayoría de las transcripciones humanas que están presentes en GeneChip en todo el genoma (p. ej. U133) probablemente no se expresan en la mucosa colorrectal; y

2. Esa intensidad de unión a micromatrices para tales conjuntos de sondas “desactivados” (a ARNc marcado) reflejará el fondo del ensayo técnico, es decir, la unión de oligonucleótidos no específica.

Para generar una lista de conjuntos de sondas no neoplásicos específicos, se comparó la intensidad neoplásica de los conjuntos de sonda expresados diferencialmente con un umbral de señal de fondo hipotético a través de todos los conjuntos de sondas en el chip. Se observó que, por diseño, todos los conjuntos de sondas en el conjunto de candidatos a partir del cual se eligen los transcritos "activados" están al menos dos veces sobreexpresados en los tejidos no enfermos en relación con los tejidos enfermos. Combinados, estos criterios producen el subconjunto de especies de transcritos expresados diferencialmente que se expresan específicamente en tejidos no neoplásicos.

Este análisis demostró que 42 conjuntos de sondas que corresponden a aproximadamente 41 loci genéticos exhiben un perfil de expresión de transcripción no específico de neoplasia.

Prueba de Validación/Hipótesis

El diseño del chip genético personalizado impide probar los conjuntos de sondas no neoplásicos específicos utilizando los mismos principios que se usan para el descubrimiento. En particular, el chip genético personalizado (por diseño) no contiene un conjunto grande de conjuntos de sondas anticipados para hibridarse hipotéticamente con transcripciones génicas "desactivadas/'no transcritas". Esto se debe a que el diseño del chip genético personalizado está muy sesgado hacia las transcripciones expresadas diferencialmente en los tejidos neoplásicos colorrectales.

Por lo tanto, la prueba de expresión diferencial habitual (limma) se aplicó a estos conjuntos de sondas candidatos expresados específicamente en tejidos no neoplásicos. De los 37 (de 42) conjuntos de sondas en el chip genético personalizado, 33 conjuntos de sondas (o conjuntos de sondas que se unen al mismo locus) se expresaron diferencialmente entre los 38 tejidos neoplásicos (adenoma y cáncer) y controles no neoplásicos. Los resultados de estos experimentos de validación se muestran en la Tabla 3.

Se pretendía además probar todos los conjuntos de sondas que se sabe hibridan con los loci génicos a los que los conjuntos de sondas reivindicaron en este documento. De los 41 loci genéticos putativos dirigidos por los conjuntos de sondas, 33 estaban presentes en los datos de validación. Los treinta y tres (33) de estos 33 símbolos de genes (100%) demostraron al menos un conjunto de sondas hibridante que se expresó diferencialmente en los tejidos neoplásicos. Los resultados de estos experimentos, que incluyen todos los conjuntos de sondas que se unen a cada locus objetivo de una manera expresada diferencialmente, se muestran en la Tabla 4.

Ejemplo 4

Materiales y métodos para los ejemplos 2 y 3

Los datos de perfil de expresión génica medidos en 454 muestras de tejido colorrectal que incluyen controles de enfermedades neoplásicas, normales y no neoplásicas se adquirieron de GeneLogic Inc (Gaithersburg, MD, EE. UU.). Para cada especimen de tejido Affymetrix (Santa Clara, CA, EE. UU.), se recibieron datos de micromatrices oligonucleotídicas que totalizaban 44.928 conjuntos de sondas (HGU133A y HGU133B, combinados), descriptores clínicos y experimentales e imágenes microscópicas archivadas digitalmente de preparaciones histológicas. Antes de aplicar los métodos de descubrimiento a estos datos, se llevaron a cabo extensos métodos de control de calidad, incluida la exploración estadística, la revisión de los registros clínicos para la coherencia y la auditoría histopatológica de una muestra aleatoria de matrices. Las micromatrices que no cumplían con los criterios de calidad aceptables se eliminaron del análisis.

Evaluación de la hipótesis

Los biomarcadores de transcripción candidatos se analizaron usando una micromatriz de oligonucleótidos personalizada de conjuntos de sondas de oligonucleótidos 25 mer diseñados para hibridarse con transcritos de ARN candidatos identificados durante el descubrimiento. Las hipótesis de expresión diferencial se probaron usando extractos de ARN derivados de muestras clínicas recogidas de forma independiente que comprendían 30 tejidos colorrectales normales, 19 tejidos de adenoma colorrectal y 19 tejidos de adenocarcinoma colorrectal. Cada extracto de ARN se confirmó que cumplía estrictos criterios de control de calidad.

Muestras de tejido colorrectal

Todos los tejidos utilizados para la prueba de hipótesis se obtuvieron de un banco de tejidos hospitalarios de referencia terciaria en el área metropolitana de Adelaida, Australia (Hospital General de Repatriación y Centro Médico Flinders). El acceso al banco de tejidos para esta investigación fue aprobado por el Comité de Investigación y Ética del Hospital General de Repatriación y el Comité de Ética del Centro Médico Flinders. Se recibió el consentimiento informado del paciente para cada tejido estudiado.

Después de la resección quirúrgica, las muestras se colocaron en un recipiente estéril y se tomaron del quirófano. El tiempo transcurrido desde la resección quirúrgica hasta la recogida en el quirófano fue variable, pero no más de 30 minutos. Se tomaron muestras de aproximadamente 125 mm3 (5x5x5 mm) de tamaño del tejido macroscópicamente normal lo más alejadas posible de la patología, definidas tanto por región colónica como a distancia proximal o distal a la patología. Los tejidos se colocaron en crioviales, luego se sumergieron inmediatamente en nitrógeno líquido y se almacenaron a -150ºC hasta el procesamiento.

Extracción de ARN

Las extracciones de ARN se realizaron usando reactivo Trizol® (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE. UU.) según las instrucciones del fabricante. Cada muestra se homogeneizó en 300 µl de reactivo Trizol usando un taladro Dremel modificado y matraces desechables esterilizados. Se añadieron 200 µl adicionales de reactivo Trizol al homogeneizado y las muestras se incubaron a TA durante 10 minutos. Luego se añadieron 100 µl de cloroformo, las muestras se agitaron en vórtex durante 15 segundos y se incubaron a TA durante 3 minutos más. La fase acuosa que contenía el ARN diana se obtuvo por centrifugación a 12.000 rpm durante 15 min, 40ºC. A continuación, se precipitó el ARN incubando muestras a TA durante 10 min con 250 µL de isopropanol. El precipitado de ARN purificado se recogió mediante centrifugación a 12.000 rpm durante 10 minutos, a 40ºC y se descartaron los sobrenadantes. Después, los sedimentos se lavaron con 1 mL de etanol al 75%, seguido de agitación vorticial y centrifugación a 7.500 g durante 8 minutos, 40ºC. Finalmente, los peletes se secaron al aire durante 5 minutos y se resuspendieron en 80 µl de agua libre de RNasa. Para mejorar la subsiguiente solubilidad, las muestras se incubaron a 55ºC durante 10 minutos. El ARN se cuantificó midiendo la densidad óptica a A260/280 nm. La calidad del ARN se evaluó mediante electroforesis en un gel de formaldehído de agarosa al 1,2%.

Procesamiento del chip genético

Para probar las hipótesis relacionadas con los candidatos a biomarcadores para la neoplasia colorrectal, los extractos de ARN se analizaron utilizando un GeneChip personalizado diseñado por los inventores en colaboración con Affymertix (Santa Clara, CA, EE. UU.). Estos GeneChips personalizados se procesaron utilizando el protocolo Affymetrix estándar desarrollado para el conjunto HU Gene ST 1.0 que se describe en (Affy: WTAssay).

Software estadístico y procesamiento de datos

Las bibliotecas R y BioConductor del entorno de estadísticas R (BioConductor, www.bioconductor.org) (BIOC) se usaron para la mayoría de los análisis. Para asignar las ID de los conjuntos de pruebas al símbolo del gen en la biblioteca CustomChorChip hgu133plus2 se utilizó la versión 2.2.0 que se ensambló utilizando los datos de Entrez Gene descargados el 18 de abril a las 12:30:55 de 2008 (BIOC).

Prueba de hipótesis de biomarcadores expresados diferencialmente

Para evaluar la expresión diferencial entre clases de tejido, se utilizó la prueba de la t de Student para medias iguales entre dos muestras o la variante robusta proporcionada por la biblioteca de limma (Smyth) (limma). Para mitigar el impacto del descubrimiento falso debido a múltiples pruebas de hipótesis, se aplicó un ajuste de Bonferroni a los valores P en el proceso de descubrimiento (MHT: Bonf). Para las hipótesis que prueban la hipótesis múltiples ligeramente menos conservadora se aplicó la corrección de prueba Benjamini & Hochberg, que tiene como objetivo controlar la tasa de descubrimiento falso de soluciones (MHT: BH).

Descubrimiento de patrones de expresión génica específicos de tejido

Los métodos de descubrimiento que utilizan datos de expresión génica a menudo dan lugar a numerosos candidatos, muchos de los cuales no son adecuados para productos comerciales porque implican diferencias sutiles de expresión génica que serían difíciles de detectar en la práctica de laboratorio. Pepe et al. señalan que el biomarcador "ideal" es detectable en el tejido tumoral pero no detectable (en absoluto) en el tejido no tumoral (Pepe: biomarcador:desarrollo). Para desviar el descubrimiento hacia candidatos que cumplan con este criterio, se desarrolló un método de análisis que buscaba enriquecer a los candidatos para biomarcadores cuya ausencia cualitativa o medición de presencia es diagnóstica para el fenotipo de interés. Este método intenta seleccionar candidatos que muestran un patrón prototípico "encendido" o "apagado" relativo a una estimación de la expresión de fondo/ruido en el chip. Se teoriza que tales transcritos de ARN tienen más probabilidades de correlacionarse con proteínas traducidas cadena abajo con potencial de diagnóstico o para predecir cambios genómicos corriente arriba (por ejemplo, el estado de metilación) que podrían usarse de forma diagnóstica. Este enfoque en los resultados cualitativos en lugar de cuantitativos puede simplificar el proceso de desarrollo del producto para dichos biomarcadores.

El método se basa en la suposición de que el conjunto de especies de ARN extraídas en cualquier tejido dado (por ejemplo, mucosa colorrectal) se unirá específicamente a un subconjunto relativamente pequeño del conjunto completo de conjuntos de sondas en un GeneChip diseñado para medir el genoma completo. Bajo esta suposición, se estima que la mayoría de los conjuntos de sondas en un chip de gen humano completo no exhibirán señales específicas de alta intensidad.

Esta observación se utiliza para aproximar el fondo o la 'unión no específica' a través del chip al elegir un nivel teórico igual al valor de, p. ej. el cuantil más bajo del 25% de los valores medios ordenados. Este cuantil puede establecerse arbitrariamente en algún nivel por debajo del cual se realiza una suposición razonable de que las señales no representan el enlace de ARN anterior. Finalmente, esta estimación de fondo se usa como un umbral para estimar los conjuntos de sondas "DESACTIVADOS" en un experimento para, por ejemplo, las muestras de tejido no neoplásicas.

Por el contrario, se hipotetiza adicionalmente que los conjuntos de sondas que están 1) expresados por encima de este nivel teórico de umbral y 2) a niveles diferencialmente más altos en las muestras tumorales pueden ser un biomarcador candidato específico de tumor. Se observa que, en este caso, el concepto de umbrales de "doble cambio" también se puede aplicar convenientemente para enfatizar aún más el concepto de aumentos de expresión absoluta en un conjunto de pruebas putativamente "ACTIVADOS".

Dado el supuesto de baja vinculación de fondo para una fracción considerable de los conjuntos de sonda medidos, este método solo se usó en los grandes datos y descubrimientos de GeneLogic. Para construir un filtro para el biomarcador hipotéticamente "activado" en los datos de descubrimiento de GeneLogic, se estimó el nivel de expresión medio para todos los 44.928 conjuntos de sondas en todo el rango de los 454 tejidos. Los 44.928 valores medios se clasificaron luego y se calculó el valor de expresión equivalente al percentil 25 en el conjunto de datos. Se eligió este umbral arbitrario porque la mayoría de las transcripciones (y presumiblemente más del 25%) en una muestra dada deberían exhibir una concentración baja que efectivamente es un silencio transcripcional. Por lo tanto, este umbral representa un límite superior conservador para lo que se estima que es una expresión no específica o de fondo.

Ejemplo 5

Datos de metilación de ADN

Los ensayos se desarrollaron para la detección de la metilación en las regiones promotoras de los ocho genes regulados por disminución en la Tabla 5. Los métodos para el tratamiento con bisulfito de ADN y los ensayos para la determinación de los niveles de metilación del ADN, que incluyen MSP y COBRA, se describen en Clark et al. (2006).

Cinco ensayos de MSP usaron los pares de cebadores mostrados en la Tabla 7. Se usó una PCR de control para la amplificación no sesgada del gen CAGE para determinar la cantidad de ADN de entrada para proporcionar una referencia para la cuantificación del nivel de metilación de cada gen. Para las PCR, las reacciones de 25 µL en Biorad iQ SyBr Green Super Mix contenían 5 ng de ADN tratado con bisulfito (1 ng para análisis de líneas celulares y 6 ng para muestras clínicas) y 200 nM de cebadores directos e inversos. Las condiciones de ciclado de PCR fueron:

95,0ºC por 2 minutos

Seguido por 50 ciclos de:

95,0°C/15sec

TempºC/30sec

72,0ºC/30sec

Donde "Temp" es la temperatura de recocido optimizada para cada gen como se muestra en la Tabla yy.

Para el gen DF, se realizaron 3 ciclos preliminares usando una temperatura de fusión de 95,0ºC, seguida de 50 ciclos con una temperatura de fusión inferior de 84,0ºC (para reducir la amplificación inespecífica).

Se generó una curva estándar usando ADN metilado con M.SssI metilasa (100% metilado) y ADN que se había amplificado in vitro usando la ADN polimerasa Phi29 (0% de metilación).

Los ensayos COBRA se desarrollaron para tres genes como se muestra en la Tabla 8. Los PCR se configuraron como se indicó anteriormente con las condiciones de ciclado:

95,0ºC por 2 minutos

Seguido por 50 ciclos de:

95,0ºC/15sec

TempºC/30sec

72,0ºC/30sec

Después de la PCR, se digirieron 10 µl de producto de PCR con la enzima apropiada (Tabla 8), se analizaron los productos de digestión por electroforesis en gel y los niveles de metilación se determinaron semicuantitativamente.

El estado de metilación de los ocho genes se determinó en cuatro líneas celulares de cáncer colorrectal, Caco2, HCT116, HT29 y SW480, así como ADN de sangre normal y la línea celular de fibroblastos de pulmón normal, MRC5. El nivel de metilación se resume en la Tabla 5. Las regiones promotoras de los ocho genes muestran una fuerte metilación en 2 ó 3 de las cuatro líneas celulares de cáncer colorrectal probadas. Todas mostraron una falta o un bajo nivel de metilación en el ADN del ADN normal de la sangre y de la línea celular de fibroblastos MRC5, a excepción de la metilación de DF en MRC5.

Para dos de estos genes, el análisis de MAMDC2 y GPM6B se ha extendido a un conjunto de 12 adenomas, 18 de cáncer y 22 muestras de tejidos normales emparejados (Figura 2, A y B).

Para MAMDC2 el análisis cuantitativo demostró que 2 de 12 adenomas y 6 de 18 muestras de cáncer mostraron una metilación elevada en comparación con el nivel más alto observado en muestras de tejido normal. Los niveles de metilación del gen GPM6B se determinaron mediante ensayos COBRA semicuantitativos, calificados en una escala de 0 a 5 basada en la inspección visual de las digestiones de restricción. Una clara tendencia hacia el aumento de la metilación del promotor en la progresión de normal a adenoma a cáncer fue evidente (Figura 2, panel B).

Estos datos demuestran varios ejemplos de genes regulados por disminución que tal regulación a la baja en líneas celulares de cáncer colorrectal y tejido de neoplasia primaria puede asociarse con la metilación de ADN y que los ensayos de metilación de ADN pueden usarse para discriminar el cáncer del tejido normal.

Ejemplo 6

Determinar la identidad génica de una secuencia de interés de ácido nucleico que se define por un conjunto de sondas Affymetrix

RASTREAR la secuencia de interés utilizando las herramientas de búsqueda de alineación local básicas disponibles en línea [BLAST], p. NCBI/BLAST (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)

(a) Seleccione "Humano" en BLAST ASSEMBLED GENOMES en la página web http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

(b) Deje la configuración predeterminada, es decir:

• Base de datos: Genoma (todas las asambleas)

• Programa: megaBLAST: compare las secuencias de nucleótidos altamente relacionadas

• Parámetros opcionales: esperar: 0,01, filtro: predeterminado, descripciones: 100, alineaciones: 100

(c) Copiar/Pegar secuencia en la ventana "BLAST"

(d) Haga clic en "Comenzar búsqueda"

(e) Haga clic en "Ver informe"

Evaluación de los resultados de búsqueda de Open BLAST

Se pueden identificar alineaciones de secuencia múltiples y significativas al "rastrear" la secuencia.

Identificar la nomenclatura de genes de la coincidencia de secuencia identificada

(a) Haga clic en el enlace a uno de los aciertos identificados

(b) La nueva página representará esquemáticamente la posición del acierto en un cromosoma. Será evidente qué el gen es un acierto.

(c) Recupere la secuencia del "acierto" haciendo clic en el enlace

(d) Haga una búsqueda del gen en la ventana de "búsqueda" proporcionada. Esto proporciona las coordenadas del nucleótido del gen para el gen.

Determinar la promiscuidad de la secuencia

(a) Abra la herramienta NCBI/BLAST, (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)

(b) Haga clic en "rastreo de nucleótidos" en "BLAST básico"

(c) Copie/pegue la secuencia de interés en la ventana "Secuencia de consultas"

(d) Haga clic en "Rastreo".

Evaluación de los resultados de búsqueda nBLAST de la secuencia

(a) El ejercicio nBLAST con la secuencia puede dar como resultado múltiples aciertos de rastreo, de los cuales algunos números de entrada se enumeran en la "Descripción".

(b) Estos aciertor deben ser revisados.

Determinar la ubicación de la secuencia en el gen

La base de datos de Ensembl es una base de datos en línea que produce y mantiene genomas eucarióticos seleccionados de anotaciones automáticas (www.ensembl.org/index.html)

Identificar la ubicación de la secuencia en el gen

(a) Establezca "Buscar" en Homo Sapiens, escriba "el nombre del gen" en el campo de búsqueda provisto (Ensemble.org/index.html)

(b) Haga clic en "Adelante"

(c) Haga clic en el enlace "vega protein_coding Gene: OTTHUMG000000144184" para obtener un informe de anotación

(d) Haga clic en "Gene DAS Report" para recuperar información con respecto a la base de datos de sitios de empalme alternativos: escriba "the gene name" en el campo de búsqueda

• Haga clic en "the gene entry"

• Desplácese hasta "evidencias"

• Revise los sitios de empalme alternativos

• Haga clic en "intrón/exones confirmados" para obtener una lista de coordenadas de los exones e intrones.

Empalme y corte y/o transcripción alternativos

La base de datos AceView proporciona una representación de secuencia curada y no redundante de todas las secuencias públicas de ARNm. La base de datos está disponible a través de NCBI: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/IEB/Research/Acembly/

Investigación adicional de las transcripciones de ARNm de genes

(a) Escriba "el nombre del gen" en el campo "búsqueda" provisto

(b) Haga clic en "Adelante"

(c) La siguiente información está disponible en la entrada resultante en AceView:

• El número de clones de ADNc a partir de los cuales se construye el gen (es decir, se originó a partir de un trabajo experimental que implicaba el aislamiento del ARNm)

• Los ARNm que se predice que serán producidos por el gen

• La existencia de exones alternativos que no se superponen y sitios de poliadenilación alternativos validados

• La existencia de truncamientos

• La posibilidad de expresión alternativa regulada

• Intrones registrados como participantes en el empalme y corte alternativo del gen

(d) Motivos clásicos del sitio de empalme y corte

Aplicación del método a LOC643911/hCG_1815491

Materiales y métodos

Extracción de ARN

Las extracciones de ARN se realizaron usando reactivo Trizol® (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE. UU.) según las instrucciones del fabricante. Cada muestra se homogeneizó en 300 µl de reactivo de Trizol usando un taladro dremel modificado y pistilos desechables esterilizados. Se añadieron 200 µl adicionales de reactivo Trizol al homogeneizado y las muestras se incubaron a TA durante 10 minutos. Luego se añadieron 100 µl de cloroformo, las muestras se agitaron en vórtex durante 15 segundos y se incubaron a TA durante 3 minutos más. La fase acuosa que contiene el ARN diana se obtuvo por centrifugación a 12.000 rpm durante 15 minutos, 40ºC. Luego se precipitó el ARN incubando muestras a TA durante 10 min con 250 µL de isopropanol. El precipitado de ARN purificado se recogió mediante centrifugación a 12.000 rpm durante 10 minutos, a 40ºC y se descartaron los sobrenadantes. Después, los sedimentos se lavaron con 1mL de etanol al 75%, seguido de agitación vorticial y centrifugación a 7.500 g durante 8 min, 40ºC. Finalmente, los pellets se secaron al aire durante 5 minutos y se resuspendieron en 80 µl de agua libre de RNasa.

Para mejorar la solubilidad posterior, las muestras se incubaron a 55ºC durante 10 min. El ARN se cuantificó midiendo la densidad óptica a A260/280 nm. La calidad del ARN se evaluó mediante electroforesis en un gel de formaldehído de agarosa al 1,2%.

Procesamiento de Gene Chip

Las muestras de ARN para analizar en Human Exon 1.0 ST GeneChips se procesaron utilizando el kit de marcaje y control de objetivo Affymetrix WT (parte n. ° 900652) siguiendo el protocolo descrito en (Affymetrix 2007 P/N 701880 Rev.4). Brevemente: se sintetizó ADNc de primer ciclo a partir de 100 ng de ARN ribosómico reducido usando cebadores hexámeros aleatorios marcados con la secuencia promotora T7 y SuperScript II (Invitrogen, Carlsbad CA), esto fue seguido por la síntesis de ADN polimerasa I del ADNc de la segunda cadena. El ARNc antisentido se sintetizó a continuación usando la polimerasa T7. El segundo ciclo de cDNA sentido fue sintetizado después utilizando SuperScript II, dNTP + dUTP, y hexámeros aleatorios para producir cadena de sentido cDNA que incorpora uracilo. Este ADNc monocatenario que contenía uracilo se fragmentó luego usando una combinación de uracilo ADN glicosilasa (UDG) y apurínico/apirimidínico endonucleasa1 (APE 1). Finalmente, el ADN se marcó con biotina usando la desoxinucleotidil transferasa terminal (TdT) y el reactivo de marcaje de ADN propiedad de Affymetrix. La hibridación a las matrices se llevó a cabo a 45ºC durante 16-18 horas.

El lavado y la tinción de GeneChips hibridado se llevaron a cabo utilizando Affymetrix Fluidics Station 450 y se escanearon con Affymetrix Scanner 3000 siguiendo los protocolos recomendados.

PCR cuantitativa a tiempo real SYBR Verde

La reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa en tiempo real se realizó en ARN aislado de muestras clínicas para la amplificación y detección de los diversos transcritos hCG_1815491.

En primer lugar, se sintetizó ADNc a partir de 2 µg de ARN total usando el kit de transcripción inversa de alta capacidad de Applied Biosystems (P/N 4368814). Después de la síntesis, la reacción se diluyó 1:2 con agua para obtener un volumen final de 40 ul y 1 uI de este ADNc diluido se usó en reacciones de PCR posteriores.

La PCR se realizó en un volumen de 25 µl usando una mezcla principal Promega 2x PCR de 12,5 µl (P/N M7502), 1,5 µl de cebador directo 5 µM, 1,5 µl de cebador inverso 5 µM, 7,875 µl de agua, 0,625 µl de una dilución 1:3000 de 10.000x existencias de tinte puro SYBR verde 1 (Invitrogen P/N S7567), y 1 µl de ADNc.

Las condiciones de ciclado para la amplificación fueron 95ºC durante 2 minutos x 1 ciclo, 95° durante 15 segundos y 60° durante 1 minuto x 40 ciclos. Las reacciones de amplificación se realizaron en un Corbett Research Rotor-Gene RG3000 o en una máquina de PCR Roche LightCycler480 en tiempo real. Cuando se utilizó la máquina de PCR en tiempo real Roche LightCycler480 para la amplificación, el volumen de reacción se redujo a 10 µl y se realizó en una placa de 384 pocillos, pero las relaciones relativas entre todos los componentes permanecieron iguales. Los resultados finales se calcularon usando el método ΔΔCt con los niveles de expresión de los diversos transcritos de hCG_1815491 que se calcularon con relación al nivel de expresión del gen de mantenimiento de la casa endógeno HPRT.

PCR de punto final

La PCR de punto final se realizó en ARN aislado de muestras clínicas para los diversos transcritos hCG_1815491. Las condiciones fueron idénticas a las descritas para el ensayo verde SYBR anterior pero con el colorante verde SYBR siendo reemplazado por agua. Las reacciones de amplificación se realizaron en un termociclador MJ Research PTC-200. 2,5 µl de los productos amplificados se analizaron en gel de agarosa al 2% E (Invitrogen) junto con un marcador de escala de ADN de 100 pares de bases.

Resultados

La estructura de nucleótidos y los niveles de expresión de transcritos relacionados con hCG_1815491 se analizaron basándose en la identificación de la utilidad de diagnóstico de los conjuntos de sondas Affymetrix 238021_s_at y 238022_at del análisis de chips de genes.

El gen hCG_1815491 se representa actualmente en NCBI como una única secuencia RefSeq, XM_93911. La secuencia de RefSeq de hCG_1815491 se basa en 89 accesiones GenBank de 83 clones de ADNc. Antes de marzo de 2006, se predijo que estos clones representarían dos genes superpuestos, LOC388279 y LOC650242 (este último también conocido como LOC643911). En marzo de 2006, la base de datos del genoma humano se filtró contra los reordenamientos de los clones, se alinearon conjuntamente con el genoma y se agruparon de una manera mínima no redundante. Como resultado, LOC388272 y LOC650242 se fusionaron en un gen llamado hCG_1815491 (las referencias anteriores a hCG_1815491 son: LOC388279, LOC643911, LOC650242, XM_944116, AF275804, XM_373688).

Se ha determinado que la secuencia de referencia, que se define mediante las coordenadas genómicas 8579310 a 8562303 en el cromosoma 16 humano, tal como se define en NCBI contig reference NT_010498.15 I Hs16_10655, NCBI 36 Marzo 2006, engloba a hCG_1815491. Las 10 variantes de ARN predichas derivadas de este gen se han alineado con la secuencia de nucleótidos genómica que reside en la región del mapa 8579310 a 8562303. Este análisis de alineamiento reveló la existencia de al menos 6 exones, de los cuales varios están empalmados alternativamente. Los exones identificados contrastan con los 4 exones que se especifican en el NCBI hCG_1815491 RefSeq XM_93911. Dos supuestos exones adicionales también se identificaron en la Secuencia de Ref mediante el examen de los conjuntos de sondas incluidos en Affymetrix Genechip HuGene Exon 1.0 que se dirigen a las secuencias de nucleótidos incrustadas en la Secuencia de Ref. La estructura exón-intrón identificada y expandida de hCG_1815491 se ha usado para diseñar cebadores de oligonucleótidos específicos, lo que permitió la medición de la expresión de variantes de ARN generadas a partir de la secuencia de referencia mediante el uso de metodología basada en PCR (figura 4).

TablaS

Las designaciones de conjuntos de sondas incluyen identificadores de conjuntos de sondas HG-133plus2 e identificadores de sondas de matriz 1.0ST de genes humanos. El último se puede asignar convenientemente a Transcript Cluster ID usando el archivo de la pestaña de la sonda Human Gene 1.0ST proporcionado por Affymetrix (http://www.affymetrix.com/Auth/analysis/downloads/na22/wtgene/HuGene-1_0-st-v1.probe.tab.zip). Con el uso de software disponible públicamente como NetAffx (proporcionado por Affymetrix), la identificación del clúster de transcripciones se puede mapear más a un símbolo genético, ubicación cromosómica, etc.

Tabla 1

Los conjuntos de sondas demostraron ser expresados más alto en los tejidos no neoplásicos en relación con los controles neoplásicos. TargetPS: identificación del conjunto de sondas Affymetrix HG-U133plus2; Símbolo: símbolo de gen putativo correspondiente a la id del conjunto de pruebas objetivo: los nombres de símbolos múltiples indican la posibilidad de hibridación del conjunto de sondas a múltiples objetivos de genes; Signif. FDR: valor p ajustado para la prueba de diferencia de medias entre el ARN extraído de los tejidos con neoplasia y no neoplásicos. El ajuste se realiza utilizando la corrección de Benjamini y Hochberg para múltiples pruebas de hipótesis (Benjamini y Hochberg, 1995); D.value50: Estimación del parámetro de eficacia diagnóstica correspondiente al área de la característica de operador receptor ROC. Este parámetro proporciona una estimación conveniente de la utilidad de diagnóstico y se describe en (Saunders, 2006); FC: veces el cambio entre el nivel de expresión media de no neoplasia frente a

neoplasia; Sens-Spec: Estimación del rendimiento de diagnóstico correspondiente al punto de curva ROC que demuestra igual sensibilidad y especificidad; IC (95): intervalo de confianza del 95% de las estimaciones de sensibilidad y especificidad.

Tabla 2

Evidencia de múltiples conjuntos de sondas que corresponden a los símbolos de los genes reivindicados en este documento que muestran las diferencias de la concentración de RNA entre los tejidos no neoplásicos y controles neoplásicos. Símbolo: símbolo del gen; ValidPS_DOWN: identificadores del conjunto de sondas de Affymetrix que demuestran una sobreexpresión estadísticamente significativa en extractos de ARN no neoplásicos en relación con los controles neoplásicos. Signif. FDR: valor p ajustado para la prueba de diferencia de medias entre el ARN extraído de los tejidos con neoplasia y no neoplásicos. El ajuste se realiza utilizando la corrección de Benjamini y Hochberg para múltiples pruebas de hipótesis (Benjamini y Hochberg, 1995); D.value50: Estimación del parámetro de eficacia diagnóstica correspondiente al área de la característica de operador receptor ROC. Este parámetro proporciona una estimación conveniente de la utilidad de diagnóstico y se describe en (Saunders, 2006); FC: veces el cambio entre el nivel de expresión media de no neoplasia frente a neoplasia; Sens-Spec: Estimación del rendimiento de diagnóstico correspondiente al punto de curva ROC que demuestra igual sensibilidad y especificidad; IC (95): intervalo de confianza del 95% de las estimaciones de sensibilidad y especificidad.

Tabla 3

Conjuntos de sondas que demuestran un perfil elevado cualitativo (además de cuantitativo) en tejidos no neoplásicos en relación con controles neoplásicos. TargetPS: identificación del conjunto de sondas Affymetrix HG-U133plus2; Símbolo: símbolo de gen putativo correspondiente a la id del conjunto de pruebas objetivo: los nombres de símbolos múltiples indican la posibilidad de hibridación del conjunto de sondas a múltiples objetivos de genes; Signif. FDR: valor p ajustado para la prueba de diferencia de medias entre el ARN extraído de tejidos con neoplasia y no neoplásicos. El ajuste se realiza utilizando la corrección de Benjamini y Hochberg para múltiples pruebas de hipótesis (Benjamini y Hochberg, 1995); D.value50: Estimación del parámetro de eficacia diagnóstica correspondiente al área de la característica de operador receptor ROC. Este parámetro proporciona una estimación conveniente de la utilidad de diagnóstico y se describe en (Saunders, 2006); FC: veces el cambio entre el nivel de expresión media de no neoplasia frente a neoplasia; Sens-Spec: Estimación del rendimiento de diagnóstico correspondiente al punto de curva ROC que demuestra igual sensibilidad y especificidad; IC (95): intervalo de confianza del 95% de las estimaciones de sensibilidad y especificidad.

Tabla 4

La evidencia de múltiples conjuntos de sondas que corresponden a los símbolos de los genes reivindicados en este documento exhiben cambios cualitativos en la concentración de RNA en tejidos no neoplásicos en comparación con los tejidos neoplásicos. Símbolo: símbolo del gen; ValidPS DOWN: identificaciones del conjunto de sondas de Affymetrix que demuestran una sobreexpresión estadísticamente significativa en los extractos de ARN neoplásico en relación con los controles no neoplásicos. Signif. FDR: valor p ajustado para la prueba de diferencia de medias entre el ARN extraído de tejidos con neoplasia y no neoplásicos. El ajuste se realiza utilizando la corrección de Benjamin y Hochberg para múltiples pruebas de hipótesis (Benjamin y Hochberg, 1995); D.value50: Estimación del parámetro de eficacia diagnóstica correspondiente al área de la característica de operador receptor ROC. Este parámetro proporciona una estimación conveniente de la utilidad de diagnóstico y se describe en (Saunders, 2006); FC: veces el cambio entre el nivel de expresión media de no neoplasia frente a neoplasia; Sens-Spec: Estimación del rendimiento de diagnóstico correspondiente al punto de curva ROC que demuestra igual sensibilidad y especificidad; IC (95): intervalo de confianza del 95% de las estimaciones de sensibilidad y especificidad.

Los expertos en la materia apreciarán que la invención descrita en este documento es susceptible de variaciones y modificaciones distintas a las específicamente descritas. Debe entenderse que la invención incluye todas las variaciones y modificaciones de este tipo. La invención también incluye todos los pasos, características, composiciones y compuestos mencionados o indicados en esta memoria descriptiva, individual o colectivamente, y todas y cada una de las combinaciones de cualesquiera dos o más de dichos pasos o características.

Tabla 1

Diana PS	**Símbolo**	**Signif. FDR**	**D.val5**	**FC**	**Sens-Spec**	**CI (95)**
230788_at	SPTLC3 :GCNT2	2,16E-27	3,9512	13,36	97,6	94,2-99,2
207502_at	GUCA2B	7,04E-25	3,6279	51,78	96,5	92,3-98,6
207003_at	GUCA1B	7,32E-25	3,565	10,7	96,3	92-98,5

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
206208_at	CA4	1,73E-24	3,6263	10,41	96,5	92,4-98,6
206209_s_at	CA4	1,73E-24	3,6265	10,41	96,5	92,3-98,6
203908_at	LOC727995:SLC4A4:LOC730895	2,23E-23	3,6298	3,58	96,5	92,4-98,6
206784_at	AQP8	2,98E-22	3,3284	10,82	95,2	90,3-97,9
205950_s_at	CA1	3,15E-22	3,368	38,27	95,4	90,6-98
209735_at	ABCG2	1,09E-21	3,2584	31,53	94,8	89,7-97,7
230830_at	OSTbeta	6,23E-21	3,1861	7,15	94,4	89,2-97,5
223754_at	MGC13057	6,94E-21	3,2036	3,18	94,5	89,3-97,5
228195_at	MGC13057	6,94E-21	3,2023	3,18	94,5	89,4-97,5
228706_s_at	CLDN23	4,27E-20	3,0757	3,47	93,8	88,2-97,1
228707_at	CLDN23	4,27E-20	3,072	3,47	93,8	88,3-97,1
223551_at	PKIB	5,94E-20	3,1219	3,28	94,1	88,6-97,3
231120_x_at	PKIB	5,94E-20	3,1226	3,28	94,1	88,6-97,3
226492_at	SEMA6D	6,07E-20	3,0898	4,27	93,9	88,4-97,2
220026_at	CLCA4	1,25E-19	3,1909	16,3	94,5	89,2-97,5
224836_at	TP53INP2	1,45E-19	3,0248	3,78	93,5	87,9-96,9
220834_at	MS4A12	2,13E-19	3,29	7,15	95	90-97,8
224412_s_at	TRPM6	2,25E-19	3,01	7,5	93,4	87,7-96,8
220037_s_at	XLKD1	3,60E-19	2,9412	7,44	92,9	87,1-96,6
219059_s_at	XLKD1	3,60E-19	2,942	7,44	92,9	87-96,6
209612_s_at	ADH1B:ADH1A	4,70E-19	3,0183	4,67	93,4	87,7-96,9
209613_s_at	ADH1B:ADH1A	4,70E-19	3,0147	4,67	93,4	87,7-96,9
200845_s_at	LOC389249:PRDX6	5,56E-19	2,8412	2,76	92,2	86,1-96,1
209301_at	CA2	5,87E-19	2,9662	9,22	93,1	87,3-96,7
208399_s_at	EDN3	6,42E-19	2,9342	11,21	92,9	87-96,5
228961_at	MIER3	9,14E-19	2,9183	3,91	92,8	86,9-96,5

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
231975_s_at	MIER3	9,14E-19	2,9172	3,91	92,8	86,8-96,4
204719_at	ABCA8	1,26E-18	2,9172	6,82	92,8	86,8-96,5
207761_s_at	METTL7A	1,35E-18	3,1247	1,93	94,1	88,6-97,3
207977_s_at	DPT	1,53E-18	2,8967	9,07	92,6	86,6-96,4
213068_at	DPT	1,53E-18	2,8973	9,07	92,6	86,7-96,4
213071_at	DPT	1,53E-18	2,8962	9,07	92,6	86,7-96,4
218756_s_at	MRM1:MGC4172	1,74E-18	2,9041	3,74	92,7	86,6-96,4
212288_at	FNBP1:C1orf85:CCT3	1,76E-18	3,0475	2,04	93,6	88-97
204036_at	EDG2	2,44E-18	2,8853	3,19	92,5	86,4-96,3
202037_s_at	SFRP1	2,77E-18	2,8647	15,53	92,4	86,3-96,2
206143_at	SLC26A3	4,18E-18	2,9202	21,4	92,8	86,9-96,5
215657_at	SLC26A3	4,18E-18	2,9226	21,4	92,8	86,9-96,5
231773_at	ANGPTL1	1,42E-17	2,7938	4,64	91,9	85,6-95,9
205480_s_at	UGP2	1,64E-17	2,7911	2,41	91,9	85,6-95,9
204955_at	SRPX	1,79E-17	2,7753	3,91	91,7	85,5-95,8
222722_at	OGN	2,25E-17	2,7048	13,67	91,2	84,8-95,4
202555_s_at	MYLK	2,33E-17	2,773	3,99	91,7	85,4-95,8
224823_at	MYLK	2,33E-17	2,7727	3,99	91,7	85,4-95,8
225575_at	LIFR	2,45E-17	2,7823	6,36	91,8	85,5-95,8
214142_at	LOC653808:ZG16	2,51E-17	2,8119	8,14	92	85,8-95,9
206710_s_at	EPB41L3	2,62E-17	2,8298	2,51	92,1	85,9-96,1
205464_at	SCNN1B	3,20E-17	2,7209	16,15	91,3	84,9-95,5
220812_s_at	HHLA2	3,47E-17	2,6717	10,02	90,9	84,4-95,3
203913_s_at	HPGD	3,65E-17	2,8441	3,21	92,2	86,1-96,1
203914_x_at	HPGD	3,65E-17	2,8456	3,21	92,3	86,1-96,1
211548_s_at	HPGD	3,65E-17	2,8446	3,21	92,3	86,1-96,1

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
211549_s_at	HPGD	3,65E-17	2,8466	3,21	92,3	86,1-96,1
206198_s_at	CEACAM7	3,96E-17	2,7882	10,4	91,8	85,5-95,9
206199_at	CEACAM7	3,96E-17	2,7855	10,4	91,8	85,6-95,8
211848_s_at	CEACAM7	3,96E-17	2,7882	10,4	91,8	85,6-95,8
226430_at	SMAD5:RELL1	4,10E-17	2,6968	2,5	91,1	84,6-95,4
202992_at	C7	4,40E-17	2,7163	6,67	91,3	84,9-95,5
205112_at	PLCE1	6,91E-17	2,7542	2,43	91,6	85,2-95,7
229839_at	SCARA5	1,25E-16	2,6897	2,86	91,1	84,6-95,3
235849_at	SCARA5	1,25E-16	2,6918	2,86	91,1	84,5-95,3
209763_at	CHRDL1	1,49E-16	2,6093	13,88	90,4	83,7-94,9
205259_at	NR3C2	2,08E-16	2,5812	3,19	90,2	83,4-94,7
202242_at	TSPAN7	2,13E-16	2,6519	3,68	90,8	84,1-95,1
203000_at	STMN2	2,25E-16	2,6115	6,13	90,4	83,7-94,9
203001_s_at	STMN2	2,25E-16	2,6141	6,13	90,4	83,7-94,9
209074_s_at	FAM107A	2,52E-16	2,6171	2,92	90,5	83,8-94,9
202920_at	ANK2	2,59E-16	2,6499	6,76	90,7	84,1-95,1
213317_at	CLIC5	3,68E-16	2,696	2,37	91,1	84,6-95,4
204697_s_at	CHGA	5,54E-16	2,6087	7,21	90,4	83,7-94,9
212814_at	KIAA0828	5,58E-16	2,5495	4,09	89,9	83-94,5
225275_at	EDIL3	6,21E-16	2,6252	2,96	90,5	83,9-95
208370_s_at	DSCR1	6,21E-16	2,6146	2,14	90,4	83,7-94,9
209147_s_at	PPAP2A	6,43E-16	2,5961	2,4	90,3	83,6-94,8
210946_at	PPAP2A	6,43E-16	2,5967	2,4	90,3	83,5-94,8
202731_at	PDCD4	8,67E-16	2,4558	2,6	89	82-94
219799_s_at	DHRS9:GORASP2	1,09E-15	2,7368	1,51	91,4	85,1-95,6
223952_x_at	DHRS9:GORASP2	1,09E-15	2,7334	1,51	91,4	85-95,6

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
224009_x_at	DHRS9:GORASP2	1,09E-15	2,7359	1,51	91,4	85,1-95,6
236313_at	CDKN2B	1,34E-15	2,5442	10,09	89,8	83-94,5
231925_at	P2RY1	1,41E-15	2,5354	3,6	89,8	82,9-94,4
238143_at	LOC646627	1,58E-15	1,9142	5,02	83,1	74,8-89,4
224480_s_at	LPAAT-THETA	2,06E-15	2,3867	2,63	88,4	81,1-93,5
212230_at	PPAP2B	2,44E-15	2,5821	1,81	90,2	83,4-94,7
207080_s_at	PYY	3,50E-15	2,4811	11,71	89,3	82,3-94,1
205200_at	CLEC3B	4,65E-15	2,4426	4,46	88,9	81,8-93,8
228133_s_at	NDE1	4,84E-15	2,514	1,99	89,6	82,7-94,3
214038_at	CCL8	5,75E-15	2,4504	7,51	89	81,9-93,9
219014_at	PLAC8	5,76E-15	2,4248	3,87	88,7	81,6-93,7
219796_s_at	MUCDHL	5,81E-15	2,4346	3,06	88,8	81,6-93,8
220075_s_at	MUCDHL	5,81E-15	2,4354	3,06	88,8	81,7-93,8
215299_x_at	SULT1A1:SULT1A2	7,17E-15	2,4231	3,37	88,7	81,5-93,7
233565_s_at	SDCBP2	9,28E-15	2,4871	2,37	89,3	82,3-94,1
228885_at	RPL24:LOC731365	1,23E-14	2,5555	1,63	89,9	83,1-94,6
209687_at	CXCL12	1,54E-14	2,4322	3,79	88,8	81,7-93,8
218546_at	C1orf115	1,95E-14	2,4106	2,95	88,6	81,4-93,6
205097_at	SLC26A2	2,08E-14	2,4219	7,83	88,7	81,5-93,7
224959_at	SLC26A2	2,08E-14	2,4229	7,83	88,7	81,6-93,7
224963_at	SLC26A2	2,08E-14	2,4205	7,83	88,7	81,5-93,7
204069_at	MEIS1	2,49E-14	2,3759	5,44	88,3	81-93,4
223121_s_at	SFRP2	3,05E-14	2,3937	7,39	88,4	81,2-93,5
223122_s_at	SFRP2	3,05E-14	2,3967	7,39	88,5	81,2-93,5
209191_at	TUBB3:MC1 R:TUBB6	3,55E-14	2,3684	5,9	88,2	80,9-93,3
201348_at	GPX3	5,68E-14	2,36	2,57	88,1	80,8-93,2

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
214091_s_at	GPX3	5,68E-14	2,3613	2,57	88,1	80,7-93,3
228766_at	CD36	6,27E-14	2,4671	1,65	89,1	82,1-94
221896_s_at	HIGD1A	6,29E-14	2,3985	2,09	88,5	81,3-93,5
201865_x_at	NR3C1	7,65E-14	2,3539	2,51	88	80,6-93,2
211671_s_at	NR3C1	7,65E-14	2,3517	2,51	88	80,7-93,2
206149_at	LOC63928	8,09E-14	2,3513	3,2	88	80,7-93,2
228846_at	MXD1	8,35E-14	2,4074	2,11	88,6	81,4-93,6
225602_at	C9orf19	1,74E-13	2,3619	1,95	88,1	80,9-93,3
225604_s_at	C9orf19	1,74E-13	2,3646	1,95	88,1	80,8-93,3
201893_x_at	DCN	2,05E-13	2,311	5,62	87,6	80,2-92,9
209335_at	DCN	2,05E-13	2,3115	5,62	87,6	80,3-92,9
211813_x_at	DCN	2,05E-13	2,3145	5,62	87,6	80,2-92,9
211896_s_at	DCN	2,05E-13	2,3124	5,62	87,6	80,2-92,9
204818_at	HSD17B2	2,32E-13	2,196	4,76	86,4	78,7-92
204931_at	TCF21	2,51E-13	2,306	2,34	87,6	80,1-92,9
204438_at	MRC1	2,72E-13	2,3105	2,6	87,6	80,2-92,9
206262_at	ADH1A:ADH1C	2,94E-13	2,3719	3,1	88,2	80,9-93,3
205433_at	BCHE	3,18E-13	2,2514	6,21	87	79,5-92,5
225242_s_at	CCDC80	3,60E-13	2,2316	3,67	86,8	79,2-92,3
207980_s_at	CITED2	5,29E-13	2,2709	1,64	87,2	79,7-92,6
209357_at	CITED2	5,29E-13	2,2704	1,64	87,2	79,7-92,6
208383_s_at	PCK1	5,74E-13	2,3242	3,6	87,7	80,4-93
206385_s_at	ANK3:LOC729184:LOC7311 86	7,46E-13	2,2305	2,45	86,8	79,2-92,2
203305_at	F13A1	8,82E-13	2,1821	4,74	86,2	78,6-91,8
206134_at	ADAMDEC1	9,04E-13	2,2607	3,19	87,1	79,5-92,5
215118_s_at	AHNAK:IGHG1	9,41E-13	2,3277	1,73	87,8	80,3-93

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
217022_s_at	AHNAK:IGHG1	9,41E-13	2,3254	1,73	87,8	80,4-93
223395_at	ABI3BP	9,47E-13	2,2207	3,62	86,7	79-92,2
225626_at	PAG1	1,11E-12	2,2136	2,68	86,6	78,9-92,1
213953_at	KRT20	1,26E-12	2,0964	5,49	85,3	77,4-91,1
226594_at	ENTPD5	1,43E-12	2,1687	3,01	86,1	78,4-91,8
209373_at	MALL	2,10E-12	2,1597	3,96	86	78,3-91,7
212713_at	MFAP4	2,96E-12	2,1797	2,51	86,2	78,5-91,9
208920_at	SRI	3,03E-12	2,0982	2,43	85,3	77,4-91,1
201739_at	SGK	3,12E-12	2,1221	4,08	85,6	77,8-91,3
214696_at	MGC14376	3,39E-12	2,1045	2,58	85,4	77,5-91,2
204034_at	ETHE1	3,46E-12	2,2127	1,75	86,6	79-92,1
209667_at	CES2	3,51E-12	2,102	2,87	85,3	77,4-91,2
209668_x_at	CES2	3,51E-12	2,0978	2,87	85,3	77,4-91,1
213509_x_at	CES2	3,51E-12	2,097	2,87	85,3	77,4-91,1
202291_s_at	MGP:C12orf46	3,63E-12	2,1448	4,68	85,8	78-91,5
209167_at	GPM6B	4,04E-12	2,1568	3,59	86	78,2-91,6
209170_s_at	GPM6B	4,04E-12	2,1581	3,59	86	78,2-91,6
225720_at	SYNPO2	5,07E-12	2,1053	6,43	85,4	77,5-91,2
225721_at	SYNPO2	5,07E-12	2,1069	6,43	85,4	77,5-91,2
225894_at	SYNPO2	5,07E-12	2,1043	6,43	85,4	77,5-91,2
225895_at	SYNPO2	5,07E-12	2,1069	6,43	85,4	77,5-91,2
227662_at	SYNPO2	5,07E-12	2,1043	6,43	85,4	77,5-91,2
206422_at	GCG	5,58E-12	2,1185	12,56	85,5	77,7-91,3
205593_s_at	PDE9A	6,56E-12	2,1443	3,91	85,8	78-91,5
220376_at	LRRC19	6,75E-12	2,076	4,51	85	77,1-91
204130_at	HSD11B2	6,97E-12	2,0896	2,53	85,2	77,3-91,1

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
224964_s_at	GNG2	7,25E-12	2,1405	1,91	85,8	78-91,5
219508_at	GCNT3	8,39E-12	2,0843	3,94	85,1	77,2-91
211645_x_at	No símbolo	9,19E-12	2,1536	1,61	85,9	78,2-91,6
212233_at	No símbolo	9,19E-12	2,1541	1,61	85,9	78,1-91,6
212764_at	No símbolo	9,19E-12	2,1541	1,61	85,9	78,1-91,6
214777_at	No símbolo	9,19E-12	2,1543	1,61	85,9	78,2-91,6
217235_x_at	No símbolo	9,19E-12	2,155	1,61	85,9	78,2-91,6
225710_at	No símbolo	9,19E-12	2,1539	1,61	85,9	78,1-91,6
226333_at	No símbolo	9,19E-12	2,1529	1,61	85,9	78,1-91,6
226834_at	No símbolo	9,19E-12	2,154	1,61	85,9	78,1-91,6
227061_at	No símbolo	9,19E-12	2,152	1,61	85,9	78,1-91,6
228504_at	No símbolo	9,19E-12	2,1533	1,61	85,9	78,1-91,6
228507_at	No símbolo	9,19E-12	2,1538	1,61	85,9	78,2-91,6
228640_at	No símbolo	9,19E-12	2,1532	1,61	85,9	78,2-91,6
228854_at	No símbolo	9,19E-12	2,1532	1,61	85,9	78,2-91,7
236300_at	No símbolo	9,19E-12	2,1532	1,61	85,9	78,2-91,6
242317_at	No símbolo	9,19E-12	2,1529	1,61	85,9	78,1-91,6
210524_x_at	No símbolo	9,19E-12	2,1554	1,61	85,9	78,2-91,7
224989_at	No símbolo	9,19E-12	2,1526	1,61	85,9	78,2-91,6
227052_at	No símbolo	9,19E-12	2,151	1,61	85,9	78,1-91,6
227682_at	No símbolo	9,19E-12	2,1549	1,61	85,9	78,2-91,6
235146_at	No símbolo	9,19E-12	2,1527	1,61	85,9	78,2-91,7
207126_x_at	UGT1A10:UGT1A7:UGT1A8: UGT1A1:UGT1A9:UGT1A6: UGT1A5:UGT1A3:UGT1A4	9,98E-12	2,0677	4,56	84,9	77-90,9
206094_x_at	UGT1A10:UGT1A7:UGT1A8: UGT1A1:UGT1A9:UGT1A6: UGT1A5:UGT1A3:UGT1A4	1,01E-11	2,0693	4,56	85	77-90,8

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
208596_s_at	UGT1A10:UGT1A7:UGT1A8: UGT1A1:UGT1A9:UGT1A6: UGT1A5:UGT1A3:UGT1A4	1,01E-11	2,0662	4,56	84,9	76,9-90,8
221305_s_at	UGT1A10:UGT1A7:UGT1A8: UGT1A1:UGT1A9:UGT1A6: UGT1A5:UGT1A3:UGT1A4	1,03E-11	2,0663	4,56	84,9	77-90,9
204532_x_at	UGT1A10:UGT1A7:UGT1A8: UGT1A1:UGT1A9:UGT1A6: UGT1A5:UGT1A3:UGT1A4	1,18E-11	2,0678	4,56	84,9	77-90,9
215125_s_at	UGT1A10:UGT1A7:UGT1A8: UGT1A1:UGT1A9:UGT1A6: UGT1A5:UGT1A3:UGT1A4	1,18E-11	2,0682	4,56	84,9	77-90,9
209791_at	PADI2	1,46E-11	2,0258	3,98	84,4	76,4-90,5
219669_at	CD177	1,49E-11	2,0618	5,77	84,9	76,9-90,8
201539_s_at	FHL1	1,63E-11	2,0448	3,25	84,7	76,7-90,7
201540_at	FHL1	1,63E-11	2,0466	3,25	84,7	76,7-90,7
210298_x_at	FHL1	1,63E-11	2,0438	3,25	84,7	76,7-90,6
210299_s_at	FHL1	1,63E-11	2,0458	3,25	84,7	76,6-90,6
214505_s_at	FHL1	1,63E-11	2,0459	3,25	84,7	76,7-90,6
206576_s_at	CEACAM1	2,66E-11	2,0448	2,85	84,7	76,7-90,7
209498_at	CEACAM1	2,66E-11	2,0446	2,85	84,7	76,7-90,7
211889_x_at	CEACAM1	2,66E-11	2,0471	2,85	84,7	76,7-90,7
202994_s_at	FBLN1	2,82E-11	2,0183	3,55	84,4	76,3-90,4
202995_s_at	FBLN1	2,82E-11	2,0191	3,55	84,4	76,3-90,4
201427_s_at	SEPP1	2,83E-11	2,034	4,15	84,5	76,5-90,6
212956_at	TBC1D9	3,89E-11	2,1428	1,54	85,8	78-91,5
203963_at	CA12	4,32E-11	2,0024	2,65	84,2	76,1-90,2
204508_s_at	CA12	4,32E-11	2,0029	2,65	84,2	76,2-90,3
210735_s_at	CA12	4,32E-11	2,0016	2,65	84,2	76,1-90,2
214164_x_at	CA12	4,32E-11	2,0016	2,65	84,2	76,1-90,3
215867_x_at	CA12	4,32E-11	2,0027	2,65	84,2	76,1-90,3

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
203881_s_at	DMD	5,01E-11	2,0159	4,74	84,3	76,2-90,4
213624_at	SMPDL3A	5,84E-11	1,9409	3,14	83,4	75,2-89,6
226304_at	HSPB6	6,16E-11	1,9486	6,88	83,5	75,4-89,8
206561_s_at	LOC441282:AKR1B10:LOC340888	7,91E-11	1,9478	5,17	83,5	75,3-89,7
203343_at	UGDH	8,72E-11	1,9619	2,4	83,7	75,6-89,9
205892_s_at	FABP1	9,02E-11	1,9694	6,54	83,8	75,6-89,9
206637_at	P2RY14	1,31E-10	1,9821	2	83,9	75,8-90,1
202266_at	TTRAP	1,59E-10	1,9147	2,2	83,1	74,9-89,4
206000_at	LOC642840:MEP1A:LOC389747:LOC644777	2,07E-10	1,9873	3,17	84	75,9-90,1
201496_x_at	MYH11	2,15E-10	1,8577	5,35	82,4	74-88,8
201497_x_at	MYH11	2,15E-10	1,8599	5,35	82,4	74,1-88,8
207961_x_at	MYH11	2,15E-10	1,859	5,35	82,4	74,1-88,9
201495_x_at	MYH11	2,15E-10	1,8585	5,35	82,4	74-88,8
204388_s_at	MAOA	2,49E-10	2,0297	2,18	84,5	76,4-90,5
204389_at	MAOA	2,49E-10	2,0256	2,18	84,4	76,5-90,5
212741_at	MAOA	2,49E-10	2,0267	2,18	84,5	76,5-90,5
214598_at	CLDN8	2,92E-10	1,862	12,96	82,4	74,2-88,9
202838_at	FUCA1	4,24E-10	1,8831	2,03	82,7	74,4-89,1
217897_at	MB:FXYD6	6,39E-10	1,8109	2,92	81,7	73,3-88,3
220468_at	ARL14	7,01E-10	1,8242	3,06	81,9	73,5-88,4
201920_at	SLC20A1	7,65E-10	1,7849	4,04	81,4	72,9-88,1
210302_s_at	MAB21L2	1,05E-09	1,7744	5,2	81,3	72,8-87,9
209114_at	TSPAN1	1,16E-09	1,7896	2,16	81,5	73-88,1
220266_s_at	KLF4	1,19E-09	1,8515	2,27	82,3	73,8-88,7
221841_s_at	KLF4	1,19E-09	1,8493	2,27	82,2	73,9-88,8

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
209283_at	CRYAB	1,47E-09	1,7693	3,91	81,2	72,7-87,8
223484_at	C15orf48	1,54E-09	1,8189	3,07	81,8	73,4-88,4
205412_at	ACAT1	1,70E-09	1,8575	1,77	82,3	73,9-88,8
202888_s_at	ANPEP	2,04E-09	1,7673	8,18	81,2	72,6-87,8
225458_at	EXOC3	2,25E-09	1,7957	3,17	81,5	73,1-88,1
204834_at	FGL2	2,64E-09	1,8245	2,07	81,9	73,4-88,5
227265_at	FGL2	2,64E-09	1,8246	2,07	81,9	73,6-88,4
228469_at	PPID	3,34E-09	1,8032	1,73	81,6	73,2-88,3
221004_s_at	ITM2C	3,87E-09	1,7063	2,22	80,3	71,8-87,1
213921_at	SST	4,16E-09	1,7652	6,14	81,1	72,6-87,8
230087_at	PRIMA1	4,74E-09	1,7085	2,75	80,4	71,8-87,2
201842_s_at	EFEMP1	5,80E-09	1,8196	1,69	81,9	73,4-88,4
222162_s_at	ADAMTS1	6,42E-09	1,7467	2,37	80,9	72,3-87,6
210517_s_at	AKAP12	7,41E-09	1,7454	2,83	80,9	72,3-87,6
227529_s_at	AKAP12	7,41E-09	1,7437	2,83	80,8	72,3-87,6
228750_at	COL14A1	7,60E-09	1,7813	1,67	81,3	72,9-88
219948_x_at	LOC642329:UGT2A3	8,64E-09	1,7422	4,89	80,8	72,2-87,5
208131_s_at	PTGIS	9,15E-09	1,7212	3,98	80,5	71,9-87,3
207432_at	BTN2A2:BEST2	9,19E-09	1,7179	3,63	80,5	71,9-87,3
219607_s_at	MS4A4A:LOC643680	9,59E-09	1,8197	1,55	81,9	73,4-88,4
204688_at	SGCE	1,02E-08	1,7438	2,03	80,8	72,3-87,6
207134_x_at	TPSB2	1,24E-08	1,3713	1,87	75,4	66,3-82,9
209156_s_at	COL6A2	1,30E-08	1,68	2,08	80	71,3-86,8
202741_at	PRKACB	1,30E-08	1,7217	2,18	80,5	71,9-87,3
202742_s_at	PRKACB	1,30E-08	1,721	2,18	80,5	71,9-87,3
200795_at	SPARCL1	1,33E-08	1,6379	2,85	79,4	70,7-86,3

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
219543_at	PBLD	1,38E-08	1,6981	2,74	80,2	71,6-87,1
225207_at	PDK4	1,45E-08	1,705	3,02	80,3	71,7-87,2
202222_s_at	SPEG:LOC729871:DES	1,47E-08	1,7229	6,66	80,6	72-87,3
214027_x_at	SPEG:LOC729871:DES	1,47E-08	1,7254	6,66	80,6	72-87,4
239272_at	MMP28	1,80E-08	1,6622	2,47	79,7	71-86,6
222453_at	THEM4:CYBRD1	1,84E-08	1,6934	2,7	80,1	71,6-87
212195_at	MAGEA4:IL6ST	1,87E-08	1,764	1,58	81,1	72,6-87,8
203980_at	FABP4	2,01E-08	1,6762	5,55	79,9	71,3-86,8
211985_s_at	CALM1	2,12E-08	1,6839	1,72	80	71,4-86,9
221747_at	TNS1:AKAP9	2,21E-08	1,7434	2,01	80,8	72,2-87,5
221748_s_at	TNS1:AKAP9	2,21E-08	1,7409	2,01	80,8	72,3-87,5
201324_at	EMP1	2,59E-08	1,7149	1,95	80,4	71,9-87,3
212397_at	LOC643244:RDX	3,06E-08	1,7431	1,9	80,8	72,3-87,6
205382_s_at	CFD	3,06E-08	1,6462	2,81	79,5	70,8-86,4
201141_at	GPNMB	3,11E-08	1,6928	1,99	80,1	71,5-87
205683_x_at	TPSAB1,TPSAB1	3,52E-08	1,7075	1,93	80,3	71,8-87,1
210084_x_at	TPSAB1,TPSAB1	3,52E-08	1,7045	1,93	80,3	71,8-87,1
215382_x_at	TPSAB1,TPSAB1	3,52E-08	1,7091	1,93	80,4	71,7-87,2
216474_x_at	TPSAB1,TPSAB1	3,52E-08	1,7069	1,93	80,3	71,7-87,2
227006_at	PPP1R14A	3,54E-08	1,619	2,51	79,1	70,3-86,1
242601_at	LOC253012	3,59E-08	1,6517	4,46	79,6	70,8-86,5
212730_at	DMN	4,36E-08	1,6046	4,05	78,9	70,2-86
226818_at	MPEG1	4,58E-08	1,6466	1,86	79,5	70,8-86,5
226841_at	MPEG1	4,58E-08	1,6484	1,86	79,5	70,8-86,5
203474_at	IQGAP2	5,06E-08	1,6275	2,51	79,2	70,6-86,2
203766_s_at	LMOD1	5,55E-08	1,58	2,97	78,5	69,8-85,6

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
214916_x_at	LOC652128:IGHG1:IGHM:IGHV4-31:LOC647189:IGHV1-69:IGHA1:IL8:EXOC7:SIX6:IGHD:IGH@:IGHG3:C12orf32:ZCWPW2:IFI6:IGHG4:IGHA2:IGHG2:RAC1	5,75E-08	1,6352	3,1	79,3	70,6-86,3
226303_at	PGM5	5,87E-08	1,6215	5,87	79,1	70,4-86,2
225442_at	DDR2	5,89E-08	1,562	2,61	78,3	69,4-85,4
227561_at	DDR2	5,89E-08	1,5604	2,61	78,2	69,4-85,5
202760_s_at	AKAP2:PALM2:PALM2-AKAP2	6,28E-08	1,6137	2,17	79	70,3-86,1
226694_at	AKAP2:PALM2:PALM2-AKAP2	6,28E-08	1,6143	2,17	79	70,2-86,1
204894_s_at	AOC3	6,43E-08	1,556	2,92	78,2	69,4-85,4
203058_s_at	PAPSS2	6,43E-08	1,6171	1,97	79,1	70,4-86,1
203060_s_at	PAPSS2	6,43E-08	1,6159	1,97	79	70,4-86,1
208763_s_at	TSC22D3	7,22E-08	1,6098	2,76	79	70,2-86
222717_at	SDPR	9,62E-08	1,5998	2,21	78,8	70,1-85,9
203680_at	PRKAR2B	1,05E-07	1,6759	2,1	79,9	71,2-86,8
201041_s_at	DUSP1	1,06E-07	1,5295	2,44	77,8	68,9-85
209374_s_at	LOC652128:IGHG1:IGHM:IGHV4-31:LOC647189:IGHV1-69:IGHA1:IL8:EXOC7:SIX6:IGHD:IGH@:IGHG3:C12orf32:ZCWPW2:IFI6:IGHG4:IGHA2:IGHG2:RAC1	1,12E-07	1,6333	3,1	79,3	70,6-86,3
216491_x_at	LOC652128:IGHG1:IGHM:IGHV4-31:LOC647189:IGHV1-69:IGHA1:IL8:EXOC7:SIX6:IGHD:IGH@:IGHG3:C12orf32:ZCWPW2:IFI6:IGHG4:IGHA2:IGHG2:RAC1	1,12E-07	1,6335	3,1	79,3	70,5-86,3
229831_at	CNTN3	1,20E-07	1,6157	3,93	79	70,2-86,1
235766_x_at	RAB27A	1,22E-07	1,5984	1,79	78,8	70,1-85,9
229070_at	C6orf105	1,38E-07	1,6049	2,13	78,9	70,1-86
226654_at	MUC 12	1,53E-07	1,4559	4,89	76,7	67,7-84,1
202686_s_at	AXL	1,59E-07	1,5758	1,71	78,5	69,7-85,6

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
205403_at	IL1R2	1,73E-07	1,5237	2,54	77,7	68,8-84,9
211372_s_at	IL1R2	1,73E-07	1,5229	2,54	77,7	68,7-85
205929_at	GPA33	1,86E-07	1,7056	1,61	80,3	71,7-87,2
202069_s_at	IDH3A	2,08E-07	1,5696	1,75	78,4	69,5-85,5
202350_s_at	MATN2	2,11E-07	1,506	2,23	77,4	68,4-84,7
212859_x_at	NUTF2:MT1E:MT1M	2,14E-07	1,6442	2,41	79,4	70,8-86,4
217546_at	NUTF2:MT1E:MT1M	2,14E-07	1,645	2,41	79,5	70,7-86,5
216336_x_at	NUTF2:MT1E:MT1M	2,14E-07	1,645	2,41	79,5	70,8-86,4
221667_s_at	HSPB8	2,61E-07	1,514	3,85	77,5	68,6-84,8
217757_at	A2M	2,72E-07	1,598	1,64	78,8	70,1-85,9
216510_x_at	LOC652128:IGHG1:IGHM:IGHV4-31:LOC647189:IGHV1-69:IGHA1:IL8:EXOC7:SIX6:IGHD:IGH@:IGHG3:C12orf32:ZCWPW2:IFI6:IGHG4:IGHA2:IGHG2:RAC1	2,80E-07	1,6346	3,1	79,3	70,6-86,4
223343_at	NYD-SP21:MS4A7	2,92E-07	1,5396	2,27	77,9	69,1-85,1
202620_s_at	PLOD2	3,06E-07	1,5551	2,33	78,2	69,3-85,4
207245_at	UGT2B17	3,75E-07	1,4796	4,88	77	68,1-84,5
210139_s_at	PMP22	3,97E-07	1,5183	2,23	77,6	68,7-84,9
204938_s_at	PLN	4,14E-07	1,5454	2,01	78	69,1-85,2
204939_s_at	PLN	4,14E-07	1,5425	2,01	78	69,1-85,2
204940_at	PLN	4,14E-07	1,5436	2,01	78	69,1-85,2
203951_at	CNN1	4,77E-07	1,4324	4,56	76,3	67,3-83,8
202746_at	ITM2A	5,27E-07	1,4988	2,77	77,3	68,4-84,6
221584_s_at	KCNMA1	6,86E-07	1,4959	2,37	77,3	68,4-84,6
241994_at	XDH	8,13E-07	1,4709	2,03	76,9	67,9-84,3
209621_s_at	PDLIM3	8,20E-07	1,4805	2,38	77	68-84,4
204326_x_at	LOC645652:MT1X	9,84E-07	1,4427	4,35	76,5	67,4-83,9

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
208581_x_at	LOC645652:MT1X	9,84E-07	1,4397	4,35	76,4	67,5-83,9
201616_s_at	CALD1	1,02E-06	1,4583	3,29	76,7	67,8-84,1
201617_x_at	CALD1	1,02E-06	1,4617	3,29	76,8	67,7-84,1
212077_at	CALD1	1,02E-06	1,4581	3,29	76,7	67,8-84,1
225782_at	MSRB3	1,20E-06	1,4747	2,24	77	68-84,3
209436_at	SPON1	1,46E-06	1,4849	1,88	77,1	68,1-84,4
223623_at	C2orf40	1,69E-06	1,416	2,97	76,1	67-83,5
218087_s_at	SORBS1:KIAA0894	2,18E-06	1,4259	2,54	76,2	67,3-83,7
222513_s_at	SORBS1:KIAA0894	2,18E-06	1,4263	2,54	76,2	67,2-83,7
224990_at	C4orf34	2,55E-06	1,3853	1,95	75,6	66,5-83,1
203131_at	FIP1L1:PDGFRA	2,94E-06	1,4845	1,37	77,1	68,2-84,5
203638_s_at	FGFR2	3,55E-06	1,5287	1,31	77,8	68,9-85
201957_at	PPP1R12B:LOC731632	4,26E-06	1,3611	2,21	75,2	66,2-82,8
217967_s_at	FAM129A	4,59E-06	1,4131	1,8	76	67-83,5
210809_s_at	POSTN	4,94E-06	1,3954	2,25	75,7	66,7-83,2
226302_at	ATP8B1	5,73E-06	1,313	1,67	74,4	65,3-82,1
238750_at	CCL28	6,01E-06	1,4932	1,53	77,2	68,3-84,6
226103_at	NEXN	6,83E-06	1,3666	2,23	75,3	66,2-82,8
209101_at	CTGF	6,96E-06	1,4774	1,3	77	68,1-84,4
229254_at	MFSD4	7,19E-06	1,3235	2,12	74,6	65,4-82,3
219087_at	ASPN	7,45E-06	1,3249	2,74	74,6	65,5-82,3
209457_at	DUSP5	8,60E-06	1,3336	1,91	74,8	65,7-82,4
221541_at	CRISPLD2	9,24E-06	1,3664	1,64	75,3	66,2-82,9
206377_at	FOXF2	9,50E-06	1,3032	2,08	74,3	65,1-82
207392_x_at	UGT2B11:LOC728160:UGT2B15,UGT2B11:LOC728160:UGT2B15	9,73E-06	1,3478	5,72	75	65,8-82,6

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
202274_at	ACTG2	1,07E-05	1,4015	1,82	75,8	66,8-83,4
227522_at	CMBL	1,09E-05	1,3588	1,58	75,2	66-82,8
212192_at	KCTD12	1,44E-05	1,3659	1,36	75,3	66,2-82,8
227727_at	MRGPRF	1,52E-05	1,2965	2,99	74,2	65-82
234987_at	C20orf118	1,75E-05	1,4278	1,3	76,2	67,3-83,7
209656_s_at	TMEM47	1,86E-05	1,2983	2,02	74,2	65,1-82
212265_at	QKI	1,93E-05	1,3443	1,31	74,9	65,9-82,6
228232_s_at	VSIG2	2,01E-05	1,2957	2,05	74,1	65-81,9
200799_at	HSPA1A,HSPA1A	2,16E-05	1,272	2,41	73,8	64,6-81,6
218312_s_at	ZNF447	3,05E-05	1,107	1,39	71	61,6-79,1
230264_s_at	AP1S2	3,39E-05	1,2546	1,92	73,5	64,3-81,4
224840_at	FKBP5	3,41E-05	1,2371	1,71	73,2	63,9-81,1
209948_at	KCNMB1	3,74E-05	1,2181	2,66	72,9	63,6-80,8
201426_s_at	VIM	4,15E-05	1,2221	1,86	72,9	63,7-80,8
227826_s_at	SORBS2	4,23E-05	1,3017	2,1	74,2	65,1-82
227827_at	SORBS2	4,23E-05	1,3015	2,1	74,2	65,1-82
225728_at	SORBS2	4,23E-05	1,3015	2,1	74,2	65,1-82
238751_at	SORBS2	4,23E-05	1,3019	2,1	74,2	65,1-82
228202_at	C6orf204	4,90E-05	1,2062	2,07	72,7	63,5-80,6
220645_at	FAM55D	5,67E-05	1,1786	3,48	72,2	63-80,2
224560_at	TIMP2	6,40E-05	1,2304	1,82	73,1	63,9-80,9
231579_s_at	TIMP2	6,40E-05	1,2286	1,82	73	63,8-81
208788_at	ELOVL5	8,15E-05	1,1804	2,05	72,2	63-80,2
200974_at	ACTA2	1,00E-04	1,2299	1,81	73,1	63,8-81
202388_at	RGS2	0,0001	1,1604	1,94	71,9	62,7-80
206461_x_at	MT1A:MT1H:LOC645745:LOC727730	0,0001	1,189	4,55	72,4	63,2-80,4

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
208747_s_at	C1S:PRB1:PRB2,C1S:PRB2:PRB1	0,0001	1,2884	1,61	74	64,9-81,9
208791_at	CLU	0,0001	1,2303	1,42	73,1	63,9-80,9
208792_s_at	CLU	0,0001	1,2302	1,42	73,1	63,9-81
212185_x_at	NUTF2:LOC441019:MT2A:MT1M,NUTF2:LOC441019:MT2A:MT1M	0,0001	1,1894	1,89	72,4	63,1-80,3
222043_at	CLU	0,0001	1,2306	1,42	73,1	63,9-81
227099_s_at	LOC387763	0,0001	1,1963	1,36	72,5	63,2-80,5
202766_s_at	FBN1	0,0002	1,1359	1,93	71,5	62,2-79,6
204745_x_at	NUTF2:MT1G	0,0002	1,0888	2,66	70,7	61,3-78,9
218418_s_at	ANKRD25	0,0002	1,1139	1,56	71,1	61,9-79,3
201058_s_at	MYL9	0,0003	1,131	2,18	71,4	62,1-79,5
205547_s_at	TAGLN	0,0003	1,0914	2,12	70,7	61,4-78,9
205935_at	FOXF1	0,0004	1,1743	1,28	72,1	62,9-80,1
208450_at	LGALS2	0,0004	1,0845	3,07	70,6	61,4-78,8
203748_x_at	RBMS1	0,0005	1,1435	1,55	71,6	62,3-79,7
207266_x_at	RBMS1	0,0005	1,1428	1,55	71,6	62,4-79,7
209868_s_at	RBMS1	0,0005	1,1437	1,55	71,6	62,3-79,7
225269_s_at	RBMS1	0,0005	1,1446	1,55	71,6	62,3-79,6
212158_at	SDC2	0,0006	1,0977	1,39	70,8	61,6-79,1
209209_s_at	PLEKHC1	0,0007	1,0309	1,82	69,7	60,3-77,9
209210_s_at	PLEKHC1	0,0007	1,0325	1,82	69,7	60,3-78
205554_s_at	ACTB:DNASE1L3	0,0007	1,0979	1,5	70,8	61,4-78,9
202283_at	SERPINF1	0,0009	1,0003	1,47	69,2	59,8-77,5
209496_at	RARRES2:LOC648925	0,0009	1,0318	1,6	69,7	60,3-77,9
224352_s_at	CFL2	0,0009	1,0586	1,75	70,2	60,8-78,4
224663_s_at	CFL2	0,0009	1,0575	1,75	70,2	60,8-78,4

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
214433_s_at	SELENBP1	0,0009	1,0574	1,7	70,1	60,8-78,3
212592_at	ENAM	0,0011	1,0024	2,58	69,2	59,8-77,5
213629_x_at	MT1F	0,0012	0,9664	2,2	68,6	59,2-76,9
217165_x_at	MT1F	0,0012	0,9649	2,2	68,5	59,2-76,9
203645_s_at	CD163	0,0013	1,0231	1,9	69,6	60-77,9
215049_x_at	CD163	0,0013	1,0215	1,9	69,5	60,1-77,8
206641_at	TNFRSF17	0,0015	1,0206	2,08	69,5	60,1-77,8
227235_at	GUCY1A3	0,0015	1,0116	2,69	69,4	59,8-77,6
229530_at	GUCY1A3	0,0015	1,0115	2,69	69,3	60-77,6
212097_at	CAV1	0,0016	1,0199	1,58	69,5	60,1-77,7
200884_at	CKB	0,0019	0,9758	2,27	68,7	59,2-77
202133_at	WWTR1	0,002	0,9917	1,48	69	59,5-77,4
204607_at	HMGCS2	0,0022	0,8777	2,67	67	57,5-75,5
218559_s_at	MAFB	0,0034	0,9595	1,66	68,4	59-76,8
201061_s_at	STOM	0,0035	1,0165	1,21	69,4	60-77,7
201743_at	CD14	0,0035	0,9627	1,58	68,5	59,1-76,9
204895_x_at	MUC4:TAF5L:LOC650855:LOC645744	0,0039	1,0448	1,2	69,9	60,6-78,2
217109_at	MUC4:TAF5L:LOC650855:LOC645744	0,0039	1,0458	1,2	69,9	60,6-78,1
217110_s_at	MUC4:TAF5L:LOC650855:LOC645744	0,0039	1,0453	1,2	69,9	60,5-78,2
203382_s_at	APOE	0,0044	0,9388	1,56	68,1	58,7-76,5
206664_at	SI	0,0054	0,9293	2,79	67,9	58,4-76,3
242447_at	LOC285382	0,0058	0,7401	1,26	64,4	54,9-73,2
209312_x_at	HLA-DRB1:HLA-DRB6:LOC731247:LOC730415:HLA-DRB4:HLA-DRB5:HLA-DRB3:LOC651845	0,0063	1,0636	1,51	70,3	60,9-78,5
215193_x_at	HLA-DRB1:HLA-DRB6:LOC731247:LOC73041	0,0063	1,0646	1,51	70,3	60,9-78,5

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
	5:HLA-DRB4:HLA-DRB5:HLA-DRB3:LOC651845					
224694_at	ANTXR1	0,0071	0,9531	1,29	68,3	58,8-76,7
226811_at	FAM46C	0,0085	0,9163	1,38	67,7	58,1-76,1
201150_s_at	TIMP3	0,0091	0,9049	1,81	67,5	57,9-76
226682_at	LOC283666	0,0099	0,7784	1,22	65,1	55,7-73,8
218468_s_at	GREM1	0,0106	0,8585	3,03	66,6	57,2-75,2
218469_at	GREM1	0,0106	0,8579	3,03	66,6	57,1-75,2
203240_at	FCGBP:LOC651441:LOC652599	0,0121	0,7868	1,99	65,3	55,8-73,9
211538_s_at	HSPA2	0,0123	0,8916	1,43	67,2	57,7-75,7
212091_s_at	COL6A1	0,0126	0,848	1,45	66,4	56,9-74,9
213428_s_at	COL6A1	0,0126	0,8474	1,45	66,4	56,9-74,9
226051_at	SELM	0,0133	0,8606	1,32	66,7	57,1-75,1
200859_x_at	FLNA:WTAP	0,0157	0,7975	1,59	65,5	55,9-74
213746_s_at	FLNA:WTAP	0,0157	0,7959	1,59	65,5	56-74,2
214752_x_at	FLNA:WTAP	0,0157	0,798	1,59	65,5	56-74,1
204570_at	COX7A1	0,0161	0,8622	1,32	66,7	57,2-75,2
203729_at	EMP3	0,0164	0,8043	1,41	65,6	56,1-74,3
223597_at	ITLN1	0,021	0,7148	2,54	64	54,4-72,7
227735_s_at	C10orf99	0,0218	0,7254	1,76	64,2	54,6-72,9
227736_at	C10orf99	0,0218	0,7259	1,76	64,2	54,6-72,9
200621_at	CSRP1	0,023	0,7246	1,39	64,1	54,6-72,9
204897_at	PTGER4:LOC730002:LOC730882	0,0237	0,8114	1,41	65,8	56,2-74,4
204083_s_at	PPIL5:TPM2	0,026	0,7531	1,53	64,7	55,2-73,4
211643_x_at	HLA-C:HLA-B:LOC730410:LOC652614:LOC732037	0,0268	0,9237	1,24	67,8	58,3-76,3

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
211644_x_at	HLA-C:HLA-B:LOC730410:LOC652614:LOC732037	0,0268	0,9229	1,24	67,8	58,3-76,2
214768_x_at	HLA-C:HLA-B:LOC730410:LOC652614:LOC732037	0,0268	0,9245	1,24	67,8	58,3-76,3
226147_s_at	PIGR	0,0278	0,7282	1,59	64,2	54,6-73
229659_s_at	PIGR	0,0278	0,7253	1,59	64,2	54,7-72,9
201300_s_at	PRNP	0,0288	0,7985	1,24	65,5	56-74,1
210133_at	CCL11	0,0361	0,8534	1,32	66,5	57-75,1
225353_s_at	C1QC	0,0391	0,7457	1,36	64,5	55-73,2
201289_at	CYR61	0,0425	0,7849	1,47	65,3	55,8-73,9
210764_s_at	CYR61	0,0425	0,7836	1,47	65,2	55,6-73,9
200986_at	SERPING1	0,0503	0,7672	1,44	64,9	55,4-73,6
204122_at	TYROBP:ZNF160	0,053	0,8181	1,17	65,9	56,4-74,5
201667_at	GJA1	0,0561	0,784	1,76	65,2	55,7-73,9
208789_at	PTRF	0,0624	0,736	1,5	64,4	54,8-73,1
210107_at	CLCA1	0,0681	0,7868	1,61	65,3	55,7-73,9
200665_s_at	SPARC	0,0684	0,6714	1,45	63,1	53,6-72,1
212667_at	SPARC	0,0684	0,6732	1,45	63,2	53,6-71,9
211964_at	COL4A2	0,0738	0,7064	1,32	63,8	54,2-72,6
201858_s_at	PRG1	0,0972	0,5559	1,25	60,9	51,3-69,9
201859_at	PRG1	0,0972	0,5563	1,25	61	51,4-69,9
228241_at	BCMP11	0,102	0,4028	1,28	58	48,4-67,1
217762_s_at	RAB31	0,1041	0,8135	1,14	65,8	56,3-74,4
217764_s_at	RAB31	0,1041	0,8132	1,14	65,8	56,2-74,5
202007_at	NID1	0,105	0,7425	1,33	64,5	55-73,1
210495_x_at	FN1	0,1121	0,5756	1,73	61,3	51,8-70,2

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
211719_x_at	FN1	0,1121	0,5767	1,73	61,3	51,8-70,2
212464_s_at	FN1	0,1121	0,5765	1,73	61,3	51,6-70,3
216442_x_at	FN1	0,1121	0,5745	1,73	61,3	51,7-70,3
200600_at	MSN	0,1499	0,7232	1,15	64,1	54,6-72,9
209138_x_at	IGL@:LOC651536:LOC731062:CPVL:IGLV2-14:IGLV4-3:IGLV3-25:IGLV3-21:IL8:RPL14	0,1551	0,681	1,26	63,3	53,8-72,2
216984_x_at	IGL@:LOC651536:LOC731062:CPVL:IGLV2-14:IGLV4-3:IGLV3-25:IGLV3-21:IL8:RPL14	0,1551	0,6808	1,26	63,3	53,8-72,2
217148_x_at	IGL@:LOC651536:LOC731062:CPVL:IGLV2-14:IGLV4-3:IGLV3-25:IGLV3-21:IL8:RPL14	0,1551	0,6808	1,26	63,3	53,9-72,1
201069_at	MMP2	0,1755	0,6214	1,24	62,2	52,6-71
202403_s_at	COL1A2:LOC728628	0,1891	0,6508	1,9	62,8	53,2-71,5
202768_at	FOSB	0,2076	0,6392	2,17	62,5	52,9-71,5
209116_x_at	HBB	0,2357	0,6432	1,28	62,6	52,9-71,4
211696_x_at	HBB	0,2357	0,6436	1,28	62,6	53,1-71,4
217232_x_at	HBB	0,2357	0,6444	1,28	62,6	53,1-71,5
205267_at	POU2AF1	0,2389	0,6573	1,18	62,9	53,3-71,7
201852_x_at	COL3A1	0,2551	0,5524	1,35	60,9	51,3-69,8
211161_s_at	COL3A1	0,2551	0,5509	1,35	60,9	51,3-69,9
215076_s_at	COL3A1	0,2551	0,5513	1,35	60,9	51,3-69,8
217378_x_at	LOC391427	0,2627	0,2759	1,15	55,5	45,9-64,8
223235_s_at	SMOC2	0,2701	0,656	1,34	62,9	53,2-71,7
204673_at	MUC5AC:LOC652741:MUC2	0,2802	0,8531	1,22	66,5	57-75,1
212414_s_at	Sep-06	0,3109	0,5714	1,21	61,2	51,7-70,2
201744_s_at	LUM	0,3157	0,5425	1,54	60,7	51-69,7
202953_at	C1QB	0,3668	0,4998	1,24	59,9	50,3-68,9
209651_at	TGFB1I1	0,4093	0,4932	1,35	59,7	50,2-68,8

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
212224_at	ALDH1A1	0,4232	0,3525	1,4	57	47,4-66,2
211596_s_at	LRIG1	0,4614	0,5988	1,26	61,8	52,2-70,7
218541_s_at	C8orf4	0,475	0,4838	1,44	59,6	50-68,5
208894_at	HLA-DRA:HLA-DQA1 ,HLA-DRA:HLA-DQA1, HLA-DRA:HLA-DQA1	0,4823	0,3234	1,29	56,4	46,8-65,6
210982_s_at	HLA-DRA:HLA-DQA1,HLA-DRA:HLA-DQA1 ,HLA-DRA:HLA-DQA1	0,4823	0,3228	1,29	56,4	46,8-65,6
227404_s_at	EGR1	0,4851	0,5387	1,38	60,6	51-69,6
216401_x_at	LOC652745	0,4864	0,1728	1,09	53,4	43,9-62,8
216207_x_at	IGKV1D-13	0,5177	0,16	1,1	53,2	43,6-62,6
203477_at	COL15A1	0,6601	0,5385	1,22	60,6	51,1-69,7
211959_at	IGFBP5	0,7663	0,3526	1,25	57	47,4-66,2
201105_at	LGALS1	0,8555	0,4634	1,16	59,2	49,6-68,2
201438_at	COL6A3	0,8739	0,4434	1,2	58,8	49,2-67,8
212671_s_at	HLA-DQA 1:HLA-DQA2,HLA-DQA 1:LOC731682:HLA-DQA2	0,8836	0,5398	1,28	60,6	51,1-69,7
227725_at	ST6GALNAC1	0,9452	0,2599	1,15	55,2	45,6-64,5
211990_at	HLA-DPA1,HLA-DPA1	0,9664	0,417	1,39	58,3	48,7-67,4
211991_s_at	HLA-DPA1,HLA-DPA1	0,9664	0,4166	1,39	58,3	48,7-67,4
217179_x_at	IGLV1-44	0,9777	0,2852	1,07	55,7	46,1-65
234764_x_at	IGLV1-44	0,9777	0,2847	1,07	55,7	46,1-64,9
224342_x_at	IGLV1-44	0,9777	0,2848	1,07	55,7	46,1-65
215176_x_at	NTN2L:IGKC:IGKV1-5:GJB6:HLA-C	0,9858	0,4167	1,43	58,3	48,6-67,3
216576_x_at	NTN2L:IGKC:IGKV1-5:GJB6:HLA-C	0,9858	0,4171	1,43	58,3	48,6-67,4
201645_at	TNC	0,9905	0,3687	1,09	57,3	47,7-66,6
214414_x_at	HBA1:HBA2,HBA1:HBA2	0,9979	0,4707	1,21	59,3	49,7-68,3

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
204018_x_at	HBA1:HBA2,HBA1:HBA2	0,9979	0,4711	1,21	59,3	49,7-68,3
209458_x_at	HBA1:HBA2,HBA1:HBA2	0,9979	0,4727	1,21	59,3	49,7-68,4
211699_x_at	HBA1:HBA2,HBA1:HBA2	0,9979	0,4697	1,21	59,3	49,7-68,3
211745_x_at	HBA1:HBA2,HBA1:HBA2	0,9979	0,4708	1,21	59,3	49,8-68,3
217414_x_at	HBA1:HBA2,HBA1:HBA2	0,9979	0,469	1,21	59,3	49,7-68,4

Tabla 2

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
GCNT2	935239-HuGene_st:225205-HuGene_st:1026280-HuGene_st:668101-HuGene_st:1099985-HuGene_st:698568-HuGene_st:134540-HuGene_st:697147-HuGene_st:250092-HuGene_st:611927-HuGene_st:972833-HuGene_st:168891-HuGene_st:990860-HuGene_st:109287-HuGene_st:322116-HuGene_st:231019-HuGene_st:211020_at:959570-HuGene_st:858764-HuGene_st:215593_at:820195-HuGene_st:239606_at:41059-HuGene_st:669940-HuGene_st:215595_x_at:230788_at	2,16E-27	3,9513	13,36	97,6	94,2-99,2
GUCA2B	276512-HuGene_st:1006871-HuGene_st:948364-HuGene_st:46575-HuGene_st:207502_at:436788-HuGene_st:485636-HuGene_st:60132-HuGene_st:608718-HuGene_st:779511-HuGene_st:132431-HuGene_st:974232-HuGene_st:425596-HuGene_st:308287-HuGene_st:800088-HuGene_st:827119-HuGene_st:233789-HuGene_st:623623-HuGene_st	7,04E-25	3,6268	51,78	96,5	92,4-98,6
GUCA1B	207003_at	7,32E-25	3,5625	10,7	96,3	91,9-98,5
CA4	636392-HuGene_st:206209_s_at:_365396-HuGene_st:978203-HuGene_st:987169-HuGene_st:638557-HuGene_st:206208_at:1033858-HuGene_st:597808-HuGene_st:756864-HuGene_st:326439-HuGene_st:356096-HuGene_st:478435-HuGene_st:31642-HuGene_st:682778-HuGene_st:1006162-HuGene_st:673533-HuGene_st:491473-HuGene_st:822299-HuGene_st:871453-HuGene_st:209666-HuGene_st:465368-HuGene_st:354896-HuGene_st	1,73E-24	3,6291	10,41	96,5	92,4-98,7
SLC4A4	810103-HuGene_st:634869-HuGene_st:210739_x_at:211494_s_at:268 096-HuGene_st:70822-HuGene_st:940785-HuGene_st:484105-HuGene_st:210738_s_at:203908_at:99375 -HuGene_st:238833-HuGene_st:149464-	2,23E-23	3,6301	3,58	96,5	92,4-98,6

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:874564-HuGene_st:161948-HuGene_st:501640-HuGene_st:65687-HuGene_st:886057-HuGene_st:495376-HuGene_st:247215-HuGene_st:847550-HuGene_st:190252-HuGene_st:244077-HuGene_st:477911-HuGene_st:904959-HuGene_st:218417-HuGene_st:1554027_a_at					
AQP8	486167-HuGene_st:126752-HuGene_ st:93102-HuGene_st:1090469-HuGene_ st:980308-HuGene_st:107169-HuGene_st:829020-HuGene_st:1053234-HuGene_st:954102-HuGene_st:40331-HuGene_st:206784_at:990703-HuGene_st:459706-HuGene_st:863327-HuGene_st:965233-HuGene_st:459009-HuGene_st:180228-HuGene_st:944315-HuGene_st:814773-HuGene_st:810460-HuGene_ st:228837-HuGene_st	2,98E-22	3,3311	10,82	95,2	90,3-97,9
CA1	632246-HuGene_st:205950_s_at:382371-HuGene_st:1004598-HuGene_st:405837-HuGene_st:551543-HuGene_st:242482-HuGene_st:267733-HuGene_st:1074039-HuGene_st:107073-HuGene_st:485365-HuGene_st:254908-HuGene_st:257502-HuGene_st:333301-HuGene_st:180359-HuGene_st:696950-HuGene_st:588557-HuGene_st:381399-HuGene_st:495540-HuGene_ st:384192-HuGene_st:205949_at	3,15E-22	3,3666	38,27	95,4	90,6-98
ABCG2	236197-HuGene_st:10623-HuGene_st:1005470-HuGene_st:140860-HuGene_st:492719-HuGene_st:417387-HuGene_st:113831-HuGene_st:507347-HuGene_st:944251-HuGene_st:175319-HuGene_st:784920-HuGene_st:709551-HuGene_st:136344-HuGene_st:689536-HuGene_st:209735_at:167748-HuGene_st:759590-HuGene_st:805222-HuGene_st:945575-HuGene_st:294363-HuGene_st:958524-HuGene_st:402982-HuGene_st:301335-HuGene_st	1,09E-21	3,2599	31,53	94,8	89,8-97,7
OSTbeta	552746-HuGene_st:57742-HuGene_st:461622-HuGene_st:965982-HuGene_st:413709-HuGene_st:230830_at:232719-HuGene_st:165400-HuGene_st:203597-HuGene_st:1025456-HuGene_st:625341-HuGene_st:881755-HuGene_st:490180-HuGene_st:113547 - HuGene_st:605512-HuGene_st:179662-HuGene_st:280309-HuGene_st:647118-HuGene_st	6,23E-21	3,188	7,15	94,5	89,2-97,5
MGC13057	926449-HuGene_st:317301-HuGene_st:834797-HuGene_st:173388-HuGene_st:127937-HuGene_st:182395-HuGene_st:800172-HuGene_st:1041848-HuGene_st:93911-HuGene_st:810617-HuGene_st:1035428-HuGene_st:644866-HuGene_st:343402-	6,94E-21	3,2029	3,18	94,5	89,3-97,5

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:223754_at:228195_at:509933-HuGene_st					
CLDN23	403960-HuGene_st:25144-HuGene_st:947653-HuGene_st:228704_s_at:228706_s_at:320 375-HuGene_st:441629-HuGene_st:367414-HuGene_st:855269-HuGene_st:228707_at:788659-HuGene_st:698816-HuGene_st:95789-HuGene_st:270197-HuGene_st:472976-HuGene_st:280539-HuGene_st:1056334-HuGene_st:516288-HuGene_st:579963-HuGene_st	4,27E-20	3,0777	3,47	93,8	88,2-97,1
PKIB	866170-HuGene_st:1055812-HuGene_st:264946-HuGene_st:684057-HuGene_st:124791-HuGene_st:134561-HuGene_st:1026756-HuGene_st:468593-HuGene_st:1045852-HuGene_st:939917-HuGene_st:110205-HuGene_st:660721-HuGene_st:905229-HuGene_st:223551_at:610426-HuGene_st	5,94E-20	3,1232	3,28	94,1	88,7-97,3
SEMA6D	855766-HuGene_st:233882_s_at:543564-HuGene_st:277987-HuGene_st:1075165-HuGene_st:220574_at:732853-HuGene_st:410940-HuGene_st:384488-HuGene_st:1041056-HuGene_st:233801_s_at:535378-HuGene_st:477671-HuGene_st:626423-HuGene_st:101599-HuGene_st:714098-HuGene_st:301505-HuGene_st:53682-HuGene_st:177281-HuGene_st:596415-HuGene_st:244746_at:226492_at:699792-HuGene_st:73748-HuGene_st:692437-HuGene_ st	6,07E-20	3,092	4,27	93,9	88,4-97,2
CLCA4	220026_at:1000955-HuGene_st:215807-HuGene_st:108406-HuGene_st:538359-HuGene_st:366726-HuGene_st:727431-HuGene_st:240891-HuGene_st:485685-HuGene_st:205213-HuGene_st:476179-HuGene_st:283676-HuGene_st:933390-HuGene_st:601908-HuGene_st:844633-HuGene_st:846667-HuGene_st:99723-HuGene_st:376041-HuGene_st:71188-HuGene_st:261183-HuGene_st:498330-HuGene_st:500064-HuGene_st:785031-HuGene_st	1,25E-19	3,1922	16,3	94,5	89,2-97,5
TP53INP2	224836_at:294906-HuGene_st:857693-HuGene_st:852970-HuGene_st:594178-HuGene_st:868173-HuGene_st:353925-HuGene_ st:212485-HuGene_st:804363-HuGene_st:778869-HuGene_st:427072-HuGene_st:451529-HuGene_st:808765-HuGene_st:205314-HuGene_st:415164-HuGene_ st:1048358-HuGene_st	1,45E-19	3,0229	3,78	93,5	87,8-96,9
MS4A12	220834_at:582400-HuGene_st:354845-HuGene_st:341876-HuGene_st:769180-HuGene_st:740541-HuGene_st:436753-HuGene_st:570027-HuGene_st:26519-HuGene_st:956581-HuGene_st:335315-	2,13E-19	3,2962	7,15	95	90-97,8

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:206721-HuGene_st:589444-HuGene_st:16629-HuGene_st:113533-HuGene_st:201614-HuGene_st:774878-HuGene_st:786494-HuGene_st:493550-HuGene_st:403871-HuGene_st:192686-HuGene_st:846528-HuGene_st:249799-HuGene_st					
TRPM6	767074-HuGene_st:695352-HuGene_st:411125-HuGene_st:221102_s_at:234864_s_at:240389_at:358229-HuGene_st:755964-HuGene_st:840301-HuGene_st:959234-HuGene_st:782639-HuGene_st:833079-HuGene_st:1066034-HuGene_st:678013-HuGene_st:249083-HuGene_st:143934-HuGene_st:159130-HuGene_st:486486-HuGene_st:185057-HuGene_st:878793-HuGene_st:133981-HuGene_st:224412_s_at:202194-HuGene_st	2,25E-19	3,0106	7,5	93,4	87,7-96,8
XLKD1	520080-HuGene_st:1091117-HuGene_st:943125-HuGene_st:444068-HuGene_st:648558-HuGene_st:346991-HuGene_st:1006205-HuGene_st:373107-HuGene_st:682535-HuGene_st:1083245-HuGene_st:863143-HuGene_st:820120-HuGene_st:1044561-HuGene_st:220037_s_at:541228-HuGene_st:220256-HuGene_st:289122-HuGene_st:219059_s_at:246683-HuGene_st:775976-HuGene_st:207399-HuGene_st:1052557-HuGene_st:92121-HuGene_st	3,60E-19	2,94	7,44	92,9	87,1-96,6
ADH1B	1078343-HuGene_st:512808-HuGene_st:614446-HuGene_st:910188-HuGene_st:422504-HuGene_st:731361-HuGene_st:209612_s_at:258079-HuGene_st:568239-HuGene_st:879930-HuGene_st:420417-HuGene_st:1025048-HuGene_st:908335-HuGene_st:654633-HuGene_st:947292-HuGene_st:1087125-HuGene_st:1004870-HuGene_st:209613_s_at:579636-HuGene_st:681018-HuGene_st:822774-HuGene_ st	4,70E-19	3,0172	4,67	93,4	87,7-96,9
PRDX6	353187-HuGene_st:520885-HuGene_st:919334-HuGene_st:646105-HuGene_st:390352-HuGene_st:200844_s_at:855125-HuGene_st:200845_s_at:54231-HuGene_st:612931-HuGene_st:837652-HuGene_st:538086-HuGene_st:796167-HuGene_st:208992-HuGene_st:39945-HuGene_st:489353-HuGene_st:963499-HuGene_st:376244-HuGene_st:297536-HuGene_st:495777-HuGene_st:1005253-HuGene_ st:833460-HuGene_st	5,56E-19	2,8414	2,76	92,2	86,1-96,1
CA2	762141-HuGene_st:111686-HuGene_st:512916-HuGene_st:9132-HuGene_st:995083-HuGene_st:209301_at:578483-HuGene_st:583428-HuGene_st:961832-HuGene_st:11748-	5,87E-19	2,9625	9,22	93,1	87,2-96,7

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:1056641-HuGene_st:545067-HuGene_st:952781-HuGene_st:689246-HuGene_st:246103-HuGene_st:803284-HuGene_st:828842-HuGene_ st:694989-HuGene_st:808226-HuGene_st:199030-HuGene_st					
EDN3	314103-HuGene_st:217154_s_at:820613-HuGene_st:1050996-HuGene_st:348157-HuGene_st:338856-HuGene_st:594687-HuGene_st:38595-HuGene_st:270770-HuGene_st:817067-HuGene_st:766407-HuGene_st:256284-HuGene_st:208399_s_at:200417-HuGene_st:496738-HuGene_st:590141-HuGene_st:137170-HuGene_st:499250-HuGene_st:478524-HuGene_st:720694-HuGene_ st:543565-HuGene_st	6,42E-19	2,937	11,21	92,9	87-96,5
MIER3	884917-HuGene_st:740856-HuGene_st:107094-HuGene_st:408774-HuGene_st:461523-HuGene_st:153511-HuGene_st:207042-HuGene_st:737492-HuGene_st:43443-HuGene_st:614740-HuGene_st:1559652_at:783045-HuGene_st:887606-HuGene_st:996253-HuGene_st:1041635-HuGene_st:142612-HuGene_st:1553336_a_at:220555-HuGene_st:975347-HuGene_st:470750-HuGene_st:1554450_s_at:804524-HuGene_st:265536-HuGene_st:774142-HuGene_st:231975_s_at:34726-HuGene_st:1554449_at:228961_at	9,14E-19	2,9162	3,91	92,8	86,8-96,5
ABCA8	57305-HuGene_st:111752-HuGene_st:61357-HuGene_st:123451-HuGene_st:740746-HuGene_st:512280-HuGene_st:389185-HuGene_st:427721-HuGene_st:346028-HuGene_st:224566-HuGene_st:149653-HuGene_st:680699-HuGene_st:76772-HuGene_st:742091-HuGene_st:423333-HuGene_st:559944-HuGene_st:341399-HuGene_st:1565780_at:863400-HuGene_st:921748-HuGene_st:623719-HuGene_st:204719_at:123143-HuGene_ st:1077391-HuGene_st	1,26E-18	2,9165	6,82	92,8	86,8-96,5
METTL7A	278779-HuGene_st:481332-HuGene_st:787584-HuGene_st:989793-HuGene_st:278513-HuGene_st:424901-HuGene_st:551005-HuGene_st:921169-HuGene_st:125176-HuGene_st:277465-HuGene_st:560742-HuGene_st:207761_s_at:367459-HuGene_st:224782-HuGene_st:660194-HuGene_st:266654-HuGene_st:1086300-HuGene_st:134633-HuGene_st:211424_x_at:273973-HuGene_st:947408-HuGene_st:209703_x_at:617184-HuGene_st:864197-HuGene_st:10061-HuGene_st	1,35E-18	3,1231	1,93	94,1	88,6-97,3

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
DPT	876245-HuGene_st:1036210-HuGene_st:214758-HuGene_st:1005554-HuGene_st:178625-HuGene_st:701967-HuGene_st:35076-HuGene_st:33432-HuGene_st:897771-HuGene_st:304494-HuGene_st:445757-HuGene_st:491297-HuGene_st:646408-HuGene_st:842542-HuGene_st:87795-HuGene_st:213068_at:207977_s_at:55338 9-HuGene_st:477075-HuGene_st:213071_at:1046282-HuGene_st	1,53E-18	2,8977	9,07	92,6	86,7-96,4
MGC4172	339712-HuGene_st:1089815-HuGene_st:265870-HuGene_st:895908-HuGene_st:226292-HuGene_st:322910-HuGene_st:575887-HuGene_st:416485-HuGene_st:1055581-HuGene_st:1088692-HuGene_st:442194-HuGene_st:218756_s_at:775684-HuGene_st:773137-HuGene_st:373028-HuGene_st:512667 HuGene_st:164027-HuGene_st:541185-HuGene_st:593729-HuGene_st:506796-HuGene_st	1,74E-18	2,9044	3,74	92,7	86,7-96,4
FNBP1	728822-HuGene_st:845505-HuGene_st:1054016-HuGene_st:383098-HuGene_st:230389_at:31865-HuGene_st:981305-HuGene_st:213940_s_at:755179-HuGene_st:839717-HuGene_st:230086_at:239453_at:985213-HuGene_st:125814-HuGene_st:451336-HuGene_st:22306-HuGene_st:540957-HuGene_st:277486-HuGene_st:314000-HuGene_st:212288_at:662225-HuGene_st:524650-HuGene_st:605840-HuGene_st:180978-HuGene_st:604436-HuGene_ st	1,76E-18	3,0483	2,04	93,6	88-97
EDG2	816816-HuGene_st:309471-HuGene_st:77020-HuGene_st:289373-HuGene_st:10014-HuGene_st:981213-HuGene_st:204038_s_at:1035537-HuGene_st:75833-HuGene_st:781880-HuGene_st:494373-HuGene_st:745317-HuGene_st:497715-HuGene_st:693528-HuGene_st:806817-HuGene_st:812294-HuGene_st:204036_at:241773_at:176887-HuGene_st:441141-HuGene_st:189399-HuGene_st:723788-HuGene_st:204037_at:485543-HuGene_st:1014086-HuGene_st:232716_at	2,44E-18	2,8838	3,19	92,5	86,5-96,3
SFRP1	722739-HuGene_st:1095144-HuGene_st:1039611-HuGene_st:836419-HuGene_st:34446-HuGene_st:50826-HuGene_st:483033-HuGene_st:202036_s_at:988375-HuGene_st:774922-HuGene_st:228413_s_at:665988-HuGene_st:302344-HuGene_st:202035_s_at:412438-HuGene_st:995086-HuGene_st:202037_s_at:181713-	2,77E-18	2,8631	15,53	92,4	86,3-96,2

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:527962-HuGene_st:880207-HuGene_st:100260-HuGene_st					
SLC26A3	206143_at:172542-HuGene_st:768419-HuGene_st:820082-HuGene_st:263997-HuGene_st:681117-HuGene_st:581666-HuGene_st:180553-HuGene_st:356894-HuGene_st:240715-HuGene_st:718555-HuGene_st:517735-HuGene_st:339388-HuGene_st:989337-HuGene_st:1511-HuGene_st:228629-HuGene_st:354149-HuGene_st:603695-HuGene_st:791438-HuGene_st:154 730-HuGene_st:905529-HuGene_st:248690-HuGene_st:431441-HuGene_st:215657_at	4,18E-18	2,9214	21,4	92,8	86,8-96,5
ANGPTL1	572942-HuGene_st:891312-HuGene_st:953040-HuGene_st:232844-HuGene_st:145730-HuGene_st:142205-HuGene_st:227771-HuGene_st:80584-HuGene_st:982090-HuGene_st:999640-HuGene_st:672931-HuGene_st:148578-HuGene_st:224339_s_at:1046706-HuGene_st:239183_at:155600-HuGene_st:284674-HuGene_st:231773_at:818064-HuGene_st:978991-HuGene_st:728775-HuGene_ st	1,42E-17	2,7929	4,64	91,9	85,6-95,9
UGP2	795967-HuGene_st:561220-HuGene_st:754258-HuGene_st:846757-HuGene_st:868436-HuGene_st:321605-HuGene_st:299097-HuGene_st:7536-HuGene_st:216268-HuGene_st:925542-HuGene_st:967807-HuGene_st:205480_s_at:639621-HuGene_st:177627-HuGene_st:894271-HuGene_st:617530-HuGene_st:231698_at:971369-HuGene_st:132663-HuGene_st:215198-HuGene_st:647604-HuGene_st:537579-HuGene_st:232180_at:1056881-HuGene_st	1,64E-17	2,7904	2,41	91,9	85,6-95,9
SRPX	195599-HuGene_st:541428-HuGene_st:143706-HuGene_st:728558-HuGene_st:190938-HuGene_st:455214-HuGene_st:522280-HuGene_st:966576-HuGene_st:650551-HuGene_st:810331-HuGene_st:396246-HuGene_st:133110-HuGene_st:232310-HuGene_st:475511-HuGene_st:225561-HuGene_st:351281-HuGene_st:204955_at	1,79E-17	2,7749	3,91	91,7	85,5-95,8
OGN	955964-HuGene_st:775073-HuGene_st:678354-HuGene_st:238500-HuGene_st:1019070-HuGene_st:614445-HuGene_st:23784-HuGene_st:658925-HuGene_st:757128-HuGene_st:632689-HuGene_st:989474-HuGene_st:233177-HuGene_st:650498-HuGene_st:950000-HuGene_st:751146-HuGene_st:67232-HuGene_st:997991-HuGene_st:218730_s_at:222722_at:82148 8-HuGene_st	2,25E-17	2,7078	13,67	91,2	84,7-95,4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
MYLK	527465-HuGene_st:617817-HuGene_st:716971-HuGene_st:942711-HuGene_st:230460_at:161532-HuGene_st:767103-HuGene_st:1041083-HuGene_st:202167-HuGene_st:738247-HuGene_st:505966-HuGene_st:62701-HuGene_st:776564-HuGene_st:679137-HuGene_st:551306-HuGene_st:202555_s_at:224823_at:98631 3-HuGene_st:324943-HuGene_st:218172-HuGene_st:351524-HuGene_st:1568770_at:280094-HuGene_st:1017324-HuGene_st:1563466_at	2,33E-17	2,7729	3,99	91,7	85,4-95,8
LIFR	275506-HuGene_st:323055-HuGene_st:444251-HuGene_st:1056178-HuGene_st:398104-HuGene_st:917434-HuGene_st:1044918-HuGene_st:167500-HuGene_st:423760-HuGene_st:837336-HuGene_st:321505-HuGene_st:918321-HuGene_st:252278-HuGene_st:884504-HuGene_st:124845-HuGene_st:499777-HuGene_st:969722-HuGene_st:709439-HuGene_st:611505-HuGene_st:227771_at:287217-HuGene_st:205876_at:225571_at:229185_at:233367_at:1093011-HuGene_st	2,45E-17	2,7826	6,36	91,8	85,6-95,8
ZG16	287680-HuGene_st:1704-HuGene_st:61566-HuGene_st:964936-HuGene_st:9737-HuGene_st:620497-HuGene_st:785765-HuGene_st:214142_at:323025-HuGene_st:1093257-HuGene_st:398415-HuGene_st:942991-HuGene_st:871899-HuGene_st:548837-HuGene_st:605328-HuGene_st:231918-HuGene_st:461816-HuGene_st:604283-HuGene_st:971003-HuGene_st:750108-HuGene_st:927723-HuGene_st:782940-HuGene_st:98669-HuGene_ st	2,51E-17	2,8097	8,14	92	85,8-96
EPB41L3	275431-HuGene_st:540074-HuGene_st:731277-HuGene_st:211776_s_at:218157-HuGene_st:328922-HuGene_st:384314-HuGene_st:272486-HuGene_st:196590-HuGene_st:294230-HuGene_st:206710_s_at:747631-HuGene_st:52743-HuGene_st:1089957-HuGene_st:423337-HuGene_st:915755-HuGene_st:623682-HuGene_st:130815-HuGene_st:497574-HuGene_st:212681_at:77106-HuGene_ st:874781-HuGene_st	2,62E-17	2,8312	2,51	92,2	86-96,1
SCNN1B	773390-HuGene_st:467376-HuGene_st:411583-HuGene_st:433511-HuGene_st:142579-HuGene_st:99655-HuGene_st:278054-HuGene_st:371417-HuGene_st:99189-HuGene_st:491965-HuGene_st:490957-HuGene_st:916581-HuGene_st:285916-HuGene_st:359156-HuGene_st:977951-HuGene_st:291765-HuGene_st:767266-	3,20E-17	2,7219	16,15	91,3	84,9-95,5

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:206091-HuGene_st:348267-HuGene_st:205464_at:838576-HuGene_st					
HHLA2	371335-HuGene_st:978721-HuGene_st:1065567-HuGene_st:282548-HuGene_st:240410-HuGene_st:170899-HuGene_st:947848-HuGene_st:438234-HuGene_st:220812_s_at:927495-HuGene_st:351364-HuGene_st:234673_at:993142-HuGene_st:1009637-HuGene_st:335000-HuGene_st:285313-HuGene_st:533646-HuGene_st:234624_at:458597-HuGene_st:104838-HuGene_st:26687-HuGene_st:258409-HuGene_st:493304-HuGene_st:378019-HuGene_st:576796-HuGene_st	3,47E-17	2,6741	10,02	90,9	84,4-95,2
HPGD	291863-HuGene_st:375608-HuGene_st:793406-HuGene_st:436293-HuGene_st:75568-HuGene_st:211549_s_at:684728-HuGene_st:674596-HuGene_st:527856-HuGene_st:329920-HuGene_st:748432-HuGene_st:259392-HuGene_st:769902-HuGene_st:620673-HuGene_st:450707-HuGene_st:203913_s_at:304752-HuGene_st:447604-HuGene_st:170968-HuGene_st:852359-HuGene_st:836377-HuGene_st:242733_at:243846-HuGene_st:136281-HuGene_st:203914_x_at:211548_s_at:288 252-HuGene_st	3,65E-17	2,8433	3,21	92,2	86,1-96,1
CEACAM 7	206199_at:105665-HuGene_st:481561-HuGene_st:211848_s_at:574369-HuGene_st:104615-HuGene_st:242258-HuGene_st:740634-HuGene_st:439249-HuGene_st:15044-HuGene_st:424954-HuGene_st:1002484-HuGene_st:206198_s_at:1067871-HuGene_st:751891-HuGene_st:36594-HuGene_st:298155-HuGene_st:1024423-HuGene_st:384378-HuGene_st:1093665-HuGene_st:985998-HuGene_st:325578-HuGene_st:596079-HuGene_st:89770-HuGene_st:864758-HuGene_st:205004-HuGene_st:374052-HuGene_st:133822-HuGene_st:1093942-HuGene_st:780375-HuGene_ st:338636-HuGene_st	3,96E-17	2,785	10,4	91,8	85,5-95,8
RELL1	753672-HuGene_st:871189-HuGene_st:202462-HuGene_st:615056-HuGene_st:639180-HuGene_st:4103-HuGene_st:778017-HuGene_st:236549-HuGene_st:86799-HuGene_st:908328-HuGene_st:813998-HuGene_st:859771-HuGene_st:254041-HuGene_st:787272-HuGene_st:916269-HuGene_st:885786-HuGene_st:1554714_at:645386-HuGene_st:777480-HuGene_st:927821-HuGene_st:226430_at	4,10E-17	2,6983	2,5	91,1	84,6-95,4
C7	893214-HuGene_st:54339-HuGene_st:501090-HuGene_st:659367-HuGene_st:536407-	4,40E-17	2,7158	6,67	91,3	84,9-95,5

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:598145-HuGene_st:444111-HuGene_st:643669-HuGene_st:191981-HuGene_st:832001-HuGene_st:313065-HuGene_st:612836-HuGene_st:673870-HuGene_st:1005162-HuGene_st:206652-HuGene_st:1021871-HuGene_st:489813-HuGene_st:350161-HuGene_st:766550-HuGene_st:2377-HuGene_st:202992_at:578639-HuGene_st					
PLCE1	1562826_at:1563103_at:699801-HuGene_st:353862-HuGene_st:187026-HuGene_st:475246-HuGene_st:819995-HuGene_st:477396-HuGene_st:920273-HuGene_st:1566739_at:158053-HuGene_st:554291-HuGene_st:854670-HuGene_st:950080-HuGene_st:1064466-HuGene_st:1017434-HuGene_st:987146-HuGene_st:137607-HuGene_st:833052-HuGene_st:205112_at:987189-HuGene_st:1092203-HuGene_st:449587-HuGene_st:205111_s_at:1566740_at:9284 26-HuGene_st:649071-HuGene_st	6,91E-17	2,7528	2,43	91,6	85,2-95,7
SCARA5	734536-HuGene_st:1080104-HuGene_st:796100-HuGene_st:258146-HuGene_st:670462-HuGene_st:362431-HuGene_st:1019057-HuGene_st:287988-HuGene_st:235849_at:222306-HuGene_st:495319-HuGene_st:84286-HuGene_st:47679-HuGene_st:855551-HuGene_st:229839_at:999202-HuGene_st:982358-HuGene_st:86142-HuGene_ st:568080-HuGene_st:109115-HuGene_st:590235-HuGene_st:1554705_at:800351-HuGene_st	1,25E-16	2,6912	2,86	91,1	84,5-95,3
CHRDL1	335657-HuGene_st:1058673-HuGene_st:166016-HuGene_st:825273-HuGene_st:35456-HuGene_st:91115-HuGene_st:303433-HuGene_st:209044-HuGene_st:1081642-HuGene_st:135625-HuGene_st:284037-HuGene_st:452295-HuGene_st:313790-HuGene_st:912814-HuGene_st:712513-HuGene_st:1078238-HuGene_st:721877-HuGene_ st:209763_at:657006-HuGene_st	1,49E-16	2,6092	13,88	90,4	83,7-94,9
NR3C2	748063-HuGene_st:177629-HuGene_st:964944-HuGene_st:346404-HuGene_st:120283-HuGene_st:646104-HuGene_st:731385-HuGene_st:493776-HuGene_st:440054-HuGene_st:286582-HuGene_st:1097927-HuGene_st:804888-HuGene_st:234142_at:49341-HuGene_st:370558-HuGene_st:22007-HuGene_st:981978-HuGene_st:100953-HuGene_st:239673_at:149241-HuGene_st:940356-HuGene_st:628366-HuGene_st:205259_at:1564236_at:328672 -HuGene_st	2,08E-16	2,5811	3,19	90,2	83,3-94,7
TSPAN7	703402-HuGene_st:745610-HuGene_st:1018812-HuGene_st:742943-HuGene_st:168712-	2,13E-16	2,651	3,68	90,7	84,2-95,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:234246_at:902239-HuGene_st:285968-HuGene_st:883914-HuGene_st:113610-HuGene_st:236336-HuGene_st:511310-HuGene_st:40850-HuGene_st:346422-HuGene_st:189042-HuGene_st:745521-HuGene_st:996022-HuGene_st:202242_at:195303-HuGene_st:70610-HuGene_st:31995-HuGene_st:234245_at					
STMN2	459270-HuGene_st:611227-HuGene_st:295241-HuGene_st:935618-HuGene_st:161827-HuGene_st:17520-HuGene_st:337557-HuGene_st:16478-HuGene_st:1015231-HuGene_st:790658-HuGene_st:892767-HuGene_st:343589-HuGene_st:1047491-HuGene_st:454759-HuGene_st:9820-HuGene_st:203001_s_at:472072-HuGene_st:203000_at:691598-HuGene_st:1064573-HuGene_st:811444-HuGene_ st:485134-HuGene_st	2,25E-16	2,6147	6,13	90,4	83,8-94,9
FAM107A	315531-HuGene_st:294482-HuGene_st:764207-HuGene_st:809908-HuGene_st:209074_s_at:341591-HuGene_st:948705-HuGene_st:207547_s_at:415418-HuGene_st:215297-HuGene_st:332641-HuGene_st	2,52E-16	2,6168	2,92	90,5	83,8-94,9
ANK2	314086-HuGene_st:282874-HuGene_st:382431-HuGene_st:229308-HuGene_st:779600-HuGene_st:297624-HuGene_st:385943-HuGene_st:730140-HuGene_st:442277-HuGene_st:699309-HuGene_st:182816-HuGene_st:202921_s_at:799860-HuGene_st:868462-HuGene_st:634421-HuGene_st:571536-HuGene_st:1050903-HuGene_st:649509-HuGene_st:239935-HuGene_ st:202920_at	2,59E-16	2,6501	6,76	90,7	84,1-95,1
CLIC5	217628_at:219866_at:116794-HuGene_st:114619-HuGene_st:895974-HuGene_st:749788-HuGene_st:485909-HuGene_st:326032-HuGene_st:1083118-HuGene_st:213317_at:507492-HuGene_st:480370-HuGene_st:160114-HuGene_st:637800-HuGene_st:33914-HuGene_st:1044626-HuGene_st:243917_at:664038-HuGene_st:867787-HuGene_st:261656-HuGene_st:399156-HuGene_st:558641-HuGene_ st	3,68E-16	2,6963	2,37	91,1	84,6-95,4
CHGA	152790-HuGene_st:354161-HuGene_st:365802-HuGene_st:813261-HuGene_st:40004-HuGene_st:504502-HuGene_st:624128-HuGene_st:719186-HuGene_st:916335-HuGene_st:921714-HuGene_st:489360-HuGene_st:849455-HuGene_st:231475-HuGene_st:294992-HuGene_st:204697_s_at:659997-HuGene_st:521835-HuGene_st:659283-HuGene_st:890388-HuGene_st:786316-HuGene_st	5,54E-16	2,6097	7,21	90,4	83,6-94,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
KIAA0828	613787-HuGene_st:478932-HuGene_st:67325-HuGene_st:668897-HuGene_st:160683-HuGene_st:1031978-HuGene_st:1018444-HuGene_st:237998-HuGene_st:892138-HuGene_st:262221-HuGene_st:864937-HuGene_st:917541-HuGene_st:593865-HuGene_st:55857-HuGene_st:215672_s_at:509888-HuGene_st:302988-HuGene_st:668914-HuGene_st:507489-HuGene_st:212814_at	5,58E-16	2,5514	4,09	89,9	83-94,5
EDIL3	436107-HuGene_st:1558643_s_at:214345_at:668780-HuGene_st:545521 HuGene_st:641822-HuGene_st:207379_at:411378-HuGene_st:485618-HuGene_st:576523-HuGene_st:843058-HuGene_st:910789-HuGene_st:165720-HuGene_st:79965-HuGene_st:533665-HuGene_st:237605-HuGene_st:593615-HuGene_st:396108-HuGene_st:701416-HuGene_st:325630-HuGene_st:912197-HuGene_st:224797-HuGene_st:724765-HuGene_st:167229-HuGene_st:233668_at:225275_at:16759-HuGene_st:233875_at	6,21E-16	2,6259	2,96	90,5	83,8-95
DSCR1	535011-HuGene_st:789105-HuGene_st:215253_s_at:838760-HuGene_st:617570-HuGene_st:419279-HuGene_st:1015938-HuGene_st:208370_s_at:131478-HuGene_st:228884-HuGene_st:685397-HuGene_st:68677-HuGene_st:215254_at:656173-HuGene_st:971107-HuGene_st:1039926-HuGene_st:206974-HuGene_st:232227-HuGene_st:546248-HuGene_st:175597-HuGene_st:1558181_at	6,21E-16	2,6122	2,14	90,4	83,7-94,9
PPAP2A	282276-HuGene_st:1062765-HuGene_st:952258-HuGene_st:214647-HuGene_st:153982-HuGene_st:678140-HuGene_st:209147_s_at:1083041-HuGene_st:459000-HuGene_st:505597-HuGene_st:1035745-HuGene_st:576550-HuGene_st:243715_at:180473-HuGene_st:527974-HuGene_st:821572-HuGene_st:260389-HuGene_st:1042377-HuGene_st:138155-HuGene_st:210946_at:243442_x_at	6,43E-16	2,596	2,4	90,3	83,6-94,8
PDCD4	681770-HuGene_st:1029160-HuGene_st:594740-HuGene_st:247013-HuGene_st:845755-HuGene_st:813933-HuGene_st:367555-HuGene_st:456148-HuGene_st:295280-HuGene_st:144200-HuGene_st:620666-HuGene_st:212593_s_at:590149-HuGene_st:87471-HuGene_st:189624-HuGene_st:202730_s_at:44562-HuGene_st:641673-HuGene_st:577621-HuGene_st:102842-HuGene_st:202731_at:776615-HuGene_st:615983-HuGene_st:212594_at:1557166_at	8,67E-16	2,4578	2,6	89	82-93,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
DHRS9	413956-HuGene_st:371161-HuGene_st:224009_x_at:61832-HuGene_st:874913-HuGene_st:321055-HuGene_st:223952_x_at:916038-HuGene_st:313731-HuGene_st:629747-HuGene_st:836048-HuGene_st:369374-HuGene_st:157673-HuGene_st:194386-HuGene_st:1089433-HuGene_st:352973-HuGene_st:637905-HuGene_st:1010893-HuGene_st:219799_s_at:361862-HuGene_st:800910-HuGene_st:1012296-HuGene_st	1,09E-15	2,7371	1,51	91,4	85,1-95,6
CDKN2B	252481-HuGene_st:1000015-HuGene_st:172198-HuGene_st:967979-HuGene_st:675431-HuGene_st:605224-HuGene_st:277126-HuGene_st:846115-HuGene_st:452433-HuGene_st:332731-HuGene_st:563208-HuGene_st:527577-HuGene_st:207530_s_at:891201-HuGene_st:512260-HuGene_st:236313_at:26244-HuGene_st:61586-HuGene_st	1,34E-15	2,5433	10,09	89,8	82,9-94,5
P2RY1	628249-HuGene_st:113454-HuGene_st:627857-HuGene_st:461281-HuGene_st:207455_at:259065-HuGene_st:797734-HuGene_st:135788-HuGene_st:42916-HuGene_st:315405-HuGene_st:340050-HuGene_st:173225-HuGene_st:919818-HuGene_st:591228-HuGene_st:899117-HuGene_st:785070-HuGene_st:286200-HuGene_st:231925_at	1,41E-15	2,5341	3,6	89,7	82,8-94,4
LOC646627	238143_at	1,58E-15	1,9131	5,02	83,1	74,9-89,4
PPAP2B	484735-HuGene_st:860271-HuGene_st:501067-HuGene_st:180731-HuGene_st:919245-HuGene_st:209355_s_at:322730-HuGene_st:830995-HuGene_st:212226_s_at:353268-HuGene_st:989778-HuGene_st:279549-HuGene_st:583834-HuGene_st:1035367-HuGene_st:155537-HuGene_st:782552-HuGene_st:867734-HuGene_st:267847-HuGene_st:212230_at:619833-HuGene_st:232324_x_at	2,44E-15	2,5819	1,81	90,2	83,4-94,7
PYY	656845-HuGene_st:816022-HuGene_st:633572-HuGene_st:20355-HuGene_st:240779-HuGene_st:638358-HuGene_st:879780-HuGene_st:207080_s_at:211253_x_at:368 591-HuGene_st	3,50E-15	2,4793	11,71	89,2	82,2-94
CLEC3B	794375-HuGene_st:894763-HuGene_st:152328-HuGene_st:669650-HuGene_st:1090081-HuGene_st:251162-HuGene_st:264101-HuGene_st:367416-HuGene_st:984078-HuGene_st:512272-HuGene_st:166348-HuGene_st:181414-HuGene_st:995862-	4,65E-15	2,4437	4,46	88,9	81,7-93,8

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:603678-HuGene_st:205200_at:56968-HuGene_ st:542483-HuGene_st					
NDE1	228133_s_at:218414_s_at:555730-HuGene_st:620739-HuGene_st:111363-HuGene_st	4,84E-15	2,5125	1,99	89,5	82,6-94,3
CCL8	402294-HuGene_st:1098932-HuGene_st:930533-HuGene_st:524795-HuGene_st:574692-HuGene_st:314202-HuGene_st:719831-HuGene_st:410906-HuGene_st:643479-HuGene_st:911966-HuGene_st:31200-HuGene_st:547634-HuGene_st:39456-HuGene_st:527508-HuGene_st:1057270-HuGene_st:1062460-HuGene_st:214038_at	5,75E-15	2,4512	7,51	89	81,9-93,9
PLAC8	219014_at:739479-HuGene_st:354260-HuGene_st:994047-HuGene_st:456534-HuGene_st:236727_at:330382-HuGene_st:118286-HuGene_st:940467-HuGene_st:493579-HuGene_st:37786-HuGene_st:776403-HuGene_st:295172-HuGene_st:271859-HuGene_st:438305-HuGene_st:770531-HuGene_st:982881-HuGene_st:543535-HuGene_st:554805-HuGene_st:667817-HuGene_st:519806-HuGene_st:1065533-HuGene_st:345940-HuGene st	5,76E-15	2,4228	3,87	88,7	81,5-93,7
MUCDHL	690807-HuGene_st:11068-HuGene_st:955242-HuGene_st:969280-HuGene_st:220075_s_at:625411-HuGene_st:789310-HuGene_st:444568-HuGene_st:589749-HuGene_st:265998-HuGene_st:275576-HuGene_st:219796_s_at:625643-HuGene_st:452184-HuGene_st:692224-HuGene_st:1009431-HuGene_st:311533-HuGene_st:289109-HuGene_st:101091-HuGene_ st:220074_at:307121-HuGene_st	5,81E-15	2,4358	3,06	88,8	81,7-93,8
SULT1A1	322199-HuGene_st:1021081-HuGene_st:372215-HuGene_st:689177-HuGene_st:215299_x_at:369102-HuGene_st:203615_x_at:761577-HuGene_st:744847-HuGene_st:691837-HuGene_st:2491-HuGene_st:742631-HuGene_st:1037597-HuGene_st:805936-HuGene st	7,17E-15	2,422	3,37	88,7	81,6-93,7
SDCBP2	233565_s_at:263537-HuGene_st:901885-HuGene_st:421400-HuGene_st:835589-HuGene_st:70935-HuGene_st:462061-HuGene_st:702702-HuGene_st:719818-HuGene_st:766065-HuGene_st:612065-HuGene_st:825595-HuGene_st:1004265-HuGene_st:206488-HuGene_st:867231-HuGene_st:858503-HuGene_st:29674-HuGene_st:26237-HuGene_st:351356-HuGene_st:52388-HuGene_st:192518-HuGene_ st	9,28E-15	2,4869	2,37	89,3	82,3-94,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
RPL24	1559655_at:1559656_a_at:228885_at	1,23E-14	2,5579	1,63	90	83,1-94,6
CXCL12	567389-HuGene_st:886750-HuGene_st:815979-HuGene_st:1018943-HuGene_st:209687_at:800403-HuGene_st:500331-HuGene_st:369373-HuGene_st:1050367-HuGene_st:952256-HuGene_st:1066302-HuGene_st:448047-HuGene_st:186655-HuGene_st:771363-HuGene_st:103922-HuGene_st:1025591-HuGene_st:47442-HuGene_st:624854-HuGene st:211406-HuGene st:255389-HuGene_st	1,54E-14	2,4343	3,79	88,8	81,6-93,7
C1orf115	293810-HuGene_st:439869-HuGene_st:640378-HuGene_st:226391-HuGene_st:88026-HuGene_st:230159_at:709535-HuGene_st:687885-HuGene_st:218546_at:628297-HuGene_st:695536-HuGene_st:230774-HuGene_st:884109-HuGene_st:517531-HuGene_st:472518-HuGene_st:8635-HuGene_ st:158841-HuGene_st	1,95E-14	2,4078	2,95	88,6	81,4-93,6
SLC26A2	224963_at:861453-HuGene_st:175674-HuGene_st:658865-HuGene_st:979969-HuGene_st:1053352-HuGene_st:224959_at:509013-HuGene_st:755618-HuGene_st:879968-HuGene_st:205097_at:901728-HuGene_st:975514-HuGene_st:407147-HuGene_st:891478-HuGene_st:196344-HuGene_st:1015698-HuGene_st:955403-HuGene_st:430227-HuGene_st:1075936-HuGene_st:1080935-HuGene_st:18346-HuGene_st:341007-HuGene_st:471383-HuGene_st	2,08E-14	2,4223	7,83	88,7	81,5-93,7
MEIS1	868613-HuGene_st:1072855-HuGene_st:139075-HuGene_st:721526-HuGene_st:1559477_s_at:381698-HuGene_st:641395-HuGene_st:494458-HuGene_st:183063-HuGene_st:212378-HuGene_st:579377-HuGene_st:1006382-HuGene_st:753093-HuGene_st:863677-HuGene_st:517122-HuGene_st:777085-HuGene_st:386678-HuGene_st:204069_at:1005832-HuGene_st:395572-HuGene_st:231941-HuGene_st:568986-HuGene_st:108139-HuGene_st	2,49E-14	2,3774	5,44	88,3	81-93,4
SFRP2	144787-HuGene_st:337246-HuGene_st:97123-HuGene_st:614920-HuGene_st:223121_s_at:236674-HuGene_st:602699-HuGene_st:370588-HuGene_st:794693-HuGene_st:252957-HuGene_st:870849-HuGene_st:279759-HuGene_st:367084-HuGene_st:691080-HuGene_st:223122_s_at:466709-HuGene_st	3,05E-14	2,3944	7,39	88,4	81,2-93,5
TUBB6	209191_at:238151_at:267951-HuGene_st:578028-HuGene_st: 862750-HuGene_st	3,55E-14	2,3694	5,9	88,2	80,9-93,3
GPX3	623237-HuGene_st:40650-HuGene_st:134873-HuGene_st:952394-HuGene_st:644367-	5,68E-14	2,3613	2,57	88,1	80,8-93,2

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:428176-HuGene_st:201348_at:214091_s_at:37706 0-HuGene_st:674301-HuGene_st:142325-HuGene_st:905944-HuGene_st:439631-HuGene_st:1064572-HuGene_st:587834-HuGene_st:1040504-HuGene_st:250733-HuGene_st:199701-HuGene_st:784815-HuGene_ st:652659-HuGene_st					
CD36	392196-HuGene_st:274514-HuGene_st:477005-HuGene_st:691585-HuGene_ st:872909-HuGene_st:543050-HuGene_st:603343-HuGene_st:514557-HuGene_st:296850-HuGene_st:945913-HuGene_st:495755-HuGene_st:206488_s_at:1035854-HuGene_st:887301-HuGene_st:836370-HuGene_st:209555_s_at:939919-HuGene_st:507440-HuGene_st:151788-HuGene_st:146280-HuGene_st:360545-HuGene_st:1051486-HuGene_ st:228766_at:512885-HuGene_st	6,27E-14	2,4677	1,65	89,1	82,1-94
HIGD1A	936261-HuGene_st:824654-HuGene_st:165981-HuGene_st:225595-HuGene_st:290747-HuGene_st:641007-HuGene_st:1073341-HuGene_st:761357-HuGene_st:818902-HuGene_st:1038575-HuGene_st:102828-HuGene_st:533707-HuGene_st:414059-HuGene_st:217845_x_at:852712-HuGene_st:221896_s_at:291015-HuGene_st:295866-HuGene_st:520869-HuGene_st:155393-HuGene_st:460566-HuGene_st:969731-HuGene_st:170508-HuGene_st:744650-HuGene_st:309982-HuGene_st:795342-HuGene_st:387733-HuGene_st:324047-HuGene_st:239559-HuGene_st:1055553-HuGene_st:827869-HuGene_st:1058468-HuGene_st	6,29E-14	2,4011	2,09	88,5	81,3-93,5
NR3C1	111450-HuGene_st:434945-HuGene_st:1054045-HuGene_st:201866_s_at:98168-HuGene_st:402326-HuGene_st:154154-HuGene_st:117026-HuGene_st:1027472-HuGene_st:517524-HuGene_st:540910-HuGene_st:538776-HuGene_st:550290-HuGene_st:460796-HuGene_st:211671_s_at:216321_s_at:201 865_x_at:649431-HuGene_st:461795-HuGene st	7,65E-14	2,3495	2,51	88	80,6-93,2
LOC6392 8	206149_at:681928-HuGene_st:1004459-HuGene_st:249694-HuGene_st:80283-HuGene_st:323497-HuGene_st:650243-HuGene_st:872231-HuGene_st:253533-HuGene_st:270238-HuGene_st:282291-HuGene st:268597-HuGene st:913922-HuGene_st:416350-HuGene_st:992808-HuGene_st:472127-HuGene_st:988731-HuGene_st:243977-HuGene_st:802623-HuGene_ st:314649-HuGene_st	8,09E-14	2,352	3,2	88	80,6-93,2

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
MXD1	226275_at:206877_at:602969-HuGene_st:127172-HuGene_st:577694-HuGene_st:53257-HuGene_st:228846_at:669193-HuGene_st:37027-HuGene_st:458872-HuGene_st:518444-HuGene_st:410159-HuGene_st:77113-HuGene_st:280760-HuGene_st:229252-HuGene_st:318164-HuGene_st:393130-HuGene_st:172809-HuGene_st:1020416-HuGene_st:1050501-HuGene_st:269397-HuGene_st:68122-HuGene_st:423400-HuGene_st:103208-HuGene st:936311-HuGene_st	8,35E-14	2,4077	2,11	88,6	81,3-93,6
C9orf19	268503-HuGene_st:209268-HuGene_st:225604_s_at:518559-HuGene_st:1007612-HuGene_st:499070-HuGene_st:225602_at:291028-HuGene_st:615472-HuGene_st:3136-HuGene_st:926635-HuGene_st:219003-HuGene_st:396117-HuGene_st:94077-HuGene_st:747558-HuGene_st:226948-HuGene_st:940376-HuGene_st:977640-HuGene_st:316643-HuGene_st:382182-HuGene_ st:745966-HuGene_st	1,74E-13	2,3659	1,95	88,2	80,9-93,3
DCN	6640-HuGene_st:201893_x_at:211813_x_at:311031-HuGene_st:211896_s_at:505982-HuGene_st:219729-HuGene_st:1067446-HuGene_st:538017-HuGene_st:13085-HuGene_st:960643-HuGene_st:132704-HuGene_st:253410-HuGene_st:54359-HuGene_st:1020632-HuGene_st:973501-HuGene_st:483405-HuGene_st:252884-HuGene_st:274013-HuGene_st:664014-HuGene_st:522817-HuGene_st:745324-HuGene_st:209335_at:339470-HuGene_ st:916917-HuGene_st	2,05E-13	2,3127	5,62	87,6	80,3-92,9
HSD17B2	281748-HuGene_st:142500-HuGene_st:602472-HuGene_st:437526-HuGene_st:1057583-HuGene_st:999857-HuGene_st:915850-HuGene_st:1097510-HuGene_st:127085-HuGene_st:1088665-HuGene_st:194898-HuGene_st:834134-HuGene_st:360927-HuGene_st:1029542-HuGene_st:422429-HuGene_st:573141-HuGene_st:204818_at:918446-HuGene_st:386936-HuGene_st:613850-HuGene_st:489258-HuGene_st	2,32E-13	2,1956	4,76	86,4	78,7-92
TCF21	804657-HuGene_st:106365-HuGene_st:710514-HuGene_st:299556-HuGene_st:608149-HuGene_st:242233-HuGene_st:655881-HuGene_st:356773-HuGene_st:788445-HuGene_st:709897-HuGene_st:605488-HuGene_st:652466-HuGene_st:204931_at:830709-HuGene_st:273418-HuGene_st:1004754-HuGene_st:990861-HuGene_st:238739-HuGene_st:836241-HuGene_st:110045-HuGene_st:229529_at:1001969-HuGene_ st	2,51E-13	2,3047	2,34	87,5	80,1-92,8

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
MRC1	467197-HuGene_st:758500-HuGene_st:600690-HuGene_st:270842-HuGene_st:787475-HuGene_st:710055-HuGene_st:295499-HuGene_st:757670-HuGene_st:994062-HuGene_st:587369-HuGene_st:224499-HuGene_st:428438-HuGene_st:577964-HuGene_st:159156-HuGene_st:298439-HuGene_st:1088275-HuGene_st:715300-HuGene_st:1627-HuGene_st:513230-HuGene_st:106268-HuGene_st:204438_at	2,72E-13	2,3106	2,6	87,6	80,2-92,9
ADH1C	661427-HuGene_st:243544_at:634797-HuGene_st:291687-HuGene_st:972177-H uGene_st:316339-HuGene_st:580686-HuGene_st:206262_at:211851-HuGene_st:641619-HuGene_st:142959-HuGene_st:705200-HuGene_st:1063529-HuGene_st:916148-HuGene_st:901368-HuGene_st:43611-HuGene_st:789755-HuGene_st:410220-HuGene_st:289785-HuGene_st:155724-HuGene_st:289958-HuGene_ st:232595-HuGene_st	2,94E-13	2,3724	3,1	88,2	81-93,3
BCHE	228090-HuGene_st:752051-HuGene_st:800167-HuGene_st:221362-HuGene_st:155900-HuGene_st:717363-HuGene_st:536584-HuGene_st:146780-HuGene_st:302487-HuGene_st:508472-HuGene_st:516293-HuGene_st:968992-HuGene_st:666625-HuGene_st:923158-HuGene_st	3,18E-13	2,2535	6,21	87	79,4-92,4
CCDC80	1072039-HuGene_st:973747-H uGene_st:580839-HuGene_st:583669-HuGene_st:290210-HuGene_st:308086-HuGene_st:679211-HuGene_st:43315-HuGene_st:1080603-HuGene_st:852141-HuGene_st:569200-HuGene_st:92231-HuGene_st:535306-HuGene_st:427093-HuGene_st:1003098-HuGene_st:408541-HuGene_st:135243-HuGene_st:225298-HuGene_st:225242_s_at:225241_at:63307 9-HuGene_st:43353-HuGene_st:642388-HuGene_ st:243864_at	3,60E-13	2,2322	3,67	86,8	79,2-92,3
CITED2	125201-HuGene_st:410723-HuGene_st:463405-HuGene_st:401168-HuGene_st:1012057-HuGene_st:235057-HuGene_st:361772-HuGene_st:207980_s_at:1091907-HuGene_st:985355-HuGene_st:175990-HuGene_st:227287_at:48433-HuGene_ st:209357_at:477746-HuGene_st:243264-HuGene_st:904401-HuGene_st:328536-HuGene_st:1095110-HuGene_st:89784-HuGene_st:206734-HuGene_st:927615-HuGene_st	5,29E-13	2,2712	1,64	87,2	79,7-92,6
PCK1	208383_s_at:221954-HuGene_st:772877-HuGene_st:518166-HuGene_st:1098164-HuGene_st:241175-HuGene_st:111987-HuGene_st:395761-HuGene_st:846308-HuGene_st:584532-HuGene_st:547720-	5,74E-13	2,3236	3,6	87,7	80,4-93

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:1018765-HuGene_st:817976-HuGene_st:454213-HuGene_st:66958-HuGene_st:301878-HuGene_st:804419-HuGene_st:442879-HuGene_st:211870-HuGene_st:638998-HuGene_st:448080-HuGene_st:948845-HuGene_st:313770-HuGene_st					
ANK3	472262-HuGene_st:337923-HuGene_st:715126-HuGene_st:416201-HuGene_st:942091-HuGene_st:364373-HuGene_st:207950_s_at:209442_x_at:410 536-HuGene_st:206385_s_at:845022-HuGene_st:400240-HuGene_st:651770-HuGene_st:29904-HuGene_st:215314_at	7,46E-13	2,2325	2,45	86,8	79,2-92,3
F13A1	412872-HuGene_st:755197-HuGene_st:1023946-HuGene_st:591121-HuGene_st:912274-HuGene_st:465239-HuGene_st:1002989-HuGene_st:541053-HuGene_st:1052450-HuGene_st:204339-HuGene_st:176807-HuGene_st:58339-HuGene_st:42656-HuGene_st:965853-HuGene_st:1096456-HuGene_st:365069-HuGene_st:300786-HuGene_st:739769-HuGene_st:70605-HuGene_st:174382-HuGene_ st:203305_at:783884-HuGene_st	8,82E-13	2,1855	4,74	86,3	78,6-91,9
ADAMDEC1	893574-HuGene_st:1087946-HuGene_st:453119-HuGene_st:995166-HuGene_st:660805-HuGene_st:162940-HuGene_st:402188-HuGene_st:782577-HuGene_st:89831-HuGene_st:11993-HuGene_st:1020874-HuGene_st:997719-HuGene_st:268541-HuGene_st:41641-HuGene_st:1004377-HuGene_st:53970-HuGene_st:206134_at:904943-HuGene_st:644140-HuGene_st:332803-HuGene_st:16627-HuGene_st:1555-HuGene_st	9,04E-13	2,2604	3,19	87,1	79,5-92,5
ABI3BP	801423-HuGene_st:1065486-HuGene_st:692353-HuGene_st:456260-HuGene_st:686533-HuGene_st:68008-HuGene_st:317350-HuGene_st:239950-HuGene_st:604210-HuGene_st:20407-HuGene_st:1099546-HuGene_st:395466-HuGene_st:548603-HuGene_st:931079-HuGene_st:159325-HuGene_st:251067-HuGene_st:1056116-HuGene_st:224253-HuGene_st:885069-HuGene_st:1075816-HuGene_st:592859-HuGene_st	9,47E-13	2,2176	3,62	86,6	79-92,2
PAG1	572231-HuGene_st:431317-HuGene_st:342766-HuGene_st:1080197-HuGene_st:225622_at:81123-HuGene_st:859237-HuGene_st:287765-HuGene_st:225626_at:743424-HuGene_st:759835-HuGene_st:622195-HuGene_st:208082-HuGene_st:768207-HuGene_st:657358-HuGene_st:506609-HuGene_st:226184-HuGene_st:540710-HuGene_st:236888-	1,11E-12	2,215	2,68	86,6	79-92,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:36408-HuGene_st:546382-HuGene_st:498489-HuGene_st:227354_at					
KRT20	11827-HuGene_st:50958-HuGene_st:684746-HuGene_st:574501-HuGene_st:270813-HuGene_st:421213-HuGene_st:213953_at:225474-HuGene_st:310071-HuGene_st:356429-HuGene_st:997077-HuGene_st:963515-HuGene_st:944854-HuGene_st:178191-HuGene_st:613655-HuGene_st:337174-HuGene_st:268017-HuGene_st:81041-HuGene_st:85506-HuGene_st:798272-HuGene_st:925916-HuGene_st:780714-HuGene_st:138025-HuGene_st	1,26E-12	2,0981	5,49	85,3	77,4-91,1
ENTPD5	760608-HuGene_st:231676_s_at:831252-HuGene_st:497317-HuGene_st:712688-HuGene_st:259180-HuGene_st:832617-HuGene_st:785663-HuGene_st:205757_at:553118-HuGene_st:384386-HuGene_st:911183-HuGene_st:440835-HuGene_st:150070-HuGene_st:821276-HuGene_st:14461-HuGene_st:520930-HuGene_st:181407-HuGene_st:294287-HuGene_st:226594_at:551172-HuGene_st:1040872-HuGene_st:1048020-HuGene_st	1,43E-12	2,1686	3,01	86,1	78,3-91,7
MALL	209373_at:628866-HuGene_st:1092892-HuGene_st:488187-HuGene_st:515617-HuGene_st:649198-HuGene_st:991653-HuGene_st:301852-HuGene_st:1067925-HuGene_st:451072-HuGene_st:102723-HuGene_st:670639-HuGene_st:848482-HuGene_st:928502-HuGene_st:787192-HuGene_st:916920-HuGene_st:959742-HuGene_st:711672-HuGene_st:20252-HuGene_st:225337-HuGene_st	2,10E-12	2,1585	3,96	86	78,2-91,7
MFAP4	308095-HuGene_st:1004622-HuGene_st:754788-HuGene_st:212713_at:911082-HuGene_st:767889-HuGene_st:5569-HuGene_st:308458-HuGene_st:699815-HuGene_st:658908-HuGene_st:73048-HuGene_st:515283-HuGene_st:671512-HuGene_st:792571-HuGene_st:689375-HuGene_st:590963-HuGene_st:821074-HuGene_st:132543-HuGene_st:655171-HuGene_st:341975-HuGene_st:1048103-HuGene_st	2,96E-12	2,1813	2,51	86,2	78,5-91,9
SRI	1018107-HuGene_st:929936-HuGene_st:596109-HuGene_st:469173-HuGene_st:235900-HuGene_st:303619-HuGene_st:792372-HuGene_st:1034405-HuGene_st:145638-HuGene_st:76828-HuGene_st:103032-HuGene_st:788729-HuGene_st:262807-HuGene_st:452805-HuGene_st:208921_s_at:863794-HuGene_st:172167-HuGene_st:309679-	3,03E-12	2,0985	2,43	85,3	77,4-91,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:1058573-HuGene_st:208920_at:235325-HuGene_st:813384-HuGene_st					
SGK	425210-HuGene_st:201739_at:137804-HuGene_st:182666-HuGene_st:271994-HuGene_st:629671-HuGene_st:350855-HuGene_st:179953-HuGene_st:1039396-HuGene_st:664449-HuGene_st:1049246-HuGene_st:1100037-HuGene_st:1094410-HuGene_st:677142-HuGene_st:231137-HuGene_st:393473-HuGene_st	3,12E-12	2,1186	4,08	85,5	77,7-91,4
IGHM	1001583-HuGene_st:162285-HuGene_st:1061429-HuGene_st:359832-HuGene_st:60182-HuGene_st:1002550-HuGene_st:311771-HuGene_st:790352-HuGene_st:977059-HuGene_st:587401-HuGene_st:343597-HuGene_st:25657-HuGene_st:640259-HuGene_st:184414-HuGene_st:336659-HuGene_st:1008406-HuGene_st:1044209-HuGene_st:519020-HuGene_st:427467-HuGene_st:669553-HuGene_st:722843-HuGene_st:126162-HuGene_st:654578-HuGene_st:146515-HuGene_st:1100721-HuGene_st:823307-HuGene_st:899494-HuGene_st:952685-HuGene_st:215118_s_at:235399-HuGene_st:802521-HuGene_st:126175-HuGene_st:910847-HuGene_st:212827_at:722700-HuGene_st:173623-HuGene_st:1042953-HuGene_st:38807-HuGene_st:408026-HuGene_st	3,25E-12	2,3285	1,73	87,8	80,4-93
ZCWPW2	1001583-HuGene_st:162285-HuGene_st:1061429-HuGene_st:359832-HuGene_st:60182-HuGene_st:1002550-HuGene_st:311771-HuGene_st:790352-HuGene_st:977059-HuGene_st:587401-HuGene_st:343597-HuGene_st:25657-HuGene_st:640259-HuGene_st:184414-HuGene_st:336659-HuGene_st:1008406-HuGene_st:1044209-HuGene_st:519020-HuGene_st:427467-HuGene_st:669553-HuGene_st:722843-HuGene_st:126162-HuGene_st:654578-HuGene_st:146515-HuGene_st:1100721-HuGene_st:823307-HuGene_st:899494-HuGene_st:952685-HuGene_st:215118_s_at:235399-HuGene_st:802521-HuGene_st:126175-HuGene_st:910847-HuGene_st:212827_at:722700-HuGene_st:173623-HuGene_st:1042953-HuGene_st:38807-HuGene_st:408026-HuGene_st	3,25E-12	2,3264	1,73	87,8	80,4-93
IL8	1001583-HuGene_st:162285-HuGene_st:1061429-HuGene_st:359832-HuGene_st:60182-HuGene_st:1002550-HuGene_st:311771-HuGene_st:790352-HuGene_st:977059-HuGene_st:587401-HuGene_st:343597-HuGene_st:25657-HuGene_st:640259-HuGene_st:184414-HuGene_st:336659-HuGene_st:1008406-HuGene_st:1044209-	3,28E-12	2,3266	1,73	87,8	80,4-93

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:519020-HuGene_st:427467-HuGene_st:669553-HuGene_st:722843-HuGene_st:126162-HuGene_st:654578-HuGene_st:146515-HuGene_st:1100721-HuGene_st:823307-HuGene_st:899494-HuGene_st:952685-HuGene_st:215118_s_at:235399-HuGene_st:802521-HuGene_st:126175-HuGene_st:910847-HuGene_st:212827_at:722700-HuGene_st:173623-HuGene_st:1042953-HuGene_st:38807-HuGene_st:408026-HuGene_st					
IGHA1	1001583-HuGene_st:162285-HuGene_st:1061429-HuGene_st:359832-HuGene_st:60182-HuGene_st:1002550-HuGene_st:311771-HuGene_st:790352-HuGene_st:977059-HuGene_st:587401-HuGene_st:343597-HuGene_st:25657-HuGene_st:640259-HuGene_st:184414-HuGene_st:336659-HuGene_st:1008406-HuGene_st:235364_at:1044209-HuGene_st:519020-HuGene_st:427467-HuGene_st:669553-HuGene_st:722843-HuGene_st:208763_s_at:207001_x_at:126 162-HuGene_st:654578-HuGene_st:146515-HuGene_st:1100721-HuGene_st:823307-HuGene_st:899494-HuGene_st:952685-HuGene_st:215118_s_at:235399-HuGene_st:802521-HuGene_st:126175-HuGene_st:910847-HuGene_st:212827_at:722700-HuGene_st:173623-HuGene_st:1042953-HuGene_st:38807-HuGene_st:408026-HuGene_st	3,28E-12	2,3276	1,73	87,8	80,4-93
MGC14376	20793-HuGene_st:228915-HuGene_st:630688-HuGene_st:117325-HuGene_st:532108-HuGene_st:373670-HuGene_st:552164-HuGene_st:1004615-HuGene_st:527421-HuGene_st:880155-HuGene_st:10973-HuGene_st:395595-HuGene_st:312241-HuGene_st:644241-HuGene_st:214696_at:234825-HuGene_st:1002029-HuGene_st:1032648-HuGene_st	3,39E-12	2,1014	2,58	85,3	77,5-91,2
ETHE1	1008653-HuGene_st:507181-HuGene_st:435886-HuGene_st:296660-HuGene_st:764234-HuGene_st:918966-HuGene_st:1078682-HuGene_st:789091-HuGene_st:100698-HuGene_st:204034_at:301334-HuGene_st:869871-HuGene_st:841094-HuGene_st:612751-HuGene_st:43763-HuGene_st:853527-HuGene_st:593768-HuGene_st:52787-HuGene_st:555225-HuGene_st:1028299-HuGene_st	3,46E-12	2,2097	1,75	86,5	78,9-92,1
CES2	817786-HuGene_st:63720-HuGene_st:527565-HuGene_st:678893-HuGene_st:209668_x_at:825633-HuGene_st:336873-HuGene_st:409854-HuGene_st:213509_x_at:134988-HuGene_st:446296-HuGene_st:842160-	3,51E-12	2,0993	2,87	85,3	77,4-91,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:827636-HuGene_st:209667_at:882043-HuGene_st:279172-HuGene_st:1081267-HuGene_st:756682-HuGene_st:90632-HuGene_ st					
GPM6B	599862-HuGene_st:754598-HuGene_st:503642-HuGene_st:224935-HuGene_ _st:754449-HuGene_st:577489-HuGene_st:1073242-HuGene_st:560873-HuGene_st:1003662-HuGene_st:430217-HuGene_st:903323-HuGene_st:231962-HuGene_ _st:244945-HuGene_st:562460-HuGene_ st:583561-HuGene_st:209168_at	4,04E-12	2,1563	3,59	86	78,2-91,6
SYNPO2	800385-HuGene_st:938576-HuGene_st:54552-HuGene_st:946854-HuGene_st:278208-HuGene_st:170777-HuGene_st:796143-HuGene_st:544243-HuGene_st:469048-HuGene_st:364454-HuGene_st:400491-HuGene_st:22204-HuGene_st:315299-HuGene_st:526384-HuGene_st:841867-HuGene_st:244108_at:2158-HuGene_st:283531-HuGene_st:407855-HuGene_st:225721_at:225720_at:225895_at:225894_at:1017102-HuGene_st:227662_at:232119_at	5,07E-12	2,1029	6,43	85,3	77,5-91,2
GCG	1044997-HuGene_st:682227-HuGene_st:368693-HuGene_st:25836-HuGene_st:228935-HuGene_st:1030502-HuGene_st:12466-HuGene_st:1098133-HuGene_st:994392-HuGene_st:581476-HuGene_st:799068-HuGene_st:350795-HuGene_st:705389-HuGene_st:981135-HuGene_st:736837-HuGene_st:253854-HuGene_st:1032660-HuGene_st:273941-HuGene_st:206422_at:940866-HuGene_ st:514731-HuGene_st	5,58E-12	2,1165	12,56	85,5	77,7-91,3
MGP	696658-HuGene_st:618386-HuGene_st:202291_s_at:195765-HuGene_st:3486-HuGene_st:829319-HuGene_st:731815-HuGene_st:829950-HuGene_ st:601468-HuGene_st:366689-HuGene_st:460503-HuGene_st:712045-HuGene_st:545937-HuGene_st:148839-HuGene_st:704906-HuGene_st:612318-HuGene_st:708651-HuGene_st:722064-HuGene_st:846497-HuGene_st:1084237-HuGene_ st:854168-HuGene_st	6,11E-12	2,1428	4,68	85,8	78-91,5
PDE9A	779446-HuGene_st:768516-HuGene_st:609563-HuGene_st:387613-HuGene_st:594122-HuGene_st:774367-HuGene_st:221476-HuGene_st:140410-HuGene_st:812534-HuGene_st:581440-HuGene_st:205593_s_at:142832-HuGene_st:767027-HuGene_st:464973-HuGene_st:97182-HuGene_st:128487-HuGene_st:206471-HuGene_st:878522-	6,56E-12	2,145	3,91	85,8	78-91,5

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:237139_at:988884-HuGene_st:237283_at					
LRRC19	177641-HuGene_st:1070020-HuGene_st:1055140-HuGene_st:525999-HuGene_st:937256-HuGene_st:620791-HuGene_st:891251-HuGene_st:707559-HuGene_st:892056-HuGene_st:764919-HuGene_st:382143-HuGene_st:52584-HuGene_st:920414-HuGene_st:1028155-HuGene_st:755055-HuGene_st:678651-HuGene_st:1080156-HuGene_st:530282-HuGene_st:523877-HuGene_st:335198-HuGene_st:787709-HuGene_st:153175-HuGene_st:220376_at	6,75E-12	2,0763	4,51	85	77,1-91
HSD11B2	78582-HuGene_st:653519-HuGene_st:630341-HuGene_st:919091-HuGene_st:132633-HuGene_st:907106-HuGene_st:621993-HuGene_st:1089280-HuGene_ st:34729-HuGene_st:342165-HuGene_st:887157-HuGene_st:323862-HuGene_st:870050-HuGene_st:204130_at:635792-HuGene_st:606173-HuGene_st:867938-HuGene_st:113467-HuGene_st:806665-HuGene_ st	6,97E-12	2,0895	2,53	85,2	77,3-91,1
GNG2	1555766_a_at:224965_at:1011730-HuGene_st:77527-HuGene_st:669616-HuGene_st:223943_s_at:938512-HuGene_st:450519-HuGene_st:1025129-HuGene_st:30927-HuGene_st:382458-HuGene_st:330996-HuGene_st:545415-HuGene_st:774093-HuGene_st:758152-HuGene_st:176111-HuGene_st:743969-HuGene_ st	7,25E-12	2,1437	1,91	85,8	78-91,5
GCNT3	230376_at:254999-HuGene_st:476622-HuGene_st:219508_at:452671-HuGene_st:732602-HuGene_st:306264-HuGene_st:696871-HuGene_st:721027-HuGene_st:235453-HuGene_st:676136-HuGene_st:777254-HuGene_st:506598-HuGene_st:598423-HuGene_st:699538-HuGene_st:220940-HuGene_st:804174-HuGene_st:12527-HuGene_st:802770-HuGene_st:403287-HuGene_st:351721-HuGene_st:581784-HuGene_st:700724-HuGene_ st:398939-HuGene_st	8,39E-12	2,0861	3,94	85,2	77,2-91
UGT1A6	116025-HuGene_st:6488-HuGene_st:881135-HuGene_st:230953_at:221304_at:221305_s_at:511516-HuGene_st:594963-HuGene_st:396121-HuGene_st:123777-HuGene_st:1016481-HuGene_st:204532_x_at:683377-HuGene_st:1055169-HuGene_st:1035103-HuGene_st:1088102-HuGene_st:207126_x_at:42874-HuGene_st:215125_s_at:206094_x_at:208596_s_at:97211-HuGene_st:1009861-HuGene_st:603368-	1,32E-11	2,07	4,56	85	77-90,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:232654_s_at:625897-HuGene_st:998604-HuGene_st					
UGT1A8	116025-HuGene_st:6488-HuGene_st:881135-HuGene_st:230953_at:221304_at:221305_s_at:511516-HuGene_st:594963-HuGene_st:396121-HuGene_st:123777-HuGene_st:1016481-HuGene_st:204532_x_at:683377-HuGene_st:1055169-HuGene_st:1035103-HuGene_st:1088102-HuGene_st:207126_x_at:42874-HuGene_st:215125_s_at:206094_x_at:208596_s_at:97211-HuGene_st:1009861-HuGene__st:603368-HuGene_st:232654_s_at:625897-HuGene_ st:998604-HuGene_st	1,32E-11	2,0687	4,56	85	77-90,9
UGT1A1	116025-HuGene_st:6488-HuGene_st:881135-HuGene_st:230953_at:221304_at:221305_s_at:511516-HuGene_st:594963-HuGene_st:396121-HuGene_st:123777-HuGene_st:1016481-HuGene_st:204532_x_at:683377-HuGene_st:1055169-HuGene_st:1035103-HuGene_st:1088102-HuGene_st:207126_x_at:42874-HuGene_st:215125_s_at:206094_x_at:208596_s_at:97211-HuGene_st:1009861-HuGene_st:603368-HuGene_st:232654_s_at:625897-HuGene_st:998604-HuGene_st	1,32E-11	2,0661	4,56	84,9	77-90,8
UGT1A3	116025-HuGene_st:6488-HuGene_st:881135-HuGene_st:230953_at:221304_at:221305_s_at:511516-HuGene_st:594963-HuGene_st:396121-HuGene_st:123777-HuGene_st:1016481-HuGene_st:204532_x_at:683377-HuGene_st:1055169-HuGene_st:1035103-HuGene_st:1088102-HuGene_st:207126_x_at:42874-HuGene_st:215125_s_at:206094_x_at:208596_s_at:97211-HuGene_st:1009861-HuGene_st:603368-HuGene_st:232654_s_at:625897-HuGene_st:998604-HuGene_st	1,32E-11	2,07	4,56	85	77-90,9
UGT1A9	116025-HuGene_st:6488-HuGene_st:881135-HuGene_st:230953_at:221304_at:221305_s_at:511516-HuGene_st:594963-HuGene_st:396121-HuGene_st:123777-HuGene_st:1016481-HuGene_st:204532_x_at:683377-HuGene_st:1055169-HuGene_st:1035103-HuGene_st:1088102-HuGene_st:207126_x_at:42874-HuGene_st:215125_s_at:206094_x_at:208596_s_at:97211-HuGene_st:1009861-HuGene_st:603368-	1,32E-11	2,0667	4,56	84,9	77-90,8

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:232654_s_at:625897-HuGene_ st:998604-HuGene_st					
PADI2	391522-HuGene_st:918392-HuGene_st:10163-HuGene_st:399093-HuGene_st:704572-HuGene_st:1554385_a_at:366338-HuGene_st:440876-HuGene_st:1075540-HuGene_st:963259-HuGene_st:994995-HuGene_st:315189-HuGene_st:272079-HuGene_st:243230-HuGene_st:96325-HuGene_st:793116-HuGene-st:362093-HuGene_st:390381-HuGene_st:690679-HuGene_st:209791_at:173109-HuGene_ st:339627-HuGene_st:1554384_at	1,46E-11	2,0234	3,98	84,4	76,4-90,5
CD177	993284-HuGene_st:444696-HuGene_st:79609-HuGene_st:969709-HuGene_st:369998-HuGene_st:219669_at:572266-HuGene_st:536281-HuGene_st:90319-HuGene_st:699790-HuGene_st:531312-HuGene_st:707358-HuGene_st:180891-HuGene_st:426820-HuGene_st:1006900-HuGene_st:638144-HuGene_st:232715-HuGene_st:134551-HuGene_st:609683-HuGene_st	1,49E-11	2,0611	5,77	84,9	76,9-90,8
FHL1	72610-HuGene_st:539308-HuGene_st:951657-HuGene_st:902973-HuGene_st:1001828-HuGene_st:286356-HuGene_st:899294-HuGene_st:25935-HuGene_st:214505_s_at:210298_x_at:210299_s_at:602362-HuGene_st:1055343-HuGene_st:201680-HuGene_st:319870-HuGene_st:21197-HuGene_st:36473-HuGene_st:689087-HuGene_st:528922-HuGene_st:201539_s_at:1022628-HuGene_st:201540_at:437953-HuGene_st:746514-HuGene_st:829623-HuGene_st	1,63E-11	2,0432	3,25	84,7	76,7-90,6
CEACAM1	209498_at:206576_s_at:211889_x_at:864 113-HuGene_st:14136-HuGene_st:361816-HuGene_st:959455-HuGene_st:428485-HuGene_st:747162-HuGene_st:647202-HuGene_st:472587-HuGene_st:344791-HuGene_st:508072-HuGene_st:762013-HuGene_st:546799-HuGene_st:213733-HuGene_st:652484-HuGene_st:872278-HuGene_st:211883_x_at:309256-HuGene_st:699246-HuGene_st:698844-HuGene_st:677813-HuGene_st:26592-HuGene_st:210610_at:276021-HuGene_st:873164-HuGene_st	2,66E-11	2,0448	2,85	84,7	76,7-90,6
FBLN1	546550-HuGene_st:562183-HuGene_st:202995_s_at:507438-HuGene_st:361582-HuGene_st:134034-HuGene_st:804953-HuGene_st:122878-HuGene_st:331523-HuGene_st:1089938-HuGene_st:453797-HuGene_st:106596-HuGene_st:862139-HuGene_st:972691-	2,82E-11	2,0164	3,55	84,3	76,3-90,4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:201787_at:687992-HuGene_st:478818-HuGene_st:991293-HuGene_st:328594-HuGene_st:844984-HuGene_st:202994_s_at:675821-HuGene_st:207835_at:55816-HuGene_st					
SEPP1	803943-HuGene_st:717194-HuGene_st:113867-HuGene_st:286524-HuGene_st:228585-HuGene_st:824292-HuGene_st:754251-HuGene_st:150171-HuGene_st:904197-HuGene_st:116381-HuGene_st:267171-HuGene_st:8541 08-HuGene_st:201427_s_at:231669_at:32788 4-HuGene_st:136636-HuGene_st:164967-HuGene_st:1037558-HuGene_st:26213-HuGene_st:456616-HuGene_st:1000147-HuGene_st:748769-HuGene_st:658219-HuGene_st:242519_at:229620_at:237475_ x_at	2,83E-11	2,0327	4,15	84,5	76,6-90,6
TBC1D9	237091_at:730535-HuGene_st:659317-HuGene_st:68121-HuGene_st:899166-HuGene_st:785719-HuGene_st:138865-HuGene_st:953028-HuGene_st:20928-HuGene_st:969812-HuGene_st:591384-HuGene_st:953516-HuGene_st:643103-HuGene_st:821110-HuGene_st:988068-HuGene_st:623144-HuGene_st:381615-HuGene_ st:708956-HuGene_st:212956_at	3,89E-11	2,1454	1,54	85,8	78-91,5
CA12	89078-HuGene_st:363685-HuGene_st:814108-HuGene_st:125567-HuGene_st:226479-HuGene_st:495486-HuGene_st:692924-HuGene_st:203963_at:65565-HuGene_st:963408-HuGene_st:1017708-HuGene_st:210735_s_at:1009602-HuGene_st:875965-HuGene_st:215867_x_at:749017-HuGene_st:638145-HuGene_st:204508_s_at:214164_x_at:104 9350-HuGene_st:189118-HuGene_st:698714-HuGene_st:1013062-HuGene_st:280470-HuGene_st:439438-HuGene_st:1049334-HuGene_st:204509_at:233388_at	4,32E-11	2,0009	2,65	84,1	76-90,3
DMD	945600-HuGene_st:12596-HuGene_st:434657-HuGene_st:676962-HuGene_st:1020969-HuGene_st:170680-HuGene_st:855670-HuGene_st:909848-HuGene_st:134644-HuGene_st:887814-HuGene_st:649184-HuGene_st:110990-HuGene_st:914217-HuGene_st:961622-HuGene_st:514011-HuGene_st:842792-HuGene_st:445483-HuGene_st:208086_s_at:987362-HuGene_ st:997308-HuGene_st	5,01E-11	2,0152	4,74	84,3	76,3-90,3
SMPDL3A	734740-HuGene_st:406928-HuGene_st:871227-HuGene_st:30922-HuGene_st:771860-HuGene_st:376657-HuGene_st:539013-HuGene_st:900092-HuGene_st:253658-	5,84E-11	1,941	3,14	83,4	75,2-89,7

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:696711-HuGene_st:284449-HuGene_st:324159-HuGene_st:70962-HuGene_st:161952-HuGene_ st:873946-HuGene_st:588668-HuGene_st:681531-HuGene_st:195216-HuGene_st:213624_at:471149-HuGene_st:1562512_at					
HSPB6	438264-HuGene_st:771601-HuGene_st:17884-HuGene_st:587849-HuGene_st:923983-HuGene_st:214767_s_at:226304_at:76350 5-HuGene_st:835176-HuGene_st:868647-HuGene_st:511313-HuGene_st:848921-HuGene_st	6,16E-11	1,9492	6,88	83,5	75,4-89,8
AKR1B10	1017995-HuGene_st:244038-HuGene_st:943992-HuGene_st:690334-HuGene_st:486646-HuGene_st:234015-HuGene_st:599681-HuGene_ _st:206561_s_at:347314-HuGene_st:827689-HuGene_st:212880-HuGene_st:516961-HuGene_st:638468-HuGene_ st	7,91E-11	1,9484	5,17	83,5	75,3-89,7
UGDH	961600-HuGene_st:1046173-HuGene_st:509128-HuGene_st:428595-HuGene_st:363704-HuGene_st:519385-HuGene_st:319601-HuGene_st:653273-HuGene_st:121518-HuGene_st:786461-HuGene_st:470924-HuGene_st:530032-HuGene_st:810299-HuGene_st:954191-HuGene_st:203343_at:855306-HuGene_st:1075627-HuGene_st:184297-HuGene_st:775350-HuGene_st:170400-HuGene_st:374055-HuGene_st:186342-HuGene_st	8,72E-11	1,9628	2,4	83,7	75,5-89,9
FABP1	825235-HuGene_st:208491-HuGene_st:626063-HuGene_st:625600-HuGene_st:909598-HuGene_st:350768-HuGene_st:760377-HuGene_st:52477-HuGene_st:421055-HuGene_st:205892_s_at:231693_at:69993 2-HuGene_st:561606-HuGene_st:791463-HuGene_st:495764-HuGene_st:703121-HuGene_st:1025066-HuGene_st:392859-HuGene_st:902525-HuGene_st:81171-HuGene_st:1073289-HuGene_st:219434-HuGene_st:735424-HuGene_st:297976-HuGene_ st	9,02E-11	1,968	6,54	83,7	75,6-89,9
P2RY14	528057-HuGene_st:780310-HuGene_st:235178-HuGene_st:352954-HuGene_st:699489-HuGene_st:38001-HuGene_st:637791-HuGene_st:25606-HuGene_st:40647-HuGene_st:896487-HuGene_st:672149-HuGene_st:863820-HuGene_st:352427-HuGene_st:632821-HuGene_st:116148-HuGene_st:561792-HuGene_st:840910-HuGene_st:296420-HuGene_st:974643-HuGene_st:206637_at	1,31E-10	1,9821	2	83,9	75,8-90
TTRAP	369720-HuGene_st:914515-HuGene_st:43073-HuGene_st:85920-HuGene_st:278231-HuGene_st:345627-HuGene_st:358211-HuGene_st:331406-HuGene_st:748071-	1,59E-10	1,9196	2,2	83,1	74,9-89,4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:840774-HuGene_st:384150-HuGene_st:528293-HuGene_st:202266_at:784674-HuGene_st:370526-HuGene_st:1031392-HuGene_st:258400-HuGene_st:1084398-HuGene_st:223012-HuGene_st:1033688-HuGene_st:232744-HuGene_st					
MEP1A	854525-HuGene_st:233471-HuGene_st:521357-HuGene_st:398055-HuGene_st:479853-HuGene_st:686103-HuGene_st:711452-HuGene_st:984096-HuGene_st:1083396-HuGene_st:1058253-HuGene_st:951000-HuGene_st:984505-HuGene_st:390982-HuGene_st:289221-HuGene_st:1044210-HuGene_st:700879-HuGene_st:368627-HuGene_st:1081805-HuGene_st:206000_at:54151-HuGene_st:558849-HuGene_st:200136-HuGene_st:519266-HuGene_st	2,07E-10	1,9887	3,17	84	76-90,1
MYH11	628303-HuGene_st:20510-HuGene_st:77517-HuGene_st:847369-HuGene_st:396579-HuGene_st:751338-HuGene_st:56832-HuGene_st:227843_at:643005-HuGene_st:410559-HuGene_st:618203-HuGene_st:64921-HuGene_st:1083141-HuGene_st:724450-HuGene_st:755245-HuGene_st:947574-HuGene_st:201496_x_at:482335-HuGene_st:456670-HuGene_st:974777-HuGene_st:86441-HuGene_st:1066402-HuGene_st:289331-HuGene_st:888083-HuGene_st:201495_x_at:201497_x_at:207961_x_at:1568760_at:239307_at	2,15E-10	1,8602	5,35	82,4	74-88,8
MAOA	234534_at:353863-HuGene_st:1038534-HuGene_st:732300-HuGene_st:204389_at:204388_s_at:21167 0-HuGene_st:360481-HuGene_st:151427-HuGene_st:347487-HuGene_st:791116-HuGene_st:212741_at:1003275-HuGene_st:24543-HuGene_st:126920-HuGene_st:500217-HuGene_st:434659-HuGene_st:73861-HuGene_st:382884-HuGene_st:675946-HuGene_st:108162-HuGene_st:119160-HuGene_st	2,49E-10	2,0268	2,18	84,5	76,5-90,5
CLDN8	1018006-HuGene_st:190634-HuGene_st:590280-HuGene_st:186468-HuGene_st:954438-HuGene_st:428391-HuGene_st:480543-HuGene_st:944337-HuGene_st:179725-HuGene_st:508584-HuGene_st:1009114-HuGene_st:948216-HuGene_st:658285-HuGene_st:1022600-HuGene_st:737498-HuGene_st:470015-HuGene_st:103315-HuGene_st:699348-HuGene_st:89877-HuGene_st:56937-HuGene_st:862663-HuGene_st:504945-HuGene_st:214598_at	2,92E-10	1,8632	12,96	82,4	74-88,9
FUCA1	295335-HuGene_st:550769-HuGene_st:674252-HuGene_st:343732-HuGene_st:10170-HuGene_st:1012064-HuGene_st:296930-	4,24E-10	1,8845	2,03	82,7	74,4-89,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:179394-HuGene_st:587765-HuGene_st:229137_at: 142430-HuGene_st:801038-HuGene_st:447607-HuGene_st:66284-HuGene_st:937530-HuGene_st:884152-HuGene_st:674608-HuGene_st:202838_at:106313-HuGene_st:602308-HuGene_st:887004-HuGene_st:206251-HuGene_st:357516-HuGene_st					
FXYD6	138547-HuGene_st:814211-HuGene_st:185591-HuGene_st:992039-HuGene_st:549291-HuGene_st:921510-HuGene_st:163300-HuGene_st:4792-HuGene_st:369594-HuGene_st:209348-HuGene_st:1028937-HuGene_st:77232-HuGene_st:529384-HuGene_st:217897_at:877189-HuGene_st:973770-HuGene_st:1054980-HuGene_ st:240323_at:466048-HuGene_st	6,39E-10	1,8087	2,92	81,7	73,3-88,3
ARL14	220468_at:471121-HuGene_st:690873-HuGene_st:468858-HuGene_st:750196-HuGene_st:62407-HuGene_st:159605-HuGene_st:979866-HuGene_st:1032832-HuGene_st:446532-HuGene_st:861783-HuGene_st:116203-HuGene_st:991610-HuGene_st:515168-HuGene_st:1073679-HuGene_st:439428-HuGene_st:976681-HuGene_st:452044-HuGene_st:197209-HuGene_st:12441-HuGene_st	7,01E-10	1,8255	3,06	81,9	73,5-88,4
SLC20A1	335219-HuGene_st:230038-HuGene_st:1078924-HuGene_st:520074-HuGene_st:769870-HuGene_st:175687-HuGene_st:541149-HuGene_st:973433-HuGene_st:643658-HuGene_st:220784-HuGene_st:175599-HuGene_st:482373-HuGene_st:1003908-HuGene_st:337454-HuGene_st:655800-HuGene_st:321368-HuGene_st:230494_at:178021-HuGene_st:201920_at:448729-HuGene_st:896684-HuGene_st:363789-HuGene_st:130920-HuGene_st:786196-HuGene_st	7,65E-10	1,7854	4,04	81,4	72,9-88,1
MAB21L2	338297-HuGene_st:994188-HuGene_st:109548-HuGene_st:395419-HuGene_st:922092-HuGene_st:737843-HuGene_st:6731-HuGene_st:708698-HuGene_ st:352943-HuGene_st:485256-HuGene_st:1023066-HuGene_st:825747-HuGene_st:210303_at:309088-HuGene_st: 1031483-HuGene_st:441727-HuGene_st:751700-HuGene_st:974270-HuGene_st:210302_s_at:254681-HuGene _st:982880-HuGene_st	1,05E-09	1,7739	5,2	81,2	72,7-87,9
TSPAN1	833585-HuGene_st:209114_at:664359-HuGene_st:307816-HuGene_st:111939-HuGene_st:39185-HuGene_st:496300-HuGene_st:1038310-HuGene_st:401084-HuGene_st:632040-HuGene_st:1076526-HuGene_st:488552-HuGene_st:35199-HuGene_st:611793-HuGene_st:1007567-	1,16E-09	1,7875	2,16	81,4	73-88,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:305523-HuGene_st:1033895-HuGene_st:145680-HuGene_st:812712-HuGene_st:929225-HuGene_st:641156-HuGene_st:116814-HuGene_st					
KLF4	310345-HuGene_st:421025-HuGene_st:853068-HuGene_st:1040228-HuGene_st:1040166-HuGene_st:549197-HuGene_st:257340-HuGene_st:95161-HuGene_st:166058-HuGene_st:749339-HuGene_st:212619-HuGene_st:220266_s_at:1078952-HuGene_st:289946-HuGene_st:824845-HuGene_st:965293-HuGene_st:467978-HuGene_st:287320-HuGene_st:334405-HuGene_st:234619-HuGene_st:221841_s_at:145954-HuGene_st:733888-HuGene_st	1,19E-09	1,8535	2,27	82,3	74-88,8
CRYAB	581894-HuGene_st:42986-HuGene_st:626903-HuGene_st:612490-HuGene_st:1017597-HuGene_st:473983-HuGene_st:380047-HuGene_st:25982-HuGene_st:298978-HuGene_st:485492-HuGene_st:413012-HuGene_st:944836-HuGene_st:209283_at:615857-HuGene_st:303036-HuGene_st:592729-HuGene_st:349645-HuGene_st:226566-HuGene_st:215779-HuGene_st:702453-HuGene_st:95542-HuGene_st:697816-HuGene_ st	1,47E-09	1,768	3,91	81,2	72,7-87,9
C15orf48	661133-HuGene_st:240581-HuGene_st:302164-HuGene_st:262469-HuGene_st:512593-HuGene_st:122711-HuGene_st:269066-HuGene_st:246950-HuGene_st:483493-HuGene_st:352750-HuGene_st:645087-HuGene_st:775549-HuGene_st:223484_at:521885-HuGene_st:1004430-HuGene_st:885617-HuGene_st:166185-HuGene_st:752633-HuGene_st:1056973-HuGene_st:60479-HuGene_ st	1,54E-09	1,8166	3,07	81,8	73,5-88,4
ACAT1	205412_at:877718-HuGene_st:697995-HuGene_st:244911-HuGene_st:705306-HuGene_st:110401-HuGene_st:31594-HuGene_st:19333-HuGene_st:499096-HuGene_st:942019-HuGene_st:618952-HuGene_st:933332-HuGene_st:715946-HuGene_st:676239-HuGene_st:172044-HuGene_st:828361-HuGene_st:321829-HuGene_st:897946-HuGene_st:331003-HuGene_st:1559239_s_at:814756-HuGene_st	1,70E-09	1,8589	1,77	82,4	74-88,8
ANPEP	42832-HuGene_st:567567-HuGene_st:992744-HuGene_st:524001-HuGene_st:229640-HuGene_st:372330-HuGene_st:842255-HuGene_st:42234-HuGene_st:640878-HuGene_st:702098-HuGene_st:917110-HuGene_st:25968-HuGene_st:850385-HuGene_st:503143-HuGene_st:202888_s_at:429651-HuGene_st:409574-HuGene_st:60717-	2,04E-09	1,7687	8,18	81,2	72,7-87,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:998436-HuGene_st:618326-HuGene_st:1067290-HuGene_st:333846-HuGene_st					
FGL2	884418-HuGene_st:249194-HuGene_st:463016-HuGene_st:194197-HuGene_st:789123-HuGene_st:998752-HuGene_st:596140-HuGene_st:896312-HuGene_st:762195-HuGene_st:909927-HuGene_st:686836-HuGene_st:381278-HuGene_st:463952-HuGene_st:757331-HuGene_st:206261-HuGene_st:706108-HuGene_st:202575-HuGene_st:148017-HuGene_st: 199906-HuGene_st:707754-HuGene_st:204834_at	2,64E-09	1,8254	2,07	81,9	73,5-88,5
PPID	204185_x_at:204186_s_at	3,34E-09	1,8025	1,73	81,6	73,2-88,2
ITM2C	83688-HuGene_st:398134-HuGene_st:972817-HuGene_st:698719-HuGene_st:369206-HuGene_st:377066-HuGene_st:23436-HuGene_st:593996-HuGene_st:987556-HuGene_st:221004_s_at:465490-HuGene_st:776424-HuGene_st:1052550-HuGene_st:344231-HuGene_st:1039973-HuGene_st:127312-HuGene_st:577346-HuGene_st:394326-HuGene_st:848902-HuGene_st	3,87E-09	1,7063	2,22	80,3	71,7-87,2
SST	477599-HuGene_st:1101191-HuGene_st:474819-HuGene_st:144116-HuGene_st:76078-HuGene_st:698582-HuGene_st:600708-HuGene_st:98570-HuGene_st:4754-HuGene_st:675107-HuGene_st:213921_at:115911-HuGene_st:235647-HuGene_st:131210-HuGene_st:502176-HuGene_st:63243-HuGene_st	4,16E-09	1,7627	6,14	81,1	72,6-87,8
PRIMA1	1084922-HuGene_st:1008125-HuGene_st:22062-HuGene_st:182482-HuGene_st:225291-HuGene_st:566243-HuGene_st:50975-HuGene_st:230087_at:787213-HuGene_st:661160-HuGene_st:256004-HuGene_st:6276-HuGene_st:44738-HuGene_st	4,74E-09	1,7053	2,75	80,3	71,7-87,1
EFEMP1	201842_s_at:1073952-HuGene_st:228421_s_at:520435-HuGene_st:551581-HuGene_st:909695-HuGene_st:539520-HuGene_st:719105-HuGene_st:1046788-HuGene_st:728978-HuGene_st:956186-HuGene_st:89258-HuGene_st:155486-HuGene_st:986491-HuGene_st:207603-HuGene_st:243191-HuGene_st:842290-HuGene_st:757697-HuGene_st:784694-HuGene_st:132382-HuGene_st	5,80E-09	1,8208	1,69	81,9	73,4-88,4
ADAMTS1	432578-HuGene_st:139364-HuGene_st:423315-HuGene_st:578666-HuGene_st:419311-HuGene_st:928538-HuGene_st:344696-HuGene_st:617885-HuGene_st:136304-HuGene_st:75724-HuGene_st:412640-HuGene_st:368117-HuGene_st:97806-	6,42E-09	1,7467	2,37	80,9	72,4-87,6

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:641285-HuGene_st:222486_s_at:711563-HuGene_st:1006281-HuGene_st:222162_s_at:32418-HuGene_st					
AKAP12	212419-HuGene_st:231067_s_at:379659-HuGene_st:1010338-HuGene_st:1075094-HuGene_st:42401-HuGene_st:522584-HuGene_st:480972-HuGene_st:948623-HuGene_st:701945-HuGene_st:276784-HuGene_st:64858-HuGene_st:210517_s_at:874382-HuGene_st:909976-HuGene_st:182037-HuGene_st:417182-HuGene_st:722881-HuGene_st	7,41E-09	1,744	2,83	80,8	72,2-87,5
COL14A1	216866_s_at:309808-HuGene_st:532905-HuGene_st:938881-HuGene_st:184937-HuGene_st:332362-HuGene_st:431855-HuGene_st:295715-HuGene_st:813208-HuGene_st:216865_at:426456-HuGene_st:212865_s_at:513900-HuGene_st:1054393-HuGene_st:947013-HuGene_st:966609-HuGene_st:929330-HuGene_st:283165-HuGene_st:67940-HuGene_st:655615-HuGene_st:236228-HuGene_ st	7,60E-09	1,7817	1,67	81,3	72,9-88
UGT2A3	149647-HuGene_st:860083-HuGene_st:922544-HuGene_st:244206-HuGene_st:503323-HuGene_st:353576-HuGene_st:603619-HuGene_st:787458-HuGene_st:219796-HuGene_st:333564-HuGene_st:257402-HuGene_st:366699-HuGene_st:461685-HuGene_st:891681-HuGene_st:644952-HuGene_st:621618-HuGene_st:737617-HuGene_st:88682-HuGene_st:529761-HuGene_st:895203-HuGene_st:658594-HuGene_st:455115-HuGene_st	8,64E-09	1,7414	4,89	80,8	72,2-87,5
PTGIS	162553-HuGene_st:277727-HuGene_st:426160-HuGene_st:49754-HuGene_st:491989-HuGene_st:846155-HuGene_st:214744-HuGene_st:81045-HuGene_st:757700-HuGene_st:713439-HuGene_st:765856-HuGene_st:211892_s_at:424645-HuGene_st:805861-HuGene_st:16678-HuGene_st:49009-HuGene_st:210702_s_at:33677-HuGene_st:757535-HuGene_st:1065183-HuGene_st:949066-HuGene_st	9,15E-09	1,7213	3,98	80,5	72-87,3
BEST2	242542-HuGene_st:368041-HuGene_st:316182-HuGene_st:417689-HuGene_st:953359-HuGene_st:196857-HuGene_st:2545-HuGene_st:207432_at:371039-HuGene_st:105864-HuGene_st:946835-HuGene_st:371107-HuGene_st:170027-HuGene_st:238631-HuGene_st:515622-HuGene_st:886418-HuGene_st:396311-HuGene_st:735639-HuGene_st:947978-HuGene_st:882286-HuGene_st:894968-HuGene_st	9,19E-09	1,7181	3,63	80,5	71,9-87,3

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
MS4A4A	651445-HuGene_st:308636-HuGene_st:174209-HuGene_st:486453-HuGene_st:219607_s_at:1041327-HuGene_st:84116-HuGene_st:161192-HuGene_st:491070-HuGene_st:1555728_a_at:142937-HuGene_st:581150-HuGene_st:579786-HuGene_st:588041-HuGene_st:224357_s_at:886807-HuGene_st:122093-HuGene_st	9,59E-09	1,8179	1,55	81,8	73,4-88,4
SGCE	976641-HuGene_st:204688_at:241763-HuGene_st:83484-HuGene_st:281261-HuGene_st:324304-HuGene_st:683152-HuGene_st:850448-HuGene_st:254097-HuGene_st:992961-HuGene_st:69099-HuGene_st:781384-HuGene_st:899200-HuGene_st:974761-HuGene_st:417302-HuGene_st:211350-HuGene_st:198065-HuGene_ st	1,02E-08	1,7444	2,03	80,8	72,3-87,6
TPSB2	207134_x_at:207741_x_at	1,24E-08	1,3708	1,87	75,3	66,3-83
COL6A2	919359-HuGene_st:40510-HuGene_st:375216-HuGene_st:1086501-HuGene_st:160736-HuGene_st:602554-HuGene_st:148827-HuGene_st:794188-HuGene_st:213290_at:536399-HuGene_st:501950-HuGene_st:404866-HuGene_st:209156_s_at:813295-HuGene_st	1,30E-08	1,6771	2,08	79,9	71,2-86,8
PRKACB	202741_at:795011-HuGene_st:360410-HuGene_st:970814-HuGene_st:70528-HuGene_st:1042799-HuGene_st:202742_s_at:964845-HuGene_st:563484-HuGene_st:142353-HuGene_st:597859-HuGene_st:660092-HuGene_st:948901-HuGene_st:301751-HuGene_st:294241-HuGene_st:694446-HuGene_st:309819-HuGene_st:668357-HuGene_ st:589422-HuGene_st	1,30E-08	1,7234	2,18	80,6	72-87,3
SPARCL1	246509-HuGene_st:300147-HuGene_st:525246-HuGene_st:380181-HuGene_st:257526-HuGene_st:585652-HuGene_st:733855-HuGene_st:517768-HuGene_st:853991-HuGene_st:854537-HuGene_st:1023002-HuGene_st:55936-HuGene_st:371227-HuGene_st:782475-HuGene_st:670571-HuGene_st:1026998-HuGene_st:894310-HuGene_st:948826-HuGene_st:302303-HuGene_st:151789-HuGene_st:905519-HuGene_ st:200795_at:602848-HuGene_st	1,33E-08	1,634	2,85	79,3	70,5-86,3
PBLD	1003993-HuGene_st:308979-HuGene_st:622498-HuGene_st:840594-HuGene_st:84006-HuGene_st:636001-HuGene_st:529256-HuGene_st:651369-HuGene_st:379972-HuGene_st:492235-HuGene_st:584905-HuGene_st:222771-HuGene_st:383791-	1,38E-08	1,6983	2,74	80,2	71,5-87

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:1016249-HuGene_st:819013-HuGene_st:1555175_a_at:115400-HuGene_st:969544-HuGene_st:949581-HuGene_st:897360-HuGene_ st:219543_at:548506-HuGene_st					
PDK4	806272-HuGene_st:44901-HuGene_st:272445-HuGene_st:650209-HuGene_st:796256-HuGene_st:342230-HuGene_st:648024-HuGene_st:205960_at:25700-HuGene_st:152414-HuGene_st:360382-HuGene_st:471160-HuGene_st:219862-HuGene_st:584279-HuGene_st:225207_at:498670-HuGene_st:405050-HuGene_st:546964-HuGene_st:735039-HuGene_st:1562321_at:348010-HuGene_st:1073661-HuGene_st:578954-HuGene_st:966364-HuGene_st:115766-HuGene_st	1,45E-08	1,7059	3,02	80,3	71,8-87,1
DES	680953-HuGene_st:710186-HuGene_st:224168-HuGene_st:720121-HuGene_st:632911-HuGene_st:14146-HuGene _st:472740-HuGene_st:452392-HuGene_st:70983-HuGene_st:626407-HuGene_st:330060-HuGene_st:678707-HuGene_st:202222_s_at:830447-HuGene_ st:466888-HuGene_st:832644-HuGene_st:190691-HuGene_st:1043063-HuGene_ st:476251-HuGene_st:856127-HuGene_st:680072-HuGene_st:1053701-HuGene_ st:490364-HuGene_st:954860-HuGene_st:7755-HuGene_st:856708-HuGene_st:272796-HuGene_st:377421-HuGene_st:214027_x_at:458352-HuGene_st:104906-HuGene_st:276614-HuGene_ st	1,47E-08	1,7257	6,66	80,6	72-87,4
MMP28	578497-HuGene_st:31358-HuGene_st:283053-HuGene_st:152786-HuGene_st:519390-HuGene_st:239273_s_at:599795-HuGene_st:800954-HuGene_st:219909_at:190189-HuGene_st:222937_s_at:1084226-HuGene_st:315451-HuGene_st:100436-HuGene_st:794275-HuGene_st:256212-HuGene_st:8583-HuGene_st:987411-HuGene_st:239272_at:224207_x_at:21241 8-HuGene_st:319017-HuGene_st:604727-HuGene _st	1,80E-08	1,663	2,47	79,7	71,1-86,7
CYBRD1	580256-HuGene_st:931026-HuGene_st:412808-HuGene_st:138769-HuGene_st:199471-HuGene_st:675528-HuGene_st:217889_s_at:570877-HuGene_st:438204-HuGene_st:836676-HuGene_st:251906-HuGene_st:71842-HuGene_st:140118-HuGene_st:266609-HuGene_st:132102-HuGene_st:774519-HuGene_st:1068423-HuGene_st:995512-HuGene_st:298248-HuGene_st:1099283-HuGene_st:222189-HuGene_ st:222453_at:232459_at	1,84E-08	1,6939	2,7	80,1	71,6-87

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
IL6ST	1054392-HuGene_st:234474_x_at:953995-HuGene_st:234967_at:48974-HuGene_st:325364-HuGene_st:32344-HuGene_st:821422-HuGene_st:298043-HuGene_st:606460-HuGene_st:1074930-HuGene_st:44790-HuGene_st:204864_s_at:1059165-HuGene_st:288593-HuGene_st:39514-HuGene_st:204863_s_at:175414-HuGene_st:293958-HuGene_st:212196_at:148922-HuGene_st:211000_s_at:648367-HuGene_st:240067-HuGene_st:212195_at:822552-HuGene_ st:523608-HuGene_st:474929-HuGene st	1,87E-08	1,7642	1,58	81,1	72,6-87,8
FABP4	547124-HuGene_st:96292-HuGene_st:545014-HuGene_st:22370-HuGene_st:138079-HuGene_st:1064936-HuGene_st:804933-HuGene_st:1087992-HuGene_st:20784-HuGene_st:671128-HuGene_st:328798-HuGene_st:594739-HuGene_st:1047009-HuGene_st:825613-HuGene_st:637074-HuGene_st:759940-HuGene_st:754024-HuGene_st:88372-HuGene_st	2,01E-08	1,6776	5,55	79,9	71,2-86,8
CALM1	196751-HuGene_st:1094382-HuGene_st:211985_s_at:445194-HuGene_st:211984_at:213688_at:213710_ s_at:444099-HuGene_st:708994-HuGene_st:418220-HuGene_st:241614_at:96889-HuGene_st:50211-HuGene_st:200653_s_at:767359-HuGene_st:200655_s_at:616208-HuGene_st:1019255-HuGene_st:209563_x_at:715468-HuGene_st:18183-HuGene_st:544779-HuGene_st:239705-HuGene_st:1084911-HuGene_st:98189-HuGene_st	2,12E-08	1,6819	1,72	80	71,3-86,9
TNS1	766751-HuGene_st:503077-HuGene_st:455229-HuGene_st:905238-HuGene_st:129966-HuGene_st:750627-HuGene_st:989199-HuGene_st:61598-HuGene_st:671515-HuGene_st:129638-HuGene_st:1088728-HuGene_st:693249-HuGene_st:418601-HuGene_st:168879-HuGene_st:220476-HuGene_st:23579-HuGene_st:731710-HuGene_st:476750-HuGene_st:295235-HuGene_st:218863_s_at:665955-HuGene_st:221747_at:105442-HuGene_st:676236-HuGene_st:124848-HuGene_st:474353-HuGene_st:218864_at:925862-HuGene_st:279934-HuGene_st:1008295-HuGene_st:221246_x_at:384388-HuGene_st:522313-HuGene_st:754212-HuGene_st:221748_s_at:420410-HuGene_st:250619-HuGene_st	2,21E-08	1,7412	2,01	80,8	72,3-87,5
EMP1	201324_at:311769-HuGene_st:201325_s_at:506469-HuGene_st:861706-HuGene_st:46080-HuGene_st:236046-HuGene_st:548197-HuGene_st:100442-HuGene_st:1096474-HuGene_st:717809-HuGene_st:596930-	2,59E-08	1,7156	1,95	80,4	71,9-87,3

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:468199-HuGene_st:751888-HuGene_st:166375-HuGene_st:213895_at:871061-HuGene_st:164793-HuGene_st:509462-HuGene_st:182838-HuGene _st:1564796_at:446286-HuGene_st					
RDX	350620-HuGene_st:1005467-HuGene_st:284799-HuGene_st:78392-HuGene_st:923159-HuGene_st:204969_s_at:935366-HuGene_st:603982-HuGene_st:418137-HuGene_st:304555-HuGene_st:174237-HuGene_st:140908-HuGene_st:1034349-HuGene_st:212398_at:977130-HuGene_st:6485-HuGene_st	3,06E-08	1,7426	1,9	80,8	72,2-87,6
CFD	396618-HuGene_st:672277-HuGene_st:290815-HuGene_st:304988-HuGene_st:580394-HuGene_st:605542-HuGene_st:698498-HuGene_st:580177-HuGene_st:633095-HuGene_st:35339-HuGene_st:530155-HuGene_st:584306-HuGene_st:205382_s_at:915940-HuGene_st:859510-HuGene_st:978939-HuGene_st:59414-HuGene_st:557142-HuGene_ st:104453-HuGene_st	3,06E-08	1,6465	2,81	79,5	70,8-86,4
GPNMB	201141_at:25823-HuGene_st:926046-HuGene_st:724736-HuGene_st:591503-HuGene_st:660677-HuGene_st:701912-HuGene_st:267933-HuGene_st:799615-HuGene_st:569803-HuGene_st:979125-HuGene_st:38037-HuGene_st:89805-HuGene_st:335128-HuGene_st:131027-HuGene_st:908272-HuGene_st:950837-HuGene_st:39441-HuGene_st:1056618-HuGene_ st:860466-HuGene_st	3,11E-08	1,6924	1,99	80,1	71,5-87
TPSAB1	350712-HuGene_st:134899-HuGene_st:122333-HuGene_st:1098415-HuGene_st:665622-HuGene_st:701849-HuGene_st:535697-HuGene_st:163189-HuGene_st:744603-HuGene_st:153098-HuGene_st:216485_s_at:216474_x_at:205 683_x_at:416078-HuGene_st:162760-HuGene_st:217023_x_at:520284-HuGene_st:215382_x_at:210084_x_at:567 472-HuGene_st:519234-HuGene_st:154829-HuGene_st:247406-HuGene_st:331572-HuGene_st:264147-HuGene_st:462114-HuGene_st:880961-HuGene_ st:705156-HuGene_st	3,52E-08	1,7066	1,93	80,3	71,7-87,2
PPP1R14A	374630-HuGene_st:551938-HuGene_st:783588-HuGene_st:44913-HuGene_st:966135-HuGene_st:227006_at:537429-HuGene_st:815370-HuGene_st:1040980-HuGene_ st:76662-HuGene_st	3,54E-08	1,6167	2,51	79,1	70,3-86,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
LOC2530 1 2	873053-HuGene_st:945097-HuGene_st:896826-HuGene_st:363568-HuGene_st:162938-HuGene_st:441915-HuGene_st:1070854-HuGene_st:463072-HuGene_st:199784-HuGene_st:304834-HuGene_st:381523-HuGene_st:568837 - HuGene_st:39629-HuGene_st:1026726-HuGene_st:1014415-HuGene_st:51876-HuGene_st:749900-HuGene_st:804632-HuGene_st	3,59E-08	1,6527	4,46	79,6	70,9-86,5
DMN	207872-HuGene_st:407332-HuGene_st:828944-HuGene_st:469719-HuGene_st:166409-HuGene_st:430636-HuGene_st:87850-HuGene_st:1061724-HuGene_st:1040362-HuGene_st:336607-HuGene_st:799683-HuGene_st:504888-HuGene_st:212730_at:872910-HuGene_st:861909-HuGene_st:406723-HuGene_st:530704-HuGene_st:214304_x_at	4,36E-08	1,6041	4,05	78,9	70-86
MPEG1	226818_at:918920-HuGene_st:283447-HuGene_st:449729-HuGene_st:301732-HuGene_st:915566-HuGene_st:854136-HuGene_st:226841_at:477225-HuGene_st: 1084905-HuGene_st:104883-HuGene_st:342839-HuGene_st:863106-HuGene_st:504453-HuGene_st:44663-HuGene_st:607415-HuGene_st:968224-HuGene_st:990725-HuGene_st:735251-HuGene_ st	4,58E-08	1,6464	1,86	79,5	70,8-86,4
IQGAP2	185028-HuGene_st: 763806-HuGene_st:88647-HuGene_st:93358-HuGene_st:393573-HuGene_st:743251-HuGene_st:1010599-HuGene_st:786301-HuGene_st:1066864-HuGene_st:231977-HuGene_st:370908-HuGene_st:937713-HuGene_st:201743-HuGene_st:243728_at:899180-HuGene_st:981926-HuGene_st:897914-HuGene_st:1095716-HuGene_st:802231-HuGene_st:263364-HuGene_st:986453-HuGene_st:203474_at	5,06E-08	1,6277	2,51	79,2	70,5-86,2
LMOD1	611871-HuGene_st:53373-HuGene_st:380885-HuGene_st:958079-HuGene_st:986515-HuGene_st:173411-HuGene_st:616270-HuGene_st:517377-HuGene_st:433277-HuGene_st:287901-HuGene_st:1071756-HuGene_st:180631-HuGene_st:52042-HuGene_st:203766_s_at:732981-HuGene_st:211562_s_at:999216-HuGene_st:993253-HuGene_st:589530-HuGene_st:675886-HuGene_st:945700-HuGene_ st	5,55E-08	1,5812	2,97	78,5	69,8-85,6
PGM5	810480-HuGene_st:111685-HuGene_st:338926-HuGene_st:81611-HuGene_st:658883-HuGene_st:803066-HuGene_st:208491_s_at:956998-HuGene_st:1095193-HuGene_st:1066912-HuGene_st:1079743-HuGene_st:743259-HuGene_st:429274-HuGene_st:259184-	5,87E-08	1,6218	5,87	79,1	70,4-86,2

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:376761-HuGene_st:249074-HuGene_st:226303_at					
DDR2	857174-HuGene_st:297630-HuGene_st:198601-HuGene_st:951531-HuGene_st:341474-HuGene_st:1008685-HuGene_st:1000005-HuGene_st:712988-HuGene_st:263417-HuGene_st:511597-HuGene_st:348176-HuGene_st:928611-HuGene_st:318480-HuGene_st:801516-HuGene_st:849806-HuGene_st:510631-HuGene_st:225442_at:87448-HuGene_st:704299-HuGene_st:227561_at	5,89E-08	1,5612	2,61	78,2	69,5-85,4
PALM2-AKAP2	202759_s_at:202760_s_at	6,28E-08	1,613	2,17	79	70,3-86,1
AOC3	557248-HuGene_st:209280-HuGene_st:588332-HuGene_st:108003-HuGene_st:960783-HuGene_st:407777-HuGene_st:147438-HuGene_st:548345-HuGene_st:721301-HuGene_st:128882-HuGene_st:340215-HuGene_st:631235-HuGene_st:641187-HuGene_st:117366-HuGene_st:949088-HuGene_st:204894_s_at	6,43E-08	1,5565	2,92	78,2	69,3-85,4
PAPSS2	1040734-HuGene_st:893182-HuGene_st:355010-HuGene_st:808055-HuGene_st:449559-HuGene_st:203059_s_at:710965-HuGene_st:891049-HuGene_st:1050455-HuGene_st:59122-HuGene_st:203058_s_at:203060_s_at:968 581-HuGene_st:932781-HuGene_st:291649-HuGene_st:600968-HuGene_st:413041-HuGene_st:247101-HuGene_st:1087256-HuGene_st:237496_at: 15324-HuGene_st:675829-HuGene_st:771003-HuGene_st:343109-HuGene st	6,43E-08	1,6163	1,97	79	70,4-86,1
SDPR	878908-HuGene_st:781527-HuGene_st:331976-HuGene_st:238150-HuGene_st:306039-HuGene_st:535903-HuGene_st: 302361-HuGene_st:1005813-HuGene_st:71118-HuGene_st:992629-HuGene_st:218711_s_at:293110-HuGene_st:779040-HuGene_st:222717_at:970479-HuGene_ st:581654-HuGene_st	9,62E-08	1,6006	2,21	78,8	70-85,9
DUSP1	308761-HuGene_st:904724-HuGene_st:371253-HuGene_st:201041_s_at:918293-HuGene_st:636896-HuGene_st:793780-HuGene_st:714382-HuGene_st:83208-HuGene_st:504846-HuGene_st:1046152-HuGene_st:936429-HuGene_st:226578_s_at:367434-HuGene_st:676144-HuGene_st:57046-HuGene_st:466265-HuGene_st:775780-HuGene_st:747888-HuGene_st:554753-	1,06E-07	1,527	2,44	77,7	68,8-85

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:101136-HuGene_st:829116-HuGene_st:201044_x_at:571046-HuGene_ st					
PRKAR2B	101664-HuGene_st:162600-HuGene_st:426444-HuGene_st:988677-HuGene_st:546073-HuGene_st:714756-HuGene_st:683742-HuGene_st:422832-HuGene_st:509601-HuGene_st:898244-HuGene_st:904472-HuGene_st:705909-HuGene_st:348626-HuGene_st:699010-HuGene_st:742973-HuGene_st:283465-HuGene_st:720328-HuGene_st:320328-HuGene_st:210153_s_at:688661-HuGene_st:478012-HuGene_st:373286-HuGene_st:484605-HuGene_st:989810-HuGene_st:280047-HuGene_st:473253-HuGene_st:630331-HuGene_st:1003297-HuGene_st:209397_at:203680_at	1,09E-07	1,677	2,1	79,9	71,2-86,9
CNTN3	267567-HuGene_st:782053-HuGene_st:550157-HuGene_st:541394-HuGene_st:989173-HuGene_st:15899-HuGene_st:78622-HuGene_st:339738-HuGene_st:585282-HuGene_st:661814-HuGene_st:360715-HuGene_st:695033-HuGene_st:483058-HuGene_st:555394-HuGene_st:315011-HuGene_st:905374-HuGene_st:1067212-HuGene_st:557263-HuGene_st:233502_at:811729-HuGene_ st:87414-HuGene_st	1,20E-07	1,6161	3,93	79	70,3-86,1
RAB27A	339168-HuGene_st:340479-HuGene_st:1057756-HuGene_st:99120-HuGene_st:301308-HuGene_st:309278-HuGene_st:641167-HuGene_st:900707-HuGene_st:961788-HuGene_st:210951_x_at:209515_s_at:924 247-HuGene_st:209514_s_at:2432-HuGene_st:405271-HuGene_st:758428-HuGene_st:235766_x_at:391537-HuGene_st:983411-HuGene_ st:222294_s_at	1,22E-07	1,5976	1,79	78,8	70-85,9
C6orf105	669403-HuGene_st:937383-HuGene_st:344202-HuGene_st:229070_at:1088682-HuGene_st:215100_at:287254-HuGene_st:34196-HuGene_st:701140-HuGene_st:461427-HuGene_st:1032543-HuGene_st:237434-HuGene_st:542250-HuGene_st:316541-HuGene_st:179382-HuGene_st:148807-HuGene_st:1029919-HuGene_st:58955-HuGene_st:48477-HuGene_st:869984-HuGene_st:667357-HuGene_st:697774-HuGene_st:164714-HuGene_st:105735-HuGene_st	1,38E-07	1,6043	2,13	78,9	70,1-85,9
MUC12	412725-HuGene_st: 1083259-HuGene_st:437412-HuGene_st:751451-HuGene_st:498196-HuGene_st:1087628-HuGene_st:214378-HuGene_st:61291-HuGene_st:661525-HuGene_st:678015-HuGene_st:468158-HuGene_st:991377-HuGene_st:280731-HuGene_st:790312-HuGene_st:770658-HuGene_st:56500-HuGene_st:181935-	1,53E-07	1,4566	4,89	76,7	67,7-84,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:1013137-HuGene_st:1557906_at:226654_at:155790 7_x_at:153751-HuGene_st:765891-HuGene_st:946487-HuGene_st:231814_at:42037-HuGene_st					
AXL	321003-HuGene_st:546377-HuGene_st:429002-HuGene_st:790260-HuGene_st:796222-HuGene_st:59559-HuGene_st:221741-HuGene_st:669140-HuGene_st:822162-HuGene_st:521036-HuGene_st:202685_s_at:501383-HuGene_st:883192-HuGene_st	1,59E-07	1,5776	1,71	78,5	69,7-85,6
IL1R2	377084-HuGene_st:278685-HuGene_st:472031-HuGene_st:792041-HuGene_st:1012886-HuGene_st:568945-HuGene_st:80054-HuGene_st:866918-HuGene_st:866883-HuGene_st:17623-HuGene_st:314768-HuGene_st:326744-HuGene_st:211372_s_at:888405-HuGene_st:205403_at:834475-HuGene_st:386354-HuGene_st:411355-HuGene_st:862981-HuGene_st:70227-HuGene_st	1,73E-07	1,5226	2,54	77,7	68,7-84,9
TSC22D3	235364_at:1044209-HuGene_st:519020-HuGene_st:427467-HuGene_st:669553-HuGene_st:722843-HuGene_st:208763_s_at:126162-HuGene_st:207001_x_at:654578-HuGene_st:146515-HuGene_st:1100721-HuGene_st:823307-HuGene_st:899494-HuGene_st:952685-HuGene_st:235399-HuGene_st:802521-HuGene_st:126175-HuGene_ st:722700-HuGene_st	1,85E-07	1,6337	3,1	79,3	70,6-86,3
GPA33	169349-HuGene_st:772424-HuGene_st:482659-HuGene_st:1053088-HuGene_st:221229-HuGene_st:205929_at:21623-HuGene_st:352510-HuGene_st:431411-HuGene_st:507225-HuGene_st:362352-HuGene_st:492326-HuGene_st:555302-HuGene_st:812966-HuGene_st:207883-HuGene_st:401745-HuGene_st:630242-HuGene_st:212295-HuGene_st:1097025-HuGene_st:157847-HuGene_st	1,86E-07	1,7041	1,61	80,3	71,7-87,2
IDH3A	202069_s_at:300578-HuGene_st:202070_s_at:342767-HuGene_st:8965-HuGene_st:1079553-HuGene_st:221816-HuGene_st:1042110-HuGene_st:647088-HuGene_st:670662-HuGene_st:53656-HuGene_st:572196-HuGene_st:607148-HuGene_st:463534-HuGene_st:784198-HuGene_st:859733-HuGene_st:221939-HuGene_st:606301-HuGene_st:546210-HuGene_st:475783-HuGene_st:1084692-HuGene_st:538386-HuGene_ st	2,08E-07	1,567	1,75	78,3	69,6-85,5

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
MATN2	902099-HuGene_st: 1065921-HuGene_st:452682-HuGene_st:1012649-HuGene_st:1019476-HuGene_st:88797-HuGene_st:986521-HuGene_st:181168-HuGene_st:102298-HuGene_st:757359-HuGene_st:859886-HuGene_st:540941-HuGene_st:202350_s_at:326901-HuGene_st:781583-HuGene_st:498255-HuGene_st:212041-HuGene_st	2,11E-07	1,5084	2,23	77,5	68,6-84,8
MT2A	723245-HuGene_st:71 0161-HuGene_st:133506-HuGene_st:90770-HuGene_st:309654-HuGene_st:194391-HuGene_st:692585-HuGene_st:117983-HuGene_st:858756-HuGene_st:123483-HuGene_st:296152-HuGene_st:217546_at:239766-HuGene_st:46711-HuGene_st:1057926-HuGene_st:611729-HuGene_st:1048755-HuGene_st:519540-HuGene_st:284543-HuGene_st:847898-HuGene_st:648660-HuGene_st:977125-HuGene_st:743580-HuGene_st:327541-HuGene_st:948505-HuGene_ st:6546-HuGene_st:84521-HuGene_st:907619-HuGene_st:939779-HuGene_st:561550-HuGene_st:76641-HuGene_st:1000258-HuGene_st:447330-HuGene_st:983649-HuGene_st:613324-HuGene_st:846448-HuGene_st:304444-HuGene_st:212859_x_at:40069-HuGene_st:212884-HuGene_st:575774-HuGene_st:427914-HuGene_st:56303-HuGene_st:213349-HuGene_st:721776-HuGene_st:212185_x_at:739002-HuGene_st:902404-HuGene_st:483985-HuGene_st:91794-HuGene_st:137880-HuGene_st:317864-HuGene_st:203291-HuGene_st:66799-HuGene_st:160991-HuGene_st:216336_x_at:310066-HuGene_st:1079767-HuGene_st:781831-HuGene_st:1095705-HuGene_st:534398-HuGene_st:467500-HuGene_st:491335-HuGene_st:66800-HuGene_st:485318-HuGene_st:90966-HuGene_st:365104-HuGene_st:79259-HuGene_st:495714-HuGene_st:1095744-HuGene_st:102946-HuGene_st:477858-HuGene_st:771030-HuGene_st:675707-HuGene_st:854293-HuGene_st:160013-HuGene_st:320514-HuGene_st:1047433-HuGene_st:890901-HuGene_st:230953-HuGene_st:749925-HuGene_st:19613-HuGene_st:166551-H uGene_st:574267-HuGene_st:623210-HuGene_st:1006466-HuGene_st:900368-HuGene_st:760559-HuGene_st:446223-HuGene_st:205427-HuGene_st:983813-HuGene_st:435034-HuGene_st:250747-HuGene_ st	2,49E-07	1,6459	2,41	79,5	70,8-86,5
MT1M	723245-HuGene_st:710161-HuGene_st:133506-HuGene_st:90770-HuGene_st:309654-HuGene_st:194391-HuGene_st:692585-HuGene_st:117983-HuGene_st:858756-HuGene_st:123483-	2,49E-07	1,6419	2,41	79,4	70,7-86,4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:296152-HuGene_st:217546_at:239766-HuGene_st:46711-HuGene_st:1057926-HuGene_st:611729-HuGene_st:1048755-HuGene_st:519540-HuGene_st:284543-HuGene_st:847898-HuGene_st:648660-HuGene_st:977125-HuGene_st:743580-HuGene_st:327541-HuGene_st:948505-HuGene_st:6546-HuGene_st:84521-HuGene_st:907619-HuGene_st:939779-HuGene_st:561550-HuGene_st:76641-HuGene_st:1000258-HuGene_st:447330-HuGene_st:983649-HuGene_st:613324-HuGene_st:846448-HuGene_st:304444-HuGene_st:212859_x_at:40069-HuGene_st:212884-HuGene_st:575774-HuGene_st:427914-HuGene_st:56303-HuGene_st:213349-HuGene_st:721776-HuGene_st:212185_x_at:739002-HuGene_st:902404-HuGene_st:483985-HuGene_st:91794-HuGene_st:137880-HuGene_st:317864-HuGene_st:203291-HuGene_st:66799-HuGene_st:160991-HuGene_st:216336_x_at:310066-HuGene_st:1079767-HuGene_st:781831-HuGene_st:1095705-HuGene_st:534398-HuGene_st:467500-HuGene_st:491335-HuGene_st:66800-HuGene_st:485318-HuGene_st:90966-HuGene_st:365104-HuGene__st:79259-HuGene_st:495714-HuGene_st: 1095744-HuGene_st:102946-HuGene_st:477858-HuGene_st:771030-HuGene_st:675707-HuGene_st:854293-HuGene_st: 160013-HuGene_st:320514-HuGene_st:1047433-HuGene_st:890901-HuGene_ st:230953-HuGene st:749925-HuGene_st:19613-HuGene_st:166551-HuGene_st:574267-HuGene_st:623210-HuGene_st:1006466-HuGene_st:900368-HuGene_st:760559-HuGene_st:446223-HuGene_st:205427-HuGene_st:983813-HuGene_st:435034-HuGene_st:250747-HuGene_ st					
IGL@	173623-HuGene_st:408026-HuGene_ st:38807-HuGene st	2,50E-07	1,6337	3,1	79,3	70,7-86,3
HSPB8	688528-HuGene_st:311091-HuGene_st:415722-HuGene_st:56376-HuGene_st:79205-HuGene_st:499751-HuGene_st:214231-HuGene_st:225808-HuGene_st:174359-HuGene_st:1083550-HuGene_st:221667_s_at:662744-HuGene_ st:346589-HuGene_st	2,61E-07	1,5121	3,85	77,5	68,7-84,8
A2M	897456-HuGene_st:217757_at:164005-HuGene_st:848096-HuGene_st:244657-HuGene_st:317437-HuGene_st:330214-HuGene_st:814658-HuGene_st:1100520-HuGene_st:451567-HuGene_st:559737-HuGene_st:600508-HuGene_st:730036-HuGene_st:385395-HuGene_st:833129-HuGene_st:101038-HuGene_st:195639-HuGene_st:371583-	2,72E-07	1,5968	1,64	78,8	69,9-85,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:808161-HuGene_st:893977-HuGene_st:1558450_at:167145-HuGene_st:660806-HuGene_st					
MS4A7	803709-HuGene_st:372940-HuGene_st:558657-HuGene_st:758990-HuGene_st:279234-HuGene_st:716878-HuGene_st:228770-HuGene_st:77553-HuGene_st:212226-HuGene_st:148024-HuGene_st:727350-HuGene_st:223344_s_at:223343_at:224358_s_at:932003-HuGene_st:584291-HuGene_st:16857-HuGene_st:751363-HuGene_st:120594-HuGene_st:66810-HuGene_st:473741-HuGene_st	2,92E-07	1,5398	2,27	77,9	69,1-85,2
PLOD2	366970-HuGene_st:202619_s_at:557917-HuGene_st:371377-HuGene_st:606385-HuGene_st:54079-HuGene_st:976248-HuGene_st:572307-HuGene_st:716158-HuGene_st:754684-HuGene_st:255595-HuGene_st:17343-HuGene_st:124945-HuGene_st:770320-HuGene_st:704827-HuGene_st:202620_s_at;309852-HuGene_st:509273-HuGene_st:703772-HuGene_st:1082989-HuGene_st:550147-HuGene_st:740582-HuGene_st:6711-HuGene_ st	3,06E-07	1,5569	2,33	78,2	69,3-85,4
UGT2B17	357315-HuGene_st:493733-HuGene_st:353886-HuGene_ _st:207245_at:59042-HuGene_st:1025125-HuGene_st	3,75E-07	1,4818	4,88	77,1	68,2-84,5
PMP22	1086412-HuGene_st:139615-HuGene_st:864327-HuGene_st: 1565637_at:493430-HuGene_st:640953-HuGene_st:309874-HuGene_st:1072798-HuGene_st:761816-HuGene_st: 136620-HuGene_st:441104-HuGene_st:97712-HuGene_st:800086-HuGene_st:352501-HuGene_st:363233-HuGene_st:210139_s_at:48107-HuGene_st:338800-HuGene_st:532682-HuGene_st:988715-HuGene_st:853970-HuGene_st	3,97E-07	1,5173	2,23	77,6	68,8-84,9
PLN	204938_s_at:418214-HuGene_st:769837-HuGene_st:603329-HuGene_st:1048096-HuGene_st:944510-HuGene_st:430402-HuGene_st:86633-HuGene_st:795093-HuGene_st:377757-HuGene_st:770145-HuGene_st:920628-HuGene_st:594048-HuGene_st:800583-HuGene_st:204939_s_at:556723-HuGene_st:818339-HuGene_st:175524-HuGene_st:498924-HuGene_st:204940_at	4,14E-07	1,5464	2,01	78	69,2-85,2
CNN1	337187-HuGene_st:787686-HuGene_st:532503-HuGene_st:41547-HuGene_st:236587-HuGene_st:809046-HuGene_st:674638-HuGene_st:1055006-HuGene_st:617683-HuGene_st:769218-HuGene_st:373491-	4,77E-07	1,4318	4,56	76,3	67,2-83,8

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:609613-HuGene_st:402708-HuGene_st:871546-HuGene_st:203951_at:880804-HuGene_st:1091224-HuGene_st:911860-HuGene_st:1090431-HuGene_st					
ITM2A	391687-HuGene_st:1059695-HuGene_st:12009-HuGene_st:677746-HuGene_st:258271-HuGene_st:676659-HuGene_st:496836-HuGene_st:452608-HuGene_st:1059257-HuGene_st:47720-HuGene_st:105265-HuGene_st:657686-HuGene_st:68702-HuGene_st:115530-HuGene_st:202747_s_at:202746_at	5,27E-07	1,4958	2,77	77,3	68,3-84,6
KCNMA 1	554163-HuGene_st:716361-HuGene_st:403072-HuGene_st:63347-HuGene_st:587079-HuGene_st:256038-HuGene_st: 172619-HuGene_st:918468-HuGene_st:94420-HuGene_st:399013-HuGene_st:414900-HuGene_st:307320-HuGene_st:906761-HuGene_st:115093-HuGene_st:221583_s_at:745071-HuGene_st:915037-HuGene_st:343951-HuGene_st:1569763_at:446685-HuGene_st:652192-HuGene_st	6,86E-07	1,497	2,37	77,3	68,4-84,6
XDH	919455-HuGene_st:105269-HuGene_st:106986-HuGene_st:972900-HuGene_st:210301_at:716491-HuGene_st:667307-HuGene_st:790507-HuGene_st:800140-HuGene_st:328962-HuGene st:355792-HuGene_st:707858-HuGene_st:731429-HuGene_st:403069-HuGene_st:215338-HuGene_st:101916-HuGene_st:48855-HuGene_st:895641-HuGene_st:68212-HuGene_st:287011-HuGene_st:1082168-HuGene_st:241994_at:709200-HuGene_st	8,13E-07	1,4727	2,03	76,9	67,9-84,3
PDLIM3	659306-HuGene_st:9491-HuGene_st:787864-HuGene_st:482305-HuGene_st:810161-HuGene_st:1037974-HuGene_st:353413-HuGene_st:731754-HuGene_st:733690-HuGene_st:209621_s_at:394037-HuGene_st:957822-HuGene_st:67576-HuGene_st:369461-HuGene_st:768470-HuGene_st:489488-HuGene_st:711969-HuGene_st: 1569564_at:1077054-HuGene_st:210170_at:238592_at	8,20E-07	1,4799	2,38	77	68,2-84,4
MT1X	788358-HuGene_st:20578-HuGene_st:92311-HuGene_st:501820-HuGene_st:208581_x_at:73687-HuGene_st:905260-HuGene_st:1087816-HuGene_st:204326_x_at:96216-HuGene_st:764373-HuGene_st:103649-HuGene_st:40373-HuGene_st:198342-HuGene_ st	9,84E-07	1,4411	4,35	76,4	67,5-83,9
CALD1	796040-HuGene_st:839187-HuGene_st:412659-HuGene_st:1023569-HuGene_st:450656-HuGene_st:212077_at:201616_s_at:81643 9-	1,02E-06	1,4584	3,29	76,7	67,7-84,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:165931-HuGene_st:201617_x_at:576686-HuGene_st:1094139-HuGene_st:201615_x_at:519079-HuGene_st:558226-HuGene_st:755661-HuGene_st:243084_at:318906-HuGene st:688034-HuGene_st:215199_at					
MSRB3	483115-HuGene_st:439736-HuGene_st:1096860-HuGene_st:644381-HuGene_st:225790_at:306630-HuGene_st:1073255-HuGene_st:121556-HuGene_st:126154-HuGene_st:72517-HuGene_st:480208-HuGene_st:331986-HuGene_st:294511-HuGene_st:204701-HuGene_st:1554127_s_at:42731-HuGene_st:675396-HuGene_st:174560-HuGene_st:1566481_at	1,20E-06	1,4754	2,24	77	68-84,4
SPON1	209437_s_at:209436_at:892181-HuGene_st:960315-HuGene_st:377887-HuGene_st:253667-HuGene_st:48054-HuGene_st:1008441-HuGene_st:979120-HuGene_st:213994_s_at:811254-HuGene_st:928583-HuGene_st:405680-HuGene_st:963535-HuGene_st:836638-HuGene_st:1033364-HuGene_st:965345-HuGene_st:936102-HuGene_st:555640-HuGene_st:22053-HuGene_st:234367-HuGene st:224488_s_at:327210-HuGene_st:481375-HuGene_st:213993_at:1013182-HuGene_st	1,46E-06	1,4862	1,88	77,1	68,2-84,5
C2orf40	1011921-HuGene_st:304065-HuGene_st:441303-HuGene_st:1001854-HuGene_st:999754-HuGene_st:893886-HuGene_st:951843-HuGene_st:375926-HuGene_st	1,69E-06	1,4159	2,97	76,1	67-83,6
SORBS1	1041567-HuGene_st:83451-HuGene_st:29118-HuGene_st:222513_s_at:617821-HuGene_st:56685-HuGene_st:280855-HuGene_st:67922-HuGene_st:1028489-HuGene_st:611267-HuGene_st:931477-HuGene_st:66752-HuGene_st:618734-HuGene_st:624287-HuGene_st:211819_s_at:581936-HuGene_st:218087_s_at:1039879-HuGene_st:45815-HuGene_st:186556-HuGene_ st:628496-HuGene_st:242736_at	2,18E-06	1,4269	2,54	76,2	67,2-83,7
C4orf34	576095-HuGene_st:1061109-HuGene_st:698934-HuGene_st:634224-HuGene_st:854845-HuGene_st:18233-HuGene_st:275684-HuGene_st:784949-HuGene_st:346086-HuGene_st:91468-HuGene_st:936558-HuGene_st:163564-HuGene_st:614699-HuGene_st:428090-HuGene_st:340671-HuGene_st:90795-HuGene_st:823553-HuGene_st:431110-HuGene_st:719502-HuGene_st:850208-HuGene_st:224990_at:542653-HuGene_st	2,55E-06	1,3851	1,95	75,6	66,5-83,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
PDGFRA	782752-HuGene_st:789846-HuGene_st:116091-HuGene_st:860506-HuGene_st:537532-HuGene_st:112478-HuGene_st:97681-HuGene_st:514113-HuGene_st:561375-HuGene_st:115277-HuGene_st:240764-HuGene_st:578952-HuGene_st:723105-HuGene_st:230638-HuGene_st:544163-HuGene_st:50957-HuGene_st:468599-HuGene_st:328136-HuGene_st:346391-HuGene_st:203131_at:853019-HuGene_st	2,94E-06	1,4819	1,37	77,1	68,1-84,4
FGFR2	476373-HuGene_st:92078-HuGene_st:969020-HuGene_st:1022426-HuGene_st:203639_s_at:24514-HuGene_st:614945-HuGene_st:211398_at:1097953-HuGene_st:117962-HuGene_st:777874-HuGene_st:829764-HuGene_st:868500-HuGene_st:211401_s_at:403546-HuGene_st:850416-HuGene_st:208234_x_at:537762-HuGene_st:132866-HuGene_st:426700-HuGene_st:208228_s_at:831045-HuGene_st:203638_s_at:240913_at:23084 2_at	3,55E-06	1,527	1,31	77,7	68,9-85
PPP1R12B	23543-HuGene_st:654289-HuGene_st:947526-HuGene_st:714709-HuGene_st:544138-HuGene_st:1557553_at:227411-HuGene_st:201958_s_at:1559911_at:7483 8-HuGene_st:201957_at:233700_at:67323-HuGene_st:767707-HuGene_st:224270_at:50561-HuGene_st:233359-HuGene_st:565179-HuGene_st:317428-HuGene_st:442074-HuGene_st:591561-HuGene_st	4,26E-06	1,3592	2,21	75,2	66,1-82,8
FAM129A	148319-HuGene_st:19042-HuGene_st:1075897-HuGene_st:49110-HuGene_st:245230-HuGene_st:154650-HuGene_st:203917-HuGene_st:503184-HuGene_st:373453-HuGene_st:432126-HuGene_st:786874-HuGene_st:648379-HuGene_st:1033222-HuGene_st:217966_s_at:574775-HuGene_st:217967_s_at:156986-HuGene_st:9160-HuGene_st:212626-HuGene_st:935377-HuGene_st:921695-HuGene st:1053262-HuGene_st	4,59E-06	1,4144	1,8	76	67-83,5
POSTN	210809_s_at:297712-HuGene_st:1555778_a_at:608435-HuGene_st:743877-HuGene_st:753556-HuGene_st:388659-HuGene_st:954838-HuGene_st:724846-HuGene_st:588010-HuGene_st:713459-HuGene_st:713707-HuGene_st:106590-HuGene_st:538299-HuGene_st:649547-HuGene_st:13993-HuGene_st:417058-HuGene_st:636479-HuGene_st:228481_at:874100-HuGene_st:776445-HuGene_st:779754-HuGene_st	4,94E-06	1,3944	2,25	75,7	66,7-83,3
ATP8B1	1088077-HuGene_st:699379-HuGene_st:81949-HuGene_st:120481-HuGene_st:1006809-	5,73E-06	1,3113	1,67	74,4	65,3-82,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:960479-HuGene_st:1033226-HuGene_st:854521-HuGene_st:258436-HuGene_st:224444-HuGene_ st:958640-HuGene_st:670830-HuGene_st:734950-HuGene_st:61644-HuGene_st:354636-HuGene_st:308159-HuGene_st:645299-HuGene_st:306422-HuGene_st:223980-HuGene_st:772656-HuGene_st:226302_at:745109-HuGene_ st:1011843-HuGene_st					
CCL28	224240_s_at:155321-HuGene_st:780816-HuGene_st:224027_at:356805-HuGene_st:120679-HuGene_st:525328-HuGene_st:623557-HuGene_st:238750_at:519318-HuGene_st:956859-HuGene_st:251110-HuGene_st:331562-HuGene_st:224868-HuGene_st:28476-HuGene_st:153501-HuGene_st:242217-HuGene_st:821675-HuGene_st:451844-HuGene_st:513548-HuGene_st:773827-HuGene_st:398738-HuGene_st	6,0 1E-06	1,494	1,53	77,2	68,4-84,6
NEXN	184663-HuGene_st:720053-HuGene_st:539444-HuGene_st:311368-HuGene_st:260384-HuGene_st:56754-HuGene_st: 1040436-HuGene_st:1064626-HuGene_st:292849-HuGene_st:453309-HuGene_st:804402-HuGene_st:500301-HuGene_st:248505-HuGene_st:402104-HuGene_st:1552309_a_at:941387-HuGene_ st:709246-HuGene_st:226103_at	6,83E-06	1,363	2,23	75,2	66,1-82,9
CTGF	NA	6,96E-06	1,4786	1,3	77	68,1-84,4
MFSD4	15050-HuGene_st:785959-HuGene_st:884375-HuGene_st:75016-HuGene_st:235772-HuGene_st:185211-HuGene_st:539224-HuGene_st:871027-HuGene_st:855473-HuGene_st:728207-HuGene_st:242782-HuGene_st:711626-HuGene_st:484086-HuGene_st:242372_s_at:238862_at:22925 4_at:656926-HuGene_st:767273-HuGene_st:184295-HuGene_st:697889-HuGene_st:1566569_at:708165-HuGene_st	7,19E-06	1,3233	2,12	74,6	65,5-82,3
ASPN	787638-HuGene_st:567513-HuGene_st:499513-HuGene_st:546047-HuGene_st:1055545-HuGene_st:720939-HuGene_st:835521-HuGene_st:640448-HuGene_st:673620-HuGene_st:821057-HuGene_st:248224-HuGene_st:447994-HuGene_st:407869-HuGene_st:510872-HuGene_st:766560-HuGene_st	7,45E-06	1,3261	2,74	74,6	65,5-82,3
DUSP5	25091-HuGene_st:352326-HuGene_st:119170-HuGene_st:292093-HuGene_st:209457_at:899442-HuGene_st:171695-HuGene_st:331265-HuGene_st:991652-HuGene_st:242476-	8,60E-06	1,334	1,91	74,8	65,6-82,4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:430239-HuGene_st:1070934-HuGene_st:555959-HuGene_st					
CRISPLD2	314440-HuGene_st:395147-HuGene_st:429916-HuGene_st:763823-HuGene_st:729858-HuGene_st:1555809_at:909486-HuGene_st:239091-HuGene_st:418565-HuGene_st:949339-HuGene_st:658945-HuGene_st:276173-HuGene_st:96079-HuGene_st	9,24E-06	1,3669	1,64	75,3	66,2-82,9
FOXF2	589126-HuGene_st:856761-HuGene_st:145881-HuGene_st:915587-HuGene_st:1088669-HuGene_st:81821-HuGene_st:206377_at:575658-HuGene_st:494266-HuGene_st:813114-HuGene_st:613721-HuGene_st	9,50E-06	1,3047	2,08	74,3	65,2-82,1
UGT2B15	500573-HuGene_st:352298-HuGene_st:770027-HuGene_st:207392_x_at:31342-HuGene_st:829850-HuGene_st:217175_at:57112-HuGene_st:1062564-HuGene_st:951114-HuGene_st:844819-HuGene_st:841767-HuGene_st:57590-HuGene_st:504268-HuGene_st:27324-HuGene_st:340207-HuGene_st: 102754-HuGene_st:1055412-HuGene_st	9,73E-06	1,3469	5,72	75	65,9-82,6
ACTG2	667818-HuGene_st:500390-HuGene_st:979342-HuGene_st:560814-HuGene_st:801310-HuGene_st:552015-HuGene_st:972136-HuGene_st:617230-HuGene_st:409424-HuGene_st:15155-HuGene_st:416391-HuGene_st:800450-HuGene_st:902303-HuGene_st:647647-HuGene_st: 123624-HuGene_st:202274_at:586898-HuGene_st:431150-HuGene_st:247321-HuGene_st:735136-HuGene_st:986398-HuGene_st:261974-HuGene st:241148_at:575416-HuGene_st	1,07E-05	1,3992	1,82	75,8	66,8-83,4
CMBL	157156-HuGene_st:305010-HuGene_st:227522_at:553921-HuGene_st:529224-HuGene_st:1032780-HuGene_st:204886-HuGene_st:623086-HuGene_st:451862-HuGene_st:537678-HuGene_st:918595-HuGene_st:178105-HuGene_st:417861-HuGene_st:230995_at:986212-HuGene_st:405624-HuGene_st:424469-HuGene_st:836099-HuGene_st:665079-HuGene_ st:234981_x_at	1,09E-05	1,3583	1,58	75,1	66,1-82,8
KCTD12	509699-HuGene_st:77199-HuGene_st:212188_at:229632-HuGene_st:502611-HuGene_st:931430-HuGene_st:908582-HuGene_st:769157-HuGene_st:312044-HuGene_st:212192_at:43415-HuGene_st:412026-HuGene_st:247270-HuGene_st:770750-HuGene_st:827060-HuGene_ st:714432-HuGene_st	1,44E-05	1,3636	1,36	75,2	66,2-82,8
MRGPRF	717973-HuGene_st:226058-HuGene_st:541082-HuGene_st:60861-HuGene_st:1024643-HuGene_st:354954-HuGene_ st:1099895-	1,52E-05	1,2986	2,99	74,2	65,1-82

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:672489-HuGene_st:489062-HuGene_st:435421-HuGene_st:227727_at:99658-HuGene_st					
C20orf118	235964_x_at:234987_at:235529_x_at:174 500-HuGene_st:168513-HuGene_st:312879-HuGene_st:57294-HuGene_st:748530-HuGene_st:24012-HuGene_st:219008-HuGene_st:471274-HuGene_st: 1086281-HuGene_st:740018-HuGene_ st:233829_at	1,75E-05	1,4284	1,3	76,2	67,3-83,8
TMEM47	20487-HuGene_st:587019-HuGene_st:458329-HuGene_st:944333-HuGene_st:292459-HuGene_st:436914-HuGene_st:632184-HuGene_st:209655_s_at:885991-HuGene_st: 33524-HuGene_st:528167-HuGene_st:555631-HuGene_st:595266-HuGene_st:503408-HuGene_st:296998-HuGene_st:672458-HuGene_st:64704-HuGene_st:285813-HuGene_st:865055-HuGene_ st:734911-HuGene_st	1,86E-05	1,301	2,02	74,2	65,1-82
QKI	214543_x_at:212262_at:696914-HuGene_st:363144-HuGene_st:820387-HuGene_st:646624-HuGene_st:979853-HuGene_st:658669-HuGene_st:748520-HuGene_st:656477-HuGene_st:296134-HuGene_st:1555154_a_at:212636_at:234492_at:462894-HuGene_st:1055543-HuGene_st	1,93E-05	1,3452	1,31	74,9	65,8-82,6
VSIG2	985113-HuGene_st:555767-HuGene_st:391438-HuGene_st:1093892-HuGene_st:675062-HuGene_st:788466-HuGene_st:826720-HuGene_st:997596-HuGene_st:1069591-HuGene_st:228232_s_at:223925-HuGene_st:637781-HuGene_st:265221-HuGene_st:652010-HuGene_st:265186-HuGene_st: 343187-HuGene_st:1095607-HuGene_st	2,01E-05	1,2959	2,05	74,1	65,1-81,9
HSPA1A	979726-HuGene_st:1069731-HuGene_st:50191-HuGene_st:799087-HuGene_st:200799_at:539596-HuGene_st:150764-HuGene_st:200800_s_at:492579-HuGene_st	2,16E-05	1,2699	2,41	73,7	64,6-81,5
AP1S2	230413_s_at:230264_s_at:99873-HuGene_st:57979-HuGene_st:985324-HuGene_st:203300_x_at:84828-HuGene_ st:910415-HuGene_st	3,39E-05	1,2572	1,92	73,5	64,3-81,3
FKBP5	204560_at:224856_at:246403-HuGene_st:513199-HuGene_st:69253-HuGene_st:642461-HuGene_st:467598-HuGene_st:1038165-HuGene_st:512075-HuGene_st:224840_at:797941-HuGene_st:633285-HuGene_st:511644-HuGene_st:469540-HuGene_st:209829-HuGene_ st:800516-HuGene_st:247764-HuGene_st:468711-HuGene_st:112353-HuGene_st:746630-HuGene_st:337035-HuGene_st:1014328-HuGene_st:292916-HuGene_st	3,41E-05	1,2369	1,71	73,2	64-81

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
KCNMB1	17348-HuGene_st:414025-HuGene_st:792493-HuGene_st:131717-HuGene_st:569127-HuGene_st:17962-HuGene_st:504462-HuGene_st:758432-HuGene_st:209948_at:772102-HuGene_st:518039-HuGene_st	3,74E-05	1,2189	2,66	72,9	63,7-80,8
VIM	564251-HuGene_st:201426_s_at:234475-HuGene_st:319318-HuGene_st:339807-HuGene_st:527110-HuGene_st:994975-HuGene_st:837477-HuGene_st:302722-HuGene_st:516025-HuGene_st:1079757-HuGene_st:398387-HuGene_st:155888-HuGene_st:139661-HuGene_st:192324-HuGene_st:1093618-HuGene_st:364983-HuGene_st:436158-HuGene_st:410777-HuGene_st:1555938_x_at	4,15E-05	1,2225	1,86	72,9	63,7-80,9
SORBS2	238751_at:805920-HuGene_st	4,23E-05	1,3007	2,1	74,2	65,1-82
C6orf204	486932-HuGene_st:573436-HuGene_st:400510-HuGene_st:228202_at:123307-HuGene_st:181714-HuGene_st:206020-HuGene_st:949623-HuGene_st:814579-HuGene_st:515524-HuGene_st:514175-HuGene_st	4,90E-05	1,2042	2,07	72,6	63,5-80,6
FAM55D	633727-HuGene_st:966568-HuGene_st:625133-HuGene_st:858568-HuGene_st:220645_at:201856-HuGene_st:1013940-HuGene_st:316604-HuGene_st:450702-HuGene_st:1028406-HuGene_st:1090862-HuGene_st:741930-HuGene_st:981211-HuGene_st:970069-HuGene_st:259706-HuGene_st:291282-HuGene_st:56493-HuGene_st:888970-HuGene_st:821065-HuGene_st:53354-HuGene_st:752570-HuGene_st:539086-HuGene_st:204142-HuGene_st	5,67E-05	1,1792	3,48	72,2	62,9-80,2
TIMP2	1087828-HuGene_st:231579_s_at:436546-HuGene_st:799495-HuGene_st:563754-HuGene_st:914626-HuGene_st:526357-HuGene_st:203167_at:760416-HuGene_st:651774-HuGene_st:965142-HuGene_st:224540-HuGene_st:690107-HuGene_st:224560_at:319958-HuGene_st:437652-HuGene_st:43390-HuGene_st:727465-HuGene_st:310783-HuGene_st:750028-HuGene_st:957648-HuGene_st:106688-HuGene_st:289430-HuGene_st:740790-HuGene_st	6,40E-05	1,2298	1,82	73,1	63,8-80,9
ELOVL5	NA	8,15E-05	1,1814	2,05	72,3	63-80,3
ACTA2	215787_at:743686-HuGene_st:200974_at:1070983-HuGene_st:120087-HuGene_st:980364-HuGene_st:529704-HuGene_st:855050-HuGene_st:530590-HuGene_st:692252-HuGene_st:404109-HuGene_st:630797-HuGene_st:670805-HuGene_st:293590-HuGene_st:757648-HuGene_st:445454-	1,00E-04	1,2318	1,81	73,1	63,9-80,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:479447-HuGene_st:548186-HuGene_st:237159-HuGene_st:90357-HuGene_st:313690-HuGene_st:183075-HuGene_st:785232-HuGene_st					
C1S	208747_s_at:233042_at:620011-HuGene_st:1555229_a_at:245571-HuGene_st:426716-HuGene_st:866948-HuGene_st:705447-HuGene_st:947234-HuGene_st:682561-HuGene_st:332123-HuGene_st	0,0001	1,2896	1,61	74	64,8-81,9
LOC387776 3	1062323-HuGene_st	0,0001	1,1943	1,36	72,5	63,2-80,5
CLU	222043_at:939366-HuGene_st:832450-HuGene_st:208792_s_at:125360-HuGene_st:216446-HuGene_st:208791_at:1054768-HuGene_st:1034873-HuGene_st:1056536-HuGene_st:787017-HuGene_st:1060096-HuGene_st:591687-HuGene_st:1014914-HuGene_st:213483-HuGene_st:459630-HuGene_st:1036064-HuGene_st:972503-HuGene_st:492827-HuGene_st:485686-HuGene_st	0,0001	1,2285	1,42	73	63,8-81
MT1H	197989-HuGene_st:589780-HuGene_st:800631-HuGene_st:854292-HuGene_st:644419-HuGene_st:851562-HuGene_st:590830-HuGene_st:727551-HuGene_st:51225-HuGene_st:206461_x_at:1099945-HuGene_ _st:334778-HuGene_st:6545-HuGene_st:451479-HuGene_st:621584-HuGene_st:885933-HuGene_st:73199-HuGene_ st:882631-HuGene_st	0,0001	1,1885	4,55	72,4	63,1-80,4
RGS2	331021-HuGene_st:202388_at:895469-HuGene_st:962521-HuGene_st:843420-HuGene_st:767847-HuGene_st:1022759-HuGene_st:507303-HuGene_st:121934-HuGene_st:1094262-HuGene_st:1067241-HuGene_st:111860-HuGene_st:661918-HuGene_st	0,0001	1,1617	1,94	71,9	62,6-79,9
FBN1	192231-HuGene_st:794561-HuGene_st:1094040-HuGene_st:427611-HuGene_st:394963-HuGene_st:828273-HuGene_st:202765_s_at:162818-HuGene_st:169932-HuGene_st:192029-HuGene_st:288955-HuGene_st:600623-HuGene_st:941525-HuGene_st:971683-HuGene_st:82155-HuGene_st:359130-HuGene_st:404656-HuGene_st:921008-HuGene_st:999573-HuGene_st:112593-HuGene_st	0,0002	1,1368	1,93	71,5	62,2-79,6
ANKRD25	808074-HuGene_st:932564-HuGene_st:143731-HuGene_st:292383-HuGene_st:393569-HuGene_st:201770-HuGene_st:973796-HuGene_st:824703-HuGene_st:109143-HuGene_st:132685-HuGene_st:698165-HuGene_st:218418_s_at	0,0002	1,1162	1,56	71,2	61,9-79,3

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
MT1G	226585-HuGene_st:495514-HuGene_st:159768-HuGene_st:186270-HuGene_st:855342-HuGene_st:449379-HuGene_st:1100995-HuGene_st:617733-HuGene_st:914660-HuGene_st:884883-HuGene_st:903179-HuGene_st:311881-HuGene_st:977536-HuGene_st:210472_at:1061010-HuGene_st:415267-HuGene_st:1048754-HuGene_st:1011704-HuGene_st:59546-HuGene_st:917923-HuGene_st:204745_x_at	0,0002	1,0893	2,66	70,7	61,3-78,8
MYL9	201058_s_at:543240-HuGene_st:923797-HuGene_st:173220-HuGene_st:874422-HuGene_st:925187-HuGene_st:979054-HuGene_st:676360-HuGene_st:117460-HuGene_st:1092848-HuGene_st:608837-HuGene_st:404703-HuGene_st:50995-HuGene_st:206106-HuGene_st:995028-HuGene_st	0,0003	1,1288	2,18	71,4	62-79,4
TAGLN	279405-HuGene_st:205547_s_at:695669-HuGene_st:902958-HuGene_st:304704-HuGene_st:741240-HuGene_st:898711-HuGene_st:1555724_s_at:26929-HuGene_st:66114-HuGene_st:505391-HuGene_st:613243-HuGene_st:73428-HuGene_st:983072-HuGene_st:543865-HuGene_st:179049-HuGene_st:458482-HuGene_st:823959-HuGene_st:931316-HuGene_st:556028-HuGene_st:565900-HuGene_st:278667-HuGene_st:226523_at:232248_at	0,0003	1,0901	2,12	70,7	61,4-78,8
FOXF1	21663-HuGene_st:832719-HuGene_st:174216-HuGene_st:337755-HuGene_ st:775422-HuGene_st:205935_at	0,0004	1,1745	1,28	72,1	62,9-80,1
LGALS2	204754-HuGene_st:455546-HuGene_st:428640-HuGene_st:228729-HuGene_st:450048-HuGene_st:1087923-HuGene_st:616130-HuGene_st:818575-HuGene_st:699850-HuGene_st:820908-HuGene_st:850596-HuGene_st:751645-HuGene_st:1028381-HuGene_st:667147-HuGene_st:245361-HuGene_st:754620-HuGene_ st	0,0004	1,0851	3,07	70,6	61,2-78,8
SDC2	1019857-HuGene_st:730583-HuGene_st:33355-HuGene_st:717018-HuGene_st:212158_at:272847-HuGene_st:458585-HuGene_st:212154_at:446134-HuGene_st:1096317-HuGene_st:815650-HuGene_st:590116-HuGene_st:367740-HuGene_st:1074315-HuGene_st	0,0006	1,099	1,39	70,9	61,5-79
DNASE1L3	867148-HuGene_st:588394-HuGene_st:205554_s_at:616846-HuGene_st:58544-HuGene_st:277847-HuGene_st:18171-HuGene_st:429485-HuGene_st:960168-HuGene_st:981221-HuGene_st:23306-HuGene_st:991254-HuGene_st	0,0007	1,0972	1,5	70,8	61,6-79

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
PLEKHC1	831786-HuGene_st:88016-HuGene_st:1087035-HuGene_st:530331-HuGene_st:209209_s_at:184398-HuGene_st:904923-HuGene_st:193550-HuGene_st:468805-HuGene_st:104495-HuGene_st:604317-HuGene_st:501652-HuGene_st:118096-HuGene_st:321532-HuGene_st:675257-HuGene_st:79496-HuGene_st:590867-HuGene_st:147248-HuGene_st:627402-HuGene_st:377514-HuGene_st	0,0007	1,0318	1,82	69,7	60,3-78
SERPINF1	546682-HuGene_st:814007-HuGene_st:202283_at:898654-HuGene_st:884794-HuGene_st:264195-HuGene_st:787378-HuGene_st:1036417-HuGene_st	0,0009	1,0012	1,47	69,2	59,8-77,4
RARRES2	1098138-HuGene_st:515302-HuGene_st:849018-HuGene_st:209496_at:741143-HuGene_st:903829-HuGene_st:305131-HuGene_st:715557-HuGene_st:373579-HuGene_st:177871-HuGene_st:106318-HuGene_st:662795-HuGene_st:38090-HuGene_st	0,0009	1,0325	1,6	69,7	60,3-78
CFL2	545956-HuGene_st:833414-HuGene_st:214239-HuGene_st: 192253-HuGene_st:224663_s_at:694174-HuGene_st:233496_s_at:992798-HuGene_st:328584-HuGene_st:950857-HuGene_st:612593-HuGene_st:95686-HuGene_st:177218-HuGene_st:451953-HuGene_st:800232-HuGene_st:575557-HuGene_st:794701-HuGene_st	0,0009	1,0592	1,75	70,2	60,8-78,4
RBMS1	375424-HuGene_st:87825-HuGene_st:1046943-HuGene_st:209868_s_at:207266_x_at:225 269_s_at:238185_at	0,0009	1,1417	1,55	71,6	62,3-79,7
SELENBP1	914892-HuGene_st:582091-HuGene_st:643114-HuGene_st:532506-HuGene_st:823159-HuGene_st:171447-HuGene_st:189960-HuGene_st:75763-HuGene_st:834358-HuGene_st:245623-HuGene_st:214433_s_at:233267_at: 56418 6-HuGene_st:637748-HuGene_st:200643-HuGene_st:781415-HuGene_st:208204-HuGene_st:730504-HuGene_st:1008117-HuGene_st:801694-HuGene_st:433986-HuGene_st:183676-HuGene_st:634656-HuGene_ st:1087258-HuGene_st	0,0009	1,0563	1,7	70,1	60,7-78,4
ENAM	212592_at	0,0011	1,0044	2,58	69,2	59,9-77,5
MT1F	987574-HuGene_st:213629_x_at:171840-HuGene_st:217165_x_at:867979-HuGene_st:354284-HuGene_st:424055-HuGene_st:998184-HuGene_st:616693-HuGene_st:459005-HuGene_st:221141-HuGene_st:338518-HuGene_st:951452-	0,0012	0,9654	2,2	68,5	59,1-76,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:915306-HuGene_st:506126-HuGene_st:845635-HuGene_st:1048483-HuGene_st:1094672-HuGene_st:576368-HuGene_st:414800-HuGene_st					
CD163	620892-HuGene_st:215049_x_at:32161-HuGene_st:867013-HuGene_st:899841-HuGene_st:662901-HuGene_st:97726-HuGene_st:180883-HuGene_st:706228-HuGene_st:849505-HuGene_st:217692-HuGene_st:566183-HuGene_st:154492-HuGene_st:737668-HuGene_st:203645_s_at:948100-HuGene_st:900552-HuGene_st:288236-HuGene_ st	0,0013	1,0234	1,9	69,6	60,2-77,9
GUCY1A3	560981-HuGene_st:1088572-HuGene_st:692186-HuGene_st:648114-HuGene_st:783434-HuGene_st:221942_s_at:1026405-HuGene_st:256104-HuGene_st:965063-HuGene_st:889044-HuGene_st:752296-HuGene_st:239580_at:185668-HuGene_st:120195-HuGene_st:324658-HuGene_st:229530_at	0,0015	1,0136	2,69	69,4	60-77,7
TNFRSF17	1062688-HuGene_st:38682-HuGene_st:558270-HuGene_st:631025-HuGene_st:24518-HuGene_st:240754-HuGene_st:193693-HuGene_st:255074-HuGene_st:493368-HuGene_st:191710-HuGene_st:610232-HuGene_st:544680-HuGene_st:205576-HuGene_st:738267-HuGene_st:746498-HuGene_st	0,0015	1,0199	2,08	69,5	60,1-77,7
CAV1	793412-HuGene_st:1007317-HuGene_st:212097_at:203065_s_at:81283 2-HuGene_st:505037-HuGene_st:819580-HuGene_st:348883-HuGene_st:659416-HuGene_st:698493-HuGene_st:861877-HuGene_st:518081-HuGene_st:35773-HuGene_st	0,0016	1,0215	1,58	69,5	60,1-77,8
CKB	718720-HuGene_st:769422-HuGene_st:581051-HuGene_st:549987-HuGene_st:24890-HuGene_st:1041238-HuGene_st:16603-HuGene_st:480007-HuGene_st:435665-HuGene_st:25470-HuGene_st:40899-HuGene_st:896708-HuGene_st:373774-HuGene_st:963331-HuGene_st:23457-HuGene_st:766369-HuGene_st:200884_at:405417-HuGene_st:888623-HuGene_st:396007-HuGene_ st	0,0019	0,9741	2,27	68,7	59,2-77
WWTR1	202132_at:249804-HuGene_st:735408-HuGene_st:925151-HuGene_st:213564-HuGene_st:561456-HuGene_st:125734-HuGene_st:367743-HuGene_st:153369-HuGene_st:628871-HuGene_st:942493-HuGene_st:949013-HuGene_st:202134_s_at:426662-HuGene_st:586249-HuGene_st:228629_s_at:506281-HuGene_st	0,002	0,9904	1,48	69	59,6-77,3

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
HMGCS2	729816-HuGene_st:658722-HuGene_st:253113-HuGene_st:900260-HuGene_st:253100-HuGene_st:283650-HuGene_st:624250-HuGene_st:439478-HuGene_st:407398-HuGene_st:171889-HuGene_st:397691-HuGene_st:448587-HuGene_st:593619-HuGene_st:371076-HuGene_st:228587-HuGene_st:888308-HuGene_st:538023-HuGene_st:204607_at:43162-HuGene_st:865416-HuGene_st:619083-HuGene_st:789982-HuGene_st:616916-HuGene_st	0,0022	0,8767	2,67	66,9	57,5-75,5
MAFB	876871-HuGene_st:600037-HuGene_st:177002-HuGene_st:3125-HuGene_st:1057503-HuGene_st:274807-HuGene_st	0,0034	0,9563	1,66	68,4	59-76,8
STOM	201060_x_at:669723-HuGene_st:1099166-HuGene_st:201061_s_at:22513-HuGene_st:430393-HuGene_st:486266-HuGene_ st:47888-HuGene_st	0,0035	1,0176	1,21	69,5	60,1-77,7
CD14	327635-HuGene_st:201743_at:822666-HuGene_st:999890-HuGene_st:753790-HuGene_st:1080129-HuGene_st:532035-HuGene_st:1087885-HuGene_st:528527-HuGene_st:851691-HuGene_st:905038-HuGene_st:437599-HuGene_st:31858-HuGene_st	0,0035	0,9646	1,58	68,5	59-76,9
MUC4	1061780-HuGene_st:43545-HuGene_st:217110_s_at:47402-HuGene_st:1042572-HuGene_st:548777-HuGene_st:612341-HuGene_st:711231-HuGene_st:217109_at:278229-HuGene_st:536580-HuGene_st:235055_x_at:743233-HuGene_st:223515-HuGene_st:204895_x_at:670488-HuGene_st:106413-HuGene_st:35359-HuGene_st:344313-HuGene_st:284609-HuGene_st:882714-HuGene_st:512794-HuGene_ st	0,0039	1,0448	1,2	69,9	60,5-78,2
APOE	520118-HuGene_st:886930-HuGene_st:771679-HuGene_st:944600-HuGene_st:169546-HuGene_st:483757-HuGene_st:16650-HuGene_st:511913-HuGene_st:1099818-HuGene_st:33219-HuGene_st:663513-HuGene_st	0,0044	0,9406	1,56	68,1	58,7-76,6
SI	9605-HuGene_st:514814-HuGene_st:809314-HuGene_st:576613-HuGene_st:45502-HuGene_st:369676-HuGene_st:438636-HuGene_st:267204-HuGene_st:326716-HuGene_st:897825-HuGene_st:377666-HuGene_st:519273-HuGene_st:325741-HuGene_st:245381-HuGene_st:108368-HuGene_st:464198-HuGene_st:679193-HuGene_st:168180-HuGene_st	0,0054	0,9299	2,79	67,9	58,5-76,4
LOC285382	242447_at	0,0058	0,7422	1,26	64,5	55-73,2

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
HLA-DRB1	971813-HuGene_st	0,0063	1,0668	1,51	70,3	60,9-78,6
ANTXR1	241549_at:232956_at	0,0071	0,9507	1,29	68,3	58,8-76,7
FAM46C	197110-HuGene_st:220306_at:110466-HuGene_st:988119-HuGene_st:1098424-HuGene_st:560529-HuGene_st:387944-HuGene_st:38645-HuGene_st:221689-HuGene_st:322082-HuGene_st	0,0085	0,9172	1,38	67,7	58,2-76,1
TIMP3	767021-HuGene_st:201150_s_at:201148_s_at:228752-HuGene_st:241221-HuGene_st:201147_s_at:125730-HuGene_st	0,0091	0,9064	1,81	67,5	58-76
LOC283666	235567_at:236266_at:1562682_at:240951 _at	0,0099	0,7796	1,22	65,2	55,6-73,8
GREM1	569365-HuGene_st:407017-HuGene_st:218468_s_at:292333-HuGene_st:330742-HuGene_st:546941-HuGene_st:556201-HuGene_st:484435-HuGene_st:326978-HuGene_st:144073-HuGene_st:411208-HuGene_st:1081939-HuGene_st:345681-HuGene_st:2445-HuGene_st:864620-HuGene_st	0,0106	0,8579	3,03	66,6	57-75,1
FCGBP	22847-HuGene_st:203240_at:338164-HuGene_st:516715-HuGene_st:88809-HuGene_st:948682-HuGene_st:311904-HuGene_st:997435-HuGene_st:841000-HuGene_st:508230-HuGene_st:226428-HuGene_st:634071-HuGene_st:948120-HuGene_st:1079875-HuGene_st:71797-HuGene_st:781083-HuGene_st:426005-HuGene_st:27264-HuGene_st:16108-HuGene_st:63672-HuGene_st:1085208-HuGene_ st:708701-HuGene_st	0,0121	0,7889	1,99	65,3	55,7-74
HSPA2	831351-HuGene_st:270747-HuGene_st:720913-HuGene_st:660812-HuGene_st:939000-HuGene_st:920196-HuGene_ st	0,0123	0,8908	1,43	67,2	57,7-75,7
COL6A1	138366-HuGene_st:528191-HuGene_st:884210-HuGene_st:57954-HuGene_st:737256-HuGene_st:858575-HuGene_st:212937_s_at:214200_s_at:190 064-HuGene_st:216904_at	0,0126	0,8452	1,45	66,4	56,9-75
SELM	NA	0,0133	0,8596	1,32	66,6	57,2-75,2
FLNA	296693-HuGene_st:685285-HuGene_st:704065-HuGene_st:445061-HuGene_st:11735-HuGene_st:1066792-HuGene_st:214752_x_at:213746_s_at:871 038-HuGene_st:396236-HuGene_st:200859_x_at:786282-	0,0157	0,7967	1,59	65,5	55,9-74,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:136680-HuGene_st:50466-HuGene_st:955232-HuGene_st:588605-HuGene_st:40025-HuGene_st:1002306-HuGene_st:833338-HuGene_st:86435-HuGene_st:172457-HuGene_st					
COX7A1	386303-HuGene_st:354428-HuGene_st	0,0161	0,8613	1,32	66,7	57,2-75,3
EMP3	736604-HuGene_st:155271-HuGene_st:584704-HuGene_st	0,0164	0,8053	1,41	65,6	56,1-74,2
ITLN1	389198-HuGene_st:496499-HuGene_st:48547-HuGene_st:552029-HuGene_st:126777-HuGene_st:223597_at:281671-HuGene_st:45052-HuGene_st:573120-HuGene_st:137624-HuGene_st:948945-HuGene_st:527196-HuGene_st:358648-HuGene_st:45640-HuGene_st:512550-HuGene_st:839317-HuGene_st:634036-HuGene_st:101083-HuGene_st:857541-HuGene_ st:404069-HuGene_st	0,021	0,7137	2,54	63,9	54,4-72,7
C10orf99	227735_s_at:563767-HuGene_st:963471-HuGene_st:965947-HuGene_st:1081062-HuGene_st:354432-HuGene_st:602661-HuGene_st:227736_at:1009594-HuGene_st:969063-HuGene_st:77052-HuGene_st:483367-HuGene_st:50662-HuGene_st:738457-HuGene_st:69019-HuGene_st:215415-HuGene_st:1003926-HuGene_st:676577-HuGene_st:676855-HuGene_st:225297-HuGene_st:560897-HuGene_st:886384-HuGene_st:303754-HuGene_st	0,0218	0,724	1,76	64,1	54,7-72,9
CSRP1	453033-HuGene_st:673637-HuGene_st:607761-HuGene_st:582630-HuGene_st:654799-HuGene_st:258474-HuGene_st:200621_at:1028504-HuGene_st:802909-HuGene_st:339914-HuGene_st:533385-HuGene_st:256461-HuGene_st:1043113-HuGene_st:72101-HuGene_st:105671-HuGene_st:339691-HuGene_st:108781-HuGene_st:133369-HuGene_st:614016-HuGene_st:629648-HuGene_st:81550-HuGene_st	0,023	0,7234	1,39	64,1	54,6-72,9
PTGER4	450915-HuGene_st:1067155-HuGene_st:812085-HuGene_st:1943-HuGene_st:109314-HuGene_st:204897_at:252442-HuGene_st:800125-HuGene_st:965220-HuGene_st:446764-HuGene_st:204896_s_at:23686-HuGene_st:548266-HuGene_st:392964-HuGene_st:986807-HuGene_st:619166-HuGene_st	0,0237	0,8101	1,41	65,7	56,2-74,4
TPM2	828216-HuGene_st:373854-HuGene_st:981165-HuGene_st:191586-HuGene_st:445912-HuGene_st:446500-HuGene_st:922931-HuGene_st:336603-HuGene_st:272114-HuGene_st:375166-HuGene_st:8388-HuGene_st:204083_s_at:544548-	0,026	0,7539	1,53	64,7	55,2-73,4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
	HuGene_st:945443-HuGene_st:628440-HuGene_st:763118-HuGene_st:538951-HuGene_st					
PIGR	748831-HuGene_st:226147_s_at:166398-HuGene_st:593192-HuGene_st:204213_at:557727-HuGene_st:229659_s_at:242106-HuGene_st:146237-HuGene_st:883137-HuGene_st:691362-HuGene_st:201991-HuGene_st:1045753-HuGene_st:589879-HuGene_st:1017162-HuGene_st:325979-HuGene_st:105903-HuGene_st:1063932-HuGene_st:207526-HuGene_st:566905-HuGene_st	0,0278	0,7282	1,59	64,2	54,7-73
HLA-C	754900-HuGene_st	0,0279	0,9253	1,24	67,8	58,3-76,2
PRNP	178399-HuGene_st:201300_s_at:386578-HuGene_st:783439-HuGene_st	0,0288	0,798	1,24	65,5	56-74,2
CCL11	495934-HuGene_st	0,0361	0,8547	1,32	66,5	57,1-75
C1QC	137801-HuGene_st:851445-HuGene_st	0,0391	0,7457	1,36	64,5	54,9-73,3
CYR61	736150-HuGene_st:385534-HuGene_st:48239-HuGene_st:242630-HuGene_st	0,0425	0,7875	1,47	65,3	55,7-73,9
SERPING1	NA	0,0503	0,7659	1,44	64,9	55,4-73,6
TYROBP	NA	0,053	0,8176	1,17	65,9	56,3-74,5
GJA1	NA	0,0561	0,7839	1,76	65,2	55,6-73,9
PTRF	NA	0,0624	0,7354	1,5	64,3	54,8-73,1
CLCA1	NA	0,0681	0,7855	1,61	65,3	55,8-74
SPARC	NA	0,0684	0,6702	1,45	63,1	53,5-71,9
COL4A2	NA	0,0738	0,7081	1,32	63,8	54,3-72,5
RAB31	NA	0,1041	0,8159	1,14	65,8	56,3-74,4
NID1	NA	0,105	0,7428	1,33	64,5	54,9-73,2
FN1	NA	0,1121	0,5769	1,73	61,3	51,7-70,2
MSN	NA	0,1499	0,7215	1,15	64,1	54,6-72,9
MMP2	NA	0,1755	0,6219	1,24	62,2	52,5-71,2
COL1A2	NA	0,1891	0,65	1,9	62,7	53,2-71,6

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
FOSB	NA	0,2076	0,6389	2,17	62,5	52,9-71,4
HBB	NA	0,2357	0,6434	1,28	62,6	53-71,5
POU2AF1	NA	0,2389	0,6564	1,18	62,9	53,3-71,7
COL3A1	NA	0,2551	0,5538	1,35	60,9	51,3-69,9
SMOC2	NA	0,2701	0,6533	1,34	62,8	53,2-71,7
MUC2	NA	0,2802	0,8523	1,22	66,5	57-75
Sep-06	NA	0,3109	0,5713	1,21	61,2	51,7-70,2
LUM	NA	0,3157	0,5442	1,54	60,7	51,1-69,7
C1QB	NA	0,3668	0,5005	1,24	59,9	50,4-69
TGFB1I1	NA	0,4093	0,4951	1,35	59,8	50,1-68,8
ALDH1A1	NA	0,4232	0,354	1,4	57	47,4-66,2
LRIG1	NA	0,4614	0,5998	1,26	61,8	52,2-70,7
C8orf4	NA	0,475	0,483	1,44	59,5	49,9-68,5
EGR1	NA	0,4851	0,5374	1,38	60,6	51-69,6
LOC652744 5	NA	0,4864	0,1722	1,09	53,4	43,8-62,8
IGKV1D-13	NA	0,5177	0,1597	1,1	53,2	43,7-62,5
COL15A1	NA	0,6601	0,54	1,22	60,6	51-69,6
IGFBP5	NA	0,7663	0,3504	1,25	57	47,4-66,3
LGALS1	NA	0,8555	0,4626	1,16	59,1	49,5-68,3
COL6A3	NA	0,8739	0,4412	1,2	58,7	49,1-67,9
HLA-DQA1	NA	0,9084	0,5417	1,28	60,7	51,1-69,6
HLA-DRA	NA	0,9084	0,5391	1,28	60,6	51-69,6
ST6GALNAC1	NA	0,9452	0,2594	1,15	55,2	45,6-64,5

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens - Spec	CI (95)
HLA-DPA1	NA	0,9664	0,4166	1,39	58,3	48,7-67,4
IGLV1-44	NA	0,9777	0,2865	1,07	55,7	46,1-64,9
TNC	NA	0,9905	0,3682	1,09	57,3	47,7-66,5
HBA1	NA	0,9979	0,47	1,21	59,3	49,6-68,4
HBA2	NA	0,9979	0,4705	1,21	59,3	49,6-68,3

Tabla 3

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
230788_at	SPTLC3:GCNT2	2,1587E-27	3,9562	13,36	97,6	94,2-99,2
228706_s_at	CLDN23	4,2694E-20	3,0727	3,47	93,8	88,3-97,1
231120_x_at	PKIB	5,9397E-20	3,1191	3,28	94,1	88,6-97,3
224412_s_at	TRPM6	2,2514E-19	3,0115	7,5	93,4	87,7-96,8
220037_s_at	XLKD1	3,5991E-19	2,9405	7,44	92,9	87-96,5
209613_s_at	ADH1B:ADH1A	4,6957E-19	3,0158	4,67	93,4	87,7-96,9
204719_at	ABCA8	1,2559E-18	2,9171	6,82	92,8	86,8-96,5
231773_at	ANGPTL1	1,4172E-17	2,7946	4,64	91,9	85,6-95,9
225575_at	LIFR	2,4532E-17	2,7797	6,36	91,8	85,5-95,8
220812_s_at	HHLA2	3,4739E-17	2,6718	10,02	90,9	84,4-95,2
211549_s_at	HPGD	3,6502E-17	2,8451	3,21	92,3	86,1-96,1
202920_at	ANK2	2,5934E-16	2,6488	6,76	90,7	84,2-95,1

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
231925_at	P2RY1	1,4091E-15	2,5329	3,6	89,7	82,8-94,4
207080_s_at	PYY	3,5022E-15	2,4783	11,71	89,2	82,2-94
228885_at	RPL24:LOC731365	1,2312E-14	2,5575	1,63	90	83,1-94,6
228766_at	CD36	6,2677E-14	2,4687	1,65	89,1	82,1-94
204931_at	TCF21	2,5147E-13	2,3036	2,34	87,5	80,1-92,8
205433_at	BCHE	3,1756E-13	2,2538	6,21	87	79,5-92,5
207980_s_at	CITED2	5,2905E-13	2,2709	1,64	87,2	79,7-92,6
209170_s_at	GPM6B	4,0429E-12	2,1588	3,59	86	78,1-91,6
220376_at	LRRC19	6,7548E-12	2,0763	4,51	85	77,1-90,9
228504_at	No Symbol	9,1926E-12	2,152	1,61	85,9	78,2-91,6
228854_at	No Symbol	9,1926E-12	2,1538	1,61	85,9	78,2-91,6
235146_at	No Symbol	9,1926E-12	2,1537	1,61	85,9	78,2-91,6
221305_s_at	UGT1A10:UGT1A7:UGT1A8:UGT1 A1:UGT1A9:UGT1A6:UGT1A5:UG T1A3:UGT1A4	1,0319E-11	2,0677	4,56	84,9	77,1-90,9
203881_s_at	DMD	5,0063E-11	2,0137	4,74	84,3	76,3-90,4
206637_at	P2RY14	1,3104E-10	1,9836	2	83,9	75,8-90,1
214598_at	CLDN8	2,9225E-10	1,8624	12,96	82,4	74,1-88,9
227529_s_at	AKAP12	7,4077E-09	1,7434	2,83	80,8	72,3-87,5
219948_x_at	LOC642329:UGT2A3	8,638E-09	1,741	4,89	80,8	72,3-87,6

Diana PS	Símbolo	Signif. FDR	D.val5	FC	Sens-Spec	CI (95)
222717_at	SDPR	9,6207E-08	1,5993	2,21	78,8	70,1-85,9
229831_at	CNTN3	1,1953E-07	1,6145	3,93	79	70,3-86,1
204940_at	PLN	4,1416E-07	1,5439	2,01	78	69,2-85,2
227827_at	SORBS2	4,2323E-05	1,3016	2,1	74,2	65,1-81,9
238751_at	SORBS2	4,2323E-05	1,3015	2,1	74,2	65,1-82
209209_s_at	PLEKHC1	0,0007	1,0304	1,82	69,7	60,3-78
206664_at	SI	0,0054	0,9301	2,79	67,9	58,4-76,3

Tabla 4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val 5	FC	Sens-Spec	CI (95)
ANK2	314086-HuGene_st:282874-HuGene_st:382431-HuGene_st:229308-HuGene_st:779600-HuGene_st:297624-HuGene_st:385943-HuGene_st:730140-HuGene_st:442277-HuGene_st:699309-HuGene_st:182816-HuGene_st:202921_s_at:799860-HuGene_st:868462-HuGene_st:634421-HuGene_st:571536-HuGene_st:1050903-HuGene_st:649509-HuGene_st:239935-HuGene_st:202920_at	2,59E-16	2,6515	6,76	90,8	84,1-95,1
DMD	945600-HuGene_st:12596-HuGene_st:434657-HuGene_st:676962-HuGene_st:1020969-HuGene_st:170680-HuGene_st:855670-HuGene_st:909848-HuGene_st:134644-HuGene_st:887814-HuGene_st:649184-HuGene_st:110990-HuGene_st:914217-HuGene_st:961622-HuGene_st:514011-HuGene_st:842792-HuGene_st:445483-HuGene_st:208086_s_at:987362-HuGene_ st:997308-HuGene_st	5,01E-11	2,0162	4,74	84,3	76,3-90,4
ABCA8	57305-HuGene_st:111752-HuGene_st:61357-HuGene_st:123451-HuGene_st:740746-HuGene_st:512280-HuGene_st:389185-HuGene_st:427721-HuGene_st:346028-HuGene_st:224566-HuGene_st:149653-HuGene_st:680699-HuGene_st:76772-HuGene_st:742091-HuGene_st:423333-HuGene_st:559944-HuGene_st:341399-HuGene_st:1565780_at:863400-HuGene_st:921748-HuGene_st:623719-HuGene_st:204719_at:123143-HuGene_ st:1077391-HuGene_st	1,26E-18	2,9182	6,82	92,8	86,8-96,5
TCF21	804657-HuGene_st:106365-HuGene_st:710514-HuGene_st:299556-HuGene_st:608149-HuGene_st:242233-HuGene_st:655881-HuGene_st:356773-HuGene_st:788445-	2,51E-13	2,3037	2,34	87,5	80,1-92,9

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val 5	FC	Sens-Spec	CI (95)
	HuGene_st:709897-HuGene_st:605488-HuGene_st:652466-HuGene_st:204931_at:830709-HuGene_st:273418-HuGene_st:1004754-HuGene_st:990861-HuGene_st:238739-HuGene_st:836241-HuGene_st:110045-HuGene_st:229529_at:1001969-HuGene_st					
PLN	204938_s_at:418214-HuGene_st:769837-HuGene_st:603329-HuGene_st:1048096-HuGene_st:944510-HuGene_st:430402-HuGene_st:86633-HuGene_st:795093-HuGene_st:377757-HuGene_st:770145-HuGene_st:920628-HuGene_st:594048-HuGene_st:800583-HuGene_st:204939_s_at:556723-HuGene_st:818339-HuGene_st:175524-HuGene_st:498924-HuGene_st:204940_at	4,14E-07	1,5399	2,01	77,9	69,2-85,2
BCHE	228090-HuGene_st:752051-HuGene_st:800167-HuGene_st:221362-HuGene_st:155900-HuGene_st:717363-HuGene_st:536584-HuGene_st:146780-HuGene_st:302487-HuGene_st:508472-HuGene_st:516293-HuGene_st:968992-HuGene_st:666625-HuGene_ st:923158-HuGene_st	3,18E-13	2,2544	6,21	87	79,4-92,5
P2RY14	528057-HuGene_st:780310-HuGene_st:235178-HuGene_st:352954-HuGene_st:699489-HuGene_st:38001-HuGene_st:637791-HuGene_st:25606-HuGene_st:40647-HuGene_st:896487-HuGene_st:672149-HuGene_st:863820-HuGene_st:352427-HuGene_st:632821-HuGene_st:116148-HuGene_ st:561792-HuGene_st:840910-HuGene_st:296420-HuGene_st:974643-HuGene_st:206637_at	1,31E-10	1,9805	2	83,9	75,9-90
PYY	656845-HuGene_st:816022-HuGene_st:633572-HuGene_st:20355-HuGene_st:240779-HuGene_st:638358-HuGene_st:879780-HuGene_st:207080_s_at:211253_x_at:368591-HuGene_ st	3,50E-15	2,4828	11,71	89,3	82,2-94
CITED2	125201-HuGene_st:410723-HuGene_st:463405-HuGene_st:401168-HuGene_st:1012057-HuGene_st:235057-HuGene_st:361772-HuGene_st:207980_s_at:1091907-HuGene_st:985355-HuGene_st:175990-HuGene_st:227287_at:48433-HuGene_st:209357_at:477746-HuGene_st:243264-HuGene_st:904401-HuGene_st:328536-HuGene_st:1095110-HuGene_st:89784-HuGene_st:206734-HuGene_st:927615-HuGene_st	5,29E-13	2,269	1,64	87,2	79,7-92,6
GPM6B	599862-HuGene_st:754598-HuGene_st:503642-HuGene_st:224935-HuGene_st:754449-HuGene_st:577489-HuGene_st:1073242-HuGene_st:560873-HuGene_st:1003662-HuGene_st:430217-HuGene_st:903323-HuGene_st:231962-HuGene_st:244945-HuGene_st:562460-HuGene_st:583561-HuGene_ st:209168_at	4,04E-12	2,1547	3,59	85,9	78,2-91,7
PLEKHC1	831786-HuGene_st:88016-HuGene_st:1087035-HuGene_st:530331-HuGene_st:209209_s_at:184398-HuGene_st:904923-HuGene_st:193550-HuGene_st:468805-HuGene_st:104495-HuGene_st:604317-HuGene_st:501652-HuGene_st:118096-HuGene_st:321532-HuGene_st:675257-HuGene_st:79496-HuGene_st:590867-HuGene_st:147248-HuGene_st:627402-HuGene st:377514-HuGene_st	7,00E-04	1,0307	1,82	69,7	60,4-78

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val 5	FC	Sens-Spec	CI (95)
ADH1B	1078343-HuGene_st:512808-HuGene_st:614446-HuGene_st:910188-HuGene_st:422504-HuGene_st:731361-HuGene_st:209612_s_at:258079-HuGene_st:568239-HuGene_st:879930-HuGene_st:420417-HuGene_st: 1025048-HuGene_st:908335-HuGene_st:654633-HuGene_st:947292-HuGene_st:1087125-HuGene_st:1004870-HuGene_st:209613_s_at:579636-HuGene_ st:681018-HuGene_st:822774-HuGene_st	4,70E-19	3,0174	4,67	93,4	87,7-96,9
XLKD1	520080-HuGene_st:1091117-HuGene_st:943125-HuGene_st:444068-HuGene_st:648558-HuGene-st:346991-HuGene-st:1006205-HuGene_st:373107-HuGene_st:682535-HuGene_st:1083245-HuGene_st:863143-HuGene_st:820120-HuGene_st:1044561-HuGene_st:220037_s_at:541228-HuGene_st:220256-HuGene_st:289122-HuGene_st:219059_s_at:246683-HuGene_st:775976-HuGene_st:207399-HuGene_st:1052557-HuGene_st:92121-HuGene_st	3,60E-19	2,9461	7,44	93	87,1-96,6
LRRC19	177641-HuGene_st:1070020-HuGene_st:1055140-HuGene_st:525999-HuGene_st:937256-HuGene_st:620791-HuGene_st:891251-HuGene_st:707559-HuGene_st:892056-HuGene_st:764919-HuGene_st:382143-HuGene_st:52584-HuGene_st:920414-HuGene_st:1028155-HuGene_st:755055-HuGene_st:678651-HuGene_st:1080156-HuGene_st:530282-HuGene_st:523877-HuGene_st:335198-HuGene_st:787709-HuGene_st:153175-HuGene st:220376_at	6,75E-12	2,0779	4,51	85,1	77,1-91
SDPR	878908-HuGene_st:781527-HuGene_st:331976-HuGene_st:238150-HuGene_st:306039-HuGene_st:535903-HuGene_st:302361-HuGene_st:1005813-HuGene_st:71118-HuGene_st:992629-HuGene_st:218711_s_at:293110-HuGene_st:779040-HuGene_st:222717_at:970479-HuGene_st:581654-HuGene_st	9,62E-08	1,6036	2,21	78,9	70-85,9
TRPM6	767074-HuGene_st:695352-HuGene_st:411125-HuGene_st:221102_s_at:234864_s_at:240389_at:3 58229-HuGene_st:755964-HuGene_st:840301-HuGene_st:959234-HuGene_st:782639-HuGene_st:833079-HuGene_st:1066034-HuGene_st:678013-HuGene_st:249083-HuGene_st:143934-HuGene_st:159130-HuGene_st:486486-HuGene_st:185057-HuGene_st:878793-HuGene_st:133981-HuGene_st:224412_s_at:202194-HuGene_st	2,25E-19	3,0111	7,5	93,4	87,7-96,8
LIFR	275506-HuGene_st:323055-HuGene_st:444251-HuGene_st:1056178-HuGene_st:398104-HuGene_st:917434-HuGene_st:1044918-HuGene_st: 167500-HuGene_st:423760-HuGene_st:837336-HuGene_st:321505-HuGene_st:918321-HuGene_st:252278-HuGene_st:884504-HuGene_st:124845-HuGene_st:499777-HuGene_st:969722-HuGene_st:709439-HuGene_st:611505-HuGene_st:227771_at:287217-HuGene_st:205876_at:225571_at:229185_at:23336 7_at:1093011-HuGene_st	2,45E-17	2,7814	6,36	91,8	85,5-95,8
AKAP12	212419-HuGene_st:231067_s_at:379659-HuGene_st:1010338-HuGene_st:1075094-HuGene_st:42401-HuGene_st:522584-HuGene_st:480972-HuGene_st:948623-HuGene_st:701945-HuGene_st:276784-HuGene_st:64858-HuGene_st:210517_s_at:874382-HuGene_st:909976-	7,41E-09	1,7456	2,83	80,9	72,4-87,6

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val 5	FC	Sens-Spec	CI (95)
	HuGene_st:182037-HuGene_st:417182-HuGene_st:722881-HuGene_st					
CLDN23	403960-HuGene_st:25144-HuGene_st:947653-HuGene_st:228704_s_at:228706_s_at:320375-HuGene_st:441629-HuGene_st:367414-HuGene_st:855269-HuGene_st:228707_at:788659-HuGene_st:698816-HuGene_st:95789-HuGene_st:270197-HuGene_st:472976-HuGene_st:280539-HuGene_st:1056334-HuGene_ st:516288-HuGene_st:579963-HuGene_st	4,27E-2C	3,0748	3,47	93,8	88,2-97,1
CD36	392196-HuGene_st:274514-HuGene_st:477005-HuGene_st:691585-HuGene_st:872909-HuGene_st:543050-HuGene_st:603343-HuGene_st:514557-HuGene_st:296850-HuGene_st:945913-HuGene_st:495755-HuGene_st:206488_s_at:1035854-HuGene_st:887301-HuGene_st:836370-HuGene_st:209555_s_at:939919-HuGene_st:507440-HuGene_st:151788-HuGene_st:146280-HuGene_st:360545-HuGene_st:1051486-HuGene_st:228766_at:512885-HuGene_st	6,27E-14	2,4696	1,65	89,2	82,1-94
RPL24	1559655_at:1559656_a_at:228885_at	1,23E-14	2,5568	1,63	89,9	83,1-94,6
GCNT2	935239-HuGene_st:225205-HuGene_st:1026280-HuGene_st:668101-HuGene_st:1099985-HuGene_st:698568-HuGene_st:134540-HuGene_st:697147-HuGene_st:250092-HuGene_st:611927-HuGene_st:972833-HuGene_st: 168891-HuGene_st:990860-HuGene_st:109287-HuGene_st:322116-HuGene_st:231019-HuGene_st:211020_at:959570-HuGene_st:858764-HuGene_st:215593_at:820195-HuGene_st:239606_at:41059-HuGene_st:669940-HuGene_st:215595_x_at:230788_at	2,16E-27	3,9536	13,36	97,6	94,1-99,2
PKIB	866170-HuGene_st:1055812-HuGene_st:264946-HuGene_st:684057-HuGene_st:124791-HuGene_st:134561-HuGene_st:1026756-HuGene_st:468593-HuGene_st:1045852-HuGene_st:939917-HuGene_st:110205-HuGene_st:660721-HuGene_st:905229-HuGene_ st:223551_at:610426-HuGene_st	5,94E-20	3,1204	3,28	94,1	88,6-97,3
ANGPTL1	572942-HuGene_st:891312-HuGene_st:953040-HuGene_st:232844-HuGene_st:145730-HuGene_st:142205-HuGene_st:227771-HuGene_st:80584-HuGene_st:982090-HuGene_st:999640-HuGene_st:672931-HuGene_st:148578-HuGene_st:224339_s_at:1046706-HuGene_st:239183_at:155600-HuGene_st:284674-HuGene_st:231773_at:818064-HuGene_st:978991-HuGene_st:728775-HuGene_st	1,42E-17	2,7964	4,64	91,9	85,6-95,9
SI	9605-HuGene_st:514814-HuGene_st:809314-HuGene_st:576613-HuGene_st:45502-HuGene_st:369676-HuGene_st:438636-HuGene_st:267204-HuGene_st:326716-HuGene_st:897825-HuGene_st:377666-HuGene_st:519273-HuGene_st:325741-HuGene_st:245381-HuGene_st:108368-HuGene_st:464198-HuGene_st:679193-HuGene_st:168180-HuGene_st	5,40E-03	0,9299	2,79	67,9	58,4-76,4

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val 5	FC	Sens-Spec	CI (95)
HPGD	291863-HuGene_st:375608-HuGene_st:793406-HuGene_st:436293-HuGene_st:75568-HuGene_st:211549_s_at:684728-HuGene_st:674596-HuGene_st:527856-HuGene_st:329920-HuGene_st:748432-HuGene_st:259392-HuGene_st:769902-HuGene_st:620673-HuGene_st:450707-HuGene_st:203913_s_at:304752-HuGene_st:447604-HuGene_st:170968-HuGene_ _st:852359-HuGene_st:836377-HuGene_st:242733_at:243846-HuGene_st:136281-HuGene_st:203914_x_at:211548_s_at:288252-HuGene_ st	3,65E-17	2,8462	3,21	92,3	86,2-96,1
CLDN8	1018006-HuGene_st:190634-HuGene_st:590280-HuGene_ st:186468-HuGene_st:954438-HuGene_st:428391-HuGene_st:480543-HuGene_st:944337-HuGene_st:179725-HuGene_st:508584-HuGene_st:1009114-HuGene_st:948216-HuGene_st:658285-HuGene_st:1022600-HuGene_st:737498-HuGene_st:470015-HuGene_st:103315-HuGene_st:699348-HuGene_st:89877-HuGene_st:56937-HuGene_st:862663-HuGene_ st:504945-HuGene_st:214598_at	2,92E-10	1,8639	12,96	82,4	74,1-88,9
UGT2A3	149647-HuGene_st:860083-HuGene_st:922544-HuGene_st:244206-HuGene_st:503323-HuGene_st:353576-HuGene_st:603619-HuGene_st:787458-HuGene_st:219796-HuGene_st:333564-HuGene_st:257402-HuGene_st:366699-HuGene_st:461685-HuGene_st:891681-HuGene_st:644952-HuGene_st:621618-HuGene_st:737617-HuGene_st:88682-HuGene_st:529761-HuGene_st:895203-HuGene_st:658594-HuGene_ st:455115-HuGene st	8,64E-09	1,7422	4,89	80,8	72,3-87,5
HHLA2	371335-HuGene_st:978721-HuGene_st:1065567-HuGene_st:282548-HuGene_st:240410-HuGene_st:170899-HuGene_st:947848-HuGene_st:438234-HuGene_st:220812_s_at:927495-HuGene_st:351364-HuGene_st:234673_at:993142-HuGene_st:1009637-HuGene_st:335000-HuGene_st:285313-HuGene_st:533646-HuGene_st:234624_at:458597-HuGene_st:104838-HuGene_st:26687-HuGene_st:258409-HuGene_st:493304-HuGene_st:378019-HuGene_st:576796-HuGene_st	3,47E-17	2,6743	10,02	90,9	84,3-95,2
UGT1A8	116025-HuGene_st:6488-HuGene_st:881135-HuGene_st:230953_at:221304_at:221305_s_at:511 516-HuGene_st:594963-HuGene_st:396121-HuGene_st:123777-HuGene_st:1016481-HuGene_st:204532_x_at:683377-HuGene_st:1055169-HuGene_st:1035103-HuGene_st:1088102-HuGene_st:207126_x_at:42874-HuGene_st:215125_s_at:206094_x_at:208596_s_a t:97211-HuGene_st:1009861-HuGene_st:603368-HuGene_st:232654_s_at:625897-HuGene_ st:998604-HuGene_st	1,32E-11	2,0703	4,56	85	77,1-90,9
CNTN3	267567-HuGene_st:782053-HuGene_st:550157-HuGene_st:541394-HuGene_st:989173-HuGene_st:15899-HuGene_st:78622-HuGene_st:339738-HuGene_st:585282-HuGene_st:661814-HuGene_st:360715-HuGene_st:695033-HuGene_st:483058-HuGene_st:555394-HuGene_st:315011-HuGene_st:905374-HuGene_st:1067212-HuGene_st:557263-HuGene_st:233502_at:811729-HuGene_ st:87414-HuGene_st	1,20E-07	1,6155	3,93	79	70,3-86,1

Símbolo génico	ValidPS_DOWN	Signif. FDR	D.val 5	FC	Sens-Spec	CI (95)
P2RY1	628249-HuGene_st:113454-HuGene_st:627857-HuGene_st:461281-HuGene_st:207455_at:259065-HuGene_st:797734-HuGene_st:135788-HuGene_st:42916-HuGene_st:315405-HuGene_st:340050-HuGene_st: 173225-HuGene_st:919818-HuGene_st:591228-HuGene_st:899117-HuGene_st:785070-HuGene_ st:286200-HuGene_st:231925_at	1,41E-15	2,5326	3,6	89,7	82,8-94,4
SORBS2	238751_at:805920-HuGene_st	4,23E-05	1,3026	2,1	74,3	65,1-82

Tabla 5

Gen	Sangre Normal	MRC5	CaCo2	HCT116	HT29	SW480
CXCL12	Desmet	bajo	desmet	met	met	desmet
DF	Bajo	met	met	met	desmet	met
MAMDC2	Desmet	desmet	met	desmet	desmet	met
CA4	desmet	desmet	met	met	met	desmet
MT1M	bajo	bajo	bajo	met	bajo	met
P2RY14	desmet	Bajo	Met	Met	Desmet	Met
GPM6B	Bajo	Bajo	Bajo	Met	Met	Met
ADAMDEC1	bajo	Desmet	Met	Met	desmet	met

Tabla 6

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
1	200600 _at	tagtcttggggcaggatgattttggcctcattactttaccacccccacacctggaaagcatatactatattacaaaatgacattttgcca aaattattaatataagaagctttcagtattagtgatgtcatctgtcactataggtcatacaatccattcttaaagtacttgttatttgtttttatt attactgtttgtcttctccccagggttcagtccctcaaggggccatcctgtcccaccatgcagtgccccctagcttagagcctccctcaa ttccccctggccaccacccccccactctgtgcctgaccttgaggagtcttgtgtgcattgctgtgaattagctcacttggtgatatgtcctat attggctaaattgaaacctggaattgtggggcaatctattaatagctgccttaaagtcagtaacttacccttagggaggctgggggaa aaggttagattttgtattcaggggtttttgtgtacttttgggtttttaaaaaattgtttttggaggggtttatgctcaatccatgt
2	200621 _at	gatagcctcccactaggactgggaggagaataacccaggtcttaaggaccccaaagtcaggatgttgtttgatcttctcaaacatct agttccctgcttgatgggaggatcctaatgaaatacctgaaacatatattggcatttatcaatggctcaaatcttcatttatctctggcctt aaccctggctcctgaggctgcggccagcagagcccaggccagggctctgttcttgccacacctgcttgatcctcagatgtggagg gaggtaggcactgcctcagtcttcatccaaacacctttccctttgccctgagacctcagaatcttcccttaacccaagaccctgcctct tccactccacccttctccagggacccttagatcacatcactccacccctgccaggccccaggttaggaatagtggtgggaggaag gggaaagggctgggcctcaccgctcccagcaactgaaaggacaacactatctggagccacccactgaaagggctgcaggcat gggctgtac

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
3	200665 _s_at	gttggttcaaacttttgggagcacggactgtcagttctctgggaagtggtcagcgcatcctgcagggcttctcctcctctgtcttttggag aaccagggctcttctcaggggctctagggactgccaggctgtttcagccaggaaggccaaaatcaagagtgagatgtagaaagt tgtaaaatagaaaaagtggagttggtgaatcggttgttctttcctcacatttggatgattgtcataaggtttttagcatgttcctccttttcttc accctccccttttgttcttctattaatcaagagaaacttcaaagttaatgggatggtcggatctcacaggctgagaactcgttcacctcca agcatttcatgaaaaagctgcttcttattaatcatacaaactctcaccatgatgtg
4	200795 _at	aacactgcataacccgtttctttgaggagtgtgaccccaacaaggataagcacatcaccctgaaggagtggggccactgctttgg aattaaagaagaggacatagatgaaaatctcttgttttgaacgaagattttaaagaactcaactttccagcatcctcctctgttctaac cacttcagaaatatatgcagctgtgatacttgtagatttatatttagcaaaatgttagcatgtatgacaagacaatgagagtaattgctt gacaacaacctatgcaccaggtatttaacattaactttggaaacaaaaatgtacaattaagtaaagtcaacatatgcaaaatactgt acattgtgaacagaagtttaattcatagtaatttcactctctgcattgacttatgagataattaatgattaaactattaatgataaaaataa tgcatttgtattgttcataatatcatgtgcacttcaagaaaatggaatgctactcttttgtggtttac
5	200799 _at	ggccgacaagaagaaggtgctggacaagtgtcaagaggtcatctcgtggctggacgccaacaccttggccgagaaggacgag tttgagcacaagaggaaggagctggagcaggtgtgtaaccccatcatcagcggactgtaccagggtgccggtggtcccgggcct gggggcttcggggctcagggtcccaagggagggtctgggtcaggccccaccattgaggaggtagattaggggcctttccaagatt gctgtttttgttttggagcttcaagactttgcatttcctagtatttctgtttgtcagttctcaatttcctgtgtttgcaatgttgaaatttttttggtgaa gtactgaacttgctttttttccggtttctacatgcagagatgaatttatactgccatcttacgactatttcttctttttaatacacttaactcagg ccatttttt
6	200845 _s_at	tcctgtcacccattttgaagagtggcagaacttgaagttcaacttcctctgtaaatatccaagtataaagcccaggaacttctagaata acccagatgcgctttaatttttttaatatgttttgatcacagaacttctagaataacccagatgctctttcatattcttttaatacatcttgatc acagctgggggaaaaaaagctttttaattctgtaccttcctagtagataagtgaagagcagggaaagagacctttaaatattttgcta taaaaaaatttgtgataagtttctatcaaaatggggagattgcagaaaaggcttcccttggctcccaaggaggtgtagcaggtgtga gcaatattagtgccatgtgcctttcacacagggtttgcatttatcagtctgttttccgatgatgtgtacatgaaagagtacaccatgtgaa gagaagagagaatgattgaaaatgttttagtatagaactcttcttgcagtgggttgctattttctagatttta
7	200859 _x_at	gtttgtagactctctgaccaaggccacctgtgccccccagcatggggccccgggtcctgggcctgctgacgccagcaaggtggtg gccaagggcctggggctgagcaaggcctacgtaggccagaagagcagcttcacagtagactgcagcaaagcaggcaacaa catgctgctggtgggggttcatggcccaaggacccccctgcgaggagatcctggtgaagcacgtgggcagccggctctacagcgt gtcctacctgctcaaggacaaggggagtacacactggtggtcaaatgggggcacgagcacatcccaggcagcccctaccgc gttgtggtgccctgagtctggggcccgtgccagccggcagcccccaagcctgccccgctacccaagcagccccgccctcttcccc tcaaccccggcccaggccgccctggccgcccgcctgtcactgcagctgcccctgccctgtgccgtgctgcgctcacctgcctcccc agccagccgctgacctctcggctttcacttgggcagagggagccatttggtggcgctgct
8	200884 _at	cctcacccagattgaaactctcttcaagtctaaggactatgagttcatgtggaaccctcacctgggctacatcctcacctgcccatcc aacctgggcaccgggctgcgggcaggtgtcgatatcaagctgcccaacctgggcaagcatgagaagttctcggaggtgcttaag cggctgcgacttcagaagcgaggcacaggcggtgtggacacggctgcggtgggcggggtcttcgacgtctccaacgctgaccg cctgggcttctcagaggtggagctggtgcagatggtggtggacggagtgaagctgctcatcgagatggaacagcggctggagca gggccaggccatcgacgacctcatgcctgcccagaaatgaagcccggcccacacccgacaccagccctgctgcttcctaactta ttgcctgcagtgcccaccatgcacccctcgatgttgccgtctggcgagcccttagccttgctgtaaggaaggcttccgtcacccttggt agaqtttat
9	200897 _s_at	ctctcttagctcagttactcaattcatacgtagtatttttttaaaataattttatatctgtgtaccaccccatatatttcatattactgtttcacatgt acagctttctacttctttgtaagaacaccaaccaaccaaggtttaagtgattaataggcttgagcaccgggtggcagatgttctatgca gtgtggttcaagtttctttgaccgcacttatatgcattgctaatatggaatttaagataccatacacagtctctcatggacctatctctattgt agaattatgacttatgtcttacttggcaaatttttctgaatgtgacctttttttgctgatttgctgggtttgggattaactagcattattttgccac ctt
10	200974 _at	aagagttacgagttgcctgatgggcaagtgatcaccatcggaaatgaacgtttccgctgcccagagaccctgttccagccatccttc atcgggatggagtctgctggcatccatgaaaccacctacaacagcatcatgaagtgtgatattgacatcaggaaggacctctatgc
		taacaatgtcctatcaggggcaccactatgtaccctggcattgccgaccgaatgcagaaggagatcacggccctagcacccag caccatgaagatcaagatcattgcccctccggagcgcaaatactctgtctggatcggtggctccatcctggcctctctgtccaccttc cagcagatgtggatcagcaaacaggaatacgatgaagccgggccttccattgtccaccgcaaatgcttctaaaacactttcctgct cctctctgtctctagcacacaactgtgaatgtcctgtggaattatgccttcagttcttttccaaatcattcctagccaaagctctgactcgt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
11	200986 _at	gacgaccagccaggatatgctctcaatcatggagaaattggaattcttcgatttttcttatgaccttaacctgtgtgggctgacagagg acccagatcttcaggtttctgcgatgcagcaccagacagtgctggaactgacagagactggggtggaggcggctgcagcctccg ccatctctgtggcccgcaccctgctggtctttgaagtgcagcagcccttcctcttcgtgctctgggaccagcagcacaagttccctgtc ttcatggggcgagtatatgaccccagggcctgagacctgcaggatcaggttagggcgagcgctacctctccagcctcagctctca gttgcagccctgctgctgcctgcctggacttgcccctgccacctcctgcctcaggtgtccgctatccaccaaaagggctcctgagggt ctgggcaagggacctgcttctattagcccttctccatggccctgccatgctctccaaaccacttttgcagctttctc
12	201041 _s_at	gcaataactctgggaggggctcgagagggctggtccttatttatttaacttcacccgagttcctctgggtttctaagcagttatggtgat gacttagcgtcaagacatttgctgaactcagcacattcgggaccaatatatagtgggtacatcaagtccatctgacaaaatggggc agaagagaaaggactcagtgtgtgatccggtttctttttgctcgcccctgtttttgtagaatctcttcatgcttgacatacctaccagtatt attcccgacgacacatatacatatgagaatatacctttatttatttttgtgtaggtgtctgccttcacaaatgtcattgtctactcctagaa
13	201058 _s_at	gcatcctcaaacatggcgccaaggataaacacgactaggccatccccagccccctgacacccagcccccgccagtcacccctc cccgcacacacccgtccataccagctccctgcccatgaccctcgctcagggatccccctttgagggttagggtcccagttcccagt ggaagaaacaggccaggagagtgcgtgccgagctgaggcagatgttcccacagtgaccccagagccctgggctatagtctctg acccctccaaggaaagaccaccttctggggacatgggctggagggcaggacctagaggcaccaagggaaccgcattccggg gctgttccccgaggaggaagggaagcctctgtgtgccccccaggaggaagaggccctgagtcctgggatcagacacccccttca cgtgtatcccacacaaatgcaagctcaccaaggtccc
14	201061 _s_at	tatagctctctttagctcaaccactctgtccatccagccaatggatgtccttccctgtacccaattcaagcttatttttagggaagccttga aactaccatgtatctggctctagctgagttattgaggattgagccagtgcaacgttaaactcagtgcacttacatttgatttaaatgatg gttttatctgttgtgtgaagtggttcacccttgaggaccaggagcctccatatcctgactgaaaaccttttctgagacttagagtaacagt acttttggttccttgagttctcctgtctccagatacctaaatgaccttgacttttctgccttgtgaattcgtagtccaatcagctgaaattaaa tcacttgggagggacgcatagaaggagctctaggaacacagtgccagtgcagaagtttctccaggtggcc
15	201069 _at	ctcagagccacccctaaagagatcctttgatattttcaacgcagccctgctttgggctgccctggtgctgccacacttcaggctcttctc ctttcacaaccttctgtggctcacagaacccttggagccaatggagactgtctcaagagggcactggtggcccgacagcctggca cagggcagtgggacagggcatggccaggtggccactccagacccctggcttttcactgctggctgccttagaacctttcttacatta gcagtttgctttgtatgcactttgttttttttctttgggtcttgttttttttttccacttagaaattgcatttcctgacagaaggactcaggttgtctga agtcactgcacagtgcatctcagcccacatagtgatggttcccctgttcactctacttagcatgtccctaccgagtctcttctccactgg atggaggaaaaccaagccgtggcttcccgctcagccctccctgcccctccttcaaccattccccatgggaaat
16	201105 _at	ctcctggactcaatcatggcttgtggtctggtcgccagcaacctgaatctcaaacctggagagtgccttcgagtgcgaggcgaggt ggctcctgacgctaagagcttcgtgctgaacctgggcaaagacagcaacaacctgtgcctgcacttcaaccctcgcttcaacgcc cacggcgacgccaacaccatcgtgtgcaacagcaaggacggcggggcctgggggaccgagcagcgggaggctgtctttccct tccagcctggaagtgttgcagaggtgtgcatcaccttcgaccaggccaacctgaccgtcaagctgccagatggatacgaattcaa gttccccaaccgcctcaacctggaggccatcaactacatggcagctgacggtgacttcaa
17	201137 _s_at	ggcagcattcaagtccgatggttcctgaatggacaggaggaaacagctggggtcgtgtccaccaacctgatccgtaatggagact ggaccatccagatcctggtgatgctggaaatgacccccagcagggagacgtctacatctgccaagtggagcacaccagcctg gatagttccgtcaccgtggagtggaaggcacagtctgattctgcccagagtaagacattgacgggagctgggggcttcgtgctgg ggctcatcatctgtggagtgggactcttcatgcacaggaggagcaagaaagttcaacgaggatctgcataaacagggttcctgac ctcaccgaaaagactaatgtgccttagaacaagcatttgctgtgttttgttaacacctggttccaggacagaccctcagcttcccaag aggatactgctgccaagaagttgctctgaagtcagtttctatcgttctgctctttgattcaaa
18	201141 _at	agaggcgggatactttcagctttccatgtaactgtatgcataaagccaatgtagtccagtttctaagatcatgttccaagctaactgaa tcccacttcaatacacactcatgaactcctgatggaacaataacaggcccaagcctgtggtatgatgtgcacacttgctagactcag aaaaaatactactctcataaatgggtgggagtattttggtgacaacctactttgcttggctgagtgaaggaatgatattcatatattcatt tattccatggacatttagttagtgctttttatataccaggcatgatgctgagtgacactcttgtgtatatttccaaatttttgtatagtcgctgc acatatttgaaatcatatattaagactttccaaagatgaggtccctggtttttcatggcaacttgatcagtaaggatttcacctctgtttgta acta
19	201150 _s_at	gacttttggaatagccctgtctagggcaaactgtggcccccaggagacactaccttccatgccccagacctctgtcttgcatgtga caattgacaatctggactaccccaagatggcacccaagtgtttggcttctggctacctaaggttaacatgtcactagagtatttttatga gagacaaacattataaaaatctgatggcaaaagcaaaacaaaatggaaagtaggggaggtggatgtgacaacaacttccaaa ttggctctttggaggcgagaggaaggggagaacttggagaatagtttttgctttgggggtagaggcttcttagattctcccagcatccg cctttccctttagccagtctgctgtcctgaaacccagaagtgatggagagaaaccaacaagagatctcgaaccctgtctagaagg aatgtatttgttgctaaatttcgtagcactgtttacagttttcctccatgttatttatg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
20	201289 _at	gccacgattggagaatactttgcttcatagtattggagcacatgttactgcttcattttggagcttgtggagttgatgactttctgttttctgttt gtaaattatttgctaagcatattttctctaggctttttttccttttggggttctacagtcgtaaaagagataataagattagttggacagtttaa agcttttattcgtcctttgacaaaagtaaatgggagggcattccatcccttcctgaaggggggacactccatgagtgtctgtgagaggc
		agctatctgcactctaaactgc
21	201300 _s_at	ttaggtcaagttcatagtttctgtaattggcttttgaatcaaagaatagggagacaatctaaaaaaatatcttaggttggagatgacaga aatatgattgatttgaagtggaaaaagaaattctgttaatgttaattaaagtaaaattattccctgaattgtttgatattgtcacctagcag atatgtattacttttctgcaatgttattattggcttgcactttgtgagtatctatgtaaaaatatatatgtatataaaatatatattgcataggac agacttaggagttttgtttagagcagttaacatctgaagtgtctaatgcattaacttttgtaaggtactgaatacttaatatgtgggaaac ccttttgcgtggtccttaggcttacaatgtgcactgaatcgtttcatgtaagaatccaaagtggacaccattaacaggtctttgaaatat gcatgtactttatattttctatatttgtaactttgcatgttcttgttttgtta
22	201324 _at	caccaaattacctaggctgaggttagagagattggccagcaaaaactgtgggaagatgaactttgtcattatgatttcattatcacat gattatagaaggctgtcttagtgcaaaaaacatacttacatttcagacatatccaaagggaatactcacatttttgttaagaagttgaac tatgactggagtaaaccatgtattcccttatcttttacttttttttctgtgacatttatgtctcatgtaatttgcattactctggtggattgttctagta ctgtattgggcttcttcgttaat
23	201348 _at	accagctctaggtccaattgttctgctctaactgatacctcaaccttggggccagcatctcccactgcctccaaatattagtaactatg actgacgtccccagaagtttctgggtctaccacactccccaaccccccactcctacttcctgaagggccctcccaaggctacatccc caccccacagttctccctgagagagatcaacctccctgagatcaaccaaggcagatgtgacagcaagggccacggaccccatg gcaggggtggcgtcttcatga
24	201426 _s_at	tgtggatgtttccaagcctgacctcacggctgccctgcgtgacgtacgtcagcaatatgaaagtgtggctgccaagaacctgcagg aggcagaagaatggtacaaatccnagtttgctgacctctctgaggctgccaaccggnacnatgacgccctgcgccaggcnaag caggagtccnctgagtaccggagacaggtgcagtccctcacctgtgaagtggatgcccttaaaggaaccaatgagtccctggaa cgccagatgcgtgaaatggaagagaactttgccgttgaagctgctaactaccaagacactattggccgcctgcaggatgagattc agaatatgaaggaggaaatggctcgtcaccttcgtgaataccaagacctgctcaatgttaagatggcccttgacattgagattgcc acct
25	201427 _s_at	gatccagaaatacttaacacgtgaatattttgctaaaaaagcatatataactattttaaatatccatttatcttttgtatatctaagactcat cctgatttttactatcacacatgaataaaggcctttgtatctttctttctctaatgttgtatcatactcttctaaaacttgagtggctgtcttaaa agatataaggggaaagataatattgtctgtctctatattgcttagtaagtatttccatagtcaatgatggtttaataggtaaaccaaacc ctataaacctgacctcctttatggttaatactattaagcaagaatgcagtacagaattggatacagtacggatttgtccaaat
26	201438 _at	ctccagcagttctctcgaatactttgaatgttgtgtaacagttagccactgctggtgtttatgtgaacattcctatcaatccaaattccctct ggagtttcatgttatgcctgttgcaggcaaatgtaaagtctagaaaataatgcaaatgtcacggctactctatatacttttgcttggttcat ttttttttccctttttagttaagcatgactttagatgggaagcctgtgtatcgtggagaaacaagagaccaacttttttcattccctgcccccaa tttcccagactagatttcaagctaattttctttttctgaagcctctaacaaatgatctagttcagaaggaagcaaaatcccttaatctatgt gcaccgttgggaccaatgccttaattaaagaatttaaaaaagttgtaatagagaatatttttggcattcctctcaatgttgtgtgtt
27	201495 _x_at	caagtgcagcgatggggagcgggcccgggcggagctcaatgacaaagtccacaagctgcagaatgaagttgagagcgtcac agggatgcttaacgaggccgaggggaaggccattaagctggccaaggacgtggcgtccctcagttcccagctccaggacaccc aggagctgcttcaagaagaaacccggcagaagctcaacgtgtctacgaagctgcgccagctggaggaggagcggaacagcc tgcaagaccagctggacgaggagatggaggccaagcagaacctggagcgccacatctccactctcaacatccagctctccga ctcgaagaagaagctgcaggactttgccagcaccgtggaagctctggaagaggggaagaagaggttccagaaggagatcga gaacctcacccag
28	201496 _x_at	tcaagtccaagttcaagtccaccatcgcggcgctggaggccaagattgcacagctggaggagcaggtcgagcaggaggccag agagaaacaggcggccaccaagtcgctgaagcagaaagacaagaagctgaaggaaatcttgctgcaggtggaggacgagc gcaagatggccgagcagtacaaggagcaggcagagaaaggcaatgccagggtcaagcagctcaagaggcagctggagga ggcagaggaggagtcccagcgcatcaacgccaaccgcaggaagctgcagcgggagnnggatgaggccacggagagcaa cgaggccatgggccgcgaggtgaacgcactcaagagcaagctcagagggcccccccccacaggaaacttcgcagtgatgcac caggcgaggaaacgagacctctttcgttccttctagaaggtctggaggacgtagagttattgaaaatgcagatggttctgaggagg aaacggacactcgagacgcagacttcaatggaaccaaggccagtgaataagcaactttctacagttttgcaccacgg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
29	201497 _x_at	tgagccaggaagaacgctccagcccaggacttcgaggctgcaatgagctataattgcatcattgcactccagcctgggcaacag agaccctgtctcaaccaccaccaccaccaccaccctactacccctgtattcaaggtaaaaattgaagtttgtatgatgtaagagat gagaaaaacccaacaggaaacacagacacatcctccagttctatcaatggattgtgcagacactgagtttttagaaaaacatatc cacggtaaccggtccctggcaattctgtttacatgaaatggggagaaagtcaccgaaatgggtgccgccggccccccactcccaat tcattccctaacctgcaaaccttccaacttctcacgtcaggcctttgagaattctttccccctctcctggtttccacacctcagacacgc acagttcaccaagtgccttctgtagtcacatgaattgaaaaggagacgctgctcccacggaggggagcaggaatgctgcactgttt acaccctgactgtgcttaaaa
30	201539 _s_at	tgaagtgcaacaaggccatcacatctggaggaatcacttaccaggatcagccctggcatgccgattgctttgtgtgtgttacctgctc taagaagctggctgggcagcgtttcaccgctgtggaggaccagtattactgcgtggattgctacaagaactttgtggccaagaagt gtgctggatgcaagaaccccatcactgg
31	201540 _at	cagggctgtcatcaacatggatatgacatttcacaacagtgactagttgaatcccttgtaacgtagtagttgtctgctctttgtccatgtgt taatgaggactgcaaagtcccttctgttgtgattcccaggacttttcctcaagaggaaatctggatttccacctaccgcttacctgaaat gcaggatcacctacttactgtattctacattattatatgacatagtataatgagacaatatcaaaagtaaacatgtaatgacaatacat actaacattcttgtaggagtggttagagaagctgatgcctcatttctacattctgtcattagctattatcatctaacgtttcagtg
32	201616 _s_at	cttgagaccaggagacgtatccagcaagcggaacctctgggaaaagcaatctgtggataaggtcacttcccccactaaggtttga gacagttccagaaagaacccaagctcaagacgcaggacgagctcagttgtagagggctaattcgctctgttttgtatttatgttgattt actaaattgggttcattatctttttatttttcaatatcccagtaaacccatgtatattatcactatatttaataatcacagtctagagatgttcat ggtaaaagtactgcctttgcacaggagcctgtttctaaagaaacccatgctgtgaaatagagacttttctactgatcatcataactctgt atctgagcagtgataccaaccacatctgaagtcaacagaagatccaagtttaaaattgcctgcggaatgtgtgcagtatctagaaa
33	201617 _x_at	tgttgtttctgcactttataataaagcatggaagaaattatcttagtaggcaattgtaacacttttgaaagtaacccatttcagatttgaa atactgcaataatggttgtctttaaaaaaaaaaagaatgtactgttaaggtattacttttttcatgctgatgattcatatctaaattacatta ttatgttagctgacagtggtactgatttttttaggttggttgttttgtggatttctttagtagtgatagtagcctgaaccacattttagataactca attatgtatgtatgtgcatacacatatacaaacacactaatggtagaatgctttttatgtgctagactattatatttagtagtatgtcattgt aactagccaatatcacagcttttgaaaaattaaaaaatcatcatcactataatatttcatatttgccaacagaaacatggcagatagg tatcaatatgttttcaatgcctgatgacctat
34	201645 _at	ttttaccaaagcatcaatacaaccagcccaaccatcggtccacacctgggcatttggtgagaatcaaagctgaccatggatccctg gggccaacggcaacagcatgggcctcacctcctctgtgatttctttctttgcaccaaagacatcagtctccaacatgtttctgttttgttgt ttgattcagcaaaaatctcccagtgacaacatcgcaatagtttttacttctcttaggtggctctgggatgggagaggggtaggatgta caggggtagtttgttttagaaccagccgtattttacatgaagctgtataattaattgtcattatttttgttagcaaagattaaatgtgtcattg gaagccatccctttttttacatttcatacaacagaaaccagaaaagcaatactgtttccattttaaggatatgattaatattattaatataa taatgatgatgatgatgatgaaaactaaggatttttcaagagatctttctttccaaaacatttctggacagtacctgattgt
35	201667 _at	gagtggactattaaatgtgcctaaatgaattttgcagtaactggtattcttgggttttcctacttaatacacagtaattcagaacttgtattct attatgagtttagcagtcttttggagtgaccagcaactttgatgtttgcactaagattttatttggaatgcaagagaggttgaaagaggat tcagtagtacacatacaactaatttatttgaactatatgttgaagacatctaccagtttctccaaatgccttttttaaaactcatcacagaa gattggtgaaaatgctgagtatgacacttttcttcttgcatgcatgtcagctacataaacagttttgtacaatgaaaattactaatttgtttg acattccatgttaaactacggtcatgttcagcttcattgcatgtaatgtagacctagtccatcaga
36	201739 _at	tgctgtgtgaaccgtcgtgtgagtgtggtatgcctgatcacagatggattttgttataagcatcaatgtgacacttgcaggacactaca acgtgggacattgtttgtttcttccatatttggaagataaatttatgtgtagacttttttgtaagatacggttaataactaaaatttattgaaat ggtcttgcaatgactcgtattcagatgcctaaagaaagcattgctgctacaaatatttctatttttagaaagggtttttatggaccaatgc cccagttgtcagtcagagccgttggtgtttttcattgtttaaaatgtcacctgtaaaatgggcattatttatgttttttttttgcattcctgataat tgtatgtattgtataaagaacgtctgtacattgggttataacactagtatatttaaacttacaggcttatttgtaatgtaaaccaccatttta atgtactgtaattaacatggttataatacgtacaatccttccctcatcccatcacacaacttttttg
37	201743 _at	ccatccagaatctagcgctgcgcaacacaggaatggagacgcccacaggcgtgtgcgccgcactggcggcggcaggtgtgca gccccacagcctagacctcagccacaactcgctgcgcgccaccgtaaaccctagcgctccgagatgcatgtggtccagcgccct gaactccctcaatctgtcgttcgctgggctggaacaggtgcctaaaggactgccagccaagctcagagtgctcgatctcagctgca acagactgaacagggcgccgcagcctgacgagctgcccgaggtggataacctgacactggacgggaatcccttcctggtccct ggaactgcctcccccacgagggctcaatgaactccggcgtggtcccagcctgtgcacgttcgaccctgtcggtgggggtgtcgg gaaccctggtgctgctccaaggggcccggggctttgcctaagatccaagacagaataatgaatggactcaaactgccttggcttc aggggagtcccgtcaggacgttgaggacttttcgaccaattcaacc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
38	201744 _s_at	caaatgatgtgcaaaacctttactggttgcatggaaatcagccaagttttataatccttaaatcttaatgttcctcaaagcttggattaa atacatatggatgttactctcttgcaccaaattatcttgatacattcaaatttgtctggtaaaaaaataggtggtagatattgaggccaa gaatattgcaaaatacatgaagcttcatgcacttaaagaagtatttttagaataagaatttgcatacttacctagtgaaacttttctaga attatttttcactctaagtcatgtatgtttctct
39	201842 _s_at	tcagcagtatagggaccttccgcacaagctctgtgttaagattgacaataatagtggggccattttcattttagtcttttctaagagtcaa ccacaggcatttaagtcagccaaagaatattgttaccttaaagcactattttatttatagatatatctagtgcatctacatctctatactgt acactcacccataattcaaacaattacaccatggtataaagtgggcatttaatatgtaaagattcaaagtttgtctttattactatatgta aattagacattaatccactaaactggtcttcttcaagagagctaagtatacactatctggtgaaacttggattctttcctataaaagtgg gaccaagcaatgatgatcttctgtggtgcttaaggaaacttactagagctccactaacagtctcataaggaggcagccatcataac cattga
40	201852 _x_at	gtgccaatcctttgaatgttccacggaaacactggtggacagattctagtgctgagaagaaacacgtttggtttggagagtccatgg atggtggttttcagtttagctacggcaatcctgaacttcctgaagatgtccttgatgtgcagctggcattccttcgacttctctccagccga gcttcccagaacatcacatatcactgcaaaaatagcattgcatacatggatcaggccagtggaaatgtaaagaaggccctgaag ctgatggggtcaaatgaaggtgaattcaaggctgaaggaaatagcaaattcacctacacagttctggaggatggttgcacgaaac acactggggaatggagcaaaacagtctttgaatatcgaacacgcaaggctgtgagactacctattgtagatattgcaccctatgac attggtggtcctgatcaagaatttggtgtggacgttggccct
41	201858 _s_at	cctggttctggaatcctcagttcaaggttatcctacgcagagagccaggtaccaatgggtgcgctgcaatccagacagtaattctgc aaactgccttgaagaaaaaggaccaatgttcgaactacttccaggtgaatccaacaagatcccccgtctgaggactgacctttttcc aaagacgagaatccaggacttgaatcgtatcttcccactttctgaggactactctggatcaggcttcggctccggctccggctctgga tcaggatctgggagtggcttcctaacggaaatggaacaggattaccaactagtagacgaaagtgatgctttccatgacaaccttag gtctcttgacaggaatctgccctcagac
42	201859 _at	tatgctttaatgctgttatctatcttattgttcttgaaaatacctgcatttttggtatcatgttcaaccaacatcattatgaaattaattagattc ccatggccataaaatggctttaaagaatatatatatttttaaagtagcttgagaagcaaattggcaggtaatatttcatacctaaatt aagactctgacttggattgtgaattataatgatatgccccttttcttataaaaacaaaaaaaaaaataatgaaacacagtgaatttgtag agtgggggtatttgacatattttacagggtggagtgtactatatactattacctttgaatgtgtttgcagagctagtggatgtgtttgtctac aagtatgattgctgttacataacaccccaaattaactcccaaattaaaacacagttgtgctgtcaatacctcatactgctttacctttttt cctggatatctgtgtattttc
43	201865 _x_at	gttgagtcgtcatcacttttcagtgatgggagagtagatggtgaaatttattagttaatatatcccagaaattagaaaccttaatatgtgg acgtaatctccacagtcaaagaaggatggcacctaaaccaccagtgcccaaagtctgtgtgatgaactttctcttcatacttttttttcac agttggctggatgaaatttttctagactttctgttggtgtatccccccccctgtatagttaggatagcatttttgatttatgcatggaaacctga aaaaaagtttacaagtgtatatcagaaaagggaagttgtgccttttatagctattactgtctggttttaacaatttcctttatatttagtgaa ctacgcttgctcatttttttcttacataatttttttattcaagttattgtacagctgtttaagatgggcagctagttcgtagctttcccaaataaact ctaaacattaatcaatcatctgtgtgaaaatgggttggtgcttctaacctgatggcacttagctatcagaagaccacaaaaattgact caaatctccagtattcttg
44	201893 _x_at	tctcctacatccgcattgctgataccaatatcaccagcattcctcaaggtcttcctccttcccttacggaattacatcttgatggcaacaa aatcagcagagttgatgcagctagcctgaaaggactgaataatttggctaagttgggattgagtttcaacagcatctctgctgttgac aatggctctctggccaacacgcctcatctgagggagcttcacttggacaacaacaagcttaccagagtacctggtgggctggcag agcataagtacatccaggttgtctaccttcataacaacaatatctctgtagttggatcaagtgacttctgcccacctggacacaacac caaaaaggcttcttattcgggtgtgagtcttttcagcaacccggtccagtactgggagatacagccatccaccttcagatgtgtctac gtgcgctctgccattcaactcggaaactataagtaattctcaagaaagccctcatttttataacctgg
45	201920 _at	gtatcaggcttcaattccattatgttttaatgttgtctctgaagatgacttgtgatttttttttctttttttaaaccatgaagagccgtttgacaga gcatgctctgcgttgttggtttcaccagcttctgccctcacatgcacagggatttaacaacaaaaatataactacaacttcccttgtagt ctcttatataagtagagtccttggtactctgccctcctgtcagtagtggcaggatctattggcatattcgggagcttcttagagggatga ggttctttgaacacagtgaaaatttaaattagtaacttttttgcaagcagtttattgactgttattgctaagaagaagtaagaaagaaaa agcctgttggcaatcttggttatttctttaagatttctggcagtgtgggatggatgaatgaagtggaatgtgaacttgggcaagttaaat gggacagccttccatgttcatttgtctacctcttaactga
46	201957 _at	gttgtgcctaccactggctggcacaccagggcaatgatttccctgcagaaggaaggaaagaatgtttcacccttgcatccttcttgg agaagctacagcctgtgctcagttgagtggttcacactcagactttggctttatggttttccttcctccttgtctttgccctgaccttgatcaa caggggtgaaaagaaccaccctgaggtttccatgcctctcccatttttagtggtagcattttgtgtctttactccacccttcaccctagttc caccaaggttcacacaccagatgtaactgtttttcagctgagttgtatggattaacttcagtccactgtaaatacacctgggatggggt ggggttggggttgtttagggagaagcagccagacttgctttgtgaactgaatgtatttttatgcaattttgagtggcctttcaaccctaag a

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
47	202007 _at	tatcagtagctcgtgttatctttttatcaactgcttcccagngtcctaaaacaatagaaattttggattgaaaagttcagcataaggagttt gagtcagtaaaggatgggataaaggagtcgagatgattcaatgaaaagtatcacaaaaaagagattgatcaacaagagaaat aaaaaagcccaagaggaagtggtaggggaaggaatttaagaacagcaataagtaaaactcttaagtaactccaaaaagaaa atggtacattttgccaaagaccacttatacttgagaacatggaagaatttgcctgatactctctttggggaaaagagtctctcctcttttc ctcaaaccccagtacactcagcctctctgccccaccttctcctgactttgtcctcacttgcttctgcagtacattggaacctgaattgaa agaaagtcttccttgaataattggagtttgtcttgagaggcaaatatagccccaagaatcacaagattcgaggaccatgtaggtctttt acgtagcccaaatccataaattagtctcacttttttgtatttatcgtttcatattaaaccctctatatca
48	202037 _s_at	taacacttggctcttggtacctgtgggttagcatcaagttctccccagggtagaattcaatcagagctccagtttgcatttggatgtgtaa attacagtaatcccatttcccaaacctaaaatctgtttttctcatcagactctgagtaactggttgctgtgtcataacttcatagatgcagg aggctcaggtgatctgtttgaggagagcaccctaggcagcctgcagggaataacatactggccgttctgacctgttgccagcagat acacaggacatggatgaaattcccgtttcctctagtttcttcctgtagtactcctctttagatcc
49	202069 _s_at	cagtcactctaaatggacaccacatgaacctctgtttagaatacctacgtatgtatgcattggtttgcttgtttcttgacagtacatttttag atctggccttttcttaacaaaatctgtgcaaaagatgcaggtggatgtccctaggtctgttttcaaagaacttttccaagtgcttgttttatt tattaagtgtctacctggtaaatgttttttttgtaaactctgagtggactgtatcatttgctattctaaaccattttacacttaagttaaaatagt ttctcttcagctgtaaataacaggatacagaattaacaagagaaaatgtctaacttttaagaaaaaccttatttttcttcggttttgaaa aacataatggaaataaaacaggatattgacataatagcacaaaatgacactcttctaaaactaaatgggcacaagagaattttcct gqqa
50	202133 _at	gtcaaaacctaattgcaattctgttaaatctaagtaatttttagacagtgtttcaccgtattatttaggatgtgaaatgccatttctttcactg attacaccatatacaggaaacaggtaaaacagtgaaaactttattgtgctggttgatgccaacttggttgaaaagctctctgcagaa gaagtgatctagactgacagaagtgttgctaattacaagttgtgttctcatgacgtaattagaaagtaacttctcaaagtacaacttttta tgaaaaaaataagctgttaaaaaaaggaaatcgtaggttaatttaattgggaaaatgggcaattgacagagaccattttcctaaca catatatgtgctagtactttaacttttaaaattttacttctacgttttgtaatataaaaatttctattttaagtttagaatgttatacgtaccgaa agtatgcagccaaatcgatcagatcaaaccattttacctggagtt
51	202222 _s_at	agctgtgagccttggctgttggcagtgagtgagcctggctcttgtgctggatggagcccaggcgggagcggtggccctgtccctccc acctctgtgacctgaggcctacgctttggctctggagatagccccagagcagggtgttgggatactgcagggccaggactgagcc cc
52	202242 _at	ctgttagctcctcactgtggtaaatgccacacacctttaagtagataagcagacgatagttatctgttcttttgacttaatctcatttggtttg attttccctctactaaggctttcctaccttcttcaggctgcctaagacatgtaagcgaaacacttcaataattgtccatgaggagaaaa aaagcattgtcatgcatgaaggaaactgaacttgaggtggcctccttgcttgttacatacctgggtatgtgtaggcagtttagtgcatct ttgcctctcagttgaaacctgtataaccctgttacaaagctgtgttgttgcttcttgtgaaggccatgatattttgtttttttccccaattaattgc tattgtgttattttactaacttctctctgtatttttttcttgcattgacattatagacattgaggacctcatccaaacaatttaaaaatgagtgtga agggggaacaagtcaaaatatttttaaaagatcttcaaaaataatgcctctgtctagcatgccaac
53	202266 _at	tgtcagagttttcaacggtgcttatagctgccagctggattccaaacaggtaccccattgtctctgagctaatgtttatatttttccattcag gcaccgaaatagttaatatttaaaataagtcttcaaaagaaaacataagagattattgagttcttgggactggatcctttatttcataag ttcagatcatcttaaatgaaaatgccatgattatctgcagttaagtagatgacagctattctacatcagacttgatttttgtcagctaatta cataattggtaagctataattgaaaccttatggcttaaaattccttaactccttttttgattcatgtttgtagtcatgttgtcaacagaggcaa agttaagcttgatgatggttaaaatcggtttgatagcaccatgggacatttttctaacaaaaataaatgcatgaagagacatagccttt tagttttqct
54	202274 _at	aagagctatgagctgccagatgggcaggttatcaccattggcaatgagcgcttccgctgccctgagaccctcttccagccttccttta ttggcatggagtccgctggaattcatgagacaacctacaattccatcatgaagtgtgacattgacatccgtaaggacttatatgccaa caatgtcctctctgggggcaccaccatgtaccctggcattgctgacaggatgcagaaggagatcacagccctggccccagcac catgaagatcaagattattgctcccccagagcggaagtactcagtctggatcgggggctctatcctggcctctctctccaccttccag cagatgtggatcagcaagcctgagtatgatgaggcagggccctccattgtccacaggaagtgcttctaaagtcagaacaggttctc caaggatcccc
55	202283 _at	caactgcccttgaccggaagcatgagtatcatcttcttcctgcccctgaaagtgacccagaatttgaccttgatagaggagagcctc acctccgagttcattcatgacatagaccgagaactgaagaccgtgcaggcggtcctcactgtccccaagctgaagctgagttacg aaggcgaagtcaccaagtccctgcaggagatgaagctgcaatccttgtttgattcaccagactttagcaagatcacaggcaaacc catcaagctgactcaggtggaacaccgggctggctttgagtggaacgaggatggggcgggaaccacccccagcccagggctg cagcctgcccacctcaccttcccgctggactatcaccttaaccagcctttcatcttcgtactgagggacacagacacaggggccctt ctcttcattggcaagattctggaccccaggggcccctaatatcccagtttaatattccaatacctagaagaaaacccgagggaca gcagattccacag

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
56	202291 _s_at	ctgacctgcaggacgaaaccatgaagagcctgatccttcttgccatcctggccgccttagcggtagtaactttgtgttatgaatcacat gaaagcatggaatcttatgaacttaatcccttcattaacaggagaaatgcaaataccttcatatcccctcagcagagatggagagct aaagtccaagagaggatccgagaacgctctaagcctgtccacgagctcaatagggaagcctgtgatgactacagactttgcgaa cgctacgccatggtttatggatacaatgctgcctataatcgctacttcaggaagcgccgaggggccaaatgagactgagggaaga aaaaaaatctctttttttctggaggctggcacctgattttgtatccccctgtagcagcattactgaaatacataggcttatatacaatgctt ctttcct
57	202350 _s_at	gaagccctggaaaatcgcctgagatacagatgaagattagaaatcgcgacacatttgtagtcattgtatcacggattacaatgaac gcagtgcagagccccaaagctcaggctattgttaaatcaataatgttgtgaagtaaaacaatcagtactgagaaacctggtttgcc acagaacaaagacaagaagtatacactaacttgtataaatttatctaggaaaaaaatccttcagaattctaagatgaatttaccag gtgagaatgaataagctatgcaaggtattttgtaatatactgtggacacaacttgcttctgcctcatcctgccttagtgtgcaatctcattt gactatacgataaagtttgcacagtcttacttctgtagaacactggccataggaaatgctgtttttttgtactggactttaccttgatatatg t
58	202388 _at	gctggtatcagaacagcttccctcactgtgtacagaacgcaagaagggaataggtggtctgaacgtggtgtctcactctgaaaagc aggaatgtaagatgatgaaagagacaatgtaatactgttggtccaaaagcatttaaaatcaatagatctgggattatgtggccttag gtagctggttgtacatctttccctaaatcgatccatgttaccacatagtagttttagtttaggattcagtaacagtgaagtgtttactatgtg caagggtattgaagttcttatgaccacagatcatcagtactgttgtctcatgtaatgctaaaactgaaatggtccgtgtttgcattgttaa aaatgatgtgtgaaatagaatgagtgctatggtgttgaaaactgcagtgtccgttatgagtgccaaaaatctgtcttgaaggcagcta cactt
59	202403 _s_at	aacctgaaaacatcccagccaagaactggtataggagctccaaggacaagaaacacgtctggctaggagaaactatcaatgct ggcagccagtttgaatataatgtagaaggagtgacttccaaggaaatggctacccaacttgccttcatgcgcctgctggccaactat gcctctcagaacatcacctaccactgcaagaacagcattgcatacatggatgaggagactggcaacctgaaaaaggctgtcatt ctacagggctctaatgatgttgaacttgttgctgagggcaacagcaggttcacttacactgttcttgtagatggctgctctaaaaagac aaatgaatggggaaagacaatcattgaatacaaaacaaataagccatcacgcctgcccttccttgatattgcacctttggacatcg gtggtgctgaccaggaattctttgtggacattggcccagtctgtt
60	202555 _s_at	gagccattggaagactgtcctctatggcaatgatctcagggctcagtggcaggaaatcctcaacagggtcaccaaccagcccgct caatgcagaaaaactagaatctgaagatgtgtcccaagctttccttgaggctgttgctgaggaaaagcctcatgtaaaaccctatttc tctaagaccattcgcgatttagaagttgtggagggaagtgctgctagatttgactgcaagattgaaggatacccagaccccgaggtt gtctggttcaaagatgaccagtcaatcagggagtcccgccacttccagatagactacgatgaggacgggaactgctctttaattatt agtgatgtttgcgggatgacgatgccaagtacacctgcaaggctgtcaacagtcttggagaagccacctgcac
61	202620 _s_at	ttatcaagtgtcaagatcagcaagtgtccttaagtcaaataggttttttttgttggtggttgtgcttgctttccttttttagaaagttctagaaa ataggaaaacgaaaaatttcattgagatgagtagtgcatttaattatttttttaaaaaacttttttaagtacttgaattttatatcaggaaaac aaagttgttgagccttgcttcttccgttttgcccttttgtctcgctccttattcttttttgggggggagggttatttgctttttttatcttcctggcataattt ccattttattcttctgagtgtctatgttaacttccctctatcccgcttataaaaaaaattctccaacaaaaatacttgttgacttgatgttttatca cttctctaagtaaggttgaaatatccttattgtagctactgtttttaatgtaaaggttaaacttgaaaagaaattcttaatcacggtgccaa aattcattttctaacaccatgtgtt
62	202686 _s_at	agattctaacggtctgttctgtttcaaggcactctagattccattggtccaagattccggatcctaagcatctaagttataagactctcac actcagttgtgactaactagacaccaaagttctaataatttctaatgttggacacctttaggttctttgctnnattctgcctctctaggacc atggttaagagtccaagaatccacatttctaaaatcttatagttctaggcactgtagttctaagactcaaatgttctaagtttctaagattc taaaggtccacaggtctagactattaggtgcaatttcaaggttctaaccctatactgtagtattctttggggtgcccctctccttcttagct atcattgcttcctcctccccaactgtgggggtgtgccccctcaagcctgtgcaatgcattagggatgcctcctttccgcaggggatgg acgatctcccacctttcgggccatgttgccccgtgagccaatccctcaccttctgagtacagagtgtggactctggtgcctcca
63	202731 _at	ggctctggaggtgggcagcaatctgtcaatcaccttgttaaagagattgatatgctgctgaaagaatatttactctctggagacatatc tgaagctgaacattgccttaaggaactggaagtacctcattttcaccatgagcttgtatatgaagctattataatggttttagagtcaact ggagaaagtacatttaagatgattttggatttattaaagtccctttggaagtcttctaccattactgtagaccaaatgaaaagaggttat gagagaatttacaatgaaattccggacattaatctggatgtcccacattcatactctgtgctggagcggtttgtagaagaatgttttcag gctggaataatttggaaacaactcagagatctttgtccttcaaggggcagaaagcgttttgtaagcgaaggagatggaggtcgtctt aaaccagagagctactgaatataagaactcttgcagtcttagatgttat

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
64	202741 _at	gtaagattcctcctaactttcacagtcgatgacaagattgtctttttatctgatattttgaagggtatattgctttgaagtaagtctcaataag gcaatatattttagggcatctttcttcttatctctgacagtgttcttaaaattatttgaatatcataagagccttggtgtctgtcctaattccttttc tcactcaccgatgctgaatacccagttgaatcaaactgtcaacctaccaaaaacgatattgtggcttatgggtattgctgtctcattctt ggtatattcttgtgttaactgcccattggcctgaaaatactcattgtaagcctgaaaaaaaaaatctttcccactgttttttctgcttgttgta agaatcaaatgaaataatgtatgtgaaagcaccttgtaaactgtaacctatcaatgtaaaatgttaaggtgtgttgttatttcattaatta cttctttgtttagaatggaatttcctatgcactactgtagc
65	202742 _s_at	tacacttttttttgccaactgacttaacaacattgctgtcaggtggaaatttcaagcacttttgcacatttagttcagtgtttgttgagaatcc atggcttaacccacttgttttgctatttttttctttgcttttaattttccccatctgattttatctctgcgtttcagtgacctaccttaaaacaacaca cgagaagagttaaactgggttcattttaatgatcaatttacctgcatataaaatttatttttaatcaagctgatcttaatgtatataatcattc tatttgctttattatcggtgcaggtaggtcattaacaccacttcttttcatctgtaccacaccctggtgaaacctttgaagacataaaaaa aacctgtctgagatgttctttctaccaatctatatgtctttcggttatcaagtgtttctgcatggtaatgtc
66	202746 _at	aaactactaaccactgcaagctcttgtcaaattttagtttaattggcattgcttgttttttgaaactgaaattacntgagtttcatttttttctttga atttatagggtttagatttctgaaagcagcatgaatatatcacctaacatcctgacaataaattccatccgttgttttttttgtttgtttgttttttc ttttcctttaagtaagctctttattcatcttatggtgcagcaattttaaaatttgaaatattttaaattgtttttgaacttttgtgtaaaatatatca gatctcaacattgttggtttctttttgtttttcattttgtacaactttcttgaatttagaaattacatctttgcagttctgttaggtgctctgtaattaac ctgacttatatgtgaacaattttcatgagacagtcatttttaactaatgcagtgattctttctcactactatctgtattgtggaatgcacaaa attgtgtaggtgctgaatgctgtaaggagtttaggttgtatgaattctacaaccctataata
67	202760 _s_at	gagatactatttttgctgagcaaccagtgtgtttcaggatgatacaaagaaaaatatagaatagaaataagtgcaggcttggaatca gctacaaatcctaaagatggggtgtgtgtggatgtgtgtgtgtgtgtgtacaccattgtgtgtttgtaaaatgtgtatgttcatgagtaa gggtgtgtgtgtgtgtgtattaaaattccagagtgaccgtggcacttgggtgtacaggtaattcctccagagctgtttgctggcttcagg agtggagtgagaatttctttttatgaaaagggatataaaggcaccgagctgatgcagtatttgtaatattaagttgacctaacaaggt atttgcatgagtcacaattacaaagttttgagcggttttgtaatttgacatttaggaaagtctcctatttattctcatacttacattcatgctta gtatactatagaggatgccagctttaatctttctg
68	202766 _s_at	gctttcaattgatggactactctatttttttgcaaatttgtaaactttgcttctccaaatacaagtactaggttgtccatttatggtacctatttgg tgctagtaaatttttcaaactagatttataaatgcactgtaatatgtacacaacttagaaaccaaattacaagtattcagttccaatacttc attaatttcaatcaaccaaagttagttcagtagcttatctcagttatgagtataatacattacatgtaaattaagtgtgtgtatactgtaatc gtgctatttttttatcattgaaacatttataaactagaataataatgcccttaatgtgagggtttgtaatggtgcttattaagaccaaagactt gttaaatgtatacaccaagtggtaatgaaatttcgtgactggcccacacgtgcatagaggtctgggaggaccaggaaacagcctc agtggccagaggatcaccagtgcatccttcatcacagcatgtgcaatatgccaagattaccctcggtcattcctgtcaacaaggg
69	202768 _at	gcgtgagtgtgtgagcgcttctgcagcctcggcctaggtcacgttggccctcaaagcgagccgttgaattggaaactgcttctagaa actctggctcagcctgtctcgggctgacccttttctgatcgtctcggcccctctgattgttcccgatggtctctctccctctgtcttttctcctc cgcctgtgtccatctgaccgttttcacttgtctcctttctgactgtccctgccaatgctccagctgtcgtctgactctgggttcgttggggac atgagatttattttttgtgagtgagactgagggatcgtagatttttacaatctgtatctttgacaattctgggtgcgagtgtgagagtgtga gcagggcttgctcctgccaaccacaattcaatgaatccccgacccccctacccatgctgtacttgtggttctctttttgtattttgcatct gaccccgggggggctgggacagattggcaatgggccgtccc
70	202838 _at	agaaagaggcgctgctcactgttttcctgcttcagtttttctcttatagtaccatcactataatcaacgaacttctcttctccacccagaga tggcttttccaacacattttaattaaaggaactgagtacattaccctgatgtctaaatggaccaaagatctgagatccattgtgattatat ctgtatcaggtcagcagaagaaggaactgagcagttgaactctgagttcatcaattctaatatttggaaattatctacaatggaatctt ccctctgttctctgataacctacttgcttactcaatgcctttaagccaagtcaccctgttgcctatgggaggaggtggaaggatttggca agctcaaccacatgctatttagttagcatcagttgtcaccaacagtctttctgcaaagggcaggagagctttgggggaaaggaaaa ggcttaccaggctgctatggtcaactcttcagaa
71	202888 _s_at	agccctggagaagacgaaagccaacatcaagtgggtgaaggagaacaaggaggtggtgctccagtggttcacagaaaacag caaatagtccccagcccttgaagtcacccggccccgatgcaaggtgcccacatgtgtccatcccagcggctggtgcagggcctc cattcctggagcccgaggcaccagtgtcctcccctcaaggacaaagtctccagcccacgttctctctgcctgtgagccagtctagtt cctgatgacccaggctgcctgagcacctcccagccccgcccctcatgccaaccccgccctaggcctggcatggcacctgtcgcc cagtgccctggggctgatctcagggaagcccagctccagggccagatgagcagaagctctcgatggacaatgaacggccttgct gggggccgccctgtaccctctttcacctttccctaaagaccctaaatctgaggaatcaacagggcagcagatctgtatatttttttc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
72	202920 _at	attatctggtcttttcctgttgtgcaaaaatgactcattgctccgaatgtcaaaaacaaatgcgacaaacaatggcacttcatcatttaa agtaatgttgccaagagaaaaaatttcctgggagggaggtttcccacaagccaaatctcctaagcctcaaatgctagcacttttgg cagttggataggaaatgagacattctttggcagccaaaataagagaggccgatggtgaaacttttgagacaccctatggccttctt gtcaaaaccttcactggagctcaagaaaagcatttctgttgtgttatttgcagtgcagatgatgtctgtgtaacaacataatggttattca ccttttttgattttgatttttgctgtgttatcaaaaacttgaatactgtgagaagaagtgaattttcagttgacgaatcagcatcttgttcccat ggtgataac
73	202953 _at	cttcgaccacgtgatcaccaacatgaacaacaattatgagccccgcagtggcaagttcacctgcaaggtgcccggtctctactact tcacctaccacgccagctctcgagggaacctgtgcgtgaacctcatgcgtggccgggagcgtgcacagaaggtggtcaccttctg tgactatgcctacaacaccttccaggtcaccaccggtggcatggtcctcaagctggagcaggggagaacgtcttcctgcaggcc accgacaagaactcactactgggcatggagggtgccaacagcatcttttccgggttcctgctctttccagatatggaggcctgacct gtgggctgcttcacatccaccccggctccccctgccagcaacgctcactctacccccaacaccacccctttgcccagccaatggac acagtagggcttggtgaatgctgctgagtgaatgagtaaataaactcttcaaggccaaggaacagtggtctaattcaactctgtgtc ccagcactggcacaccagaagtgccatgctcagaaa
74	202957 _at	tgatgagctttcctttgatccggacgacgtaatcactgacattgagatggtggacgagggctggtggcggggacgttgccatggcc actttggactcttccctgcaaattatgtcaagcttctggagtgactagagctcactgtctactgcaactgtgatttcccatgtccaaagtg gctctgctccacccccctccctattcctgatgcaaatgtctaaccagatgagtttctggacagacttccctctcctgcttcattaagggctt ggggcagagacagcatggggaaggaggtccccttccccaagagtcctctctatcctggatgagctcatgaacatttctcttgtgttcc tgactccttcccaatgaacacctctctgccaccccaagctctgctctcctcctctgtgagctctgggcttcccagtttgtttacccgggaa agtacgtctagattgtgtggtttgcctcattgtgctatttgcccacttccttccctgaaagaaatatctgtgaaccttctttctgttcagtccta
75	202992 _at	gctggaatacttactcttgtcgggagattgaaccactaaaatgttagagcagaattcattatgctgtggtcacaggggtgtcttgtctga gaacaaatacaattcagtcttctctttggggttttagtatgtgtcaaacataggactggaagtttgcccctgttctttttttcttttgaaagaac atcagttcatgcctgaggcatgagtgactgtgcatttgagatagttttccctattctgtggatacagtcccagagttttcagggagtaca caggtagattagtttgaagcattgacctttttatttattccttatttctctttcatcaaaacaaaacagcagctgtgggaggagaaatgaga gggcttaaatgaaatttaaaataagctatattatacaaatactatctctgtattgttctgaccctggtaaa
76	202994 _s_at	aatgcgaaggctaagtgtcacccccttctctgcctctggctgggccttgctaagggccaaggaaagaaagacatttttttaggggcc agccagtccaaatgccaaaagaagaccagttcttgccctgattgtatgaaatttgacattttggcacttttttttttttttttnggccaatcag attttctatgttctaaggacatggctgctgtagaatagcacagacgtggatgataaattatccccagaagcagcatgacagaatgcc tcggggagcacttggaagggaaattgcagttctgttgaaatagaggaaaatcccttggtaaagacacagcctgttaggctcgtgtg ggcctccagtatgttcaccaggggaa
77	202995 _s_at	aacgatgtcacatgcgtgttcgaccccgtgcacaccatctcccacaccgtcatctcgctgcctaccttccgcgagttcacccgccctg aagagatcatcttcctccgggccatcacgccaccgcatcctgccagccaggctaacatcatcttcgacatcacggaagggaacct gcgggactcttttgacatcatcaagcgttacatggacggcatgaccgtgggtgtcgtgcgccaggtgcggcccatcgtgggcccatt tcatgccgtcctgaagctggagatgaactatgtggtcgggggcgtggtttcccaccgaaatgttgtcaacgtccgcatcttcgtctctg agtactggttctgagggctggtctgccgcacagccgcaggtgcacctccaggccaaatcattgctgccagtgactgtggtctgtactt gtttataccctcag
78	203000 _at	gacagacctgagaccaatctgggtagaagcaaaaagttgaacctttaaagtgctgaacacaaatccaaattcgaatggttcaag cagccgtgaaatcgctcttcataaagtgggcttaattctctagtttaagttcttttgatggaatgaattaattaatgtgtcaggtggcttattt gtggatgccatgattgatgatgttcattttaagctcttacctatagtacaagtacatgatgctactgaatatttttccacttggaaactgtga gctggttgttgcattaaaacacacatacaaacaaaatcaaaaacactgcggactttcactcaagctggtctttcttccccagtgtaag gcaatcctgcctactaacaacaccaacaacaaaacactccatctgtgaannтgacgcagttaaggggctaggcagggcatttg tgccaactaagaatcaccagatacccaccataagtacctatcgcagttttgaagtc
79	203001 _s_at	acctcgcaacatcaacatctatacttacgatgatatggaagtgaagcaaatcaacaaacgtgcctctggccaggcttttgagctgat cttgaagccaccatctcctatctcagaagccccacgaactttagcttctccaaagaagaaagacctgtccctggaggagatccag aagaaactggaggctgcaggggaaagaagaaagtctcaggaggcccaggtgctgaaacaattggcagagaagagggaac acgagcgagaagtccttcagaaggctttggaggagaacaacaacttcagcaagatggcggaggaaaagctgatcctgaaaat ggaacaaattaaggaaaaccgtgaggctaatctagctgctattattgaacgtctgcaggaaaaggagaggcatgctgcggaggt gcgcaggaacaaggaactccaggttgaactgtctggctgaagcaagggagggtctggcacgcc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
80	203058 _s_at	atggcctctgtgaataatgtaactccagttacacggtgacttttaatagcatacagtgatttgatgaaaggacgtcaaacaatgtggc gatgtcgtggaaagttatctttcccgctctttgctgtggtcattgtgtcttgcagaaaggatggccctgatgcagcagcagccgct gtaataaaaaataattcacactatcagactagcaaggcactagaactggaaaagaccacagaaaacaaagaatccaaccctttt catcttacaggtgaacaaactgtgatgatgcacatgtatgtgttttgtaagctgtgagcaccgtaacaaaatgtaaatttgccattatta ggaaagtgctggtggcagtgaagaagcacccaggccacttgactcccagtctggtgccctgtctacaccagacaacacaggag ctgggtcagattcccctcagctgcttaacaaagttcctcgaacagaaagtgcttacaaagctgccttctcggatact
81	203060 _s_at	agctgccttctcggatactgaaaggtcgagttttctgaactgcactgattttattgcagttgaaaaacccaaagctattccaaagatttc aagctgttctgagacatcttctgatggctttacttcctgagaggcaatgtttttacttttatgcataattcattgttgccaaggaataaagtga agaaacagcacctttttaatatataggtctctctggaagagacctaaatttagaaagagaaaactgtgacaattttcatattctcattctt aaaaaacactaatcttaactaacaaaagttctttgagaataagttacacacaatggccacagcagtttgtctttaatagtatagtgcc tatactcatgtaatcggttactcactactgcctttaaaaaaaaccagcatatttattgaaaacatgagacaggattatagtgccttaac cgatatattttgtgacttaaaaaatacatttaaaactgctcttctgctctagtaccatgcttagtgcaaatgattatttctatgtacaactgat gcttgttcttattt
82	203066 _at	ttcagttgctaatgaggctcctccgctctggacacaaccctttatagattaatttctctgccaattaacttgtcattttcagtacatattttac tattccacaccaaccataattacaacaagggatttttcttatgcactcctatgcatgtgaataacatgtggtgtaattctgcttcttacaga agtattactgaaggtattatttccaatattatttggtttattatgcggatctttttatatatgcagtcccatcccttctgtgccactcaatgccat ccagacatggtttttccctccaggggcctttctctccagagggcacttcggctgcctctgcttcctctcattcgaggcccggctcttgctg acagaataggttccgttctgggcggtggttctcgagcctgccattcaaaaccaaagcaaattggagcatttctcacaacatggtattg aagttccttttgttctcaaaagttgtgaccgtgttaaattgtactcccttagtcctgtaaggtatgttaagtgaatcgcagttacgctgtact ttta
83	203131 _at	agaaaatttgccaatctttcctactttctatttttatgatgacaatcaaagccggcctgagaaacactatttgtgacttttaaacgattagt gatgtccttaaaatgtggtctgccaatctgtacaaaatggtcctatttttgtgaagagggacataagataaaatgatgttatacatcaat atgtatatatgtatttctatatagacttggagaatactgccaaaacatttatgacaagctgtatcactgccttcgtttatatttttttaactgtg ataatccccacaggcacattaactgttgcacttttgaatgtccaaaatttatattttagaaataataaaaagaaagatacttacatgttc ccaaaacaatggtgtggtgaatgtgtgagaaaaactaacttgatagggtctaccaatacaaaatgtattacgaatgcccctgttcat gtt
84	203240 _at	ccaggactacagaataccatcccctggtaccgtgtagttgccgaagtccagatctgccatggcaaaacggaggctgtgggccag gtccacatcttcttccaggatgggatggtgacgttgactccaaacaagggtgtgtgggtgaatggtctccgagtggatctcccagctg agaagttagcatctgtgtccgtgagtcgtacacctgatggctccctgctagtccgccagaaggcaggggtccaggtgtggcttgga gccaatgggaaggtggctgtgattgtcagcaatgaccatgctgggaaactgtgtggggcctgtggaaactttgacggggaccaga ccaatgattggcatgactcccaggagaagccagcgatggagaaatggagagcgcaggacttctccccatgttatggctgatcagt catccaccaggaacgaagatttcctgaagaagacctggtccctctggaggttgcggtggctgaaggatgcatcatgtgctcctacc ctgctctaccgcttttctgggtcacagag
85	203296 _s_at	aaagacaagcattgggtcagacccataaaccacctcccaaaggctgtcatttcattgcactggaattttgctttatcagaagcaagg aagtaagggagtcattgccttgggcctgggaatctaagtgggagacaatattaatttggatccgattaattggagattactaactgtg gacaaaagtttatctttgcacaatcaataaaaatggcatttttttagtaaattaagagcataaacaatattgctagaggtggcatgttta gtctaccaaaaacaatacttttcaggcactttagaaatatccttttagaagcagcgagtgcatgggctaattatcatcaatctttatgtat ttgttaaagaaacatctacaggatctttattggtgacctttgta
86	203305 _at	gtccttcacatcaccattttgagacctcagcttggcactcaggtgctgaagggtaatatggactcagccttgcaaatagccagtgcta gttctgacccaaccacagaggatgctgacatcatttgtattatgttccaaggctactacagagaaggctgcctgctatgtatttgcaag gctgatttatggtcagaatttccctctgatatgtctagggtgtgatttaggtcagtagactgtgattcttagcaaaaaatgaacagtgata agtatactgggggcaaaatcagaatggaatgctctggtctatataaccacatttctgagcctttgagactgttcctgagccttcagcac taacctatgagggtgagctggtcccctctatatatacatcatacttaactttactaagtaatctcacagcatttgccaagtctcccaatat ccaatt
87	203343 _at	atgtgtcactgatttttagctcaaaatcatcactgttaatttccagtcaccccaaatatggttaaaagatttttttttttaatcatgaagaga aaattagtagcatttctttctctccccattatttattggttttcctcactaatctttttttttttagtccaaaagccaaaaatatttatcttggttttac attttaatttccattcttaattgtaatttttttctttaaataaggaaaccaatataatctcatgtatataaaaacttaaatattttacaagttacatat agcatcattctaaaataagaatttttttttgttttctgtctgctttttcttatgtctcttgttgagttttatattttcagtggttatttttgcttgtgttagat cattattaaaatatatccaatgtccctttgatacttgtgctctgctgagaatgtacagtttgcattaaacatcccaggtctcatccttcagg aattt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
88	203382 _s_at	gaagcgcctggcagtgtaccaggccggggcccgcgagggcgccgagcgcggcctcagcgccatccgcgagcgcctggggc ccctggtggaacagggccgcgtgcgggccgccactgtgggctccctggccggccagccgctacaggagcgggcccaggcctg gggcgagcggctgcgcgcgcggatggaggagatgggcagccggacccgcgaccgcctggacgaggtgaaggagcaggtg gcggaggtgcgcgccaagctggaggagcaggcccagcagatacgcctgcaggccgaggccttccaggcccgcctcaagag ctggttcgagcccctggtggaagacatgcagcgccagtgggccgggctggtggagaaggtgcaggctgccgtgggcaccagc gccgcccctgtgcccagcgacaatcactgaacgccgaagcc
89	203474 _at	actgtgatataggtactctgatttaaaactttggacatcctgtgatctgttttaaagttgggggtgggaaatttagctgactagggaca aacatgtaaacctattttcctatgaaaaaagttttaaatgtcccacttgaataacgtaattcttcatagttttttaatctatggataaatgg aaacctaattatttgtaatgaattatttagacagttctaagccctgtcttctgggagttatcaattttaaagagaacttttgtgcaattcaaa tgaagtttttataagtaattgaaaatgacaacacaataacactttctgtataaaagtatatattttatgtgatttattcctactaaatgaaag tgcactactgcctcatgtaaagactcttgcacgcagagcctttaagtgactaaggaacaacatagatagtgagcatagtccccacc tccacccctcacaatttatttgaatacttcaattgtgcctctcaa
90	203477 _at	ttcagacagttatatcctccttttaaaccattgttgttgagtgtaagatgtccttcatgttttcttataaagtcagtgtttagaaatgttacccttt ctaagttatatacagatcaaatgctttttttctttcacgtacatccatcatttgcaactgctgttcgtacacagaaacaggactgctcaaat gatcctatttgtattttctgatgctatcagactctaatgtttttttccctaaaatattattgccatcatgctttaggaatttttatatttttacacaat catattttagtatggtgtctgtttatgtaactctgacttgctggaaaagttgaaactccaaataatctgaaactagaaaagaaatagca cataattactaccttccccttggcggctctcctcccccaaccccacccacaattttatgacttcca
91	203638 _s_at	caacgtctaactggacttcccaagataaatggtaccagcgtcctcttaaaagatgccttaatccattccttgaggacagaccttagtt gaaatgatagcagaatgtgcttctctctggcagctggccttctgcttctgagttgcacattaatcagattagcctgattctcttcagtgaat tttgataatggcttccagactctttgcgttggagacgcctgttaggatcttcaagtcccatcatagaaaattgaaacacagagttgttct gctgatagttttggggatacgtccatctttttaagggattgctttcatctaattctggcaggacctcaccaaaagatccagcctcatacct acatcagacaaaatatcgccgttgttccttctgtactaaagtattgtgttttgctttggaaacacccactcact
92	203645 _s_at	gccagacgctggggccatagtgagtgtgggcacaaggaagacgctgcagtgaattgcacagatatttcagtgcagaaaacccc acaaaaagccacaacaggtcgctcatcccgtcagtcatccttttattgcagtcgggatccttggggttgttctgttggccattttcgtcgc attattcttcttgactaaaaagcgaagacagagacagcggcttgcagtttcctcaagaggagagaacttagtccaccaaattcaat accgggagatgaattcttgcctgaatgcagatgatctggacctaatgaattcctcaggaggccattctgagccacactgaaaagga aaatgggaatttataacccagtgagttcagcctttaagataccttgatgaagacctggactattgaatggagcagaaattcacctctc tcactgactattacagttgcatttttatggagttcttcttctcctaggattcc
93	203680 _at	ttttcattgttcattgatatgctcagtatgctgccacataagatgaatttaattatattcaaccaaagcaatatactcttacatgatttctagg ccccatgacccagtgtctagagacattaattctaaccagttgtttgcttttaaatgagtgatttcattttgggaaacaggtttcaaatgaat atatatacatgggtaaaattactctgtgctagtgtagtcttactagagaatgtttatggtcccacttgtatatgaaaatgtggttagaatgtt aattggataatgtatatataagaagttaaagtatgtaaagtataacttcagccacatttttagaacactgtttaacatttttgcaaaaccttt cttgtaggaaaagagagctctctacatgaagatgacttgttttatatttcagattttattttaaaagccatgtctgttaaacaagaaaaaa cacaaaagaactccagattcctggttcatcattctgtattcttactcacttttcaagtt
94	203729 _at	atcctcattcttatactgcttttcgtggccactttggacaagtcctggtggactctccctgggaaagagtccctgaatctctggtacgact gcacgtggaacaacgacaccaaaacatgggcctgcagtaatgtcagcgagaatggctggctgaaggcggtgcaggtcctcatg gtgctctccctcattctctgctgtctctccttcatcctgttcatgttccagctctacaccatgcgacgaggaggtctcttctatgccaccggc ctctgccagctttgcaccagcgtggcggtgtttactggcgccttgatctatgccattcacgccgaggagatcctggagaagcacccg cgaggggcagcttcggatactgcttcgcccctggcctgggtggccttccccctcgccctggtcagcggcatcatctacatccaccta cggaagcgggagtgagcgccccgc
95	203748 _x_at	caagtatcggggctctgctatcaaggtgcaaagtccttcgtggatgcaacctcaaccatatattctacagcaccctggtgccgtgtta actccctcaatggagcacaccatgtcactacagcccgcatcaatgatcagccctctggcccagcagatgagtcatctgtcactagg cagcaccggaacatacatgcctgcaacgtcagctatgcaaggagcctacttgccacagtatgcacatatgcagacgacagcggt tcctgttgaggaggcaagtggtcaacagcaggtggctgtcgagacgtctaatgaccattctccatataccttcaacctaataagtaa ctgtgagatgtacagaaaggtgttcttacatgaagaagggtgtgaaggctgaacaatcatggatttttctgatcaattgtgctttagga aattattgacagttttgcacaggttcttgaaaacgttatttataatgaaatcaactaaaactatttttgctataagttctataaggtgcataa aacccttaaattcatctagtagctgttccccc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
96	203766 _s_at	caccttgggtctgtgtcacttgtaggtttctctgcctccaggttgcctcaacagcaggaggcacagcagtttcaccatctttgaggtgag ggtggggtgccccagctaggaagcaagatcgctgtgctaggtctgaccaaaaccagagggcagtctagtcctgggggtaaagc cctcagatcccagggtacactcttctccattccctccacccacttgcctgtcaccccagtcacctaagcaatcactgggcccagagg agaggagacagacacacactggctcctggacctaaagggtatgagctggagctaaggccagctagagcttccactgtcagccc tcactgtcagccccactgcacccccctgtgcctgctgggcactgggcactagctagatgctttaggttgcttcagctgatccttcaact ctgtgaggtg
97	203881 _s_at	tatgtgacgctggacctttctttacccaaggatttttaaaactcagatttaaaacaaggggttactttacatcctactaagaagtttaagt aagtaagtttcattctaaaatcagaggtaaatagagtgcataaataatttgttttaatctttttgtttttctttagacacattagctctggagt gagtctgtcataatatttgaacaaaaattgagagctttattgctgcattttaagcataattaatttggacattatttcgtgttgtgttctttataa ccaccgagtattaaactgtaaatcataatgtaactgaagcataaacatcacatggcatgttttgtcattgttttcaggtactgagttctta cttgagtatcataatatattgtgttttaacaccaacactgtaacatttacgaattatttttttaaacttcagttttactgcattttcacaacatat cagacttcaccaa
98	203908 _at	tgtgtaatacgccaaccagtcaagttgtgttttggccagagatttagatatgtccaatttcctggctcatttcattgtgctctatgggtacgt ataaaaagcaagaattctgtttcctaggcaaacattgcaactcagggctaaagtcatccagtgaaacttttagagccagaagtaac tttgtcccagtcctacaatgtgaaaagagtgaatagttgcctctttttagccattttcatggctggtacatattcgtacgcattacttttcaga atcaatacgcactttcagatattcttatttttattctcttaagtctttattaactttggagagagaaatgatgcatctttttatttttaaatgaagta gatcaacatggtggaacaaaatgataaagaacagaaaacatttcaatatattactaataacttttccaatataaatcctaaaattcct ataacatagtattttacagttttatgaagctttctattgtgacttttatg
99	203913 _s_at	aacactcacatacaagttcatactttaaaagaggaaagctacttaacaatgacaaatatttcacaataataatttttacttatataccat ctttcaactgaacatttcagttcttccaagagcttcttagagtagtatatttttgggggcagtcaaggaataaactacagtgtaaacatat cccagatgaaaactgctgtatggaaaaatgacagaaagtaactgattgacactgttgattcacagttcangcctcctatctgggaa agacatttctttcctctgctcactttaagaacttttaccgactccaaaaatctcaggaattaaacttttaacagttacagcaataaagaat agttagtactccaaaaatattatatttaagatgctcaacaagaaaaaaatgcaaatgtaatatttttttcaaattacttctttattgacttgt cca
100	203914 _x_at	gatttccaaatcagtcgttttctcaaaaaaatatcgtataagtgactcatcctgtctgctaactccagacctcccagcttgaagccaaat ctttccatgtgagattgatatggatttcctagaagtactggaatgttgtcatatcttgccctattttaattctgctatagaaaacaattgcctt cacttttaaggagtaatttgaatattaataactctggtctagattttcatataatgtattaaagacaaagtagtgaacatcaatgaacatc tgatagagataaactgtaatcaggcataagcttgtttgtatgttctggcagtgactaatcagtaaatgatgtcggtttgcccagtatcact tatcttctgtatttttcctctgtcgtgtaaatagtataacctttcatttatggacaatttttggactagtagccttcaatatacattctgctt
101	203951 _at	acgcacacaactactacaattccgcctaggtccacaaggccttcactgttttccccccaagggaggctgctgctgctcttggctgga gccagccagggccagccgaccccctctccctgcatggcatcctccagcccctgtagaactcaacctctacagggttagagtttgg agagagcagactggcgggggggcccattgggggaaggggaccctccgctctgtagtgctacagggtccaacatagaacaggg tgtccccaacagcgcccaaaggacgcactgagcaacgctattccagctgtccccccactccctcacaagtgggtacccccagga ccagaagctcccccagcaaagcccccagagcccaggctcggcctgcccccaccccattcccgcagtgggagcaaactgcatg cccagagacccagcggacacacgcggtttggtttgcagcgactggcatac
102	203963 _at	ccaaatttcatttcagccacttctgcaggatccctactgccaacctggaatggagacttttatctacttctctctctctgaagatgtcaaat cgtggtttagatcaaatatatttcaagctataaaagcaggaggttatctgtgcaggggggctggcatcatgtatttaggggcaagtaat aatggaatgctactaagatactccatattcttccccgaatcacacagacagtttctgacaggcgcaactcctccatttttcctcccgcag gtgagaaccctgtggagatgagtcagtgccatgactgagaaggaaccgacccctagttgagagcaccttgcagttccccgagaa ctttctgattcacagtctcattttgacagcatgaaatgtcctcttgaagcatagctttttaaatatctttttccttctactcctccctctgactcta agaattctctcttctggaatcgcttg
103	203980 _at	gtgtgatgcttttgtaggtacctggaaacttgtctccagtgaaaactttgatgattatatgaaagaagtaggagtgggctttgccacca ggaaagtggctggcatggccaaacctaacatgatcatcagtgtgaatggggatgtgatcaccattaaatctgaaagtacctttaaa aatactgagatttccttcatactgggccaggaatttgacgaagtcactgcagatgacaggaaagtcaagagcaccataaccttag atgggggtgtcctggtacatgtgcagaaatgggatggaaaatcaaccaccataaagagaaaacgagaggatgataaactggtg gtggaatgcgtcatgaaaggcgtcacttccacgagagtttatgagagagcataagccaagggacgttgacctggactgaagttcg cattgaactctacaacattctgtgggatatattgttcaaaaagatattgttgttttccctgatttagcaagca

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
104	204018 _x_at	ggtccccacagactcagagagaacccaccatggtgctgtctcctgccgacaagaccaacgtcaaggccgcctggggtaaggtc ggcgcgcacgctggcgagtatggtgcggaggccctggagaggatgttcctgtccttccccaccaccaagacctacttcccgcactt cgacctgagccacggctctgcccaggttaagggccacggcaagaaggtggccgacgccctgaccaacgccgtggcgcacgtg gacgacatgcccaacgcgctgtccgccctgagcgacctgcacgcgcacaagcttcgggtggacccggtcaacttcaagctccta agccactgcctgctggtgaccctggccgcccacctccccgccgagttcacccctgcggtgcacgcctccctggacaagttcctggc ttctgtgagcaccgtgctgacctccaaataccgttaagctg
105	204034 _at	gcccaggctgacttacacattgaggatggagactccatccgcttcgggcgcttcgcgttggagaccagggccagccctggccac accccaggctgtgtcaccttcgtcctgaatgaccacagcatggccttcactggagatgccctgttgatccgtgggtgtgggcggaca gacttccagcaaggctgtgccaagaccttgtaccactcggtccatgaaaagatcttcacacttccaggagactgtctgatctaccct gctcacgattaccatgggttcacagtgtccaccgtggaggaggagaggactctgaaccctcggctcaccctcagctgtgaggagtt tgtcaaaatcatgggcaacctgaacttgcctaaacctcagcagatagactttgctgttccagccaacatgcgctgtggggtgcaga cacccactgcctgatctcacttctgtcagatgctcccatccactattaatgcactaggtgggaggagagggcggcaatgacactgc acct
106	204036 _at	aattgccacattttcttatggcattaaaaattttacaaaaacataattttaatggctatattatattccatttaatggatgcaactcangttta tttaaccattcccatngttgttaactatttaggttgtttctaattttcattattataaagttgcagaaatttggtgtacataaaactgtctccatat aattgattattaggatatattcccatgaaggattcnttttttaaaaaaatgtgaaatntcatcttgtacttacacctttcatgnaaagggat ttcctgcttttgtactgcatgggtggcagttgtgaggaaaagccagtcaaatgacctttttacaaaagaaatgcagtggtcacttcagtt gagagtgacttttaatacaacaagatcaactagaagaattcaactgtctcaagaatcaaggtaccccaatatatctcgcaattcca aactttgtttgagggactcgttatccagctcttggtagccacacctgcaatgta
107	204069 _at	aagccttacagttatcctgcaagggacaggaaggtctgatttgcaggatttttagagcattaaaataactatcaggcagaagaatctt tcttctcgcctaggatttcagccatgcgcgcgctctctctctttctctctctttttcctctctctccctctttctagcctggggcttgaatttgcatgt ctaattcatttactcaccatatttgaattggcctgaacagatgtaaatcgggaaggatgggaaaaactgcagtcatcaacaatgatta atcagctgttgcaggcagtgtcttaaggagactggtaggaggaggcatggaaaccaaaaggccgtgtgtttagaagcctaattgtc acatcaagcatcattgtccccatgcaacaaccaccaccttatacatcacttcctgttttaagcagctctaaaacatagactgaagattt atttttaatatgttgactttatttctgagcaaagcatcggtcatgtgtgtatttttcatagtcccaccttggagcatttatg
108	204083 _s_at	gaaggcggctgatgagagcgagagaggaatgaaggtcatcgaaaaccgggccatgaaggatgaggagaagatggaactgc aggagatgcagctgaaggaggccaagcacatcgctgaggattcagaccgcaaatatgaagaggtggccaggaagctggtgat cctggaaggagagctggagcgctcggaggagagggctgaggtggccgagagccgagccagacagctggaggaggaacttc gaaccatggaccaggccctcaagtccctgatggcctcagaggaggagtattccaccaaagaagataaatatgaagaggagatc aaactgttggaggagaagctgaaggaggctgagacccgagcagagtttgccgagaggtctgtggcaaagttggagaaaacca tcgatgac
109	204122 _at	catgggggacttgaaccctgcagcaggctcctgctcctgcctctcctgctggctgtaagtggtctccgtcctgtccaggcccaggc ccagagcgattgcagttgctctacggtgagcccgggcgtgctggcagggatcgtgatgggagacctggtgctgacagtgctcattg ccctggccgtgtacttcctgggccggctggtccctcgggggcgaggggctgcggaggcagcgacccggaaacagcgtatcact gagaccgagtcgccttatcaggagctccagggtcagaggtcggatgtctacagcgacctcaacacacagaggccgtattacaa atgagcccgaatcatgacagtcagcaa
110	204130 _at	tccccagcagtggctcggtgagccatgtgcacctatggcccagccactgcagcacaggaggctccgtgagccttggttcctcccc gaaaaccccccagcattacgatcccccaagtgtcctggaccctggcctaaagaatcccacccccacttcatgcccactgccgatgc ccaatccaggcccggtgaggccaaggtttcccagtgagcctctgcgcctctccactgtttcatgagcccaaacaccctcctggcac aacgctctaccctgcagcttggagaactccgctggatgggagtctcatgcaagacttcactgcagcctttcacaggactctgcagat agtgcctctgcaaactaaggagtgactaggtgggttggggacccccctcaggattgtttctcggcaccagtgcctcagtgctgcaatt gagggctaaatcccaagtgtctcttgactggctcaagaattagggcccca
111	204135 _at	cagaccggcagtcatcatggcagtttcagcgttcaaacagcaatagctcaagtgtgataactactgaggataataaaatccacatt cacttaggaagtccttacatgcaagctgtagccagcccttcagcaccactgcaggataaccgaactcaaggcttaattaacgggg cactaaacaaaacaaccaataaagtcaccagcagtattactatcacaccaacagccacacctcttcctcgacaatcacaaattac agtaagtaatatatataactgaccacgctcaccctcatccagtccatactgatatttttgcaaggaactcaatccttttttaatcatccctc catatcccccaagactgactgaactcgtactttgggaaggtttgtgcatgaactatacaagagtatctgaaactaactgttgcctgcat agtcatatcgagtgtgcacttactgtatatcttttcat
112	204326 _x_at	gcgtgttttcctcttgatcgggaactcctgcttctccttgcctcgaaatggaccccaactgctcctgctcgcctgttggctcctgtgcctgt gccggctcctgcaaatgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgctgccctgtgggctgtgcnaagt gtgcccagggctgcatctgcaaagggacgtcagacaagtgcagctgctgtgcctgatgccaggacagctgtgctctcagatgtaa atagagcaacctatataaacctggatttttttttttttttttgtacaaccctgacccgtttgctacatctttttttctat

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
113	204388 _s_at	ttccacatcagtaactgccctggggtttgtgctgtacaaatacaagctcctgccacggtcttgaagttctgttcttatgctctctgctcact ggttttcaataccaccaagaggaaaatattgacaagtttaaaggctgtgtcattgggccatgtttaagtgtactggatttaactacctttg gcttaattccaatcattgttaaagtaaaaacaattcaaagaatcacctaattaatttcagtaagatcaagctccatcttatttgtcagtgt agatcaactcatgttaattgataġaataaagccttgtgatcact
114	204389 _at	ctttgcgggcacagagactgccacaaagtggagcggctacatggaaggggcagttgaggctggagaacgagcagctaggga ggtcttaaatggtctcgggaaggtgaccgagaaagacatctgggtacaagaacctgaatcaaaggacgttccagcggtagaaat cacccacaccttctgggaaaggaacctgccctctgtttctggcctgctgaagatcattggattttccacatcagtaactgccctggggt ttgtgctgtacaaatacaagctcctgccacggtcttgaagttctgttcttatgctctctgctcactggttttcaataccaccaagaggaaa atattgacaagtttaaaggctgtgtcattgggccatgtttaagtgtactggatttaactacctttg
115	204438 _at	taattgcttgttttctagcctggcaagatattttcataaaagagggataacaatgctgattactacctttaaaatattttagataaatgca cagcaccacagcaccacatctaagcattagtgatgggtagctgatgtcagcttcatgtggattttaagcactctagaaacaatgaag cttcttggcatattttaaggagctcccaaaatgtgttacctattaaattgtaactcagcaagtagaagaccatttgaaaagtcaggtac aaatttcctcaagtggcataaaaatgtagtcagttttctcttttaccagttttatttccactccaattatttagaacttttatttgtacatgtgca gaagaataaggcagctgagaatcttgtttcccccaagagagttttacaggctgagtgttgcaaatgtgttctttgtcctgttatatgtat
116	204457 _s_at	gcactgccatgtatgaaagtctctttatgatgtttgtttttttgtcatttttgttctttacatcaagaaattttatgtttaaatatgcggagaatgta tattgcctctgctcctatcagggttgctaaaccctggtacatcgtatataaaatgtattaaaactggggtttgttaccagttgctgtactttg tatatagaatttttataaattgtatgcttcagaaataatttatttttaaaaagaaattaaaagttttaaactcacatccatattacacctttcc cccctgaaatgtatagaatccatttgtcatcaggaatcaaaacccacagtccattgtgaagtgtgctatatttagaacagtcttaaaat gtacagtgtattttatagaattgaagttaacattcttattttcaagagaatttatggacgttgtagaaatgtacaaatgcatttccaaactg ccttaaacgttgtatt
117	204508 _s_at	gggactgtctgtcaaaagactctgtatatcttttgtggatgagttttgtgagagaacagagagaccattgtacctggcacaagggctct tcatgaaaagggagacttactgggaggtgcaagacagtggcatttctcctctcctcttgctgctcagcacagccctggattgcagcc ccgaggctgagaccagacaaagcccgggaggcagaaagatgctccaagaaccaacactatcaatgtctttgcaaatcctcaca ggattcctgtgggtccagctttggaactgggaaacctttcttcggatccgcactcattccactgatgccagctgcccctgaaggatgc cagtactgtggtgtgtgagtctcagcagccgcccacacgctcctaactctgctgcatggcagatgcctaggtgga
118	204532 _x_at	attaatcagccccagagtgctttaaaaaattctcttaaataaaaataatagactcgctagtcagtaaagatatttgaatatgtatcgtgc cccctccggtgtctttgatcaggatgacatgtgccatttttcagaggacgtgcagacaggctggcattctagattacttttcttactctga aacatggcctgtttgggagtgcgggattcaaaggtggtcccaccgctgcccctactgcaaatggcagttttaatcttatctttggcttct gcagatggttgcaattgatccttaaccaataatggtcagtcctcatctctgtcctgcttcataggtgccaccttgtgtgtttaaa
119	204570 _at	ctacgcgtgtccttgggcggagaagggaggtgactccggcggaagaggacaaggcagaatgcaggcccttcgggtgtcccag gcgctgatccgctccttcagctccaccgcccggaaccgctttcagaaccgagtgcgcgagaaacagaagctcttccaggaggac aatgacatcccgttgtacctgaagggcggcatcgttgacaacatcctgtaccgagtgacaatgacgctgtgtctgggcggcactgt ctacagcttgtactcccttggctgggcctccttccccaggaattaagaccaagaagcctgggggggcctgagagact
120	204607 _at	tggtgacacaaacagccttttcccaggtacttggtacctggagcgagtggacgagcagcatcgccgaaagtatgcccggcgtccc gtctaaaggtgttctgcagatccatggaaagcttcctgggaaacgtatgctagcagagcttctccccgtgaatcatatttttaagatcc cactcttagctggtaaatgaatttgaatcgacatagtagccccataagcatcagccctgtagagtgaggagccatctctagcgggc ccttcattcctctccatgctgcaatcactgtcctgggcttatggtgcctatggactaggggtcctttgtgaaagagcaagatggagcaa tggagagaagacctcttcctgaatcactggactccagaaatgtgcatgcagatcagctgttgccttca
121	204673 _at	ttgatgccagcatttgcatcccgggctccatcacattcatgcccaatggatgctgcaagacctgcacccctcgcaatgagaccagg gtgccctgctccaccgtccccgtcaccacggaggtttcgtacgccggctgcaccaagaccgtcctcatgaatcattgctccgggtcc tgcgggacatttgtcatgtactcggccaaggcccaggccctggaccacagctgctcctgctgcaaagaggagaaaaccagcca gcgtgaggtggtcctgagctgccccaatggcggctcgctgacacacacctacacccacatcgagagctgccagtgccaggaca ccgtctgcgggctccccaccggcacctcccgccgggcccggcgctcccctaggcatctggggagcgggtgagcggggtgggc acagccccccttcactgccctcgacagctttacctcccccggaccctctgagcctcctaagctcggcttcctctcttcagatatttattgtct gagtctttgttcagtccttg
122	204688 _at	cttgcttatatcatgtgctgccgacgggaaggcgtggaaaagagaaacatgcaaacaccagacatccaactggtccatcacagt gctattcagaaatctaccaaggagcttcgagacatgtccaagaatagagagatagcatggcccctgtcaacgcttcctgtgttcca ccctgtgactggggaaatcatacctcctttacacacagacaactatgatagcacaaacatgccattgatgcaaacgcagcagaac ttgccacatcagactcagattccccaacagcagactacaggtaaatggtatccctgaagaaagaaaactgactgaagcaatgaa tttataatcagacaatatagcagttacatcacatttcttttctcttccaataatgcatgagcttttctggcatatgtt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
123	204697 _s_at	cctcccgggaggacagccttgaggcgggcctgcccctccaggtccgaggctaccccgaggagaagaaagaggaggagggc agcgcaaaccgcagaccagaggaccaggagctggagagcctgtcggccattgaagcagagctggagaaagtggcccacca gctgcaggcactacggcggggctgagacaccggctggcagggctggccccagggcaccctgtggccctggctctgctgtcccct tggcaggtcctggccagatggcccggacgctgcttccggtagggaggcagcctccagcctgcccaagcccaggccaccctatc gccccctacgcgccttgtctcctactcctgactcctacctgccctggaacatcctttgcagggcagccccacaactttaaacattgac gattccttctctgaacacaggcagctttctagaagtttcccttcctccatcctatccactgggcacaactgcaataacttctgacctttggg tgaaagctgagaactcctgactgtaacatattctg
124	204719 _at	gcaggccatactggttccattgttctgtataatactgaataaataaatttacttttacatgatcgtataagtttctagataagataaacaa attctgtttaaatttttttaataaaaatcttaaaacacttttttctaacctagactgagaaattcatgtttacttttctaggtgtatgatactttgt aaagttgatactttcctaagaatttaacatgtcatatttttgaaatagatttaagtgtgcttcttattgctaaaaatactaaatgtcatgggtc atagtatctgatatcaatatcgttgataacatatccacaggtaacaccatgatgtaggcataaatggaaaacaaaaaccctactatttt caaatatattgtacttttttatttctgtaagccaactgtgtgccattttcactggacttttaaatctagactttagtgatgtctacattgtaaatg atcttttgtggatatttgtcacttggtttcagaaagttcacaaatgtagcaacagctcacatgactgagt
125	204745 _x_at	tcccttctcgcttgggaactctagtctcgcctcgggttgcaatggaccccaactgctcctgtgccgctggtgtctcctgcacctgcgcca gctcctgcaagtgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgctgccctgtgggctgtgccaagtgtgcc caaggctgcatctgcaaaggggcatcggagaagtgcagctgctgcgcctgatgtcgggacagccctgctcccaagtacaaata gagtgacccgtaaaatctaggatttttgtttttgctacaatcttgacccct
126	204818 _at	aaaggctggcatcttatggctcatcaaaggcggctgtgaccatgttctcatcagttatgagactggagctttccaagtggggaattaa agttgcttccatccaacctggaggcttcctaacaaatatcgcaggcaccagtgacaagtgggaaaagctggagaaggacattctg gaccacctccccgctgaggtacaggaagactacggccaggactacatcttagcacagcggaatttcctcctattgatcaactcgtt agccagcaaggacttctctccggtgctgcgggacatccagcatgctatcttggcgaagagccctttgcctattacacgccaggga aaggcgcttacttgtggatctgccttgctcactatttgcctattggca
127	204834 _at	ggtgtcgaactatatgccttgtatgatcagttttatgtggctaatgagtttctcaaatatcgtttacacgttggtaactataatggcacagct ggagatgcattacgtttcaacaaacattacaaccacgatctgaagtttttcaccactccagataaagacaatgatcgatatccttctg ggaactgtgggctgtactacagttcaggctggtggtttgatgcatgtctttctgcaaacttaaatggcaaatattatcaccaaaaatac agaggtgtccgtaatgggattttctggggtacctggcctggtgtaagtgaggcacaccctggtggctacaagtcctccttcaaagag gctaagatgatgatcagacccaagcactttaagccataaatcactctgttcattcctccaggtattcgttatctaatagggcaattaatt ccttcagcacttt
128	204894 _s_at	ccaggaggggctgtccaatcacattcaggcatgcgaatgagctgggccctgggtgaggtgggggtctggcctagtggggaggg gcctggcctgggtggggcagggcctggcctggtccaggcttgggctccattcccatcactgctgtccctcctgaggtctggattggg gatggggacaaagaaatagcaagagatgagaaacaacagaaacttttttctctaaaggactggttaaatcaattctgatacagcc ttacaatacaatagtatgcagctaaaaaataattgtatgtctttatatactaatatgtaataatcttcaggtgaaaaaggcaagccaca gaaatgtgtatagcgcacttcccatttgtgtttcagaaaggagtagaatataaacacataattgcttatgtatgcctattcagaataaat gggtaacactgattacttttgggaggggaaccagtaggttgaggacaggagagggaagggtcttaacacttacaccctttgtacat tttg
129	204895 _x_at	aggagcccaggaacgacgtggtcttccagcccatttccggggaagacgtgcgcgatgtgacagccctgaacgtgagcacgctg aaggcttacttcagatgcgatggctacaagggctacgacctggtctacagcccccagagcggcttcacctgcgtgtccccgtgca gtaggggctactgtgaccatggaggccagtgccagcacctgcccagtgggccccgctgcagctgtgtgtccttctccatctacacg gcctggggcgagcactgtgagcacctgagcatgaaactcgacgcgttcttcggcatcttctttggggccctgggcggcctcttgctg ctgggggtcgggacgttcgtggtcctgcgcttctggggttgctccggggccaggttctcctatttcctgaactcagctgaggccttgcct tgaaggggcagctgtggcctaggctacctcaagactcacctcatccttaccgcacatttaaggcgccattgcttttgggagact
130	204897 _at	agcagcttattgtttctctgaaagtgtgtgtagttttactttcctaaggaattaccaagaatatcctttaaaatttaaaaggatggcaagtt gcatcagaaagctttatttgagatgtaaaaagattcccaaacgtggttacattagccattcatgtatgtcagaagtgcagaattggg gcacttaatggtcaccttgtaacagttttgtgtaactcccagtgatgctgtacacatatttgaagggtctttctcaaagaaatattaagca tgttttgttgctcagtgtttttgtgaattgcttggttgtaattaaattctgagcctgatattgatatg
131	204931 _at	gagaacgggtacattcacccggtcaacctgacgtggcccttatggtggccgggaaacccgagagtgacctgaaagaagtggtg accgcgagccgcttatgtggaaccaccgcgtcctgaccttggaggtgcgagtctgggaaaggcgcgctcccgggggagcggg ccccgggaaggcgacccctgccctcagtgctctctgtctctgcttcccctcgcaatgctcctctctctgtcccaccccgcgagaaca ctttacaacgacgaggagattcgtttccaaaccagaggagatcaattgtacttacaaagattcccatctatttaactttattaacttctac cgtgaatgactctgcaagccttgctggtcca

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
132	204938 _s_at	ttctctcgaccacttaaaacttcagacttcctgtcctgctggtatcatggagaaagtccaatacctcactcgctcagctataagaagag cctcaaccattgaaatgcctcaacaagcacgtcaaaagctacagaatctatttatcaatttctgtctcatcttaatatgtctcttgctgatc tgtatcatcgtgatgcttctctgaagttctgctacaacctctagatctgcagcttgccacatcagcttaaa
133	204939 _s_at	tggcccatctattacatctacagctgacccttgaacatgggggttaggggagctgacaattcgtgggtccgcaaaatcttaactacct aatagcctactattgaccataaaccttactgataacataaacagtaaattaacacatattttgcgtgttatatgtattatacactatattcc tacaataaagt
134	204940 _at	aaatctgttctaagacatatgatcaacagatgagaactggtggttaatatgtgacagtgagattagtcatatcactaatatactaaca acagaatctaatcttcatttaaggcactgtagtgaattatctgagctagagttacctagcttaccatactatatctttggaatcatgaaac cttaagacttcagaatgattttgcaggttgtcttccattccagcctaacatccaatgcaggcaaggaaaataaaagatttccagtgac agaaaaatatattatctcaagtatttttttaaaaatatatgaattctctctccaaatattaactaattattagattatattttgaaatgaacttgtt ggcccatc
135	204955 _at	ggacaaagagcgctatgtctccctggtgatgcctgtggccctgttcaacctgattgacacttttcccttgagaaaagaagagatggtc ctacaagccgaaatgagccagacctgtaacacctgacatgatggttcctctcttggcaattcctcttcattgtctacatagtgacatgc acacgggaaagccttaaaaatatccttgatgtacagattttatttgtaattttaaaagtctattttattatgagctttctttgcacttaaaaatt agcatgctgctttttgtacttggaagtgtttcaaaaaattatatgaccatatttactctttctaacctttctttactccatcatggctggttgattt gtagagaaattagaacccataaccatacacaggctatcaacatgttattcaatgtgacacctaactcttttc
136	205097 _at	tactcatgccttttgtttaggataaataggtaagcacaaagagctcttcaaaatcagaaaaaacaataggagtccttccttgtcttttct gtgatctctgtccttgtttctgagactttctctaccattaagctctattttagctttcagttattctagtttgtttcccatggaatctgtcctaaact ggtgtttttgtcagtgacagtcttgccagtcagcaatttctaacagcattttaaatgagtttgatgtacagtaaatattgatgacaatgac agcttttaactcttcaagtcacctaaagctattatgcaggaggatttagaagtcacattcataaaacccaagngctatgggtgtattatt catgatagctggcccacaggtcatgaattgag
137	205112 _at	agaagctcaccaagtcaactaaacagccccgaggacttacatcaccttctcagctcttgacctcagaaagtatccaaaccaagg aggagaaacctgtgggtggcttgtcctccagtgacacaatggattaccgacagtgactaagggcagcatgtttaacccaggtgaa gatct
138	205200 _at	tttctggccttcacccagacgaagaccttccacgaggccagcgaggactgcatctcgcgcgggggcaccctgagcacccctcag actggctcggagaacgacgccctgtatgagtacctgcgccagagcgtgggcaacgaggccgagatctggctgggcctcaacga catggcggccgagggcacctgggtggacatgaccggcgcccgcatcgcctacaagaactgggagactgagatcaccgcgca acccgatggcggcaagaccgagaactgcgcggtcctgtcaggcgcggccaacggcaagtggttcgacaagcgctgccgcgat cagctgccctacatctgccagttcgggatcgtgtagccggc
139	205259 _at	gcagactgggagttgctagcaaacaaatggcttacttacaaaagcagcttttagttcagacttagtttttataaaatgagaattctgact tacttaaccaggtttgggatggagatggtctgcatcagcttttgtattaacaaagttactggctctttgtgtgtctccaggtaactttgcttg attaaacagcaaagccatattctaaattcactgttgaatgcctgtcccagtccaaattgtctgtctgctcttatttttgtaccatattgctctt aaaaatcttggtttggtacagttcataattcaccaaaaagttcatataatttaaagaaacactaaattagtttaaaatgaagcaatttat atctttatgcaaaaacatatgtctgtctttgcaaagga
140	205267 _at	gcacccagccttttaccatgtgggtttctttagtgtcttaaaagcgtccataagccaccattctgtggaaccaaggccccctccacgca aacaccctccctcctggggacctctggagcctcagccagaagtaccattaggtttaattttaatttgttttgctggagaaacatcaggtt tgtaggagactgagttgttagcaggtgtgcttagctcttgatagtgaacgtgtaccttgggaactggctcacccacctgctaatagcac catcgtcactattaagcagacatttcagttggtagaatccatgtagaagtcatggacttttctgggaaatgacttttctgggaaatgaca gtttctttgacatattttctttgcccactt
141	205382 _s_at	cgccatcaccgagcgcttgatgtgcgcggagagcaatcgccgggacagctgcaagggtgactccgggggcccgctggtgtgcg ggggcgtgctcgagggcgtggtcacctcgggctcgcgcgtttgcggcaaccgcaagaagcccgggatctacacccgcgtggcg agctatgcggcctggatcgacagcgtcctggcctagggtgccggggcctgaaggtcagggtcacccaagcaacaaagtcccga gcaatgaagtcatccactcctgcatctggttggtctttattgagcacctactatatgcagaaggggag
142	205403 _at	gggccacgccaggaatattcagaaaataatgagaactacattgaagtgccattgatttttgatcctgtcacaagagaggatttgcac atggattttaaatgtgttgtccataatacccctgagttttcagacactacgcaccacagtcaaggaagcctcctccacgttctcctgggg cattgtgctggccccacttcactggccttcttggttttgggggaatatggatgcacagacggtgcaaacacagaactggaaaagc agatggtctgactgtgctatggcctcatcatcaagactttcaatcctatcccaa

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
143	205412 _at	gctgctctggttctcatgacggcagatgcagcgaagaggctcaatgttacaccactggcaagaatagtagcatttgctgacgctgct gtagaacctattgattttccaattgctcctgtatatgctgcatctatggttcttaaagatgtgggattgaaaaaagaagatattgcaatgt gggaagtaaatgaagcctttagtctggttgtactagcaaacattaaaatgttggagattgatccccaaaaagtgaatatcaatggag gagctgtttctctgggacatccaattgggatgtctggagccaggattgttggtcatttgactcatgccttgaagcaaggagaatacggt cttgccagtatttgcaatggaggaggaggtgcttctgccatgctaattcagaagctgtagacaacctctgctatttaaggagacaacc ctatgtgaccagaa
144	205433 _at	ggaaagcaggattccatcgctggaacaattacatgatggactggaaaaatcaatttaacgattacactagcaagaaagaaagtt gtgtgggtctctaattaatagatttacccttatagaacatattttccttagatcaaggcaaaaatatcaggagctttttacacacctact aaaaaagttattatgtagctgaaacaaaaatgccagaaggataatattgattcctcacatctttaacttagtattttacctagcatttcaa aacccaaatggctagaacatgtttaattaaatttcacaatataaagttctacagttaattatgtgcatattaaaacaatggcctggttca atttctttctttccttaataaatttaagtttttttccccccaaaattatcagtgctctgcttttagtcacgtgtattttcattaccactcgtaaaaag gtatctttttttaaatgaattaaatattgaaacactgtacaccatagtttaca
145	205464 _at	gagggtgatgccatctaaccctgcccctgtccaccccgggtgggtgaaactcactgagcagccaagactgttgcccgaggactc actgtatggtgccctctccaaagggtcgggagggtagctctccaggccagagcttgtgtccttcaacagagaggccagcggcaac tggtccgttactggccaagggctctgaagaatcaacggtgctggtacaggatacaggaataaattgtatcttcacctggttcctaccc tcgtccctacctgtcctgatcctggtcctgaagacccctcggaacaccctctcctggtggcaggccacttccctcccagtgccagtctc catccaccccagagaggaacaggcgggtgggccatgtggttttctccttcctggccttggctggcctctggggcaggggtggtgga gagatggaagggcatcaggtgtagggaccctgccaagtggcacctgatttactctag
146	205480 _s_at	ttaatgtgccaaggagccgttttctgcctgtcaaaaccacatcagatctcttgctggtgatgtcaaacctctatagtcttaatgcaggat ctctgacaatgagtgaaaagcgggaatttcctacagtgcccttggttaaattaggcagttcttttacgaaggttcaagattatctaaga agatttgaaagtataccagatatgcttgaattggatcacctcacagtttcaggagatgtgacatttggaaaaaatgtttcattaaaggg aacggttatcatcattgcaaatcatggtgacagaattgatatcccacctggagcagtattagagaacaagatagtgtctggaaacct tcgcatcttggaccactgaaatgaaaaatactgtggacacttaaataatgggctagtttcttacaatgaaatgttctctaggatttaggc actaaaaggtactttactatgttactgtaccctgc
147	205547 _s_at	caagaatgatgggcactaccgtggagatcccaactggtttatgaagaaagcgcaggagcataagagggaattcacagagagc cagctgcaggagggaaagcatgtcattggccttcagatgggcagcaacagaggggcctcccaggccggcatgacaggctacg gacgacctcggcagatcatcagttagagcggagagggctagccctgagcccggcgctccccagctccttggctgcagccatcc cgcttagcctgcctcacccacacccgtgtggtaccttcagccctggccaagctttgaggctctgtcactgagcaatggtaactgcac ctgggcagctcctccctgtgccccagcctcagcccaacttcttacccgaaagcatcactgccttggcccctccctcccggcggccc ccatcacctctactgtctcctccctgggctaagcaggggagaagcgggctgggggtagcctggatgtgggcgaagtccactgtcct ccttggcggcaaaagcccatt
148	205554 _s_at	tcaaagacttcgtgattatccccctgcacaccaccccagagacatccgttaaggagatcgatgagttggttgaggtctacacggac gtgaaacaccgctggaaggcggagaatttcattttcatgggtgacttcaatgccggctgcagctacgtccccaagaaggcctgga agaacatccgcttgaggactgaccccaggtttgtttggctgatcggggaccaagaggacaccacggtgaagaagagcaccaac tgtgcatatgacaggattgtgcttagaggacaagaaatcgtcagttctgttgttcccaagtcaaacagtgtttttgacttccagaaagct tacaagctgactgaagaggaggccctggatgtcagcgaccactttccagttgaatttaaactacagtcttcaagggccttcaccaa cagcaaaaaatctgtcactctaaggaagaaaacaaagagcaaacgctcctagacccaagggtctcatcttattaaccatttcttgc ctctaaata
149	205593 _s_at	aacgaggagcacatgaccctgctgaagatgattttgataaaatgctgtgatatctctaacgaggtccgtccaatggaagtcgcaga gccttgggtggactgtttattagaggaatattttatgcagagcgaccgtgagaagtcagaaggccttcctgtggcaccgttcatggac cgagacaaagtgaccaaggccacagcccagattgggttcatcaagtttgtcctgatcccaatgtttgaaacagtgaccaagctctt ccccatggttgaggagatcatgctgcagccactttgggaatcccgagatcgctacgaggagctgaagcggatagatgacgccat gaaagagttacagaagaagactgacagcttgacgtctggggccaccgagaagtccagagagagaagcagagatgtgaaaa acagtgaaggagactgtgcctgaggaaagcgggggcgtggctgcagttctggacgggctggccgagctgcgcgggatccttg tgcagggaagagctgccctgggcacctggcaccacaagaccatgttttctaa
150	205683 _x_at	tgacgcaaaataccaccttggcgcctacacgggagacgacgtccgcatcgtccgtgacgacatgctgtgtgccgggaacaccc ggagggactcatgccagggcgactccggagggcccctggtgtgcaaggtgaatggcacctggctgcaggcgggcgtggtcag ctggggcgagggctgtgcccagcccaaccggcctggcatctacacccgtgtcacctactacttggactggatccaccactatgtcc ccaaaaagccgtgagtcaggcctgggttggccacctgggtcactggaggaccaaccccctgctgtccaaaacaccactgcttccta cccaggtggcgactgccccccacaccttccctgccccgtcctgagtgcccccttcctgtcctaagcccccctgctctcttctgagcccctt cccctgtcctgaggaccccttccctatcctgagcccccttccctgtcctaagcctgacgcctgcaccgggccctccagccctccctgc ccagataggctggtggtgggcgctaatcct

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
151	205892 _s_at	gaagagggagctctattgccaccatgagtttctccggcaagtaccaactgcagagccaggaaaactttgaagccttcatgaaggc aatcggtctgccggaagagctcatccagaaggggaaggatatcaaggggtgtcggaaatcgtgcagaatgggaagcacttca agttcaccatcaccgctgggtccaaagtgatccaaaacgaattcacggtggg
152	205929 _at	ccttctctggtctccttgagatgatcgtagacacagggatgattcccacccaaacccacgtattcattcagtgagttaaacacgaattg atttaaagtgaacacacacaagggagcttgcttgcagatggtctgagttcttgtgtcctggtaattcctctccaggccagaataattgg catgtctcctcaacccacatggggttcctggttgttcctgcatcccgatacctcagccctggccctgcccagcccatttgggctctggttt tctggtggggctgtcctgctgccctcccacagcctccttctgtttgtcgagcatttcttctactcttgagagctcaggcagcgttagggct gcttaggtctcatggaccagtggctggtctcacccaactgcagtttactattgctatcttttctggatgatcagaaaaataattccataaa tctattgtctacttgcgatttttttaaaaaatgtatatttttatatatattgttaaatcctttgcttcattcca
153	205935 _at	tctcccaacctctactgtaaactttctggtccgagaacgagccgaacacagcgcgacgcagggactaggacggcccggtgacc gcgcggattcaggattgcggggacgcagaaaggttaaggcacttttaaaaactatagcaaggctcctgtttatttattctacttttctttc cctaataatcaaaacaccgcgtaggctcctccgtttatcagtattaatggtgtaactttgttggcaatatttgccgtgtagaatttttttag atatccattgtaaatttgaaacaaagaccgatctgtgtaaaaacaaatttccatatgttttatataaatatatatataatatgaaggacta ccctcctttttttttttttgtattttggctgctagagtgcagcatttgtgacacgtatttgaaatttgaaatttccttctgcactgtataaaaggac catttgaggatgttttgccttttgtgtatttt
154	205950 _s_at	gagccccattcacaaattttgacccctctactctccttccttcatccctggatttctggacctaccctggctctctgactcatcctcctcttta tgagagtgtaacttggatcatctgtaaggagagcatcagtgtcagctcagagcagctggcacaattccgcagccttctatcaaatgtt gaaggtgataacgctgtccccatgcagcacaacaaccgcccaacccaacctctgaagggcagaacagtgagagcttcattttga tgattctgagaagaaacttgtccttcctcaagaacacagccctgcttctgacataatccagttaaaataataatttttaagaaataaatt tatttcaatattagcaagacagcatgccttcaaatcaatctgtaaaactaagaaacttaaattttagttcttactgcttaattcaaataata attagtaagctagcaaatagtaatctgtaagcataagcttatcttaaattcaagtttagtttgaggaattctttaaaattacaactaagtg atttgtatgtctatttttttc
155	206000 _at	ggcagctttttatcagccttgctttggataggacctccaaggactaagcctccagccccatgtgtgacccttgtcatctctctgcccca cataattatgttactttgctatgtgctcctaatgtatctagtgtgtcctgtgacaacactcatcacacttcattgtaaatcacttgttttattgac tgtctttcctatagactgtaagctccatgagggcaggcacatgttgttctcattgaccgtgctggccccagtgcctagatgcatggctg gcacattgttggcactcaacaatggttgaatgaataaaacaataaatgaatgaataactaagatatagaaactctcatttatattgca gattgaatatatatgatgaaattcttatgttgaatatgttagaatcaaatactcatttttcattagatacagtagtgtcatcactcttttaagat cttgttaaagatttcaaataaaggtacttctggcgagccaggctgcacagcatttgctttcct
156	206094 _x_at	tatttgaatatgtatcgtgccccctccggagtctttgatcaggatgacatgtgccatttttcagaggacgtgcagacaggctggcattct agattacttttcttactctgaaacatggcctgtttgggagtgcgggattcaaaggtggtcccacggctgcccctactgcaaatggcagt tttaatcttatcttttggcttctgcagatggttgcattgatccttaaccaataatggtcagtcctcatctctgtcctgacttcataggt
157	206134 _at	ctttctatattgttatcagtccaggaaacaggtaaacagatgtaattagagacattggctctttgtttaggcctaatctttctttttacttttttttt tctttttttctttttttttaaagatcatgaatttgtgacttagttctgcccttggagaacaaaagaaagcagtcttccatcaaatcaccttaaa atgcacggctaaactattcagagttaacactccagaattgttaaattacaagtactatgctttaatgcttctttcatcttactagtatggcct ataaaaaaaaataataccacttgatgggtgaaggctttggcaatagaaagaagaatagaattcaggttttatgttattcctctgtgttca cttcgccttgctcttgaaagtgcagtatttttctacatcatgtcgagaatgattcaatgtaaatatttttcattttatcatgtatatcctatacac acatctccttcatcatcatatatgaagtttattttgagaagtctacattgcttacattt
158	206143 _at	taacaatccatgatgctgttttgcatattttgatgaagaaagattacagtacttcaaagtttaatcccagtcaggaaaaagatggaaa aattgattttaccataaatacaaatggaggattacgtaatcgggtatatgaggtgccagttgaaacaaaattctaatcaacatataatt cagaaggatcttcatctgactatgacataaaaacaactttatacccagaaagttattgataagttcatacattgtacgaagagtatttttt gacagaatatgtttcaaacttggaacaagatggttctagcatggcatatttttcacatatctagtatgaaattatataagtattctaaattt tatatcttgtagctttatcaaagggtgaaaattattttgttcatacatatttttgtagcactgacagatttccatcctagtcactaccttcatgc ataggtttagcagtatagtggcgccactgttttgaatct
159	206149 _at	tcatcaggctccagttattctccatctcccagctcagctttttctgtctgtaagcctgattttcaggaaggctctttcctagtgatggagatg accaccatcagctccaggcttctatcctgctaacccagtaacccagtgggaagagatttacttattccaataattccaagtggagagt gtcattgacccgtttggggtctcatctctacttctaggggaatgaaacactttgagtggccaggcctgtgtcatgtgctaattcctagag ccagggaaataaggtctgaggattcaggatggggtgaaaggtggttgcttaaaggaaaatgaaatacaattagcagaataagg ggaaacgagtggtctgctctgctcgggcaaaacaagagatgcccattactgtgagggacccttgaagtctggactcttaaatgggt ttttgctgatttcctgggtgcatgctagg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
160	206198 _s_at	accagcaacaacttcaatccggtggagaacaaagatattgtggttttaacctgtcaacctgagactcagaacacaacctacctgtg gtgggtaaacaatcagagcctcctggtcagtcccaggctgctgctctccactgacaacaggaccctcgttctactcagcgccacaa agaatgacataggaccctatgaatgtgaaatacagaacccagtgggtgccagccgcagtgacccagtcaccctgaatgtccgct atgagtcagtaca
161	206199 _at	atattagttaccctggtgtgctgtattctctaaaaccttaaatgtttgcatgcagccattcgtcaaatgtcaaatattctctctttggctgga atgacaaaaactcaaataaatgtatgattaggaggacatcataacctatgaatgatggaagtccaaaatgatggtaactgacagt agtgttaatgccttatgtttagtcaaactctcatttaggtgacagcctggtgactccagaatggagccagtcatgctaaatgccatatac tcacactgaaacatgaggaagcaggtagatcccagaacagacaaaactttcctaaaaacatgagagtccaggctgtctgagtca gcacagtaagaaagtcctttctgctttaactcttagaaaaaagtaatatgaagtattctgaaattaaccaatcagtttatttaaatcaatt tatttatattcttctgttcctggattcccatttacaaaacccactgttctactgttgtattgcccagt
162	206208 _at	cccaggaccctgaagacgaaattgcggtgctggcctttctggtggaggctggaacccaggtgaacgagggcttccagccactgg tggaggcactgtctaatatccccaaacctgagatgagcactacgatggcagagagcagcctgttggacctgctccccaaggagg agaaactgaggcactacttccgctacctgggctcactcaccacaccgacctgcgatgagaaggtcgtctggactgtgttccggga gcccattcagcttcacagagaacagatcctggcattctctcagaagctgtactacgacaaggaacagacagtgagcatgaagga caatgtcaggcccctgca
163	206209 _s_at	accacaccgacctgcgatgagaaggtcgtctggactgtgttccgggagcccattcagcttcacagagaacagatcctggcattctc tcagaagctgtactacgacaaggaacagacagtgagcatgaaggacaatgtcaggcccctgcagcagctggggcagcgcac ggtgataaagtccggggccccgggtcggccgctgccctgggccctgcctgccctgctgggccccatgctggcctgcctgctggcc ggcttcctgcgatgatggctcacttctgcac
164	206262 _at	actgactggacgcacgtggaaaggagctatttttggaggctttaagagtaaagaatctgtcccgaaacttgtggctgactttatggct aagaagttttcactggatgcattaataacaaatattttacctttgaaaaaataaatgaaggatttgacctgcttcgctctggaaagagt atccgtaccgtcctgacgttttgaaacaatacagatgccttcccttgtagcagttttcagcctcctctaccctacatgatctggagcaac agctaggaaatatcattaattctgctcttcagagatgttaaaaataaattacacgtgggagctttccaa
165	206377 _at	gttggtcactgttatttgcctactgctggaagaaggacaaccgctggcaaggtagcgttccccaatctgaatacctgcaggctccca catgagggagagggcagactcaggtgggaagatgtgccatgcgtaaggcatcaacgtgtatctgtgggatcttcgttgccttcagt aatcagggtgtgaaaaaagcagacaagttgtgtgtgtgtgtgtgtctaagaaaacttgtgtgcttttcaaaaaggcagtgctaagc acaagatttcaagaaagcctcttcttgttgcctagctgagtgggagagtcattttccccagacactacatttggatacaggtgccaaa gaacattattaaggaattatttagaaacaatgtgtctagtttaagaaagtggttttcagtattgtgacaatacaacgtttttacaaggttgt tttctaccaccatattttaaagatatttttatgaccgtgtatactcacactttgctt
166	206385 _s_at	aaagcccttcatctaatatttgttgctattgccaatttttcaatgaaatgacctaaaaacaacaaaaaaaaataacctatacggtagtt gctttaggggggtgggggatgctatctgttagtgcttaaaaggggtaaatgcttgccgctttagaggtggatggtgctcataaaagg ccccagtcgggggtatttaaaaaggactgaacagaaatccttagctagtagaatggcagcacgctgtaaaattattactgtattgtgt actggctataagatgtagacacctttcagtaagccaatcatttgtaaccattctagcagtgtcatattaggttaataaggctgctgtgtttt aaagggcatttttatttgggttttggtgaaattctttaatttgttgattatattcacataaaatcagcattcattgacacatagctctaatgac atatgtatgaaaaaccatacactggatgacctagtcga
167	206422 _at	ctgatggttctttctctgatgagatgaacaccattcttgataatcttgccgccagggactttataaactggttgattcagaccaaaatcac tgacaggaaataactatatcactattcaagatcatcttcacaacatcacctgctagccacgtgggatgtttgaaatgttaagtcctgta aatttaagaggtgtattctgaggccacattgctttgcatgccaataaataaattttcttttagtgttgtgtagccaaaaattacaaatgga ataaagttttatcaaaatattgctaaaatatcagctttaaaaatatgaaagtgctagattctgttatttttcttcttattttggatgaagtacccc aacctgtttacatttagcgataaaattatttttctatgatataatttgtaaatgtaaattattccgatctgacatatctgcattataataatagg agaatagaagaactggtagccacagtggtgaaattggaaagagaactttcttcctgaaaccttgtcttaaaaatactcagctttcaa tgtatcaa
168	206461 _x_at	gccggctcctgcaagtgcaaaaagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgttgccccctgggctgtgccaagt gtgcccagggctgcatctgcaaaggggcgtcagagaagtgcagctgctgtgcctgatgtcgggacagccctgctgtcagatgaa aacagaatgacacgtaaaatccgaggttttttttttctacaactccgactcatttgctacattccttttttctg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
169	206561 _s_at	ttccctgctggaggatcccaagattaaggagattgctgcaaagcacaaaaaaaccgcagcccaggttctgatccgtttccatatcc agaggaatgtgattgtcatccccaagtctgtgacaccagcacgcattgttgagaacattcaggtctttgactttaaattgagtgatgag gagatggcaaccatactcagcttcaacagaaactggagggcctgtaacgtgttgcaatcctctcatttggaagactatccccttcaat gcagaatattgaggttgaatctcctggtgagattatacaggagattctctttcttcgctgaagtgtgactacctccactcatgtcccatttt agccaagcttatttaagatcacagtgaacttagtcctgttatagacgagaatcgaggtgctgttttagacatttatttctgtatgttcaact aggatcagaatatcacagaaaagcatggcttgaataaggaaatgacaatttttttccacttatctgatcagaacaaatgtttattaagc atcagaaactctgccaacactga
170	206576 _s_at	taagtccagtagtagcaaagccccaaatcaaagccagcaagaccacagtcacaggagataaggactctgtgaacctgacctg ctccacaaatgacactggaatctccatccgttggttcttcaaaaaccagagtctcccgtcctcggagaggatgaagctgtcccagg gcaacaccaccctcagcataaaccctgtcaagagggaggatgctgggacgtattggtgtgaggtcttcaacccaatcagtaaga accaaagcgaccccat
171	206637 _at	tgagcctggggttctggtgttagaatatttttaagtaggctttactgagagaaactaaatattggcatacgttatcagcaacttcccctgtt caatagtatgggaaaaataagatgactgggaaaaagacacacccacaccgtagaacatatattaatctactggcgaatgggaa aggagaccattttcttagaaagcaaataaacttgatttttttaaatctaaaatttacattaatgagtgcaaaataacacataaaatgaa aattcacacatcacatttttctggaaaacagacggattttacttctggagacatggcatacggttactgacttatgagctaccaaaact aaattctttctctgctattaactggctagaagacattcatctatttttcaaatgttctttcaaaacatttttataagtaatgtttgtatctatttcat gctttact
172	206641 _at	atttctttggcagttttcgtgctaatgtttttgctaaggaagataagctctgaaccattaaaggacgagtttaaaaacacaggatcaggt ctcctgggcatggctaacattgacctggaaaagagcaggactggtgatgaaattattcttccgagaggcctcgagtacacggtgg aagaatgcacctgtgaagactgcatcaagagcaaaccgaaggtcgactctgaccattgctttccactcccagctatggaggaag gcgcaaccattcttgtcaccacgaaaacgaatgactattgcaagagcctgccagctgctttgagtgctacggagatagagaaatc aatttctgctaggtaattaaccatttcgactcgagcagtgccacttttaaaaatcttttgtcagaatagatgatgtgtcagatctctttagga tgactgtatttttcagttgccgatacagcttttttgtcctctaactg
173	206664 _at	gaagacactaccaacatgatattacgtattgatctgaccacacacaatgttactctagaagaaccaatagaaatcaactggtcatg aagatcaccatcaattttagttgtcaatgggaaaaaacaccaggatttaagtttcacagcacttacaattttccctcttcacttggttcttg tactctacaaaatatagctttcataacatcgaaaagttattttgtagcgtacatcaatgataatgctaatttttattatagtaatgtgacttgg attcaattttaaggcatatttaacaaaatttgaatagccctatttatccttgttaagtatcagctacaattgtaaactagttactaaacatgt atgtaaatagctaagatataatttaaacgtgatttttaaattaaataaatttttatgtaattatatatactatatttttctcaatgtttagcaga tttaagatatgtaacaacaattatttgaagatttaattacttcttagtatgtgcattta
174	206710 _s_at	attgcaatttcttaggtaaccttatatttacaataaatgaagattaccctcaaatgctagaagctgtctaggtccgtccggtgtgtcagat ttcctcagattagatgtgccaataaccaagtttattcagtaaacaacttgtacttgtttcatctggtttattactctcacccataaacagtaa tgactctctgaccctctggaaatatgtaatgcttccaatcttg
175	206784 _at	ttttggacctgcggtggtggccaaccactggaacttccactggatctactggctgggcccactcctggctggcctgcttgttggactgc tcattaggtgcttcattggagatgggaagacccgcctcatcctgaaggctcggtgagcagagctcgtgggattcctgctgctccagg tgtcctcagctcacctgtcccagactgaggacaggggagttcctgcatttcctgccagggcagaggcccagaggagcgacccct gcttccactgcttgggcctgctttctcagatagactgactgctgaggaggctctaggttcttggaattcctttgtgctcatcagagacccc agcctggggaacacgctgcccgcactgcccagagagcagtgcaaacaccacaacacgagcgtgtttcttgagaggaatgtccc cgagttggacaaggaggctgtttctgcacatcagctcatttcc .
176	207003 _at	gaggggtcaccgtgcaggatggaaatttctccttttctctggagtcagtgaagaagctcaaagacctccaggagccccaggagcc cagggttgggaaactcaggaactttgcacccatccctggtgaacctgtggttcccatcctctgtagcaacccgaactttccagaaga actcaagcctctctgcaaggagcccaatgcccaggagatacttcagaggctggaggaaatcgctgaggacccgggcacatgtg aaatctgtgcctacgctgcctgtaccggatgctaggggggcttgcccactgcctgcctcccctccgcagcagggaagctcttttctcc tgcagaaagggccacccatgatactccactcccagcagctcaacctaccctggtccagtcgggaggagcagcccggggagga actgggtgact
177	207080 _s_at	tcgtctgcttcacaagctatcgctatggtgttcgtgcgcaggccgtggcccgccttgaccacagtgcttctggccctgctcgtctgccta ggggcgctggtcgacgcctaccccatcaaacccgaggctcccggcgaagacgcctcgccggaggagctgaaccgctactacg cctccctgcgccactacctcaacctggtcacccggcagcggtatgggaaaagagacggcccg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
178	207126 _x_at	tatttgaatatgtatcgtgccccctccggtgtctttgatcaggatgacatgtgccatttttcagaggacgtgcagacaggctggcattcta gattacttttcttactctgaaacatggcctgtttgggagtgcgggattcaaaggtggtcccaccgctgcccctactgcaaatggcagttt taatcttatctttttggcttctgcagatggttgcaattgatccttaaccaataatggtcagtcctcatctctgtcctgcttcataggtgccaccttt gtgtgtttaaa
179	207134 _x_at	tgacgcaaaataccaccttggcgcctacacgggagacgacgtccgcatcgtccgtgacgacatgctgtgtgccgggaacaccc ggagggactcatgccagggcgactccggagggcccctggtgtgcaaggtgaatggcacctggctgcaggcgggcgtggtcag ctggggcgagggctgtgcccagcccaaccggcctggcatctacacccgtgtcacctactacttggactggatccaccactatgtcc ccaaaaagccgtgagtcaggcctgggttggccacctgggtcactggaggaccaacccctgctgtccaaaacaccactgcttccta cccaggtggcgactgccccccacaccttccctgccccgtcctgagtgccccttcctgtcctaagccccctgctctcttctgagcccctt cccctgtcctgaggacccttccccatcctgagccccccttccctgtcctaagcctgacgcctgcaccgggccctccggccctccctg cccaggcagctggtggtgggcgct
180	207245 _at	atgatcacaaaatgttgcctgttttgtttccgaaagcttgccaaaacaggaaagaagaagaaaagggattagttatatcaaaagcc tgaagtggaatgaccaaaagatgggactcctcctttattccagcatggagggttttaaatggaggatttccttttttcctgcgacaaaac gtcttttcacaacttaccctgttaagtcaaaatttatttttccaggaatttaatatgtactttagttggaattattctatgtcaatgatttttaagct atgaaaaataataatataaaaccttatgggcttatattgaaatttattattctaatccaaaagttaccccacacaaaagttactgagctt ccttatgtttcacacattgtatttgaacacaaaacattaacaactccactcatagtatcaacattgttttgcaaatactcagaatattttgg cttcattttgagcagaat
181	207266 _x_at	caagtatcggggctctgctatcaaggtgcaaagtccttcgtggatgcaacctcaaccatatattctacagcaccctggtgccgtgttа actccctcaatggagcacaccatgtcactacagcccgcatcaatgatcagccctctggcccagcagatgagtcatctgtcactagg cagcaccggaacatacatgcctgcaacgtcagctatgcaaggagcctacttgccacagtatgcacatatgcagacgacagcggt tcctgttgaggaggcaagtggtcaacagcaggtggctgtcgagacgtctaatgaccattctccatataccttttcaa
182	207390 _s_at	tggactggtgtcgagccaagactcggggcctacgagcacgtcgacatccagaacttctcctccagctggagtgatgggatggcctt ctgtgccctggtgcacaacttcttccctgaggccttcgactatgggcagcttagccctcagaaccgacgccagaacttcgaggtggc cttctcatctgcggagatgctggtggactatgtgcccctggtggaggtggacgacatgatgatcatgggcaagaagcctgacccca agtgtgtcttcacctatgtgcagtcgctctacaaccacctgcgacgccacgaactggcctcgcgcggcaagaatgtctagcctgcc cgcccgcatggccagccagtggcaactgccgcccccactctccgggcaccgtctcctgcctgtgcgtccgcccaccgctgccctg tctgttgcgacaccctccccccacatacacacgcagcgttttga
183	207392 _x_at	ggatgtgatagcattcctgctggcctgcgtggcaactgtgatatttatcatcacaaaattttgcctgttttgtttccgaaagcttgccaaaa caggaaagaagaagaaaagagattagttatatcaaaagcctgaagtggaatgactgaaagatgggactcctcctttatttcagca tggagggttttaaatggaggatttccttttttcctgtgacaaaacatcttttcacaacttaccttgttaagacaaaatttatttttccagggattt aatacgtactttagttggaattattctatgtcaatgatttttaagctatgaaaaatacaatgggggggaaggatagcatttggagatatac ctaatgttaaatgacgagttactggatgcagcacgcaacatggcacatgtgtatacatatgtagctaacccttcgttgtgcacatgtac cctaaaacttaaagtataatttaaaaaaagcaaaaaaaaaaaataccaactctttttttttaaaccaggaaggaaaatgtgaacatg gaaacaacttctagtattggatctg
184	207432 _at	gccccggagtgcagctgcggggacccgctgctcgaccccggcctgccggagcccgaggccccgcccccctgcgggtcccgaa ccgcttaccctcatccctgggcctgtcgagcccttcagcatcgtgaccatgcccgggccccggggtccggcgccaccctggctgcc cagccctattggcgaggaggaggagaatctggcctgagatcttagagcccagccccctaaggacagggaaccaggtccctgca cggcacccacgcaggtgtcccggtctgcataagcctcgtatgcctttgtaaagtccacctacactttgaccagctctcgctgcccgc atgtgtttggcgctgtgctaggggcgggagttcttccagactcttggaccagcccgccctgaccaccagctctacttcccaaccccc actgcctgagaggtctctatcagtgtcctgcctgaattctttccttcaagtgaagatgtgactgactacctcctcgagttgtcatga
185	207502 _at	gaacccagggagcgcgatgggctgcagggctgcgtcagggctcctgccaggagtggccgtggtcctcctgctgctgctgcagag cacacagtcagtctacatccagtaccaaggcttccgggtccagctggaatccatgaagaagctgagtgacctggaggcacagtg ggcacccagcccccgcctgcaggcccagagcctcctgcccgccgtgtgccaccaccctgctctgcctcaggaccttcagcctgtc tgcgcctcgcaggaggcttccagcatcttcaagaccctgaggaccatcgctaacgacgactgtgagctgtgtgtgaacgttgcgtgt accggctgcctctgagatagccctgggtaccctgagcccaccagggacacctcgcccttcagcccaccaccctggcaggcttcc atccccgtccatgctcaagatgggtc
186	207761 _s_at	ttattcttagcgtcactggtctggctttcagaattaacatacaaggttgccacacctagttctgcccagctttatgtcttttattccagtattcc accaaagtttgttttcctgcattccagttctcaagtcttaagataaagattgtacttgacagtttagtatatccataaaactatttgaggtgg ttaaggttcttgggttcattttccttaatactttgctgaatattgtagattgtaggcaatgaaaaagtctactaaattaggaaaaccttgaat aattaggtatcctaggtaagagcccctaaacatcaagcaatctgtgagtctgtaaagaaataaatatttttttggattattcttatctaattc caccctgttggaagatgatttctttgttctttgcaactatggaagctgtgaaaatcatcacaagtgcctctgaaagcgagtgttaggtt ggttagagggt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
187	207961 _x_at	gtgacggtgctgaagaaggccctggatgaagagacgcggtcccatgaggctcaggtccaggagatgaggcagaaacacgca caggcggtggaggagctcacagagcagcttgagcagttcaagagggccaaggcgaacctagacaagaataagcagacgct ggagaaagagaacgcagacctggccggggagctgcgggtcctgggccaggccaagcaggaggtggaacataagaagaag aagctggaggcgcaggtgcagacactgagtttttagaaaaacatatccacggtaaccggtccctggcaattctgtttacatgaaat ggggagaaagtcaccgaaatgggtgccgccggcccccactcccaattcattccctaacctgcaaacctttccaacttctcacgtca ggcctttgagaattctttccccctctcctggtttccacacctcagacacgcacagttcaccaagtgccttctgtagtcacatgaattgaa aaggagacgctgctcccacggaggggagcaggaatgctgcactgtttacaccctgactgtgcttaaa
188	207977 _s_at	tagtggccgtgaggagcatcttcagtaagaaggaaggttctgacagacaatggaactacgcctgcatgcccacgccacagagc ctcggggaacccacggagtgctggtgggaggagatcaacagggctggcatggaatggtaccagacgtgctccaacaatgggct ggtggcaggattccagagccgctacttcgagtcagtgctggatcgggagtggcagttttactgttgtcgctacagcaagaggtgccc atattcctgctggctaacaacagaatatccaggtcactatggtgaggaaatggacatgatttcctacaattatgattactatatccgag gagcaacaaccactttctctgcagtggaaagggatcgccagtggaagttcataatgtgccggatgactgaatacgactgt
189	207980 _s_at	aatgtcatagacactgatttcatcgacgaggaagttcttatgtccttggtgatagaaatgggtttggaccgcatcaaggagctgcccg aactctggctggggcaaaacgagtttgattttatgacggacttcgtgtgcaaacagcagcccagcagagtgagctgttgactcgatc gaaacccc
190	208131 _s_at	ccccccaattgctgccaatagtggataacatgtatcactcactgccaaaaatagaaagtgaccatgaaaaataaattcgctgggg aaggggctccatgctggtgtggccaaggctgagagctctctcttctctgttacaaaacgagataagcaagtnttagaattgcctta aggccacactggcatctccctgaccttctccagggacagaagcaggagtaagtttctcatcccatgggcgaccagggccatctcct cccaccagtggcccccactcacagggagctggcaatgccctacctgcctgttctccagatggagaaacaggctctgagatttcac aggtcttgcccaaagtcattgattttaatgattaaaaagaataaacacagtgtttcctgagtagcagtgattgttatgccttgctatttta
191	208370 _s_at	gatgtattaacctacctgtgaatcatatgttgtaggaaaagctgttcccatgtctaacaggacttgaattcaaagcatgtcaagtggat agtagatctgtggcgatatgagagggatgcagtgcctttccccattcattcctgatggaattgttatactaggttaacatttgtaatttttttc tagttgtaatgtgtatgtctggtaaataggtattatatttggccttacaataccgtaacaatgtttgtcattttgaaatacttaatgccaagt aacaatgcatgctttggaaatttggaagatggttttattctttgagaagcaaatatgtttgcattaaatgctttgattgttcatatcaagaaa ttgattgaacgttctcaaaccctgtttacggtacttggtaagagggagccggtttgggagagaccattgcatcgctgtccaagtgtttct tgt
192	208383 _s_at	agggcaagtgttcccaaattgacgccacctaataatcatcaccacaccgggagcagatctgaaggcacactttgatttttttaagga taagaaccacagaacactgggtagtagctaatgaaattgagaagggaaatcttagcatgcctccaaaaattcacatccaatgcat actttgttcaaatttaaggttactcaggcattgatcttttcagtgtttttcacttagctatgtggattagctagaatgcacaccaaaaagat acttgagctgtatatatatatgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgcatgtatgtgcacatgtgtctgtgtgatatttggtatgtgtattt gtatgtactgttattcaaaatatatttaataccttggaaaatcttgggcaagatgacctactagttttccttgaaaaaaagttgctttgttat taatattgtgct
193	208399 _s_at	ccgagccgagcttactgtgagtgtggagatgttatcccaccatgtaaagtcgcctgcgcaggggagggctgcccatctccccaac ccagtcacagagagataggaaacggcatttgagtgggtgtccagggccccgtagagagacatttaagatggtgtatgacagagc attggccttgaccaaatgttaaatcctctgtgtgtatttcataagttattacaggtataaaagtgatgacctatcatgaggaaatgaaag tggctgatttgctggtaggattttgtacagtttagagaagcgattatttattgtgaaactgttctccactccaactcctttatgtggatctgttc aaagtagtcactgtatatacgtatagagaggtagataggtaggtagattttaaattgcattctgaatacaaactcatactccttagagc ttgaattacatttttaaaatgcatatgtgctgtttggcaccgtggcaagatggtatcagagagaaacccatcaattgctcaaatactc
194	208450 _at	ggagctgtcaccatgacgggggaacttgaggttaagaacatggacatgaagccggggtcaaccctgaagatcacaggcagca tcgccgatggcactgatggctttgtaattaatctgggccaggggacagacaagctgaacctgcatttcaaccctcgcttcagcgaat ccaccattgtctgcaactcattggacggcagcaactgggggcaagaacaacgggaagatcacctgtgcttcagcccagggtcag aggtcaagttcacagtgacctttgagagtgacaaattcaaggtgaagctgccagatgggcacgagctgacttttcccaacaggctg ggtcacagccacctgagctacctgagcgtaaggggcgggttcaacatgtcctc
195	208581 _x_at	gcgtgttttcctcttgatcgggaactcctgcttctccttgcctcgaaatggaccccaactgctcctgctcgcctgttggctcctgtgcctgt gccggctcctgcaaatgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgctgccctgtcggctgtgccaagt gtgcccagggctgcatctgcaaagggacgtcagacaagtgcagctgctgtgcctga

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
196	208596 _s_at	cccgaccatcgaatcttgcgaacaacacgatacttgttaagtggctaccccaaaacgatctgcttggtcacccgatgacccgtgcct ttatcacccatgctggttcccatggtgtttatgaaagcatatgcaatggcgttcccatggtgatgatgcccttgtttggtgatcagatgga caatgcaaagcgcatggagactaagggagctggagtgaccctgaatgttctggaaatgacttctgaagatttagaaaatgctctaa aagcagtcatcaatgacaaaagttacaaggagaacatcatgcgcctctccagccttcacaaggaccgcccggtggagccgctg gacctggccgtgttctgggtggagtttgtgatgaggcacaagggcgcgccacacctgcgccccgcagcccacgacctcacctggt accagtaccattccttggacgtgattggtttcctcttggccgtcgtgctgacagtggccttcatcacctttaaatgttgtgcttatggctacc ggaaatgcttggggaaaaaagggcgagttaagaaagcccacaaatccaagacc
197	208747 _s_at	tgcagaggcctatgttttcactcctaacatgatctgtgctggaggagagaagggcatggatagctgtaaaggggacagtggtggg gcctttgctgtacaggatcccaatgacaagaccaaattctacgcagctggcctggtgtcctgggggccccagtgtgggacctatgg gctctacacacgggtaaagaactatgttgactggataatgaagactatgcaggaaaatagcacccccgtgaggactaatccag atacatcccaccagcctctccaagggtggtgaccaatgcattaccttctgttccttatgatattctcattatttcatcatgactgaaagaa gacacgagcgaatgatttaaatagaacttgattgttgagacgccttgctagaggtagagtttgatcatagaattgtgctggtcatacat ttgtggtctgactccttggggtcctttccccggagtacctattgtagataacactatgggtggggcactccttt
198	208763 _s_at	gggcctaaccagccttgggagtattgactggtcccttacctcttatggctaagtctttgactgtgttcatttaccaagttgacccagtttgt cttttaggttaagtaagactcgagagtaaaggcaaggaggggggccagcctctgaatgcggccacggatgccttgctgctgcaac cctttccccagctgtccactgaaacgtgaagtcctgttttgaatgccaaacccaccattcactggtgctgactacatagaatggggttg agagaagatcagtttgggcttcacagtgtcatttgaaaacgtttttgttttgttttgtaattattgtggaaaactttcaagtgaacagaagg atggtgtcctactgtggatgagggatgaacaaggggatggctttgatccaatggagcctgggaggtgtgcccagaaagcttgtctgt agcgggttttgtgagagtgaacactttccacttttgacaccttatcctgatgtatggttc
199	208788 _at	agatgtgtttagaacctcttgtttaaaaataatagactgcttatcataaaatcacatctcacacatttgaggcagtggtcaaacaggta aagcctatgatgtgtgtcattttaaagtgtcggaatttagcctctgaatacctttctccattgggggaaagatattcttggaaccactcatg acatatcttagaaggtcattgacaatgtataaactaattgttggtttgatatttatgtaaatatcagtttaccatgctttaattttgcacattcg tactatagggagcctattggttctctattagtcttgtgggttttctgtttgaaaaggagtcatggcatctgtttacatttaccttatcaaaccta gaatgtgtatatttataaatgtatgtcttcattgctaggtactaatttgcagatgtctttacatatttcaatacagaaactataacattcaata gtgtgctgtcaaagtgtgcttagctcacctggatatacctacattg
200	208789 _at	gaagggagtgttgctcccagtccagaggcctgattctgttcggactgggttctcaagacacgaccaggttctcaagacacgagtcc ccttgttcctccccattaaaggggggtttgtcagaagcaagaacagcccctctccccagtcacagcctgaagggaggccccgaga gcttcctccttcccccccacctgctccttacctctctgccctgctttttagaactgcagttcattgttttaagggattgggggagggagcctg gggacacaaacctttatacaatacaaagctttgctttttttttttttnnnnnnnccttttccctttctcggttctcttctctcctctgaatggct gaagacccctctgccgagggaggttggggattgtgggacaaggtcccttggtgctgatggcctgaaggggcctgagctgtgggc agatgcagttttctgtgggcttggggaacctctcacgttgctgtgtcctggtgagcagcccgaccaataaacctgcttt
201	208791 _at	ggctgcctgcggatgaaggaccagtgtgacaagtgccgggagatcttgtctgtggactgttccaccaacaaccctcccaggcta agctgcggcgggagctcgacgaatccctccaggtcgctgagaggttgaccaggaaatataacgagctgctaaagtcctaccagt ggaagatgctcaacacctcctccttgctggagcagctgaacgagcagtttaactgggtgtcccggctggcaaacctcacgcaagg cgaagaccagtactatctgcgggtcaccacggtggcttcccacacttctgactcggacgttccttccggtgtcactgaggtggtcgtg aagctctttgactctgatcccatcactgtgacggtccctgtagaagtctccaggaagaacccta
202	208792 _s_at	agcagctgaacgagcagtttaactgggtgtcccggctggcaaacctcacgcaaggcgaagaccagtactatctgcgggtcacca cggtggcttcccacacttctgactcggacgttccttccggtgtcactgaggtggtcgtgaagctctttgactctgatcccatcactgtga cggtccctgtagaagtctccaggaagaaccctaaatttatggagaccgtggcggagaaagcgctgcaggaataccgcaaaaag caccgggaggagtgagatgtggatgttgc
203	208894 _at	cgatcaccaatgtacctccagaggtaactgtgctcacgaacagccctgtggaactgagagagcccaacgtcctcatctgtttcata gacaagttcacccca
204	208920 _at	gatataccatgtattcacactttaaaaaatacacatagcagagtatcggaaagtatgtaccaaaacattgatctggctaccactggg agtcaggatcatgagttcatcttcttcntncttnnnactgcttttccaaacattctccagtaagcaggtactacatttataatggaagga atttttttaaaaaattttaagctgtacactttcaagtaagatctgaattctaatgctggcttgtgcctcttactatgtggtttggtcattatagat aatgcccagtttcagtttccccatctttgaaaaggagataatatgttatctcttgggagtagttctgaatatgaagtgtgttgatacaaga agcactgacaatgtttctgtttcttaaatttaaaactggcctggtttgccttttttatcaagagagcttaacagataaaaaatgaaattagt ctattttctacttgccagcagagtatctgtcttattttaggatgcagtgtgaaacttaccattcaactgaacaac

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
205	209047 _at	gaaggctggattctatctacataagtcctttcaattccaccagggccagagcagctccaccactgtgcacttagccatgatggcaac agaaaccaagagacacaattacgcaggtatttagaagcagagggacaaccagaaggcccttaactatcaccagtgcatcacat ctgcacactctcttctccattccctagcaggaacttctagctcatttaacagataaagaaactgaggcccacggtttcagctagacaa tgatttggccaggcctagtaaccaaggccctgtctctggctactccctggaccacgaggctgattcctctcatttccagcttctcagtttc tgcctgggcaatggccaggggccaggagtggggagagttgtgatggaggggagaggggtcacacccacccccctgcctggttnt aggctgctgcacaccaaggccctgcatctgtctgctctgcatatatgt
206	209074 _s_at	agacagctgtttagggtcttctcccctcacccatgctttcatcatcccctccgcacagcctccccgtccaggccttctaaccacaccta cccagggctgccgcattcctgcactcagaagtctgcagcggtgcctcacaaacttgattgtgcataaaaatcactggggatcttgtta atacagattctaactcaatagatctgggagatcctgcatttctaacaagctcccaggtaaggcggaggctgctggtgtgaggaccat gctgtgagcagcagggcgagagtgcccagggctgatatatattggaaatatcacccctgaagccatcgctggcccccacctcctg tggactgatgccccagggattcccaccccacttctgcaaccccaggtatccttcattatccaccccatcccagactcccaccccagg gattgcccgtgaagactttggcctagcaaattgtgttggttatgtgagtgttgttttaatcagagatgtacatgattgccaatctgcatttctt accagtgtgaccacac
207	209101 _at	atcatcagatcgactcttatacgagtaatatgcctgctatttgaagtgtaattgagaaggaaaattttagcgtgctcactgacctgcctg tagccccagtgacagctaggatgtgcattctccagccatcaagagactgagtcaagttgttccttaagtcagaacagcagactcag ctctgacattctgattcgaatgacactgttcaggaatcggaatcctgtcgattagactggacagcttgtggcaagtgaatttgcctgta acaagccagatttttttaaaatttatattgtaaatattgtgtgtgtgtgtgtgtgtatatatatatatatatgtacagttatctaagttaatttaa agttgtttgtgccttttttatttttgttttttaatgctttgatatttcaatgttagcctcaatttctgaacaccataggtagaatgtaaagcttgtctga tcgttcaaagcatgaaatggatacttatatggaaattctgctcagatagaatgacagtccgtcaaaacagattgtttgcaaaggggga ggcatcagtgtcttg
208	209114 _at	tacaccacaatggctgagcacttcctgacgttgctggtagtgcctgccatcaagaaagattatggttcccaggaagacttcactcaa gtgtggaacaccaccatgaaagggctcaagtgctgtggcttcaccaactatacggattttgaggactcaccctacttcaaagagaa cagtgcctttcccccattctgttgcaatgacaacgtcaccaacacagccaatgaaacctgcaccaagcaaaaggctcacgacca aaaagtagagggttgcttcaatcagcttttgtatgacatccgaactaatgcagtcaccgtgggtggtgtggcagctggaattggggg cctcgagctggctgccatgattgtttccatgtatctgtactgcaatctacaataagtccacttctgcctctgccactactgctgccacatg ggaaactgtgaagaggcaccctgggcaagcagcagtgattgggggaggggacaggatctaacaatgtcacttgggccagaat ggacctggcctttctgctcccagacttgggggctag
209	209116 _x_at	gcagttatgggcaaccctaaggtgaaggctcatggcaagaaagtgctcggtgcctttagtgatggcctggctcacctggacaacct caagggcacctttgccacactgagtgagctgcactgtgacaagctncangtggatcctgagaacttcaggctnctnggcaacgtg ntngtctgngtgctggcccatcactttggcaaagaattcaccccaccag
210	209138 _x_at	tctctgggctccaggctgaggacgaggctgattattactgctgctcatatgcaggtagttacactgtggttttcggcggagggaccaa actgaccgtcctaggtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccgccctcctctgaggagcttcaagccaacaaggcca cactggtgtgtctcataagtgacttctacccgggagccgtgacagtggcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggag tggagaccaccacaccctccaaacaaagcaacaacaagtacgcggccagcagctatctgagcctgacgcctgagcagtgga agtcccacagaaagctacagctaccaggtcacgcatgaaagggagcaccatggagaaagacaagtggccc
211	209147 _s_at	tttggtgcagctgctagtcagtccctgactgacattgccaagtattcaataggcagactgcggcctcacttcttggatgtttgtgatcca gattggtcaaaaatcaactgcagcgatggttacattgaatactacatatgtcgagggaatgcagaaagagttaaggaaggcaggt tgtccttctattcaggccactcttcgttttccatgtactgcatgctgtttgtggcactttatcttcaagccaggatgaagggagactgggca agactcttacgccccacactgcaatttggtcttgttgccgtatccatttatgtgggcctttctcgagtttctgattataaacaccactggag cgatgtgttgactggactcattcagggagctctggttgcaatattagttgctgtatatgtatcggatttcttcaaagaaagaacttcttttaa agaaagaaaagaggaggactctcatacaactctgcatgaaacaccaacaactgggaatcactatccgagcaatcaccagc
212	209156 _s_at	gcacgccatcaatgccatcgtgcgcagcccgcgtggcggggcccggaggcacgcagagctgtccttcgtgttcctcacggacgg cgtcacgggcaacgacagtctgcacgagtcggcgcactccatgcgcaacgagaacgtggtacccaccgtcctggccttgggca gcgacgtggacatggacgtgctcaccacgctcagcctgggtgaccgcgccgccgtgttccacgagaaggactatgacagcctg gcgcaacccggcttcttcgaccgcttcatccgctggatctgctagcgccgccgcccgggccccgcagtcgagggtcgtgagccca ccccgtccatggtgctaagcgggccc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
213	209167 _at	tgtttcctcatagctagttctcaagctgcatgtaagattttaacgggaagagaaaataggcctggacctgaaggtctcaaatatgttga gaagaaagtatgaactataaggaacttgagatgtagatttattttgcaggaaatacgaggaaaataggaaagaagtgtttgccgc atcaagtgtaaagaatgatactgaggatttttacattttatgaaatgaaataatggcatttacaaaatgaaaaatgtagtttcacaact aagttttgttaacagagactgcatgctttgcttatagttcttaattttggttttgacattcatttaatttttccatgttaaatatgtagtttaattattt actcaaaataaacattgttcatgcttttaggcctttgggggaattgatttttatccacaggtagaaaatggtctttgcacacactacactt atttcaaatatacaatgtgctcccgaactttcgcattagtctt
214	209170 _s_at	gaaatatcactgacactccagactaaagcagagtctaggtttctgcaattttgttacagtaatttgtaaatagctttagtaaactcaccttt gcatggtagattaataagatgacttactgtacatgaattacacaataatgagatctggtggctatttccacattttgaaaaggattcagt tatttactgacagtggtgagcatccttttttaaaataatgttctgatacttaaacattagagagcagtatctttaaatgaattattaacacttt ggaatacttacattttctgttatttttgattgcctgataaccagtttcaatgatgaaaatgaaaacaagtgctgaagatgaaatggaaga gaaccgttttaatctggattttgttttgtcacacctggaaaatactttgcaaatatgttctaaattgaaaacaatttttttatgatcacatggtt cactaccaaatgaccctcaaataagccagatg
215	209191 _at	gatagtcggaatagagccgccccaactcagatcctacaacacgcaagttccttcttgaaccctggtgcctcctaccctatggccctg aatggtgcactggtttaattgtgttggtgtcggcccctcacaaatgcagccaagtcatgtaattagtcatctggaacaaagactaaaa acagcagagaattgcgggttctacccagtcagaagatcacaccatggagactttctactagaggacttgaaagagaactgaggg gccacaaaataaacttcaccttccattaagtgttcaagcatgtctgcaaattaggagggagttagaaacagtctttttcatcctttgtga tgaagcctgaaattgtgccgtgttgccttatatgaatatg
216	209209 _s_at	tgtctccccgctatctaaaaaagtataagaacaagcagataacagcgagaatcttggaggcccatcagaatgtagctcagatga gtctaattgaagccaagatgagatttattcaagcttggcagtcactacctgaatttggcatcactcacttcattgcaaggttccaaggg ggcaaaaaagaagaacttattggaattgcatacaacagactgattcggatggatgccagcactggagatgcaattaaaacatgg cgtttcagcaacatgaaacagtggaatgtcaactgggaaatcaaaatggtcaccgtagagtttgcagatgaagtacgattgtccttc atttgtactgaagtagattgcaaagtggttcatgaattcattggtggctacatatttctctcaacacgtgcaaaagaccaaaacgaga gtttagatgaagagatgttctacaaacttaccagtggttgggtgtgaatagaaatactgtttaatgaaactccacggccataa
217	209210 _s_at	aaaatgctattagtccgtcgtgcttnatttgtttttgtccttgaataagcatgttatgtatatngtctcgtgtttttatttttacaccatattgtatta cacttttagtattcaccagcataancactgtctgcctaaaatatgcaactctttgcattacaatatgaagtaaagttctatgaagtatgc attttgtgtaactaatgtaaaaacacaaattttataaaattgtacagtttttaaaaactactcacaactagcagatggcttaaatgtagc aatctctgcgttaattaaatgcctttaagagatataattaacgtgcagttttaatatctactaaattaagaatgacttcattatgatcatgat ttgccacaatgtccttaactctaatgcctggactggccatgttctagtctgttgcgctgttacaatctgtattggtgctagtcagaaaattc ctagctcacatagcccaaaagggtgcgagggagaggtggattaccagtattgttcaataatccatggttca
218	209283 _at	gaccagttcttcggagagcacctgttggagtctgatctttttcccgacgtctacttccctgagtcccttctaccttcggccaccctccttcct gcgggcacccagctggtttgacactggactctcagagatgcgcctggagaaggacaggttctctgtcaacctggatgtgaagcac ttctccccagaggaactcaaagttaaggtgttgggagatgtgattgaggtgcatggaaaacatgaagagcgccaggatgaacat ggtttcatctccagggagttccacaggaaataccggatcccagctgatgtagaccctctcaccattacttcatccctgtcatctgatgg ggtcctcactgtgaatggaccaaggaaacaggtctctggccctgagcgcaccattcccatcacccgtgaaaagaagcctgctgtc accgcagcccccaagaaaaagatgccctttcttgaattgcatttttttaaaacaagaaagtttccccaccagtgaatgaa
219	209301 _at	tgaatcttcgggtgtttcccttagctaagcacagatctaccttggtgatttggaccctggttgctttgtgtctagttttctagaccttcatct cttacttgatagacttactaataaaatgtgaagactagaccaattgtcatgcttgacacaactgctgtggctggttggtgctttgtttatgg tagtagtttttctgtaacacagaatataggataagaaataagaataaagtaccttgactttgttcacagcatgtagggtgatgagcact cacaattgttgactaaa
220	209312 _x_at	ctgtgtatccttcaaagacccagcccctgcagcaccataacctcctggtctgttctgtgagtggtttctatccaggcagcattgaagtc aggtggttccggaatggccaggaagagaagactggggtggtgtccacaggcctgatccacaatggagactggaccttccagac cctggtgatgctggaaacagttcctcggagtggagaggtttacacctgccaagtggagcacccaagcgtgacaagccctctcaca gtggaatggagagcacggtctgaatctgcacagagcaagatgctgagtggagtcgggggctttgtgctgggcctgctcttccttgg ggccgggctgttcatctacttcaggaatcagaaaggacactctggacttcagcca
221	209335 _at	agtcaaatgccaaacactagctctgtattaatccccatcattactggtaaagcctcatttgaatgtgtgaattcaatacaggctatgtaa aatttttactaatgtcattattttgaaaaaataaatttaaaaatacattcaaaattannannnnanacaagcttaattgttaatattcccta aacacaattttatgaagggagaagacattggtttgttgacaataacagtacatcttttcaagttctcagctatttcttctacctctccctatc ttacatttgagtatggtaacttatgtcatctatgttgaatgtaagcttataaagcacaaagcatacatttcctgactggtctagagaactg atgtttcaatttacccctctgctaaataaa

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
222	209357 _at	ggcaaactgcttaatcttgtggattttgtagatggtttcaaatgactgaactgcattcagatttacgagtgaaaggaaaaattgcattag ttggttgcatgaactttgaagggcagatattactgcacaaactgccatctcgcttcatttttttaactatgcatttgagtacagactaatttttt aaaatatgctaaactggaagattaaacagatgtggcccaaactgttctggatcaggaaagtcatactgttcactttcaagttggctgt cccccccgccgccccccccccaccccccatatgtacagatgataatagggtgtggaatgtcgtcagtggcaaacatttcacagattatt ttgtttctgtcttcaacatttttgacactgtgctaat
223	209373 _at	ctcctccatgagtctgacatctcggaaactgagcagctgccggacgcctgggtcaggaatccaagaccccacctcttaaggactg gttcctcagaaagcaccctcagggaaaaaggtgaaaacattacatccgtggattctcctgccacaaccgcattggaagaaaagg ctgccgcaacatctcagcgaggagtgaaggacccatgtcccaggaaccgcgctgcgccacctgcactcacccccctcacattct cttaagcacccggtggccctccgaggcctggcggaatggtggtgcccacggggttgggcaagggctcaccaggacctcaacgg gcaaagttgtgcacactaaaatatcaaatcaaggtgcttggttttaaagtaaatgtttttctaaagaaagctgtgttcttctgttgaccca gacgaatagggcacagccctgtaactgcacgtgccttctgtcattgggaatg
224	209374 _s_at	caccatcacgtgcctggtgacgggcttctctcccgcggacgtcttcgtgcagtggatgcagaggggcagcccttgtccccggag aagtatgtgaccagcgccccaatgcctgagccccaggccccaggccggtacttcgcccacagcatcctgaccgtgtccgaaga ggaatggaacacgggggagacctacacctgcgtggtggcccatgaggccctgcccaacagggtcaccgagaggaccgtgga caagtccacc
225	209436 _at	ttctttttatattgtcctccacctccatcattttcaataaaagatagggcttttgctcccttgttcttggagggaccattattacatctctgaac taccttgtatccaacatgttttaaatccttaaatgaattgctttctcccaaaaaaagcacaatataaagaaacacaagatttaattatttt tctacttgggggggaaaaaangtcctcatgtagaagcacccacttttgcaatgttgttctaagctatctatctanctctcagcccatgata aagttccttaagctggtgattcctaatcaaggacaagccaccctagtgtctcatgtttgtat
226	209457 _at	ggaagcacaatttccaccttatttttgaactttggcagtttcaatgtctgtctctgttgcttcggggcataagctgatcaccgtctagttgg gaaagtaaccctacagggtttgtagggacatgatcagcatcctgatttgaaccctgaaatgttgtgtagacaccctcttgggtccaat gaggtagttggttgaagtagcaagatgttggcttttctggatttttttgccatgggttcttcactgaccttggacttggcatgattcttagtc atacttgaacttgtctcattccacctcttctcagagcaactcttcctttgggaaaagagttcttcagatcatagaccaaaaaagtcatac cttcgaggtggtagcagtagattccaggaggagaagggtacttgctaggtatcctgggtcagtggcggtgcaaactggtttcctcag ctgcctgtccttctgtgtgcttatgtctcttgtgacaattgttttcctccct
227	209458 _x_at	agagaacccaccatggtgctgtctcctgccgacaagaccaacgtcaaggccgcctggggtaaggtcggcgcgcacgctggcg agtatggtgcggaggccctggagaggatgttcctgtccttccccaccaccaagacctacttcccgcacttcgacctgagccacggc tctgcccaggttaagggccacggcaagaaggtggccgacgcgctgaccaacgccgtggcgcacgtggacgacatgcccaac gcgctgtccgccctgagcgacctgcacgcgcacaagcttcgggtggacccggtcaacttcaagctcctaagccactgcctgctgg tgaccctggccgcccacctccccgccgagttcacccctgcggtgcacgcctccctggacaagttcctggcttctgtgagcaccgtg ctgacctccaaataccgttaagctg
228	209496 _at	tggaggaatttcacaagcacccgcccgtgcagtgggccttccaggagaccagtgtggagagcgccgtggacacgcccttccca gctggaatatttgtgaggctggaatttaagctgcagcagacaagctgccggaagagggactggaagaaacccgagtgcaaagt caggcccaatgggaggaaacggaaatgcctggcctgcatcaaactgggctctgaggacaaagttctgggccggttggtccactg ccccatagagacccaagttctgcgggaggctgaggagcaccaggagacccagtgcctcagggtgcagcgggctggtgagga ccccccacagcttctacttccctggacagttcgccttctccaaggccctgccccgcagctaagccagcactgagctgcgtggtgcctc caggaccgctgccggtggtaaccagtggaagaccccagccccagggagaggaccccgttctatccccagccatgataata
229	209498 _at	tttgtcaggaaaccttggcctctgctaaggtgtatttggtccttgagaagtgggagcaccctacagggacactatcactcatgctggtg gcattgtttacagctagaaagctgcactggtgctaatgcccctggggaaatggggctgtgaggaggaggattataacttaggccta gcctcttttaacagcctctgaaatttatcttttcttctatggggtctataaatgtatcttatataataaaaggaaggacaggaggaagaca ggcaaatgtacttctcacccagtcttctacacagatggaatctctttggggctaagagaaaggttttattctatattgcttacctgatctca tgttaggcctaagaggctttctccaggaggattagcttggagttctctatactcaggtacctctttcagggttttctaaccctgacacgga ctgtgcatactttccc
230	209612 _s_at	actggatgcgttaataacccatgttttaccttttgaaaaaataaatgaaggatttgacctgcttcactctgggaaaagtatccgtaccgt cctgacgttttgaggcaatagagatgccttcccctgtagcagtcttcagcctcctctaccctacaagatctggagcaacagctagga aatatcattaattcagctcttcagagatgttatcaataaattacacatgggggctttccaaagaaatggaaattgatgggaaattatttttt caggaaaatttaaaattcaagtgagaagtaaataaagtgttgaacatcagctggggaattgaagccaacaaaccttccttcttaac cattctactgtgtcacctttgccattgaggaaaaatattcctgtgacttcttgcatttttggtatcttcataatctttagtcatcgaatcccagt ggaggggacccttttacttgccctgaacatacacatgctgggccattgtgattgaagtcttctaactctgtctcagt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
231	209613 _s_at	gcagatttcttgcttcatatgacaaagcctcaattactaattgtaaaaactgaactattcccagaatcatgttcaaaaaatctgtaattttt gctgatcgaaagtgcttcattgactaaacagtattagtttgtggctataaatgattatttagatgatgactgaaaatgtgtataaagtaat taaaagtaatatggtggctttaagtgtagagatgggatggcaaatgctgtgaatgcagaatgtaaaattggtaactaagaaatggc acaaacaccttaagcaatatattttcctagtagatatatatatacacatacatatatacacatatacaaatgtatatttttgcaaaattgttt tcaatctagaacttttctattaactaccatgtcttaaaatcaagtctataatcctagcattagtttaatattttgaatatgtaaacacctgtgtt aatgctttgttaatgcttttcccactctcatttgttaatgctttcccactctcgggaaggatttgcattttgagctttatctctaaatgtgacatg ca
232	209621 _s_at	ggatgccgctctgtgacaaatgtggcagtggcatagtcggtgctgtggtgaaggcgcgggataagtaccggcaccctgagtgcttc gtgtgtgccgactgcaacctcaacctcaagcaaaagggctacttcttcatagaaggggagctgtactgcgaaacccacgcaaga gcccgcacaaaaccccaagaggctatgacacggtcactctgtatcccaaagcttaagtctctgcaggcgtggcacacgcacgc acccacccacgcgcacttacacgagaagacattcatggctttgggcagaaggattgtgcagattgtcaactccaaatctaaagtc aaggctttagacctttatcctattgtttattgaggaaaaggaatgggaggcaaatgcctgctatgtgaaaaaaacatacacttagcta tgttttgcaactctttttggggctag
233	209651 _at	ttcctgaagctcttcggctgacagcccgctcggctcgccctctcccccggaggccgcgccctcccggaaaagccgggtcctccag accccgaggccttgctctcagagcgggaggccccacccactggagagccccgccccctaaggtactatgagttctcaggggtcaa gttcagaaacggcccagccagacctaaacccacacgcccacaaagtggattgcacacagacaagaactcccgtgcgggcctc cactctattcccacccttgagggagcccccttactgggggagggtccttgcaattccagcgaatcggaggccaggccaggacgtc cttgctccctgcaccctcactgttctgtgcacttttctacctacataaacacacgcatt
234	209656 _s_at	gcagggctagttattccgatttcttgcacaattatttagctttttgtaagttcaacatgtaaattttaaagacataaatatagagagacttat gtgtttgaatataaatgatatatatggattagcatgtacctgtatattattaaacatgcaatgaactgactggtaagtgacgtctaattgta tggctagcaatgtaatttattcagactgtatttttgtacagagcagtgcactctaacctatgcctctgtgtcctctttaatgcctaaagctgt gcctagaaatttcatctgtcttaaaagtaaaatatacttcatgctgtttatgctattagtttctgtactgctattctatatttattatttttaaatat atgacatgtttactacttaaacatgaattcatggtatcctggttatttttttaagtcatctgggggaaaacctgtttatcactccagtgatttt gagtttgcagtttcacaatcagttcttcat
235	209667 _at	caggccttttccactttgagggaggtgcttcgaagaatgttgcccacacctaagtgttagaagcctatgtccgttcatccctgagaggt ctgaa
236	209668 _x_at	tggcggactccatgtttgtgatccctgcactccaagtagcacattttcagtgttcccgggcccctgtgtacttctacgagttccagcatc agcccagctggctcaagaacatcaggccaccgcacatgaaggcagaccatggtgatgagcttccttttgttttcagaagtttctttgg gggcaactacattaaattcactgaggaagaggagcagctaagcaggaagatgatgaagtactgggccaactttgcgagaaatg ggaacccgaatggcgagggtctgccacactggccgctgttcgaccaggaggagcaatacctgcagctgaacctacagcctgcg gtgggccgggctctgaaggcccacaggctccagttctggaagaaggcgctgccccaaaagatccaggagctcgaggagcctg aagagagacacacagagctgtagctccctgtgccggggaggaggggtgggttcgctgacaggcgagggtcagcctgctgtg
237	209687 _at	gagagctcgctttgagtgactgggttttgtgattgcctctgaagcctatgtatgccatggaggcactaacaaactctgaggtttccgaa atcagaagcgaaaaaatcagtgaataaaccatcatcttgccactacccctcctgaagccacagcagggtttcaggttccaatca gaactgttggcaaggtgacatttccatgcataaatgcgatccacagaaggtcctggtggtatttgtaacttttgcaaggcatttttttata tatatttttgtgcacatttttttttacgtttctttagaaaacaaatgtatttcaaaatatatttatagtcgaacaattcatatatttgaagtggagc catatgaatgtcagtagtttatacttctctattatctcaaactactggcaatttgtaaagaaatatatatgatatataaatgtgattgcagct tttcaatgttagccacagt
238	209735 _at	tgtggtttctgtagcaacacttctcatgaccatctgttttgtgtttatgatgatttttttcaggtctgttggtcaatctcacaaccattgcatcttgg ctgtcatggcttcagtacttcagcattccacgatatggatttacggctttgcagcataatgaatttttgggacaaaacttctgcccagga ctcaatgcaacaggaaacaatccttgtaactatgcaacatgtactggcgaagaatatttggtaaagcagggcatcgatctctcacc ctggggcttgtggaagaatcacgtggccttggcttgtatgattgttattttcctcacaattgcctacctgaaattgttatttcttaaaaaatat tcttaaatttccccttaattcagtatgatttatcctcacataaaaaagaagcactttgattgaagtattcaatcaagttttttgttgttttctgtt cccttgccatcacactgttgcacagca
239	209763 _at	gaacacgcagagagtttccctagatatactcctgcctccaggtgctgggacacacctttgcaaaatgctgtgggaagcaggagct ggggagctgtgttaagtcaaagtagaaaccctccagtgtttggtgttgtgtagagaataggacatagggtaaagaggccaagctg cctgtagttagtagagaagaatggatgtggttcttcttgtgtatttatttgtatcataaacacttggaacaacaaagaccataagcatca tttagcagttgtagccattttctagttaactcatgtaaacaagtaagagtaacataacagtattacccttcactgttctcacaggacatg tacctaattatggtacttatttatgtagtcactgtatttctggatttt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
240	209791 _at	ctccagccccagagctgaaaacaccaagtgcctatttgagggtgtctgtctggagacttagagtttgtcatgtgtgtgtgtgtnnttggt taatgtgggtttatgggttttctttctttttttttttttttttttnnagtctacattaggggggaagtgagcgcctcccatgtgcagacagtgtgtcttt atagatttttctaaggctttccccaatgatgtcggtaatttctgatgtttctgaagttcccaggactcacacacccgttcccatctcacttgc ccacccagtgtgacaaccctcggtgtggatataccccccgtggactcatggctcttccccaccccccactttctataaatgtaggcctag aatacgcttctctgttgcaaaactcagctaagttcctgcttccaccttgatgttgaaatatcttatgtaagagggcaggggatgtcgtga agatggc
241	209868 _s_at	ggaatgacacttacttacgacccaactacagctgctatacagaacggattttatccttcaccatacagtattgctacaaaccgaatg atcactcaaacttctattacaccctatattgcatctcctgtatctgcctaccaggtgcaaagtccttcgtggatgcaacctcaaccatat attctacagcaccctggtgccgtgttaactccctcaatggagcacaccatgtcactacagcccgcatcaatgatcagccctctggcc cagcagatgagtcatctgtcactaggcagcaccggaacatacatgcctgcaacgtcagctatgcaaggagcctacttgccacagt atg
242	209948 _at	ggaacgaaaccagcgtcctattccagcgcctctacgggccccaggccctcctcttctccctcttctggcccaccttcctgctgaccgg tggcctcctcattatcgccatggtgaagagcaaccagtacctgtccatcctggcggcccagaagtagagccatccatccatgccat accacttgtcagggcacaggggactggctgggcccccagggctgctccccacttgcagcacaatgccttctccacctgccctccc actcttccagtccaatccacgctgtcttctgttgcaggactaacctttgagaaatccttttgtgaagtcattgcctgctcaagaatgtaca gtggctccccaatgccttggagccataaggccagccagttctagctctctattacctgtccccactcaactgactcatacctgtttccg gctgcatcactatgtgccccacagagaacgatgatcgtcacctctgtgcctgagttctccctgttgtctcaaagcggtacc
243	210084 _x_at	ccggtcagcaggatcatcgtgcacccacagttctacatcatccagactggagcggatatcgccctgctggagctggaggagccc gtgaacatctccagccgcgtccacacggtcatgctgccccctgcctcggagaccttcccccgggggatgccgtgctgggtcactgg ctggggcgatgtggacaatgatgagcccctcccaccgccatttccctgaagcaggtgaaggtccccataatggaaaaccacatt tgtgacgcaaaataccaccttggcgcctacacgggagacgacgtccgcatcatccgtgacgacatgctgtgtgccgggaacacc cggagggactcatgccagggcgactctggagggcccctggtgtgcaaggtgaatggcacctggctacaggcgggcgtggtcag ctgggacgagggctgtgcccagcccaaccggcctggcatctacacccgtgtcacctactacttggactggatccaccactatgtcc ccaaaaagccgtgagtcaggcctggggtgt
244	210107 at	ggccaaatcaccgacctgaaggcggaaattcacgggggcagtctcattaatctgacttggacagctcctggggatgattatgacc atggaacagctcacaagtatatcattcgaataagtacaagtattcttgatctcagagacaagttcaatgaatctcttcaagtgaatact actgctctcatcccaaaggaagccaactctgaggaagtctttttgtttaaaccagaaaacattacttttgaaaatggcacagatcttttc attgctattcaggctgttgataaggtcgatctgaaatcagaaatatccaacattgcacgagtatctttgtttattcctccacagactccgc cagagacacctagtcctgatgaaacgtctgctccttgtcctaatattcatatcaacagcaccattcctggcattcacattttaaaaattat gtggaagtggataggagaactgcagctgtcaatagcctagggc
245	210133 _at	acccccttcagcgactagagagctacaggagaatcaccagtggcaaatgtccccagaaagctgtgatcttcaagaccaaactggc caaggatatctgtgccgaccccaagaagaagtgggtgcaggattccatgaagtatctggaccaaaaatctccaactccaaagcc ataaataatcaccatttttgaaaccaaaccagagcctgagtgttgcctaatttgttttcccttcttacaatgcattctgaggtaacctcatt atcagtccaaagggcatgggttttattatatatatatatatttttttttttaaaaaaaaaacgtattgcatttaatttattgaggctttaaaacttat cctccatgaatatcagttatttttaaactgtaaagctttgtgcagattctttacccccctgggagccccaattcgatcccctgtcacgtgtgg gcaatgttcccccc
246	210139 _s_at	tgtgaagctttacgcgcacacggacaaaatgcccaaactggagcccttgcaaaaacacggcttgtggcattggcatacttgccctt acaggtggagtatcttcgtcacacatctaaatgagaaatcagtgacaacaagtctttgaaatggtgctatggatttaccattccttatta tcactaatcatctaaacaactcactggaaatccaattaacaattttacaacataagatagaatggagacctgaataattctgtgtaat ataaatggtttataactgcttttgtacctagctaggctgctattattactataatgagtaaatcataaagccttcatcactcccacatttttctt acggtcggagcatcagaacaagcgtctagactccttgggaccgtgagttcctagagcttggctgggtctaggctgttctgtgcctcc aaggactgtctggcaatgacttgtattggccaccaactgtagatgtatatatggtgcccttctgatgctaagactccagacctttgt
247	210298 _x_at	tctactgcgtgacttgccatgagaccaagtttgccaagcattgcgtgaagtgcaacaaggccatcacatctggaggaatcacttac caggatcagccctggcatgccgattgctttgtgtgttacctgctctaagaagctggctgggcagcgtttcaccgctgtggaggacc agtattactgcgtggattgctacaagaactttgtggccaagaagtgtgctggatgcaagaaccccatcactgggaaaaggactgtg tcaagagtgagccgcccagtctctaaagctaggaagcccccagtgtgccacgggaaacgcttgcctctcaccctgtttcccagcg ccaacctccggggcaggcatccgggtggagagaggacttgtccctcgtgggtggtggttctttatagaaaaaatcgaagcttagca gctcctcgtggcccgggtttggtaaaggctccagtgtggtggcctatgaaggacaatcctggcacgactactgcttccactgcaaaa aatgctccgtgaatctggccaacaagcgctttgttttccacc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
248	210299 _s_at	gcataggagataaaaccccccactgagatgctctcatgcctcagctggacccaccgtgtagacacacgacatgcaagagttgcag cggctgctccaactcactgctcaccctctctgtgagcagaaagaaccctactgacatgcatggttaacttcctcatcagaactctgcc cttcccttctgttcttttgtgctttcaaataactaacacgaacttccagaaaattaacatttgaacttagctgtaattctaaactgacctttcc ccgtactaacgtttggtttccccgtgtggcatgcttttctgagccttcctactttaaagcatggaacatgcaggtgatttgggaagtgtag aaagacctgagaaaacgagcctgtttcagaggaacatcgtcacaacgaatacttctggaagcttaacaaaactaaccctgctgtc ctt
249	210302 s at	atttcgttttgcttttggttgcctgaatgttgtcaccaagtgaaaaaattatttaactatatgtaaaatttctcttttaaaaaaaagttttactga tgttaaacgttctcagtgccaatgtcagactgtgctcctccctctcctgaacctctaccctcaccctgagctgtcttgttgaaaacagt
250	210495 _x_at	agccctttgctctggaggaagttctccagcttcagctcaactcacagcttctccaagcatcaccctgggagtttcctgagggttttctca taaatgagggctgcacattgcctgttctgcttcgaagtattcaataccgctcagtattttaaatgaagtgattctaagatttggtttgggat caataggaaagcatatgcagccaaccaagatgcaaatgttttgaaatgatatgaccaaaatttaagtaggaaagtcacccaaac acttctgctttcacttaagtgtctggcccgcaatactgtaggaacaagcatgatcttgttactgtgatattttaaatatccacagtactcac tttttccaaatgatcctagtaattgcctagaaatatctttctcttacctgttatttatcaatttttcccagtatttttatacggaaaaaattgtattg aaaacacttagtatgcagttgataagaggaatttggtataattatggtgggtgattatttttatactgtatgtgccaaagctttactactgt g
251	210517 _s_at	gtgccatagtgcaggcttggggagctttaagcctcagttatataacccacgaaaaacagagcctcctagatgtaacattcctgatca aggtacaattctttaaaattcactaatgattgaggtccatatttagtggtactctgaaattggtcactttcctattacacggagtgtgctaa aactaaaaagcattttgaaacatacagaatgttctattgtcattgggaaatttttctttctaacccagtggaggttagaaagaagttatat tctggtagcaaattaactttacatccttttttcctacttgttatggttgtttggaccgataagtgtgcttaatcctgaggcaaagtagtgaatat gttttatatgttatgaagaaaagaattgttgtaagtttttgattctactcttatatgctggactgcattcacacatggcatgaaataagtcag gttctttacaaatggtattttgatagatactggattgtgtttgtgccatatttgtgccatt
252	210524 _x_at	gtcaggactgttatggccctgttgtgctgagttagttggaacagaattcaagctccctgcactagtccacctgccccactgcttcttcgc ttctctcttggaaagtccagtctctcctcggcttgcaatggaccccaactgctcctgcgccgctggtgtctcctgcacctgcgctggttcc tgcaagtgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgctgccccgtgggctgtagcaagtgtgcccagg gctgtgtttgcaaaggggcgtcagagaagtgcagctgctgcgactgatgccaggacaacctttctcccagatgtaaacagagaga catgtacaaacctggatttttttttttataccaccttgacccatttgctacattccttttcctgtgaaa
253	210735 _s_at	caggaaggaccttgctttggaccctacacacttcggctctctggacacttgcgacacctcaaggtgttctctgtagctcaatctgcaa acatgccaggcctcagggatcctctgctgggtgcctccttgccttgggaccatggccaccccagagccatccgatcgatggatggg atgcactctcagaccaagcagcaggaattcaaagctgcttgctgtaactgtgtgagattgtgaagtggtctgaattctggaatcaca aaccaagccatgctggtgggccattaatggttggaaaacactttcatccggggctttgccagagcgtgctttcaagtgtcctggaaa gtctgctgcttctccaagctttcagacaagaatgtgcactctctgcttaggttttgcttgggaaactcaacttctttcctctggagacggg gcatctccctctgatttccttctgctatgacaaaaccttaatctgcaccttacaactcggggacaa
254	210764 _s_at	ttaccaatgacaaccctgagtgccgccttgtgaaagaaacccggatttgtgaggtgcggccttgtggacagccagtgtacagcag cctgaaaaagggcaagaaatgcagcaagaccaagaaatcccccgaaccagtcaggtttacttacgctggatgtttgagtgtgaa gaaataccggcccaagtactgcggttcctgcgtggacggccgatgctgcacgccccagctgaccaggacatgtgaagatgcggt tccgctgcgaagatggggagacattttccaagaacgtcatgatgatccagtcctcaaatgcaactacaactgcccgcatgccaatg aagcagcgtttcccttctacaggctgttcaatgacattcacaaatttagggactaaatgctacctgggtttccagggcacacctagac aaacaagggagaagagtgtcagaatcagaatcatggagaaaatgggcgggggtggtgtgggtgatgggactcattgtagaaa ggaagccttgctcattcttgaggagcattaaggtatttcgaaactgccaagggtgc
255	210809 _s_at	aaattgtggagttagcctcctgtggagttagcctcctgtggtaaaggaattgaagaaaatataacaccttacacccttttcatcttgac attaaaagttctggctaactttggaatccattagagaaaaatccttgtcaccagattcattacaattcaaatcgaagagttgtgaactgt tatcccattgaaaagaccgagccttgtatgtatgttatggatacataaaatgcacgcaagccattatctctccatgggaagctaagtt ataaaaataggtgcttggtgtacaaaacttttttatatcaaaaggctttgcacatttctatatgagtgggtttactggtaaattatgttatttttt acaactaattttgtactctcagaatgtttgtcatatgcttcttgcaatgc
256	210946 _at	aaggcaagaggatgcatctttcttcctggtgtacaagcctttaaagacttctgctgctgatatgcctcttggatgcacactttgtgtgtac atagttacctttaactcagtggttatctaatagctctaaactcattaaaaaaactccaagccttccaccaaaacagtgccccacctgta tacatttttattaaaaaaatgtaatgcttatgtataaacatgtatgtaatatgctttctatgaatgatgtttg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
257	210982 _s_at	gaaggagacggtctggcggcttgaagaatttggacgatttgccagctttgaggctcaaggtgcattggccaacatagctgtggaca aagccaacttggaaatcatgacaaagcgctccaactatactccgatcaccaatgacaagttcaccccaccagtggtcaatgtcac gtggcttcgaaatggaaaacctgtcaccacaggagtgtcagagacagtcttcctgcccagggaagaccacctttttccgcaagttcc actatctccccttcctgccctcaactgaggacgtttacgactgcagggtggagcactggggcttggatgagcctcttctcaagcactg ggagtttgatgctccaagccctctcccagagactacagagaacgtggtgtgtgccctgggcctgactgtgggtctggtgggcatcat tattgggaccatc
258	211161 _s_at	aatattggatatcaactgcttgtaaaggtgctcctccttttttcttgtcattgctggtcaagattactaatatttgggaaggctttaaagacgc atgttatggtgctaatgtactttcacttttaaactctagatcagaattgttgacttgcattcagaacataaatgcacaaaatctgtacatgt ctcccatcagaaagattcattggcatgccacaggggattctcctccttcatcctgtaaaggtcaacaataaaaaccaaattatgggg ctgcttttgtcacactagcatagagaatgtgttgaaatttaactttgtaagcttgtatgtggttgttgatctttttttccttacagacacccata at
259	211372 _s_at	atctcatacccgcaaattttaaccttgtcaacctctggggtattagtatgccctgacctgagtgaattcacccgtgacaaaactgacgt gaagattcaatggtacaaggattctcttcttttggataaagacaatgagaaatttctaagtgtgaggggaccactcacttactcgtac acgatgtggccctggaagatgctggctattaccgctgtgtcctgacatttgcccatgaaggccagcaatacaacatcactaggagt attgagctacgcatcaagaaaaaaaaagaagagaccattcctgtgatcatttccccccctcaagaccatatcagcttctctggggtc aagactgacaatcccgtgtaaggtgtttctgggaaccggcacacccttaaccaccatgctgtggtggacggccaatgacacccac atagaqaqcqccta
260	211538 _s_at	agctcgaaagagtttgcaaccccatcatcagcaaactttaccaaggtggtcctggcggcggcagcggcggcggcggttcagga gcctccgggggacccaccatcgaagaagtggactaagcttgcactcaagtcagcgtaaacctctttgcctttctctctctctttttttt gtttgtttctttgaaatgtccttgtgccaagtacgagatctattgttggaagtctttggtatatgcaaatgaaaggagaggtgcaacaact tagtttaattataaaagttccaaagtttgtttttttaaaaacattattcgaggtttctctttaatgcattttgcgtgtttgctgacttgagcatttttg attagttcgtgcatggagatttgtttgagatgagaaaccttaagtttgcacacctgttctgtagaagcttg
261	211548 _s_at	gctttttttgttgtcagctatcttaagaatcattaaatacacctgctttgggtaaaactctttgcaagcagtaattaacactagtaacagtg aaagcacaagatttccaaatcagtcgttttctcaaaaaaatatcgtataagtgactcatcctgtctgctaactccagacctcccagctt gaagccaaatctttccatgtgagattgatatggatttcctagaagtactggaatgttgtcatatcttgccctatttttaattctgctatagaaa acaattgccttcacttttaaggagtaatttgaatattaataactctggtctagattttcatataatgtattaaagacaaagtagtgaacatc aatgaacatctgatagagataaactgtaatcaggcataagcttgtttgtatgttctggcagtgactaatcagtaaatgatgtcggtttgc ccagtatcacttatcttctg
262	211549 _s_at	cgtgaacggcaaagtggcgctggtgaccggcgcggctcagggcataggcagagcctttgcagaggcgctgctgcttaagggcg ccaaggtagcgctggtggattggaatcttgaagcaggtgtacagtgtaaagctgccctggatgagcaatttgaacctcagaagact ctgttcatccagtgcgatgtggctgaccagcaacaactgagagacacttttagaaaagttgtagaccactttggaagactggacatt ttggtcaataatgctggagtgaataatgagaaaaactgggaaaaaactctgcaaattaatttggtttctgttatcagtggaacctatctt ggtttggattacatgagtaagcaaaatggaggtgaaggcggcatcattatcaatatgtcatctttagcagcccaccattgattgccaa tggattgataacactcattgaagatgatgctttaaatggtgctattatgaagatcacaacttctaagggaattcattttcaagactatgat acaactccatttcaag
263	211596 _s_at	gagtattacattggccttgggggacagaaaggaggaagttctgacttttcagggctaccttatttctactaaggacccagagcaggc ctgtccatgccattccttcgcacagatgaaactgagctgggactggaaaggacagcccttgacctgggttctgggtataatttgcact tttgagactggtagctaaccatcttatgagtgccaatgtgtcatttagtaaaacttaaatagaaacaaggtccttcaaatgttcctttggc caaaagctgaagggagttactgagaaaatagttaacaattactgtcaggtgtcatcactgttcaaaaggtaagcacatttagaatttt gttcttgacagttaactgactaatcttacttccacaaaatatgtgaatttgctgcttctgagaggca
264	211637 _x_at	ggactggtgaagccttcggagaccctgtccctcacctgcagtgtctctggtggctccatcagtagttactactggagctggatccggc agcccccagggaagggactggagtggattgggtatatcaattacagtgggagcaccaactataacccctccctcaagagtcgag tcaccatatcagtagacacgtccaagaaccagttctccctgaagctgagctctgtgaccgctgcggacacggccgtgtattactgtg cgagaacgatttcgggggtcg
265	211643 _x_at	aatagtgatgacgcagcttccagccaccctgtctgtgtctccaggggaaagagccaccctctcctgcagggccagtcagagtgttc gcagcaacttagcctggtaccagcaaaaacctggccaggctcccaggctcctcatctacggtgcatccaccagggccaatggtat cccagccaggttcagtggcagtgggtctgggacagagttcactctcaccatcagcggcctgcagtctgacgattttgcagtttattact gtcaacactatataactggcctccgtggacgt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
266	211644 _x_at	aattgtgttgacgcagtctccaggcaccctgtctttgtctccaggggaaagagccaccctctcctgcagggccagtcagagtattag cagcagtttcttagcctggtaccagcagaaagttggccaggctcccaggctcctcatctatggtgcatccagcagggccactggca tcccagacaggttcagtggcagtgggtctgggacagacttcactctcaccatcagcagactggagcctgaagattttgcagtgtatt actgtcagcaatatggtagctcgc
267	211645 _x_at	tcctccctgtctgcatctgtaggagacagagtcaccatcacttgccgggcaagtcagggcattagaaatgatttagcctggtatcag cagaaaccagggaaagcccctaagcgcctgatctatgctgcatccagtttgcaaagtggggtcccatcaaggttcagcggcagt ggatctgggacagaattcactctcacaatcagcagcctgcagcctgaagattttgcaacttattactgtctacagcataatagttacc cttg
268	211671 _s_at	gcagttgagtcgtcatcacttttcagtgatgggagagtagatggtgaaatttattagttaatatatcccagaaattagaaaccttaatat gtggacgtaatctccacagtcaaagaaggatggcacctaaaccaccagtgcccaaagtctgtgtgatgaactttctcttcatacttttt ttcacagttggctggatgaaattttctagactttctgttggtgtatccccccccctgtatagttaggatagcatttttgatttatgcatggaaac ctgaaaaaaagtttacaagtgtatatcagaaaagggaagttgtgccttttatagctattactgtctggttttaacaatttcctttatatttagt gaactacgcttgctcatttttttcttacataatttttattcaagttattgtacagctgtttaagatgggcagctagttcgtagctttccca
269	211696 _x_at	tgaggagaagtctgccgttactgccctgtggggcaaggtgaacgtggatgaagttggtggtgaggccctgggcaggctgctggtg gtctacccttggacccagaggttctttgagtcctttggggatctgtccactcctgatgctgttatgggcaaccctaaggtgaaggctcat ggcaagaaagtgctcggtgcctttagtgatggcctggctcacctggacaacctcaagggcacctttgccacactgagtgagctgca ctgtgacaagctgcacgtggatcctgagaacttcaggctcctgggcaacgtgctggtctgtgtgccggcccatcactttggcaaaga attcacccaaccagtgcaggctgcctatcagaaagtggtggctggtgtggctaatgccctggcccacaagtatcactaagctcgctt tcttgctgtccaatttctattaaaggttcctttgttccctaagtccaactactaaactg
270	211699 _x_at	agagaacccaccatggtgctgtctcctgacgacaagaccaacgtcaaggccgcctggggtaaggtcggcgcgcacgctggcg agtatggtgcggaggccctggagaggatgttcctgtccttccccaccaccaagacctacttcccgcacttcgacctgagccacggc tctgcccaggttaagggccacggcaagaaggtggccgacgcgctgaccaacgccgtggcgcacgtggacgacatgcccaac gcgctgtccgccctgagcgacctgcacgcgcacaagcttcgggtggacccggtcaacttcaagctcctaagccactgcctgctgg tgaccctggccgcccacctccccgccgagttcacccctgcggtgcacgcctccctggacaagttcctggcttctgtgagcaccgtg ctgacctccaaataccgttaagctg
271	211719 _x_at	gggagtttcctgagggttttctcataaatgagggctgcacattgcctgttctgcttcgaagtattcaataccgctcagtattttaaatgaa gtgattctaagatttggtttgggatcaataggaaagcatatgcagccaaccaagatgcaaatgttttgaaatgatatgaccaaaatttt aagtaggaaagtcacccaaacacttctgctttcacttaagtgtctggcccgcaatactgtaggaacaagcatgatcttgttactgtgat attttaaatatccacagtactcacttttccaaatgatcctagtaattgcctagaaatatctttctcttacctgttatttatcaatttttcccagta ttttttatacggaaaaaattgtattgaaaacacttagtatgcagttgataagaggaatttggtataattatggtgggtgattatttttttatactg tatgtgccaaaagctttactactgtg
272	211745 _x_at	tcctgccgacaagaccaacgtcaaggccgcctggggtaaggtcggcgcgcacgctggcgagtatggtgcggaggccctggag aggatgttcctgtccttccccaccaccaagacctacttcccgcacttcgacctgagccacggctctgcccaggttaagggccacgg caagaaggtggccgacgcgctgaccaacgccgtggcgcacgtggacgacatgcccaacgcgctgtccgccctgagcgacctg cacgcgcacaagcttcgggtggacccggtcaacttcaagctcctaagccactgcctgctggtgaccctggccgcccacctccccg ccgagttcacccctgcggtgcacgcctccctggacaagttcctggcttctgtgagcaccgtgctgacctccaaataccgttaagctg gagcctcggtggc
273	211798 _x_at	tacgcagactccgtgaagggccgattcaccatctccagagacaattccaagaacacgctgtatcttcaaatgaacagcctgagag ccgaggacacggccgtattactgtgcaagagagacttgtgtgattggggccaaggtaccctggtcaccgtgtcgagaggtggcgg tggctcgggcggtggtgggtcgggtggcggcggatcttctgagctgactcaggaccctgctgtgtctgtggccttgggacagacagt caggatcacatgccaaggagacagcctcagaagctattatgcaagctggtaccagcagaagccaggacaggcccctgtacttg tcatctatggtaaaaacaaccggccctcagggatcccagaccgattctctggctccagctcaggaaacacagcttccttgaccatc actggggctcaggcggaagatgaggctgactattactgtaactcccgggacagcagtggtaaccatgtggtattcggcggaggg accaagctgaccgtcctaggtgcggccgcagaacaaaaactcatctcagaagaggatctgaatggggccgcat
274	211813 _x_at	ttgcacaagtttcctgggctggaccgtttcaacagagaggcttatttgactttatgctagaagatgaggcttctgggataggcccaga agttcctgatgaccgcgacttcgagccctccctaggcccagtgtgccccttccgctgtcaatgccatcttcgagtggtccagtgttctg atttgggtctggacaaagtgccaaaggatcttccccctgacacaactctgctagacctgcaaaacaacaaaataaccgaaatca aagatggagactttaagaacctgaagaaccttcacgttgtctaccttcataacaacaatatctctgtagttggatcaagtgacttctgc ccacctggacacaacaccaaaaaggcttcttattcgggtgtgagtcttttcagcaacccggtccagtactgggagatacagccatc cacttcagatgtgtctacgtgcgctctgccattcaactcggaaacta

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
275	211848 _s_at	tgtccatacagagtgtgcattccctggcaggggctcctgctcacagcctcgcttttaaccttctggaacctgccaaacagtgcccaga ccaatattgatggtgtgccgttcaatgtcgcagaagggaaggaggtccttctagtagtccataatgagtcccagaatctttatggcta caactggtacaaagggcaaagggtgcatgccaactatcgaattataggatatgtaaaaaatataagtcaagaaaatgccccagg gcccgcacacaacggtcgagagacaatataccccaatggaaccctgctgatccagaacgtcacccacaatgacgcaggaatc tataccctacacgttataaaagaaaatcttgtgaatgaagaagtaaccagacaattctacgtattctatgagtcagtacaagcaagtt cacctgacctctcagctgggaccgctgtcagcatcatgattggagtactggctgggatggctctgatatagc
276	211889 _x_at	tgcacagtactcctggcttatcaatggaacattccagcaaagcacacaagagctctttatccctaacatcactgtgaataatagtgg atcctatacctgccacgccaataactcagtcactggctgcaacaggaccacagtcaagacgatcatagtcactgagagacagaa tctcaccatgttgcccgggctggactcgaactcctgggctcaagcaatcctcccatctgtttcccaaagtgctgagattacagataat gctctaccacaagaaaatggcctctcacctggggccattgctggcattgtgattggagtagtggccctggttgctctgatagcagtag ccctggcatgttttctgcatttcgggaagaccggcagggcaagcgaccagcgtgatctcacagagcacaaaccctcagtgtccaa ccacactcaggaccactccaatgacccacctaacaagatgaatgaagttacttattctaccctgaactttgaagccca
277	211896 _s_at	tcctccttcccttacggaattacatcttgatggcaacaaaatcagcagagttgatgcagctagcctgaaaggactgaataatttggct aagttgggattgagtttcaacagcatctctgctgttgacaatggctctctggccaacacgcctcatctgagggagcttcacttggaca acaacaagcttaccagagtacctggtgggctggcagagcataagtacatccaggttgtctaccttcat
278	211959 _at	tcacaccgtagcccacatggatagcacagttgtcagacaagattccttcagattccgagttgcctaccggttgttttcgttgttgttgttgt tgttttttctttttctttttttttttgaagacagcaataaccacagtacatattactgtagttctctatagttttacatacattcataccataactctgt tctctcc
279	211964 _at	cactttccaatgccacagacaactcacattgttcaactcccnttctcggggtgggacagacgagacaacagcacacaggcagcc agccgtggnnccagaggctcgangggctcaggggcntcanggcacccgtccccacacgnagggccccgtnggggtgggnc ctnggccctngctttctacngccnaatgnttatgnccagctccatgttctcccaaataccgttgatgtgaattattttaaaggcaaaac ngtgctctttatttttanaaaacactgataatcacactgcggtaggtcattcttttgccacatccctatagaccactgggtttggcaaaact caggcagaagtggaganccnttctagacatcantgtcagccttgctacttgaaggtacaccccatagggtcggaggtgctgtccc c
280	211985 _s_at	gaggcaaatggatctcgatatttcagatgggcttttgatgcactgttgccaaggaaggctttttctgatttttgacaaatgaatttttgcac actttcattggtgtctttcggcaacttacacacattgaaaat
281	211990 _at	gaggacttaggagagatctgaactccagctgccctacaaactccntcncagcttttcttctcacttcatgtgaaaactactccagtgg ctgactgaattgctgacccttcaagctctgtccttatccattacctcaaagcagtcattccttagtaaagtttccaacaaatagaaatta atgacactttggtagcactaatatggagattatcctttcattgagccttttatcctctgttctcctttgaagaacccctcac
282	211991 _s_at	gcactgggaggcccaagagccaatccagatgcctgagacaacggagactgtgctctgtgccctgggcctggtgctgggcctagt nggcatcatcgtgggcaccgtcctcatcataaagtctctgcgttctg
283	212077 at	tgcagaagtcaaaccctcatgacaaagtaggcacaagtctacaataagctaaatcagaatttacaaatacaagtgtcccaggta gcattgactcccgtcattggagtgaaatggatcaaagtttgaattaaggcctatggtaaggtaacattgctttgttgtacttttgaacaa gagctcctcctgatcactattacatatttttctagaaaatctaaagttcagaagagaatgtatcactgctgacttttattccaatatttggat ggagtaagttttagggtagaattttgttcagtttggatttaatctttgaaaagtaaattccttgtttactggtttgactataattctctgttatcttt acgaggtaaaactgcaagctgactagcatgttctgtgaatctgccattcctaaaaattttataaacacttgatacttttcactgataatg gatcgctcca
284	212091 _s_at	tcacagcgggcaggacggaccccgcccacgacgtgcgggtggcggtggtgcagtacagcggcacgggccagcagcgccca gagcgggcgtcgctgcagttcctgcagaactacacggccctggccagtgccgtcgatgccatggactttatcaacgacgccaccg acgtcaacgatgccctgggctatgtgacccgcttctaccgcgaggcctcgtccggcgctgccaagaagaggctgctgctcttctca gatggcaactcgcagggcgccacgcccgctgccatcgagaaggccgtgcaggnagnccagcgggcaggcatcgagatcttc gtggtggtcgtgggccgccaggtgaatgagccccacatccgcgtcctggtcaccggcaagacggccgagtacgacgtggccta cggcgagagccacctgttccgtgtccccagctaccaggccctgctccgcggtgtcttccaccagacagtctccaggaaggt
285	212097 _at	gaatttcacctgtaaacctgagtcgtacagaaagctgcctggtatatccaaaangctttttattcctcctgctcatattgtgattctgccnt ttggggnacttttnctnaaaccttcagttatgatttttttttncatacacttattggnaactctgcttgatttttgcctcttccagtcttcctgaca ctttaattaccaacctgttacctactttgacttttgcatttaaaacagacactggcatggatatagttttactttaaactgtgtacataact gaaaatgtgctatactgcatacttttttaaatgtaaagatatttttatctttatatgaagaaaatcacttaggaaatggctttgtgattcaatct gtaaactgtgtattccaagacatgtctgttctacatagatgcttagtccctcatgcaaatcaattactggtccaaaagattgctgaaattt tatatgcttactgatatattttacaatttttttatcatgcatgtcctgtaaaggttacaagcctgcacaataa

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
286	212136 _at	tcttccccttgagcttcagagaggagagttggcatggttaaatctgaatggttacctcactgctgaaaacccagaggggcgtggcac actcgcttgtgtggaaaagcctctaaatgcatcccttcctttctttcctgcttcctttgccttacaattgaagcagcccgtggtaccatcac agtatgcagagacttcctcacctttcatatctagggaccacccccgatgcattggtgagggtgggcacttataaatgcctgctattgtt aagccattccagcctcttcctctgaatagaccagacgccctttcacttagttcagtgccagtccttttgccttcccaaccctgctgttagg cctgctgttccctttgctcttgattaggagagatggaaggagatgagctcccataactgaattggcctttggttcatgttttctccccatat gtatatatgccatatgtgaatatgccatatatatgtgccaacaaatctatctacgttgttctttcaaattagcacgcagataggaattttg agtttcttcttctt
287	212158 _at	tatgtaaactttaacttccactttgtataaatttttaagtgtcagactatccattttacacttgctttatttttcattacctgtagctttgggcagat ttgcaacagcaaattaatgtgtaaaattggattattactacaaaaccgtttagtcatatctatctaatcagatcttcttttgggaggatttg atgtaagttactgacaagcctcagcaaacccaaagatgttaacagtattttaagaagttgctgcagattcctttggccactgtatttgtt aatttcttgcaatttgaaggtacgagtagaggtttaaagaaaaatcagtttttgttcttaaaaatgcatttaagttgtaaacgtcttttaag cctttgaagtgcctctgattctatgtaacttgttgcagactggtg
288	212185 _x_at	cgccggctcctgcaaatgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaaaagctgctgctcctgctgccctgtgggctgtgccaag tgtgcccagggctgcatctgcaaaggggcgtcggacaagtgcagctgctgcgcctgatgctgggacagccccgctcccagatgt aaagaacgcgacttccacaaacctggattt
289	212192 _at	caactgtttttgcgactttataggcaggtaaattttgctattactattgaatacaaatgacaattcatttatgaccactcaaacagcgttag taaccatttagtgacaaaggattaaaacatccatctggatgttaattttgaagatgtaaattatatgttgtttaaatttttccaggcatctga aaaccttatctgctagacaatgtaagattcacacagagttatctgggattctgatttttttaaatagtacatatcattaaaccattttctctaa atgtaagaagagcagaaaaaatcttataagattatcagatttttctaatgacacagaaatgtaagaaaaaaatccctttatattgaaa aaagatgcagtcaaagtcttttcagacatgcccaaactttgagaatttcttcaaccatctaatgctataaagatttttgttcttcctgttcac aaccagttgtataacagaaatactagctactgttttccttc
290	212195 _at	gatgggtcgtgtgatgagatgcatttaaggccgatagtgatagatgtttttttttatttcttgaacacaggctttgtctgaatgatgttcttttat ctcttgaacacaagctttgaatgataactacaggttttaagtgctgttacattaataccataatgtgatgtgttagaaacaaagggatat
		ttcaaaggtagatatttgaaaattctctagtctcaatatgtatgtgtattgaatatactctaaaaataaatgtgcaatttgctagtaggaca atgcagtgactgactagcattaggtatgtttcttttatatcctagctatgtcccactttcttctaagtgcaatcctttcatgttcacttgctgtttt accccatctactctaacttcatttggaaggcttgtctagagtatagcatgtatttttaccttgcagtgaattgcatgtgctaattgtaacca cagctatttttatgttgacataactccaaatgttatattaaatgttctattatatattagctctaatcccttaagtaaa
291	212224 _at	acagtgttctctaatgttacagatgagatgcgcattgccaaagaggagatttttggaccagtgcagcaaatcatgaagtttaaatcttt agatgacgtgatcaaaagagcaaacaatactttctatggcttatcagcaggagtgtttaccaaagacattgataaagccataacaa tctcctctgctctgcaggcaggaacagtgtgggtgaattgctatggcgtggtaagtgcccagtgccccttggntgggattcaagatgt ctggaaatggaagagaactgggagagtacggtttccatgaatatacagaggtcaaaacagtcacagtgaaaatctctcagaag aactcataaagaaaatacaagagtggagagaagctcttcaatagctaagcatctccttacagtcactaatat
292	212230 _at	caaggtcccactctaggtgatagacagggacccctctactgaacctttgaggaaaggaggaaggaagaaatgcgtttagatctt ggatgcagacctttcaaagggttaaatgtaaccatatggatcaaccacatgcacatccttactacagaatccgtcctttcatttcaact tatagcaagctatgatttttatatataaatattatataaataatgtataaaacattaaaagttaactatgtaagatattatttctgaaacaat ttagctatatccactatgattataaactgtgtctcgacctgtgttatttacattagctgcttaaaaaagcattgagttaatttttttaaatatca actaaaatatcatagttctgtggtagacattgttttataatgaaataactgcaactagagaaaactgtataaaaacattaaattgtcagt atttttgtaaggttccattttgtaaagagaataatattcaaagacttttgtagcatacaaagtgaaaacttgtatctgcgaaacta
293	212233 _at	aagcagcctagggatgagcatttctttgaaagcaattaggttattcacctggtattaaaactatttactgttaaaaaatctgtgacttcat gaagttgatttttaaaggcagcatcaaaaactgaaaaggnaagggaaaaaataggcagcttctctgcacttgtttggagctcccca aaacaggagccatggagaagtggcatcaagaccgggctgccctttcgagaacaccctgtggcagttcagagacacgcttttcct acactgcatgcagcccctctttccagcactggaaagaagtggtcttgagcccagctgagaagcacttcacactcctctctcttgttctg aatggtgtttgtgtcagtctgcagctgtgtatggtattatgtcttataatcctgcatcacttctatcctatccagtcatat
294	212265 _at	gggtagatgggagtgtcgcttgtatgttatcgtacagctgacatgtatttttgtctattctttattatcttagtttcatgctatgtatgtaccata accaacctattgcctatgagaaacatgtaagataatgtatttacagccattgttacaagtttataatgtatttttctatcttgttttatatgtat gttatataacattcaaaaagaatttttttcttgattgagaaaaggatacaaaatgcaaaatccacaattttgataactgaaaattgcca attgttttgcagtactttattatattgggtgtcttgtcttttttgggcttttagttagctaatgaatgaatacattagacacttttgggttttagttgg gattttacatagcttgcattttaattctttggttctttgctgtttctattaacccacagcattatt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
295	212288 _at	gaaggttgtcatgggctgttccttgggggtttttatcctgctcaccgtggagataagcctgcggcttgtctaaccagcgcagcgcaaa ggtctcaatgccttttggtaacatccgtcattgcagaagaaagtttacacgacgtcaaaaagtgacgttcatgctaagtgtttttccag aaatattggtttcatgtttcttattggctctgcctcctgtgcttatatcatccaaaaacttttaaaaaggtccagaattctattttaacctgat gttgagcacctttaaaacgttcgtatgtgtgttgcactaattctaaacttggaggcattttgctgtgtgaggccgatcgccactgtaaag gtcctagagttgcctgtttgtctctggagat
296	212386 _at	gagatttaccatgtatcagtgcctggctttttgttataaagctttgtttgtctagtgctcttttgctataaaatagactgtagtacaccctagta ggaaaaaaaaaaaactaaatttaaaaataaaaaatatatttggcttatttttcgcaggagcaatccttttataccatgaatatt
297	212387 _at	gtttatacaactgtcagtccacccagtggtgcaactggttctgattcagtcttccgatncctttttatttttcacttttcctatttctgaatttttttt ttnatttgtgatcttgattttgatgaggggttggggagtggggagggagtcgaaccaagacttggagttaagaggattttcatcttttgc atccaacaggcagaatatgatctgtgtccaaaagtgaacttgagtcaggaatgaatcaatttcagcataaacaagcacaaaaattt agtctgctggctgactggaagcaaaaaagtcaagatggaatatgatgaattccaacacaatggggcaccaaggcctttaggcct ctctttttatttgctttggttttgtttgttttctttagagacatgctctttctcatgggacttgaagtggactcatctttgtgcagtgctggttttgcc atactcatttcaagtattatagacatatgtaatggtgaaaatatatgaactgtggccttttcattcttgttacttgtg
298	212397 _at	gaagtgactgttgtaccatggttgtgcacatgcttcagaatcctatggaagagaatattcctacttgcagtacatcaaaggaatggat ggtggaccctactattcatgttttgagacataaatgttcactttaaagcaattgcataatagataaaaacctgaactttcattggatttttgt taattttcctcattttgaattatgtgcactaccatagctacatcagtttgatacagtattgaaaaattatcagttatattttgctgtttatgatcta tttgtagattaggattaaaatggatttaatccatttttaaggctgtgtgaatttttctaaacaagaaccatttgcaatatggatttcttagaga ttaaaccaattataacttattagcagtcgcgagcacatgttcatatagtcaatgtaaaaatacactaatgagtatttggtaaatcccagt aggcttttaccattaqca
299	212414 _s_at	tccctcacttctcttaagccaagaagtttgctttccctagctgcagtgtagatggctcttgtttttgttttttttgttttaatcatttggcattcacat gtggctgttaatatgtgcttgttttt
300	212419 _at	tggtgggagggctctcaatcagcagggccccaggagggaagaagaagtggggcaaagcntggcctcgccgctcgggagcttt gccatctgagccacgcctcctccaggccatgctccttgaacttggaaatgtcaaccggagcccttacaccagccctccagcatcta atagacttgaatctactctaaacgaatatttaatccaacctcactacattgtagctcagtccaacgactaaccctgaaatgggggtgtt ccagccttcagcgagatggccaagcggtcccctgggggctgtggcagcggncttatccttctctgttgccaaccttgccgtccgacc tcctccgccccatgcggtgaccccgtccgtgtctgtgtctgtccatacgtgtgagtccagctaaaaagacaaaacagaacccgtg ggcccagctcggaaggtgcgtggagaaggctccgacgtctccgaagtgcagcccttgggatggcattccgttgtgtgccttattcct ggagaatctgtatacggctcgcctatagaa
301	212464 _s_at	cttctccaagcatcaccctgggagtttcctgagggttttctcataaatgagggctgcacattgcctgttctgcttcgaagtattcaatanc cgctcagtattttaaatgaagtgattctaaganttggtttgggatcaatanggaaagncatatgnncagnnccaanccaagatgc aaatgttttgaaatgatatgaccaaaattttaagtaggaaagtcancccaaacacttctgctttcacttaagtgtctggcccgcaatac tgtaggaacaagcatgatcttgttactgtgatattttaaatatccacagtactcacttttccaaatgatcctagtaattgcct
302	212592 _at	gtatcaaaatcttccaattatcatgctcacctgaaagaggtatgctctcttaggaatacagtttctagcattaaacaaataaacaagg ggagaaaataaaactcaaggagtgaaaatcaggaggtgtaataaaatgttcctcgcattcccccccgcnttttttttttttttgactttg ccttggagagccagagcttccgcattttctttactattctttttaaaaaaagtttcactgtgtagagaacatatatgcataaacataggtc aattatatgtctccattagaaaaataataattggaaaacatgttctagaactagttacaaaaataatttaaggtgaaatctctaatattta taaaagtagcaaaataaatgcataattaaaatatatttggacataacagactt
303	212667 _at	caggaggacacagcattattctagtgctgtactgttccgtacggcagccactacccacatgtaacttttaagatttaaatttaaattagt taacattcaaaacgcagctccccaatcacactagcaacatttcaagtgcttgagagccatgcatgattagtggttaccctattgaata ggtcagaagtagaatcttttcatcatcacagaaagttctattggacagtgctcttctagatcatcataagactacagagcacttttcaa agctcatgcatgttcatcatgttagtgtcgtattttgagctggggttttgagactnccctagagatagagaaacagacccaagaaatg tgctcaattgcaatgggccacatacctagatctccagatgtcatttcccctctcttattttaagttatg
304	212671 _s_at	accaatgaggttcctgaggtcacagtgttttccaagtctcccgtgacactgggtcagcccaacaccctcatctgtcttgtggacaaca tctttcctcctgtggtcaacatcacntggctgagcaatgggcactcagtcacagaaggtgtttctgagaccagcttcctctccaagagt gatcattccttcttcaagatcagttacctcaccttcctcccttctgntgatgagatttatgactgcaaggtggagcactggggcctggat gagcctcttctgaaacactgggagcctg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
305	212713 _at	cacatggttctagcctggacctggctgggctccatgagaatgagttgcctccaccctgtcccaacagctgacagccaggagccact ctcccagctgcaggcctttgtggtccatcttgtcctgcttcctcactgtggacccctgtctgggccaccctagtgtgctaagctgagcag tgcagtgtgaacagggcccatggtgtattctaggccacagcccagcactcctctgggctgctctcaaaccatgtcccatcttcagcat ccctcccaccaacttactcccctgtggtgagtaccgtggaaccccagcccacctcactatcatactcagcttcccctgatggcccatc ccagcccctgaagctntatgccaagaacacagctaccgcacaccaccctgaaacagccacagccaaggtaggcatgcatatg aggtcttccccataccctctgggtgttgagaggtttagccacatgagggagcagaggacaatctctgcagggctgggagtgggta gggactgaaggtctcaat
306	212730 _at	tcagtgtctgggctcatgacttgtaaatggaagctgatgtgaacaggtaattaatattatgacccacttctatttactttgggaaatatctt ggatcttaattatcatctgcaagtttcaagaagtattctgccaaaagtatttacaagtatggactcatgagctattgttggttgctaaatgt gaatcacgcgggagtgagtgtgcccttcacactgtgacattgtgacattgtgacaagctccatgtcctttaaaatcagtcactctgca cacaagagaaatcaacttcgtggttggatggggccggaacacaaccagtctttttgtatttattgttactgagacaaaacagtactca ctgagtgtttttcagtttcctactggtggttttgatattgtttgtttaagatgtatatttagaatgacatcatctaagaagctgattttgctaaact cctqttccc
307	212741 _at	gaactcatgtgatttacccttttcaacttttttggaaaacgatttaatttattctaattagattaaccctattaatctatggattgggtatcaaaa tgaatgccagtccagatgtgcctagacacgaaattggagctgaggactctcacgatatgcaagttcatccaacgtgaagataccat aagctttttctctgaaccagagaaatgaaagtcagtttaagaggctgatagatcttggccctgttaaggcatccacttcacagttctga aggctgagtcagccccactccacagttaggccaagaattagattttaaaacttcatctgtctgtcccagttaactgttaaataaggcct catcctccactgaagagtatggattgaaggattgtgaactatgtttagtgtgattgtgaacttggtgcctaatgttccatgtctgaagtttg ccccagtgctacacgttggagta
308	212764 _at	gatgcaattggttctcctgcattgagatttgatttaacagtgttatgttaacatttatacttgccttggactgtagaacagaacttaaatgg gaatgtattagttttacaactacaatcaagtcattttacctttacccagtttttaatataaaacttaaattttgaaattcactgtgtgactaata gcatgatgctctgcagttttattaagaaatnagcctaaccatacaactctcatttccttagtaagccaaattaggattaacttctataaac agtgttgggaacaatgtttaacattttgtgccaatttgttcctgtattcatgtatgtaagttacagatctgactcttcatttttaagttccttgtta catcatggtcatt
309	212814 _at	cctatcctacttgcccatatgagcacggctccccatggccacatactcctgcaaagcttttatgctgcttcgcttttctctaaacagatct gatattgctgctcctgtggttttctcaaaattaactttgccgtggtttttaaaaaggaatcaaaatgcattgttgcattaagctttttcaataa aggaaaattacggaaggaaaataggcaacaccagcaaattatatgtggacaggttctaaactctatatatacatatatatatatata tctatatatctatatacgtaatcatctagttctgtcatcttactgaaaggaataacacttctaaagatcaccatttctgagaagttcttgga aatctttatqtctaa
310	212859 _x_at	caccgcgcagagctcaggggtggtgcgcccggcccttctgcggcgcacagcccagcccaggaacgcgggcggtgcggact cagcgggccgggtgcaggcgcggagctgggcctctgcgcccggcccganctccgtctataaanagagcagccagttgcaggg ctcnantctgctttccaactgcctgactgcttgttcgtctcactggtgtgagctccagcatccccctttgctcgaaatggaccccaactgct cttgcgccactggntggctcctgcacgtgcgccggctcctgcaagtgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgct gttcctgctncccgtggnctgtgccaagtgtgcccagggctgcgtctgcaaaggggcatcggagaagtgcagctgctgtgcctga tgtgggaacagctcttctcccagatgtaaatagaacaacctgcacaacctggnatttttttaaaaatacaacactgagccatttgctg catttc
311	212956 _at	tactgatgcttctgatactggatgtttagcttcttactgcaaaaacataagtaaaacagtcaactttaccatttccgtattctccatagattg aagaaatttataccacatatcgcatatgaccatctttccatcaaatcaatgtagagataatgtaaactgaaaaaaaatctgcaagat aatgtaactgaatgttttaaaaacagaacttgtcactttatataaaagaatagtatgctctatttcctgaatggatgtggaaatgaaagc tagcgcacctgcactttgaattcttgcttctttttattactgttatgattttgctttttacagatgttggacgatttttttcttctgattgttgaattcat aatcatggtctcatttccttgcttctttggaatatttctttcaacacattcctttatttattatacattgtgtccttttttagctattgctgct
312	213068 _at	gacaggagggtgtccacatatgttaacatcagttggatctcctatagaagtttctgctgctctctttccttctccctgagctggtaactgc aatgccaacttcctgggcctttctgactagtatcacacttctaataaaatccacaa
313	213071 _at	gctccacatgagccatgcatgcttagcaatccaagtgcagagctctttgctccaggagtgaggagactgggaggtgaaatgggg aaatggaagggtttggaggcagagctgaaaacagggttggaaggatttcctgaattagaagacaaacgttagcatacccagtaa ggaaaannngnnnaggggccanggggaacccgtgaggatcactctcaaatgagattaaaaacaaggaagcagagaatggt cagagaatgggattcagattgggaacttgtggggatgagagtgaccaggttgaactgggaagtggaaaaaggagtttgagtcac tggcacctagaagcctgcccacgattcctaggaaggctggcagacaccctggaaccctggggagctactggcaaactctcctgg attggncctnatnnttttggtgggaaaggctgccctggggatcaactttccttctgtgtggctcaggagttcttctgcagagatggcg ctatctttcctcctcctgtgatgtcctgctcccaaccatttgtactcttcatta

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
314	213317 _at	aagtgtgcataatttcatttaacgttaaagaaatagatccaattcctttcttgcaaccaaaaataaataaaatacgttgcctcaatataa ggtttgggctattctgtgtttctatagaagcaatctgtttttggtaaaatgtacttttaaggatccagtcatctgaagtattttatgtagagtta gagatttcacaatattgactatacatatatttaaaatataaattatccagctgatgtttgaatttgtcttactttcctggccacctcgttgtcct attttataagctggggagttaactagcttaacaaaagatgcttagcttttgtaaaagaacaagtgtttcattttacaaagacactccaa atgatagttacttgattttctcgagacctttaactatggtgatgaataacaggacttgctttcaagccttaataaatgtaaaatgccttttaa tgaagatacagctgagtgttttcctcatgaatctgaaccaattaccaatttgtgttccagtcttgatt
315	213428 _s_at	gaaaccaaggtcaggaggccgttgcagacataaatctcggcgactcggccccgtctcctgagggtcctgctggtgaccggcctg gaccttggccctacagccctggaggccgctgctgaccagcactgaccccgacctcagagagtactcgcaggggcgctggctgc actcaagaccctcgagattaacggtgctaaccccgtctgctcctccctcccgcagagactggggcctggactggacatgagagcc ccttggtgccacagagggctgtgtcttactagaaacaacgcaaacctctccttcctcagaatagtgatgtgttcgacgttttatcaaag gccccctttctatgttcatgttagttttgctccttctgtgttttttttctgaaccatatccatgttgctgacttttc
316	213451 _x_at	cacaggcaggtgactactccatgcgcgtggacctgcgggctggggacgaggctgtgttcgcccagtacgactccttccacgtaga ctcggctgcggagtactaccgcctccacttggagggctaccacggcaccgcaggggactccatgagctaccacagcggcagtgt cttctctgcccgtgatcgggacccccaacagcttgctcatctcctgcgctgtctcctaccgaggggcctggtggtacaggaactgcca ctacgccaacctcaacgggctctacgggagcacagtggaccatcagggagtgagctggtaccactggaagggcttcgagttctc ggtgcccttcacggaaatgaagctgagaccaagaaactttcgctccccagcgggggggaggctgagctgctgcccacctctctcg caccccagtatgactgccgagcactgaggggtcgccccgagagaagagccagggtccttcaccacccagccgctggaggaa gccttctctgccagcgatctcgcagcactgtgtttacag
317	213509 _x_at	ccaatggcgagggtctgccacactggccgctgttcgaccaggaggagcaatacctgcagctgaacctacagcctgcggtgggc cgggctctgaaggcccacaggctccagttctggaagaaggcgctgccccaaaagatccaggagctcgaggagcctgaagag agacacacagagctgtagctccctgtgccggggaggaggggtgggttcgctgacaggcgagggtcagcctgctgtgcccaca cacacccactaaggagaaagaagttgattccttcattcacttcgccattcattcatacttccgtccatccattcagaaagcatttattaa gaatttactcaggcatgatggcccatacttgtaatcccagctattgggaaggatgagatgggaggatggcttgaggccagaggtttg agaccgaccagcc
318	213624 _at	gggagagtccatctggaagctggagtatatcctgacccagacctacgacattgaagatttgcagccggaaagtttatatggattag ctaaacaatttacaatcctagacagtaagcagtttataaaatactacaattacttctttgtgagttatgacagcagtgtaacatgtgata agacatgtaaggcctttcagatttgtgcaattatgaatcttgataatatttcctatgcagattgcctcaaacagctttatataaagcacaa ttactagtatttcacagtttttgctaatagaaaatgctgattctgattctgagatcaatttgtgggaattttacataaatctttgttaattactga gtgggcaagtagacttcctgtctttgctttctttttttttttctttttgatgccttaatgtagatatctttatcattctgaattgtattatatatttaaant gctcattaatagaatgatggatgtaaattggatgtaaatattcagtttatataattatatctaatttgtacccttgttgaaattgtcattta
319	213629 _x_at	cttcgcttctctcttggaaagtccagtctctcctcggcttgcaatggaccccaactgctcctgcgccgctggtgtctcctgcacctgcgct ggttcctgcaagtgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctngctnccccgtgggctgtagcaagtgt gcccagggctgtgtttgcaaaggggcgtcagagaagtgcagctgctgcgactgatgccaggacaacctttctcccagatgtaaac agagagacatgtacaaacctggatttttttttatacccaccttgacccatttgctacattccttttcctgtgaaa
320	213746 _s_at	cctggggctgagcaaggcctacgtaggccagaagagcagcttcacagtagactgcagcaaagcaggcaacaacatgctgctg gtnggggttcatggcccnangacccccctgcgaggagnnnnngnngnagcacgtgggcagccggctntacagcgtgtcctacc tgctcaaggacaaggggggagtacacactggtggtcaaatggggg
321	213891 _s_at	gaaactgtatgggtagctttttgtttgttttttgttttgttttttgttttgttttttagttgtaggtcgcagcggggaaatttttgcgactgtac acatagctgcagcattaaaaacttaaaaaaattgttaaaaaaaanaaaaaaagggaaaacatttcaaaaaaaaaaaaannngat aaacagttacaccttgttttcaatgtgtggctgagtgcctcgatttttttcatgttttttggtgtatttctgatttgtagaagtgtccaaacaggttg tgtgctggagttccttcaagacaaaaacaaacccagcttggtcaaggccattacctgtttcccatctgtagttattcg
322	213921 _at	gctgctgccgcggggaagcaggaactggccaagtacttcttggcagagctgctgtctgaacccaaccagacggagaatgatgc cctggaacctgaagatctgtcccaggctgctgagcaggatgaaatgaggcttgagctgcagagatctgctaactcaaacccggct atggcaccccgagaacgcaaagctggctgcaagaatttcttctggaagactttcacatcctgttagctttcttaactagtattgtccata tcagacctctgatccctcgcccccacaccccatctctcttccctaatcctccaagtcttcagcgagacccttgcattagaaactga
323	213953 _at	acaggaaattgctacttaccgccgccttctggaaggagaagacgtaaaaactacagaatatcagttaagcaccctggaagaga gagatataaagaaaaccagnaagattaagacagtcgtgcaagaagtagtggatggcaaggtcgtgtcatctgaagtcaaagag gtggaagaaaatatctaaatagctaccagaaggagatgctgctgaggttttgaaagaaatttggctataatcttatctttgctccctgc aagaaatcagccataagaaagcactattaatactctgcagtgattagaaggggtggggtggcgggaatcctatttatcagactctgt aattgaatataaatgttttactcagaggagctgcaaattgcctgcaaaaatgaaatccagtgagcactagaatatttaaaacatcatt actgccatctttatcatgaagcacatcaattacaagctgtagaccacctaatatca

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
324	214027 _x_at	gagaaagccaggcaggtagccaggggggactagcccctgtggagactgggggcttgaaattgtccccgtggtctcttactttccttt ccccagcccagggtggacttagaaagcaggggctacaagagggaatccccgaaggtgctggaggtgggagcaggagattga gaaggagagaaagtgggtgagatgctggagaagagaggagaggagaggagcagagagcggtctcaggctggtgggaggg gcgcccacctccccacgccctcccctccctgctgcaggggctctggagaga
325	214038 _at	atgagccttcatacatggactgagagtcagagcttgaagaaaagcttatttatttttccccaacctcccccaggtgcagtgtgacattat tttattataacatccacaaagagattatttttaaataatttaaagcataatatttcttaaaaagtatttaattatatttaagttgttgatgttttaa ctctatctgtcatacatcctagtgaatgtaaaatgcaaaatcctggtgatgtgttttttgtttttgttttcctgtgagctcaactaagttcacgg caaaatgtcattgttctccctcctacctgtctgtagtgttgtggggtcctcccatggatcatcaaggtgaaacactttggtattctttggca atcagtgctcctgtaagtcaaatgtgtgctttgtactgctgttgtt
326	214091 _s_at	atgcctacaggtatgcgtgattgtgtgtgtgtgcatgggtgnacagccacntgtctacctatgtgtctttctgggaatgtgtaccatctgt gtgcctgcagctgtgtagtgctggacagtgacaaccctttctctccagttctccactccaatgataatagttcacttacacctaaaccc aaaggaaaaaccagctntaggtccaattgttntgctctanactgatacctcaaccttggggccagcatctcccactgcctccaaata ttagtaantatgactgacgtncccanaagtttntgggtnnnaccacactccccaaccccccactcctanttcctgaagggccctccc aaggntacatccccaccccacagttctccctgagagagatcaacctccctgagatcaaccaaggcagatgtgacagcaagggc cacggacc
327	214142 _at	gcctctggcaatgccattcaggccaggtcttcctcctatngtgnagannatnnnnntggnggtggaaagcgattctctcattctggc aaccagttggnacggccccatcaccgccctccgggtccgagtcaacacatactacatcgtaggtcttcaggtgcgctatggcaag gtgtggagcgactatgtgggtggtcgcaacggagacctggaggagatctttctgcaccctggggaatcagtgatccaggtttctgg gaagtacaagtggtacctgaagaagctggtatttgtgacagacaagggccgctatctgtcttttgggaaagacagtggcacaagttt caatgccgtccccttgcaccccaacaccgtgctccgcttcatcagtggccggtctggttctctcatcgatgccattggcctgcactggg atgtttaccccactagctgcagcagatgctgagcctcctctccttggcaggggcactgtgatgaggagtaagaactcccttatcacta ac
328	214164 _x_at	acaaggcccaggctggggccagggccagaggggaaggccctggattctcactcatgtgagatcttgaatctctttctttgttctgtttg tttagttagtatcatctggtaaaatagttaaaaaacaacaaaaaactctgtatctgtttctagcatgtgctgcattgactctattaatcaca tttcaaattcaccctacattcctctcctcttcactagcctctctgaaggtgtcctggccagccctggagaagcactggtgtctgcagcac ccctcagttcctgtgcctcagcccacaggccactgtgataatggtctgtttagcacttctgtat
329	214414 _x_at	tcaacttcaagctcctaagccactgcctgctggtgaccctggccgcccacctccccgccgagttcaacccctgnggtgcacgcctc cctgganaagttcctggcttctgtgagcaccgtgctgacctccaaataccgttaagctggagcctcggtagccgttcnnnnnncnn gctnggcnntccaacgggccctcctcccctccttgcaccggcccttcctggtctttgaataaagtctgagtg
330	214433 _s_at	cttcctcggaggcagcattgttaagggaggccctgtgcaagtgctggaggacgaggaactaaagtcccagccagagcccctagt ggtcaagggaaaacgggtggctggaggccctcagatgatccagctcagcctggatgggaagcgcctctacatcaccacgtcgct gtacagtgcctgggacaagcagttttaccctgatctcatcagggaaggctctgtgatgctgcaggttgatgtagacacagtaaaag gagggctgaagttgaaccccaacttcctggtggacttcgggaaggagccccttggcccagccctttgcccnatgagctccgctacc ctgggggcgattgtagctctgacatctggatttgaaggctccaccctcatcacccacactccctattttgggccctcacttccttgggga cctggcttcattctgctctctcttggcacccgacccttggcagcatgtaccacacagccaagctgagactgtggcaatgtgttgagtc atatacatttactgaccactgttgct
331	214505 _s_at	ccatcggtgcggactccaaggaggtgcactataagaaccgcttctggcatgacacctgcttccgctgtgccaagtgccttcacccct tggccaatgagacctttgtggccaaggacaacaagatcctgtgcaacaagtgcaccactcgggaggactccccaagtgcaag gggtgcttcaaggccattgtggcaggagatcaaaacgtggagtacaaggggaccgtctggcacaaagactgcttcacctgtagt aactgcaagcaagtcatcgggactggaagcttcttccctaaaggggaggacttctactgcgtgacttgccatgagaccaagtttgc caagcattgcgtgaagtgcaacaagggtttggtaaaggctccagtgtggtggcctatgaaggacaatcctggcacgactactgctt ccactgcaaaaaatgctccgtgaatctggccaacaagcgctttgttttccaccaggagcaagtgtattgtcccgactgtgc
332	214598 _at	ttgtcaaggggctttgcattcaaactgcttttccagggctatactcagaagaaagataaaagtgtgatctaagaaaaagtgatggtttt aggaaagtgaaaatatttttgtttttgtatttgaagaagaatgatgcattttgacaagaaatcatatatgtatggatatattttaataagtat ttgagtacagactttgaggtttcatcaatataaataaaagagcagaaaaatatgtcttggttttcatttgcttaccaaaaaaacaacaa caaaaaaagttgtcctttgagaacttcacctgctcctatgtgggtacctgagtcaaaattgtcatttttgttctgtgaaaaataaatttcctt cttgtaccatttctgtttagttttactaaaatctgtaaatactgtatttttctgtttattccaaatttgatgaaactgacaatccaatttgaaagttt gtgtcgacgtctgtctagcttaaatgaatg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
333	214677 _x_at	tcataagtgacttctacccgggagccgtgacagtggcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggagtggagaccac cacaccctccaaacaaagcaacaacaagtacgcggccagcagctatctgagcctgacgcctgagcagtggaagtcccacag aagctacagctgccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagacagtggcccctacagaatgttcataggttctcaacc ctcac
334	214696 _at	gagtatacatcggtgcaggcttcctggatgacagttgggtgatatgtgtcatgtggcctaaaagcctccatgtcatttgacctacgaat tctatctttgggaatttatcctaagaaantacttanggatttanttngtgataagatgttcatcccagcattgcaatggagaaaaatggg aagcaatggtttggttgggaatttattccttttctgctgtaacgaaagtttgcaataggggattgcttaagtaaattattgtatctccatcca gatggtggagtaccgcgcagacattaaaagtcatgtaaaagaacatctgactgaaagaaaaatgctccttgaatattaaaaggtt gtaaaaatagtgcatgttatgtgatttcaattttgtttttaaaatatgggtgtatgcttgtatacgtagagcagataaaaaagacggaag gcatactaaaaaatgttgagtggttatctttgtatggtggaacaaagtcactgtaattttcatctttggtt
335	214752 _x_at	tggggctgagcaaggcctacgtaggccagaagagcagcttcacagtagactgcagcaaagcaggcaacaacatgctgctggt gggggttcatggcccaaggacccccctgcgaggagatcctggtgaagcacgtgggcagccggctctacagcgtgtcctacctgct caaggacaaggggggagtacacactggtggtcaaatgggggggacgagcacatcccaggcagcccctaccgcgttgtggtgccc tgagtntggggcccgtgccagccggcagcccccaagcctgccccgctacccaagcagccccgccctnttcccctcaaccccgg cccaggccgccctggccgcccgcctgtcactgcagccgcccctgccctgtgccgtgntgcgctcacctgcctccccagccagccg ctgacctctcggctttcacttgggcagagggagccatttggtggcgctgcttgtcttctttggttctgggaggggt
336	214768 _x_at	aatgctctgggtctctggatccagtggggnatattgtgatgactcagtctccactctccctgcccgtcacccctggagagccggcctc catctcctgcaggtctagtcagagcctcntgcatnntaatggatacaactatttggattggtacctgcagaagccagggcagtctcc acagctcctgatctatttgggttctaatcgggcctccggggtcccngacaggttcagtggcagtggatcaggcacagattttacactg aaaatcagcagagtggaggctgaggatgttggggtttattactgcatgcaagctctacaaactcctcngacnttnggccanggga ccaagntgganatcaaacgaactgtggctgcaccatct
337	214777 _at	gcaagatggtgttgcagacccaggtcttcatttctctgttgctctggatctctggtgcctacggggacatcgtgatgacccagtctccag actccctggctgtgtctctgggcgagagggccaccatcaactgcangtccagccagagtgttttatacagctccaacaataagaac tacttagcttggtaccagcagaaaccaggacagcctcctaagctnctcatttactgggcatctacccgggaatccggggtccctga ccgattcagtggcagcgggtctgggacagattt
338	214916 _x_at	gaggtgcagctgttggagtctgggggaggcttggtacagcctgggggtccctgagactctcctgtgcagcctctggattcaccttta gcanctatgccatgagctgggtccgccaggctccaggnaaggggctggagtgggtctcanntattagtggtagtggtnntancac atactacgnagactccgtgaagggccggttcaccatctccagagacaattccaagaacacgctgtntctgcaaatgaacagcctg agagccgaggncacggccgtatattactgtncnnnagaaaatggtgtcagcagttggannтnccaaganannaccccaacct atgttgactactggggccaggaaccctggtcaccgtctcctcagggagtgcatccgccccaaccctttcccccctcgtctcctgtgag aattccccgtcggatacgaagcagcgtggccgttggctgctc
339	215049 _x_at	cgtcagtcatcctttattgcagtcgggatccttggggttgttctgttggccattttcgtcgcattattcttcttgactaaaaagcgaagacag agacagcggcttgcagtttcctcaagaggagagaacttagtccaccaaattcaatacgggagatgaattcttgcctgaatgcaga tgatctggacctaatgaattcctcagaaaattcccatgagtcagctgatttcagtgctgctgaactaatttctgtgtctaaatttcttcctatt tctggaatggaaaaggaggccattctgagccacactgaaaaggaaaatgggaatttataacccagtgagttcagcctttaagata ccttgatgaagacctggactattgaatggagcagaaattcacctctctcactgactattacagttgcatttttatggagttcttcttctccta ggattcctaagactgctgctga
340	215076 _s_at	ggggaatggagcaaaacagtctttgaatatcgaacacgcaaggctgtgagactacctattgtagatattgcaccctatgacattggt ggtcctgatcaagaatttggtgtggacgttggccct
341	215118 _s_at	cttgctctgttgcagattggcagatgccgcctccctatgtggtgctggacttgccgcaggagaccctggaggaggagacccccggc gccaacctgtggcccaccaccatcaccttcctcaccctcttcctgctgagcctgttctatagcacagcactgaccgtgaccagcgtcc ggggcccatctggcaacagggagggcccccagtactgagcgggagccggcaaggcacagggaggaagtgtggaggaacct cttggagaagccagctatgcttgccagaactcagcc
342	215125 _s_at	gcataaattaatcagccccagagtgctttaannnnttctcttaaataccggtgtctttgatcaggatgacatgtgccatttttcagagga cgtgcagacaggctggcattctagattactttttcttactctgaaacatggcctgtttgggagtgcgggattcaaaggtggtcccaccgc tgcccctactgcaaatggcagttntaatcttatctttggcttctgcagatggttgcaatngatccttaaccaataatggtcagtcctcatc tctgt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
343	215176 _x_at	ctactctggctccgaggtgccagatgtgacatccagatgacccagtctccatcctccctgtctgcatctgtaggagacagagtcacc atcacttgccgggcaagtcagagcattagcagctatttaaattggtatcagcagaaaccaggnaaagcccctangctcctgatcta tgctgcatccantttgcaaagtggggtcccatcaaggttcagtggcagtggatctgggacagatttcactctcaccatcagcagtctg caacctgaagattttgcaacttactactgtcaacagagttacagtacccctca
344	215193 _x_at	gccgagtactggaacagccagaaggacntcctggaagacnagcgggccnnggtggacacctactgcagacacaactacgg ggttgnngagagcttcacngtgcagcggcgagtccatcctnaggtgactgtgtatcctncaaagacccagcccctgcagcacca caanctcctggtctgntctgtgagtggtttctatccaggcagcattgnaagtcaggtggttncggaanggcnaggaagagaagnct ggggntggtgtccacnggcctgatccagaatggagactggaccttccagaccctggtgatgctngaaacagttcctcggagtgga gaggtttacacctgccaagtggagcacccaagcntnacgagccctctcacagtggaatggagngcacggtctgaatctgcaca gagcaagatgctgagtggagtcgggggctt
345	215299 _x_at	aagatcctggagtttgtggggcgctccctnccagaggagacngtggacntcatggttnagcacacgtcgttcaaggagatgaag aagaaccctatgaccaactacaccaccgtccnccnggagttcatggaccacagcatctccccttcatgaggaaaggcatggct ggggacnngngnngnccacnttcaccgtggcgcagaatgagcgcttcgatgcggacntatgcggagaagatggcaggncng cagcctcangcttccgctntgagcngtgagaggggnnncntggagtcacngcagagggagtgtgcgaatcaaacctgaccaa gcggntcaagaataaaatatgaattgagggccngggacggtaggtcatgtctgtaatcccagcaatttggaggctgaggtggga ggatcatttgagcccaggagttcgagaccaacctgggcaacatagtgagattctgttaaaaaaataaaataaaataaaaccaattt ttaaaaagagaataaaatatgattgtgggccaggcagagtggctcatgc
346	215382 _x_at	ccggtcagcaggatcatcgtgcacccacagttctacatcatccagactggagcggatatcgccctgctggagctggaggagccc gtgaacatctccagccgcgtccacacggtcatgctgccccctgcctcggagaccttccccccgggnntgccgtgctgggtcactgg ctggggcgatgtggacaatgatgagcccctcccaccgccatttccccctgaagcaggtgaaggtccccataatggaaaaccacatt tgtgacgcaaaataccaccttggcgcctacacgggagacgacgtccgcatcatccgtgacgacatgctgtgtgccgggaacacc cggagngnntcatgccagggcgactcnggagggcccctggtgtgcaaggtgaatggcacctggctncaggcgggcgtggtca gctgggncgagggctgtgcccagcccaaccggcctggcatctacacccgtgtcacctactacttggactggatcc
347	215388 _s_at	gaaccacctcaatgcaaagattctacgggaaaatgtgggccccctccacctattgacaatggggacattacttcattcccgttgtca gtatatgctccagcttcatcagttgagtaccaatgccagaacttgtatcaacttgagggtaacaagcgaataacatgtagaaatgga caatggtcagaaccaccaaaatgcttacatccgtgtgtaatatcccgagaaattatggaaaattataacatagcattaaggtggac agccaaacagaagctttatttgagaacaggtgaatcagctgaatttgtgtgtaaacggggatatcngtctttcatcacgttctcacac attgcgaacaacatgttgggatgggnnnctggagtatccaacttgtgcannnngatagaatcaatcataaaatgcacacctttattc agaactttagtattaaatcagttcttaatttcatttttaagtattgttttactccttttttattcatacgtaaaatttggatta
348	215657 _at	tcttccaatttattatctgcaccaattattttgggcacttctcctgtgtatgtaaactttggagtttaggtctacgtcatttatataagagcctgt agacctgagtggatggacactgcctcttagaactagaacttagaactttatcttgaaaatgtacnncnnnngcngaannnccnca cagagtatgtgtcaggtaggaaccaaatttatgattgttatattcaaactggttttctgttccttgaaaatggtnttttttctgatcaaagcct atttaggagttattatgttcttgagtttattccatgtgtgtgaatattttgaatgaatccactaataagatatgcatgtatgtctggannnnn nncnnnnnagaataaatatttaagtagactttaacaagtaaatggttgtaggcatcattaagtcttaaatagccttttcaaagatatta gtgttctngttttaattattcagataattcctttaattctccactcaaatctgacttta
349	215867 _x_at	gattcctgtgggtccagctttggaactgggaaaccttttcttcggatccgcactcattccactgatgccagctgcccctgaaggatgcc agtactgtggtgtgtgagtctcagcagccgcccacacgctcctaactctgctgcatggcagatgcctaggtggaaatagcaaaaa caaggcccgggctggggccagggccagaggggaaggccctggattctcactcatgtgagatcttgaatctctttctttgttctgtttgtt tagttagtatcatctggtaaaatagttaaaaaacaacaaaaaactctgtatctgtttctagcatgtgctgcattgactctattaatcacatt tcaaattcaccctacattcctctcctcttcactagcctctctgaaggtgtcctggccagccctggagaagcactggtgtctgcagcacc cctcagttcctgtgcctcagcccacaggccactgtgataatggtctgtttagcacttctgtat
350	216207 _x_at	ctctggctcccaggtgccagatgtgccatccagttgacccagtctccatcctccctgtctgcatctgtaggagacagagtcaccatca cttgccgggcaagtcagggcattagcagtgctttagcctgntatcagcagaaaccagggaaagctcctaagctcctgatctatgat gcctccagtttgnaaantggggtcccatcaaggttcagcggcagtggatctgggacagatttcactctcaccatcagcagcctgca gcctgaagattttgc
351	216336 _x_at	ccaactgcctgactgcttgttggcctcaccggtgggagctccagcatctcctttgctcgaaatggaccccaactgctcctgtgccact ggtggctcctgcatgtgcgccggctcctgcaagtgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgctgcc ccgtgggctgtgccaagtgtgcccagggctgcatctgcaaaggggcgttggagaagtgcaactgctatgcctgacgtggggaca gctctgctcccagatgtaaatagagtaacctgcacaaacctggatttttaaaaaatacaacactgagccatttgcttcatt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
352	216401 _x_at	tcctccctgtctgcatctgtaggagacagagtcaccatcacttgccgggtgagtcagggcattagcagttatttaaattggtatcggca gaaaccagggaaagttcctaagctcctgatctatagtgcatccaatttgcaatctggagtcccatctcggttcagtggcagtggatct gggacagatttcactctcactatcagcagcctgcagcctgaagatgttgcaacttattacggtcaacggacttacaatgccc
353	216442 _x_at	tggaggaagttctccagcttcagctcaactcacagcttctccaagcatcaccctgggagtttcctgagggttttctcataaatgagggc tgcacattgcctgttctgcttcgaagtattcaataccgctcagtattttaaatgaagtgattctaagatttggtttgggatcaataggaaag catatgcagccaaccaagatgcaaatgttttgaaatgatatgaccaaaatttttaagtaggaaagtcacccaaacacttctgctttcac ttaagtgtctggcccgcaatactgtaggaacaagcatgatcttgttactgtgatattttaaatatccacagtactcacttttttccaaatgat cctagtaattgcctagaaatatctttctcttacctgttatttatcaatttttcccagtatttttatacggaaaaaattgtattgaaaacacttagt atgcagttgataagaggaatttggtataattatggtgggtgattatttttttatactgtatgtgccaaagctttactactgtg
354	216474 _x_at	ccgccatttcctctgaagcaggtgaaggtccccataatggaaaaccacatttgtgacgcaaaataccaccttggcgcctacacgg gagacgacgtccgcatcgtccgtgacgacatgctgtgtgccgggaacacccggagggactcatgccagggcgactccggagg gcccctggtgtgcaaggtgaatggcacctggctgcaggcgggcgtggtcagctggggcgagggctgtgcccagcccaaccggc ctggcatctacacccgtgtcacctactacttggactggatccaccactatgtccccaaaaagccgtgagtcaggcctgggttggcca cctgggtcactggaggaccaa
355	216491 _x_at	agtcgggcccaggactggtgaagccttcggagaccctgtccctcacctgcactgtctctggtggctccatcagtagttactactgga gctggatccggcagcccgccgggaagggactggagtggattgggcgtatctataccagtgggagcaccaactacaacccctcc ctcaagagtcgagtcaccatgtcagtagacacgtccaagaaccagttctccctgaagctgagctctgtgaccgccgcggacacg gccgtgtattactgtgcga
356	216510 _x_at	agtgggtctcagctattagtgggagtgcaggtaccacatactacgcagactccgtgaagggccggttcaccacctccagagaca attccaagaacacgctgtatctgcaaatgnacagnctgagagccgaggacacggccgtatattactgtgcgaaatccc
357	216576 _x_at	tcctccctgtctgcatctgtaggagacagagtcaccatcacttgccaggcgagtcaggacattagtaatttttaacttggtatcagaa gaagccagggaaagcccctaaagtcctgatctacgatgcatccaatttggaaacaggggtcccatcaaggttcagtggaagtggt tctgggacagattttactttcaccatcgccagcctgcagcctgacgattttgcaacatattactgtcaacaatataatgatcacccctc actttcggccctgggaccaaagtg
358	216834 _at	atgaaactgattacaacaggctgtaagaatcaaagtcaactgacatctatgctacatattattatatagtttgtactgagctattgaagt cccattaacttaaagtatatgttttcaaattgccattgctactattgcttgtcggtgtattttatttattgtttttgactttggaagagatgaact gtgtatttaacttaagctattgctcttaaaaccagggatcagaatatatttgtaagttaaatcattggtgctaataataaatgtggattttgt attaaaatatatagaagcaatttctgtttacatgtccttgctacttttaaaaacttgcatttattcctcagatttt
359	216984 _x_at	catctcctgcactggaaccagcagtgacgttggtgcttataactatgtctcctggtaccaacagcacccaggcaaagcccccaaac tcatgatttatgaggtcagtaatcggccctcaggggtttctaatcgcttctctggctccaagtctggcaacacggcctccctgaccatct ctgggctccaggctgacgacgagggtgattactactgcatctcatatacaagtagcaaccctctcgtggtt
360	217022 _s_at	tcaagtgggaagagcgctgttcaaggaccacctgagcgtgacctctgtggctgctacagcgtgttccagtgtcctgccgggctgtgc cgagccatggaaccatggggagaccttcacttgcactgctgcccaccccgagttgaagacccccactaaccgccaacatcacaa aatccggaaacacattccggcccgaggtccacctgctgccgccgccgtcggaggagctggccctgaacgagctggtgacgctg acgtgcctggcacgtggcttcagcccaaggatgtgctggttcgctggctgcaggggtcacaggagctgccccgcgagaagtacct gacttgggcatcccggcaggagcccagccagggcaccaccaccttcgctgtgaccagcatactgcgcgtggcagccgaggact ggaagaaggggggacaccttctcctgcatggtgggccacgaggccctgccgctggccttcacacagaagaccatcgaccgcttg gcgggtaaacccacccatgtcaatgtgtctgttgtcatggcgga
361	217109 _at	gctgtcaggattcttcaaggagaatgaatactgggaatcaagacaggactataccttatccataggcgcaggtgcacaggggga ggccataaagatcaaacatgcatggatgggtcctcacgcagacacacccacagaaggacactagcctggcgcgcgtgcacac acacacacacacacacgagttcataatgtggtgatggccctaagttaagcaaaatgcttctgcacacaaaactctctggtttacttc aaat
362	217110 _s_at	gcacctgagcatgaaactcgacgcgttcttcggcatcttctttggggccctgggcggcctcttgctgctgggggtcgggacgttcgtg gtcctgcgcttctggggttgctccggggccaggttctcctatttcctgaactcagctgaggccttgccttgaaggggcagctgtggcct aggctacctcaagactcacctcatccttaccgcacatttaaggcgccattgcttttgggagactggaaaagggaaggtgactgaag gctgtcaggattct

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
363	217148 _x_at	catctcctgcactggaaccagcagtgacgttgntggttataacnatgtctcctggtaccaacannacccaggcaaagcccccaaa ctcatgatttatgnngtcagtaatcgqccctcaggggtttctaatcgcttctctg
364	217165 _x_at	gcgctggttcctgcaagtgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgctgccccgtgggctgtagcaa gtgtgcccagggctgtgtttgcaaaggg
365	217179 _x_at	aggacagagggtcaccatctcttgctctggaagcagctccaacattgggaagaattatgtatcctggtaccagcaactcccagga acagcccccaaactcctcatctataaaaataataagcgaccctcagggattcctgaccgattctctggctccaagtctggcacgtca gccaccctgggcatcaccagactccagactggggacgaggccgattattactgcggaacatgggatagcagcctgagtggtgg ccgggggatat
366	217232 _x_at	tgaggagaagtctgccgttactgccctgtggggcaaggtgaacgtggatgaagttggtggtgaggccctgggcaggctgctggtg gtctacccttggacccagaggttctttgagtcctttggggatctgtccactcctgatgctgttatgggcaaccctaaggtgaaggctcat ggcaagaaagtgctcggttctttgagtcctttggggatctgtccactcctgatgctgttatgggcaaccctaaggtgaaggctcatggc aagaaagtgctcggtgcctttagtgatggcctggctcacctggacaacctcaagggcacctttgccacactgagtgagctgcactgt gacaagctgcacgtggatcctgagaacttcaggctcctgggcaacgtgctggtctgtgtgctggcccatcactttggcaaaga
367	217235 _x_at	cagtgtccggatctcctggacagtcagtcaccatctcctgcaccggaaccagcagtgatgttggtggttataactatgtctcctggtac caacagcacccaggcaaagcccccacactcatgatttatgatgtcattaagcggccctcaggggtccctgatcgcttctctggctcc aaatctggcaacacggcctccctgaccatctctgggctccaggctgaggatgaggctgattattattgcagctcaaatgcaggcag tttttatgtct
368	217258 _x_at	tcctgcactgggagcagctcctacatcggggcaggttatgatgtacactggtaccggcaacttcccggcacagcccccaaactcct catctatggtaacaccgatcggccctcaggggtccctgaccgattctctggctccaagtctggcatctcagcctccctggccatcact gggctccaggctgaggatgaggctgattattactgcaagtcctatgacagcagcctgag
369	217378 _x_at	gatgtgacatccaggtgacccagtctccatcttccctgtctgcgtctgtaggagacagagtcaccatcacctgccgggcaagtcag ggcattagcaatgggttatcctggtatcagcagaaaccagggcaagcccctacgctcctgatctatgctgcatccagtttgcagtcg ggggtcccatctcggttcagtggcagtggatctgggacagatttcactctcaccatcagcagcctgcagcctgaagatgttgc
370	217414 _x_at	ggtccccacagactcagagagaacccaccatggtgctgtctcctgccgacaagaccaacgtcaaggccgcctggggtaaggtc ggcgcgcacgctggcgagtatggtgcggaggccctggagaggcacttcgacctgagccacggctctgcccaagttaagggcca cggcaagaaggtggccgacgcgctgaccaacgccgtggcgcacgtggacgacatgcccaacgcgctgtccgccctgagcga cctgcacgcgcacaagcttcgggtggacccggtcaacttcaagctaagccactgcctgctggtgaccctggccgcccacctcccc gccgagttcacccctgcggtgcacgcttccctggacaagttcctggcttctgtgagcaccgtgctgacctccaaataccgttaagctg gagcctcggtagcc
371	217480 _x_at	gctgccaggtgccagatgtgacatccagatgacccagtctccatcctccctgtctgcatctgtaggagacagagtcaccatcacttg ccgggcgagtcagggcattagcaataatttaaattggtatcagcagaaaccagggaaaactcctaagctcctgatctatgctgcac ccagtctgcaaagtgggattccctctcggttcagtgacagtggatctggggcagattacactctcaccatccgcagcctgcagcctg aagattttgc
372	217546 _at	agtcgctccatttatcgcttgagatctccagccttaccgcggctcgaaatggaccccaactgctcctgcaccactggtgtctcctgcg cctgcaccggctcctgcaagtgcaaagagtgcaaatgcacctcctgcaagaagagctgctgctcctgctgccccgtgggctgtgc caagtgtgcccacggctgtgtctgcaaagggacgttggagaactgcagctgctgtgcctgatgtgggaacagctcttctcccagat gttaatagaacaagctgcacaacctggatttttttcaatacgatactgagccatttgct
373	217757 _at	cctccagacctccttgaaatacaatattctcccagaaaaggaagagttcccctttgctttaggagtgcagactctgcctcaaacttgtg atgaacccaaagcccacaccagcttccaaatctccctaagtgtcagttacacagggagccgctctgcctccaacatggcgatcgtt gatgtgaagatggtctctggcttcattcccctgaagccaacagtgaaaatgcttgaaagatctaaccatgtgagccggacagaagt cagcagcaaccatgtcttgatttaccttgataaggtgtcaaatcagacactgagcttgttcttcacggttctgcaagatgtcccagtaa gagatctcaaaccagccatagtgaaagtctatgattactacgagacggatgagtttgcaatcgctgagtacaatgctccttgca

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
374	217762 _s_at	ctattaccattctaactttcataaaaagttgggatcaagaagcagctgatttcctgccagggcttatattaggggntgattcttaaagg acattaggattggtgctcagaaatggttaatcatgctgtgtgctagccagggccagctggtaccttctttgccatgagcattcaaggg acngctaacctttattgacaatctatatngcaaaagtcaggaaagaggttgtgagctgattggattaaagacctggcacttcagtaa ctcagcacgcttccacttcactcaacttaagagagttcattgacagtgttaggatgtgaaggctgggaaacacttattttgcttcaaga gttccacttggctctcccaaataggtacctcaaaaactgttagcaagcggcatttggatgtcttgacaggggctttgcagggatttttag ggttttttccacattgtccacattaatggttggcatgattgtgcttgcaggccaag
375	217764 _s_at	gaatatgacgttaccttgcagactaaaaggttgaaggcccgaaactaacttttagctaacaataagggctgtgccccaatggaaa ctgagttcattttctgagaaaggtttggatgactgaaatatttcctctacagtcaaggactttggcatgcggtggctgaaactgagcttttt tgtgtgggctccagttctcactgttctgcaatgctcatggcaagttgaatggtgagctagcttataaattaaagagctctgaactgtattc agaccgactgggtatctagcttactgttttaacatcattgttgaaaccagaccctgtagtccagtggtgctgccctgttgtgcaaactgc tccttttctcgtgtttttgtaaagagcttccatctgggctggacccagttcttgcacatacaagacaccgctgcagtcagctaggacctt ccgccatgtattctattctgtagtaaagcatttccatcaacaatgcctaattgtatctgttatttttggtttaacacacactgattcatact
376	217767 _at	ggtctacgcctattacaacctggaggaaagctgtacccggttctaccatccggaaaaggaggatggaaagctgaacaagctctg ccgtgatgaactgtgccgctgtgctgaggagaattgcttcatacaaaagtcggatgacaaggtcaccctggaagaacggctggac aaggcctgtgagccaggagtggactatgtgtacaagacccgactggtcaaggttcagctgtccaatgactttgacgagtacatcat ggccattgagcagaccatcaagtcaggctcggatgaggtgcaggttggacagcagcgcacgttcatcagccccatcaagtgca gagaagccctgaagctggaggagaagaaacactacctcatgtggggtctctcctccgatttctggggagagaagcccaacctca gctacatcatcgggaaggacacttgggtggagcactggcctgaggaggacgaatgccaagacgaagagaaccagaaacaat gccaggacctcggcgccttcaccgagagcatggttgtc
377	217897 _at	cccctgcatatcttctcagcaataactccatgggctctgggaccctacccccttccaaccttccctgcttctgagacttcaatctacagcc cagctcatccagatgcagactacagtccctgcaattgggtctctggcaggcaatagttgaaggactcctgttccgttggggccagca caccgggatggatggagggagagcagaggcctttgcttctctgcctacgtcccctagatgggcagcagaggcaactcccgcatc ctttgctctgcctgtcggtggtcagagcggtgagcgaggtgggttggagactcagcaggctccgtgcagcccttgggaacagtgag aggttgaaggtcataacgagagtgggaactcaacccagatcccgcccctcctgtcctctgtgttcccgcggaaaccaaccaaaacc gtgcgctgtgacccattgctgttctctgtatcgtgatctatcctcaacaaca
378	217967 _s_at	ctcttttactactgacctttcacagagaaaaaatatttcccttgaaaaaaactgggcttgtcatttttttcccttgtagctttaagcagagac ataagtgccttgcattacacatagtaaactttctttaaaaaaaaaaaaaaaaagattttggagactaccagggtaagattccaacttgt ccaaaagctttctggccttacatattttattataaaaattctcaagtctggtaatcttctatgtcagagctagtgatttcaaaaggtttcaca attccccaagacaaaagtgattttcgttcattataataaggttaagtgatatgtgattcataacaattttgatgtgaagaagggaagga catcattgacttaataatagtatcagtcggtgcaacagttggcaacatgtgccttcacactttaccataaagagacgggtttgagggtt tgccttctaaagtctgcaacttcaagaaaaaaaatcgacactgtggattgactttcccggt
379	218087 _s_at	aactttgtatagcccatgtacctaccttgtatagaaaaataattttaaaaatttgaatggaaggggtaaaggaagtcatgaagttttttt gcatttttatttaaatgaaggaattccaaataactcacctacagatttttagcacaaaaatagccattgtaaagtgttaaaatttacgat aagtattctattggggaggaaaggtaactctgatctcagttacagttttttttccttttaatttcattattttgggttttggttttgcagtcctat ttatctgcagtcgtattaagtcctattgctagaataggttactacaaaaaaggttatattctgaaagaaaaataactgacattatatata accaattaatttaaagtattgccatttaaattacacactgagagcatgtcctatgcagacatagatttttctgttcatttatttttcttcattgc agtggattgatttgataaatagatgtgttgaattactacatttgctgtacatat
380	218162 _at	ggagctagccttgtttttgcatctttctcactcccatacatttatattatatccccactaaatttcttgttcctcattcttcaaatgtgggccagt tgtggctcaaatcctctatatttttagccaatggcaatcaaattctttcagctcctttgtttcatacggaactccagatcctgagtaatccttt tagagcccgaagagtcaaaaccctcaatgttccctcctgctctcctgccccatgtcaacaaatttcaggctaaggatgccccagac ccagggctctaaccttgtatgcgggcaggcccagggagcaggcagcagtgttcttcccctcagagtgacttggggagggagaaa taggagggagacgtccagctctgtcctctcttcctcactcctcccttcagtgtcctgaggaacaggactttctccacattgttttgta
381	218224 _at	gcgggtcttgctggctaaaatgcccaggtaaagggttggttggacacagcgcttagtgcacgctgtcatcatggacatcataatcag ttgtgaaaaacacgcgaacctatgacacttcttattccacactgaatgtgaaattgcatgttcagatgtttnactacgaggcctggctc acaggaagtgttcagtaaaagtatgcactgttagattactgataacgcggatagatttttgttnaccataaattgttccagatttatatta atggaaggaagtgtgcatttattagctattantcaactttacaangcaaacatcttatttctcatctttaaacatgtcgaccagtttaattg aaaagtattctgagactgcaaaatggggtgttaaaaaatactgcagttacggagctgtgtaaaccagtttctcattgcataagatac agatgtaaattgcatggagaggttgatatgcacctgtacagtaattcactcccccatttcacttctttgtcagagaatagttcttgttcata ctgagtgtt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
382	218312 _s_at	gcatccgaggggagccgccggatgtggaagaagactcggctttcctgcagccatttagtgccgccccatgctaggttatttgacatt gtgcagtgtagagttgccttaaagtgcgtgatctgccagtgctttcttcaagtcacccttgccccgattcctcatgtttgcgctccccagg gttgctcaagtggaaattttgtcagctgtttagccttttcgtacttggcgtgatgtcaacttcacttctaatctgcaaaagcagaagctgttt cctagtttacctcgcgtgtgtttacctatatggagtagctcgcagagatcacagaaatgcttgcagcctaaggcagggttttcagacc gtgggtcccagcccatttagtaaaatgggaaatcaattagcaagtggtcaccagcattacacagca
383	218353 _at	tatacagtttaataagcctcttgcaagttacttgttctctcacctgaggtatttttttcctccccaccttgcccctgttcctcccttcctcttctcc ctttgcaagaggaaatatttaacatatttgggtccaacttcaataatgtaataattaatacattaaaagcatttaacttcctttctagaaa aatgcacaggctaaggcatagacaaaacaaagagaaatgctgagaaatttgccactggagacaagcaatctgaataaatattt gccaaaagttcttttatgtcatatagtgtcaggatttgaaggagctatttttttaatgttgcaactagcaactcatcttcggaagacaca gccaggagaatgaagtagaagtgaaaggtttataaatccatttgtaagcatttatcccatatattttaaattcaagaaaaattgtgtttat ctttagaattttgtattcaatactttatgtactatgtgactcatgcttctggataaataaagcaccaaatatgtatctgtaaccacaatcac acata
384	218418 _s_at	ggcttgatgtagactggcttgctttgatttttagtgaagggaatgtacgtaaaacaaaatagggcttggctggtcaaaggagacaag caggatggatggatggatggatgaatagatagatggtgtttgcatgtaaattgcagagaaaacaaaaccaaagctgattggaaa caattaattgtgggtgtctgaggggggaaggtcgcagctttgggcagctttgagaagcggtacaagagctctgtgcctgtgtgtccag ccctggagccagccagtgcatttatttaagctcttagaagcaactccttggcccaggaatgcgtgacccctgagatgggtccacgc atctctctacacgtccttctctccgtgggatactggactcgtgcctctgcgcccattctcttctcacgcatatccatgagctttaatttcactt tctgatcacggtacgtccataaagccagt
385	218468 _s_at	ggagatgacttaagttggcagcagtaatcttctttaggagcttgtaccacagtcttgcacataagtgcagatttgccccaagtaaag agaatttcctcaacactaacttcacggggataatcaccacgtaactacccttaaagcatatcactagccaaagaggggaatatctg ttcttcttactgtgcctatattaagactagtacaaatgtggtgtgtcttccaactttcattgaaaatgccatatctataccatattttattcgag tcactgatgatgtaatgatatatttttttcattattatagtagaatatttttatggcaagagatttgtggtcttgatcatacctatt
386	218469 _at	gaagctgacacaccgtatgttgttagagtcttttatctggtcaggggaaacaaaatcttgacccagctgaacatgtcttcctgagtcag tgcctgaatctttatttttaaattgaatgttccttaaaggttaacatttctaaagcaatattaagaaagactttaaatgttatttttggaagact tacgatgcatgtatacaaacgaatagcagataatgatgactagttcacacataaagtccttttaaggagaaaatctaaaatgaaaa gtggataaacagaacatttataagtgatcagttaatgcctaagagtgaaagtagttctattgacattcctcaagatatttaatatcaact gcattatgtattatgtctgcttaaatcatttaaaaacggcaaagaattatatagactatgaggtaccttgctgtgtaggaggatgaaag gggagttgatagtctcataaaactaatttggcttcaagtttcatgaatctgtaactagaatttaattttcaccccaataatgttctatatagc ctttgctaa
387	218541 _s_at	gttcaaaatatttccaagcctgagtattgtctattggtatagatttttagaaatcaataattgattatttatttgcacttattacaatgcctgaa aaagtgcaccacatggatgttaagtagaaattcaagaaagtaagatgtcttcagcaactcagtaaaaccttacgccacctttttggttt gtaagaggttttttatacatttcaaacaggttgcacaaaagttaaaataatggggtcttttataaatccaaagtactgtgaaaacatttta catatttttttaaatcttctgactaatgctaaaacgtaatctaattaaatttcatacagttactgcagtaagcattaggaagtgaatatgata tacaaaatagtttataaagactctatagtttctataatttatttttactggcaaatgtcatgcaacaa
388	218546 _at	ggcagcccacaagtttctcgtggggagatggaggcagagcccagggtaggggacagagctgctggggcctttccttgcctggga atctgtcccaggaagagcttccccactcccatcccccaaattggaaaaaccgtacattcaagcctgtttggccctgaaattcttaag aatctggttaagaattaactcactaatgtcaaaagtcaaaacctcctaggggttgtcctgggagtcaggttcacgggtacagaagat gaatctcagatgtcactcaacctgagccgtcattctctgtggcagggctgccctgggtttctcttactcaatccctggagtgtaagcattt ggattgtgtcacagattacctttttaccttttcttttttttttctttttttcaatatcagtgcccacaccttactgagtattgagttttagagctttc gcttgatgtgcttgaccaagagacttctttgtatccttttct
389	218559 _s_at	tcaagtgcgttctttagaccaatgcattgcgtttcttccctgcttttgagatagtaggaagagttcttggtggtgtccccccccttcaattct tcagttgtatagtagttatagggaagatatgggtgtttttctttattattactttttttttctgcaggtcagtaaaaggatttaagttgcactgac aaaaatacccaaaataaaagtgtatttttaagttcccatttgaaattgctggcgctgctggccggatgcatttttgagtttgtattagttgat aaattaacagtaataacaagattgtatgaaccgcatggtgcttgcagttttaaatattgtggatatttgtcctgcatcagaaacgagctt tggtttttacagattcaactgtgttgaaatcaaacctgccgcaacagaaattgtttttatttcatgtaaaataagggatcaatttcaaacc ctgcttatg
390	218756 _s_at	cctcctgcctctggattttaggtgttgatttctggatcacgggataccacttcctgtccacaccccgaccaggggctagaaaatttgtttg agatttttatatcatcttgtcaaattgcttcagttgtaaatgtgaaaaatgggctggggaaaggaggtggtgtccctaattgttttacttgtt aacttgttcttgtgcccctgggcacttggcctttgtctgctctcagtgtcttcccttgacatgggaaaggagttgtggccaaaatccccat cttcttgcacctcaacgtctgtggctcagggctggggtggcagagggaggccttcaccttatatctgtgttgttatccagggctccaga cttcctcctctgcctgccccactgcaccctctccccttatctatctccttctcggctccccagcccagtcttggcttcttgtcccctcctgg ggtcatccctccactctgactctgactatggcagcag

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
391	219014 _at	ggcatgtgtgactgtttcagcgactgcggagtctgtctctgtggcacattttgtttcccgtgccttgggtgtcaagttgcagctgatatgaa tgaatgctgtctgtgtggaacaagcgtcgcaatgaggactctctacaggacccgatatggcatccctggatctatttgtgatgactata tggcaactctttgctgtcctcattgtactctttgccaaatcaagagagatatcaacagaaggagagccatgcgtactttctaaaaactg atggtgaaaagctcttaccgaagcaacaaaattcagcagacacctcttcagcttgagttcttcaccatcttttgcaactgaaatatgat ggatatgcttaagtacaactgatggcatgaaaaaaatcaaatttttgatttattataaatgaatgttgtccctgaacttagctaaatggtg caacttagtttctccttgctttcatattatcg
392	219059 _s_at	agagaatgcccttctccttattgtaaccctgtctggatcctatcctcctacctccaaagcttcccacggcctttctagcctggctatgtcct aataatatcccactgggagaaaggagttttgncaaagtgcaaggacctaaaacatctcatcagtatccagtggtaaaaaggcctc ctggctgtctgaggctaggtgggttgaaagccaaggagtcactgagaccaaggctttctctactgattccgcagctcagacccttct tcagctctgaaagagaaacacgtatcccacctgacatgtccttctgagcccggtaagagcaaaagaatggcagaaaagtttagc ccctgaaagccatggagattctcataacttgagacctaatctctgtaaagctaaaataaagaaatagaacaaggctgaggatacg acagtacactgtcagcagggactgtaaacacagacagggtcaaagtgttttctctgaacacattgagttggaatcactgtttagaac acacacacttacttttctggtctctaccactgctgatattttct
393	219087 _at	attaccttatcatgtcttagagcccgtctttatgtttaaaactaatttcttaaaataaagccttcagtaaatgttcattaccaacttgataaat gctactcataagagctggtttggggctatagcatatgcttttttttttttaattattacctgatttaaaaatctctgtaaaaacgtgtagtgtttc ataaaatctgtaactcgcattttaatgatccgctattataagcttttaatagcatgaaaattgttaggctatataacattgccacttcaact ctaaggaatatttttgagatatccctttggaagaccttgcttggaagagcctggacactaacaattctacaccaaattgtctcttcaaat acgtatggactggataactctgagaaacacatctagtataactgaataagcagagcatcaaattaaacagacagaaaccgaaa gctctatataaatgctcagagttctttatgtatt
394	219508 _at	atggggctggggacttgaattggatgcttcaaaaccatcacctgttggccaacaagtttgacccaaaggtagatgataatgctcttc agtgcttagaagaatacctacgttataaggccatctatgggactgaactttgagacacactatgagagcgttgctacctgtggggca agagcatgtacaaacatgctcagaacttgctgggacagtgtgggtgggagaccagggctttgcaattcgtggcatcctttaggata agagggctgctattagattgtgggtaagtagatcttttgccttgcaaattgctgcctgggtgaatgctgcttgttctctcacccctaaccct agtagttcctccactaactttctcactaagtgagaatgagaactgctgtgatagggagagtgaaggagggatatgtggtagagcac ttgatttcagttgaatgcctgctggtagcttttccattctgtggagctgccgttcctaataattccag
395	219543 _at	ggaattcttctcttacttcaataaaatgggttttaacataacttttaaattcagttaaatatacaatattgaatacctatagttgactttgggat ggggacttttttcaagtcattaagagtgtttgtttaaggtgatctcattgatggtagttctcagccgtctcaaaaactgcaagctaatcagt cagacattctttaatgaccccaatttttttcacttttaattgttaccatgttttctatttttactgatttttgctaaagcatgtaagagtgaatttattat agcagtaatcttgtgtttctcctgatgtgca
396	219607 _s_at	atcaacacatttagcttggcgttttattcattccatcacccttactgtaactactatggcaactcaaataattgtcatgggactatgtccat cttaatgggtctggatggcatggtgctcctcttaagtgtgctggaattctgcattgctgtgtccctctctgcctttggatgtaaagtgctctgt tgtaccctggtggggttgtgttaattctgccatcacattctcacatggcagaaacagcatctcccacaccacttaatgaggtttgagg ccacccaaagatcaacagacaaatgctccagaaatctatgctgactgtgacacaag
397	219669 _at	catctctcaggaggtgggctgtccaccaaaatgagcattcagggctgcgtggcccaaccttccagcttcttgttgaaccacaccag acaaatcgggatcttctctgcgcgtgagaagcgtgatgtgcagcctcctgcctctcagcatgagggaggtggggctgagggcctg gagtctctcacttgggggggtggggctggcactggccccagcgctgtggtggggagtggtttgcccttcctgctaactctattaccccc acgattcttcaccgctgctgaccacccacactcaacctccctctgacctcataacctaatggccttggacaccagattctttcccattct gtccatgaatcatcttccccacacacaatcattcatatctactcacctaacagcaacactggggagagcctggagcatccggactt gccctatgggagag
398	219796 _s_at	tccttgtccacaagcactatggcccccggctcaagtgctgctctggcaaagctccggagccccagccccaaggctttgacaacca ggcgttcctccctgaccacaaggccaactgggcgcccgtccccagccccacgcacgaccccaagcccgcggaggcaccgat gcccgcagagcccgcacccccccggccctgcctccccaggcggtgcccctgagccccccgcagcggcccgagctggcggaag ccccacggcggtgaggtccatcctgaccaaggagcggcggccagagggcgggtacaaggctgtctggtttggcgaggacatc gggacggaggcagacgtggtcgttctcaacgcgcccaccctggacgtggatggcgccagtgactccggcagcggcgatgagg gcgagggcgcgggagagggtgggggtccctacgatgcgcccggtggtgatgactcctacatctaagtggccc
399	219799 _s_at	accatcgctggtggtatcccagggtccctgctcaagttttctttgaaaaggagggctggaatggtacatcacataggcaagtcctgc cctgtatttaggctttgcctgcttggtgtgatgtaagggaaattgaaagacttgcccattcaaaatgatctttaccgtggcctgccccatg cttatggtccccagcatttacagtaacttgtgaatgttaagtatcatctcttatctaaatatt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
400	219948 _x_at	gaatactcataattcttatctctataatcaaaagtataatttactgtagaaaaataaagagatgcttgttctgaaagtaagatcagtgaa ctgcttttcagtctcaatctttgagaattgtaaattcatcaaataattgcttacatagtaaaaatttaaggtattagaaaacctgcataaca aatagtattatatattaaatattttgatatgtaaagctctacacaaagctaaatatagtgtaataatgtttacactaataagcaaatatgtt aatcttctcatttttttactgtcatataatcttagtgatatgcctattaatagttttaaataaataaattggctcatctggctttttgaaaattttga aattcttacagatgttgattaggtatatctacaaattaatttcaattttaaaatgatgatataaaaataaatatatgtatttttcttgtgtatgt ata
401	220026 _at	agtaactttgtttatccctcaagcaaatcctgatgacattgatcctactcctactcctactcctactcctgataaaagtcataattctggag ttaatatttctacgctggtattgtctgtgattgggtctgttgtaattgttaactttattttaagtaccaccatttgaaccttaacgaagaaaaa aatcttcaagtagacctagaagagagttttaaaaaacaaaacaatgtaagtaaaggatatttctgaatcttaaaattcatcccatgtg tgatcataaactcataaaaataatttttaagatgtcggaaaaggatactttgattaaataaaaacactcatggatatgtaaaaactgtc aagattaaaatttaatagtttcatttatttgttatttttatttgtaagaaatagtgatgaacaaagatccttttcatactgatacctggttgtata ttatttgatgcaacagttttctgaaatgat
402	220037 _s_at	ttccacttctattccacggagaaaaaaattgatttgtgtcacagaagtttttatggaaactagcaccatgtctacagaaactgaaccat ttgttgaaaataaagcagcattcaagaatgaagctgctgggtttggaggtgtccccacggctctgctagtgcttgctctcctcttctttgg tgctgcagctggtcttggattttgctatgtcaaaaggtatgtgaaggccttccctttacaaacaagaatcagcagaaggaaatgatc gaaaccaaagtagtaaaggaggagaaggccaatgatagcaaccctaatgaggaatcaaagaaaactgataaaaacccaga agagtccaagagtccaagcaaaactaccgtgcgatgcctggaagctgaagtttagatga
403	220075 _s_at	ctcaactcggccatcacatatcgaattaccaaccactcacacttccggatggagggagaggttgtgctgaccaccaccacactgg cacaggcgggagccttctacgcagaggttgaggcc
404	220266 _s_at	tccattaccaagagctcatgccacccggttcctgcatgccagaggagcccaagccaaagaggggaagacgatcgtggccccg gaaaaggaccgccacccacacttgtgattacgcgggctgcggcaaaacctacacaaagagttcccatctcaaggcacacctgc gaacccacacaggtgagaaaccttaccactgtgactgggacggctgtggatggaaattcgcccgctcagatgaactgaccagg cactaccgtaaacacacggggcaccgcccgttccagtgccaaaaatgcgaccgagcattttccaggtcggacc
405	220376 _at	aaaacccattctttcagttacatctactaagagctcgtagttcaataacattccaaagaacgtagtttggaaaacactggcctatcgg ctgtaataggaagggtctaaagaaaattatttgctgagtcctcataatcaattggctataatcacaatttaataatttatcaatgcaaac agtacattaaaaactgtagcacaatctataatttttaccttcatatgcagagaaattaagaatttacatcttttacaaatatgtgtatctctg aaataatgaaatatattgatgggtgaaataatatttctggtattttcttcattataacacgtggaatgggacagtggctagaggtatgga tggagcaaggtcaaatatgagctgatggagctgggcgctaaataagggtataatatgctacttctgtgtatgttgtgtatggtatagtat gctatttctgtgtatgttcaaattgtttatgtatataataaagttttaaaaatttgtatgtacttgacaattccttagaa
406	220468 _at	agaggagacactttggcgttcttcaagcagaactgaggctgcgaaaaatccaagtctctacagagacactgatgaagttgaaag ggtaattgtttttccatgccaaatgaggaaatcaaattaatgagttgacaaacttttcctgagatgttatttcatctacatttagttaaaca acttagaatgatatctagaaaatatttatttttcagccaggaactttagcaaactgtggcaatgatcactgggaatgaaaacgtataat gttctacaatttttgttatcacattggatgactttgaatatagtagtgacacttgggaccaaataaattattttatatgactactagaacaa agttttagtaagctgtctgctaatagagtcagaattcttccagattgtttccagctgtaacaggtattgaatttccaccgtgctcctatgta acagctgggtggtgtaaaaaatgaacttcaaattatggagtggaagaagcgtaatgttaatatcttgtaaattcgtattccctat
407	220645 _at	cattttccaggatctcagtgtgagtatcattgatgcctgggatataacaattgcatatggcacaaataatgtacacccacctcaacatg tagtcggaaatcagattaatatattattaaactatatttgttaaataacacaaaagtctgaaattcattcacttaagtaaaaaaatttattg actgtctactagcaggccagatgctgtgtttggctctgaattcccaactagcaagagcagagaatctacattatggctgatccataag ccaccaattcagctaaatgagatgtttctaatctgggcttccacttaaaaataaaactaaaaatactcatgaaaagagcctacccttc ttgatcagagccataccctcttcaccaatgggaagt
408	220812 _s_at	ggtattttagtctagttttatatgaacggttgtatcagggtaaccaactcgatttgggatgaatcttagggcaccaaagactaagacag tatctttaagattgctagggaaaagggccctatgtgtcaggcctctgagcccaagccaagcatcgcatcccctgtgatttgcacgtat acatccagatggcctaaagtaactgaagatccacaaaagaagtaaaaatagccttaactgatgacattccaccattgtgatttgttc ctgccccaccctaactgatcaatgtacttttgtaatctcccccaccctaagaaggtactttgtaatcttccccaccttaagaaggttctttt gtaattctccccaccttgagaatgtacttttgtgagatccaccctgcccacaaaacattgctcttaacttcaccgcctaacccaaaac ctataagaactaatgataatccatcacccttcgc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
409	220834 _at	gctggccaagactactgggccgtgctttctggaaaaggcatttcagccacgctgatgatcttctccctcttggagttcttcgtagcttgtg ccacagcccattttgccaaccaagcaaacaccacaaccaatatgtctgtcctggttattccaaatatgtatgaaagcaaccctgtga caccagcgtcttcttcagctcctcccagatgcaacaactactcagctaatgcccctaaatagtaaaagaaaaaggggtatcagtct aatctcatggagaaaaactacttgcaaaaacttcttaagaagatgtcttttattgtctacaatgatttctagtctttaaaaactgtgtttga gatttgtttttaggttggtcgctaatgatggctgtatctcccttcactgtctcttcctacattaccactactacatgctggcaaaggtgaagg atcagaggactgaaaaatgattctgcaactctcttaaa
410	221004 _s_at	agcccaccagcaggagcttggagtttggggagtggggatgagtccgtcaagcacaactgttctctgagtggaaccaaagaagc aaggagctaggacccccagtcctgccccccaggagcacaagcagggtcccctcagtcaaggcagtgggatgggcggctgag gaacggggcaggcaaggtcactgctcagtcacgtccacgggggacgagccgtgggttctgctgagtaggtggagctcattgcttt ctccaagcttggaactgttttgaaagataacacagagggaaagggagagccacctggtacttgt
411	221305 _s_at	gccactatcttgaagaaggtgcacagtgccctgctcctctttcctatgtccccagaattctcttagggttctcagatgccatgactttcaa ggagagagtacggaaccacatcatgcacttggaggaacatttattttgccagtatttttccaaaaatgccctagaaatagcctctga aattctccaaacacctgtcacagcatatgatctctacagccacacatcaatttggttgttgcgaacagactttgttttggactatcccaa acccgtgatgcccaatatgatcttcattggtggtatcaactgccatcagggaaagcc
412	221541 _at	ctttatcatccccacaaacatttgaaactggaatattgtcttcagaaaatggaaacaagactataaatgataagccctgtccctagc accacctctcctgtgtgtggaatagaggcccctcgtgctaccaacacttaccctgtgtttaaaaagatcttgtaccaagccaacggc gttcctggctctcctgcccacaggatgaacattttcggcttccttaggagttttgccctaccgtattccaaagcgtgtgctggtttctcatat tgtctgtaggctcac
413	221584 _s_at	gtgaggctcagtcagaacctccaccctcccccacaccaaagacaggggcagcgtagtattcaaaccagtattgtggtggggaat aattgtatacatgtaaattatcaagccctatgagtggaagaatttttcaaattatttttgtctctctatatattgatttatattatgtataactat ctctttatataaactatatataattatatatatataactatataattatatatatatataactatatatataactatatatatgtatcccctagtattg gatcatgaagagctcttcatgcattctttgcaaaggaggttataaagttacgccctcagaacatttataactataagaatgtgccagtt aaagtgctcaacaggaaatatgacagtttaaaagcattgtaaaactcacatagcttacttctctctctaaagtgcaacaaggatgaa tagaatgggccaaggtatgacaattaatggttctgcatgacctagccactgctgggggttttcttctataacgttgtccttgtga
414	221667 _s_at	gggacttaacatttcacgttgtatcttacttgcagtgaatgcaagggttacttttctctggggacctcccccatcacccaggttcctactct gggctcccgattcccatggctcccaaaccatgccgcatggtttggttaatgaaacccagtagctaaccccactgtgcttccacatgc ctggcctaaaatgggtgatatacaggtcttatatccccatatggaatttatccatcaaccacataaaaacaaacagtgccttctgccc tctgcccagatgtgtccagcacgttctcaaagtttccacattagcactccctaaggacgctgggagcctgtcagtttatgatctgacct aggtccccccttttcttctgtcccctgtttttaagtccggatttttacagaaggaactgtctccagacagctcatcaaggaaccaagcaa aggccagatagcctgacagataggctagtggtaattgtgtatatgggcgggacgtgtgtgtcatta
415	221747 _at	cctctgtcctcaaatgtccaaaatgttggaggacctctgttcatatcccacgcctgggctcttgccagcagtggagttactgtagaggg atgtcccaagcttgttttccaatcagtgttaagctgtttgaaactctcctgtgtctgtgttttgtttgtgcgtgtgtgagagcacatcagtgt gtgcaggctgtgtttccccatttctctcctcccttcagacccatcattgagaacaaatgtaagaaatcccttcccaccaccctccctgcc tcccaggccctctgcgggggaaacaagatcacccagcatcct
416	221748 _s_at	atattttgtatcatcgtgcctatagccgctgccaccgtgtataaatcctggtgtntgctccttatcctggacatgaatgtattgtacactga cgcgtccccactcctgtacagctgctttgtttctttgcaatgcattgtatggcttta
417	221841 _s_at	atccgacttgaatattcctggacttacanaatgccaaggggtgactggaagttgtggatatcagggtataaattatatccgtgagtt gggggagggaagaccagaattcccttgaattgtgtattgatgcaatataagcataaaagatcaccttgtattctctttaccttctaaaa gccattattatgatgttagaagaagaggaagaaattcaggtacagaaaacatgtttaaatagcctaaatgatggtgcttggtgagtct tggttctaaaggtaccaaacaaggaagccaaagttttcaaactgctgcatactttgacaaggaaaatctatatttgtcttccgatcaa catttatgacctaagtcaggtaatatacctggtttacttctttagcatttttatgcagacagtctgttatgcactgtggtttcagatgtgcaat aatttgtacaatggtttattcccaagtatgccttaagcagaacaaatgtgtttttctatatagttccttgccttaa
418	221896 _s_at	ccaatcctgaaggtactccctgtttgctgcagaatgtcagatattttggatgttgcataagagtcctatttgccccagttaattcaacttttg tctgcctgttttgtggactggctggctctgttagaactctgtccaaaaagtgcatggaatataacttgtaaagcttcccacaattgacaat atatatgcatgtgtttaaaccaaatccagaaagcttaaacaatagagctgcataatagtatttattaaagaatcacaactgtaaacat gagaataacttaaggattctagtttagttttttgtaattgcaaattatattttttgctgctgatatattagaataatttttaaatgtcatcttgaaat agaaatatgtattttaagcactcacgcaaaggtaaatgaacacgttttaaatgtgtgtgttgctaatttttttccataagaattgtaaacatt gaactgaacaaattacctataatggatttggttaatgacttatgagcaagctggtttggccagacagtatacccaaacttttatataata tacagaaggctatcacacttgtgaa

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
419	222043 _at	tcgactctgctgctcatgggaagaacagaattgctcctgcatgcaactaattcaataaaactgtcttgtgagctgatcgcttggagggt cctctttttatgttgagttgctgcttcccggcatgccttcattttgctatgggggggcaggcaggggggatggaaaataagtagaaacaa aaaagcagtggctaagatggtatagggactgtcataccagtgaagaataaaagggtgaagaataaaagggatatgatgacaa ggttgatccacttcaagaattgcttgctttcaggaagagagatgtgtttcaacaagccaacta
420	222162 _s_at	aataacgcaaatggcttcctctttccttttttggaccatctcagtctttatttgtgtaattcattttgaggaaaaaacaactccatgtatttatt caagtgcattaaagtctacaatggaaaaaaagcagtgaagcattagatgctggtaaaagctagaggagacacaatgagcttagt acctccaatttccttttctttcctaccatgtaaccctgctttgggaatatggatgtaaagaagtaacttgtgtctcatgaaaatcagtacaat cacacaaggaggatgaaacgccggaacaaaaatgaggtgtgtagaacagggtcccacaggtttggggacattgagatcacttg tcttgtggtggggaggctgctgaggggtagcaggtccatctccagcagctggtccaacagtcgtatcctggtgaatgtctgttcagct cttct
421	222453 _at	tcaaatggaacctgccctctaaagcactttctttcctttacttgcgtggtttcatgtaagctgtgctgtttagaaacaacatctcagacttta caaagaaatgacaaagaaggcaattgcacttttaagggatatcgacaagcagtttctgttttctaaaggacaaaatacagagtgt gtgtcatttttaattagattctttcccctgctgagttggaaattccagtgcagcactgattgaccacagttgccaatctaaaagcacaaa gacagaagtaaagctttatgctaattttatttcaatatgatagaaaatttatcttggtatgtccttttttagataactccagcaggaaactgt aactgctatgtctttaggaaaacgtagaagaaagaacattattattctttaattcctacaaggtacttgaaaaccttaagtgaaaaag atttctatctttttatcttggcgcatt
422	222513 _s_at	tgccactaattcattcacactaaggtgtaaatgattgataataggaatgagttacctcttcccacagacatttgtttttaagtatgacaga gcagggccttaatcccaagggaaaaggttatggaactggaggggtgagctttctgggtagaaggagacttcctgaatttccttaa aacccagtaagagtaagacctgttgttttggaaggtctgctccaccatctaagagcactgtttttttttttttgttgttgttgttttacggtct ctgagggaatatagtaaaaatgcatatgcacgtgcaatttgcacggcagcatttcaccgattgtggactgtattggctaatgtgtttcct ggtctttagatgcaaaccattaataacactatcttatctcatagttttttcaggggtgcttcttgattagtagggaattttgaacacctcttta aatacagctagaaaataaaaccaatttgtaaagccacatttgcatatgatgccagcctcacgcatttgtatatctccagaaattcagg tatgcctcaccaatttgcccgtctttaataa
423	222717 _at	taaactaacccttacattccatgtgatgtgatgtaggcttataagntgctaaaatctataggtntnggaagtgaaagattctatttttttctttt tttngtacataatgggaatttcattccagattatattttatttacatattaatttcacagaatattaatatttcttaacttcttaaagcatgctag cgttttatgtatatgtacacatatattcagacagggtaattttatctgctgcctaacattgtactaaaatattgctttatctgtttttaattacaa aatgctaatgatttcttaaattatagtttaaagacaattggcccaggaagcaaatcccctgccttagtatgaaccactataagtaacc ttacaaatagagttaatccaagacaatattaacaaactgtgctttgtctttaataaaagggataggattaacaaacatattgatggcat aacctattcagctatgtccttatttttgcaataatgtaacctcaaatattggattgttgaaccaacaatggctgtgttaaa
424	222722 _at	tttatgatgactcagtggtgccagagtaaagtttctaaaataacattcctctcacttgtaccccactaaaagtattagnctacacattac attgaagttaaacacaaaattatcagtgttttagaaacatgagtccggactgtgtaagtaaaagtacaaacattatttccaccataaa gtatgtattgaaatcaagttgtctctgtgtacagaatacatacttattcccatttttaagcatttgcttctgttttccctacctagaatgtcaga
		tgtttttcagttatctccccatttgtcaaagttgacctcaagataacattttttcattaaagcatctgagatctaagaacacaattattattcta acaatgattattagctcattcacttatttttgataactaatgatcacagctattatactactttctcgttattttgtgtgcatgcctcatttccctga cttaaacctcactgagagcgcaaaatgcagctttatacttttttacttt
425	223121 _s_at	gataacctacatcaaccgagataccaaaatcatcctggagaccaagagcaagaccatttacaagctgaacggtgtgtccgaaa gggacctgaagaaatcggtgctgtggctcaaagacagcttgcagtgcacctgtgaggagatgaacgacatcaacgcgccctatc tggtcatgggacagaaacagggtggggagctggtgatcacctcggtgaagcggtggcagaaggggcagagagagttcaagc gcatctcccgcagcatccgcaagctgcagtgctagtcccggcatcctgatggctccgacaggcctgctccagagcacggctgac catttctgctccgggatctcagctcccgttccccaagcacactcctagctgctccagtctcagcctgggcagcttccccctgccttttgc acgtttgcatccccagcatttcctgagttataaggccacaggagtggatagctgttttcacctaaaggaaaagcccacccgaatctt gtagaaat
426	223122 _s_at	ggtgcaactgtgacttgggtctggttggttgttgtttgttgttttgagtcagctgattttcacttcccactgaggttgtcataacatgcaaattg cttcaattttctctgtggcccaaacttgtgggtcacaaaccctgttgagataaagctggctgttatctcaacatcttcatcagctccagac tgagactcagtgtctaagtcttacaacaattcatcattttatacttcaatgggaacttaaactgttacatgtatcacattccagctacaat acttccatttattagaagcacattaaccatttctatagcatgatttcttcaagtaaaaggcaaaagatataaattttataattgacttgagt actttaagccttgtttaaaacatttcttacttaacttttgcaaattaaacccattgtagcttacctgtaat

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
427	223235 _s_at	agggtacgagaacttgccaatgggaaattcatccgagtggcactggcagagaaggataggagtggaatgcccacacagtgac caacagaactggtctgcgtgcataaccagctgccaccctcaggcctgggccccagagctcagggcacccagtgtcttaaggaac catttggaggacagtctgagagcaggaacttcaagctgtgattctatctcggctcagacttttggttggaaaaagatcttcatggcccc aaatcccctgagacatgccttgtagaatgattttgtgatgttgtgatgcttgtggagcatcgcgtaaggcttcttgcttatttaaactgtgc aagggtaaaaatcaagcctttggagccacag
428	223343 _at	gagtccaaatgtcatcagtgctcattttgagataccctgctatcgatggtcgctacaaaccaggaaatactcaagttattatgtgtatac attggntttagntttatgaaacaatttaccttcatgatctcatagttaaaattgtaataaatttaggaatataaaggatcaatatgggaag caaaatttctaaaggcagtttctgttgttttaattagtatttgtgtagttcaaaccaggaaggatttgactatcattagattttgcttaactttat gaaagctaaaatattctctgttataaaggggcaactccatctggtcctatagcatctttactactgatttttttttngtttaatttgaaaatgc aaagaattgttaaatgttcttaaatgttctcactacaaaaaaagaaaaaagataactacgtgaggtgatggatatgttaattagctgg attgtggtaatcattttggaatgtatatgtatatcaaaacatgtagtacaccctaaatatat
429	223395 _at	agatacatttttacccaccataaatgttacaatatctgaatatgctttgtcaaactatccctttatgcaatcgtcttcatattgtttttatgattct aatcaagctgtatgtagagactgaatgtgaagtcaagtctgagcacaaaaagataatgcacgatgagattgcctaccatttttatag gatatttactatgtatttatacgttaagacctctatgaatgaatgtatcagagaatgtctttgtaactgtttaattcaatctgtaataaaaatc taactaactaactcatttatttctattaaaaaggtattgtcctttaggcggggaatgggaatccttgctgcactgttgcagtcattctgaaa ggacctttccctgtacttacctttcaacatgcttcaatcttatcaacgctacat
430	223484 _at	gaaaaccgatgtgatccttgatcgaaaaaaaaatccagaaccttgggaaactgtggaccctactgtacctcaaaagcttataaca atcaaccaacaatggaaacccattgaagagttgcaaaatgtccaaagggtgaccaaatgacgagccctcgcctctttcttctgaa gagtactctataaatctagtggaaacatttctgcacaaactagattctggacaccagtgtgcggaaatgcttctgctacatttttagggt ttgtctacatttttgggctctggataaggaattaaaggagtgcagcaataactgcactgtctaaaagtttgtgcttattttcttgtaaatttg aatattgcatattgaaatttttgtttatgatctatgaatgtttttcttaaaatttacaaagctttgtaaattagattttctttaataaaatgccattt gtgcaagatttct
431	223551 _at	aattgtgttgtgatgctactcactttgattgcaatgatgatgtccaaggtaagctattaaaaggcaggttacttccaaatcgcactgaag gaaaaggttaagaataatacatgatcacagaaatgcataccactgtctgtaaacccaacaaaattcactgttctcttttggatttattta gcctgatgtatttttaattcaatttttatggtgatgggcaaatcattcttggtaaatgtaaatcaaacatgattgatttaaaacttcatggaat ttgtagaaaattatggacatttttggtgagaaagaacaatagtcaaaactcacatggatagagtgtgtttgtttttgccaaaaatgccc cagacctttcccaaacctcaaaaacgtcttggaaaaattgtaaaagtttgataacagaaacatctttaggatatttttgtctgacgtatt ttgcttctagtatgtgcctactgtgatttttttcatgtggaaaatgcaaaatttgtaacaaaatggttatatggaacatgcctattaaacga a
432	223597 _at	ggcatctggcacgtgcccaataagtcccccatgcagcactggagaaacagctccctgctgaggtaccgcacggacactggcttc ctccagacactgggacataatctgtttggcatctaccagaaatatccagtgaaatatggagaaggaaagtgttggactgacaacg gcccggtgatccctgtggtctatgattttggcgacgcccagaaaacagcatcttattactcaccctatggccagcgggaattcactgc gggatttgttcagttcagggtatttaataacgagagagcagccaacgccttgtgtgctggaatgagggtcaccggatgtaacactga gcaccactgcattggtggaggaggatactttccagaggccagtccccagcagtgtggagatttttctggttttgattggagtggatatg gaactcatgttggttacagcagcagccgtgagataactgaggcagctgtgcttctattcta
433	223623 _at	gagaagcacctgttccaactaagactaaagtggccgttgatgagaataaagccaaagaattccttggcagcctgaagcgccaga agcggcagctgtgggaccggactcggcccgaggtgcagcagtggtaccagcagtttctctacatgggctttgacgaagcgaaatt tgaagatgacatcacctattggcttaacagagatcgaaatggacatgaatactatggcgattactaccaacgtcactatgatgaag actctgcaattggtccccggagcccctacggctttaggcatggagccagcgtcaactacgatgactactaaccatgacttgccaca cgctgtacaagaagcaaatagcgattctcttcatgtatctcctaatgccttacactacttggtttctgatttgctctatttcagcagatctttc tacctact
434	223754 _at	agctgccgggcaacgtgttgtgtaagtgaacatctgggaggtaaacactacacgtgaagagtggtgaaagggaacattgattact gaagtgccctggagagggaaagcactggtcaacatcacatggacaaatttcattgttttctaaagatggcctggaagtagtctttgc cactgcttcctccacaaacagctcttcataacatgggctgcatgaaatcaaagcaaactttcccatttcctaccatatatgaaggtga gaagcagcatgagagtgaagaacccttatgccagaagagagatgtctacctaggatggcttctccagttaatgtcaaagaggaa gtgaaggaacctccagggaccaatattgtgatcttggaatatgcacaccgcctgtctcaggatatcttgtgtgatgccttgcagcaat gggcatgcaataacatcaagtaccatgacattccatacattgagagtgaggggccttgaggctgtaggatgaca
435	223952 _x_at	ggggctatactccatccaaatatgcagtggaaggtttcaatgacagcttaagacgggacatgaaagcttttggtgtgcacgtctcat gcattgaacgtctagacaaactgaaaggcaataaatcctatgtgaacatggacctctctccggtggtagagtgcatggaccacgct ctaacaagtctcttccctaagactcattatgccgctggaaaagatgccaaaattttctggatacctctgtctcacatgccagcagctttg caagacttttattgttgaaacagaaagcagagctggctaatcccaaggcagtgtgactcagctaaccacaaatgtctcctccagg ctatgaaattggccgatttcaagaacacatctcctttcaacc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
436	224009 _x_at	ggggctatactccatccaaatatgcagtggaaggtttcaatgacagcttaagacgggacctgaaagcttttggtgtgcacgtctcat gcattgaaccaggattgttcaaaacaaacttggcagatccagtaaaggtaattgaaaaaaaactcgccatttgggagcagctgtct ccagacatcaaacaacaatatggagaaggttacattgaaaaaagtctagacaaactgaaaggcaataaatcctatgtgaacatg gacctctctccggtggtagagtgcatggaccacgctctaacaagtctcttccctaagactcattatgccgctggaaaagatgccaaa attttctggatacctctgtctcacatgccagcagctttgcaagacttttattgttgaaacagaaagcagagctggctaatcccaaggc agtgtgactcagctaaccacaaatgtctcctccaggctatgaaattggccgatttcaagaacacatctccttttcaacc
437	224342 _x_at	tatctgcggccccaggacagaaggtcgccatctcctgctctggaagcagctccaacattgggaataattatgtatcctggtaccaac aactcccaggaacagcccccaaactcctcatttatgacaataataagcgaccctcagggattcctggccgattctctggctccaagt ctggcacgtcagccaccctgggcatcaccggactccagactggggacgaggccgattattactgcggaacatgggatagcagc ctgag
438	224352 _s_at	ttttatttcaggcttccagctgtccctgtgagttatcctggacatttcgatggtttttggtaaggccaaactctgataagcaaaacagaga atactgacggtatacttaaccatatgtgtaactgatacttggcaccatggaatttttcattgagttatttcctcattcttttaaaaaataagg gactataaatcagttatttagtatcttttgtttttgtagctgattccttaactttcttgtatgcctctagtaatttcagagattaaatattgctttaa actgtgatactttgatttgctagattgacaaaactgatactaatataattaagttcatctttgaaatacatctttgtgcgtagagccaaaa aaagagataaaattaataatagttcacttgttatttgagattaatttggcatttgaaatgatcattttatttttacaatcatttataatgaatca atgttccagttagctttaaaaggtatacggtgctaattagtaaaatattgaaggcaatattttactgctagcttgca
439	224412 _s_at	taatcctgacattagctgacttgctagtgagcttgctttaaaaatctacactcttgcattcttaggcatacaggggaaatgttgaaaagg aaggtggaaaaccaagaatttagtttgccaatgattgcctctgattcttgtaagtttgagttccacaagggctaatttattccccttttactt gggttttggggtggtggaaagcgggaaatttgggtgatttgttgattggcaatgaggataaaatgttaatacttttttggggacttaaca actttatcctattctacaagtcagtaaaggaacaattggtactcacctcagtgctgcactcaactatggaaagaggcagagtttgcttg cccaattgccaaactaaa
440	224480 _s_at	attagtgtcattagtgtgttggaagagaaatactattcagtaagcttcgccaaagaaaagtgagtcaaagttaatgtgtgtgtgcattta tatgtaggcagctcgtagaccacattttagccagcaactggtaacaaagagcttagttttccttgtttgaatgctgtagatctgtaccta gtacccctcccatctactgatttgtttgtttttgtaaccaaacacattttcagatagaaggagccttaaaaaaaaaaaaaatcacattga gtaacttcagtatgaatgaatgagagtgtgtggagctacccctcaccctccaccccttttgtgctttttattcccgaattttcccagtctctta aacagaaaaatgactgatataattattcttttggaaactgagccttaatttttttagaggggggaaataagttttccccaactcacacagc ataagcaatgtttgacagcaatataatgccgttgtaaactactgagagtattgtatctgttctggtaaccatgtaca
441	224560 _at	ttgtttttgacatcagctgtaatcattcctgtgctgtgtttttattacccttggtaggtattagacttgcacnttttttaaaaaaaggtttctgcat cgtggaagcatttgacccagagtggaacgcgtggcctatgcaggtggattccttcaggtctttcctttggttctttgagcatnctttgcttt cattcgtctcccgtctttggttctccagttcaaattattgcaaagtaaaggatctttgagtaggttcggtctgaaaggtgtggccttatattt gatccacacacgttggtcttttaaccgtgctgagcagaaaacaaaacaggttaagaagagccgggtggcagctgacagaggaa gccgctcaaataccttcacaat
442	224663 _s_at	ggtcagatggtcaacttttttcagtattatttatagttggcacttgattgcagttctgtgaggcttgagcattcatacacctcacctgccttgg caagcctattttagtgatatggcagcacggatataacactatgcattaaaagcacttttgtaataagtttaatatcctaaaaggaatgc caattaagttttgttaactgtgtcatcaacttatcctagtacctcagtgttcattcctgttacctgcatatcttcttaaaagaaatagctgttatt aatgccttttgttttccattgagtgtacactactgaataagtgtaggagttttatgtttaccatgtgagtcctgcaacactaaagatattttg aatatcagtcatgatggcaatttctgtataaaagagccttaaatggaacattgttttgagatcaaactccccaccc
443	224694 _at	gatatctggccatgggtaacctcattgtaactatcatcagaatgggcagagatgatcttgaagtgtcacatacactaaagtccaaac actatgtcagatgggggtaaaatccattaaagaacaggaaaaaataattataagatgataagcaaatgtttcagcccaatgtcaa cccagttaaaaaaaaaattaatgctgtgtaaaatggttgaattagtttgcaaactatataaagacatatgcagtaaaaagtctgttaat gcacatcctgtgggaatggagtgttctaaccaattgccttttcttgttatctgagctctcctatattatcatactcagataaccaaattaaa agaattagaatatgatttttaatacacttaacattaaactcttctaactttcttctttctgtgataattcagaagatagttatggatcttcaatg cctctgagtcattgttataaaaaatcagttatcactataccatgctat
444	224823 _at	gacctaatacatttcctctgtgtgtgtgtgtaacattccaaatacttttttttttctttccactgtttgtaaggtgcaacaatttaatatttttaagg gacttttttaagagttccttaagaaccaatttaaaattacttcagtgcaatcctacacagtatcaacattagaattttgatattagtcttatgtt atcttccattctatttttatctgcttttgctgctagtttcaaactgccagtatttttccttttgcttttaaaatagttacaatatttttcatgatagcca cagtattgccacagtttattataataaagggtttttatttgatttagcgcattcaaagctttttctatcactttgtgttcagaatataacctttgt gtgcgtgtatgttgtgtgtgtgcatgtgtggcgtatatgtgtgttacaggttaatgccttcttggaattgtgttaatgttctcttggtttattatgc catcagaatggtaaatgagaacactacaactgtagtcagctcacaatttt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
445	224836 _at	gagtgagtcccagttacatcaaacagtgacttccagttattccccagtaagtctgagtggttccttcaagctgggtgtctttccagccttt gccagtctagccccagcagggcaccgtgtatgaatgcagtttggtgctgttttagagtatgcctgctccccagccccctgcctggaa ccctctgagcaacttgctctgacctataatgtcttaggtgcaacacggaccccaccagagctcttggataccccctagatccatgtg gctttatgtgaggggactgaatgcagacacaccatagccccttctactactttccctctcgccctgccacctagttccacatggaac caacaagttgagtgcatccctgttgggtgttttgtgttgagactggctgaaatgaggagactttgaccatgtgacgtgtcaacagactc aaggagacaaccacctcaactgggtcatgtg
446	224840 _at	ccccagtctcacctacgaaatatgaagagcaaaagctgattttgcttacttgctaaactgttgggaaagctctgtagagcatggttcc agtgaggccaagattgaaatttgatactaaaaaggccacctagctttttgcagataacaaacaagaaagctattccaagactcag atgatgccagctgtctcccacgtgtgtattatggttcaccagggggaactggcaaaagtgtgtgtggggaggggaagggtgtgtga gtggttctgagcaaataactacagggtgcccattaccactcaagaagacacttcacgtattcttgtatcaaattcaataatcttaaaca atttgtgtagaagtccacagacatctttcaaccacctttttaggctgcatatggattgccaagtcag
447	224959 _at	tcatgcgtcatccctaaaataataagatacatgggatcaaatagcccttgccttttcaacacaaatcagttggaaaattatggtttgag tcctgttgctgccatggcttctgtttctcagaaatgagtgtgtatgaacataccaatctatgtaataggctacctttttttgtcttctttggaact ttgtacacaaaccaagacaatatcagggtgacaggtgaatgaacttaaattctcagtcttgtctattcaccaaaaaagtatactgcct gttttttctttaattattcaaggttgatgacttttaggaacatgttttatactgtatttttaattaaagcaagtgccttgatgtaattccatgtaaa tcattgcttaaccctcttatgggatgaggatgagttattaatgtattgcagcctactggaaaggaggggggagttggttaatagcagata ctttttcttctagaagcttatgttttatgctgtttattatgtaagatcctgtatgtgtgttgaga
448	224963 _at	ataatgatccattcgagttctgtgatccttattgttcttaattgtgtttctctacgtattgttacagatgagccatacgtttctttgtatcaatgta gacatgacttcagatacctctgaggacctacccagcagtctaggaccctgggccaagtgctgggactatggtactaaatccagta gatgggctgtgtagcaactctcccagggaacacactagggtacttagggaggtgctttgtggagcatgttgaagctttgagatctga gcaggaggcagtgatgtccctggtctattcagggaaagatttcagtgtgaaatggtaaacatccaattgacaggatttagattttgctt agtttttctgcttttaatgtttctatcccccatctcagtgtttctttatccatcccagtgatgcct
449	224964 _s_at	ataattttacatgatcctcaatatcaactccagtttaaaaagtgttatttttaaaacatttgaaaccaagtactgtttaatttcaatcagaag atgcaaatacatacttttgatctatgtttgattttgctaataatatttgaaggagattgcctaccaaggacaaaacaataaatttaaaaat caaacgatttctccatacgctcatagtcacatatggaattttgagaaaataaagcatgctgtctttaggaatttttatacttctttgtctttctt ccttaatatttgcttctagctgctcttggcaatgatgaattgttatgtatgcattaatgttttgcagcccaaaagttgttcacatttttcctatat aagatctgtggagtgtgtgtttcaaagagagaactacagaaatgttaaagcaggaaaacctgaatgtgatgtgcacattttcatccc acatggaca
450	224989 _at	catttctgtcacatgcacttagttgacattacatctacatatattagctttttcctacatgagccatctatttacttagtaaccagtgttcttaat gaagtatttagtcttgggtttcttgtaaaatttctctgcattccttagacagtgtactatacatgaaatattcttgttgacctagtaatttatatt attccatttaattcttaaacctatggccttttattgagcacactcttaaatcattatttggcttgtaaacattcatctgaattgtggctacaatc ctctttaaataatctaggaaaaaagaaagataaagcttacattttcacagttttggctcttaaacacattccacaaatgccattaagaa tttattttgttttaggccagtcatggt
451	224990 _at	gagcttctagaaatttcacttgcaagtttatttttgcttcctgtgttactgccattcctatttacagtatatttgagtgaatgattatatttttaaaa agttacatggggctttttggttgtcctaaacttacaaacattccactcattctgtttgtaactgtgattataatttttgtgataatttctggcctg attgaaggaaatttgagaggtctgcatttatatattttaaatagatttgataggtttttaaattgcttttttttcataaggtatttataaagttatttg gggttgtctgggattgtgtgaaagaaaattagaaccacgctgtatttacatttaccttggtagtttatttgtggatggcagttttctgtagttt nggggactgtggtagctcttggattgttttgcaaattacagctgaaatctgtgtcatggattaaactggcttatgtggctagaataggaa gagagaaaaaatgaaatggttgtttactaattttatactcccatt
452	225207 _at	ttgtgtgtaatttcatggtggcctagtgttgtggtgcttctggtaatggtaatagaagctcaactatttttttgtggatttcagtttttatcatcag aagtcctagacagtgacatttcttaatggtgggagtccagctcatgcatttctgattatacaaaacagtttgcagtaggttatttgtcattt cagtttttactgaaatttgagctaaacatttttacatgtaaatacttgtatttaccaaagatttaaatcagttgattaattaattaactcaaat actgtgaactatctntaaaacactagaaaaaagaaatgttagtatctcaattacaccaactgtgcaaatgaactttgataaaatataga aataatctacattggcctttgtgaaatctggggaagagctttaggattctagtagatggatactgaatactcaggcccacttaanttatt aatgtatacattgtgtttttgtctttatgctatgtacag
453	225242 _s_at	ggcgtgcaattttggtctgcgccacataaccattctgaagcttttaggcgttggagaggaagttgggggagtgttagaactgttccca attaatgggagctctgttgttgagcgagaagacgtaccagcccatttggtgaaagacattcgtaactattttcaagtgagcccggagt acttctccatgcttctagtcggaaaagacggaaatgtcaaatcctggtatccttccccaatgtggtccatggtgattgtgtacgatttaat tgattcgatgcaacttcggagacaggaaatggcgattcagcagtcactggggatgcgctgcccagaagatgagtatgcaggctat ggttaccatagttaccaccaaggataccaggatggttaccaggatgactaccgtcatcatgagagttatcaccatggataccttac tgagcagnnannnnnnaccttagactcagccagtttcctctgcagctgctaaaactacatgtggccagctcca

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
454	225269 _s_at	aactgtgtacttgtctggtcagctgtgtatgatcagttatctacctcagagtctatttttcttttgtgctgggacaggttgctggccctccctgtt tccacagaccaaatcctcctagctcaggagctagggctaagcagttatttctttcaagtatttttttagttcttaaattttatgcttgtatttgat gatagatgtcagtgacatttcatagtttcaaaagtccttgctgctctgagaagtgtagattctagtgaaaattacatagtcataagaga
		aatgtgtttttgtttttgtttttgtttcatttttttaaagttgtggtattattggttctatgctccctggaatattactgctttgtgaaagtccagactga acgcagcaccctctgtgtacctagtacagttataaacctgggtctctcactacttgatatttttgcattagttaagacagaaatttgatag ctcggttagaggggaggggaaatctgctgctagaaatgtctgaactaagtgccatactcgtctgggtaagatttgggaaacataac ctctgtac
455	225275 _at	gatgagagcaaaggggtcgcaccatatggaaatgttgaaaactattgtaaagtagtattatgaagtagcttttgtgtcattcatgtcga tgacatgaaagtgaagtaaatttattctatgtaaattcacactaaaaccagtacagtaccataagtagaatacatgtaagaatcacct agtcttcactatattgagtaaatataacatgctaattttacaattaatgaaactaaacttttaaacatctccattatatctacatccttttgaa ggtatttatcatagttgccaattttaattttaggattgactttctctttctgaatgacttcataaagtttggtgtgaattttgaagacttgggttac taatgattgtatctttgctagtcaacaacttatgaaatatactcaatgcgtctgatgtgtcattaagtgcagaaataactaagacacaaa taacctttgcaaaccttcaagctgtgtaatattccaatgttgttttttttctttgtatatatacttatatcacgtaggatgtaaaaccagtatgac cttgtctagtctccaaacttaa
456	225353 _s_at	gccacacgtccaaaaccaatcaggtcaactcgggcggtgtgctgctgaggttgcaggtgggcgaggaggtgtggctggctgtca atgactactacgacatggtgggcatccagggctctgacagcgtcttctccggcttcctgctcttccccgactagggcgggcagatgc gctcgagncccacgggccttccacctccctcagcttcctgcatggacccaccttactggccagtctgcatccttgcctagaccattctc cccaccagatggacttctcctccagggagcccaccctgacccacccccactgcacccccctccccatgggttctctccttcctntgaa cttctttaggagtcactgcttgtgtggttcctgggacacttaaccaatgccttctggtactgcc
457	225381 _at	gtatgtttgtaagtgcttctgcacgaatgtttatacatgactgtttccatagtacttatgtttttaaaaatattcagtcatttcctactataatcct catgtatccatgtaactgactcaaaaatacttcagccacagaaagctaaaactgagcaaatctcattcttcttttccatccccttgcat gtggctggcatttagtaatgattaataatatggccagctgaataacagaggtttgagacacaattctttctcaaaggagtcagctaag ctgggtctacttatggacaaacatctaaatgtgtggaagtatctgatatttgacaatggtaaatttccacttagctagctagcattgtcag acttcaatctcctcatggctctggccgtcctgttttaagcatgataattgttggccacatctcacatagttctcattgagtgagttcataaat aaacagggttttttttttttttttaaagagcagccaagcacaaagtgtgactttgttgacattttatgtgactttgtcatatgttcctaacc
458	225442 _at	agtgtcaggtgccttgcaggaaaataatctgagtcccaagctagcctgtgctcatccacaatcacaatgaacatgtcaaggaaga atttgcagagactcaagggaagcacaatgggataaggtaatcactttcagtgaaaaactgttttcttgaaaacaggcttggacaca attgaaagctggcttcctgcaaacacaccaagagtctgtaatctagcctatccattatatgtcctttattattcatgatatcctattcttcta ccttgttgcctggtaacttttctgaggactgagtttctgcagcgatgtggtgcactcttcctgtgatgaggaaacatctgggcccccct
459	225458 _at	ctggacacccggttaccaaagtcagcaaagaagatgcggtaatcgccgcctgatctccacatggtgaacacaacactcccacc aacacctccttgactggtcggtcttcagcaccgggggtgggcaggcaggtgttctgtgttgacgagaattgcacaggctaaacaca aacacggaaccagagtgagaacacctcactcacggcagcccaggctgctccctaccaggtgacggagcgcgccggggctgt gggtgccaggggctgagtgctagggactcgtcatgagtggggatccccacgttcctgtcactgctgtcaaacagaaggtaaacag tcttatgaatgtatttccttaggaaaacttgtaaaaacttttattaggatatctatttaatactgaactttggcctactttgtgatagactataa acaaattgaggaaatcactatttctcacttctgtattttctcaaaaataattttgttacagagttcaatatactgtgtaccattgatcttctatt gtg
460	225575 _at	gaaactgcggatcccaaactgttccctttttcatttcttgaaatgttaccactacagacatttttttaaggtgaataaacagttgtgatgtg ctgtacntaaaatcatgtttaatcgtataaggaaacatttcaatacacttatacaggaagaaaactatagatgaagtacatgtgtgtg attcagtctgattcacagaattctgagagtaatatggaataaaacaactccacttagatgataactgaagcatttcctgccttgtgaaa atttggattttaaattgctgttagaatgggaaatttggacactttatatcattgtataatttcagaatttagtttctgtatcttttggaaaacatg attatagcaaaaacatagaaaataatctattactaaaacaccataaatgtaaaactagtatgcttggctgttaactctaaagatgtta cttatgtctgttttta
461	225602 _at	tgagggtgagcttactcagggcccccagaggaagccctcagcctctgccctccccccacacagggcgggagcccaggcctgtt cctggcagctgtggctgcagctgtgctcctgctcctcctggaatgtgcgacaagcccaaatgttccngggnaggcggccggggc aggggggcttagaagtgctaatatggttctgtgttttgcctgaaacgataccaggttcccctgaatagcaactttacaaggtccatgtgg gagggaccaacccagatgccctgctgagtgtccctgaaaccatggcagctccatctgtcaagatggcaggggccggagtgagg gggctgctggcttaacagcaggcatctgggcaggccagtcctcaaagcagctcctgaaggtctgtgttgcactgtcaccagtctca agctatgcctctaatttcaccagggatattg
462	225604 _s_at	gtgtgatgcatgtgagcgtctctggcacacacacttggacatacagttctgtgtgcgctcattcttattacaggagtgagcaaaggaa gcatttaccccgatggttacctagaccacgattatttggattgggggggagg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
463	225626 _at	atccctgtattcatggcttgactttgtgactgctctacactgcatgtctgacattgcagagtgagctatgttgaggtaaactggttggttgt cattattttgcaatcagcctggtctctcccatgaagatgtcgtgtgcataagcacaatcatcactgattagaagatcacagcagaata ccctggattagagagaagttcgtaccttgcatttctctgaattctagtctctcataagcactgctttgctggatgattttcactgctttgtgtt aatgactttgagcgatctctcacatgatggggttctttagtacatggtaacagccatgtcatcttacacacctagcattgtgaatgctgta gtgacatccttataggcaccttacagctcaaaacttttgtttcatttcatgccttacttatca
464	225688 _s_at	agtgccatttattctagtttatcatgttttgcatgtttgaaagtatgaatgtgctctttcctaaaacatggcaaatgaatagatgtagagaat aacaatattacttacaagatgaaatgattagattagaagtgtccctttattaaactttgtcagcctgactgggtacaattcttttgttaattt gcagtgtggtttgtatacacgtatacgtgttatcaataataagattttgcaactggatgacacaagattttacttgaacagtgaaggac aaaaatcatgattgtggaagatatttttaaaatctgattttgcagcgatcacttttaaaccctgtagtgatgtaagactaaaatataattg ctaagattttgttggttaatgtaaagatatgacttttctgcactgtactctcttcataggattgtaaaggtgttctaatccaattgcatgatgt agtaagcctcttaaatatgtgtgtta
465	225710 _at	tcctatgtcttctttcttaaatccagttgctgattttgtaaaatacagttgtgataaagcagcattacgggggggaaaaagctatattcca actggtgttaaatgtattcaacaaaatcttacatcatacagtatttatttcttaattaatagaacttcagtgatatacttggtagatatctca agccttttgtcttttacacaatggtgctctatcctattgttttctttttcaaagaagcatctgaacacttgcatttctatttttcctatccaaaggca tccacatctaagtgtgtttttaaagttgattaaaattatttttctgttaaagcattctgaaagtgtttgtctttacctagaatgatttgtacacac tcgtggtcaactgaacatgaatgtcagtagtagtctaattatgggaagggtaaacgtgttagattaaggctcttaaagctctaaacca tataaactatggacttgtatcatgatttaactgttcttagatctttcttacacagtgattcattcctctatttgtacagtggcttt
466	225720 _at	tatcaaaggtttgccagccaataaagtgcatcccaagtatacaggggagaaagctagactcctacagggtcctagagtttaagta attttttttgttattaatataggtaataatttttctaatttttattttttggttccaaatgtaaagctccttgtgtttacctctgtttatgtcattcttgacat gtttatctaaattatgtgtgctctgtgacaggtgaaatgtaaatctgggatccatagtcaagatatcataaggacctacttcccagccta cctttcttcctctacctgataatgataatactcaaaataacaacattcaaaggaaacacaaagaaatcctgctttcacatctcctatttct tgggctccttaataactactgatggtttgttcatgaaaaaaaatttttaaatcaaaagattgtacttggccctgagttgaaaaaatttcaa aaatcaaaagtttgtacttggccctgagttgaa
467	225721 _at	cagaaacatgaccctcgctggtcttgggtccacatatcattggactctgggggacacaaagatgcctgtgacactttggtgttgccg agttagtcaacaattattctgggaaaaagcagaattgaattcttctctagatgtcctaccagggttggccaagggccacaaagcag gctaataaattcccacaggatccagacaccaggcaaaattgctctaagaagccagttactgtcatccctctatggttctagaaaaa atagtacaaaaatgacaggtcatcctatgagcgtcatgccaatgaaacccccatcttctggagaagcccttgaatcagaattatctttttt tcttgatgtcgtcagatgcagccagtttcttaatttttttaaaaactgtatgtttctgtggtatgtatatttgtacacctaactacctggcacttg gaaatcacagcactact
468	225728 _at	ttatcctgcgacaacactttcagcagantagcctctccttatctcacagatcacaagcacccctagatagtgtgattctgtcagatagc atttatgcaaaaatctatgaagttaaaagatcgtagaagccaaatgaaatgtacatatctactgactgatgacaagggaatttcatta ggaagaaggtaaagaaacatcgttgagtagcctaccttgatttctgtcaagttcataaccagcttcatattttaaaggcttcaggtttga aattaagtcaactgcatgcagctttgctgataaatgaataattctctttgatgccatttatgagaaaagacttcaatatctgttgcctgtca tatttaagaaaaattactgtttctactctctgtatctgattttaaaagaaaaaactattcatacctggcttccaggtaattgactttga
469	225782 _at	gaactgagtcaatatggcaaggtgtatgtgatctgtgggagttatgccatttaacataggaagtgcatgggactttccctctctgcact ccagctcttactgtaccattagaagatgcagaattctgttggtgtgcaaaaagtatagccttacattcaagcagaatggatctgaaga aagcagcaatatctgttactagagaacattcccatgtgtttaaactcttcacttcttagatgcatttaaattcttaatgcaaatgacgtag caatttgaaaacttctccgtattacttgtgtttaaaatgtcttgctttaaatacaaaacaaatggtaaaggggattatcttttgtttagatggt taaatattatttttgccttagatagctttgtaataatttttctccagacagttcaacactttga
470	225894 _at	tactgactgactacaggggctgattgtgaagcacgaggaaccccatgtgtgtggagactgtagggtgagagcacacaattattag catcatttctgagtgatctcacagatttttttttcttgtgtttgttttgcttttgacaactgcttctcccacgttccttgcaattctattctctcaccttc actttactatttgtattcgatggaccaggataattcaggcaaggttaccttgtaaacttnaattggccacacaccatgttgtcacccagc tggctatgaagtgaataatggtactgaaagtaaacctgaagacctttctcagatctattttaagtctgagtctgaccaaccatggaaa atattcgacatgaattaatgtagagaactataaagcatttatgacagctccaagaaaaatcatctactctatgcaggagatatgttta gagacctctcagaaaaacttgcctggtttgagggtacacagtaccattttaatcttctgaaaatatctgtattcctgctctttttctgctgtc actgtcaatctgctatattttt
471	225895 _at	ttcctgacgggaatgttgtgctataatgaatctgcataacgcttgggattctaggaggaaggaaggttccatggacatgtaagtaca gcatattcccctcagtcttctaggagggcagagtgaatcccagaactggtaagattgggaatctgagcattgccactttaatcttaga atatttatcattttgacacatcctgttttttagagaggaaaacaaacacagtttctgcattggtagtgtaaagcataccttgttaggaacgt gttttgtaagacacatttgggttgtcattctagagcatgtcaaacttgtacttcaaaatatatttagtatgattgttagtggtaacatatatc aaggctttgaattaactgttttatttaattttcacaagaagcacttattttagccataggaaaaccaatctgagctacaaatagttctttaa aataagcccaggttatttagctattctagaaagtgccgacttctttcaagaag

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
472	226001 _at	ttaaatattcattccattacatctagactcaccaagaactacatgttatgatgttaagttgaagttgaaacatgatgttttgcattaaattta agatatgcaaatttatgtagagaaaataaatgttatataccctataatctttcacctaattagtatttaattatatggatttgttttatattata aaagatgttttgattttgtcttttgatattgacaaaattgtttggatatccttatgttctcaagtctgtatctgcctcccctgccttatttcttatgttt tgccacagttaacccattgtgcttctttgtaatcaaacagtttgtgggagaatgggcttattgaatgtctaaaaaataagtttaaagtgttt gttaccctaagttttttacatttttaaactctaattacatatgtgaatgttattactctcagtgaattgttattgtttgcaaaaatgcactgggca gtaacattttgt
473	226051 _at	gccggactggaaccgtctgagcggcctaacccgcgcccgggtagagacctgcgggggatgacagctgaaccgcctaaagga ggtgaaggctttcgtcacgcaggacattccattctatcacaacctggtgatgaaacacctccctggggccgaccctgagctcgtgct gctgggccgccgctacgaggaactagagcgcatcccactcagtgaaatgacccgcgaagagatcaatgcgctagtgcaggag ctcggcttctancgcaaggcngcgcccgacgcgcaggtgccccccgagtacgtgtgggcgcccgcgaagcccccagaggaa acttcggaccacgctgacctgtaggtccgggggcgcggcggagctgggacctacctgcctgagtcctggagacagaatgaagc gctcagcatccc
$474.00	226084 _at	aatggcttctatgatcagaactgggaaaacagtgnatcttatggtggaagaggtnctcagcaagtgtacagtatttaccttcctttgtct tacatnggctttttaaattttccattaatttcaacataattatgggaacaagtgtacagaagaatttttttttttaagatatgtgagaacttttca tagatgaacttttttaacaaatgttttcatttacaggaaattgcaaagaaaattctcaagtgatagtctttttttttaagtgtttcgtaagacaa aaattgaataatgttttttgaagttctggcaagattgaagtctgatattgcagtaatgatatttattaaaaacccataactaccaggaata atgatacctcccacccctgattcccataacataaaagtgctacttgagagtgggggagaatggcatggtaggctacttttcagggc cttgacaagtacatcacccagtggtatcctacatacttctttcaagatcttcaaccatgaggtaaaagagccaagttcaaagaaccc tagcacaaatttgctttgg
475	226103 _at	ggaacctatcaatttgagtggacttttctttagtagtacaccatttnggttgtngtagtttcaaagtctttctgaagcagatatattgggatt ggagcggggtggggaaaactgtcactcctttcagaggaaaaggggaggagcatggagaaaaacaaaaattaaaggacttaa agaatggctatacagtgttgagtgttgaggatattaaacatgttatttttcaaacgtatgtaatatatattaaatttataaagcaaatttatg ttgtgatcttgcctgaacaaattatattttaatgaaaaaactttctattaatagttcacgcaagagaaaacactttcaacatagtcgaag gcttcaagatctaagtgtatcagacttagggaaaaagtggcacaaccttcgatttaaaattctagtctttaaaatgagtttgtaaataat tagctattacgttctattaagttgtt
476	226147 _s_at	agggatctctctacaagagcccctgcccctctgttggaggcacagttttagaataaggaggaggagggagaagagaaaatgtaa aggagggagatctttcccaggccgcaccatttctgtcactcacatggacccaagataaaagaatggccaaaccctcacaacccc tgatgtttgaagagttccaagttgaagggaaacaaagaagtgtttgatggtgccagagaggggctgctctccagaaagctaaaatt taatttctttttttcctctgagttctgtacttcaaccagcctacaagctggcacttgctaacaaatcag
477	226302 _at	ggtaattatggaaactcctcaaagaggagaaagtaatttttttccagacatttttctcattctgtgtctttcacacactagtttccatagttc gagaattctgttttttaccattgggctgtgaatgttcacaatatcagtcctgttgaattcctatgaggtaatcacaatgtgtatatgttcatttt ctaggtatgatgataaaagaatgtatggctttttattctgtggaagtaaaatcctgaacgtttacaacttttccttaacttgtaaataaaaaatt gtaagttttttctttttttacagaaaacttagcttgtgtaattctgttagtttcagatttctctcctgtttttgcaaattgtgggaaagattgacaat gcaaatgtgtcaaagacatactgttgggtgc
478	226303 at	acatgggtttatacaagttcctcttgagaaggcaaaaagaccaccatgtgtgagagctctttgacttggccaataggggcctatctta atgcacttgtttggacacatttctgatcttatttgtaaaggctgcaaaaggagaggatgaaatgctgtaaaagtaggaaatgaagtgg aagctggaagaaaatgtaattggtggtacagctatgggccagatggtggaggggagggtggggacccctgccggcaagcaga gtgtcacagctggctttcctcacttgggaaaagggtactgccggtctagcagcctcctctgtactcagccaggacacccagcgcgt gggacctgtttgtgtctgttttgcttccttgggaacggcacagtcactcaccctgccatttgcggaaatgacctggtgcactttgactgtt aagcaatgcgttattgctgtagtcaaggttagtgcaagcaaggaaacattcccagtaaggtatttgtttccattttctgtctgtgcttctgt cagaaacttgctaggac
479	226304 _at	caaacgtcctggactgcacagacctcccactccagaccatccaggcctggttcccaagacccgatccttcccctgcaaccagac agtctacaactgccccctccagcccattttctgccgtgaaaccccagccagccacaccagactctggaaccctttttcgactgcccc aactcttggacaccaggccaactagaacacccaacaccaaactgtacagactctcccaccccaacctccccagactctgcacg gatgtcctaggccccctccccaactctaaccagaccccatcccctaagtcccttgtcttgaccccaagtcttcaaccagatatcct cggcaacccacctcccaccctcctcctcttctccttcaagacccaactgagcacccgctctgattccccacagcctttctccctgcca ccactcccttagtctttcccaggcttactctcccaataaatgtgctag

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
480	226333 _at	ggtggagttggtggtcttaatttggagatgcaggggcaacctgtgacccttgaggcaagagccctgcacccagctgtcccgtgca gccgtgggcaggggctgcacacggaggggcaggcgggccagttcagggtccgtgccaggccctcctcagtgccctgtgaagg cctcctgtcctccgtgcggctgggcaccagcaccagggagtttctatggcaaccttagtgattattaaggaacactgtcagttttatga acatatgctcaaatgaaattctactttaggaggaaaggattggaacagcatgtcacaaggctgttaattaacagagagaccttattg gatggagatcacatctgttaaatagaatacctcaactctacgttgttttcttggagataaataatagtttcaagttttgtttgtttgttttacct aattacctgaaagcaaataccaaaggctgatgtctgtatatggggcaaagggt
481	226430 _at	atttttccatcttattcaagtcagagcacttttttttaaatagcaatacaacaggcaagagaatactcaaaaatatttaaaactgtattgat accaagagtatgttttaaatattttctaataaatacttgagcggtttttgtctggcaggcttccaaatttgccaaaattaagcgttcagtattt tcaacacatacgctttttactggtttatactgaactatctgatgagaattcctgtgttcccaaagcaactgatgtttacaggtcttgtgtttct cctcctcctttctaaggatgagggaatccacaacagactttctctagaaaacactaatgatggacaacttttttggtgtcatcaatgagtt ggctactaccttgatgtaaaaatttgtaaggaaaatttttcaccatttcgagtgtcaagtgtatttttaactgtctggtttgtacttttatgacttt tgtactaccaaagcgga
482	226492 _at	agtgatctctggaagcgctaaagctaaaatttctgttcttgaaacacttcagctttgcaactaaaatattacagattaataataaattaa accaaccaatgataaacactactcagtccaccaacaacaaacgtgtttgaattcaccttaccaatattaatcccagcgtgtgtaaaa cagaacagtaactctatgtgaccccagataacattttgtaacattgtgcttccttgtagtttgtaatgtgagttcaatcagtatttatgttga aatttctaacattaaatctagtctctatcctgttaatttaatttttaaatgctttatccatttgtgcaaaggtaaacgcagattgtatctttttaat ggtacggcataaaaagtaaccctcaagtgaagtgtctcta
483	226594 _at	tgacgagacctcttcaaaaacccacagtaaaactcccctccctccagttggccaccagtctgccaccaaacatgaacaaattctg ctgctaatcggtttcccttgtgatctggttcctgaggtcttcggatctgtgcaatgaattatttattgttttattaaaccgacagtggtgtccca gagaggaaccataaataaaatggaaatctggtgctgtgataaagtaataactagcattaatgagacctggttttcctttcagaaagt ccagtatacctgtaacaaaggttaaagcaatttatatttaatttgcattctgatgttaacatttaaacagcaattctaacaaaaatgcatc gagtctaattcttacctctatcaaaaaacaactgtataaatttatgaccaacattaaaacaaaaacaaaatgtaaattttctctttagaa atgattaactggaaatgagtgagacagcaccttgtgggttt
484	226654 _at	tgctcgcattgatcatcctaatcatcttattcagcctatcccagagaaaacggcacagggaacagtatgatgtgcctcaagagtggc gaaaggaaggcacncctggcatcttccagaagacggccatcngnnnagaccagaatctgagggagagcagattcggccttga gaacgcctacaacaacttccggcccaccctggagactgttgactctggcacagagctccacatccagaggccggagatggtag catccactgtgtgagccaacgggggcctcccaccctcatctagctctgttcaggagagctgcaaacacagagcccaccacaagc ctccggggcgggtcaagaggagaccgaagtcaggccctgaagccggtcctgctctgagctgacagacttggccagtcccctgc ctgtgctcctgctgggggaaggctgggggctgtaagcctctc
485	226682 _at	gctgattctaattgtgtgtaggtcttgaggattaagcacacaaatttcacaaacttctgtttgagtaaacaaactcagccttctgtaaata tacatgcaagtttggaaacagtaatactgtacctataaatatatgctgtctgntttgtgtacagtatgtaaaaactccttttctgccacact aaaaatgcaagccatttatgggaatcctaaaactagtattgaactaaaactttgctaatgatctttattagaggatcgtccaacttttca cttaccttgggttttctttcaattcactcttacactagtctgcttatttccagctgtttatttattgagtcctgaatttaaaaaaaaaatattttg attcattttgtaaatacaagctgtacaaaaaagagagatttaatgttgtcttttaaatactccaattttcattctaatatgaatgttgttatatt gtacttagaaactgtacctttaatattacattacctttattaaaagtgcattgaacacatcaattttagatgtgctttatgtactgttatccta
486	226694 _at	taagcattcagtgagctgccaattttgattttgtgttgctctttacccaaattatttttttctttgtttttctttttttgggggaggaggggaaaaaa gcagcaatactgtgtttggaaattatactctgtatctggttttcctgtgtatgttaaccacttaaatgttattatcctgctttggttttagagtgat tgtgaggcattcaatgca
487	226811 _at	agtgcctaaatcttgtttacctatcactttaaaaaaataattgaagtgtaagctaaataaaatgcttggagtttngcctgggctagtgag agttggtgcaaattcttgtgtgtgtttgcataggaaggtgagatgaccatctactaaagaggaagtagctaaatacagatctgtgggt gtttttaaaaaaactcaacctatctggtgttttatttttaatggataaaaatgtaatttttctaaggtagcaacttatttccaaattaatatagat gaaaaatagataccaattagactaaattgaaagctttttgttctatatttgcatagcctttgaaatatttcttagtgcctaggaggtctggg gattcctctttcgtggtggtcactaaccttacttgatgcaga
488	226818 at	aacaccaattatgcaaactacttttttttccagcagaaagggagctgacatgatcaaatccatgttttcaaatgaactgaaaaaggc atccagcaccacttatancacatttatttcagttccaggctgacagccntggggnatctagcaggatnnataattgtcatctggtgag agttgggactttgctcaattttaataccaatctctcctgattgtaattacctccactactttcatgatccccctacaatatttttttaaatgatat atttattcactgaatcaaatgtcattaatgagttatcttctgtggaggatgactgttctctttgttaatgttcacaatcaagatcttgggctga gaagaggcccttcacccaaggagtttgaagtatcacagcgtgtgggaaggtgggaaccaggatacccattcatttccaaccgag acacagagaagtgagtcacagaatttgagccngctctcttgactgcccagccagagacactgatttctgtaacctcttcacttgatcc tgcctcttaagcatta

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
489	226834 _at	tcatttctagagtacctgagccaaacaaatacacaacggaagctgcagctgtatcatcactagcaatttgctcatcattatttactacc tttgaacctaaggtttcctgcctatgcttttgaaagcaaaaatcagtctcctttgcatgaaaaagagccttagatttttaaacatgttagtt accagaatgctaaaataccagttgattacccaaattattttggaaatctatccataatggaagtctacaacaaacacataaaacag attacactaagagctgagaaattcaaaggaactgaagattctgagagataaactgttcaagtcttagcaatgatactgcacttctctttt gacaggttctgggcttaagttagaggccctactggttccaaaccatattccactgactttgcaag
490	226841 _at	cctctgagtgttttgtgggttctgggtgttttgtacattttagccaagctaaccacttgtctgcaagtactgactttcctatgaattctttgaag attattgagtcagaaaggaaaaatatagccccaaattcccaggcttttaatgcattacattaactgcctattgaaatgagaagttcttc acaaacttgtatacccactaacaagattgcacataaacatgcattaaagtatatactaagaaaccctctgtccaacggctcatgcat atgaagtccgaacatgggagtttgccaattgcattcatcaagtcgttttgcggagtcagatccctgatggaagagctcacaggctctg ccttccaagtcctgggttcctaactggtgaccttagcctggggtctgtggggagaccaaccctggcttccaagaaaaccacattcca tggactatcagaaatagacacagatttgggtgacaaagctggctctgtatttgcatttt
491	227006 at	gcaagcgcgtgctgagcaagctgcagtctccatcgcgggcccgcgggncaggggcagtcccgggggctgcagaagcggc acncnngcgtcaccgtcaagtatgaccggcggganctgcagcggcggctggacgtggagaagtggatcgacgggcgcctgg aggagctgtaccgcggcatggaggcagacatgcccgatgagatcaacattgatgaattgttggagttagagagtgaagaggag agaagccggaaaatccagggactcctgaagtcatgtgggaaacctgtcgaggacttcatccaggagctgctggcaaagcttcaa ggcctccacaggcagcccngcctccgccagccaagcccctcccacgacggcagcctcagcccctccaggaccgggcccgg actgctcacccctgaccctcttgcactctccctgccccccggacgccgcccagcttgcttgtgtataagttgtatttaatggttctg
492	227052 _at	cactgttccatggtcagcaagtcatatttcataatgtggattttccaaaataattattgaatacagctattctatggctacttttagtgtttttgt ggtatgtggtgtgggagtgtttatggaattaccagtatcttaaatttttcaaaggaaccttggaagtctatcactctaaatgaaagtctgtc actctacatgaattatgtgctcaaatttgaccaactcagtttaagacacaaaacagtaatttgaagaaggaaaaatgaagagagttt ctagtttaatgggttaaatttttgttgttgcaatagtaagtttagtcttcttataatatttctaaatgaaaaatcataggtatttgttaccatgtgt gaagattantttgttaaaagcaaaagtggtcgtgtgatatgctaaatgttaattactgattttatatgtttaaatcacgccaaacaaattat gtctgtgccatccagggtctgttgttaatctttttctgagtacttggattgggataaagggcttgtactatgcactt
493	227061 _at	acacttatagtctactgcccatgtaaggatcagctccggctaagaggccaaagatgggtgacatcgttatgctctgccntttatttttttct ttcttacccacttagcttcctaattggaggaaggaggcgtggtaaaggtatatgaagactatggtttaattagaccagaaaacactgt cataatctctggggtcatcagaatgtccagttttgtctttgggccaagataagggcagtgggatttatgatgtgttgtttatagtctgaaa ctactctggtgatcanccagggtcagtttctttaatgatggtttccaactggcctaatacattaagtaagactggctgataacatgacca gacagacataaagaccctgttgggaatgacattgaactctcaaagtcaagatttcttacacaaatctatcagctggagaaaatgaa ggcagtgtggtatatgtgtgcaaataaggacattatgaagcttaaatatggaatgtctcttggacccccgatgtcatctgtattctcttttt cttcttgtactatatcctttgcctgtaaata
494	227099 _s_at	tcccagtgcgaactctgctgtgagtgtgtgcggggaggcgcgcccgcgctgagtcggcggcgggtagccactccatgcccttgtc cgatggtttgcaactccgattttgcacaccgctccaccgtgccccccagcgcacacccattcacactcacgccaacactctcgctg aacacttttataattgttaggcgtggccgttgggactttgggcgcagcgcggctgctactgcgtctggaggattgatatttatttttgcatt gcgatggctgaaggcatttatttaacgatcttttacctggatatgtctgtgaggctcctgaa
495	227235 _at	gtgaagtaccatagaccatattgtctagatgggacaaaataataaattttgactaagaacttactgtttagagagaaaaaatagtaa ataatgttcaaaatgagaagacaataactgacaagtctgtgatttttgggttagatgagaccacttttgatttttgaggaataaaagga gttagtttttggtcctgatgtgtaaaatgattcatggggtttcacatacagacaagtagttttcttttcagcaaatatttaacatatctctcaa tatatttttcaccagtttttggtaaatatgcattgctataggtataccaagttttttttgttatgtttagtaactaatttcatttttttctgtatatgtaaa tatagctattggaccctgcattgaaaaccttcttagtactaacaacactccttttattattaccttcatagttactttaaatgacatatttatttc gagtttttacttctggctgagttgcaaagtctatgagaatgttacctcctgtctcagaagcttgttagttattgtgccacc
496	227265 _at	acatctgctagaaccttttgccttaactattcaccaatatatgctaatattcataaatatggattgactgtttacaaacattagaatcttgtc ttggttccattttgatggctaatatttgttatcttaattaagactatttctgaggtcatgattacttgaaaatattgactaaaactgggtcctta gaaattccaggtggagctgatttacctatgactgaggggaaaaaaaaatcaaattttactgataatagtaatgctccaaatgaatta atgacacatctgttcaataaataaagagcttaaatatacaaaacataagaaatctgggcaacaaaacttgtggtctttacttttgaat agctacccaagaaaaggttttaaaggtaaaagttatgagtaatgtcatcacaataagctcttgtttaaaattcttttctttttatgtataatta ggtttatgtttcatgtcttt
497	227404 _s_at	atcccatgggcaataaagcgcattcaatgtgtttataagccaaacagtcactttgtttaagcaaacacaagtacaaagtaaaatag aaccacaaaataatgaactgcatgttcataacatacaaaaatcgccgcctactcagtaggtaactacaacattccaactcctgaat atatttataaatttacattttcagttaaaaaaatagacttttgagagttcagattttgttttagattttgttttcttacattctggagaaccgaag ctcagctcagccctcttccttattttgctcccaaagcctcccccaaatcatcactccctgccccccttaaggctagaggtgagcatgtc cctcacaattgcacatgtcaagccatcagcaaggcgcatcacacaaaaggcaccaag

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
498	227522 _at	cagtgagtcgaggttgcgctactgcactccagcctggacaacagagggagactctgtctcnaaaaaaaaaaaaacctacagct gttcaaggaccagctgacaggtcaagtgtggccttttctggtctttgaacacatcatagaaagtgacaaatgctgcaaagccatga agaacatgaactataaacgggtagactaactgcccagcttagacacttatctatgccacaaaacagctgaatttgtcacatttatata ttgcaatatgggaagtattgagatcaaaacaggattccattgacctaattat
499	227529 _s_at	gccatcacagttgcgattccatgagtagctgctttatgactgctttttgtactatctggatgtgcccagagttacttctgtacaagctctgta tctatgtccgttgagaacattattttaacaagaagaacaccaacagtagcatgaaatataatactgttttataattctaaagctgctgtta atttatgaagtacataataatctaatgtaaactgcagaagtcagagcaa
500	227561 _at	gcaaccattggggaatgacctttcatttcagaagtggatgaggaaggtggtgtgagcatcaggtatattnctggaccatttcaagtg ctggtgagaagaaaggaactctttgcctgaactgggcttggttttccaagtgctgctttggaaatgaagacccagagatgcagagct tatggtagttcataaatcttcatgttctattatctttcatctgccaataaagttcattttcaataatgtccaccattgctgtgcccagaataac cacaggcaaacatcaaaacaatacgcataagttagacaagattaaatcttgtctgatatctgcacaaacagatatgcaccatgttg gaaacatgtgttttcctagtcccatccaggcttcccacaagaaagccatgatgtgggtctaaacc
501	227623 _at	attgtttcccatagcagaatgtcaatattcacagtacatttctgtaaagagcaaaccaatataatgttttgagtgttgaaaaaaattcca gatttntgaagaattagacaactcttcatctaccttatttctagttcacacagttatctcaaattccactgaaactaatgggatactgtcttg tgtagatgccagttgagtttataatgtgacctagtaaagctgtctttttgttgtgttgtatgagtgtcggatcatgcttttaggaatacttttatt aaaatggtgtgcattcatgcaaaaggccaactggcttttgtgaacaatagatctttctccccttattttgttctcttgacacttttgtgaaa attacctagcctgata
502	227662 _at	aaagccttccctaaaaagagagcatgccagtcatagagacactaatttggcacttttcctccttcttaggtttaaatgttataccaatgc atgtgtttgaaatatccattaagatgatttaaaatttgtcttgtattttgagtttcttaaatgcgtggattcttgttcatttatctctgaatatgtctc ttttatattttggcacaattatacacattggaaagggccaacctattagggctcaagtatgtatatgcnaaaaaaaaaagttatatcaa acaggcacagttattacaactagagagaaattccagaaatatttgttttttaagagaaagtaaattttcacattagatttctattcaaag tactaatatctacatggtccacacttttctattttaaaaaattgtgttctcttgttaaatagattaacatttccacttctgtttatcacaa
503	227682 _at	atctttccatattgaggacagcctctgcatataaaaatgttcattgggagaaaaattatttttaaaactaaatttttatagtagtcctccatt actggcaattaaggagcaacccacaaaatgtcattatgtggttctttgattaggcataaaaagtattgcaaacagcttttctattcctttg gaatatgaatctttttaatgtctaaagttaacctgcaacattttctagtaggacaagtcaatgtaaattaggtaatttttgcctgttttatacc ttctgtngcattttgttcaaatgaaaacatttttttaaaacatgattgaatttttacttctcagataattggtttgagtgtggaatttctttttttaaca ctttgatatgtaagttagtgtaaattaatactttttataacactactaggctttatatttttatggaatgttttaaaatttgaaatttttgaantgtta atttagcagtactttatcattatgtgccaatactgacaag
504	227705 _at	tttactccagtcattcgatgttgctgagatttacatatgactcttgtcaacatctcatcttttgacccaatcttattcatttaataagaggtctc attcatttgcatggaaaaatgctcattgtatattgcaaagtgaaaataacgagttgcaaaacagtgtatacatatatgtgtgtatatatgt acactttatttgtacatttctatgtgacataatgcaaaggaaagtgtctgattttattatacaccaaaggttaacagtgaatctctgtgtga tctctttttttttctttttgcctatctgcatcttctcacttgccaaaaaatgaatatatgtttatgtgtgtatattacttgtgtcacaaaaaacccta aagtagacagtaaaagaacttgtcaatcgcctttggaaggcaatgaaacacttaataaactctcaataa
505	227725 _at	agccaagaactgaccggggccagggnctgccatggtctccttgcctgctccaaggcacaggatacagtgggaatcttgagactct ttggccatttcccatggctcagactaagctccaagcccttcangagttccaagggaacacttgaaccatggacaagactctctcaa gatggcaaatggctaattgaggttctgaagttcttcagtacattgctgtaggtcctgaggccagggatttttaattaaatggggtgatgg gtggccaataccacaattcctgctgaaaaacactcttccagtccaaaagcttcttgatacagaaaaaagagcctggatttacagaa acatatagatctggtttgaattccagatcgagtttacagttgtgaaatcttgaaggtattacttaacttcactacagattgtctagaagac ctttctaggagttatctgattctagaagggtctatacttgtccttgtctttaagctatttgacaactctacgtgtt
506	227727 _at	gggctgttccagagattcgatcctcttaaggcattatcagtgagcaaatgtgaaggaaatggtgtctggaagaaagttctggttcaca tgccttgtagctaagtctttctgcaaacaacctcccttccccccgtcgagtcatttggtgactttgatgggggggatttctggttatgtcaag gctctggagacaggaanggcctttggccgccttgggtagttgacctgccttttctgactccgggacgagccagtcctaggctgcctc ngggagcacttgaggtatcccgcaggccatgaggacccactgggcagctcctggacagcctcttggctccagccccacccga aagtggnacactgnntccgccctggccacctggggactggcactgtggtgcacagtggcccaatgtggccaacggaagtttt
507	227735 _s_at	cacaggtgtagcactcccaaagcaagactccagannngnnnnnnacctcatgcctggcacctgaggtacccagcagcctcctgt ctccccttcagccttcacagcagtgagctgcaatgttggagggcttcatctcgggctgcaaggaccctgggaaagttccagaactc cacgtccttgtctcaattgtgccatcaactttcagagctatcatgagccaacctc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
508	227736 _at	caccatgaccggtcacagctacaaatccagagaccatcaatcctgctagagtgcagggnggcaagcacccaagggtggctga ccaagactgcagagtctcctccatcttcaggtccattcagcctcctggcatttaactaccagcatccagtggtccccaaggaatccct tcctagcctcctgacatgagtctgctggaaagagcatccaaacaaacaagtaat
509	227826 s at	ggttagattccgttttgactgcttggtatctcattgtaagcatttcccagggacactacacagtctttataattatgatcactacatcttttgg ataacttaggcttttgcactattttgtcacgatgcctcaaactttctatcattgtctgtaattactcctataatcttttatt
510	227827 _at	aatatctcaagatttctaggcattttcctatgtctaatagtaggatgttctctctgaatttatttattacaaaaataacattacaacaataaa gcaaaataatatttaaaagaaagaaaaaacaaacagtcgcaataccagaacaccattgtagtcgtttgtgtatgtgtgacttctttac tgtgttcatgcagagacaagctttgtaataccttgtaactactgtacaggtgcgtggttagattccgttttgactgcttggtatctcattgta agcatttcccagggacactacacagtctttataattatgatcactacatcttttggataacttaggcttttgcactattttgtcacgatgcct caaacttttctatcattgtctgtaattactcctataatcttttattataaaatattgaaacaaagtcacatcactaaaaacactgtgagtata atttattagtaagtgtagactgtgtatcattagcaaa
511	228133 _s_at	ggagctgcttcaagaagaaacccggcagaagctcaacgtgtctacgaagctgcgccagctggaggaggagcggaacagcct gcaagaccagctggacgaggagatggaggccaagcagaacctggagcgccacatctccactctcaacatccaggtgcctgcc ccgtgtccttgcttccttcatgggtcctctcaacttctctgcgctgagatcccccgcaggcagatcgcggtggagtgttggtgcgatggt gcttgaccccccagcttcccctgctattgggtttctccaacgaggagacatggtcttcgcttctcagagtctgtggggccagggacag gggccantcatggtccccctctcaccctaccctggacgctgtccttgtagctctccgactcgaagaagaagctgcaggactttgcca gcaccgtggaagctctggaagaggg
512	228195 _at	tgttacctttcagttacatgcctttgatcctaaaattctctacttttgntgccttatcagttctttgcaatctgcctgtggttatcagcacttaaa gcacaattttgaaggggaaaaaaatgataatcaccttagtcccaaagaaataatttntgtcaaactgccttattagtattnaaaaca gacacactgaatgaagtagcatgatacgcatatatcctactcagtatcattggccttttatcaaatggggaaactatacttttgtattac atagttttagaaatcgaaagttagagactctttataagtaatgtcaaggaacagtaatttaaaaacaaagttctaacaaatatattgttt gcttaatcacaatgccctcaacttgtatttgaataactaaataggacatgtcttccttggagctgtgggcattagttcagaagc
513	228202 _at	gtttacacctatactgcataatccaacaattttaatttcagttgaagacatgttactaatataactattattaaaagagtagaggatgtgt aattaaccatatcttctaaaacatggttactaaaagaatatgtaacatcaatattgaccttggtttcttacacaagtgttgctaactcaat agtgaaggagacactattaaattttctgaacccatgagagatactagagatggggagtggaaagtgtttggttcagggatatctgaa gaacagaagggcagagatttcttaagtgacgcctcatctacaagctggaaattcctaaaaacaagtagaaagcttataaacaac aggtgatacactcacctcactggttttagtaaattaccaatacagaaagtatccctagtcttaaaaacaagtggaaaatttgaactga ttagtcatattcctttgattacactgtt
514	228232 _s_at	cagtcagagtggacaaacctctgtgggaggctctactgcactgagatgcagctcttccgaggggctcctaagccagtgtacaac tgggtgcgtcttggaacttttcctacaccttctcctggcagcatggttcnagatgaggtgtctggccagctcattctcaccaacctctccc tgacctcctcgggcacctaccgctgtgtggccaccaaccagatgggcagtgcatcctgtg
515	228241 _at	gcctcctcagacactctcaagaggatggggagatgacatcacttgggtacaaacttatgaagaaggtctcttttatgctcaaaaaa gtaagaagccattaatggttattcatcacctggaggattgtcaatactctcaagcactaaagaaagtatttgcccaaaatgaagaaa tacaagaaatggctcagaataagttcatcatgctaaaccttatgcatgaaaccactgataagaatttatcacctgatgggcaatatgt gcctagaatcatgtttgtagaccttctttaacagttagagctgacatagctggaagatactctaacagattgtacacatatgagcctc gggatttacccctattgatagaaaacatgaagaaagcattaagacttattcagtcagagctataagagatgatagaaaaaagcctt cacttcaaagaagtcaaatttcatgaagaaaacctctggcacattgacaaat
516	228469 _at	aaggttatagccacattcaacttgaatggtcccnaatgttaaatttaccatgaatactgtgtcttacaatgctgagctctcgactagact aaccagaataggaacacagtctcaaaggataccataagacaaacagtatttagacatataaaaaactacagagatgataacttg aagaataaataacgtgaaaaactactatattcttgaatgggagtagaatgtaagctctttgagggcagggactttgactgtcttgttca ttgctatatgataatgcctggcccaacagcaggcattctgtagtgtctgttgaacaaacatctaaaatctggcaaagtgaacaatggt tcctgaggataagtatttaaataacaaaattaactttcactacaaaagctgccaacttacctttatcttctggtgctatcccctgagctttc ttaagatca
517	228504 at	gaatgcatgatctcaagccttaactactataatctttttctgcccctcagaaattgaataacctaaccaagatgcctttaggggatgcc ctaagtaaatgtaatttcagatttcagggnttttttttttttcctctctaagtgttccttcccttttcttctcctgctctccatcatgttatggagacc agtgaggaaccagtgttaacttggtgacaatgtgacagctggtgctttatctaagctccgttttctatttcttgggaatgctttattgtggaa actgcttcagatacttaaattgaatcataacttgcttctgtaaattgcgtaaagacaacaaactgattttagtttgaaaagtttatcttttact tgtaaaccttgtttgccagttacct

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
518	228507 _at	agccccaggtgtatttctgagtgtcaacagtgttaatttcaagcatgctaataaaatgtnnnnncggnnnatannnnnnnnnnaa nnannentttnaaantnnnggtttccnntgntaaaancanccncnttgcttttgttagctgtaatatttttgtcatttagataagacctg gtttggctctcaataaaagatgaagacagtagctctgtacagggatatatctatattagtcttcatctgatgaatgaagaaattttctcat attatgttcaagaaagtatttacttcctaaaaatagaattcccgattctgtctattttggttgaataccagaacaaatctttccgttgcaatc ccagtaaaacgaaagaaaaggaatatcttacagactgttcatattagatgtatgtagactgttaatttgcantttccccatatttcctgc ctatcttacccagataactttctttgaaggtaaaagctgtgcaaaaggcatgagactcaggcctactctttgtttaaat
519	228640 at	aatcttgtgagttgtgacctaggtgaaggtntaatgataacatctggaggaagcatcatttgttcagctacctagggtttactttcagact tttcctacagtttaaagcacttgcgttcagtgtggtacgatctgtttgtaatgttaatcattgactattgttctgctacttggatgttgatagtga agcagagaacaatttatcatcgtttattatgagtcactatgcacgcaactatgcttaacatggcgaaatgtattaaacactcgtccaac tattt
520	228706 _s_at	aaagggtggcatttgcgtcacgtggaccagggacagtgctgaaatcagcagtgctcagaaacaatttaacatgttgaaacgaca atattctaaaatactgatgaatcttgcatcaatataattattgggttttttttctttttcctgctgtataactccttgccatgcaaactctcaaga ggccaatatattcctggccatgtttgaatgagcctcttaaaataaacttagagccatgcaaatgccagcagcttaatggatttcatgg aatgaaataccgtgattaactcatagctacatatcattgcataaatgggatttatctttttctcacttatttttgcggtgaaa
521	228707 _at	agagccatgcaaatgccagcagcttaatggatttcatggaatgaaataccgtgattaactcatagctacatatcattgcataaatgg gatttatctttttctcacttatttttgcggtgaaagtcgagggcatgcaagagtttctcttccagaagccaagaggagaacaaaggtcc taatgctgtactattccacccttggacgcctcatccaggacgcagaggactctaggtttaacatttt
522	228750 _at	gacccagagtcacctaagagaactcttccaacttaaatgactagggtgtgtaatcagttgcttcttattctgtgtctcagatttcctagtc catgacatttaatagtgagtatagagtaggatattctatacattttagtatttggcccttggaaacaaagttaaataccatgtcactcag aagactctcaaagtttgtgtataaatggcgaagtatgcactatgagagattctaatccattcacatcattcttgagttgtgcaaatacac ttggctttgatttcacttggtgatctaaatttgtttatttaagctgcaagaaagttacattaatttggaatgtgtcatcacttggacccagtat atcagatttttattgagtaaaatgttaaaaataataagtgtaactcagattctggatgttcgagtttacaatacattgcctgtaataaaag ctgattctgaagtgcatttttcttgacttactttggcag
523	228766 _at	atgcacgtacaaatttcttaacctgttatcaatgtctgagctacataattatctttctagttggagtttgttttaggtgtgtaccaactgacatt tcagtttttctgtttgaagtccaatgtattagtgactctgtggctgctctcttcacctgccccttgtggcctgtctacaattctaaatggattttg aactcaatgtcgtcgcttctggtttcctgcatataccaatagcattacctatgacttttttttttcctgagctattttcactgagctgagctaatg aactaaaactgagttatgtttaatatttgtatcaaatacataaaaggaatactgctttttccttttgtggctcaaaggtagctgcatt
524	228846 _at	ggaatcttttccaataaccagctaaagatttgcactgaaatacaacttgtatgccttttgcatttttaaagcctgcttcctggatttaagca gagtgatagtgttcaaagagccagttcagcctgtaacatatttgaaaaagatatgtctgcactttgaggtccctttgaatgccattcac tagacctctcaagcattttgtttcattgctacatccaagcgcctcacaagtccacaatgcgggacagcatcaaaagctcaagactttg naaaaagcttgtgggcttgcactgggggagggaagggaacaaaatttgtgtacttctttgtttaatttagaaataaggcatccaaga gatgccattatttttctgtgtttcaattgttgtgcctttgagttaaactgcatttttgtctttggttgaaatctgaaatgtactgtcccaatat
525	228854 _at	ctccttatctgttctagttccgaagcagtttcactcgaagttgtgcagtcctggttgcagctttccgcatctgccttcgtttcgtgtagattga cgcgtttctttgtaatttcagtgtttctgacaagatttaaaaaaaaaaaaaaggaaaaaaaaagaaaaaatgaatttactgctgcag gttttttctctctccatgtgtcactaagtgaagtttgtgccttctatagcaaagagaatatttttacatcctactaacagtagatttttttgtag tgaacatttttgtatttttatttataagtctcataagaaaaatagcaatgttcagttgtatacctgaatctgcagttaga
526	228885 _at	aataggtcttgcaggtttccttttgaattttaagtatcataaatatttttaagtaaataatacggggtgtcagtaatatctgcagaatgaat gcagtctttcatgctaatgagttagtctggaaaaataaagtcttatttctatgttttattcatagaaatggagtattaatttttaatattttcac catatgtgataacaaaggatctttcatgaatgtccaagggtaagtcagtattaattaatgctgtattacaaggcaatgctaccttctttatt ccccctttgaactaccttgaagtcactatgagcacatggatagaaatttaacttttttttgtaaagcaagcttaaaatgtttatgtatacat acccagcaacttttataaatgtgttaaacaattttactgatttttataataaatattttggtaagattttgaataatatgaattcaggcagata tactaaactgcttttatttacttgtttagaaaattgtatatatatgtttgtgtatcctaacagctgctatgaa
527	228961 _at	gagaacatcagatctaatagagcatagtgatactatttaatttaaccaaagtctctagtgaatatttcancttgaatgtaaactaaca aataaacctgaccaccaaggagattgtttgcccagagtttcaaagcacattgtctacaaatggaaattgaaataatttataaaatatt gacgttactatgttttttaaaaagttcctaatttttttcactaaatggaggaaactattagttttattgttaaatatggtagatattaatattcctct tagatgaccagtgattccaattgtcccagtttgaaataagtaccctgtgagtatgagataaattagtgacaatcagaacaagtttcagt atcagatgttcaagaggaagttgctattgcattgattttaatatttgtacataaacactgatttttttgagcattattttgtatttgttgtactttaa tacctggtgtacagttccagaaa

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
528	229070 _at	gaaggatgctgaggacctagatgagaagttacctgcaaaaggcaaaagggttacttagtgtcagaaccaaggcaatgacttctct ctcccagatctcctagctactggtcctgggccannttttttttttaaataatcccaacnttctttaaaagacaagcatttcagtaagcta gttattttcatgggttgctcatccatttttttcagtgatctaaaaatgtagggagatggctactactgaagttgtctgtctacttgggataata gcaaattaattgaagacaatgggaaagtaagttataaaaaatactgggaaatctgtttctcttctgagcaagcattcagggcaggta taaacatcaaacatagtgacattgtcaaaacctcttccatt
529	229254 _at	ggaaagagaaacgtggctcaagtgctggctcaccttctagctgtgtggccctgggcaggttactgaggctcttccaanctcacttttc acatgtaaaatggcatttctaaaagtacctaccctacctcaaaggaattctgaaaaaagtaagtgaatttgtnannnaagcaaagc actcacaatatgcctgacacacaaactgcttaataaatgttagtaatttttaaaacctcctcataagcggcttagaaattattcatgtttg gtacatatttattgcaagtcaagcagatccaacttttttgaaagctggtggtctaggagtatagttttaattatatttgtaaatactcaaaa gtattagatgccagtctaatttaaatgcagtctgactgtagcgagtaactgacctgggcaatg
530	229530 _at	gggactcagttcttagagaagtcttttggtcttagagttcatcaagcagagaaggggaaggacatggtccaggaaaataaatcag cacacaaagagatggggtcttgagggtgcatagtacattctggacagccagttacctgggatgagttgggagggaggagaataa ggacaaaagaccatctgggcaaaaatcacgaaggggtatgtgtgtcatgtaaaggtgtgccatgatagttattcatattgctattgta atattaatatatagtaattaactacacatgacacagctttacatgaccttaagtagttatcaacattaccataatagtaatattaataact acaataagagccattattattcacttgagg
531	229659 _s_at	gttagcaagtgccagcttgtaggctggttgaagtacagaactcagaggaaaaaagaaattaaattttagctttctggagagcagcc cctctctggcaccatcaaacacttctttgtttcccttcaacttggaactcttcaaacatcaggggttgtgagggtttggccattcttttatctt gggtccatgtgagtgacagaaatggtgcggcctgggaaagatctccctccttttacattttctcttctccctcctcctcttattctaaaact gtgcctccaacagaggggcaggggctcttgtagagagatccctggcccaggacaggagatgccaaatctaatttatctcactgag ggc
532	229831 at	tttcctaccaatttcacattttgcagaaacttgttcacatttccaacaatatcagaattagaaaacagttcagataacaagaaagatta aaaattagggaaattctgatatcaccataaagcactattttacatttagagattacatttaagataaagtcatcatacacaaaaacaa taaatatttataactttctctataaggtccgcatatactgtatatattgaaacaatctgaatgactagtagatttcatatgaccattgttatttc cactttctccaatacttgtattttatgctacatgtaatgaagttggacctttttattatttagtaattcctatatgttcctatacttttcattttcaan atgattgctctattgtttcatgttgtttctagcaatatatctccatgagatatgcactttgtttcatattgaaaagtataaaatttatctttcaattc ctgtgtgtgtatcctatggttatctgtatgtat
533	229839 _at	tcccaacccggttctggcaaagaatccagttatcccttccatgaagacgcacataactctcttacttggtctttccattagggacaaca taagtcttgttttacatcaaataaaaacaatgttaaaaagtgtgtgaaccttaaaaatggaagtctactagtttacatacctacttcaga ggacatggaaatgaccatgggcctgcatttcagggaccaaagcaaattaggcctggcctaaaatacatcagacctttg
534	230087 _at	gttgaccccaactttggaactcagatcataggatctcccagaggtttcaggtgttcctaagaagcttctaaaggaagttttggaagaa agactaataggtgtaaacatataaacatatatattatatatagctatatatatttaaagagatctctacatatatatatataaatacaa ctactgtactctctgcatctgtacaaagtatgagttaaactgcccaggtagtgtgagatacgtaatgcatgaatgtgaatatcctgaaa tctgccttcttagcaacgtgccgcgtgtactggagagaggacagttgctcctgggagttctctcaatgggcaaatgtacaagttgatg ccgtcttatccaccaacaagccattaaggttggtttcctgctgagacttttgtaccggaagcgagaccggcagcactgggggtgtcc atatgccacttatgagg
535	230264 _s_at	ggccaaggcacatttgactcctgagatgaatttttgtggtcataatcaaatacttagttgtttttgatgccccaaaataaagtgagaatg gtaatttgccaggaattcttcataacagtatcttacaaaaaacgtgttgctctcttcacagtattatgtgtaaagtcattgtttaaagcacg aatgttccctctggggtacttgttaaagctaaatttattttgcttccctccacttagaagtgctgcacactttacagcagcttcctttctttcca tngcactgcctagttaacagaagtcttataaaaatttaaaaagacacatttcttacaaaaaagagttgaatgaggtaaaatggcatt agatggctctatatttttttaaagctatgtaattgttcagcgtcacttttctaagtacttatacatatctaaacatgtcttcatggtttatattttca cttatatatgctgggctggattaagctttgt
536	230595 _at	ggggcagagggactatgttgtgagcctngcnaaagaagnttgtgtggggactgtgggcagtgaatgcgttgggaacaatatgga aaactgggagctgccttggaatctacagggccgnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnnggctgaagaaaaga agaatggtattcatgcagttcccatttacagatgaaaacaagaggacttttctgtgaagtcaagaaagtggttacaatggtactttc agcctgtccgaattatgtattgcccctcccctttttattaataacattgaagtgtgatgggacaaccactgaagccgtctgttgaaacct gctgggacttttagccattctcttcaacataaagaatgggtgtttttggaggggggtgagaggaatggggaaatgttgtcaaagagta caatgttttagttgagacaggaggaatatatttgttgagatctacagcacagcat

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
537	230788 _at	gatagcgaatgcactcagggtcagcagtggagtttaaaaattgtctcttttcaacttatttaaatgacagcacctgagaagaggaac cgttttacactggatgtttctcatgtagaacaagaaatctttctggaattgatgtttacatgtctgttgttggtcatctctcctgtgtcttaaata ctttaatgttggaagagcatagtgtttgggctagtgggtttctgacagcccatgggaatgccctgaaactactgtatctgatgtttgttttc gatgaggttccatgttttgttttc
538	230830 _at	gcagctgtggtggtcattataagcatngtccntcctgggaagaagcatccaggcaagcagaaaagaaaagatgcagccacca gaaaaagaaactccagaagtcctgcatttggatgaggccaaggatcacaacagcctaaacaacctaagagaaacttgctctca gaaaagccaaacttggcccaggtggaacttgagttaaaagagagagatgtgctgtcagttttccttccggatgtaccagaaactga gagctagtgagggttcagagaagccccatcctaagccagacacatgatgtgggctcagctcagtggcctgaaacctctcaggtttt agagtctctcccaagaagccgctttttc
539	231120 _x_at	tactagttgttttacactctcttttcttattcttagggcttttgtgtatgtctnactnntntttnaannanntncncnnnnanncagaccttaa nttttatatttttttaaagtngctaacatagcngnaggcacttaagcatttagtcaatgatattggtagaaatagtaaaatacatcctttaa atatatatctaagcatatattttaaaaggagcnaaaataaaaccaaagtgttagtaaattttgatttattagatattttagaaaaataata gaattctgaagttttaaaaatgtcagtaattaatttatttttcattttcagaaatatatgcatgcagttatgttttatttgattgttgacttaggcta tgtctgtatacagtaaccaa
540	231579 _s_at	gagtaggttcggtctgaaaggtgtgggcctttatatttgatccacacacgttggtcttttaaccgtgctgancagaaaacaaaacngg ttaanaananccgggtggnnagntgacagaggnaanccgctnaaatacctcacaataaatagtggcaatatatatatagtttaa gaaggctccccatttggcatcgtttaatttaaatgttatgttataagcacagctctcttctccaattttcatcctgcaagcaactcaaaan nnttnaaannaannttnnnntgtagttattttcaaatctttgcttgataagtattaagaaatantggacttgctgccgtaatttaaagctct gttganttgtttccgnttgganttttgggggaggggagcactgtgtttatgctggaatatgaagtctgagaccttccggtgctgggaac acacaa
541	231773 _at	ggaacctataaatgtagtttcatctgtcgtcaattactgcagaaaattatgtgtatccacaacctagttattttaaaaattatgttgactaa atacaaagtttgttttctaaaatgtaaatatttgccacaatgtaaagcaaatcttagctatatttttaaatcataaataacatgttcaagata cttaacaatttatttaaaatctaagattgctctaacgtctagtgaaaaaaatatttttaaaatttcagccaaataatgcattttatttataaa aatacagacagaaaattagggagaaacctctagttttgccaatagaaaatgcttcttccattgaataaaagttatttcaaattgaann ngtnccttttcacangtnnatgattaaatctganttcttaatnatatatcctatgctgattttcccaaaacatgacccatagtattaaatac a
542	231925 _at	tctttttgagtgatagtgccattgaatgagcagtatggaaacagtgttacttgatattttgagctttctcaggtttatctaaatcagtggtag cttaacaaaacccagactaattgtgtgtaattgtatttttaataaaaggaaagtacatttcctataatagcatagtactgtttgcatgtaa gagtatgcaaaaccttgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtcttagtgtgtgtaaggcatggcagccaactttgtatctgctatt tttagtacgagcagagcttcataattgtggtcactagaactgtacttaccatggacagttaaaact
543	231975 _s_at	tctctcagtttaaacatcttaacagagaatttgttactgtttattaaaagaattgcatttggaagcaagaaaacaaccggatttgcaatc atgtgaagaaacaataatgcctttattatcaagtgttaagcacaattcttataacaaactgtgataaattcttttgttttttttccttgcccc attattttcttatgaacaaaccaaaaattcatggtgagcagttgcagtgttggctgatatatcttttatgtacagggaatttgaaaaggac agtggattcatttagaagtgtaactggtgctgtgattatagcaatacatttgttagttgtacttcatctttttcatgctagcttttaaatgtttag ttttcctcttgtcatggtcagctgctgaatttacttgaag
544	233565 _s_at	agattctggccacggctgggaacgttgtcaccctgaccatcatccccagtgtgatctacgagcacatggtcaaaaagttgcctcca gtcctgctccaccacaccatggaccactccatcccagatgcctgaagccactgcagggcagggcaggcaggggggcttcccg ccctcctgcagcaaagggcaaccaccctcggatgatgggttgcagccggcctgctgcttaaggtgggggctgccatgaggggg cgtgtccaggagggtgaccatgggatggcttatacacacaggcctccttggagcctcagactccaagctaggctgaggctcaggc agggcccacaggcagccgattctcttgtgctgatttaaatgctggacacggaggcaggctgtttaaacgctgcttaaagtcgcaact gggccccttttcaagaaattttgctctaccaggaaaacagttacacattttaagagaacagagctacgttctttgtgagagctttttccttg ccttgacttgctctttgtcacagactgca
545	234764 _x_at	gtcaccatctcttgttctggaagcagctccaacatcggaagtaattatgtatactggtaccagcagctcccaggaacggcccccaa actcctcatctataggaataatcagcggccctcaggggtccctgaccgattctctggctccaagtctggcacctcagcctccctggc catcagtgggctccggtccgaggatgaggctgattattactgtgcagcatgggatgacagattgagtggttttat
546	234987 _at	gtttactctgagattctgtagtcctaatattgtatcattgtgctgtctgcaaaacaacttgaatctatttttgnttgcatcttttgttacatgtaac gcagctgtactttatgttctttgcaactgtttccattatgagaacgctgtgctatttacaaggttacatttttcttggccaggcgaggtggtc atgcctgtaatcccagcactttgggaggccaaggtgggcggatcacttgaggtaaagagttgagaccagcctggctagcatggcg aaacccagtctctactaaaaatancaaaaattagccgggtgaaattagccgggcg

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
547	235146 at	ggtgttttaaggttagcacatgcacaaaggaacgagttggtttaaaaagataaatcactgcaaagaatgaaattggcttattcacat caaaactagataagatgctaaaaaaaaaaagatatgaaacagaactaacctatagtttcctgaaatcagtacagtttaatttataag aagctagaaagtaatgcaccttgattgttttaggaatgatttatgtgttgcaattttaatttatttaaagcatgtctactgtgtttgtcctaaga gaaatatttcaacaaaacgtgctctgtgtttaagatatgtttaggcagtagttagcaactctgaaagtagaaactggaaatgtttattgt gaggcttgttgcagaatttccattttgtgagttactacttagtttcatgtcagcctaaaattgtaaattccctgtagatcttcaccccattgtg gtgtcatcaatgaatccaaagcaggtgccattattt
548	235766 _x_at	gcagggtcataatcacacagcagtgccttatatagttgccataagacttcagtgcagtacaacatanttttacngctacatatcaggg catattctatatggtgtatttgtgttagaataacacattaaatgtctttaaacataaaaataagaatgtttgcatgtttcagttttcaagaac caaatgagtaattagctatagattccactggccttaaacatacaattaagtgtatacatgatatagtgcacacacaaaagccaccttt aattattgaaataacctgtattctttttggaaatcatttaagtttggtattgaagtactatatttttttgtgcatcaatgtatttttctatttacaagc ctatgt
549	235849 _at	ggagatcgtgttctgctttttacatgaggagcagaactgggccatacacgtgttcaagaactaggggagctacctggtagcaagtg agtgcagacccacctcaccttgggggaatctcaaactcataggcctcagatacacgatcacctgtcatatcaggtgagcactggc ctgcttggggagagacctgggcccctccaggtgtaggaacagcaacactcctggctgacaactaagccaatatggccctaggtc attcttgcttccaatatgcttgccactccttaaatgtcctaatgatgagaaactctctttctgaccaattgctatgtttacataacacgcatg tactcatgcatcccttgccagagcccatatatgtatgcatatataaacatagcacttttactacatagctcagcacattgcaaggtttg catttaagttaaaaaaaaaaagaaaaaaaacctaagggtgaaacgatgccactttgacgc
550	236300 _at	tgactttcatacacacccagtacatctcaaaggatgctaagggacattttctgccagtagagttctccccctttttnggtgacagcaat attattatgttcacatctaactccagagcttacttcctgtggtgccaatgtatttgttgcaatttactacatttttatatgagcctatttataggt gccattaaactcaggtctttcaaatgaaagagtttctagcccnctagggaaaaagataattgtttagaaaaccataaaatcaatggt aggaaaagttggaactggttacctggatgccatggttctctgttaaataaagtaagagaccaggtgnannnnnaannnnnanna nngntattttcagcatgctaataaatgtctttccggttatatatctatctaaaattaacctttaaaatattggtttccttgataaaagcacca ctttggcttttgttagctgtaatattttgtcatttagattaagacctggttaggctctcaataaaagatgaagacagtagctctgtacagcg gataatatc
551	236313 _at	gctagttgcattatactgggtcatgaaaaattatcccttgaaatagatatgaaacatgttacttcatttctggtttaaataacttgtggaat ctttcctaatgacaacntgatattaagggaaactaaagaaaatgttattgtggatcccacagtactatattacactgttttttttgtttgtttt gttagttttttttatttaaagcaaacctcaaacattattgggtatcaattaccacctggttgtattaaaatagtaacttatcaatgccatgta aaaattaattccattttcgaagccacctggcagacaggtttagctgtttcatcagcagcctaatatatactgttaaatttgttaaggatttc actttgaaggatacatgcaaaacatatagttactattttcatgagtcctgcttctagctccattgtggaatacagaaaattaaatatacct gttaagttcgtatctaaacctaagacattaccaaggtttgtacaaattctactacctgacatttattccaaga
552	238143 _at	ctcccctgaagaacgtgtccagcaacgcagagtgccctgcttgttatgaatctaatggaacttcctgtngtgggaagccctggaaat gctatgaagaagaacagtgtgtctttctagttgcagaacttaanaatgacattgagtctaagagtctcgtgctgaaaggctgttccaa cgtcagtaacgccacctgtcagttcctgtctggtgaaaacaagactcttggaggagtcatctttcgaaagtttgagtgtgcaaatgta aacagcttaacccccacgtntgcaccaaccacttcccacaacgtgggctccaaagcttccctctacctcttggcccttgccagcctc cttcttcggggactgctgccctgaggtcctggggctgcactttgcccagcaccccatttctncttctctgaggtccagagcacccccctg cggtgctgacaccctctttccctgctctgccccgtttaactgcccagtaagtgggagtcacaggtctccaggcaatgccgacagctg ccttgt
553	238750 _at	tttgtccatagaggcttcaagatagataggtaagagnccagtagtgttcataagaagccaatagagagcaggagccactttatcag gtggcaggtgtcctgggcctccctgctggctagtcccaagcggtggtgttgccaggatgtcttggaggtgataatgggacacacag aggcactgagtctccataggttaaaatgccaccaaaactggcctttgcctaatatccctcattgactatttagcatttaatttatttattttc ctgacatttctgcaagctttgtatttatatttccacttttatagatgaggaaatttgaggctcttagaggtaaaatgacttgcccaggtcaca caggaagtggcagagacaagctttttaaataagaaaaaattaataaaatataatatgagagtaacttaaaatattaataaaccac aattttaaattaattaaccgtgataaccaacattaataaaagttaagataccaaaacactggtgtctaattctttcaac
554	238751 at	gttctgttgtttatccatgaagcctatatatttctagtgcaaaangcccagtgggtctcaaaacattcttggaggggtttgacacactgct attagtagtgactcataattccacgattccctgggatacagagaaggcaggggggtagtactgtttgaacaaaaatcttcccaaga ccctggcaaagagatcttccttaggaatcagtggcatatgcgtttatgttctttaacagggaaagtaaaagtgagcgcacttttttgaa gctcataaatactcatgtgactgtaaatttagaaatgttaattaattgggcctaatgtttgatctggaaaagtacttagcagtcaccagg aatttgccttgaactgactcgaaccacaaatcagaaccgtatttccacaattta
555	239272 _at	gcactgttaaaatccggctaggccaagatttcccaatgtcttgaagccaatggctaggaaaacagctgagcctgggactggacttt gtcagtaacctctcttccctagggcacgggaggagtngggtgaataggacctcttggcttgaggaccatgattgtgaatacagaca tttaattcagaatgacacctacattgatgaattttcattgtacaagtgtttttccagatcaaacacaaaacccatgtaattccttgataaat tttcaatgcagggcagataaactgttgctaac

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
556	241994 _at	gtgatcttggactgtcaattcccctnnctgtgatccattttactgcaaacataagggttgcagtaaagggttgtctcacgtcttctgcttta aaagcctataaatatatgacctgaaaactccagttacataaaggatctgcagctatctaaggcttggttttcttactgtcatatgatacc tgggtctaatgaactctgctgagatcacctcaagtttctgcggttggtaaagagaacaagggaagaacaaacatccctttattgctc caaatggtgatttaatccctacatggtgctgggtggacaatgtgtcactgtcacatgccttnactgtataaatccaaccttctgccaga gagaatctgtggttctggccatggagggaggatagtggaaatgatatagttggactggtgcttgatgtcacta
557	242317 at	atgtgattatacttctctttgacttgtcagcttagctttagnngatacactctggtgcccaactattattgtatcagtgaacttnccactttnct tttncctttnctctcaatttttgttgtatcattcctaccttgtgaggacatataatatttacattctgttgtcatcctcacatttcttagttccacag tttaaatgtatttgaaactcaaaacattcccattaatctcttggtcagctgaaattaatgatttaatagtttccttaaaaaagactcatgga acaatttccctaaatttttgccatgtcaaatatgtttatctgtagcctttacacagtaaaaacaatttggctagataatacaattctcagttc atat
558	242447 _at	agggcacttctcaacattaattttggaattattcaccatttaaaaattgtcactgctcttttcattactgtagataactgagagttagctgtt ctaggaaaaggccatgtttcagttagtgctatgacttctttttcgattaaggttgaagcagtgttctcttagtagcctgaacacttctcaa agcgacttatcactagcggctttaatattgagcttctatatcgttgtgtccacctcacttttaaggctgttcatacctggcaatattcactta ctctgctatttttaaaaactattttaaagttttaagcacaatgttgactcttctgtaatttcctaaaattatattgttttcctacagacagctcaa ctttccttgatatgt
559	242601 _at	ctcattattcctttacatgcagaatagaggcatttatgcaaattgaactgcagtttttcagcatatacacaatgtcttgtgcaacagaaa aacatgttggggaaatattcctcagtggagagtcgttctcatgctgacggggagaacgaaagtgacaggggtttcctcataagttttg tatgaaatatctctacaaacctcaattagttctactctacactttcactatcatcaacactgagactatcctgtctcacctacaaatgtgg aaactttacattgttcgatttttcagcagact
560	243278 _at	ataaatgaccagacttttttctaagaaaaatgttgctttaatgcatttcatgaatttttactcttatatcattgcttgctagtaatagcaaatctg cttttctgcatctgctttgcgtagctattgtaaggctttgaactaatgtatgtatttattgcttgaacttctgtgcataccttataaagcataatg tctgacaatttaaatggctcatgtattcttgcttntatcataagctgattatggggactatgatctttttgtatacagcaaattttaaactgtag cacaaacatctgtttatgtattggtggaatatacctgttttatttatctttttgaggtaaactaatttttgatactttcattactgtgtactatgtt catactttgaattctctgacgttagaagtcatggttgagaattgtaacagctgttattcgttctgtattcatggctttc
561	200832 _s_at	aaaagcgaggtggccatgttatgctggtggttgccagggcctccaaccactgtgccactgacttgctgtgtgaccctgggcaagtc acttaactataaggtgcctcagttttccttctgttaaaatggggataataatactgacctacctcaaagggcagttttgaggcatgacta atgctttttagaaagcattttgggatccttcagcacaggaattctcaagacctgagtatttttataataggaatgtccaccatgaacttg atacgtccgtgtgtcccagatgctgtcattagtctatatggttctccaagaaactgaatgaatccattggagaagcggtggataacta gccagacaaaatttgagaatacataaacaacgcattgccacggaaacatacagaggatgccttttctgtgattgggtgggatttttc ccttttatgtgggatatagtagttacttgtgacaagaataatttggaataatttctattaatatcaactctgaagctaattgtactaatctg agat
562	201147_s_at	gagtcggagatgatgcagcacacacacaattccccagcccagtgatgcttgtgttgaccagatgttcctgagtctggagcaagca cccaggccagaataacagagctttcttagttggtgaagacttaaacatctgcctgaggtcaggaggcaatttgcctgccttgtacaa aagctcaggtgaaagactgagatgaatgtctttcctctccctgcctcccaccagacttcctcctggaaaacgctttggtagatttggcc aggagctttcttttatgtaaattggataaatacacacaccatacactatccacagatatagccaagtagatttgggtagaggatactat ttccagaatagtgtttagctcacctaggggggatatgtttgtatacacatttgcatatacccacatgggg
563	201162 _at	ggaatgtcactggtgcccaggtgtacttgagctgtgaggtcatcggaatcccgacacctgtcctcatctggaacaaggtaaaaagg ggtcactatggagttcaaaggacagaactcctgcctggtgaccgggacaacctggccattcagacccggggtggcccagaaaa gcatgaagtaactggctgggtgctggtatctcctctaagtaaggaagatgctggagaatatgagtgccatgcatccaattcccaag gacaggcttcagcatcagcaaaaattacagtggttgatgccttacatg
564	201163 _s_at	aggtgaaggtgccgagctataaacctccagaatattattagtctgcatggttaaaagtagtcatggataactacattacctgttcttgc ctaataagtttctttttaatccaatccactaacactttagttatattcactggttttacacagagaaatacaaaataaagatcacacatca agactatctacaa
565	201185 _at	ctcaaagactctcccgtggatgacggatgaggactctgggctgctggaataggacactcaagacttttgactgccattttgtttgttca gtggagactccctggccaacagaatccttcttgatagtttgcaggcaaaacaaatgtaatgttgcagatccgcaggcagaagctct gcccttctgtatcctatgtatgcagtgtgctttttcttgccagcttgggccattcttgcttagacagtcagcatttgtctcctcctttaactgagt catcatcttagtccaactaatgcagtcgatacaatgcgtagatagaagaagccccacgggagccaggatgggactggtcgtgtttg tgcttttctccaagtcagcacccaaaggtcaatgcacagagaccccgggtgggtgagcgctggcttctcaaacggccgaagttgc ctctttt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
566	201261 _x_at	tctctctttctgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtcttgtgcttcctcagacctttctcgcttctgagcttggtggcctgttccc tccatctctccgaacctggcttcgcctgtccctttcactccacaccctctggccttctgccttgagctgggactgctttctgtctgtccggcc tgcacccagcccctgcccacaaaaccccagggacagcggtctccccagcctgccctgctcaggccttgccccaaacctgtact gtcccggaggaggttgggaggtggaggcccagcatcccgcgcagatgacaccatcaaccgccagagtcccagacaccggtttt cctagaagcccctcacccccactggcccactggtggctaggtctcccctatccttctggtccagcgcaaggaggggctgcttctga ggtcggtggctgtctttccattaaagaaacacc
567	201792 _at	ccaccgctggctgggaggagtcggagactgagacctacacagaggtggtgacagagtttgggaccgaggtggagcccgagttt gggaccaaggtggagcccgagtttgagacccagttggagcctgagttcgagacccagctggaacccgagtttgaggaagagg aggaggaggagaaagaggaggagatagccactggccaggcattcccctcacaacagtagagacctacacagtgaactttgg ggacttctgagatcagcgtcctaccaagaccccagcccaactcaagctacagcagcagcacttcccaagcctgctgaccacagt cacatcacccatcagcacatggaaggcccctggtatggacactgaaaggaagggctggtcctgccccttgaggggtgcaaac atgactgggacctaagagccagaggctgtgtagaggctcctgctccacctgccagtctcgtaagagatggggttgctgcagtgttg gagtaggggcagagggagggagccaaggtcactcca
568	202237 _at	ctactacatgattggtgagcagaagttctccagcctccccctgggccgggaggcagtagaggctgctgtgaaagaggctggctac acaatcgaatggtttgaggtgatctcgcaaagttattcttccaccatggccaacaacgaaggacttttctccctggtggcgaggaag ctgagcag
569	202238 _s_at	tcgtcactgactactcagaccagaacctgcaggagctggagaagtggctgaagaaagagccagaggcctttgactggtcccca gtggtgacctatgtgtgtgatcttgaagggaacagagtcaagggtccagagaaggaggagaagttgagacaggcggtcaagca ggtgctgaagtgtgatgtgactcagagccagccactgggggccgtcccctaccccggctgactgcgtgctcagcacactgtgtc tggatgccgcctgcccagacctcccacctactgcagggcgctcaggaacctcggcagcctactgaagccaggggcttcctgg tgatcatggatgcgctcaagagcagctactac
570	202310 _s_at	tggcctacatggaccagcagactggcaacctcaagaaggccctgctcctccagggctccaacgagatcgagatccgcgccgag ggcaacagccgcttcacctacagcgtcactgtcgatggctgcacgagtcacaccggagcctggggcaagacagtgattgaatac aaaaccaccaagacctcccgcctgcccatcatcgatgtggccccttggacgttggtgccccagaccaggaattcggcttcgacg ttggccctgtctgcttcctgtaaactccctccatcccaacctggctccctcccacccaaccaactttccccccaacccggaaacaga caagcaacccaaactgaaccccctcaaaagccaaaaaatgggagacaatttcacatggactttggaaaatatttttttcctttgcatt catctctcaaacttagtttttatctttgaccaaccgaacatgacca
571	202311 _s_at	gctccccatttttataccaaaggtgctacatctatgtgatgggtggggtggggagggaatcactggtgctatagaaattgagatgccc ccccaggccagcaaatgttccttttttgttcaaagtctatttttattccttgatatttttttnttttttttttttttttgtggatggggacttgtgaattttt ctaaaggtgctatttaacatgggaggagagcgtgtgcggctccagcccagcccgctgctcactttccaccctctctccacctgcctct ggcttctcaggcctctgctctccgacctctctcctctgaaaccctcctccacagctgcagcccatcctcccggctccctcctagtctgtc ctgcgtcctctgtccccgggtttcagagacaacttcccaaagcacaaagcagtttttnccccctaggggtgggaggaagcaaaaga ctctgtacctattttgt
572	202404 _s_at	actttcccatgagtgtgatccacattgttaggtgctgacctagacagagatgaactgaggtccttgttttgttttgttcataatacaaaggt gctaattaatagtatttcagatacttgaagaatgttgatggtgctagaagaatttgagaagaaatactcctgtattgagttgtatcgtgtg gtgtatttttttaaaaaatttgatttagcattcatattttccatcttattcccaattaaaagtatgcagattatttgcccaaagttgtcctcttcttc agattcagcatttgttctttgccagtctcattttcatcttcttccatggttccacagaagctttgtttcttgggca
573	202450 _s_at	gaacaacgcctgtggcattgccaacctggccagcttccccaagatgtgactccagccagccaaatccatcctgctcttccatttcttc cacgatggtgcagtgtaacgatgcactttggaagggagttggtgtgctatttttgaagcagatgtggtgatactgagattgtctgttcag tttccccatttgtttgtgcttcaaatgatccttcctactttgcttctctccacccatgaccttttcactgtggccatcaggacttttcccttgacag ctgtgtactcttaggctaagagatgtgactacagcctgcccctgactgtgttgtcccagggctgatgctgtacaggtacaggctggag attttcacataggttagattctcattcacgggactagttagctttaagcaccctagaggactagggtaatctgacttctcacttcctaagtt cccttctatatcctcaaggtagaaatgtctatgttttctactccaattc
574	202859 _x_at	gtacccagttaaattttcatttcagataaacaacaaataatttttttagtataagtacattattgtttatctgaaagttttaattgaactaacaa tcctagtttgatactcccagtcttgtcattgccagctgtgttggtagtgctgtgttgaattacggaataatgagttagaactattaaaacag ccaaaactccacagtcaatattagtaatttcttgctggttgaaacttgtttattatgtacaaatagattcttataatattatttaaatgactgc atttttaaatacaaggctttatatttttaacttaagatgtttttatgtgctctccaaatttttttttactgtttctgattgtat

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
575	202878 _s_at	atccgaattctccatatattcactaatcaaagacactattttcatactagattcctgagacaaatactcactgaagggcttgtttaaaaat aaattgtgttttggtctgttcttgtagataatgcccttctattttaggtagaagctctggaatccctttattgtgctgttgctcttatctgcaaggt ggcaagcagttcttttcagcagattttgcccactattcctctgagctgaagttctttgcatagatttggcttaagcttgaattagatccctgc aaaggcttgctctgtgatgtcagatgtaattgtaaatgtcagtaatcacttcatgaatgctaaatgagaatgtaagtatttttaaatgtgtg tatttcaaatttgtttgactaattctggaattacaagatttctatgcaggatttaccttcatcctgtgcatgtttcccaaactgtgaggaggg aaggctcagagatcgagcttctcctctgagttctaacaaaatggtgctttgagggtcagcctttaggaaggtgcagctttgttgtccttt g
576	202917 _s_at	ggcatcatgttgaccgagctggagaaagccttgaactctatcatcgacgtctaccacaagtactccctgataaaggggaatttccat gccgtctacagggatgacctgaagaaattgctagagaccgagtgtcctcagtatatcaggaaaaaggggtgcagacgtctgg
577	202998 _s_at	gccagtcttgaccgggatgaggcccacagacaggttgtcatcagcttgtcccattcaagccaccgagctcaccacagacacagt ggagccgcgctcttctccagtgacacgtggacaaatgcgggctcatcagccccccagagagggtcaggccgaaccccatttct cctcctcttaggtcattttcagcaaacttgaatatctagacctctcttccaatgaaaccctccagtctattatagtcacatagataatggtg ccacgtgttttctgatttggtgagctcagacttggtgcttccctctccacaacccccaccccttgtttttcaagatactattattatattttcac agacttttgaagcacaaatttattggcatttaatattggacatctgggcccttggaagtacaaatctaaggaaaaaccaacccactgt gtaagtgactcatcttcctgttgttccaattctgtgggtttttgattcaacggtgctataaccagggtcctgggtgacagggcgctcactg agcaccatgtgtcatcacagaca
578	203083 _at	caggaaatagtcactcatcccactccacataaggggtttagtaagagaagtctgtctgtctgatgatggataggggcaaatcttttt ccccttttctgttaatagtcatcacatttctatgccaaacaggaacgatccataactttagtcttaatgtacacattgcattttgataaaatta attttgttgtttcctttgaggttgatcgttgtgttgttttgctgcacttttttacttttttgcgtgtggagctgtattcccgagacaacgaagcgttgg gatacttcattaaatgtagcgactgtcaacagcgtgcaggttttctgtttctgtgttgtggggtcaaccgtacaatggtgtgggaatgac gatgatgtgaatatttagaatgtaccatatttttttgtaaattatttatgtttttctaaacaaatttatcgtataggttgatgaaacgtcatgtgttt tgccaaagactgtaaatatttatttatgtgttcacatggtcaaaatttcaccactgaaaccctgcacttagctagaacct
579	203325 _s_at	cccacctggagctgaatcacatgacctagctgcaccccagcgcctgggcccgccccacgctctgtccacacccangcgccccg ggagcggggccatgcctccagccccccagctcgcccgacccatcctgttcgtgaataggtctcaggggttgggggagggactgc cagatttggacactatatttttttctaaattcaacttgaagatgtgtatttcccctgaccttcaaaaaatgttccaaggtaagcctcgtaaa ggtcatcccaccatcaccaaagcctccgtttttaacaacctccaacacgatccatttagaggccaaatgtcattctgcaggtgccttc ccgatggattaaag
580	203570 _at	ctggaggacagcacctgtgacttcggcaacctcaagcgctatgcatgcacctctcatacccagggcctgagcccaggctgctatg acacctacaatgcggacatcgactgccagtggatcgacataaccgacgtgcagcctgggaactacatcctcaaggtgcacgtga acccaaagtatattgttttggagtctgacttcaccaacaacgtggtgagatgcaacattcactacacaggtcgctacgtttctgcaac aaactgcaaaattgtccaatcctgatctccgggagggacagatggccaatctctcccctccaaagcaggccctgctccccgggc agcctcccgccgaggggcccagcccccaacccacaggcagggaggggcatccctccctgccggcctcagggagcgaacgtg gatgaaaaccacagggattccggatgccagaccccattttatacttcacttttctctacagtgttgttttgttgttgttttttattttttatac tttggccataccacagagctagattgccc
581	203878 _s_at	tgccagcgactgtctcagactgggcagggaggctttggcatgacttaagaggaagggcagtcttgggacccgctatgcaggtcct ggcaaacctggctgccctgtctcatccctgtccctcagggtagcaccatggcaggactgggggaactggagtgtccttgctgtatcc ctgttgtgaggttccttccaggggctggcactgaagcaagggtgctggggccccatggccttcagccctggctgagcaactgggct gtagggcagggccacttcctgaggtcaggtcttggtaggtgcctgcatctgtctgccttctggctgacaatcctggaaatctgttctcca gaatccaggccaaaaagttcacagtcaaatggggaggggtattcttcatgcaggagaccccaggccctggaggctgcaacata cctcaatcctgtcccaggccggatcctcctgaagccctttcgcagcactgctatcctccaaagccattgtaaatgtgtgtacagtgtgt ataaaccttcttcttctt
582	204006 _s_at	gagtacaggtgccagacaaacctctccaccctcagtgacccggtgcagctagaagtccatatcggctggctgttgctccaggccc ctcggtgggtgttcaaggaggaagaccctattcacctgaggtgtcacagctggaagaacactgctctgcataaggtcacatatttac agaatggcaaagacaggaagtattttcatcataattctgacttccacattccaaaagccacactcaaagatagcggctcctacttct gcagggggcttgttgggagtaaaaatgtgtcttcagagactgtgaacatcaccatcactcaaggtttggcagtgtcaaccatctcatc attctctccacctgggtaccaagtctctttctgcttggtgatggtactccttttgcagtggacacaggactatatttctctgtgaagacaa acatttgaagctcaacaagagactggaaggaccataaacttaaatggagaaaggaccctcaagacaaatgacc
583	204051 _s_at	aaccagccagtcccaagaagaacattaaaactaggagtgcccagaagagaacaaacccgaaaagagtgtgagctaactagt ttccaaagcggagacttccgacttccttacaggatgaggctgggcattgcctgggacagcctatgtaaggccatgtgccccttgccc taacaactcactgcagtgctcttcatagacacatcttgcagcatttttcttaaggctatgcttcagtttttctttgtaagccatcacaagcca tagtggtaggtttgccctttggtacagaag

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
584	204320 _at	gaaaatgtaccttggtgccaccaacccattttgtgccacatgcaagttttgaataaggatgtatggaaaacaacgctgcatatacag gtaccatttaggaaatacccgatgcctttgtgggggcagaatcacagacaaaagctttgaaaatcataaagatataagttggtgtgg ctaagatggaaacagggctgattcttgattcccaattctcaactctccttttcctatttgaatttctttggtgctgtagaaaacaaaaaaa gaaaaatatatattcataaaaaatatggtgctcattctcatccatccaggatgtactaaaacagtgtgtttaataaattgtaattatttttgt gtacagttctatactgttatctgtgtccatttccaaaacttgcacgtgtccctgaattccgctgactctaatttatgaggatgccgaactct gatggcaataatatatgtattatgaaaatgaagttatgatttccgatgaccctaagtcc
585	204475 _at	gaagaactgtctattttctcagtcatttttaacctctagagtcactgatacacagaatataatcttatttatacctcagtttgcatatttttttac tatttagaatgtagccctttttgtactgatatataatttagttccacaaatggtgggtacaaaaagtcaagtttgtggcttatggattcatatag gccagagttgcaaagatcttttccagagtatgcaactctgacgttgatcccagagagcagcttcagtgacaaacatatcctttcaag acagaaagagacaggagacatgagtctttgccggaggaaaagcagctcaagaacacatgtgcagtcactggtgtcaccctgg ataggcaagggataactcttctaacaca
586	204620 _s_at	tgccgtgctcccaaaacattttaaatgaaagtattggcattcaaaaagacagcagacaaaatgaaagaaaatgagagcagaaa gtaagcatttccagcctatctaatttctttagttttctatttgcctccagtgcagtccatttcctaatgtataccagcctactgtactatttaaa atgctcaatttcagcaccgatggccatgtaaataagatgatttaatgttgattttaatcctgtatataaaataaaaagtcacaatgagttt gggcatatttaatgatgattatggagccttagaggtctttaatcattggttcggctgcttttatgtagtttaggctggaaatggtttcacttgc tctttgactgtcagcaagactgaagatggcttttcctggacagctagaaaacacaaaatcttgtaggtcattgcacctatctcagccat aggtgcagtttgcttctacatgatgctaaaggctgcgaatgggatcctgatggaactaaggactccaatgtcgaactcttctttgctgc
587	204811 _s_at	ggggaactgagggcaaggggatatagtgatggggctcagatggactgggaggaggggagggtgatgcattaattaatggctt cgttaattaatgtcatgttgcttgtcgctttctcagtgtgtgtgtggtccatgcccactgctggtgccagggtgggtgtccatgtgcacc cggcctggatgccagctgtgtccttcgggggcgtgcgtgtaactgtagtgtagtcaggtgctcaatggagaatataaacatatacag aaaaatatatattttaagtttaaaaaacagaaaaacagacaaaacaatccccatcaggtagctgtctaacccccagctgggtcta atccttctcattacccacccgacctggctgcccctcaccttgggctgggggactgggggccatttccttttctctgccctttttttgttgttc tattttgtacagacaagttggaaaaacaacagcgacaaaaaagtcaagaaactttgtaaaatatcgtgtgtgtgattccttgt
588	205479 _s_at	cccgaccggtgggcatttgtgaggcccatggttgagaaatgaataatttcccaattaggaagtgtaagcagctgaggtctcttgagg gagcttagccaatgtgggagcagcggtttggggagcagagacactaacgacttcagggcagggctctgatattccatgaatgtat caggaaatatatatgtgtgtgtatgtttgcacacttgttgtgtgggctgtgagtgtaagtgtgagtaagagctggtgtctgattgttaagtc taaatatttccttaaactgtgtggactgtgatgccacacagagtggtctttctggagaggttataggtcactcctggggcctcttgggtcc cccacgtgacagtgcctgggaatgtacttattctgcagcatgacctgtgaccagcactgtctcagtttcactttcacatagatgtcccttt cttggccagttatcccttccttttagcctagttcatccaatcctcactgggtgggg
589	205765 _at	caccacctacctatgatgccgtggtacagatggagtaccttgacatggtggtgaatgaaacactcagattattcccagttgctattag acttgagaggacttgcaagaaagatgttgaaatcaatggggtattcattcccaaagggtcaatggtggtgattccaacttatgctcttc accatgacccaaagtactggacagagcctgaggagttccgccctgaaaggttcagtaagaagaaggacagcatagatccttac atatacacacccttggaactggacccagaaactgcattggcatgaggtttgctctcatgaacatgaaacttgctctaatcagagtcc ttcagaacttctccttcaaaccttgtaaagaaacacagatcccttgaaattagacacgcaaggacttcttcaaccagaaaaaccc attgttctaaaggtggattcaagagatggaacccctaagtggagaatgagttattctaaggacttctactttggtcttcaagaaagctgt gccccagaacaccagagatttcaacttagtca
590	205828 _at	gaaaatcgatgcagccatttctgataaggaaaagaacaaaacatatttctttgtagaggacaaatactggagatttgatgagaaga gaaattccatggagccaggctttcccaagcaaatagctgaagactttccagggattgactcaaagattgatgctgtttttgaagaattt gggttcttttatttctttactggatcttcacagttggagtttgacccaaatgcaaagaaagtgacacacactttgaagagtaacagctgg cttaattgttgaaagagatatgtagaaggcacaatatgggcactttaaatgaagctaataattcttcacctaagtctctgtgaattgaa atgttcgttttctcctgcctgtgctgtgactcgagtcacactcaagggaacttgagcgtgaatctgtatcttgccggtcatttttatgttatta cagggcattcaaatgggctgctgcttagcttgcaccttgtcacatagagtgatctttcccaagagaaggggaagcactcgtgtgcaa cagac
591	205927 _s_at	tccacacacggccaggcctgtttatctacactgctgcccactcctctctccagctccacatgctgtacctggatcattctgaagcaaat tccgagcattacatcattttgtccataaatatttctaacatccttaaatatacaatcggaattcaagcatctcccattgtcccacaaatgtt tggctgtttttgtagttggattgtttgtattaggattcaagcaaggcccatatattgcatttatttgaaatgtctgtaagtctctttccatctaca gagtttagcacatttgaacgttgctggttgaaatcccgaggtgtcatttgacatggttctctgaacttatctttcctataaaatggtagttag atctggaggtctgattttgtggcaaaaatacttcctaggtggtgctgggtacttcttgttgcatcctgtcaggaggcagataatgctggtg cctctctattggtaatgttaagactgctgggtgggtttggagttcttggc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
592	207173 _x_at	gaacatccaagtctttcttctttttaagttgtcaaagaagcttccacaaaattagaaaggacaacagttctgagctgtaatttcgccttaaactctggacactctatatgtagtgcatttttaaacttgaaatatataatattcagccagcttaaacccatacaatgtatgtacaatacaatgtacaattatgtctcttgagcatcaatcttgttactgctgattcttgtaaatctttttgcttctactttcatcttaaactaatacgtgccagatataactgtcttgtttcagtgagagacgccctatttctatgtcatttttaatgtatctatttgtacaattttaaagttcttattttagtatacatataaatatcagtattctgacatgtaagaaaatgttacggcatcacacttatatttta
593	207191 _s_at	aatctcttctagagcacctgctatccccaacttctagacctgctccaaactagtgactaggatagaatttgatcccctaactcactgtctgcggtgctcattgctgctaacagcattgccttgtgctctcctctcaggggcagcatgctaacggggcgaacgtcctaatccaactgggagaagcctcagtggtggaattccaggcactgtgactgtcaagctggcaagggccaggattgggggaatggagctggggcttagctgggaggtggtctgaagcagacgggaatgggagaggaggatgggaagtagacagtggctggtatggctctgaggctccctggggcctgctcaagctcctcctgctccttgctgttttctgatgatttgggggcttgggagtccctttgtcctcatctgagactgaaatgtggggatccaggatggcttccttcctcttaccctcctccctcagcctgcaacctctatcctggaacctgtcctccctttctccccaactatgcatctgttgtctgctcct
594	208063 _s_at	aagaagctaagcctgatctcctgtaaaaacatcatttccctgatggacaccagcggcaatgggaagctggagtttgatgaattcaaagtgttctgggacaagctgaagcagtggattaacctttccttcggtttgatgctgacaagtccggcaccatgtctacctatgaactacggactgcactgaaagctgcaggctttcagctgagcagccacctcctgcagctgattgtgctcaggtatgcggatgaggagctccagctggacttcgatgacttcctcaactgcctggtccggctggagaatgcgagccgggtgttccaggctctcagtacaaagaacaaggagttcattcatctcaatataaatgagttcatccatttgacaatgaacatctgaggctgccttgtagagatgcagcctgcccagctgaatcttggcttctggaccttgaccttcagaacttctcttggtgtggaaccattacgcccagggttcactc
595	208782 _at	actcccaagagcaaatccacattcctcttgagttctgcagcttctgtgtaaatagggcagctgtcgtctatgccgtagaatcacatgatctgaggaccattcatggaagctgctaaatagcctagtctggggagtcttccataaagttttgcatggagcaaacaaacaggattaaactaggtttggttccttcagccctctaaaagcatagggcttagcctgcaggcttccttgggctttctctgtgtgtgtagttttgtaaacactatagcatctgttaagatccagtgtccatggaaacattcccacatgccgtgactctggactatatcagtttttggaaagcagggttcctctgcctgctaacaagcccacgtggaccagtctgaatgtctttccttacacctatgtttttaagtagtcaaacttcaagaaacaatctaaacaagtttctgttgcatatgtgtttgtgaacttgtatttgtatttagtaggcttctatattgcatttaacttgtttttgtaactcctgattcttcct
596	208850 _s_at	gaagcctcaagttccagtgcagagatcctacttctctgagtcagctgacccccctccccgcaatccctcaaaccttgaggagaagtggggacccccaccccctcatcaggagttccagtgctgcatgcgattatctacccacgtccacgcggccacctcaccctctccgcacacctctggctgtctttttgtacttttttgttccagagctgcttctgtctggtttatttaggttttatccttccttttctttgagagttcgtgaagagggaagccaggattggggacctgatggagagtgagagcatgtgaggggtagtgggatggtggggtaccagccactggaggggtcatccttgcccatcgggaccagaaacctgggagagacttggatgaggagtggttgggctgtgcctgggcctagcacggacatggtctgtcctgacagcactcctcggcaggcatggctggtgcctg
597	208851 _s_at	aaagcagcgctagtggagggttggagaaggaggtaaggatgagggttcatcatccctccctgcctaaggaagctaaaagcatggccctgctgcccctccctgcctccacccacagtggagagggctacaaaggaggacaagaccctctcaggctgtcccaagctcccaagagcttccagagctctgacccacagcctccaagtcaggtggggtggagtcccagagctgcacagggtttggcccaagtttctaagggaggcacttcctcccctcgcccatcagtgccagcccctgctggctggtgcctgagcccctcagacagccccctgccccgcaggcctgccttctcagggacttctgcggggcctgaggcaagccatggagtgagacccaggagccggacacttctcaggaaatggcttttcccaacccccagcccccacccggtggttcttcctgttctgtgactgtgtatag
598	208937 _s_at	ttcagccagtcgccaagaatcatgaaagtcgccagtggcagcaccgccaccgccgccgcgggccccacgtgcgcgctgaaggccggcaagacagcgagcggtgcgggcgaggtggtgcgctgtctgtctgagcagagcgtggccatctcgcgctgccggggcgccggggcgcgcctgcctgccctgctggacgagcagcaggtaaacgtgctgctctacgacatgaacggctgttactcacgcctcaaggagctggtgcccaccctgccccagaaccgcaaggtgagcaaggtggagattctccagcacgtcatcgactacatcagggaccttcagttggagctgaactcggaatccgaagttggaaccccccgggggccgagggctgccggtccgggctccgctcagcaccctcaacggcgagatcagcgcc
599	209218 _at	gattccctgcatcaactaagaaaagcctgttttctttatttcaaacttggtggcgaatgtgttgcgggtcctgttgggctgctttctgtattgtctcctaaccctctagttttaattggacacttctttgctgttgcaatctatgccgtgtatttttgctttaagtcagaaccttggattacaaaacctcgagcccttctcagtagtggtgctgtattgtacaaagcgtgttctgtaatatttcctctaatttactcagaaatgaagtatatggttcattaagcttaaaggggaaccatttgtgaatgaatatttggaacttaccaagtcctaagagacttttggaagaggatatatatagcatagtaccataccacttata
600	209395 _at	gctgtggggatagtgaggcatcgcaatgtaagactcgggattagtacacacttgttgatgattaatggaaatgtttacagatccccaagcctggcaagggaatttcttcaactcccctgcccccctagcccctccttatcaaaggacaccattttggcaagctctatcaccaaggagccaaacatcctacaagacacagtgaccatactaattatacccccctgcaaagccagcttgaaaccttcacttaggaacgtaatcgtgtcccctatc

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
601	209396 _s_at	tcaccaatgccatcaaggatgcactcgctgcaacgtagccctctgttctgcacacagcacgggggccaaggatgccccgtcccc ctctggctccagctggccgggagcctgatcacctgccctgctgagtcccaggctgagcctcagtctccctcccttggggcctatgca gaggtccacaacacacagatttgagctcagccctggtgggcagagaggtagggatggggctgtggggatagtgaggcatcgca atgtaagactcgggattagtacacacttgttgatgattaatggaaatgtttacagatccccaagcctggcaagggaatttcttcaactc cctgccccctagccctccttatcaaaggacaccattttggcaagctctatcaccaaggagccaaacatcctacaagacacagtga ccatactaattataccccctgcaaagccagcttgaaaccttcact
602	209596 _at	tccaacctccttcaaattcagtcaccactgttatattaccttctccaggaaccctccagtggggaaggctgcgatattagatttccttgta tgcaaagtttttgttgaaagctgtgctcagaggaggtgagaggagaggaaggagaaaactgcatcataactttacagaattgaatc tagagtcttccccgaaaagcccagaaacttctctgcagtatctggcttgtccatctggtctaaggtggctgcttcttccccagccatga gtcagtttgtgcccatgaataatacacgaacctgttatttccatgactgctttactgtatttttt
603	209875 _s_at	gaatggtgcatacaaggccatccccgttgcccaggacctgaacgcgccttctgattgggacagccgtgggaaggacagttatga aacgagtcagctggatgaccagagtgctgaaacccacagccacaagcagtccagattatataagcggaaagctaatgatgag agcaatgagcattccgatgtgattgatagtcaggaactttccaaagtcagccgtgaattccacagccatgaatttcacagccatgaa gatatgctggttgtagaccccaaaagtaaggaagaagataaacacctgaaatttcgtatttctcatgaattagatagtgcatcttctga ggtcaattaaaaggagaaaaaatacaatttctcactttgcatttagtcaaaagaaaaaatgctttatagcaaaatgaaagagaaca tgaaatgcttctttctcagtttattggttgaatgtgtatctatttgagtctggaaataactgatgtgtttgataattagtttagtttgtggcttcatg gaa
604	209955 _s_at	acagctttccaaggtgacaaactcctctatgcagtgtatcgaaagctgggtgtttatgaagttgaagaccagattacagctgtcaga aaattcatagaaatgggtttcattgatgaaaaaagaatagccatatggggctggtcctatggaggatacgtttcatcactggcccttg catctggaactggtcttttcaaatgtggtatagcagtggctccagtctccagctgggaatattacgcgtctgtctacacagagagattc atgggtctcccaacaaaggatgataatcttgagcactataagaattcaactgtgatggcaagagcagaatatttcagaaatgtaga ctatcttctcatccacggaacagcagatgataatgtgcactttcagaactcagcacagattgctaaagctctggttaatgcacaagtg gatttccaggcaatgtggtactctgaccagaaccacggcttatccggcctgtccacgaaccacttatacacccacatgacccacttc ctaaagcagtg
605	210095 _s_at	tcttttgtcctccttagcacaatgtaaaaaagaatagtaatatcagaacaggaaggaggaatggcttgctggggagcccatccagg acactgggagcacatagagattcacccatgtttgttgaacttagagtcattctcatgctttttctttataattcacacatatatgcagagaa gatatgttcttgttaacattgtatacaacatagccccaaatatagtaagatctatactagataatcctagatgaaatgttagagatgcta tatgatacaactgtggccatgactgaggaaaggagctcacgcccagagactgggctgctctcccggaggccaaacccaagaa ggtctggcaaagtcaggctcagggagactctgccctgctgcagacctcggtgtggacacacgctgcatagagctctccttgaaaa cagaggggtctcaagacattctgcctacctattagc
606	210511 _s_at	aaaggagcagtcgcacagacctttcctcatgctgcaggcccggcagtctgaagaccaccctcatcgccggcgtcggcggggctt ggagtgtgatggcaaggtcaacatctgctgtaagaaacagttctttgtcagtttcaaggacatcggctggaatgactggatcattgct ccctctggctatcatgccaactactgcgagggtgagtgcccgagccatatagcaggcacgtccgggtcctcactgtccttccactca acagtcatcaaccactaccgcatgcggggccatagccccttttgccaacctcaaatcgtgctgtgcccaccaagctgagaccca tgtccatgttgtactatgatgatggtcaaaacatcatcaaaaaggacattcagaacatgatcgtggaggagtgtgggtgctcataga gttgcccagc
607	211571 _s_at	acaagcatcctgtctcacgaagaacaaatgtttgttaatcgtgtgggccatgattatcagtggataggcctcaatgacaagatgtttg agcatgacttccgttggactgatggcagcacactgcaatacgagaattggagacccaaccagccagacagcttcttttctgctgga gaagactgtgttgtaatcatttggcatgagaatggccagtggaatgatgttccctgcaattaccatctcacctatacgtgcaagaaag gaacagttgcttgcggccagccccctgttgtagaaaatgccaagacctttggaaagatgaaacctcgttatgaaatcaactccctg attagataccactgcaaagatggtttcattcaacgtcaccttccaactatccggtgcttaggaaatggaagatgggctataccttaaaa ttacctgcatgaacccatctgcataccaaaggacttattctatgaaatactttaaaaattcctcatcagcaaaggacaattcaataaat acatccaaacatgatcatcgttggagccggaggtgg
608	211966 _at	tggtgatgtctgctactatgccagccggaacgacaagtcctactggctctctaccactgcgccgctgcccatgatgcccgtggccga ggacgagatcaagccctacatcagccgctgttctgtgtgtgaggccccggccatcgccatcgcggtccacagtcaggatgtctcca tcccacactgcccagctgggtggcggagtttgtggatcggatattccttcctcatgcacacggcggcgggagacgaaggcggtgg ccaatcactggtgtcaccgggcagctgtctagaggacttccgcgccacaccattcatcgaatgcaatggaggccgcggcacctgc cactactacgccaacaagtacagcttctggctgaccaccattcccgagcagagcttccagggctcgccctccgccgacacgctca aggccggcctcatccgcacacacatcagccgctgccaggtgtgcatgaagaacctgtgagccggcgcgtgccaggaagggcc attttggtgcttattcttaacttattacctcaggtgccaacccaaaa

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
609	211980 _at	gaaagactgtgctgtcctttaacataggtttttaaagactaggatattgaatgtgaaacatccgttttcattgttcacttctaaaccaaaa attatgtgttgccaaaaccaaacccaggttcatgaatatggtgtctattatagtgaaacatgtactttgagcttattgtttttattctgtatta aatattttcagggttttaaacactaatcacaaactgaatgacttgacttcaaaagcaacaaccttaaaggccgtcatttcattagtattc ctcattctgcatcctggcttgaaaaacagctctgttgaatcacagtatcagtattttcacacgtaagcacattcgggccatttccgtggtt tctcatgagctgtgttcacagacctcagcagggcatcgcatggaccgcaggagggcagattcggaccact
610	211981 _at	tcggctactcttttgtgatgcacaccagcgctggtgcagaaggctctggccaagccctggcgtcccccggctcctgcctggaggagt ttagaagtgcgccattcatcgagtgtcacggccgtgggacctgcaattactacgcaaacgcttacagcttttggctcgccaccatag agaggagcgagatgttcaagaagcctacgccgtccaccttgaaggcaggggagctgcgcacgcacgtcagccgctgccaagt ctgtatgagaagaacataatgaagcctgactcagctaatgtcacaacatggtgctacttcttcttcttttgttaacagcaacgaaccct agaaatatatcctgtgtacctcactgtccaatatgaaaaccgtaaagtgccttataggaatttgcgtaactaacacaccctgc
611	212344 _at	ggaaaacacctcatttgaccttgccagctgaccttcaaaccctgcatttgaaccgaccaacattaagtccagagagtaaacttgaat ggaataacgacattccagaagttaatcatttgaattctgaacactggagaaaaaccgaaaaatggacggggcatgaagagact aatcatctggnaaaccgatttcagtggcgatggcatgacagagctagagctcgggcccagccccaggctgcagcccattcgcag gcacccgaaagaacttccccagtatggtggtcctggaaaggacatttttgaagatcaactatatcttcctgtgcattccgatggaattt cagttcatcagatgttcaccatggccaccgcagaacaccgaagtaattccagcatagcggggaagatgttgaccaaggtggaga agaatcacgaaaaggagaagtcacagcacctagaaggcagcgcctcctcttcactctcctctgattagatgaaactgttaccttac ccta
612	212353 _at	aatatccttgttgtgtattaggtttttaaataccagctaaaggattacctcactgagtcatcagtaccctcctattcagctccccaagatg atgtgtttttgcttaccctaagagaggttttcttcttatttttagataattcaagtgcttagataaattatgttttctttaagtgtttatggtaaactc ttttaaagaaaatttaatatgttatagctgaatctttttggtaactttaaatctttatcatagactctgtacatatgttcaaattagctgcttgcc tgatgtgtgtatcatcggtgggatgacagaacaaacatatttatgatcatgaataatgtgctttgtaaaaagatttcaagttattaggaa qcatactctqttttttaatca
613	212354 _at	gtgtgcacacggagactcatcgttataatttactatctgccaagagtagaaagaaaggctggggatatttgggttggcttggttttgatt ttttgcttgtttgtttgttttgtactaaaacagtattatctttgaatatcgtagggacataagtatatacatgttatccaatcaagatggctag aatggtgccttctgagtgtctaaaacttgacacccctggtaaatctttcaacacacttccactgcctgcgtaatgaagttttgattcatttt taaccactggaatttttcaatgccgtcattttcagttagatgattttgcactttgagattaaaatgccatgtctatttgattagtcttatttttttatt tttacaggcttatcagtctcactgttggctgtcattgtgacaaagtcaaataaaccccccaaggacgacacacagtatggatcacatat tgtttgacattaagcttttgccagaaaatgttgcatgtgttttacctcgactt
614	212488 _at	gaaaggcgatctcttcactgtgaaaagttgcccgggtgcagcgccttttccttctaccatgggaaatgcaggctgggcccttggggt gagcctgcggggctctggtgctgtccccgacccccaccaccaccagaatgcagttccagcttaggaagccacaaacaagccac ccaggaggaacaaaacaccgccagcgtggattttccaaatttccctggaaagtaagtctcgctcttgccaaagaaaagtctggctt ggagagtctctggagcccaggatgccagcatgtgccaatgactgtcaccttcatctcttcaaaagaaaagccatagccgaggact gtcccgcgacccccgtggactgcgtctaggtcatgtgattctgttttcatttctcatcccatccaatttgtccttttctcctgtcattttcttcctc tgtggtcccttcaaagttgttataatttgtactgaacttcaaaatgtgtcccgttctccccagaccactctagccacagtatatt
615	212489 _at	attgaaaagcaggtaccagtgccccttttcagacagtttttgattcgctctagacnttttttnttttttaatagggagggaaaaaatttgat aattttcttnttttctacatgcacttaagactaaaacacaggtttggattaattttatttgcttccttttccgcttttcttcccgcagagcctgatg ggagaatgtccagggcagggaaaccacatttttttgtaggtgataactcaatgaaaattggtgcttatttttttacacttctctcttgtggctc tcttgtggtgctatctgttttaaggtctccttgaaggcgcactggggtccctggccatgcctcgttctccctgctttctttatcctgttattgcct ccacagtctgttgccaaggactctaagatcaatgcacgtcactttcctttccactgggcaggatagccaagcacactccctcctgcg ctctcccgccccggtgcgtccactcccgagggctgttatgaggactgggttgtgcctacttgatttgaaaacacacac
616	213106 _at	acttctcagcaaataaatctcccttaagtaggaaanctagatttcatattngcttnctttgaattaacagcaactttccacaggtaaatct gttcttgcaaagatgtgagcagaatagttaaaaataatatttttatgtttcatggttctaaatggaagccataaatgcagtaaatactatc tgttgtttaactactttaatcgtcatttttttacattttcaagtttattaggttaagaaaaacagggcagccttggaaggcagctactacaga aaactgcagttttgcgttaaagataaagtagtattttcagctccctgaaaaaccattcctgctgaaactgctgtagaaattgtgaagct gcatgagtggagagtattgaatctgtggttatagtagtttctcaggtttgtttatcttgatgtttgatgcactgtgttttatagttattaaaattg agtaatattatttctatgcagtgttatgtgtcattggccttttgtgaatgtgcatgttttaaactgcaaattttaaacattttgtcctctaattgtta t

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
617	213125 _at	gaatgagtattcctatacgacccagatagactacaaccccaaggaccgcctgctctatgcctgggacaatggccaccaggtcact taccatgtcatctttgcctactgacacccttgtccccacaagcagaagcacagaggggtcactagcaccttgtgtgtatgtgtgcg cgcacgtgtgtgtaggtgggtatgtgttgtttaaaaatatatattattttgtataatattgcaaatgtaaaatgacaatttgggtctatttttta tatggattgtagatcaatccatacgtgtatgtgctggtctcatcctccccagtttatatttttgtgcaaatgaacttctccttttgaccagtaa ccaccttccttcaagccttcagcccctccagctccaagtctcagatctcgaccattgaaaaggtttcttcatctgggtcttgcaggagg caggcaacac
618	213524 _s_at	gtgctcggcctgatggagactgtgtgcagccccttcacggccgccagacgtctgcgggaccaggaggcagccgtggcggagct gcaggccgccctggagcgacaggctctccagaagcaagccctgcaggagaaaggcaagcagcaggacacggtcctcggcg gccgggccctgtccaaccggcagcacgcctcctaggaactgtgggagaccagcggagtgggagggagacgcagtagacag agacagaccgagaaggaagggagagacagagggggcgcgcgcacaggagcctgactccgctgggagagtgcaggagca cgtgctgtttttttatttggacttaacttcagagaaaccgctgacatctagaactgacctaccacaagcatccaccaaaggagtttggg attgagtttntgctgctgtgcagcactgcattgtcatgacatttccaacactgtgtgaattatctaaatgcgtctaccatttgcactaggg ag
619	213869 _x_at	cacagcctccaagtcaggtggggtggagtcccagagctgcacagggtttggcccaagtttctaagggaggcacttcctcccntcg cccatcagtgccagcccctgctggctggtgcctgagcccctcagacagccccctgccccgcaggcctgccttctcagggacttctg cggggcctgaggcaagccatggagtgagacccaggagccggacacttctcaggaaatggcttttcccaaccccccagcccncca cccggtggttcttcctgttctgtgactgtgtatagtgccaccacagcttatggcatctcattgaggacaaagaaaactgcacaataaa accaagcctctggaatctgtcctcgtgtccacctggccttcgctcctccancagtgcctgcctgncccccncttcgctggggtctccac gggtgaggctggggaacgccacctcttcctcttccctgacttctccccaaccacttagtagcaacgctaccccaggggctaatgact gcacactgggcttcttttcagaatgaccctaacgagacacatttgcccaaa
620	213905 _x_at	cacaaaaccccagggacagcggtctccccagcctgccctgctcangccttgcccccaaacctgtactgtcccggaggaggttgg gaggtggaggcccagcatcccgcgcagatgacaccggttttcctagaagcccctcacccccactggcccactggtggctaggtct ccccttatccttctggtccagcgcaaggaggggctgcttctgaggtcggtggctgtctttccattaaagaaacaccgtg
621	214234 _s_at	gaatgaagaaaagtcgcctcaacgacaaacaaaagcaccgactagatttccttcagctgatgattgactcccagaattcgaaag aaactgagtcccacaaagctctgtctgatctggagctcgcagcccagtcaataatcttcatttttgctggctatgaaaccaccagcag tgttctttccttcactttatatgaactggccactcaccctgatgtccagcagaaactgcaaaaggagattgatgcagttttgcccaata
622	214235 _at	ggtgaggggatgacccctggagatgaagggaagaggtgaagccttagcaaaaatgcctcctcaccactccccaggagaatttttt ataaaaagcataatcactgattccttcactgacataatgtaggaagcctctgaggagaaaaacaaagggagaaacatagagaa cggttgctactggcagaagcataagatctttgtacaatattgctggccctggttcacctgtttactgttatcacaata
623	214247_s_at	acttaggtaattgtagggcgaggattataaatgaaatttgcaaaatcacttagcagcaactgaagacaattatcaaccacgtggag aaaatcaaaccgagcagggctgtgtgaaacatggttgtaatatgcgactgcgaacactgaactctacgccactccacaaatgatg ttttcaggtgtcatggactgttgccaccatgtattcatccagagttcttaaagtttaaagttgcacatgattgtataagcatgctttctttgag ttttaaat
624	215646 _s_at	tctcacctatacgtgcaagaaaggaacagttgcttgcggccanccccctgttgtagaaaatgccaagacctttggaaagatgaaac ctcgttatgaaatcaactccctgattagataccacntgcaaagatggtttcattcaacgtcaccttccaactatccggtgcttaggaaa tggaagatgggctatacctaaaattacctgcatgaacc
625	217430 _x_at	agggcctaagggtgacagaggtgatgctggtcccaaaggtgctgatggctctcctggcaaagatggcgtccgtggtctgaccggc cccattggtcctcctggccctgctggtgcccctggtgacaagggggaccccattcccgaggagctttatgag
626	217763 _s_at	aacattgtaatggccatcgctggaaacaagtgcgacctctcagatattagggaggttcccctgaaggatgctaaggaatacgctg aatccataggtgccatcgtggttgagacaagtgcaaaaaatgctattaatatcgaagagctctttcaaggaatcagccgccagatc ccacccttggacccccatgaaaatggaaacaatggaacaatcaaagttgagaagccaaccatgcaagccagccgccggtgct gttgacccaagggcgtggtccacggtacttgaagaagccagagcccacatcctgtgcactgctgaaggaccctacgctcggtgg cctggcacctcactttgagaagagtgagcacactggctttgcatcctggaaggcctgcaggggcggggcaggaaatgtacctg aaaaggattttagaaaaccctgggaaacccaccacaccaccacaaaatggcctttagtgt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
627	218211 _s_at	gccacaccttcgcgaaacctgtggtggcccaccagtcctaacgggacaggacagagagacagagcagccctgcactgttttccc tccaccacagccatcctgtccctcattggctctgtgctttccactatacacagtcaccgtcccaatgagaaacaagaaggagcacc ctccacatggactcccacctgcaagtggacagcgacattcagtcctgcactgctcacctgggtttactgatgactcctggctgcccc accatcctctctgatctgtgagaaacagctaagctgctgtgacttccctttaggacaatgttgtgtaaatctttgaaggacacaccgaa gacctttatactgtgatctttacccctttcactcttggctttcttatgttgc
628	218638 _s_at	ctgccccgagctcgaagaagaggctgagtgcgtccctgataactgcgtctaagaccagagccccgcagcccctggggcccccg gagccatggggtgtcgggggctcctgtgcaggctcatgctgcaggcggccgaggcacaggggggtttcgcgctgctcctgaccgc ggtgaggccgcgccgaccatctctgcactgaagggccctctggtggccggcacgggcattgggaaacagcctcctcctttcccaa ccttgcttcttaggggcccccgtgtcccgtctgctctcagcctcctcctcctgcaggataaagtcatccccaaggctccagctactcta aattatggtctccttataagttattgctgctccaggagattgtccttcatcgtccaggggcctggctcccacgtggttgcagatacctcag acctggtgctctaggctgtgctgagcccactctcccgagggcgcatccaagcgggggccacttgagaagtgaataaatggggcg gtttcggaagcgtcagtgtttccatgttatgg
629	219955 _at	gaagttgcaacattcgtttgataggaattccagaaaaggagagttatgagaatagggcagaggacataattaaagaaataattga tgaaaactttgcagaactaaagaaaggttcaagtcttgagattgtcagtgcttgtcgagtacctagtaaaattgatgaaaagagact gactcctagacacatcttggtgaaattttggaattctagtgataaagagaaaataataagggcttctagagagagaagagaaatta cctaccaaggaacaagaatcaggttgacagcagacttatcactggacacactggatgctagaagtaaatggagcaatgtcttca aagttctgctggaaaaaggctttaatcctagaatcctatatccagccaaaatggcatttgattttaggggcaaaacaaaggtatttctt agtattgaagaatttagagattatgttttgcatatgcccaccttgagagaattactggggaataatataccttagcacgccagggtgac taca
630	221011 _s_at	gagtggttcatccatactctcattccctcgcctccccttgtggacgggggtcttgccttttcaattcctgtgttttggtgtcttcccttatctgct accctgaatcacctgtcctggtcttgctgtgtgatgggaacatgcttgtaaactgcgtaacaaatctactttgtgtatgtgtctgtttatgg gggtggtttattatttttgctggtccctagaccactttgtatgaccgtttgcagtctgagcaggccaggggctgacagctaatgtcagga ccctcagcggtggagcctgctgggggggacccagctgctcttggacaagtggctgagctcctatctggcctcctctttttttttttttcaag taatttgtgtgtatttctaactgattgtattgaaaaaattcctagtatttcagtaaaaatgcctgttgtgagatgaacctcctgtaacttctatc tgttctttttttgaggctcaggga
631	221729 _at	tggaattagaccatttggcctttgaactttcataggaaaaatgacccaacatttcttagcatgagctacctcatctctagaagctgggat ggacttactattcttgtttatattttagatactgaaaggtgctatgcttctgttattattccaagactggagataggcagggctaaaaaggt attattatttttccttttaatgatggtgctaaaattcttcctataaaattccttaaaaataaagatggtttaatcactaccattgtgaaaacata actgttagacttcccgtttctgaaagaaagagcatcgttccaatgcttgttcactgttcctctgtcatactgtatctggaatgctttgtaata cttgcatgcttcttagaccagaacatgtaggtccccttgtgtctcaatacttttttttttcttaattgcatttgttggctctattttaattt
632	221730 _at	tagattccggtatatcgttcttcaagacacttgctctaagcggaatggaaatgtgggcaagactgtctttgaatatagaacacagaat gtggcacgcttgcccatcatagatcttgctcctgtggatgttggcggcacagaccaggaattcggcgttgaaattgggccagtttgtttt gtgtaaagtaagccaagacacatcgacaatgagcaccaccatcaatgaccaccgccattcacaagaactttgactgtttgaagtt gatcctgagactcttgaagtaatggctgatcctgcatcagcattgtatatatggtcttaagtgcctggcctccttatccttcagaatatttat tttacttacaatcctcaagttttaattgattttaaatatttttcaatacaacagtttaggtttaagatgaccaatgacaatgaccacctt
633	221731 _x_at	tttcagcaccgatggccatgtaaataagatgatttaatgttgattttaatcctgtatataaantaaaaagtncncaatgagtttngggca tatttaatgatgattatggagccttagaggtctttaatcattggttcnggctgcttttatgtagtttaggctggaaatggtttcacttgctctttg actgtcagcaagactgaagatggcttttcctggacagctagaaaacacaaaatcttgtaggtcattgcacctatctcagccataggt gcagtttgcttctacatgatgctaaaggctgcgaatgggatcctgatggaactaaggactccaatgtcgaactcttctttgctgcattcc ttttttcttcacttacaagaaaggcctgaatggaggacttttctgtaaccaggaacatttttttaggggtcaaagtgctaataattaactcaa ccaggtctacttttttaatggctttcataacactaactcataaggttaccgatcaatgcatttcatacggatatagacctagggctctgga gggtgggg
634	221874_at	ctggcctacgtgttcaattttctatgaacaaaggctttagtccttgacccagggctaaagtggtctgtccaagctgttgttggtagaggg agtatgataaaatgtttaaatctcatttggttaccttgagtcctggaacacgcagtaactgtcatgctatagtcntcatctgtatttggctg ggaatacaaatgaagattgtggtgtattcaagcagtagggtttttgcttttgttttgttttagtgccaacaaaactttttttttgtctgactacat taaagataagactgactatatttatacaacagaaactttgtaatagatttttcagctttgtgaaatcgaatttttttttcatcagggctggttg gatttccttttttaccctgtaatccaagcgttaataqtttqttagaaagatgggttattgcatgtcactt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
635	223969 _s_at	gaagatcaaggatgttctcaacagtctagagtacagtccctctcctataagcaagaagctctcgtgtgctagtgtcaaaagccaag gcagaccgtcctcctgccctgctgggatggctgtcactggctgtgcttgtggctatggctgtggttcgtgggatgttcagctggaaacc acctgccactgccagtgcagtgtggtggactggaccactgcccgctgctgccacctgacctgacagggaggaggctgagaactc agttttgtgaccatgacagtaatgaaaccagggtcccaaccaagaaatctaactcaaacgtcccacttcatttgttccattcctgattct tgggtaataaa
636	223970 _at	ggagctcagagatctaagctgctttccatcttttctcccagccccaggacactgactctgtacaggatggggccgtcctcttgcctcctt ctcatcctaatccccctctccagctgatcaacccggggagtactcagtgttccttagactccgttatggataagaagatcaaggatgt tctcaacagtctagagtacagtccctctcctataagcaagaagctctcgtgtgctagtgtcaaaagccaaggcagaccgtcctcctg ccctgctgggatggctgtcactggctgtgcttgtggctatggctgtggttcgtgggatgttcagctggaaaccacctgccactgccagt gcagtgtggtggactggaccactgcccgctgctgccacctgacctgacagggaggaggctgagaactcagttttgtgaccatgac agtaatgaaaccagggtcccaaccaagaaatctaactcaaacgtcccact
637	224724 _at	gcctgagaaagcaagcacgcactctcagtcaacatgacagattctggaggataaccagcaggagcagagataacttcaggaa gtccatttttgcccctgcttttgctttggattatacctcaccagctgcacaaaatgcatttttttcgtatcaaaaagtcaccactaaccctccc ccagaagctcacaaaggaaaacggagagagcgagcgagagagatttccttggaaatttctcccaagggcgaaagtcattgga atttttaaatcataggggaaaagcagtcctgttctaaatcctcttattcttttggtttgtcacaaagaaggaactaagaagcaggacag aggcaacgtggagaggctgaaaacagtgcagagacgtttgacaatgagtcagtagcacaaaagagatgacatttacctagcac tataaaccctggttgcctctgaagaaactgccttcattgtatatatgtgactatttacatgtaatcaacatgggaacttttaggggaacct aataagaaatcccaattttcaggagtggtggtgtcaataaacgctctgtggccagtg
638	225664 _at	ggaacccagagctgctgtgtatttcgagcgggcagtttatcttttgctatacttattttcaattcaattacaccacgattcaaataattccc ctcctaaaaccaaaaaggagggaaacgtcaactccattgcaattacttatcttcctcttctatctctgttatacgccggggcatagaat gctcgtatacatctctttaacaaccacaaaccttaagccatgtagatgaagttagtgcatcaacgggatacagttccatattgccttaa acctccttgttttagacacactaacatttataccaaattgcagattattctgcagagagggaattgcatgtttgtgttgta
639	225681 _at	aattaatattcatcgcacttcttctgtggaaggactttgtgaaggaattggtgctggattagtggatgttgctatctgggttggcacttgttc agattacccaaaaggagatgcttctactggatggaattcagtttctcgcatcattattgaagaactaccaaaataaatgctttaattttc atttgctacctctttttttattatgccttggaatggttcacttaaatgacattttaaataagtttatgtatacatctgaatgaaaagcaaagct aaatatgtttacagaccaaagtgtgatttcacactgtttttaaatctagcattattcattttgcttcaatcaaaagtggtttcaatatttttttta gttggttagaatactttcttcatagtcacattctctcaacctataatttggaatattgttgtggtcttttgttttttctcttagtatagcatttttaaaa aaatataaaagctaccaatctttqtacaatttg
640	225799 _at	aaatgactggatggtcgctgctttttaagtttcaaattgacattccagacaagcggtgcctgagcccgtgcctgtcttcagatcttcaca gcacagttcctgggaaggtggagccaccagcctctccntgaataactgggagatgaaacaggaagctctatgacacacttgatc gaatatgacagacacngaaaatcacgactcancccccctccagcacctctacctgttgcccgccgatcacagccggaatgcagct gaaagattccctggggcctggttccaaccgcccactgtggactctgaggcctctgcatttgcgggtggtctgcctgtgatattttggtca tgggctggtctg
641	226237 _at	gaagaggagcaacatctatgccaaatactgtgcattctacaatggtgctaatctcagacctaaatgatactccatttaatttaaaaaa gagttttaaataattatctatgtgcctgtatttccctttgagtgctgcacaacatgttaacatattagtgtaaaagcagatgaaacaacc acgtgttctaaagtctagggattgtgctataatccctatttagttcaaaattaaccagaattcttccatgtgaaatggaccaaactcatat tattgttatgtaaatacagagttttaatgcagtatgacatcccacaggggaaaagaatgtctgtagtgggtgactgttatcaaatatttta tagaatacaatgaacggtgaacagactggtaacttgtttgagttcccatgacagatttgagacttg
642	226248 _s_at	tgaaagtgggcatctctgcaggcacctgtactgccatcctgctcaccgtcttgacctgctacttttggaaaaagaatcaaaanctag agtacangtactccangctggtgatgaatgctactctcaaggactgnnnnntnncngnngctgacagctgcgccatcatggnan ncnnnnangnanngnnnnnnnncancnnnnnncanntgcgccatcatggaaggcgaggatgtagaggacgacctcatctttt accagcaagaagtcactctttgggaagatcaaatcatttacctccaagaggactcctgatggatttgactcagtgccgctgaagac atcctcaggaggcccagacatggacctgtgagaggcactgcctgcctcacctgcctcctcaccttgcatagcacctttgcaagcct gcggcgatttgggtgccagcatcctgcaacacccactgctggaaatctcttcattgtggccttatcagatgtttgaatttcagatctttttt atagagtacccaaaccctcctttctgcttgcctcaaacctgccaaatatacccacac
643	226311 _at	aaacgacgcaaatctctgagctggggaccacttggagaaccggcttagtaacagtcctgatcttcgcaagccagcttcttctgcatc tgaggggctcctggcgcccagaggaggcagacagatgtcttctagctgagtttctaaccgcatgatgagactcagaccttccgctg cactagaaaatctgcaacagtgtccctgagtcacttctccttagtgggcagactcgtgttagatttgtggaacccagctctctgatttac tccttttggaaaacccatggaatttcatgtataaggctttcatttgtattttaaggttttctgtttgttttgagtatatacatggtgctcaatagc aacatcttagcagatgaagcagtttatgattccactccctcctgtatgacaggtagccactatactgaatcaaggtgctgaactcaaa tcacaaaattctggcttaccgatacaacaaccaatac

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
644	226777 at	tataaggtaactctttagtcctccatttagcacattttaaatcctccaaagaataagtatcatgtgattattttagctttacaaaaaaaaag ttgaatggcgttttattttcatggcctataagcaggtaccttagtagggcagatataggaaaaacaaattagagcaaaacaaatcctc tacaaatccaaggcaggaaaagtggtggcagagtgactcattctcctgtccctcccatcaggtcaaatcaggaggctgcagtgaa tgcctgttctttgaatgtgtagcagttgttnnctgtaactctttaaaacttggctataggctgtttagcacagtacagattaaagatacagtt acgtaaacagcaaagtaattttatagtgcttcatccatttatcatgctttggtttgctaatttttttcacataccttttctatcacagtctgttgctt ttgtacacatttctcatattggggttcgaca
645	226930 _at	ggtgccaggaaggtcacagatggacactggccattctggtcatctcagtctggaactcagtcccacttcttggcctggacaatgaac aggattcagttttgctgttaactttgcttctctactttttttgtttgtttgtaatagcacatcccagagacatcagaaaccagcaactgattca gtgtgatttccagacttttaggcatgaaattcggacacttcagtatttccaggaatagcatatgcacgctgttcttgcttcatggaatgct acatgctttctgtttttctcattttggatttctccaaaactaactgaatttaagcttcaggtccctttgtatgcagtagaaaggaattattaaa aacaccaccaaagaaaataaatatatcctacttgaaatttactctatggacttacccactgctagaataaatgtatcaaatcttatttgt aaattctcaattttgatatatatatgtatatatgcatatacatatccacacttgtctgcaag
646	227140 _at	ttaccctctatttaaatgctttgaaaaacagtgcattgacaatgggttgatatttttctttaaaagaaaaatataattatgaaagccaaga taatctgaagcctgttttatttaaaacttttatgttctgtggttgatgttgtttgtttgtttctattttgttggttttttactttgttttttgttttgtt tttgttttgcatactacatgcagttctttaaccaatgtctgtttggctaatgtaattaaagttgttaatttatatgagtgcatttcaactatgtca atggtttcttaatatttattgtgtagaagtactggtaatttttttatttacaatatgtttaaagagataacagtttgatatgttttcatgtgtttatag cagaagttatttatttctatggcattccagcggatattttggtgtttgcgaggcatgcagtcaatattttgtacagttagtggacagtattca gcaacgcctgatagcttctttggcctt
647	227566 _at	ccacacaccaggcactaatcacctggtgaggatttggcatatccaccaaaaaatgcatccgatttaaccaacatctccaccagcg ctacggactcctcccaattctgacatctcttgcagacaatactatgctctctacacactgtttagaaatggaaaggtgatctgcactgta tcttgggtttgttggctatgcttcctttgatgacatatattatacagtatatatatacatatatttttttgttagagttctagccattttatttctccg cagggtcctttctcagacattactgcatgctgtatatggcgttagctgtgtgttgatcttctaaaagatgatagagtttactggtaattgtgt aatcagctcctgccttttatt
648	227676 _at	caggaaactcttctctgacttggggagttcctacgcganacaactgggcttccgggacagctgggtcttcataggagccaaagac ctcaggggtaaaagccccttgagcagttcttaaagaacagcccagacacaaacaaatacgagggatggccagagctgctgga gatggagggctgcatgcccccgaagccattttagggtggctgtggctcttcctcagccaggggcctgaagaagctcctgcctgactt aggagtcagagcccggcaggggctgaggaggaggagcaggggggtgctgcgtggaaggtgctgcaggtccttgcacgctgtgt cgcgcctctcctcctcggaaacagaaccctcccacagcacatcctacccggaagaccagcctcagagggtccttctggaaccag ctgtctgtggagagaatggggtgctttcgtcagggactgctgacggctggtcctgaggaaggacaaactgcccagacttgagcc
649	227719 _at	cacttgatagactgtaagcacctgcttaactttgtgtcccaaatatttagtgtgtatatatatatatatatanncncacacacacacatat atattcaacaaataaagcaaaatataacatgcatttcacattttgtctttccctgttacgattttaatagcagaactgtatgacaagtttag gtgatcctagcatatgttaaattcaaattaatgtaaaacagattaacaacacaaagaaactgtctatttgagtgaagtcatgctttct attataataacttggcttcggttatccatcaaatgcacacttatactgttatctgattg
650	229218 _at	gccaaaaggcctggcttctgataggaaactggtaagaaactcttcatgaaaacacatcactaatattcgctattactctcctggtctg aagtcagcttttctgaaccattaaggtatttcatcacaagttatattttataatatcagtttaagaggcttttattcatgtgaacaccagnnc cctttcaggggcatggtctttttgaaaaaaaaaaaanaaaaaaannaacagttttagccacatatcagatatttctatatctaattatc ctttatggctaacattctgcctccattgttaaggtataattgttcctgaatttaaaggtggtttggcctctaatttaattctgattcagactctcc tgtcaggactcaagaaaatttaattaattaccaaggattaagtcttctggttaaggtttctgggaaaaaaaaaatagcaaagatgttgat ttcttggaatccttttacaggttcataacagaaaaatcttcattccctgtaggcatttaattaaacctagttgagaagtgtgtgggattcct caattatgaacaaaacacgtatattggctttcttt
651	229802 _at	gacatgattgtctataatctcgctagccttgtactgtgtgtgcatagcaattacagggaagtaatctagctcctgactattatgttgaact atgtcgctgctttttacaaacttgtcttgatccaaagcagtcacaatgataaccctgcatatctgggaatcataagtcaactatgtatctc tgtgtgtgtatatatatgtatgtatgtatctattttcaaactgtgatttaatatttaaatattcctactgccatttttgtgactgaaaaactacac atgaggaaacgtcttagaattttccaatagaggaaaaataacacttgggcaatctgtcatgtttcacaacagttctcatttttctcatgat ttgtgtagcgtggaatgtgtttgctcaatgtgaagggttttcattgctcaatttctctgtgtaa
652	231766 _s_at	ggttccggctaacacattttctaagtcgccagtgctgcttacagtttgaatacatgaaaatcctgtttctnagatgtttgcgcacgtgctta ttaggaaatgagtctgtatggaaatctcaccacagataatggttaacgaaccgggtcgacatcacaaaggagggtggagactctt ttactaacttgaatgagacaaaagcagtggtgtcagtttataatcctgatgcatttcagtaataatgtagaaaaacattattttaaaaaa gttccaacacacagccatgaggagccnnnnnnnnnntcagttttgaaagaggtgcataataaaactactaaccagaggagtct atgccatttt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
653	231832 _at	gagtttcaactttaaatgttcactatgtcatttagtgtccanctttacggataggttgactatctaaataggcatttttagtcattaaaaaaa antctagtcaccaggaggatccctataactcaaaataacttgtttgtaaaagaaaatttgtttacttacccattagtaagttcctgcatat tcattataagatggcaaatcaaacttttctaggatgaagacagcttatttttaagttgtatagtcttagttggtttagggtctcaattttaatta ataaaatacttggtttttatttgcttgtcctttgaattcctgttttaataatttttaaaatgagcacaaagaangttgaagttcagattaatctct tctgaatgatgttttttcctctgtgatgagttgtttctg
654	231879 _at	tgctgtagtcactggtgttcctcacccaccagctgtaactcagtttgtgtgaggtacagccacagaagatgtcatgtactgtatattacc tggtgatagttgcttttcacccccgagttcagtttctaggagccaatgaaacttcccctcacctcctcatctttccaagttgttctttgaatt gaggagtttgaaggcataaacagttacttggggatttgcgaaaatcctacttagttactgcgtttacagttctttggcccagtctctgac ccttcccnagtatttgtgcnatgattgtgtttactgctggatttttgaaggttttttttttnnaagaaagtgccatttcattatttgatt
655	232176 _at	gggatcactgggagaagccatggcattatcttcaggcaatttagtctgtcccaaataaaataaatccttgcatgtaaatcattcaagg gttatagtaatatttcatatactgaaaagtgtctcataggagtcctcttgcacatctaaaaaggctgaacatttaagtatcccgaattttct tgaattgctttccctatagattaattacaattggatttcatcatttaaaaaccatacttgtatatgtagttataatatgtaaggaatacattgtt tataaccagtatgtacttcaaaaatgtgtattgtcaaacatacctaactttcttgcaataaatgcaaaagaaactggaacttgacaatt ataaatagtaatagtgaagaaaaaatagaaaggttgcaattatataggccatgggtggctcaaaactttgaa
656	232458 _at	gattcctggattgatgtcttatctacaggcttctttttaaaaatnnnnnnngattggctgtgagtttaccaggattatagttgaggctaaa ggacagctcctcaggaaagcccctgttctacatctacggtcacatgctggaccttgagttgtcactcagagaaaagagtgccatcta ccgaaactccacagtttccattgtgaatggcttctttggtgcagagttccaaaaattatgtagcccagctctttaattttgtaacatctaat gatatcaccgccttgaagtgattaaagtagattgcttaaagaattaaagctttaaagatgaaagatgttattgcttttgctggacatgag gaacagttgtaaagtttccaggtctacaataactttctggancctctcagtgaactgtttcttgta
657	232481 _s_at	gaagtccatcctttggtccaaagcatctggaagaggaagaagagaggaatgagaaagaaggaagtgatgcaaaacatctcca aagaagtcttttggaacaggaaaatcattcaccactcacagggtcaaatatgaaatacaaaaccacgaaccaatcaacagaatt tttatccttccaagatgccagctcattgtacagaaacattttagaaaaagaaagggaacttcagcaactgggaatcacagaatacc taaggaaaaacattgctcagctccagcctgatatggaggcacattatcctggagcccacgaagagctgaagttaatggaaacatt aatgtactcacgtccaaggaaggtattagtggaacagacaaaaaatgagtattttgaacttaaagctaatttacatgctgaacctga ctatttagaagtcctggagcagcaaacatagatggagagtttgagggctttcgcagaaatgctgtgattctgttttaagtccataccttg taaataagtgccttacgtgagtgtgtcatcaatcagaacctaagc
658	233555 _s_at	gctgctcaagcgcctgcagaacaacgacacgtgcagcatgccaggcctcacgtgcttcacccacgacaaccagcactggcag acggcgcctttctggacactggggcctttctgtgcctgcaccagcgccaacaataacacgtactggtgcatgaggaccatcaatga gactcacaatttcctcttctgtgaatttgcaactggcttcctagagtactttgatctcaacacagacccctaccagctgatgaatgcagt gaacacactggacagggatgtcctcaaccagctacacgtacagctcatggagctgaggagctgcaagggttacaagcagtgta acccccggactcgaaacatggacctgg
659	234994 _at	acaatcggctaaccttgacatttctttttaccttcatatgccactatctcggtagttcaaaaaaatttagttcttgataaattgccttgaagttt accttgtgctggagagccttatgataactccaaagactttcttacggtataatacatgttgtttaggattgtgtttcttagtcactgaagata ataaatattaaaatggatgttttcatcagaaaattttcatgttttccttaaggtaacataattgtaagaattgtttaataaaatactcagga aattctaaaggtttctccnaatacctaaacatttctgaacatcagtattgcagttgtggaagagcagaaggaggatacatttgtttgtgt tgctccccaaaattccaccttgcatttgcatcacaaacttccctcaattgaggcagttttctttg
660	235976 _at	cagtgctgctgtgaactaaagtatgtcatttatgctcaaagtttaattcttcttcttgggatattttaaaaatgctactgagattctgctgtaa atatgactagagaatatattgggtttgctttatttcataggcttaattctttgtaaatctgaatgaccataatagaaatacatttcttgtggca agtaattcacagttgtaaagtaaataggaaaaattattttattttattgatgtacattgatagatgccataaatcagtagcaaaaggca cttctaaaggtaagtggtttaagttgcctcaanagagggacaatgtagctttattttacaagaaggcatagttagatttctatgaaatatt tattctgtacagttttatatantttggttcacaaaagtaattattcttgggtgcctttcaa
661	236894 _at	aaagtatattgtgctagcttgtctaagaataaacttnnatactgttgggggagggctgcacctgtcaagataacctgtcaatgtagta ggaaaacaggaggggacagtaacagaaaagcacgggaaaagatggcaaggttagttaaaatagaaaagtgctcagttcctc atacctgtaatcccagcagtttaggggccaaggaaggtgggtcacttgagcccaagagttcaaggccatcctgggcaatgtggc gaaagtgtctacaaaaaaatacaaaaagaggaagaaatgatatttcacaagtttgtatcatttgtcat
662	237521 _x_at	cagtccaaaatccatagacacagacagtagaaaggtggttatncaagggnctggtaggagagggagttagtatttagtggtatag agttttagtgtttnccgggtaaaaatgttnctagagatctgttgcaaccatgtgaatatacttaacactaccgtactgtacactgaaaaa atggttaagaggataaatttaaatggttaagaggaaaaatggttaagaggataatgttgttttgttaccacagtagtaacttttaaaaa ccctcatgtatgttcttt

	ID conjunto de sondas	Secuencia diana
663	37892_ at	caacccattttgtgccacatgcaagttttgaataaggatggtatagaaaacaacgctgcatatacaggtaccatttaggnannanc ngatgcctttntgggggcagaatcacatggcaaaagctttgaaaatcataaagatataagttggtgtggctaagatggaaacagg gctgattcttgattcccaattctcaactctccttttcctatttgaatttctttggtgctgtagaaaacaaaaaaagaaaaatatatattcata aaaaatatggtgctcattctcatccatccaggatgtactaaaacagtgtgtttaataaattgtaattattttgtgtacagttctatactgttat ctgtgtccatttccaaaacttgcacgtgtccctgaattcc

Tabla 7: Cebadores MSP y condiciones PCR

Gen	Conjunto de sondas	Nombre del gen	Cebador directo 5'- 3'	Cebador inverso 5' - 3'	Temp Re-cocido
CA4	206208_at	Anhidrasa carbónica IV	TCGTTTTTCGCGTTTAGTT GTC (SEQ ID NO:664)	GCGCACCGAAAAAACCG (SEQ ID NO:665)	61,0°C
CXCL12	209687_at	Quemoquina,CXC Motif, Ligand 12	CGGTTACGGTTAGTATTCG GTTTC (SEQ ID NO:666)	AAAATACGACGATAAAAA ACGCG (SEQ ID NO:667)	64,0°C
DF	205382_s_at	Factor complemento D	CGAGGGTTTTTTAGCGATT TGTC (SEQ ID NO:668)	AAACGAACCGCTCCCCG (SEQ ID NO:669)	64,0°C
MAMDC2	228885_at	Precursor proteína 2 que contiene el dominio MAM	TTCGGCGTTTTCGTTTTTTA C (SEQ ID NO:670)	CCCCTTAACAACATAATCG CG (SEQ ID NO:671)	60,0°C
MT1M	217546_at	Metalotioneína-1 M	GATGGTGCGTTCGGTATTT ATGT (SEQ ID NO:672)	GCTTACACCCGCCCGACTA (SEQ ID NO:673)	62,0°C
CAGE		Ensayo de amplificación sesgado control	GTTTTGTGATTGGTTAGGT TATTAAAGT (SEQ ID NO:674)	CCRTCACCTTCTACACCAA AAAATA (SEQ ID NO:675)	61,0°C

Tabla 8: Cebadores COBRA y condiciones PCR

Gen	Conjunto de sondas	Nombre del gen	Cebador directo 5'- 3'	Cebador inverso 5' - 3'	Temp Re-cocido Enzima
ADAMDECI	206134_at	ADAM-tipo, decisina 1	TGTGGATTTATTTTTATAA GGATATTGAAT (SEQ ID NO:676)	ATAACTCATTAAAAACT CACATCTAAACACTA (SEQ ID NO:677)	61,0°C BstU I
GPM6B	209170_s_at	Glicoproteína M6-b de membrana neuronal	TTAAGAAAGAGAGTAAG GAGGAAGAGTT (SEQ ID NO:678)	AAAATCCCAATTAAAAA ACAACCA (SEQ ID NO:679)	60,0°C Hinf I
P2RY14	206637_at	Receptor purinérgico P2Y, G-proteína acoplada, 14	CAAAATAATAAATCCCTC TACTACTATTATCAA (SEQ ID NO:680)	GGAGGAAAGGAATTAG TTTAGAAGTTAGTT (SEQ ID NO:681)	60,0°C Acl I

Referencias

Affymetrix. GeneChip expression data analysis fundamentals. Affymetrix, Santa Clara, CA USA, 2001.

Alon et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA: 96, 6745-6750, June 1999

Ausubel, F. et al., "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons, (1998)

Bonner et al (1973) J. Mol. Biol. 81:123

Clark et al. 2006, Nature Protocols I:2353-2364

DeRisi, et al., Nature Genetics 14:457-460 (1996)

Germer et al., Genome Res. 10:258-266 (2000)

Guo et al., Nucleic Acids Res. 22:5456-5465 (1994)

Heid et al., Genome Res. 6:986-994 (1996)

Hubbell E.W., W. M. Liu, and R. Mei. Robust estimators for expression analysis. Bioinformatics, 18:1585-1592, 2002.

Irizarry R.W., B. M. Bolstad, F. Collin, L. M. Cope, B. Hobbs, and T. P. Speed. Summaries of affymetrix genechip probe level data. Nucleic Acid Research, 31, 2003.

Kraus, M. and Aaronson, S., 1991. Methods Enzymol., 200:546-556

Maskos and Southern, Nuc. Acids Res. 20:1679-84, 1992

Moore et al., BBA, 1402:239-249, 1988

Nielsen (1999) Curr. Opin. Biotechnol. 10:71-75

Nielsen et al. (1991) Science 254: 1497-1500

Pease et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91(11):5022-5026 (1994)

Pevzner et al., J. Biomol. Struc. & Dyn. 9:399-410, 1991

Schena, et al. Science 270:467-470 (1995)

Smith et al., Science 258:1122-1126 (1992)

Smyth G.K. Bioinformatics and Computational Biology Solutions using R and Bioconductor. Springer, New York, 2005.

Smyth G.K. Linear models and empirical bayes methods for assessing differential expression in microarray experiments. Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology, 3(1):Article 3, 2004.

T. Sano and C. R. Cantor, Bio/Technology 9:1378-81 (1991)

Urdea et al., Nucleic Acids Symp. Ser., 24:197-200 (1991)

Wedemeyer et al., Clinical Chemistry 48:9 1398-1405, 2002)

Weissleder et al., Nature Medicine 6:351-355, 2000

Lista de secuencias

<110> CLINICAL GENOMICS PTY. LTD. COMMONWEALTH SCIENTIFIC AND INDUSTRIAL RESEARCH ORGANISATION
LaPointe, Lawrence
Dunne, Rob
Young, Graeme
Lockett, Trevor
Wilson, William
Molloy, Peter

<120> Un método para el diagnóstico de neoplasias II

<130> 30637603/TDO

<150> US 60/982115
<151> 23-10-2007

<160> 681

<170> PatentIn versión 3.4

<210> 1
<211> 544
<212> ADN
<213> humano

<400> 1
tagtcttggg gcaggatgat tttggcctca ttactttacc acccccacac ctggaaagca 60
tatactatat tacaaaatga cattttgcca aaattattaa tataagaagc tttcagtatt 120
agtgatgtca tctgtcacta taggtcatac aatccattct taaagtactt gttatttgtt 180
tttattatta ctgtttgtct tctccccagg gttcagtccc tcaaggggcc atcctgtccc 240
accatgcagt gccccctagc ttagagcctc cctcaattcc ccctggccac caccccccac 300
tctgtgcctg accttgagga gtcttgtgtg cattgctgtg aattagctca cttggtgata 360
tgtcctatat tggctaaatt gaaacctgga attgtggggc aatctattaa tagctgcctt 420
aaagtcagta acttaccctt agggaggctg ggggaaaagg ttagattttg tattcagggg 480
ttttttgtgt acttttggg tttttaaaaa attgtttttg gaggggttta tgctcaatcc 540
atgt 544

<210> 2
<211> 530
<212> ADN
<213> humano

<400> 2
gatagcctcc cactaggact gggaggagaa taacccaggt cttaaggacc ccaaagtcag 60
gatgttgttt gatcttctca aacatctagt tccctgcttg atgggaggat cctaatgaaa 120
tacctgaaac atatattggc atttatcaat ggctcaaatc ttcatttatc tctggcctta 180
accctggctc ctgaggctgc ggccagcaga gcccaggcca gggctctgtt cttgccacac 240
ctgcttgatc ctcagatgtg gagggaggta ggcactgcct cagtcttcat ccaaacacct 300
ttccctttgc cctgagacct cagaatcttc cctttaaccc aagaccctgc ctcttccact 360
ccacccttct ccagggaccc ttagatcaca tcactccacc cctgccaggc cccaggttag 420
gaatagtggt gggaggaagg ggaaagggct gggcctcacc gctcccagca actgaaagga 480
caacactatc tggagccacc cactgaaagg gctgcaggca tgggctgtac 530

<210> 3
<211> 416
<212> ADN
<213> humano

<400> 3
gttggttcaa acttttggga gcacggactg tcagttctct gggaagtggt cagcgcatcc 60
tgcagggctt ctcctcctct gtcttttgga gaaccagggc tcttctcagg ggctctaggg 120
actgccaggc tgtttcagcc aggaaggcca aaatcaagag tgagatgtag aaagttgtaa 180
aatagaaaaa gtggagttgg tgaatcggtt gttctttcct cacatttgga tgattgtcat 240

aaggttttta gcatgttcct ccttttcttc accctcccct ttgttcttct attaatcaag 300
agaaacttca aagttaatgg gatggtcgga tctcacaggc tgagaactcg ttcacctcca 360
agcatttcat gaaaaagctg cttcttatta atcatacaaa ctctcaccat gatgtg 416

<210> 4
<211> 511
<212> ADN
<213> humano

<400> 4

aacactgcat aacccgtttc tttgaggagt gtgaccccaa caaggataag cacatcaccc 60
tgaaggagtg gggccactgc tttggaatta aagaagagga catagatgaa aatctcttgt 120
tttgaacgaa gattttaaag aactcaactt tccagcatcc tcctctgttc taaccacttc 180
agaaatatat gcagctgtga tacttgtaga tttatattta gcaaaatgtt agcatgtatg 240
acaagacaat gagagtaatt gcttgacaac aacctatgca ccaggtattt aacattaact 300
ttggaaacaa aaatgtacaa ttaagtaaag tcaacatatg caaaatactg tacattgtga 360
acagaagttt aattcatagt aatttcactc tctgcattga cttatgagat aattaatgat 420
taaactatta atgataaaaa taatgcattt gtattgttca taatatcatg tgcacttcaa 480
gaaaatggaa tgctactctt ttgtggttta c 511

<210> 5
<211> 456
<212> ADN
<213> humano

<400> 5
ggccgacaag aagaaggtgc tggacaagtg tcaagaggtc atctcgtggc tggacgccaa 60
caccttggcc gagaaggacg agtttgagca caagaggaag gagctggagc aggtgtgtaa 120
ccccatcatc agcggactgt accagggtgc cggtggtccc gggcctgggg gcttcggggc 180
tcagggtccc aagggagggt ctgggtcagg ccccaccatt gaggaggtag attaggggcc 240
tttccaagat tgctgttttt gttttggagc ttcaagactt tgcatttcct agtatttctg 300
tttgtcagtt ctcaatttcc tgtgtttgca atgttgaaat tttttggtga agtactgaac 360
ttgctttttt tccggtttct acatgcagag atgaatttat actgccatct tacgactatt 420
tcttcttttt aatacactta actcaggcca tttttt 456

<210> 6
<211> 524
<212> ADN
<213> humano

<400> 6
tcctgtcacc cattttgaag agtggcagaa cttgaagttc aacttcctct gtaaatatcc 60
aagtataaag cccaggaact tctagaataa cccagatgcg ctttaatttt ttttaatatg 120
ttttgatcac agaacttcta gaataaccca gatgctcttt catattcttt taatacatct 180
tgatcacagc tgggggaaaa aaagcttttt aattctgtac cttcctagta gataagtgaa 240
gagcagggaa agagaccttt aaatattttg ctataaaaaa atttgtgata agtttctatc 300
aaaatgggga gattgcagaa aaggcttccc ttggctccca aggaggtgta gcaggtgtga 360
gcaatattag tgccatgtgc ctttcacaca gggtttgcat ttatcagtct gttttccgat 420
gatgtgtaca tgaaagagta caccatgtga agagaagaga gaatgattga aaatgtttta 480
gtatagaact cttcttgcag tgggttgcta ttttctagat ttta 524

<210> 7
<211> 562
<212> ADN
<213> humano

<400> 7
gtttgtagac tctctgacca aggccacctg tgccccccag catggggccc cgggtcctgg 60
gcctgctgac gccagcaagg tggtggccaa gggcctgggg ctgagcaagg cctacgtagg 120
ccagaagagc agcttcacag tagactgcag caaagcaggc aacaacatgc tgctggtggg 180
ggttcatggc ccaaggaccc cctgcgagga gatcctggtg aagcacgtgg gcagccggct 240
ctacagcgtg tcctacctgc tcaaggacaa gggggagtac acactggtgg tcaaatgggg 300
gcacgagcac atcccaggca gcccctaccg cgttgtggtg ccctgagtct ggggcccgtg 360
ccagccggca gccccccaagc ctgccccgct acccaagcag ccccgccctc ttcccctcaa 420
ccccggccca ggccgccctg gccgcccgcc tgtcactgca gctgcccctg ccctgtgccg 480
tgctgcgctc acctgcctcc ccagccagcc gctgacctct cggctttcac ttgggcagag 540
ggagccattt ggtggcgctg ct 562

<210> 8
<211> 521
<212> ADN
<213> humano

<400> 8

cctcacccag attgaaactc tcttcaagtc taaggactat gagttcatgt ggaaccctca 60
cctgggctac atcctcacct gcccatccaa cctgggcacc gggctgcggg caggtgtcga 120
tatcaagctg cccaacctgg gcaagcatga gaagttctcg gaggtgctta agcggctgcg 180
acttcagaag cgaggcacag gcggtgtgga cacggctgcg gtgggcgggg tcttcgacgt 240
ctccaacgct gaccgcctgg gcttctcaga ggtggagctg gtgcagatgg tggtggacgg 300
agtgaagctg ctcatcgaga tggaacagcg gctggagcag ggccaggcca tcgacgacct 360
catgcctgcc cagaaatgaa gcccggccca cacccgacac cagccctgct gcttcctaac 420
ttattgcctg cagtgcccac catgcacccc tcgatgttgc cgtctggcga gcccttagcc 480
ttgctgtaag gaaggcttcc gtcacccttg gtagagttta t 521

<210> 9
<211> 381
<212> ADN
<213> humano

<400> 9
ctctcttagc tcagttactc aattcatacg tagtattttt taaaataatt ttatatctgt 60
gtaccacccc atatatttca tattactgtt tcacatgtac agctttctac ttctttgtaa 120
gaacaccaac caaccaaggt ttaagtgatt aataggcttg agcaccgggt ggcagatgtt 180
ctatgcagtg tggttcaagt ttctttgacc gcacttatat gcattgctaa tatggaattt 240
aagataccat acacagtctc tcatggacct atctctattg tagaattatg acttatgtct 300
tacttggcaa atttttctga atgtgacctt tttttgctga tttgctgggt ttgggattaa 360
ctagcattat tttgccacct t 381

<210> 10
<211> 523
<212> ADN
<213> humano

<400> 10
aagagttacg agttgcctga tgggcaagtg atcaccatcg gaaatgaacg tttccgctgc 60
ccagagaccc tgttccagcc atccttcatc gggatggagt ctgctggcat ccatgaaacc 120
acctacaaca gcatcatgaa gtgtgatatt gacatcagga aggacctcta tgctaacaat 180
gtcctatcag ggggcaccac tatgtaccct ggcattgccg accgaatgca gaaggagatc 240
acggccctag cacccagcac catgaagatc aagatcattg cccctccgga gcgcaaatac 300
tctgtctgga tcggtggctc catcctggcc tctctgtcca ccttccagca gatgtggatc 360
agcaaacagg aatacgatga agccgggcct tccattgtcc accgcaaatg cttctaaaac 420
actttcctgc tcctctctgt ctctagcaca caactgtgaa tgtcctgtgg aattatgcct 480
tcagttcttt tccaaatcat tcctagccaa agctctgact cgt 523

<210> 11
<211> 513
<212> ADN
<213> humano

<400> 11
gacgaccagc caggatatgc tctcaatcat ggagaaattg gaattcttcg atttttctta 60
tgaccttaac ctgtgtgggc tgacagagga cccagatctt caggtttctg cgatgcagca 120
ccagacagtg ctggaactga cagagactgg ggtggaggcg gctgcagcct ccgccatctc 180
tgtggcccgc accctgctgg tctttgaagt gcagcagccc ttcctcttcg tgctctggga 240
ccagcagcac aagttccctg tcttcatggg gcgagtatat gaccccaggg cctgagacct 300
gcaggatcag gttagggcga gcgctacctc tccagcctca gctctcagtt gcagccctgc 360
tgctgcctgc ctggacttgc ccctgccacc tcctgcctca ggtgtccgct atccaccaaa 420
agggctcctg agggtctggg caagggacct gcttctatta gcccttctcc atggccctgc 480
catgctctcc aaaccacttt ttgcagcttt ctc 513

<210> 12
<211> 360
<212> ADN
<213> humano

<400> 12
gcaataactc tgggaggggc tcgagagggc tggtccttat ttatttaact tcacccgagt 60
tcctctgggt ttctaagcag ttatggtgat gacttagcgt caagacattt gctgaactca 120
gcacattcgg gaccaatata tagtgggtac atcaagtcca tctgacaaaa tggggcagaa 180
gagaaaggac tcagtgtgtg atccggtttc tttttgctcg cccctgtttt ttgtagaatc 240
tcttcatgct tgacatacct accagtatta ttcccgacga cacatataca tatgagaata 300
taccttattt atttttgtgt aggtgtctgc cttcacaaat gtcattgtct actcctagaa 360

<210> 13
<211> 453
<212> ADN
<213> humano

<400> 13
gcatcctcaa acatggcgcc aaggataaac acgactaggc catccccagc cccctgacac 60
ccagcccccg ccagtcaccc ctccccgcac acacccgtcc ataccagctc cctgcccatg 120
accctcgctc agggatcccc ctttgagggt tagggtccca gttcccagtg gaagaaacag 180
gccaggagag tgcgtgccga gctgaggcag atgttcccac agtgacccca gagccctggg 240
ctatagtctc tgacccctcc aaggaaagac caccttctgg ggacatgggc tggagggcag 300
gacctagagg caccaaggga accgcattcc ggggctgttc cccgaggagg aagggaagcc 360
tctgtgtgcc ccccaggagg aagaggccct gagtcctggg atcagacacc ccttcacgtg 420
tatcccacac aaatgcaagc tcaccaaggt ccc 453

<210> 14
<211> 436
<212> ADN
<213> humano

<400> 14
tatagctctc tttagctcaa ccactctgtc catccagcca atggatgtcc ttccctgtac 60
ccaattcaag cttattttag ggaagccttg aaactaccat gtatctggct ctagctgagt 120
tattgaggat tgagccagtg caacgttaaa ctcagtgcac ttacatttga tttaaatgat 180
ggttttatct gttgtgtgaa gtggttcacc cttgaggacc aggagcctcc atatcctgac 240
tgaaaacctt ttctgagact tagagtaaca gtacttttgg ttccttgagt tctcctgtct 300
ccagatacct aaatgacctt gacttttctg ccttgtgaat tcgtagtcca atcagctgaa 360
attaaatcac ttgggaggga cgcatagaag gagctctagg aacacagtgc cagtgcagaa 420
gtttctccag gtggcc 436

<210> 15
<211> 525
<212> ADN
<213> humano

<400> 15
ctcagagcca cccctaaaga gatcctttga tattttcaac gcagccctgc tttgggctgc 60
cctggtgctg ccacacttca ggctcttctc ctttcacaac cttctgtggc tcacagaacc 120
cttggagcca atggagactg tctcaagagg gcactggtgg cccgacagcc tggcacaggg 180
cagtgggaca gggcatggcc aggtggccac tccagacccc tggcttttca ctgctggctg 240
ccttagaacc tttcttacat tagcagtttg ctttgtatgc actttgtttt tttctttggg 300
tcttgttttt tttttccact tagaaattgc atttcctgac agaaggactc aggttgtctg 360
aagtcactgc acagtgcatc tcagcccaca tagtgatggt tcccctgttc actctactta 420
gcatgtccct accgagtctc ttctccactg gatggaggaa aaccaagccg tggcttcccg 480
ctcagccctc cctgcccctc ccttcaacca ttccccatgg gaaat 525

<210> 16
<211> 398
<212> ADN
<213> humano

<400> 16
ctcctggact caatcatggc ttgtggtctg gtcgccagca acctgaatct caaacctgga 60
gagtgccttc gagtgcgagg cgaggtggct cctgacgcta agagcttcgt gctgaacctg 120
ggcaaagaca gcaacaacct gtgcctgcac ttcaaccctc gcttcaacgc ccacggcgac 180
gccaacacca tcgtgtgcaa cagcaaggac ggcggggcct gggggaccga gcagcgggag 240
gctgtctttc ccttccagcc tggaagtgtt gcagaggtgt gcatcacctt cgaccaggcc 300
aacctgaccg tcaagctgcc agatggatac gaattcaagt tccccaaccg cctcaacctg 360
gaggccatca actacatggc agctgacggt gacttcaa 398

<210> 17
<211> 489
<212> ADN
<213> humano

<400> 17

ggcagcattc aagtccgatg gttcctgaat ggacaggagg aaacagctgg ggtcgtgtcc 60
accaacctga tccgtaatgg agactggacc atccagatcc tggtgatgct ggaaatgacc 120
ccccagcagg gagacgtcta catctgccaa gtggagcaca ccagcctgga tagttccgtc 180
accgtggagt ggaaggcaca gtctgattct gcccagagta agacattgac gggagctggg 240
ggcttcgtgc tggggctcat catctgtgga gtgggactct tcatgcacag gaggagcaag 300
aaagttcaac gaggatctgc ataaacaggg ttcctgacct caccgaaaag actaatgtgc 360
cttagaacaa gcatttgctg tgttttgtta acacctggtt ccaggacaga ccctcagctt 420
cccaagagga tactgctgcc aagaagttgc tctgaagtca gtttctatcg ttctgctctt 480
tgattcaaa 489

<210> 18
<211> 459
<212> ADN
<213> humano

<400> 18
agaggcggga tactttcagc tttccatgta actgtatgca taaagccaat gtagtccagt 60
ttctaagatc atgttccaag ctaactgaat cccacttcaa tacacactca tgaactcctg 120
atggaacaat aacaggccca agcctgtggt atgatgtgca cacttgctag actcagaaaa 180
aatactactc tcataaatgg gtgggagtat tttggtgaca acctactttg cttggctgag 240
tgaaggaatg atattcatat attcatttat tccatggaca tttagttagt gctttttata 300
taccaggcat gatgctgagt gacactcttg tgtatatttc caaatttttg tatagtcgct 360
gcacatattt gaaatcatat attaagactt tccaaagatg aggtccctgg tttttcatgg 420
caacttgatc agtaaggatt tcacctctgt ttgtaacta 459

<210> 19
<211> 493
<212> ADN
<213> humano

<400> 19
gacttttttgg aatagccctg tctagggcaa actgtggccc ccaggagaca ctacccttcc 60
atgccccaga cctctgtctt gcatgtgaca attgacaatc tggactaccc caagatggca 120
cccaagtgtt tggcttctgg ctacctaagg ttaacatgtc actagagtat ttttatgaga 180
gacaaacatt ataaaaatct gatggcaaaa gcaaaacaaa atggaaagta ggggaggtgg 240
atgtgacaac aacttccaaa ttggctcttt ggaggcgaga ggaaggggag aacttggaga 300
atagtttttg ctttgggggt agaggcttct tagattctcc cagcatccgc ctttcccttt 360
agccagtctg ctgtcctgaa acccagaagt gatggagaga aaccaacaag agatctcgaa 420
ccctgtctag aaggaatgta tttgttgcta aatttcgtag cactgtttac agttttcctc 480
catgttattt atg 493

<210> 20
<211> 300
<212> ADN
<213> humano

<400> 20
gccacgattg gagaatactt tgcttcatag tattggagca catgttactg cttcattttg 60
gagcttgtgg agttgatgac tttctgtttt ctgtttgtaa attatttgct aagcatattt 120
tctctaggct tttttccttt tggggttcta cagtcgtaaa agagataata agattagttg 180
gacagtttaa agcttttatt cgtcctttga caaaagtaaa tgggagggca ttccatccct 240
tcctgaaggg ggacactcca tgagtgtctg tgagaggcag ctatctgcac tctaaactgc 300

<210> 21
<211> 511
<212> ADN
<213> humano

<400> 21
ttaggtcaag ttcatagttt ctgtaattgg cttttgaatc aaagaatagg gagacaatct 60
aaaaaatatc ttaggttgga gatgacagaa atatgattga tttgaagtgg aaaaagaaat 120

tctgttaatg ttaattaaag taaaattatt ccctgaattg tttgatattg tcacctagca 180
gatatgtatt acttttctgc aatgttatta ttggcttgca ctttgtgagt atctatgtaa 240
aaatatatat gtatataaaa tatatattgc ataggacaga cttaggagtt ttgtttagag 300
cagttaacat ctgaagtgtc taatgcatta acttttgtaa ggtactgaat acttaatatg 360
tgggaaaccc ttttgcgtgg tccttaggct tacaatgtgc actgaatcgt ttcatgtaag 420
aatccaaagt ggacaccatt aacaggtctt tgaaatatgc atgtacttta tattttctat 480
atttgtaact ttgcatgttc ttgttttgtt a 511

<210> 22
<211> 299
<212> ADN
<213> humano

<400> 22
caccaaatta cctaggctga ggttagagag attggccagc aaaaactgtg ggaagatgaa 60
ctttgtcatt atgatttcat tatcacatga ttatagaagg ctgtcttagt gcaaaaaaca 120
tacttacatt tcagacatat ccaaagggaa tactcacatt ttgttaagaa gttgaactat 180
gactggagta aaccatgtat tcccttatct tttacttttt ttctgtgaca tttatgtctc 240
atgtaatttg cattactctg gtggattgtt ctagtactgt attgggcttc ttcgttaat 299

<210> 23
<211> 280
<212> ADN
<213> humano

<400> 23
accagctcta ggtccaattg ttctgctcta actgatacct caaccttggg gccagcatct 60
cccactgcct ccaaatatta gtaactatga ctgacgtccc cagaagtttc tgggtctacc 120
acactcccca acccccact cctacttcct gaagggccct cccaaggcta catccccacc 180
ccacagttct ccctgagaga gatcaacctc cctgagatca accaaggcag atgtgacagc 240
aagggccacg gaccccatgg caggggtggc gtcttcatga 280

<210> 24
<211> 428
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (110)..(110)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (143)..(143)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (146)..(146)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (166)..(166)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (179)..(179)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 24

tgtggatgtt tccaagcctg acctcacggc tgccctgcgt gacgtacgtc agcaatatga 60
aagtgtggct gccaagaacc tgcaggaggc agaagaatgg tacaaatccn agtttgctga 120
cctctctgag gctgccaacc ggnacnatga cgccctgcgc caggcnaagc aggagtccnc 180
tgagtaccgg agacaggtgc agtccctcac ctgtgaagtg gatgcccttа aaggaaccaa 240
tgagtccctg gaacgccaga tgcgtgaaat ggaagagaac tttgccgttg aagctgctaa 300
ctaccaagac actattggcc gcctgcagga tgagattcag aatatgaagg aggaaatggc 360

tcgtcacctt cgtgaatacc aagacctgct caatgttaag atggcccttg acattgagat 420
tgccacct 428

<210> 25
<211> 362
<212> ADN
<213> humano

<400> 25
gatccagaaa tacttaacac gtgaatattt tgctaaaaaa gcatatataa ctattttaaa 60
tatccattta tcttttgtat atctaagact catcctgatt tttactatca cacatgaata 120
aaggcctttg tatctttctt tctctaatgt tgtatcatac tcttctaaaa cttgagtggc 180
tgtcttaaaa gatataaggg gaaagataat attgtctgtc tctatattgc ttagtaagta 240
tttccatagt caatgatggt ttaataggta aaccaaaccc tataaacctg acctccttta 300
tggttaatac tattaagcaa gaatgcagta cagaattgga tacagtacgg atttgtccaa 360
at 362

<210> 26
<211> 456
<212> ADN
<213> humano

<400> 26
ctccagcagt tctctcgaat actttgaatg ttgtgtaaca gttagccact gctggtgttt 60
atgtgaacat tcctatcaat ccaaattccc tctggagttt catgttatgc ctgttgcagg 120
caaatgtaaa gtctagaaaa taatgcaaat gtcacggcta ctctatatac ttttgcttgg 180
ttcatttttt ttccctttta gttaagcatg actttagatg ggaagcctgt gtatcgtgga 240
gaaacaagag accaactttt tcattccctg cccccaattt cccagactag atttcaagct 300
aattttcttt ttctgaagcc tctaacaaat gatctagttc agaaggaagc aaaatccctt 360
aatctatgtg caccgttggg accaatgcct taattaaaga atttaaaaaa gttgtaatag 420
agaatatttt tggcattcct ctcaatgttg tgtgtt 456

<210> 27
<211> 421
<212> ADN
<213> humano

<400> 27
caagtgcagc gatggggagc gggcccgggc ggagctcaat gacaaagtcc acaagctgca 60
gaatgaagtt gagagcgtca cagggatgct taacgaggcc gaggggaagg ccattaagct 120
ggccaaggac gtggcgtccc tcagttccca gctccaggac acccaggagc tgcttcaaga 180
agaaacccgg cagaagctca acgtgtctac gaagctgcgc cagctggagg aggagcggaa 240
cagcctgcaa gaccagctgg acgaggagat ggaggccaag cagaacctgg agcgccacat 300
ctccactctc aacatccagc tctccgactc gaagaagaag ctgcaggact ttgccagcac 360
cgtggaagct ctggaagagg ggaagaagag gttccagaag gagatcgaga acctcaccca 420
g 421

<210> 28
<211> 563
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (297)..(298)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 28

tcaagtccaa gttcaagtcc accatcgcgg cgctggaggc caagattgca cagctggagg 60
agcaggtcga gcaggaggcc agagagaaac aggcggccac caagtcgctg aagcagaaag 120
acaagaagct gaaggaaatc ttgctgcagg tggaggacga gcgcaagatg gccgagcagt 180
acaaggagca ggcagagaaa ggcaatgcca gggtcaagca gctcaagagg cagctggagg 240
aggcagagga ggagtcccag cgcatcaacg ccaaccgcag gaagctgcag cgggagnngg 300
atgaggccac ggagagcaac gaggccatgg gccgcgaggt gaacgcactc aagagcaagc 360
tcagagggcc ccccccacag gaaacttcgc agtgatgcac caggcgagga aacgagacct 420
ctttcgttcc ttctagaagg tctggaggac gtagagttat tgaaaatgca gatggttctg 480

aggaggaaac ggacactcga gacgcagact tcaatggaac caaggccagt gaataagcaa 540
ctttctacag ttttgcacca cgg 563

<210> 29
<211> 539
<212> ADN
<213> humano

<400> 29
tgagccagga agaacgctcc agcccaggac ttcgaggctg caatgagcta taattgcatc 60
attgcactcc agcctgggca acagagaccc tgtctcaacc accaccacca ccaccacccc 120
tactacccct gtattcaagg taaaaattga agtttgtatg atgtaagaga tgagaaaaac 180
ccaacaggaa acacagacac atcctccagt tctatcaatg gattgtgcag acactgagtt 240
tttagaaaaa catatccacg gtaaccggtc cctggcaatt ctgtttacat gaaatgggga 300
gaaagtcacc gaaatgggtg ccgccggccc ccactcccaa ttcattccct aacctgcaaa 360
cctttccaac ttctcacgtc aggcctttga gaattctttc cccctctcct ggtttccaca 420
cctcagacac gcacagttca ccaagtgcct tctgtagtca catgaattga aaaggagacg 480
ctgctcccac ggaggggagc aggaatgctg cactgtttac accctgactg tgcttaaaa 539

<210> 30
<211> 202
<212> ADN
<213> humano

<400> 30
tgaagtgcaa caaggccatc acatctggag gaatcactta ccaggatcag ccctggcatg 60
ccgattgctt tgtgtgtgtt acctgctcta agaagctggc tgggcagcgt ttcaccgctg 120
tggaggacca gtattactgc gtggattgct acaagaactt tgtggccaag aagtgtgctg 180
gatgcaagaa ccccatcact gg 202

<210> 31
<211> 357
<212> ADN
<213> humano

<400> 31
cagggctgtc atcaacatgg atatgacatt tcacaacagt gactagttga atcccttgta 60
acgtagtagt tgtctgctct ttgtccatgt gttaatgagg actgcaaagt cccttctgtt 120
gtgattccca ggacttttcc tcaagaggaa atctggattt ccacctaccg cttacctgaa 180
atgcaggatc acctacttac tgtattctac attattatat gacatagtat aatgagacaa 240
tatcaaaagt aaacatgtaa tgacaataca tactaacatt cttgtaggag tggttagaga 300
agctgatgcc tcatttctac attctgtcat tagctattat catctaacgt ttcagtg 357

<210> 32
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 32
cttgagacca ggagacgtat ccagcaagcg gaacctctgg gaaaagcaat ctgtggataa 60
ggtcacttcc cccactaagg tttgagacag ttccagaaag aacccaagct caagacgcag 120
gacgagctca gttgtagagg gctaattcgc tctgttttgt atttatgttg atttactaaa 180
ttgggttcat tatcttttat ttttcaatat cccagtaaac ccatgtatat tatcactata 240
tttaataatc acagtctaga gatgttcatg gtaaaagtac tgcctttgca caggagcctg 300
tttctaaaga aacccatgct gtgaaataga gacttttcta ctgatcatca taactctgta 360
tctgagcagt gataccaacc acatctgaag tcaacagaag atccaagttt aaaattgcct 420
gcggaatgtg tgcagtatct agaaa 445

<210> 33

<211> 496
<212> ADN
<213> humano

<400> 33
tgttgtttct gcactttata ataaagcatg gaagaaatta tcttagtagg caattgtaac 60
acttttgaa agtaacccat ttcagatttg aaatactgca ataatggttg tctttaaaaa 120
aaaaaagaat gtactgttaa ggtattactt tttttcatgc tgatgattca tatctaaatt 180
acattattat gttagctgac agtggtactg attttttagg ttggttgttt tgtggatttc 240

tttagtagtg atagtagcct gaaccacatt ttagataact caattatgta tgtatgtgca 300
tacacatata caaacacact aatggtagaa tgctttttta tgtgctagac tattatattt 360
agtagtatgt cattgtaact agccaatatc acagcttttg aaaaattaaa aaatcatcat 420
cactataata tttcatattt gccaacagaa acatggcaga taggtatcaa tatgttttca 480

atgcctgatg acctat 496

<210> 34
<211> 535
<212> ADN
<213> humano

<400> 34
ttttaccaaa gcatcaatac aaccagccca accatcggtc cacacctggg catttggtga 60
gaatcaaagc tgaccatgga tccctggggc caacggcaac agcatgggcc tcacctcctc 120
tgtgatttct ttctttgcac caaagacatc agtctccaac atgtttctgt tttgttgttt 180
gattcagcaa aaatctccca gtgacaacat cgcaatagtt ttttacttct cttaggtggc 240
tctgggatgg gagaggggta ggatgtacag gggtagtttg ttttagaacc agccgtattt 300
tacatgaagc tgtataatta attgtcatta tttttgttag caaagattaa atgtgtcatt 360
ggaagccatc ccttttttta catttcatac aacagaaacc agaaaagcaa tactgtttcc 420
attttaagga tatgattaat attattaata taataatgat gatgatgatg atgaaaacta 480
aggatttttc aagagatctt tctttccaaa acatttctgg acagtacctg attgt 535

<210> 35
<211> 436
<212> ADN
<213> humano

<400> 35
gagtggacta ttaaatgtgc ctaaatgaat tttgcagtaa ctggtattct tgggttttcc 60
tacttaatac acagtaattc agaacttgta ttctattatg agtttagcag tcttttggag 120
tgaccagcaa ctttgatgtt tgcactaaga ttttatttgg aatgcaagag aggttgaaag 180
aggattcagt agtacacata caactaattt atttgaacta tatgttgaag acatctacca 240
gtttctccaa atgccttttt taaaactcat cacagaagat tggtgaaaat gctgagtatg 300
acacttttct tcttgcatgc atgtcagcta cataaacagt tttgtacaat gaaaattact 360
aatttgtttg acattccatg ttaaactacg gtcatgttca gcttcattgc atgtaatgta 420
gacctagtcc atcaga 436

<210> 36
<211> 534
<212> ADN
<213> humano

<400> 36
tgctgtgtga accgtcgtgt gagtgtggta tgcctgatca cagatggatt ttgttataag 60
catcaatgtg acacttgcag gacactacaa cgtgggacat tgtttgtttc ttccatattt 120
ggaagataaa tttatgtgta gacttttttg taagatacgg ttaataacta aaatttattg 180
aaatggtctt gcaatgactc gtattcagat gcctaaagaa agcattgctg ctacaaatat 240
ttctatttttt agaaagggtt tttatggacc aatgccccag ttgtcagtca gagccgttgg 300
tgtttttcat tgtttaaaat gtcacctgta aaatgggcat tatttatgtt ttttttttg 360
cattcctgat aattgtatgt attgtataaa gaacgtctgt acattgggtt ataacactag 420
tatatttaaa cttacaggct tatttgtaat gtaaaccacc attttaatgt actgtaatta 480
acatggttat aatacgtaca atccttccct catcccatca cacaactttt tttg 534

<210> 37
<211> 551
<212> ADN
<213> humano

<400> 37
ccatccagaa tctagcgctg cgcaacacag gaatggagac gcccacaggc gtgtgcgccg 60
cactggcggc ggcaggtgtg cagccccaca gcctagacct cagccacaac tcgctgcgcg 120
ccaccgtaaa ccctagcgct ccgagatgca tgtggtccag cgccctgaac tccctcaatc 180
tgtcgttcgc tgggctggaa caggtgccta aaggactgcc agccaagctc agagtgctcg 240
atctcagctg caacagactg aacagggcgc cgcagcctga cgagctgccc gaggtggata 300
acctgacact ggacgggaat cccttcctgg tccctggaac tgccctcccc cacgagggct 360
caatgaactc cggcgtggtc ccagcctgtg cacgttcgac cctgtcggtg ggggtgtcgg 420

gaaccctggt gctgctccaa ggggcccggg gctttgccta agatccaaga cagaataatg 480
aatggactca aactgccttg gcttcagggg agtcccgtca ggacgttgag gacttttcga 540
ccaattcaac c 551

<210> 38
<211> 305
<212> ADN
<213> humano

<400> 38
caaatgatgt gcaaaacctt ttactggttg catggaaatc agccaagttt tataatcctt 60
aaatcttaat gttcctcaaa gcttggatta aatacatatg gatgttactc tcttgcacca 120
aattatcttg atacattcaa atttgtctgg taaaaaaata ggtggtagat attgaggcca 180
agaatattgc aaaatacatg aagcttcatg cacttaaaga agtattttta gaataagaat 240
ttgcatactt acctagtgaa acttttctag aattattttt cactctaagt catgtatgtt 300
tctct 305

<210> 39
<211> 456
<212> ADN
<213> humano

<400> 39
tcagcagtat agggaccttc cgcacaagct ctgtgttaag attgacaata atagtggggc 60
cattttcatt ttagtctttt ctaagagtca accacaggca tttaagtcag ccaaagaata 120
ttgttacctt aaagcactat tttatttata gatatatcta gtgcatctac atctctatac 180
tgtacactca cccataattc aaacaattac accatggtat aaagtgggca tttaatatgt 240
aaagattcaa agtttgtctt tattactata tgtaaattag acattaatcc actaaactgg 300
tcttcttcaa gagagctaag tatacactat ctggtgaaac ttggattctt tcctataaaa 360
gtgggaccaa gcaatgatga tcttctgtgg tgcttaagga aacttactag agctccacta 420
acagtctcat aaggaggcag ccatcataac cattga 456

<210> 40
<211> 476
<212> ADN
<213> humano

<400> 40
gtgccaatcc tttgaatgtt ccacggaaac actggtggac agattctagt gctgagaaga 60
aacacgtttg gtttggagag tccatggatg gtggttttca gtttagctac ggcaatcctg 120
aacttcctga agatgtcctt gatgtgcagc tggcattcct tcgacttctc tccagccgag 180
cttcccagaa catcacatat cactgcaaaa atagcattgc atacatggat caggccagtg 240
gaaatgtaaa gaaggccctg aagctgatgg ggtcaaatga aggtgaattc aaggctgaag 300
gaaatagcaa attcacctac acagttctgg aggatggttg cacgaaacac actggggaat 360
ggagcaaaac agtctttgaa tatcgaacac gcaaggctgt gagactacct attgtagata 420
ttgcacccta tgacattggt ggtcctgatc aagaatttgg tgtggacgtt ggccct 476

<210> 41
<211> 376
<212> ADN
<213> humano

<400> 41

cctggttctg gaatcctcag ttcaaggtta tcctacgcag agagccaggt accaatgggt 60
gcgctgcaat ccagacagta attctgcaaa ctgccttgaa gaaaaaggac caatgttcga 120
actacttcca ggtgaatcca acaagatccc ccgtctgagg actgaccttt ttccaaagac 180
gagaatccag gacttgaatc gtatcttccc actttctgag gactactctg gatcaggctt 240
cggctccggc tccggctctg gatcaggatc tgggagtggc ttcctaacgg aaatggaaca 300
ggattaccaa ctagtagacg aaagtgatgc tttccatgac aaccttaggt ctcttgacag 360
gaatctgccc tcagac 376

<210> 42
<211> 482
<212> ADN
<213> humano

<400> 42
tatgctttaa tgctgttatc tatcttattg ttcttgaaaa tacctgcatt ttttggtatc 60

atgttcaacc aacatcatta tgaaattaat tagattccca tggccataaa atggctttaa 120
agaatatata tatattttta aagtagcttg agaagcaaat tggcaggtaa tatttcatac 180
ctaaattaag actctgactt ggattgtgaa ttataatgat atgccccttt tcttataaaa 240
acaaaaaaaa aataatgaaa cacagtgaat ttgtagagtg ggggtatttg acatatttta 300
cagggtggag tgtactatat actattacct ttgaatgtgt ttgcagagct agtggatgtg 360
tttgtctaca agtatgattg ctgttacata acaccccaaa ttaactccca aattaaaaca 420
cagttgtgct gtcaatacct catactgctt taccttttt tcctggatat ctgtgtattt 480
tc 482

<210> 43
<211> 570
<212> ADN
<213> humano

<400> 43
gttgagtcgt catcactttt cagtgatggg agagtagatg gtgaaattta ttagttaata 60
tatcccagaa attagaaacc ttaatatgtg gacgtaatct ccacagtcaa agaaggatgg 120
cacctaaacc accagtgccc aaagtctgtg tgatgaactt tctcttcata ctttttttca 180
cagttggctg gatgaaattt tctagacttt ctgttggtgt atccccccccc tgtatagtta 240
ggatagcatt tttgatttat gcatggaaac ctgaaaaaaa gtttacaagt gtatatcaga 300
aaagggaagt tgtgcctttt atagctatta ctgtctggtt ttaacaattt cctttatatt 360
tagtgaacta cgcttgctca ttttttctta cataattttt tattcaagtt attgtacagc 420
tgtttaagat gggcagctag ttcgtagctt tcccaaataa actctaaaca ttaatcaatc 480
atctgtgtga aaatgggttg gtgcttctaa cctgatggca cttagctatc agaagaccac 540
aaaaattgac tcaaatctcc agtattcttg 570

<210> 44
<211> 508
<212> ADN
<213> humano

<400> 44
tctcctacat ccgcattgct gataccaata tcaccagcat tcctcaaggt cttcctcctt 60
cccttacgga attacatctt gatggcaaca aaatcagcag agttgatgca gctagcctga 120
aaggactgaa taatttggct aagttgggat tgagtttcaa cagcatctct gctgttgaca 180
atggctctct ggccaacacg cctcatctga gggagcttca cttggacaac aacaagctta 240
ccagagtacc tggtgggctg gcagagcata agtacatcca ggttgtctac cttcataaca 300
acaatatctc tgtagttgga tcaagtgact tctgcccacc tggacacaac accaaaaagg 360
cttcttattc gggtgtgagt cttttcagca acccggtcca gtactgggag atacagccat 420
ccaccttcag atgtgtctac gtgcgctctg ccattcaact cggaaactat aagtaattct 480
caagaaagcc ctcattttta taacctgg 508

<210> 45
<211> 499
<212> ADN
<213> humano

<400> 45

gtatcaggct tcaattccat tatgttttaa tgttgtctct gaagatgact tgtgattttt 60
ttttcttttt tttaaaccat gaagagccgt ttgacagagc atgctctgcg ttgttggttt 120
caccagcttc tgccctcaca tgcacaggga tttaacaaca aaaatataac tacaacttcc 180
cttgtagtct cttatataag tagagtcctt ggtactctgc cctcctgtca gtagtggcag 240
gatctattgg catattcggg agcttcttag agggatgagg ttctttgaac acagtgaaaa 300
tttaaattag taacttttt gcaagcagtt tattgactgt tattgctaag aagaagtaag 360
aaagaaaaag cctgttggca atcttggtta tttctttaag atttctggca gtgtgggatg 420
gatgaatgaa gtggaatgtg aactttgggc aagttaaatg ggacagcctt ccatgttcat 480
ttgtctacct cttaactga 499

<210> 46
<211> 453
<212> ADN
<213> humano

<400> 46
gttgtgccta ccactggctg gcacaccagg gcaatgattt ccctgcagaa ggaaggaaag 60
aatgtttcac ccttgcatcc ttcttggaga agctacagcc tgtgctcagt tgagtggttc 120
acactcagac tttggcttta tggttttcct tcctccttgt ctttgccctg accttgatca 180

acaggggtga aaagaaccac cctgaggttt ccatgcctct cccattttag tggtagcatt 240
ttgtgtcttt actccaccct tcaccctagt tccaccaagg ttcacacacc agatgtaact 300
gtttttcagc tgagttgtat ggattaactt cagtccactg taaatacacc tgggatgggg 360
tggggttggg gttgtttagg gagaagcagc cagacttgct ttgtgaactg aatgtatttt 420
tatgcaattt tgagtggcct ttcaacccta aga 453

<210> 47
<211> 594
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (42)..(42)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 47
tatcagtagc tcgtgttatc tttttatcaa ctgcttccca gngtcctaaa acaatagaaa 60
ttttggattg aaaagttcag cataaggagt ttgagtcagt aaaggatggg ataaaggagt 120
cgagatgatt caatgaaaag tatcacaaaa aagagattga tcaacaagag aaataaaaaa 180
gcccaagagg aagtggtagg ggaaggaatt taagaacagc aataagtaaa actcttaagt 240
aactccaaaa agaaaatggt acattttgcc aaagaccact tatacttgag aacatggaag 300
aatttgcctg atactctctt tggggaaaag agtctctcct cttttcctca aaccccagta 360
cactcagcct ctctgcccca ccttctcctg actttgtcct cacttgcttc tgcagtacat 420
tggaacctga attgaaagaa agtcttcctt gaataattgg agtttgtctt gagaggcaaa 480
tatagcccca agaatcacaa gattcgagga ccatgtaggt cttttacgta gcccaaatcc 540
ataaattagt ctcacttttt gtatttatcg tttcatatta aaccctctat atca 594

<210> 48
<211> 335
<212> ADN
<213> humano

<400> 48
taacacttgg ctcttggtac ctgtgggtta gcatcaagtt ctccccaggg tagaattcaa 60
tcagagctcc agtttgcatt tggatgtgta aattacagta atcccatttc ccaaacctaa 120
aatctgtttt tctcatcaga ctctgagtaa ctggttgctg tgtcataact tcatagatgc 180
aggaggctca ggtgatctgt ttgaggagag caccctaggc agcctgcagg gaataacata 240
ctggccgttc tgacctgttg ccagcagata cacaggacat ggatgaaatt cccgtttcct 300
ctagtttctt cctgtagtac tcctctttta gatcc 335

<210> 49
<211> 464
<212> ADN
<213> humano

<400> 49

cagtcactct aaatggacac cacatgaacc tctgtttaga atacctacgt atgtatgcat 60
tggtttgctt gtttcttgac agtacatttt tagatctggc cttttcttaa caaaatctgt 120
gcaaaagatg caggtggatg tccctaggtc tgttttcaaa gaacttttc caagtgcttg 180
ttttatttat taagtgtcta cctggtaaat gtttttttg taaactctga gtggactgta 240
tcatttgcta ttctaaacca ttttacactt aagttaaaat agtttctctt cagctgtaaa 300
taacaggata cagaattaac aagagaaaat gtctaacttt ttaagaaaaa ccttattttc 360
ttcggttttt gaaaaacata atggaaataa aacaggatat tgacataata gcacaaaatg 420
acactcttct aaaactaaat gggcacaaga gaattttcct ggga 464

<210> 50
<211> 499
<212> ADN
<213> humano

<400> 50
gtcaaaacct aattgcaatt ctgttaaatc taagtaattt ttagacagtg tttcaccgta 60
ttatttagga tgtgaaatgc catttctttc actgattaca ccatatacag gaaacaggta 120
aaacagtgaa aactttattg tgctggttga tgccaacttg gttgaaaagc tctctgcaga 180
agaagtgatc tagactgaca gaagtgttgc taattacaag ttgtgttctc atgacgtaat 240
tagaaagtaa cttctcaaag tacaactttt atgaaaaaaa taagctgtta aaaaaaggaa 300
atcgtaggtt aatttaattg ggaaaatggg caattgacag agaccatttt cctaacacat 360
atatgtgcta gtactttaac tttttaaaat tttacttcta cgttttgtaa tataaaaatt 420
tctattttaa gtttagaatg ttatacgtac cgaaagtatg cagccaaatc gatcagatca 480
aaccatttta cctggagtt 499

<210> 51
<211> 174
<212> ADN
<213> humano

<400> 51
agctgtgagc cttggctgtt ggcagtgagt gagcctggct cttgtgctgg atggagccca 60
ggcgggagcg gtggccctgt ccctcccacc tctgtgacct gaggcctacg ctttggctct 120
ggagatagcc ccagagcagg gtgttgggat actgcagggc caggactgag cccc 174

<210> 52
<211> 531
<212> ADN
<213> humano

<400> 52
ctgttagctc ctcactgtgg taaatgccac acacctttaa gtagataagc agacgatagt 60
tatctgttct tttgacttaa tctcatttgg tttgattttc cctctactaa ggctttccta 120
ccttcttcag gctgcctaag acatgtaagc gaaacacttc aataattgtc catgaggaga 180
aaaaaagcat tgtcatgcat gaaggaaact gaacttgagg tggcctcctt gcttgttaca 240
tacctgggta tgtgtaggca gtttagtgca tctttgcctc tcagttgaaa cctgtataac 300
cctgttacaa agctgtgttg ttgcttcttg tgaaggccat gatattttgt tttttcccca 360
attaattgct attgtgttat tttactaact tctctctgta ttttttcttg cattgacatt 420
atagacattg aggacctcat ccaaacaatt taaaaatgag tgtgaaggggg gaacaagtca 480
aaatattttt aaaagatctt caaaaataat gcctctgtct agcatgccaa c 531

<210> 53
<211> 467
<212> ADN
<213> humano

<400> 53
tgtcagagtt ttcaacggtg cttatagctg ccagctggat tccaaacagg taccccattg 60
tctctgagct aatgtttata tttttccatt caggcaccga aatagttaat atttaaaata 120
agtcttcaaa agaaaacata agagattatt gagttcttgg gactggatcc tttatttcat 180
aagttcagat catcttaaat gaaaatgcca tgattatctg cagttaagta gatgacagct 240
attctacatc agacttgatt tttgtcagct aattacataa ttggtaagct ataattgaaa 300
ccttatggct taaaattcct taactccttt ttgattcatg tttgtagtca tgttgtcaac 360
agaggcaaag ttaagcttga tgatggttaa aatcggtttg atagcaccat gggacatttt 420
tctaacaaaa ataaatgcat gaagagacat agccttttag ttttgct 467

<210> 54

<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 54
aagagctatg agctgccaga tgggcaggtt atcaccattg gcaatgagcg cttccgctgc 60
cctgagaccc tcttccagcc ttcctttatt ggcatggagt ccgctggaat tcatgagaca 120
acctacaatt ccatcatgaa gtgtgacatt gacatccgta aggacttata tgccaacaat 180
gtcctctctg ggggcaccac catgtaccct ggcattgctg acaggatgca gaaggagatc 240
acagccctgg cccccagcac catgaagatc aagattattg ctcccccaga gcggaagtac 300
tcagtctgga tcgggggctc tatcctggcc tctctctcca ccttccagca gatgtggatc 360
agcaagcctg agtatgatga ggcagggccc tccattgtcc acaggaagtg cttctaaagt 420
cagaacaggt tctccaagga tcccc 445

<210> 55
<211> 525
<212> ADN
<213> humano

<400> 55
caactgccct tgaccggaag catgagtatc atcttcttcc tgcccctgaa agtgacccag 60
aatttgacct tgatagagga gagcctcacc tccgagttca ttcatgacat agaccgagaa 120
ctgaagaccg tgcaggcggt cctcactgtc cccaagctga agctgagtta cgaaggcgaa 180
gtcaccaagt ccctgcagga gatgaagctg caatccttgt ttgattcacc agactttagc 240
aagatcacag gcaaacccat caagctgact caggtggaac accgggctgg ctttgagtgg 300
aacgaggatg gggcgggaac cacccccagc ccagggctgc agcctgccca cctcaccttc 360
ccgctggact atcaccttaa ccagcctttc atcttcgtac tgagggacac agacacaggg 420
gcccttctct tcattggcaa gattctggac cccaggggcc cctaatatcc cagtttaata 480
ttccaatacc ctagaagaaa acccgaggga cagcagattc cacag 525

<210> 56
<211> 444
<212> ADN
<213> humano

<400> 56
ctgacctgca ggacgaaacc atgaagagcc tgatccttct tgccatcctg gccgccttag 60
cggtagtaac tttgtgttat gaatcacatg aaagcatgga atcttatgaa cttaatccct 120
tcattaacag gagaaatgca aataccttca tatcccctca gcagagatgg agagctaaag 180
tccaagagag gatccgagaa cgctctaagc ctgtccacga gctcaatagg gaagcctgtg 240
atgactacag actttgcgaa cgctacgcca tggtttatgg atacaatgct gcctataatc 300
gctacttcag gaagcgccga ggggccaaat gagactgagg gaagaaaaaa aatctctttt 360
tttctggagg ctggcacctg attttgtatc cccctgtagc agcattactg aaatacatag 420
gcttatatac aatgcttctt tcct 444

<210> 57
<211> 444
<212> ADN
<213> humano

<400> 57
gaagccctgg aaaatcgcct gagatacaga tgaagattag aaatcgcgac acatttgtag 60
tcattgtatc acggattaca atgaacgcag tgcagagccc caaagctcag gctattgtta 120
aatcaataat gttgtgaagt aaaacaatca gtactgagaa acctggtttg ccacagaaca 180
aagacaagaa gtatacacta acttgtataa atttatctag gaaaaaaatc cttcagaatt 240
ctaagatgaa tttaccaggt gagaatgaat aagctatgca aggtattttg taatatactg 300
tggacacaac ttgcttctgc ctcatcctgc cttagtgtgc aatctcattt gactatacga 360
taaagtttgc acagtcttac ttctgtagaa cactggccat aggaaatgct gtttttttgt 420
actggacttt accttgatat atgt 444

<210> 58
<211> 450
<212> ADN
<213> humano

<400> 58

gctggtatca gaacagcttc cctcactgtg tacagaacgc aagaagggaa taggtggtct 60
gaacgtggtg tctcactctg aaaagcagga atgtaagatg atgaaagaga caatgtaata 120
ctgttggtcc aaaagcattt aaaatcaata gatctgggat tatgtggcct taggtagctg 180
gttgtacatc tttccctaaa tcgatccatg ttaccacata gtagttttag tttaggattc 240
agtaacagtg aagtgtttac tatgtgcaag ggtattgaag ttcttatgac cacagatcat 300
cagtactgtt gtctcatgta atgctaaaac tgaaatggtc cgtgtttgca ttgttaaaaa 360
tgatgtgtga aatagaatga gtgctatggt gttgaaaact gcagtgtccg ttatgagtgc 420
caaaaatctg tcttgaaggc agctacactt 450

<210> 59
<211> 474
<212> ADN
<213> humano

<400> 59
aacctgaaaa catcccagcc aagaactggt ataggagctc caaggacaag aaacacgtct 60
ggctaggaga aactatcaat gctggcagcc agtttgaata taatgtagaa ggagtgactt 120
ccaaggaaat ggctacccaa cttgccttca tgcgcctgct ggccaactat gcctctcaga 180
acatcaccta ccactgcaag aacagcattg catacatgga tgaggagact ggcaacctga 240
aaaaggctgt cattctacag ggctctaatg atgttgaact tgttgctgag ggcaacagca 300

ggttcactta cactgttctt gtagatggct gctctaaaaa gacaaatgaa tggggaaaga 360
caatcattga atacaaaaca aataagccat cacgcctgcc cttccttgat attgcacctt 420
tggacatcgg tggtgctgac caggaattct ttgtggacat tggcccagtc tgtt 474

<210> 60
<211> 421
<212> ADN
<213> humano

<400> 60
gagccattgg aagactgtcc tctatggcaa tgatctcagg gctcagtggc aggaaatcct 60
caacagggtc accaaccagc ccgctcaatg cagaaaaact agaatctgaa gatgtgtccc 120
aagctttcct tgaggctgtt gctgaggaaa agcctcatgt aaaaccctat ttctctaaga 180
ccattcgcga tttagaagtt gtggagggaa gtgctgctag atttgactgc aagattgaag 240
gatacccaga ccccgaggtt gtctggttca aagatgacca gtcaatcagg gagtcccgcc 300
acttccagat agactacgat gaggacggga actgctcttt aattattagt gatgtttgcg 360
gggatgacga tgccaagtac acctgcaagg ctgtcaacag tcttggagaa gccacctgca 420
c 421

<210> 61
<211> 502
<212> ADN
<213> humano

<400> 61
ttatcaagtg tcaagatcag caagtgtcct taagtcaaat aggtttttt ttgttggtgg 60
ttgtgcttgc tttccttttt tagaaagttc tagaaaatag gaaaacgaaa aatttcattg 120
agatgagtag tgcatttaat tatttttaa aaaacttttt aagtacttga attttatatc 180
aggaaaacaa agttgttgag ccttgcttct tccgttttgc cctttgtctc gctccttatt 240
ctttttggg gggagggtta tttgcttttt tatcttcctg gcataatttc cattttattc 300
ttctgagtgt ctatgttaac ttcctctat cccgcttata aaaaaattct ccaacaaaaa 360
tacttgttga cttgatgttt tatcacttct ctaagtaagg ttgaaatatc cttattgtag 420
ctactgtttt taatgtaaag gttaaacttg aaaagaaatt cttaatcacg gtgccaaaat 480
tcattttcta acaccatgtg tt 502

<210> 62
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (163)..(164)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 62

agattctaac ggtctgttct gtttcaaggc actctagatt ccattggtcc aagattccgg 60
atcctaagca tctaagttat aagactctca cactcagttg tgactaacta gacaccaaag 120
ttctaataat ttctaatgtt ggacaccttt aggttctttg ctnnattctg cctctctagg 180
accatggtta agagtccaag aatccacatt tctaaaatct tatagttcta ggcactgtag 240
ttctaagact caaatgttct aagtttctaa gattctaaag gtccacaggt ctagactatt 300
aggtgcaatt tcaaggttct aacctatac tgtagtattc tttggggtgc ccctctcctt 360
cttagctatc attgcttcct cctccccaac tgtgggggtg tgccccttc aagcctgtgc 420
aatgcattag ggatgcctcc tttccgcagg ggatggacga tctcccacct ttcgggccat 480
gttgcccccg tgagccaatc cctcaccttc tgagtacaga gtgtggactc tggtgcctcc 540
a 541

<210> 63
<211> 496
<212> ADN
<213> humano

<400> 63
ggctctggag gtgggcagca atctgtcaat caccttgtta aagagattga tatgctgctg 60
aaagaatatt tactctctgg agacatatct gaagctgaac attgccttaa ggaactggaa 120
gtacctcatt ttcaccatga gcttgtatat gaagctatta taatggtttt agagtcaact 180
ggagaaagta catttaagat gattttggat ttattaaagt ccctttggaa gtcttctacc 240
attactgtag accaaatgaa aagaggttat gagagaattt acaatgaaat tccggacatt 300
aatctggatg tcccacattc atactctgtg ctggagcggt ttgtagaaga atgttttcag 360
gctggaataa tttggaaaca actcagagat ctttgtcctt caaggggcag aaagcgtttt 420
gtaagcgaag gagatggagg tcgtcttaaa ccagagagct actgaatata agaactcttg 480
cagtcttaga tgttat 496

<210> 64
<211> 507
<212> ADN
<213> humano

<400> 64
gtaagattcc tcctaacttt cacagtcgat gacaagattg tctttttatc tgatattttg 60
aagggtatat tgctttgaag taagtctcaa taaggcaata tattttaggg catctttctt 120
cttatctctg acagtgttct taaaattatt tgaatatcat aagagccttg gtgtctgtcc 180
taattccttt ctcactcacc gatgctgaat acccagttga atcaaactgt caacctacca 240
aaaacgatat tgtggcttat gggtattgct gtctcattct tggtatattc ttgtgttaac 300
tgcccattgg cctgaaaata ctcattgtaa gcctgaaaaa aaaaatcttt cccactgttt 360
tttctgcttg ttgtaagaat caaatgaaat aatgtatgtg aaagcacctt gtaaactgta 420
acctatcaat gtaaaatgtt aaggtgtgtt gttatttcat taattacttc tttgtttaga 480
atggaatttc ctatgcacta ctgtagc 507

<210> 65
<211> 450
<212> ADN
<213> humano

<400> 65
tacacttttt tttgccaact gacttaacaa cattgctgtc aggtggaaat ttcaagcact 60
tttgcacatt tagttcagtg tttgttgaga atccatggct taacccactt gttttgctat 120
ttttttcttt gcttttaatt ttccccatct gattttatct ctgcgtttca gtgacctacc 180
ttaaaacaac acacgagaag agttaaactg ggttcatttt aatgatcaat ttacctgcat 240
ataaaattta tttttaatca agctgatctt aatgtatata atcattctat ttgctttatt 300
atcggtgcag gtaggtcatt aacaccactt cttttcatct gtaccacacc ctggtgaaac 360
ctttgaagac ataaaaaaaa cctgtctgag atgttctttc taccaatcta tatgtctttc 420
ggttatcaag tgtttctgca tggtaatgtc 450

<210> 66
<211> 549
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (76)..(76)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 66
aaactactaa ccactgcaag ctcttgtcaa attttagttt aattggcatt gcttgttttt 60
tgaaactgaa attacntgag tttcattttt tctttgaatt tatagggttt agatttctga 120
aagcagcatg aatatatcac ctaacatcct gacaataaat tccatccgtt gttttttttg 180
tttgtttgtt ttttcttttc ctttaagtaa gctctttatt catcttatgg tgcagcaatt 240
ttaaaatttg aaatatttta aattgttttt gaacttttttg tgtaaaatat atcagatctc 300
aacattgttg gtttcttttg tttttcattt tgtacaactt tcttgaattt agaaattaca 360
tctttgcagt tctgttaggt gctctgtaat taacctgact tatatgtgaa caattttcat 420
gagacagtca tttttaacta atgcagtgat tctttctcac tactatctgt attgtggaat 480
gcacaaaatt gtgtaggtgc tgaatgctgt aaggagttta ggttgtatga attctacaac 540
cctataata 549

<210> 67
<211> 489
<212> ADN
<213> humano

<400> 67
gagatactat ttttgctgag caaccagtgt gtttcaggat gatacaaaga aaaatataga 60
atagaaataa gtgcaggctt ggaatcagct acaaatccta aagatggggt gtgtgtggat 120
gtgtgtgtgt gtgtgtgtac accattgtgt gtttgtaaaa tgtgtatgtt catgagtaag 180
ggtgtgtgtg tgtgtgtatt aaaattccag agtgaccgtg gcacttgggt gtacaggtaa 240
ttcctccaga gctgtttgct ggcttcagga gtggagtgag aatttctttt ttatgaaaag 300
ggatataaag gcaccgagct gatgcagtat ttgtaatatt aagttgacct aacaaggtat 360
ttgcatgagt cacaattaca aagttttgag cggttttgta atttgacatt taggaaagtc 420
tcctatttat tctcatactt tacattcatg cttagtatac tatagaggat gccagcttta 480
atctttctg 489

<210> 68
<211> 543
<212> ADN
<213> humano

<400> 68
gctttcaatt gatggactac tctatttttt gcaaatttgt aaactttgct tctccaaata 60
caagtactag gttgtccatt tatggtacct atttggtgct agtaaatttt caaactagat 120
ttataaatgc actgtaatat gtacacaact tagaaaccaa attacaagta ttcagttcca 180
atacttcatt aatttcaatc aaccaaagtt agttcagtag cttatctcag ttatgagtat 240
aatacattac atgtaaatta agtgtgtgta tactgtaatc gtgctatttt ttatcattga 300
aacatttata aactagaata ataatgccct taatgtgagg gtttgtaatg gtgcttatta 360
agaccaaaga cttgttaaat gtatacacca agtggtaatg aaatttcgtg actggcccac 420
acgtgcatag aggtctggga ggaccaggaa acagcctcag tggccagagg atcaccagtg 480
catccttcat cacagcatgt gcaatatgcc aagattaccc tcggtcattc ctgtcaacaa 540
ggg 543

<210> 69
<211> 500
<212> ADN
<213> humano

<400> 69
gcgtgagtgt gtgagcgctt ctgcagcctc ggcctaggtc acgttggccc tcaaagcgag 60
ccgttgaatt ggaaactgct tctagaaact ctggctcagc ctgtctcggg ctgacccttt 120
tctgatcgtc tcggcccctc tgattgttcc cgatggtctc tctccctctg tcttttctcc 180
tccgcctgtg tccatctgac cgttttcact tgtctccttt ctgactgtcc ctgccaatgc 240
tccagctgtc gtctgactct gggttcgttg gggacatgag attttatttt ttgtgagtga 300
gactgaggga tcgtagattt ttacaatctg tatctttgac aattctgggt gcgagtgtga 360
gagtgtgagc agggcttgct cctgccaacc acaattcaat gaatccccga ccccctacc 420
ccatgctgta cttgtggttc tctttttgta ttttgcatct gaccccgggg ggctgggaca 480
gattggcaat gggccgtccc 500

<210> 70
<211> 482
<212> ADN
<213> humano

<400> 70

agaaagaggc gctgctcact gttttcctgc ttcagttttt ctcttatagt accatcacta 60
taatcaacga acttctcttc tccacccaga gatggctttt ccaacacatt ttaattaaag 120
gaactgagta cattaccctg atgtctaaat ggaccaaaga tctgagatcc attgtgatta 180
tatctgtatc aggtcagcag aagaaggaac tgagcagttg aactctgagt tcatcaattc 240
taatatttgg aaattatcta caatggaatc ttccctctgt tctctgataa cctacttgct 300
tactcaatgc ctttaagcca agtcaccctg ttgcctatgg gaggaggtgg aaggatttgg 360
caagctcaac cacatgctat ttagttagca tcagttgtca ccaacagtct ttctgcaaag 420
ggcaggagag ctttgggggа aaggaaaagg cttaccaggc tgctatggtc aactcttcag 480
aa 482

<210> 71
<211> 508
<212> ADN
<213> humano

<400> 71
agccctggag aagacgaaag ccaacatcaa gtgggtgaag gagaacaagg aggtggtgct 60
ccagtggttc acagaaaaca gcaaatagtc cccagccctt gaagtcaccc ggccccgatg 120

caaggtgccc acatgtgtcc atcccagcgg ctggtgcagg gcctccattc ctggagcccg 180
aggcaccagt gtcctcccct caaggacaaa gtctccagcc cacgttctct ctgcctgtga 240
gccagtctag ttcctgatga cccaggctgc ctgagcacct cccagcccct gcccctcatg 300
ccaaccccgc cctaggcctg gcatggcacc tgtcgcccag tgccctgggg ctgatctcag 360
ggaagcccag ctccagggcc agatgagcag aagctctcga tggacaatga acggccttgc 420
tgggggccgc cctgtaccct ctttcacctt tccctaaaga ccctaaatct gaggaatcaa 480
cagggcagca gatctgtata tttttttc 508

<210> 72
<211> 460
<212> ADN
<213> humano

<400> 72
attatctggt cttttcctgt tgtgcaaaaa tgactcattg ctccgaatgt caaaaacaaa 60
tgcgacaaac aatggcactt catcatttaa agtaatgttg ccaagagaaa aaatttcctg 120
ggagggaggt ttcccacaag ccaaatctcc taagcctcaa atgctagcac tttttggcag 180
ttggatagga aatgagacat tctttggcag ccaaaataag agaggccgat ggtgaaactt 240
tttgagacac cctatggcct tcttgtcaaa accttcactg gagctcaaga aaagcatttc 300
tgttgtgtta tttgcagtgc agatgatgtc tgtgtaacaa cataatggtt attcaccttt 360
ttttgatttt gatttttgct gtgttatcaa aaacttgaat actgtgagaa gaagtgaatt 420
ttcagttgac gaatcagcat cttgttccca tggtgataac 460

<210> 73
<211> 551
<212> ADN
<213> humano

<400> 73
cttcgaccac gtgatcacca acatgaacaa caattatgag ccccgcagtg gcaagttcac 60
ctgcaaggtg cccggtctct actacttcac ctaccacgcc agctctcgag ggaacctgtg 120
cgtgaacctc atgcgtggcc gggagcgtgc acagaaggtg gtcaccttct gtgactatgc 180
ctacaacacc ttccaggtca ccaccggtgg catggtcctc aagctggagc agggggagaa 240
cgtcttcctg caggccaccg acaagaactc actactgggc atggagggtg ccaacagcat 300
cttttccggg ttcctgctct ttccagatat ggaggcctga cctgtgggct gcttcacatc 360
caccccggct ccccctgcca gcaacgctca ctctaccccc aacaccaccc cttgcccagc 420
caatggacac agtagggctt ggtgaatgct gctgagtgaa tgagtaaata aactcttcaa 480
ggccaaggaa cagtggtcta attcaactct gtgtcccagc actggcacac cagaagtgcc 540
atgctcagaa a 551

<210> 74
<211> 542
<212> ADN
<213> humano

<400> 74

tgatgagctt tcctttgatc cggacgacgt aatcactgac attgagatgg tggacgaggg 60
ctggtggcgg ggacgttgcc atggccactt tggactcttc cctgcaaatt atgtcaagct 120
tctggagtga ctagagctca ctgtctactg caactgtgat ttcccatgtc caaagtggct 180
ctgctccacc ccctccctat tcctgatgca aatgtctaac cagatgagtt tctggacaga 240
cttccctctc ctgcttcatt aagggcttgg ggcagagaca gcatggggaa ggaggtcccc 300
ttccccaaga gtcctctcta tcctggatga gctcatgaac atttctcttg tgttcctgac 360
tccttcccaa tgaacacctc tctgccaccc caagctctgc tctcctcctc tgtgagctct 420
gggcttccca gtttgtttac ccgggaaagt acgtctagat tgtgtggttt gcctcattgt 480
gctatttgcc cactttcctt ccctgaagaa atatctgtga accttctttc tgttcagtcc 540
ta 542

<210> 75
<211> 436
<212> ADN
<213> humano

<400> 75
gctggaatac ttactcttgt cgggagattg aaccactaaa atgttagagc agaattcatt 60
atgctgtggt cacaggggtg tcttgtctga gaacaaatac aattcagtct tctctttggg 120
gttttagtat gtgtcaaaca taggactgga agtttgcccc tgttcttttt tcttttgaaa 180
gaacatcagt tcatgcctga ggcatgagtg actgtgcatt tgagatagtt ttccctattc 240

tgtggataca gtcccagagt tttcagggag tacacaggta gattagtttg aagcattgac 300
cttttattta ttccttattt ctctttcatc aaaacaaaac agcagctgtg ggaggagaaa 360
tgagagggct taaatgaaat ttaaaataag ctatattata caaatactat ctctgtattg 420
ttctgaccct ggtaaa 436

<210> 76
<211> 379
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (170)..(170)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 76
aatgcgaagg ctaagtgtca ccccctttct ctgcctctgg ctgggccttg ctaagggcca 60
aggaaagaaa gacatttttt agggggcagc cagtccaaat gccaaaagaa gaccagttct 120
tgccctgatt gtatgaaatt tgacattttg gcacttttct ttttttttn ggccaatcag 180
attttctatg ttctaaggac atggctgctg tagaatagca cagacgtgga tgataaatta 240
tccccagaag cagcatgaca gaatgcctcg gggagcactt ggaagggaaa ttgcagttct 300
gttgaaatag aggaaaatcc cttggtaaag acacagcctg ttaggctcgt gtgggcctcc 360
agtatgttca ccaggggaa 379

<210> 77
<211> 451
<212> ADN
<213> humano

<400> 77
aacgatgtca catgcgtgtt cgaccccgtg cacaccatct cccacaccgt catctcgctg 60
cctaccttcc gcgagttcac ccgccctgaa gagatcatct tcctccgggc catcacgcca 120
ccgcatcctg ccagccaggc taacatcatc ttcgacatca cggaagggaa cctgcgggac 180
tcttttgaca tcatcaagcg ttacatggac ggcatgaccg tgggtgtcgt gcgccaggtg 240
cggcccatcg tgggcccatt tcatgccgtc ctgaagctgg agatgaacta tgtggtcggg 300
ggcgtggttt cccaccgaaa tgttgtcaac gtccgcatct tcgtctctga gtactggttc 360
tgagggctgg tctgccgcac agccgcaggt gcacctccag gccaaatcat tgctgccagt 420
gactgtggtc tgtacttgtt tataccctca g 451

<210> 78
<211> 500
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea

<222> (410)..(411)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 78
gacagacctg agaccaatct gggtagaagc aaaaagttga acctttaaa gtgctgaaca 60
caaatccaaa ttcgaatggt tcaagcagcc gtgaaatcgc tcttcataaa gtgggcttaa 120
ttctctagtt taagttcttt tgatggaatg aattaattaa tgtgtcaggt ggcttatttg 180
tggatgccat gattgatgat gttcatttta agctcttacc tatagtacaa gtacatgatg 240
ctactgaata tttttccact tggaaactgt gagctggttg ttgcattaaa acacacatac 300
aaacaaaatc aaaaacactg cggactttca ctcaagctgg tctttcttcc ccagtgtaag 360
gcaatcctgc ctactaacaa caccaacaac aaaacactcc atctgtgaan ntgacgcagt 420
taaggggget aggcagggca tttgtgccaa ctaagaatca ccagataccc accataagta 480
cctatcgcag ttttgaagtc 500

<210> 79
<211> 480
<212> ADN
<213> humano

<400> 79
acctcgcaac atcaacatct atacttacga tgatatggaa gtgaagcaaa tcaacaaacg 60
tgcctctggc caggcttttg agctgatctt gaagccacca tctcctatct cagaagcccc 120
acgaacttta gcttctccaa agaagaaaga cctgtccctg gaggagatcc agaagaaact 180
ggaggctgca ggggaaagaa gaaagtctca ggaggcccag gtgctgaaac aattggcaga 240
gaagagggaa cacgagcgag aagtccttca gaaggctttg gaggagaaca acaacttcag 300
caagatggcg gaggaaaagc tgatcctgaa aatggaacaa attaaggaaa accgtgaggc 360
taatctagct gctattattg aacgtctgca ggaaaaggag aggcatgctg cggaggtgcg 420
caggaacaag gaactccagg ttgaactgtc tggctgaagc aagggagggt ctggcacgcc 480

<210> 80
<211> 510
<212> ADN
<213> humano

<400> 80
atggcctctg tgaataatgt aactccagtt acacggtgac ttttaatagc atacagtgat 60
ttgatgaaag gacgtcaaac aatgtggcga tgtcgtggaa agttatcttt cccgctcttt 120
gctgtggtca ttgtgtcttg cagaaaggat ggccctgatg cagcagcagc gccagctgta 180
ataaaaaata attcacacta tcagactagc aaggcactag aactggaaaa gaccacagaa 240
aacaaagaat ccaacccttt catcttacag gtgaacaaac tgtgatgatg cacatgtatg 300
tgttttgtaa gctgtgagca ccgtaacaaa atgtaaattt gccattatta ggaaagtgct 360
ggtggcagtg aagaagcacc caggccactt gactcccagt ctggtgccct gtctacacca 420
gacaacacag gagctgggtc agattcccct cagctgctta acaaagttcc tcgaacagaa 480
agtgcttaca aagctgcctt ctcggatact 510

<210> 81
<211> 560
<212> ADN
<213> humano

<400> 81
agctgccttc tcggatactg aaaggtcgag ttttctgaac tgcactgatt ttattgcagt 60
tgaaaaaccc aaagctattc caaagatttc aagctgttct gagacatctt ctgatggctt 120
tacttcctga gaggcaatgt ttttacttta tgcataattc attgttgcca aggaataaag 180
tgaagaaaca gcacctttt aatatatagg tctctctgga agagacctaa atttagaaag 240
agaaaactgt gacaattttc atattctcat tcttaaaaaa cactaatctt aactaacaaa 300
agttcttttg agaataagtt acacacaatg gccacagcag tttgtcttta atagtatagt 360
gcctatactc atgtaatcgg ttactcacta ctgcctttaa aaaaaaccag catatttatt 420
gaaaacatga gacaggatta tagtgcctta accgatatat tttgtgactt aaaaaataca 480
tttaaaactg ctcttctgct ctagtaccat gcttagtgca aatgattatt tctatgtaca 540
actgatgctt gttcttattt 560

<210> 82
<211> 561
<212> ADN
<213> humano

<400> 82

ttcagttgct aatgaggctc ctccgctctg gacacaaccc ttttatagat taatttctct 60
gccaattaac ttgtcatttt cagtacatat tttactattc cacaccaacc ataattacaa 120
caagggattt ttcttatgca ctcctatgca tgtgaataac atgtggtgta attctgcttc 180
ttacagaagt attactgaag gtattatttc caatattatt tggtttatta tgcggatctt 240
ttttatatat gcagtcccat cccttctgtg ccactcaatg ccatccagac atggtttttc 300
cctccagggg cctttctctc cagagggcac ttcggctgcc tctgcttcct ctcattcgag 360
gcccggctct tgctgacaga ataggttccg ttctgggcgg tggttctcga gcctgccatt 420
caaaaccaaa gcaaattgga gcatttctca caacatggta ttgaagttcc tttttgttct 480
caaaagttgt gaccgtgtta aattgtactc ccttagtcct gtaaggtatg ttaagtgaat 540
cgcagttacg ctgtactttt a 561

<210> 83
<211> 458
<212> ADN
<213> humano

<400> 83
agaaaatttg ccaatctttc ctactttcta tttttatgat gacaatcaaa gccggcctga 60

gaaacactat ttgtgacttt ttaaacgatt agtgatgtcc ttaaaatgtg gtctgccaat 120
ctgtacaaaa tggtcctatt tttgtgaaga gggacataag ataaaatgat gttatacatc 180
aatatgtata tatgtatttc tatatagact tggagaatac tgccaaaaca tttatgacaa 240
gctgtatcac tgccttcgtt tatatttttt taactgtgat aatccccaca ggcacattaa 300
ctgttgcact tttgaatgtc caaaatttat attttagaaa taataaaaag aaagatactt 360
acatgttccc aaaacaatgg tgtggtgaat gtgtgagaaa aactaacttg atagggtcta 420
ccaatacaaa atgtattacg aatgcccctg ttcatgtt 458

<210> 84
<211> 543
<212> ADN
<213> humano

<400> 84
ccaggactac agaataccat cccctggtac cgtgtagttg ccgaagtcca gatctgccat 60
ggcaaaacgg aggctgtggg ccaggtccac atcttcttcc aggatgggat ggtgacgttg 120
actccaaaca agggtgtgtg ggtgaatggt ctccgagtgg atctcccagc tgagaagtta 180
gcatctgtgt ccgtgagtcg tacacctgat ggctccctgc tagtccgcca gaaggcaggg 240
gtccaggtgt ggcttggagc caatgggaag gtggctgtga ttgtcagcaa tgaccatgct 300
gggaaactgt gtggggcctg tggaaacttt gacggggacc agaccaatga ttggcatgac 360
tcccaggaga agccagcgat ggagaaatgg agagcgcagg acttctcccc atgttatggc 420
tgatcagtca tccaccagga acgaagattt cctgaagaag acctggtccc tctggaggtt 480
gcggtggctg aaggatgcat catgtgctcc taccctgctc taccgctttt ctgggtcaca 540
gag 543

<210> 85
<211> 401
<212> ADN
<213> humano

<400> 85
aaagacaagc attgggtcag acccataaac cacctcccaa aggctgtcat ttcattgcac 60
tggaattttg ctttatcaga agcaaggaag taagggagtc attgccttgg gcctgggaat 120
ctaagtggga gacaatatta atttggatcc gattaattgg agattactaa ctgtggacaa 180
aagtttatct ttgcacaatc aataaaaatg gcatttttt agtaaattaa gagcataaac 240
aatattgcta gaggtggcat gtttagtcta ccaaaaacaa tacttttcag gcactttaga 300
aatatccttt tagaagcagc gagtgcatgg gctaattatc atcaatcttt atgtatttgt 360
taaagaaaca tctacaggat ctttattggt gacctttttgt a 401

<210> 86
<211> 454
<212> ADN
<213> humano

<400> 86

gtccttcaca tcaccatttt gagacctcag cttggcactc aggtgctgaa gggtaatatg 60
gactcagcct tgcaaatagc cagtgctagt tctgacccaa ccacagagga tgctgacatc 120
atttgtatta tgttccaagg ctactacaga gaaggctgcc tgctatgtat ttgcaaggct 180
gatttatggt cagaatttcc ctctgatatg tctagggtgt gatttaggtc agtagactgt 240
gattcttagc aaaaaatgaa cagtgataag tatactgggg gcaaaatcag aatggaatgc 300
tctggtctat ataaccacat ttctgagcct ttgagactgt tcctgagcct tcagcactaa 360
cctatgaggg tgagctggtc ccctctatat atacatcata cttaacttta ctaagtaatc 420
tcacagcatt tgccaagtct cccaatatcc aatt 454

<210> 87
<211> 492
<212> ADN
<213> humano

<400> 87
atgtgtcact gatttttag ctcaaaatca tcactgttaa tttccagtca ccccaaatat 60
ggttaaaaga ttttttttt taatcatgaa gagaaaatta gtagcatttc tttctctccc 120
cattatttat tggttttcct cactaatctt ttttttttta gtccaaaagc caaaaatatt 180
tatcttggtt ttacatttta atttccattc ttaattgtaa tttttttctt taaataagga 240
aaccaatata atctcatgta taaaaactta aatattttac aagttacata tagcatcatt 300
ctaaaataag aatttttttt gttttctgtc tgctttttc ttatgtctct tgttgagttt 360
tatattttca gtggttattt ttgcttgtgt tagatcatta ttaaaatata tccaatgtcc 420
ctttgatact tgtgctctgc tgagaatgta cagtttgcat taaacatccc aggtctcatc 480
cttcaggaat tt 492

<210> 88
<211> 444
<212> ADN
<213> humano

<400> 88
gaagcgcctg gcagtgtacc aggccggggc ccgcgagggc gccgagcgcg gcctcagcgc 60
catccgcgag cgcctggggc ccctggtgga acagggccgc gtgcgggccg ccactgtggg 120
ctccctggcc ggccagccgc tacaggagcg ggcccaggcc tggggcgagc ggctgcgcgc 180
gcggatggag gagatgggca gccggacccg cgaccgcctg gacgaggtga aggagcaggt 240
ggcggaggtg cgcgccaagc tggaggagca ggcccagcag atacgcctgc aggccgaggc 300
cttccaggcc cgcctcaaga gctggttcga gcccctggtg gaagacatgc agcgccagtg 360
ggccgggctg gtggagaagg tgcaggctgc cgtgggcacc agcgccgccc ctgtgcccag 420
cgacaatcac tgaacgccga agcc 444

<210> 89
<211> 500
<212> ADN
<213> humano

<400> 89
actgtgatat aggtactctg atttaaaact ttggacatcc tgtgatctgt tttaaagttg 60
gggggtggga aatttagctg actagggaca aacatgtaaa cctattttcc tatgaaaaaa 120
gttttaaatg tcccacttga ataacgtaat tcttcatagt ttttttaatc tatggataaa 180
tggaaaccta attatttgta atgaattatt tagacagttc taagccctgt cttctgggag 240
ttatcaattt taaagagaac ttttgtgcaa ttcaaatgaa gtttttataa gtaattgaaa 300
atgacaacac aataacactt tctgtataaa agtatatatt ttatgtgatt tattcctact 360
aaatgaaagt gcactactgc ctcatgtaaa gactcttgca cgcagagcct ttaagtgact 420
aaggaacaac atagatagtg agcatagtcc ccacctccac ccctcacaat ttatttgaat 480
acttcaattg tgcctctcaa 500

<210> 90
<211> 444
<212> ADN
<213> humano

<400> 90

ttcagacagt tatatcctcc ttttaaacca ttgttgttga gtgtaagatg tccttcatgt 60
tttcttataa agtcagtgtt tagaaatgtt acccctttcta agttatatac agatcaaatg 120
ctttttttctt tcacgtacat ccatcatttg caactgctgt tcgtacacag aaacaggact 180
gctcaaatga tcctatttgt attttctgat gctatcagac tctaatgttt ttttccctaa 240
aatattattg ccatcatgct ttaggaattt ttatattttt acacaatcat attttagtat 300
ggtgtctgtt tatgtaactc tgacttgctg gaaaagttga aactccaaat aatctgaaac 360
tagaaaagaa atagcacata attactacct tccccttggc ggctctcctc ccccaacccc 420
caccccacaa ttttatgact tcca 444

<210> 91
<211> 435
<212> ADN
<213> humano

<400> 91
caacgtctaa ctggacttcc caagataaat ggtaccagcg tcctcttaaa agatgcctta 60
atccattcct tgaggacaga ccttagttga aatgatagca gaatgtgctt ctctctggca 120
gctggccttc tgcttctgag ttgcacatta atcagattag cctgattctc ttcagtgaat 180
tttgataatg gcttccagac tctttgcgtt ggagacgcct gttaggatct tcaagtccca 240
tcatagaaaa ttgaaacaca gagttgttct gctgatagtt ttggggatac gtccatcttt 300
ttaagggatt gctttcatct aattctggca ggacctcacc aaaagatcca gcctcatacc 360
tacatcagac aaaatatcgc cgttgttcct tctgtactaa agtattgtgt tttgctttgg 420
aaacacccac tcact 435

<210> 92
<211> 486
<212> ADN
<213> humano

<400> 92
gccagacgct ggggccatag tgagtgtggg cacaaggaag acgctgcagt gaattgcaca 60
gatatttcag tgcagaaaac cccacaaaaa gccacaacag gtcgctcatc ccgtcagtca 120
tcctttattg cagtcgggat ccttggggtt gttctgttgg ccattttcgt cgcattattc 180
ttcttgacta aaaagcgaag acagagacag cggcttgcag tttcctcaag aggagagaac 240
ttagtccacc aaattcaata ccgggagatg aattcttgcc tgaatgcaga tgatctggac 300
ctaatgaatt cctcaggagg ccattctgag ccacactgaa aaggaaaatg ggaatttata 360
acccagtgag ttcagccttt aagatacctt gatgaagacc tggactattg aatggagcag 420
aaattcacct ctctcactga ctattacagt tgcattttta tggagttctt cttctcctag 480
gattcc 486

<210> 93
<211> 522
<212> ADN
<213> humano

<400> 93
ttttcattgt tcattgatat gctcagtatg ctgccacata agatgaattt aattatattc 60
aaccaaagca atatactctt acatgatttc taggccccat gacccagtgt ctagagacat 120
taattctaac cagttgtttg cttttaaatg agtgatttca ttttgggaaa caggtttcaa 180
atgaatatat atacatgggt aaaattactc tgtgctagtg tagtcttact agagaatgtt 240
tatggtccca cttgtatatg aaaatgtggt tagaatgtta attggataat gtatatataa 300
gaagttaaag tatgtaaagt ataacttcag ccacattttt agaacactgt ttaacatttt 360
tgcaaaacct tcttgtagga aaagagagct ctctacatga agatgacttg ttttatattt 420
cagattttat tttaaaagcc atgtctgtta aacaagaaaa aacacaaaag aactccagat 480
tcctggttca tcattctgta ttcttactca ctttttcaag tt 522

<210> 94
<211> 465
<212> ADN
<213> humano

<400> 94

atcctcattc ttatactgct tttcgtggcc actttggaca agtcctggtg gactctccct 60
gggaaagagt ccctgaatct ctggtacgac tgcacgtgga acaacgacac caaaacatgg 120
gcctgcagta atgtcagcga gaatggctgg ctgaaggcgg tgcaggtcct catggtgctc 180
tccctcattc tctgctgtct ctccttcatc ctgttcatgt tccagctcta caccatgcga 240
cgaggaggtc tcttctatgc caccggcctc tgccagcttt gcaccagcgt ggcggtgttt 300
actggcgcct tgatctatgc cattcacgcc gaggagatcc tggagaagca cccgcgaggg 360
ggcagcttcg gatactgctt cgccctggcc tgggtggcct tccccctcgc cctggtcagc 420
ggcatcatct acatccacct acggaagcgg gagtgagcgc cccgc 465

<210> 95
<211> 560
<212> ADN
<213> humano

<400> 95
caagtatcgg ggctctgcta tcaaggtgca aagtccttcg tggatgcaac ctcaaccata 60
tattctacag caccctggtg ccgtgttaac tccctcaatg gagcacacca tgtcactaca 120
gcccgcatca atgatcagcc ctctggccca gcagatgagt catctgtcac taggcagcac 180
cggaacatac atgcctgcaa cgtcagctat gcaaggagcc tacttgccac agtatgcaca 240
tatgcagacg acagcggttc ctgttgagga ggcaagtggt caacagcagg tggctgtcga 300
gacgtctaat gaccattctc catatacctt tcaacctaat aagtaactgt gagatgtaca 360
gaaaggtgtt cttacatgaa gaagggtgtg aaggctgaac aatcatggat ttttctgatc 420
aattgtgctt taggaaatta ttgacagttt tgcacaggtt cttgaaaacg ttatttataa 480
tgaaatcaac taaaactatt tttgctataa gttctataag gtgcataaaa cccttaaatt 540
catctagtag ctgttccccc 560

<210> 96
<211> 442
<212> ADN
<213> humano

<400> 96
caccttgggt ctgtgtcact tgtaggtttc tctgcctcca ggttgcctca acagcaggag 60

gcacagcagt ttcaccatct ttgaggtgag ggtggggtgc cccagctagg aagcaagatc 120
gctgtgctag gtctgaccaa aaccagaggg cagtctagtc ctgggggtaa agccctcaga 180
tcccagggta cactcttctc cattccctcc acccacttgc ctgtcacccc agtcacctaa 240
gcaatcactg ggcccagagg agaggagaca gacacacact ggctcctgga cctaaagggt 300
atgagctgga gctaaggcca gctagagctt ccactgtcag ccctcactgt cagccccact 360
gcacccccct gtgcctgctg ggcactgggc actagctaga tgctttaggt tgcttcagct 420
gatccttcaa ctctgtgagg tg 442

<210> 97
<211> 484
<212> ADN
<213> humano

<400> 97
tatgtgacgc tggacctttt ctttacccaa ggattttaa aactcagatt taaaacaagg 60
ggttacttta catcctacta agaagtttaa gtaagtaagt ttcattctaa aatcagaggt 120
aaatagagtg cataaataat tttgttttaa tctttttgtt tttcttttag acacattagc 180
tctggagtga gtctgtcata atatttgaac aaaaattgag agctttattg ctgcatttta 240
agcataatta atttggacat tatttcgtgt tgtgttcttt ataaccaccg agtattaaac 300
tgtaaatcat aatgtaactg aagcataaac atcacatggc atgttttgtc attgttttca 360
ggtactgagt tcttacttga gtatcataat atattgtgtt ttaacaccaa cactgtaaca 420
tttacgaatt attttttttaa acttcagttt tactgcattt tcacaacata tcagacttca 480
ccaa 484

<210> 98
<211> 509
<212> ADN
<213> humano

<400> 98

tgtgtaatac gccaaccagt caagttgtgt tttggccaga gatttagata tgtccaattt 60
cctggctcat ttcattgtgc tctatgggta cgtataaaaa gcaagaattc tgtttcctag 120
gcaaacattg caactcaggg ctaaagtcat ccagtgaaac ttttagagcc agaagtaact 180
ttgtcccagt cctacaatgt gaaaagagtg aatagttgcc tctttttagc cattttcatg 240
gctggtacat attcgtacgc attacttttc agaatcaata cgcactttca gatattctta 300
tttttattct cttaagtctt tattaacttt ggagagagaa atgatgcatc tttttatttt 360
aaatgaagta gatcaacatg gtggaacaaa atgataaaga acagaaaaca tttcaatata 420
ttactaataa ctttttccaa tataaatcct aaaattccta taacatagta ttttacagtt 480
ttatgaagct ttctattgtg acttttatg 509

<210> 99
<211> 453
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (250)..(250)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 99
aacactcaca tacaagttca tactttaaaa gaggaaagct acttaacaat gacaaatatt 60
tcacaataat aatttttact tatataccat ctttcaactg aacatttcag ttcttccaag 120
agcttcttag agtagtatat tttgggggca gtcaaggaat aaactacagt gtaaacatat 180
cccagatgaa aactgctgta tggaaaaatg acagaaagta actgattgac actgttgatt 240
cacagttcan gcctcctatc tgggaaagac atttctttcc tctgctcact ttaagaactt 300
ttaccgactc caaaaatctc aggaattaaa cttttaacag ttacagcaat aaagaatagt 360
tagtactcca aaaatattat atttaagatg ctcaacaaga aaaaaatgca aatgtaatat 420
ttttttcaaa ttacttcttt attgacttgt cca 453

<210> 100
<211> 461
<212> ADN
<213> humano

<400> 100
gatttccaaa tcagtcgttt tctcaaaaaa atatcgtata agtgactcat cctgtctgct 60

aactccagac ctcccagctt gaagccaaat ctttccatgt gagattgata tggatttcct 120
agaagtactg gaatgttgtc atatcttgcc ctattttaat tctgctatag aaaacaattg 180
ccttcacttt taaggagtaa tttgaatatt aataactctg gtctagattt tcatataatg 240
tattaaagac aaagtagtga acatcaatga acatctgata gagataaact gtaatcaggc 300
ataagcttgt ttgtatgttc tggcagtgac taatcagtaa atgatgtcgg tttgcccagt 360
atcacttatc ttctgtattt ttcctctgtc gtgtaaatag tataaccttt tcatttatgg 420
acaatttttt ggactagtag ccttcaatat acattctgct t 461

<210> 101
<211> 470
<212> ADN
<213> humano

<400> 101
acgcacacaa ctactacaat tccgcctagg tccacaaggc cttcactgtt ttccccccaa 60
gggaggctgc tgctgctctt ggctggagcc agccagggcc agccgacccc ctctccctgc 120
atggcatcct ccagcccctg tagaactcaa cctctacagg gttagagttt ggagagagca 180
gactggcggg gggcccattg gggggaaggg gaccctccgc tctgtagtgc tacagggtcc 240
aacatagaac agggtgtccc caacagcgcc caaaggacgc actgagcaac gctattccag 300
ctgtcccccc actccctcac aagtgggtac ccccaggacc agaagctccc ccagcaaagc 360
ccccagagcc caggctcggc ctgcccccac cccattcccg cagtgggagc aaactgcatg 420
cccagagacc cagcggacac acgcggtttg gtttgcagcg actggcatac 470

<210> 102
<211> 476
<212> ADN
<213> humano

<400> 102

ccaaatttca tttcagccac ttctgcagga tccctactgc caacctggaa tggagacttt 60
tatctacttc tctctctctg aagatgtcaa atcgtggttt agatcaaata tatttcaagc 120
tataaaagca ggaggttatc tgtgcagggg gctggcatca tgtatttagg ggcaagtaat 180
aatggaatgc tactaagata ctccatattc ttccccgaat cacacagaca gtttctgaca 240
ggcgcaactc ctccattttc ctcccgcagg tgagaaccct gtggagatga gtcagtgcca 300
tgactgagaa ggaaccgacc cctagttgag agcaccttgc agttccccga gaactttctg 360
attcacagtc tcattttgac agcatgaaat gtcctcttga agcatagctt tttaaatatc 420
tttttccttc tactcctccc tctgactcta agaattctct cttctggaat cgcttg 476

<210> 103
<211> 501
<212> ADN
<213> humano

<400> 103
gtgtgatgct tttgtaggta cctggaaact tgtctccagt gaaaactttg atgattatat 60
gaaagaagta ggagtgggct ttgccaccag gaaagtggct ggcatggcca aacctaacat 120
gatcatcagt gtgaatgggg atgtgatcac cattaaatct gaaagtacct ttaaaaatac 180
tgagatttcc ttcatactgg gccaggaatt tgacgaagtc actgcagatg acaggaaagt 240
caagagcacc ataaccttag atgggggtgt cctggtacat gtgcagaaat gggatggaaa 300
atcaaccacc ataaagagaa aacgagagga tgataaactg gtggtggaat gcgtcatgaa 360
aggcgtcact tccacgagag tttatgagag agcataagcc aagggacgtt gacctggact 420
gaagttcgca ttgaactcta caacattctg tgggatatat tgttcaaaaa gatattgttg 480
ttttccctga tttagcaagc a 501

<210> 104
<211> 462
<212> ADN
<213> humano

<400> 104
ggtccccaca gactcagaga gaacccacca tggtgctgtc tcctgccgac aagaccaacg 60
tcaaggccgc ctggggtaag gtcggcgcgc acgctggcga gtatggtgcg gaggccctgg 120
agaggatgtt cctgtccttc cccaccacca agacctactt cccgcacttc gacctgagcc 180
acggctctgc ccaggttaag ggccacggca agaaggtggc cgacgccctg accaacgccg 240
tggcgcacgt ggacgacatg cccaacgcgc tgtccgccct gagcgacctg cacgcgcaca 300
agcttcgggt ggacccggtc aacttcaagc tcctaagcca ctgcctgctg gtgaccctgg 360
ccgcccacct ccccgccgag ttcacccctg cggtgcacgc ctccctggac aagttcctgg 420

cttctgtgag caccgtgctg acctccaaat accgttaagc tg 462

<210> 105
<211> 520
<212> ADN
<213> humano

<400> 105
gcccaggctg acttacacat tgaggatgga gactccatcc gcttcgggcg cttcgcgttg 60
gagaccaggg ccagccctgg ccacacccca ggctgtgtca ccttcgtcct gaatgaccac 120
agcatggcct tcactggaga tgccctgttg atccgtgggt gtgggcggac agacttccag 180
caaggctgtg ccaagacctt gtaccactcg gtccatgaaa agatcttcac acttccagga 240
gactgtctga tctaccctgc tcacgattac catgggttca cagtgtccac cgtggaggag 300

gagaggactc tgaaccctcg gctcaccctc agctgtgagg agtttgtcaa aatcatgggc 360
aacctgaact tgcctaaacc tcagcagata gactttgctg ttccagccaa catgcgctgt 420
ggggtgcaga cacccactgc ctgatctcac ttctgtcaga tgctcccatc cactattaat 480
gcactaggtg ggaggagagg gcggcaatga cactgcacct 520

<210> 106
<211> 515
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (89) .. (89)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (110)..(110)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (227)..(227)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (250)..(250)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (276)..(276)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 106
aattgccaca ttttcttatg gcattaaaaa ttttacaaaa acataatttt aatggctata 60
ttatattcca tttaatggat gcaactcang tttatttaac cattcccatn gttgttaact 120
atttaggttg tttctaattt tcattattat aaagttgcag aaatttggtg tacataaaac 180
tgtctccata taattgatta ttaggatata ttcccatgaa ggattcnttt ttttaaaaaa 240
atgtgaaatn tcatcttgta cttacacctt tcatgnaaag ggatttcctg cttttgtact 300
gcatgggtgg cagttgtgag gaaaagccag tcaaatgacc tttttacaaa agaaatgcag 360
tggtcacttc agttgagagt gacttttttaa tacaacaaga tcaactagaa gaattcaact 420
gtctcaagaa tcaaggtacc ccaatatatc tcgcaattcc aaactttgtt tgagggactc 480
gttatccagc tcttggtagc cacacctgca atgta 515

<210> 107
<211> 532
<212> ADN
<213> humano

<400> 107
aagccttaca gttatcctgc aagggacagg aaggtctgat ttgcaggatt tttagagcat 60
taaaataact atcaggcaga agaatctttc ttctcgccta ggatttcagc catgcgcgcg 120

ctctctctct ttctctctct tttcctctct ctccctcttt ctagcctggg gcttgaattt 180
gcatgtctaa ttcatttact caccatattt gaattggcct gaacagatgt aaatcgggaa 240
ggatgggaaa aactgcagtc atcaacaatg attaatcagc tgttgcaggc agtgtcttaa 300
ggagactggt aggaggaggc atggaaacca aaaggccgtg tgtttagaag cctaattgtc 360
acatcaagca tcattgtccc catgcaacaa ccaccacctt atacatcact tcctgtttta 420
agcagctcta aaacatagac tgaagattta tttttaatat gttgacttta tttctgagca 480
aagcatcggt catgtgtgta ttttttcata gtcccacctt ggagcattta tg 532

<210> 108
<211> 415
<212> ADN
<213> humano

<400> 108
gaaggcggct gatgagagcg agagaggaat gaaggtcatc gaaaaccggg ccatgaagga 60
tgaggagaag atggaactgc aggagatgca gctgaaggag gccaagcaca tcgctgagga 120
ttcagaccgc aaatatgaag aggtggccag gaagctggtg atcctggaag gagagctgga 180
gcgctcggag gagagggctg aggtggccga gagccgagcc agacagctgg aggaggaact 240
tcgaaccatg gaccaggccc tcaagtccct gatggcctca gaggaggagt attccaccaa 300
agaagataaa tatgaagagg agatcaaact gttggaggag aagctgaagg aggctgagac 360
ccgagcagag tttgccgaga ggtctgtggc aaagttggag aaaaccatcg atgac 415

<210> 109
<211> 366
<212> ADN
<213> humano

<400> 109
catgggggga cttgaaccct gcagcaggct cctgctcctg cctctcctgc tggctgtaag 60
tggtctccgt cctgtccagg cccaggccca gagcgattgc agttgctcta cggtgagccc 120
gggcgtgctg gcagggatcg tgatgggaga cctggtgctg acagtgctca ttgccctggc 180
cgtgtacttc ctgggccggc tggtccctcg ggggcgaggg gctgcggagg cagcgacccg 240
gaaacagcgt atcactgaga ccgagtcgcc ttatcaggag ctccagggtc agaggtcgga 300
tgtctacagc gacctcaaca cacagaggcc gtattacaaa tgagcccgaa tcatgacagt 360
cagcaa 366

<210> 110
<211> 480
<212> ADN
<213> humano

<400> 110
tccccagcag tggctcggtg agccatgtgc acctatggcc cagccactgc agcacaggag 60
gctccgtgag ccttggttcc tccccgaaaa cccccagcat tacgatcccc caagtgtcct 120
ggaccctggc ctaaagaatc ccacccccac ttcatgccca ctgccgatgc ccaatccagg 180
cccggtgagg ccaaggtttc ccagtgagcc tctgcgcctc tccactgttt catgagccca 240
aacaccctcc tggcacaacg ctctaccctg cagcttggag aactccgctg gatgggagtc 300
tcatgcaaga cttcactgca gcctttcaca ggactctgca gatagtgcct ctgcaaacta 360
aggagtgact aggtgggttg gggacccccc caggattgtt tctcggcacc agtgcctcag 420
tgctgcaatt gagggctaaa tcccaagtgt ctcttgactg gctcaagaat tagggcccca 480

<210> 111
<211> 475
<212> ADN
<213> humano

<400> 111
cagaccggca gtcatcatgg cagtttcagc gttcaaacag caatagctca agtgtgataa 60
ctactgagga taataaaatc cacattcact taggaagtcc ttacatgcaa gctgtagcca 120
gcccttcagc accactgcag gataaccgaa ctcaaggctt aattaacggg gcactaaaca 180
aaacaaccaa taaagtcacc agcagtatta ctatcacacc aacagccaca cctcttcctc 240
gacaatcaca aattacagta agtaatatat ataactgacc acgctcaccc tcatccagtc 300
catactgata tttttgcaag gaactcaatc ctttttttaat catccctcca tatcccccaa 360
gactgactga actcgtactt tgggaaggtt tgtgcatgaa ctatacaaga gtatctgaaa 420
ctaactgttg cctgcatagt catatcgagt gtgcacttac tgtatatctt ttcat 475

<210> 112
<211> 344
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (173)..(173)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 112
gcgtgttttc ctcttgatcg ggaactcctg cttctccttg cctcgaaatg gaccccaact 60
gctcctgctc gcctgttggc tcctgtgcct gtgccggctc ctgcaaatgc aaagagtgca 120
aatgcacctc ctgcaagaag agctgctgct cctgctgccc tgtgggctgt gcnaagtgtg 180
cccagggctg catctgcaaa gggacgtcag acaagtgcag ctgctgtgcc tgatgccagg 240
acagctgtgc tctcagatgt aaatagagca acctatataa acctggattt ttttttttt 300
ttttttgtac aaccctgacc cgtttgctac atctttttt ctat 344

<210> 113
<211> 318
<212> ADN
<213> humano

<400> 113

ttccacatca gtaactgccc tggggtttgt gctgtacaaa tacaagctcc tgccacggtc 60
ttgaagttct gttcttatgc tctctgctca ctggttttca ataccaccaa gaggaaaata 120
ttgacaagtt taaaggctgt gtcattgggc catgtttaag tgtactggat ttaactacct 180
ttggcttaat tccaatcatt gttaaagtaa aaacaattca aagaatcacc taattaattt 240
cagtaagatc aagctccatc ttatttgtca gtgtagatca actcatgtta attgatagaa 300
taaagccttg tgatcact 318

<210> 114
<211> 411
<212> ADN
<213> humano

<400> 114
ctttgcgggc acagagactg ccacaaagtg gagcggctac atggaagggg cagttgaggc 60
tggagaacga gcagctaggg aggtcttaaa tggtctcggg aaggtgaccg agaaagacat 120
ctgggtacaa gaacctgaat caaaggacgt tccagcggta gaaatcaccc acaccttctg 180
ggaaaggaac ctgccctctg tttctggcct gctgaagatc attggatttt ccacatcagt 240
aactgccctg gggtttgtgc tgtacaaata caagctcctg ccacggtctt gaagttctgt 300
tcttatgctc tctgctcact ggttttcaat accaccaaga ggaaaatatt gacaagttta 360
aaggctgtgt cattgggcca tgtttaagtg tactggattt aactaccttt g 411

<210> 115
<211> 454
<212> ADN
<213> humano

<400> 115
taattgcttg ttttctagcc tggcaagata ttttcataaa agagggataa caatgctgat 60
tactaccttt taaaatattt tagataaatg cacagcacca cagcaccaca tctaagcatt 120
agtgatgggt agctgatgtc agcttcatgt ggattttaag cactctagaa acaatgaagc 180
ttcttggcat attttaagga gctcccaaaa tgtgttacct attaaattgt aactcagcaa 240
gtagaagacc atttgaaaag tcaggtacaa atttcctcaa gtggcataaa aatgtagtca 300
gttttctctt ttaccagttt ttatttccac tccaattatt tagaacttta tttgtacatg 360
tgcagaagaa taaggcagct gagaatcttg tttcccccaa gagagtttta caggctgagt 420
gttgcaaatg tgttctttgt cctgttatat gtat 454

<210> 116
<211> 482
<212> ADN
<213> humano

<400> 116
gcactgccat gtatgaaagt ctctttatga tgtttgtttt tttgtcattt ttgttcttta 60
catcaagaaa ttttatgttt aaatatgcgg agaatgtata ttgcctctgc tcctatcagg 120
gttgctaaac cctggtacat cgtatataaa atgtattaaa actggggttt gttaccagtt 180

gctgtacttt gtatatagaa tttttataaa ttgtatgctt cagaaataat ttatttttaa 240
aaagaaatta aaagttttaa actcacatcc atattacacc tttccccccc gaaatgtata 300
gaatccattt gtcatcagga atcaaaaccc acagtccatt gtgaagtgtg ctatatttag 360
aacagtctta aaatgtacag tgtattttat agaattgaag ttaacattct tattttcaag 420
agaatttatg gacgttgtag aaatgtacaa atgcatttcc aaactgcctt aaacgttgta 480
tt 482

<210> 117
<211> 422
<212> ADN
<213> humano

<400> 117
gggactgtct gtcaaaagac tctgtatatc ttttgtggat gagttttgtg agagaacaga 60
gagaccattg tacctggcac aagggctctt catgaaaagg gagacttact gggaggtgca 120
agacagtggc atttctcctc tcctcttgct gctcagcaca gccctggatt gcagccccga 180
ggctgagacc agacaaagcc cgggaggcag aaagatgctc caagaaccaa cactatcaat 240
gtctttgcaa atcctcacag gattcctgtg ggtccagctt tggaactggg aaacctttct 300
tcggatccgc actcattcca ctgatgccag ctgcccctga aggatgccag tactgtggtg 360
tgtgagtctc agcagccgcc cacacgctcc taactctgct gcatggcaga tgcctaggtg 420
ga 422

<210> 118
<211> 357
<212> ADN
<213> humano

<400> 118
attaatcagc cccagagtgc tttaaaaaat tctcttaaat aaaaataata gactcgctag 60
tcagtaaaga tatttgaata tgtatcgtgc cccctccggt gtctttgatc aggatgacat 120
gtgccatttt tcagaggacg tgcagacagg ctggcattct agattacttt tcttactctg 180
aaacatggcc tgtttgggag tgcgggattc aaaggtggtc ccaccgctgc ccctactgca 240
aatggcagtt ttaatcttat cttttggctt ctgcagatgg ttgcaattga tccttaacca 300
ataatggtca gtcctcatct ctgtcctgct tcataggtgc caccttgtgt gtttaaa 357

<210> 119
<211> 328
<212> ADN
<213> humano

<400> 119
ctacgcgtgt ccttgggcgg agaagggagg tgactccggc ggaagaggac aaggcagaat 60
gcaggccctt cgggtgtccc aggcgctgat ccgctccttc agctccaccg cccggaaccg 120
ctttcagaac cgagtgcgcg agaaacagaa gctcttccag gaggacaatg acatcccgtt 180
gtacctgaag ggcggcatcg ttgacaacat cctgtaccga gtgacaatga cgctgtgtct 240
gggcggcact gtctacagct tgtactccct tggctgggcc tccttcccca ggaattaaga 300
ccaagaagcc tgggggggcct gagagact 328

<210> 120
<211> 417
<212> ADN
<213> humano

<400> 120
tggtgacaca aacagccttt tcccaggtac ttggtacctg gagcgagtgg acgagcagca 60
tcgccgaaag tatgcccggc gtcccgtcta aaggtgttct gcagatccat ggaaagcttc 120
ctgggaaacg tatgctagca gagcttctcc ccgtgaatca tatttttaag atcccactct 180
tagctggtaa atgaatttga atcgacatag tagccccata agcatcagcc ctgtagagtg 240
aggagccatc tctagcgggc ccttcattcc tctccatgct gcaatcactg tcctgggctt 300
atggtgccta tggactaggg gtcctttgtg aaagagcaag atggagcaat ggagagaaga 360
cctcttcctg aatcactgga ctccagaaat gtgcatgcag atcagctgtt gccttca 417

<210> 121
<211> 533
<212> ADN
<213> humano

<400> 121
ttgatgccag catttgcatc ccgggctcca tcacattcat gcccaatgga tgctgcaaga 60
cctgcacccc tcgcaatgag accagggtgc cctgctccac cgtccccgtc accacggagg 120
tttcgtacgc cggctgcacc aagaccgtcc tcatgaatca ttgctccggg tcctgcggga 180
catttgtcat gtactcggcc aaggcccagg ccctggacca cagctgctcc tgctgcaaag 240
aggagaaaac cagccagcgt gaggtggtcc tgagctgccc caatggcggc tcgctgacac 300
acacctacac ccacatcgag agctgccagt gccaggacac cgtctgcggg ctccccaccg 360
gcacctcccg ccgggcccgg cgctccccta ggcatctggg gagcgggtga gcggggtggg 420
cacagccccc ttcactgccc tcgacagctt tacctccccc ggaccctctg agcctcctaa 480
gctcggcttc ctctcttcag atatttattg tctgagtctt tgttcagtcc ttg 533

<210> 122
<211> 417
<212> ADN
<213> humano

<400> 122

cttgcttata tcatgtgctg ccgacgggaa ggcgtggaaa agagaaacat gcaaacacca 60
gacatccaac tggtccatca cagtgctatt cagaaatcta ccaaggagct tcgagacatg 120
tccaagaata gagagatagc atggcccctg tcaacgcttc ctgtgttcca ccctgtgact 180
ggggaaatca tacctccttt acacacagac aactatgata gcacaaacat gccattgatg 240
caaacgcagc agaacttgcc acatcagact cagattcccc aacagcagac tacaggtaaa 300
tggtatccct gaagaaagaa aactgactga agcaatgaat ttataatcag acaatatagc 360
agttacatca catttctttt ctcttccaat aatgcatgag cttttctggc atatgtt 417

<210> 123
<211> 542
<212> ADN
<213> humano

<400> 123
cctcccggga ggacagcctt gaggcgggcc tgcccctcca ggtccgaggc taccccgagg 60
agaagaaaga ggaggagggc agcgcaaacc gcagaccaga ggaccaggag ctggagagcc 120
tgtcggccat tgaagcagag ctggagaaag tggcccacca gctgcaggca ctacggcggg 180
gctgagacac cggctggcag ggctggcccc agggcaccct gtggccctgg ctctgctgtc 240
cccttggcag gtcctggcca gatggcccgg acgctgcttc cggtagggag gcagcctcca 300
gcctgcccaa gcccaggcca ccctatcgcc ccctacgcgc cttgtctcct actcctgact 360
cctacctgcc ctggaacatc ctttgcaggg cagccccaca actttaaaca ttgacgattc 420
cttctctgaa cacaggcagc tttctagaag tttcccttcc tccatcctat ccactgggca 480
caactgcaat aacttctgac cttttggtga aagctgagaa ctcctgactg taacatattc 540
tg 542

<210> 124
<211> 537
<212> ADN
<213> humano

<400> 124
gcaggccata ctggttccat tgttctgtat aatactgaat aaataaattt acttttacat 60
gatcgtataa gtttctagat aagataaaca aattctgttt aaatttttt aataaaaatc 120
ttaaaacact ttttttctaa cctagactga gaaattcatg tttacttttc taggtgtatg 180
atactttgta aagttgatac tttcctaaga atttaacatg tcatattttt gaaatagatt 240
taagtgtgct tcttattgct aaaaatacta aatgtcatgg gtcatagtat ctgatatcaa 300
tatcgttgat aacatatcca caggtaacac catgatgtag gcataaatgg aaaacaaaaa 360
ccctactatt tcaaatatat tgtacttttt tatttctgta agccaactgt gtgccatttt 420
cactggactt ttaaatctag actttagtga tgtctacatt gtaaatgatc ttttgtggat 480
atttgtcact tggtttcaga aagttcacaa atgtagcaac agctcacatg actgagt 537

<210> 125
<211> 312
<212> ADN
<213> humano

<400> 125
tcccttctcg cttgggaact ctagtctcgc ctcgggttgc aatggacccc aactgctcct 60
gtgccgctgg tgtctcctgc acctgcgcca gctcctgcaa gtgcaaagag tgcaaatgca 120
cctcctgcaa gaagagctgc tgctcctgct gccctgtggg ctgtgccaag tgtgcccaag 180
gctgcatctg caaaggggca tcggagaagt gcagctgctg cgcctgatgt cgggacagcc 240

ctgctcccaa gtacaaatag agtgacccgt aaaatctagg atttttgtt ttttgctaca 300

atcttgaccc ct 312

<210> 126
<211> 393
<212> ADN
<213> humano

<400> 126

aaaggctggc atcttatggc tcatcaaagg cggctgtgac catgttctca tcagttatga 60
gactggagct ttccaagtgg ggaattaaag ttgcttccat ccaacctgga ggcttcctaa 120
caaatatcgc aggcaccagt gacaagtggg aaaagctgga gaaggacatt ctggaccacc 180
tccccgctga ggtacaggaa gactacggcc aggactacat cttagcacag cggaatttcc 240
tcctattgat caactcgtta gccagcaagg acttctctcc ggtgctgcgg gacatccagc 300
atgctatctt ggcgaagagc ccttttgcct attacacgcc agggaaaggc gcttacttgt 360
ggatctgcct tgctcactat ttgcctattg gca 393

<210> 127
<211> 460
<212> ADN
<213> humano

<400> 127
ggtgtcgaac tatatgcctt gtatgatcag ttttatgtgg ctaatgagtt tctcaaatat 60
cgtttacacg ttggtaacta taatggcaca gctggagatg cattacgttt caacaaacat 120
tacaaccacg atctgaagtt tttcaccact ccagataaag acaatgatcg atatccttct 180
gggaactgtg ggctgtacta cagttcaggc tggtggtttg atgcatgtct ttctgcaaac 240
ttaaatggca aatattatca ccaaaaatac agaggtgtcc gtaatgggat tttctggggt 300
acctggcctg gtgtaagtga ggcacaccct ggtggctaca agtcctcctt caaagaggct 360
aagatgatga tcagacccaa gcactttaag ccataaatca ctctgttcat tcctccaggt 420
attcgttatc taatagggca attaattcct tcagcacttt 460

<210> 128
<211> 525
<212> ADN
<213> humano

<400> 128
ccaggagggg ctgtccaatc acattcaggc atgcgaatga gctgggccct gggtgaggtg 60
ggggtctggc ctagtgggga ggggcctggc ctgggtgggg cagggcctgg cctggtccag 120
gcttgggctc cattcccatc actgctgtcc ctcctgaggt ctggattggg gatggggaca 180
aagaaatagc aagagatgag aaacaacaga aacttttttc tctaaaggac tggttaaatc 240
aattctgata cagccttaca atacaatagt atgcagctaa aaaataattg tatgtcttta 300
tatactaata tgtaataatc ttcaggtgaa aaaggcaagc cacagaaatg tgtatagcgc 360
acttcccatt tgtgtttcag aaaggagtag aatataaaca cataattgct tatgtatgcc 420
tattcagaat aaatgggtaa cactgattac ttttgggagg ggaaccagta ggttgaggac 480
aggagaggga agggtcttaa cacttacacc cttttgtaca ttttg 525

<210> 129
<211> 515
<212> ADN
<213> humano

<400> 129
aggagcccag gaacgacgtg gtcttccagc ccatttccgg ggaagacgtg cgcgatgtga 60
cagccctgaa cgtgagcacg ctgaaggctt acttcagatg cgatggctac aagggctacg 120
acctggtcta cagcccccag agcggcttca cctgcgtgtc cccgtgcagt aggggctact 180
gtgaccatgg aggccagtgc cagcacctgc ccagtgggcc ccgctgcagc tgtgtgtcct 240
tctccatcta cacggcctgg ggcgagcact gtgagcacct gagcatgaaa ctcgacgcgt 300
tcttcggcat cttctttggg gccctgggcg gcctcttgct gctgggggtc gggacgttcg 360
tggtcctgcg cttctggggt tgctccgggg ccaggttctc ctatttcctg aactcagctg 420
aggccttgcc ttgaaggggc agctgtggcc taggctacct caagactcac ctcatcctta 480
ccgcacattt aaggcgccat tgcttttggg agact 515

<210> 130
<211> 339
<212> ADN
<213> humano

<400> 130
agcagcttat tgtttctctg aaagtgtgtg tagttttact ttcctaagga attaccaaga 60
atatccttta aaatttaaaa ggatggcaag ttgcatcaga aagctttatt ttgagatgta 120
aaaagattcc caaacgtggt tacattagcc attcatgtat gtcagaagtg cagaattggg 180
gcacttaatg gtcaccttgt aacagttttg tgtaactccc agtgatgctg tacacatatt 240
tgaagggtct ttctcaaaga aatattaagc atgttttgtt gctcagtgtt tttgtgaatt 300
gcttggttgt aattaaattc tgagcctgat attgatatg 339

<210> 131
<211> 377
<212> ADN
<213> humano

<400> 131
gagaacgggt acattcaccc ggtcaacctg acgtggccct ttatggtggc cgggaaaccc 60
gagagtgacc tgaaagaagt ggtgaccgcg agccgcttat gtggaaccac cgcgtcctga 120
ccttggaggt gcgagtctgg gaaaggcgcg ctcccggggg gagcgggccc cgggaaggcg 180
acccctgccc tcagtgctct ctgtctctgc ttccccctcg caatgctcct ctctctgtcc 240
caccccgcga gaacacttta caacgacgag gagattcgtt tccaaaccag aggagatcaa 300
ttgtacttac aaagattccc atctatttaa ctttattaac ttctaccgtg aatgactctg 360
caagccttgc tggtcca 377

<210> 132
<211> 252
<212> ADN
<213> humano

<400> 132
ttctctcgac cacttaaaac ttcagacttc ctgtcctgct ggtatcatgg agaaagtcca 60
atacctcact cgctcagcta taagaagagc ctcaaccatt gaaatgcctc aacaagcacg 120
tcaaaagcta cagaatctat ttatcaattt ctgtctcatc ttaatatgtc tcttgctgat 180
ctgtatcatc gtgatgcttc tctgaagttc tgctacaacc tctagatctg cagcttgcca 240
catcagctta aa 252

<210> 133
<211> 191
<212> ADN
<213> humano

<400> 133
tggcccatct attacatcta cagctgaccc ttgaacatgg gggttagggg agctgacaat 60
tcgtgggtcc gcaaaatctt aactacctaa tagcctacta ttgaccataa accttactga 120
taacataaac agtaaattaa cacatatttt gcgtgttata tgtattatac actatattcc 180
tacaataaag t 191

<210> 134
<211> 371
<212> ADN
<213> humano

<400> 134
aaatctgttc taagacatat gatcaacaga tgagaactgg tggttaatat gtgacagtga 60
gattagtcat atcactaata tactaacaac agaatctaat cttcatttaa ggcactgtag 120
tgaattatct gagctagagt tacctagctt accatactat atctttggaa tcatgaaacc 180
ttaagacttc agaatgattt tgcaggttgt cttccattcc agcctaacat ccaatgcagg 240
caaggaaaat aaaagatttc cagtgacaga aaaatatatt atctcaagta ttttttaaaa 300
atatatgaat tctctctcca aatattaact aattattaga ttatattttg aaatgaactt 360
gttggcccat c 371

<210> 135
<211> 441
<212> ADN
<213> humano

<400> 135
ggacaaagag cgctatgtct ccctggtgat gcctgtggcc ctgttcaacc tgattgacac 60

ttttcccttg agaaaagaag agatggtcct acaagccgaa atgagccaga cctgtaacac 120
ctgacatgat ggttcctctc ttggcaattc ctcttcattg tctacatagt gacatgcaca 180
cgggaaagcc ttaaaaatat ccttgatgta cagattttat ttgtaatttt aaaagtctat 240
tttattatga gctttctttg cacttaaaaa ttagcatgct gctttttgta cttggaagtg 300
tttcaaaaaa ttatatgacc atatttactc tttctaacct ttctttactc catcatggct 360
ggttgatttg tagagaaatt agaacccata accatacaca ggctatcaac atgttattca 420
atgtgacacc taactctttt c 441

<210> 136
<211> 402
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (353)..(353)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 136
tactcatgcc tttttgttta ggataaatag gtaagcacaa agagctcttc aaaatcagaa 60
aaaacaatag gagtccttcc ttgtcttttc tgtgatctct gtccttgttt ctgagacttt 120
ctctaccatt aagctctatt ttagctttca gttattctag tttgtttccc atggaatctg 180
tcctaaactg gtgtttttgt cagtgacagt cttgccagtc agcaatttct aacagcattt 240
taaatgagtt tgatgtacag taaatattga tgacaatgac agcttttaac tcttcaagtc 300
acctaaagct attatgcagg aggatttaga agtcacattc ataaaaccca agngctatgg 360
gtgtattatt catgatagct ggcccacagg tcatgaattg ag 402

<210> 137
<211> 174
<212> ADN
<213> humano

<400> 137
agaagctcac caagtcaact aaacagcccc gaggacttac atcaccttct cagctcttga 60
cctcagaaag tatccaaacc aaggaggaga aacctgtggg tggcttgtcc tccagtgaca 120
caatggatta ccgacagtga ctaagggcag catgtttaac ccaggtgaag atct 174

<210> 138
<211> 371
<212> ADN
<213> humano

<400> 138
tttctggcct tcacccagac gaagaccttc cacgaggcca gcgaggactg catctcgcgc 60
gggggcaccc tgagcacccc tcagactggc tcggagaacg acgccctgta tgagtacctg 120
cgccagagcg tgggcaacga ggccgagatc tggctgggcc tcaacgacat ggcggccgag 180
ggcacctggg tggacatgac cggcgcccgc atcgcctaca agaactggga gactgagatc 240
accgcgcaac ccgatggcgg caagaccgag aactgcgcgg tcctgtcagg cgcggccaac 300
ggcaagtggt tcgacaagcg ctgccgcgat cagctgccct acatctgcca gttcgggatc 360
gtgtagccgg c 371

<210> 139
<211> 406
<212> ADN
<213> humano

<400> 139
gcagactggg agttgctagc aaacaaatgg cttacttaca aaagcagctt ttagttcaga 60
cttagttttt ataaaatgag aattctgact tacttaacca ggtttgggat ggagatggtc 120
tgcatcagct ttttgtatta acaaagttac tggctctttg tgtgtctcca ggtaactttg 180
cttgattaaa cagcaaagcc atattctaaa ttcactgttg aatgcctgtc ccagtccaaa 240
ttgtctgtct gctcttattt ttgtaccata ttgctcttaa aaatcttggt ttggtacagt 300
tcataattca ccaaaaagtt catataattt aaagaaacac taaattagtt taaaatgaag 360
caatttatat ctttatgcaa aaacatatgt ctgtctttgc aaagga 406

<210> 140
<211> 388
<212> ADN
<213> humano

<400> 140

gcacccagcc ttttaccatg tgggtttctt tagtgtctta aaagcgtcca taagccacca 60
ttctgtggaa ccaaggcccc ctccacgcaa acaccctccc tcctggggac ctctggagcc 120
tcagccagaa gtaccattag gtttaatttt aatttgtttt gctggagaaa catcaggttt 180
gtaggagact gagttgttag caggtgtgct tagctcttga tagtgaacgt gtaccttggg 240
aactggctca cccacctgct aatagcacca tcgtcactat taagcagaca tttcagttgg 300
tagaatccat gtagaagtca tggacttttc tgggaaatga cttttctggg aaatgacagt 360
ttctttgaca tattttcttt gcccactt 388

<210> 141
<211> 317
<212> ADN
<213> humano

<400> 141
cgccatcacc gagcgcttga tgtgcgcgga gagcaatcgc cgggacagct gcaagggtga 60
ctccgggggc ccgctggtgt gcgggggcgt gctcgagggc gtggtcacct cgggctcgcg 120
cgtttgcggc aaccgcaaga agcccgggat ctacacccgc gtggcgagct atgcggcctg 180
gatcgacagc gtcctggcct agggtgccgg ggcctgaagg tcagggtcac ccaagcaaca 240
aagtcccgag caatgaagtc atccactcct gcatctggtt ggtctttatt gagcacctac 300
tatatgcaga aggggag 317

<210> 142
<211> 317
<212> ADN
<213> humano

<400> 142
gggccacgcc aggaatattc agaaaataat gagaactaca ttgaagtgcc attgattttt 60
gatcctgtca caagagagga tttgcacatg gattttaaat gtgttgtcca taataccctg 120
agttttcaga cactacgcac cacagtcaag gaagcctcct ccacgttctc ctggggcatt 180
gtgctggccc cactttcact ggccttcttg gttttggggg gaatatggat gcacagacgg 240
tgcaaacaca gaactggaaa agcagatggt ctgactgtgc tatggcctca tcatcaagac 300
tttcaatcct atcccaa 317

<210> 143
<211> 456
<212> ADN
<213> humano

<400> 143
gctgctctgg ttctcatgac ggcagatgca gcgaagaggc tcaatgttac accactggca 60
agaatagtag catttgctga cgctgctgta gaacctattg attttccaat tgctcctgta 120
tatgctgcat ctatggttct taaagatgtg ggattgaaaa aagaagatat tgcaatgtgg 180
gaagtaaatg aagcctttag tctggttgta ctagcaaaca ttaaaatgtt ggagattgat 240
ccccaaaaag tgaatatcaa tggaggagct gtttctctgg gacatccaat tgggatgtct 300
ggagccagga ttgttggtca tttgactcat gccttgaagc aaggagaata cggtcttgcc 360
agtatttgca atggaggagg aggtgcttct gccatgctaa ttcagaagct gtagacaacc 420
tctgctattt aaggagacaa ccctatgtga ccagaa 456

<210> 144
<211> 507
<212> ADN
<213> humano

<400> 144
ggaaagcagg attccatcgc tggaacaatt acatgatgga ctggaaaaat caatttaacg 60
attacactag caagaaagaa agttgtgtgg gtctctaatt aatagattta ccctttatag 120
aacatatttt cctttagatc aaggcaaaaa tatcaggagc ttttttacac acctactaaa 180
aaagttatta tgtagctgaa acaaaaatgc cagaaggata atattgattc ctcacatctt 240
taacttagta ttttacctag catttcaaaa cccaaatggc tagaacatgt ttaattaaat 300
ttcacaatat aaagttctac agttaattat gtgcatatta aaacaatggc ctggttcaat 360
ttctttcttt ccttaataaa tttaagtttt ttccccccaa aattatcagt gctctgcttt 420
tagtcacgtg tattttcatt accactcgta aaaaggtatc ttttttaaat gaattaaata 480

ttgaaacact gtacaccata gtttaca 507

<210> 145
<211> 489

<212> ADN
<213> humano

<400> 145
gagggtgatg ccatctaacc ctgcccctgt ccaccccggg tgggtgaaac tcactgagca 60
gccaagactg ttgcccgagg actcactgta tggtgccctc tccaaagggt cgggagggta 120
gctctccagg ccagagcttg tgtccttcaa cagagaggcc agcggcaact ggtccgttac 180
tggccaaggg ctctgaagaa tcaacggtgc tggtacagga tacaggaata aattgtatct 240
tcacctggtt cctaccctcg tccctacctg tcctgatcct ggtcctgaag acccctcgga 300
acaccctctc ctggtggcag gccacttccc tcccagtgcc agtctccatc caccccagag 360
aggaacaggc gggtgggcca tgtggttttc tccttcctgg ccttggctgg cctctggggc 420
aggggtggtg gagagatgga agggcatcag gtgtagggac cctgccaagt ggcacctgat 480
ttactctag 489

<210> 146
<211> 480
<212> ADN
<213> humano

<400> 146
ttaatgtgcc aaggagccgt tttctgcctg tcaaaaccac atcagatctc ttgctggtga 60
tgtcaaacct ctatagtctt aatgcaggat ctctgacaat gagtgaaaag cgggaatttc 120
ctacagtgcc cttggttaaa ttaggcagtt ctttacgaa ggttcaagat tatctaagaa 180
gatttgaaag tataccagat atgcttgaat tggatcacct cacagtttca ggagatgtga 240
catttggaaa aaatgtttca ttaaagggaa cggttatcat cattgcaaat catggtgaca 300
gaattgatat cccacctgga gcagtattag agaacaagat agtgtctgga aaccttcgca 360
tcttggacca ctgaaatgaa aaatactgtg gacacttaaa taatgggcta gtttcttaca 420
atgaaatgtt ctctaggatt taggcactaa aaggtacttt actatgttac tgtaccctgc 480

<210> 147
<211> 529
<212> ADN
<213> humano

<400> 147
caagaatgat gggcactacc gtggagatcc caactggttt atgaagaaag cgcaggagca 60
taagagggaa ttcacagaga gccagctgca ggagggaaag catgtcattg gccttcagat 120
gggcagcaac agaggggcct cccaggccgg catgacaggc tacggacgac ctcggcagat 180
catcagttag agcggagagg gctagccctg agcccggcgc tcccccagct ccttggctgc 240
agccatcccg cttagcctgc ctcacccaca cccgtgtggt accttcagcc ctggccaagc 300
tttgaggctc tgtcactgag caatggtaac tgcacctggg cagctcctcc ctgtgccccc 360
agcctcagcc caacttctta cccgaaagca tcactgcctt ggcccctccc tcccggcggc 420
ccccatcacc tctactgtct cctccctggg ctaagcaggg gagaagcggg ctgggggtag 480
cctggatgtg ggcgaagtcc actgtcctcc ttggcggcaa aagcccatt 529

<210> 148
<211> 525
<212> ADN
<213> humano

<400> 148
tcaaagactt cgtgattatc cccctgcaca ccaccccaga gacatccgtt aaggagatcg 60
atgagttggt tgaggtctac acggacgtga aacaccgctg gaaggcggag aatttcattt 120
tcatgggtga cttcaatgcc ggctgcagct acgtccccaa gaaggcctgg aagaacatcc 180
gcttgaggac tgaccccagg tttgtttggc tgatcgggga ccaagaggac accacggtga 240
agaagagcac caactgtgca tatgacagga ttgtgcttag aggacaagaa atcgtcagtt 300
ctgttgttcc caagtcaaac agtgtttttg acttccagaa agcttacaag ctgactgaag 360
aggaggccct ggatgtcagc gaccactttc cagttgaatt taaactacag tcttcaaggg 420
ccttcaccaa cagcaaaaaa tctgtcactc taaggaagaa aacaaagagc aaacgctcct 480
agacccaagg gtctcatctt attaaccatt tcttgcctct aaata 525

<210> 149
<211> 559
<212> ADN
<213> humano

<400> 149

aacgaggagc acatgaccct gctgaagatg attttgataa aatgctgtga tatctctaac 60
gaggtccgtc caatggaagt cgcagagcct tgggtggact gtttattaga ggaatatttt 120
atgcagagcg accgtgagaa gtcagaaggc cttcctgtgg caccgttcat ggaccgagac 180
aaagtgacca aggccacagc ccagattggg ttcatcaagt ttgtcctgat cccaatgttt 240
gaaacagtga ccaagctctt ccccatggtt gaggagatca tgctgcagcc actttgggaa 300
tcccgagatc gctacgagga gctgaagcgg atagatgacg ccatgaaaga gttacagaag 360
aagactgaca gcttgacgtc tggggccacc gagaagtcca gagagagaag cagagatgtg 420
aaaaacagtg aaggagactg tgcctgagga aagcgggggg cgtggctgca gttctggacg 480
ggctggccga gctgcgcggg atccttgtgc agggaagagc tgccctgggc acctggcacc 540
acaagaccat gttttctaa 559

<210> 150
<211> 542
<212> ADN
<213> humano

<400> 150
tgacgcaaaa taccaccttg gcgcctacac gggagacgac gtccgcatcg tccgtgacga 60
catgctgtgt gccgggaaca cccggaggga ctcatgccag ggcgactccg gagggcccct 120
ggtgtgcaag gtgaatggca cctggctgca ggcgggcgtg gtcagctggg gcgagggctg 180
tgcccagccc aaccggcctg gcatctacac ccgtgtcacc tactacttgg actggatcca 240
ccactatgtc cccaaaaagc cgtgagtcag gcctgggttg gccacctggg tcactggagg 300
accaacccct gctgtccaaa acaccactgc ttcctaccca ggtggcgact gccccccaca 360
ccttccctgc cccgtcctga gtgccccttc ctgtcctaag ccccctgctc tcttctgagc 420
cccttccct gtcctgagga cccttcccta tcctgagccc ccttccctgt cctaagcctg 480
acgcctgcac cgggccctcc agccctcccc tgcccagata gctggtggtg ggcgctaatc 540
ct 542

<210> 151
<211> 220
<212> ADN
<213> humano

<400> 151
gaagagggag ctctattgcc accatgagtt tctccggcaa gtaccaactg cagagccagg 60
aaaactttga agccttcatg aaggcaatcg gtctgccgga agagctcatc cagaagggga 120
aggatatcaa gggggtgtcg gaaatcgtgc agaatgggaa gcacttcaag ttcaccatca 180
ccgctgggtc caaagtgatc caaaacgaat tcacggtggg 220

<210> 152
<211> 524
<212> ADN
<213> humano

<400> 152
ccttctctgg tctccttgag atgatcgtag acacagggat gattcccacc caaacccacg 60
tattcattca gtgagttaaa cacgaattga tttaaagtga acacacacaa gggagcttgc 120
ttgcagatgg tctgagttct tgtgtcctgg taattcctct ccaggccaga ataattggca 180
tgtctcctca acccacatgg ggttcctggt tgttcctgca tcccgatacc tcagccctgg 240
ccctgcccag cccatttggg ctctggtttt ctggtggggc tgtcctgctg ccctcccaca 300
gcctccttct gtttgtcgag catttcttct actcttgaga gctcaggcag cgttagggct 360
gcttaggtct catggaccag tggctggtct cacccaactg cagtttacta ttgctatctt 420
ttctggatga tcagaaaaat aattccataa atctattgtc tacttgcgat tttttaaaaa 480
atgtatattt ttatatatat tgttaaatcc tttgcttcat tcca 524

<210> 153
<211> 486
<212> ADN
<213> humano

<400> 153
tctcccaacc tctactgtaa actttctggt ccgagaacga gccgaacaca gcgcgacgca 60
gggactagga cggcccggtg accgcgcgga ttcaggattg cggggacgca gaaaggttaa 120
ggcactttta aaaactatag caaggctcct gtttatttat tctactttct ttccctaata 180

atcaaaacac cgcgtaggct cctccgttta tcagtattaa tggtgtaact ttgttggcaa 240
tatttgccgt gtagaatttt ttttagatat ccattgtaaa tttgaaacaa agaccgatct 300
gtgtaaaaac aaatttccat atgttttata taaatatata tataatatga aggactaccc 360
tccttttttt ttttttgtat tttggctgct agagtgcagc atttgtgaca cgtatttgaa 420
atttgaaatt tccttctgca ctgtataaaa ggaccatttg aggatgtttt gccttttgtg 480
tatttt 486

<210> 154
<211> 560
<212> ADN
<213> humano

<400> 154
gagccccatt cacaaatttt gacccctcta ctctccttcc ttcatccctg gatttctgga 60
cctaccctgg ctctctgact catcctcctc tttatgagag tgtaacttgg atcatctgta 120
aggagagcat cagtgtcagc tcagagcagc tggcacaatt ccgcagcctt ctatcaaatg 180
ttgaaggtga taacgctgtc cccatgcagc acaacaaccg cccaacccaa cctctgaagg 240
gcagaacagt gagagcttca ttttgatgat tctgagaaga aacttgtcct tcctcaagaa 300
cacagccctg cttctgacat aatccagtta aaataataat ttttaagaaa taaatttatt 360
tcaatattag caagacagca tgccttcaaa tcaatctgta aaactaagaa acttaaattt 420
tagttcttac tgcttaattc aaataataat tagtaagcta gcaaatagta atctgtaagc 480
ataagcttat cttaaattca agtttagttt gaggaattct ttaaaattac aactaagtga 540
tttgtatgtc tatttttttc 560

<210> 155
<211> 521
<212> ADN
<213> humano

<400> 155
ggcagctttt ttatcagcct tgctttggat aggacctcca aggactaagc ctccagcccc 60
atgtgtgacc cttgtcatct ctctgcccca cataattatg ttactttgct atgtgctcct 120
aatgtatcta gtgtgtcctg tgacaacact catcacactt cattgtaaat cacttgtttt 180
attgactgtc tttcctatag actgtaagct ccatgagggc aggcacatgt tgttctcatt 240
gaccgtgctg gccccagtgc ctagatgcat ggctggcaca ttgttggcac tcaacaatgg 300
ttgaatgaat aaaacaataa atgaatgaat aactaagata tagaaactct catttatatt 360
gcagattgaa tatatatgat gaaattctta tgttgaatat gttagaatca aatactcatt 420
tttcattaga tacagtagtg tcatcactct tttaagatct tgttaaagat ttcaaataaa 480
ggtacttctg gcgagccagg ctgcacagca tttgctttcc t 521

<210> 156
<211> 268
<212> ADN
<213> humano

<400> 156
tatttgaata tgtatcgtgc cccctccgga gtctttgatc aggatgacat gtgccatttt 60
tcagaggacg tgcagacagg ctggcattct agattacttt tcttactctg aaacatggcc 120
tgtttgggag tgcgggattc aaaggtggtc ccacggctgc ccctactgca aatggcagtt 180
ttaatcttat cttttggctt ctgcagatgg ttgcattgat ccttaaccaa taatggtcag 240
tcctcatctc tgtcctgact tcataggt 268

<210> 157
<211> 529
<212> ADN
<213> humano

<400> 157
ctttctatat tgttatcagt ccaggaaaca ggtaaacaga tgtaattaga gacattggct 60
ctttgtttag gcctaatctt tctttttact ttttttttc ttttttcttt ttttttaaag 120
atcatgaatt tgtgacttag ttctgccctt tggagaacaa aagaaagcag tcttccatca 180
aatcacctta aaatgcacgg ctaaactatt cagagttaac actccagaat tgttaaatta 240
caagtactat gctttaatgc ttctttcatc ttactagtat ggcctataaa aaaaataata 300
ccacttgatg ggtgaaggct ttggcaatag aaagaagaat agaattcagg ttttatgtta 360
ttcctctgtg ttcacttcgc cttgctcttg aaagtgcagt atttttctac atcatgtcga 420
gaatgattca atgtaaatat ttttcatttt atcatgtata tcctatacac acatctcctt 480
catcatcata tatgaagttt attttgagaa gtctacattg cttacattt 529

<210> 158

<211> 494
<212> ADN
<213> humano

<400> 158
taacaatcca tgatgctgtt ttgcatattt tgatgaagaa agattacagt acttcaaagt 60
ttaatcccag tcaggaaaaa gatggaaaaa ttgattttac cataaataca aatggaggat 120
tacgtaatcg ggtatatgag gtgccagttg aaacaaaatt ctaatcaaca tataattcag 180
aaggatcttc atctgactat gacataaaaa caactttata cccagaaagt tattgataag 240
ttcatacatt gtacgaagag tatttttgac agaatatgtt tcaaactttg gaacaagatg 300
gttctagcat ggcatatttt tcacatatct agtatgaaat tatataagta ttctaaattt 360
tatatcttgt agctttatca aagggtgaaa attattttgt tcatacatat ttttgtagca 420
ctgacagatt tccatcctag tcactacctt catgcatagg tttagcagta tagtggcgcc 480
actgttttga atct 494

<210> 159
<211> 469
<212> ADN
<213> humano

<400> 159
tcatcaggct ccagttattc tccatctccc agctcagctt tttctgtctg taagcctgat 60
tttcaggaag gctctttcct agtgatggag atgaccacca tcagctccag gcttctatcc 120
tgctaaccca gtaacccagt gggaagagat ttacttattc caataattcc aagtggagag 180
tgtcattgac ccgtttgggg tctcatctct acttctaggg gaatgaaaca ctttgagtgg 240
ccaggcctgt gtcatgtgct aattcctaga gccagggaaa taaggtctga ggattcagga 300
tggggtgaaa ggtggttgct taaaggaaaa tgaaatacaa ttagcagaat aaggggaaac 360
gagtggtctg ctctgctcgg gcaaaacaag agatgcccat tactgtgagg gacccttgaa 420
gtctggactc ttaaatgggt ttttgctgat ttcctgggtg catgctagg 469

<210> 160
<211> 269
<212> ADN
<213> humano

<400> 160
accagcaaca acttcaatcc ggtggagaac aaagatattg tggttttaac ctgtcaacct 60
gagactcaga acacaaccta cctgtggtgg gtaaacaatc agagcctcct ggtcagtccc 120
aggctgctgc tctccactga caacaggacc ctcgttctac tcagcgccac aaagaatgac 180
ataggaccct atgaatgtga aatacagaac ccagtgggtg ccagccgcag tgacccagtc 240
accctgaatg tccgctatga gtcagtaca 269

<210> 161
<211> 513
<212> ADN
<213> humano

<400> 161
atattagtta ccctggtgtg ctgtattctc taaaaccttt aaatgtttgc atgcagccat 60
tcgtcaaatg tcaaatattc tctctttggc tggaatgaca aaaactcaaa taaatgtatg 120
attaggagga catcataacc tatgaatgat ggaagtccaa aatgatggta actgacagta 180
gtgttaatgc cttatgttta gtcaaactct catttaggtg acagcctggt gactccagaa 240
tggagccagt catgctaaat gccatatact cacactgaaa catgaggaag caggtagatc 300
ccagaacaga caaaactttc ctaaaaacat gagagtccag gctgtctgag tcagcacagt 360
aagaaagtcc tttctgcttt aactcttaga aaaaagtaat atgaagtatt ctgaaattaa 420
ccaatcagtt tatttaaatc aatttattta tattcttctg ttcctggatt cccattttac 480
aaaacccact gttctactgt tgtattgccc agt 513

<210> 162
<211> 355
<212> ADN
<213> humano

<400> 162
cccaggaccc tgaagacgaa attgcggtgc tggcctttct ggtggaggct ggaacccagg 60
tgaacgaggg cttccagcca ctggtggagg cactgtctaa tatccccaaa cctgagatga 120

gcactacgat ggcagagagc agcctgttgg acctgctccc caaggaggag aaactgaggc 180
actacttccg ctacctgggc tcactcacca caccgacctg cgatgagaag gtcgtctgga 240
ctgtgttccg ggagcccatt cagcttcaca gagaacagat cctggcattc tctcagaagc 300
tgtactacga caaggaacag acagtgagca tgaaggacaa tgtcaggccc ctgca 355

<210> 163
<211> 283
<212> ADN
<213> humano

<400> 163
accacaccga cctgcgatga gaaggtcgtc tggactgtgt tccgggagcc cattcagctt 60
cacagagaac agatcctggc attctctcag aagctgtact acgacaagga acagacagtg 120
agcatgaagg acaatgtcag gcccctgcag cagctggggc agcgcacggt gataaagtcc 180
ggggccccgg gtcggccgct gccctgggcc ctgcctgccc tgctgggccc catgctggcc 240
tgcctgctgg ccggcttcct gcgatgatgg ctcacttctg cac 283

<210> 164
<211> 337
<212> ADN
<213> humano

<400> 164
actgactgga cgcacgtgga aaggagctat ttttggaggc tttaagagta aagaatctgt 60
cccgaaactt gtggctgact ttatggctaa gaagttttca ctggatgcat taataacaaa 120
tattttacct tttgaaaaaa taaatgaagg atttgacctg cttcgctctg gaaagagtat 180
ccgtaccgtc ctgacgtttt gaaacaatac agatgccttc ccttgtagca gttttcagcc 240
tcctctaccc tacatgatct ggagcaacag ctaggaaata tcattaattc tgctcttcag 300
agatgttaaa aataaattac acgtgggagc tttccaa 337

<210> 165
<211> 498
<212> ADN
<213> humano

<400> 165
gttggtcact gttatttgcc tactgctgga agaaggacaa ccgctggcaa ggtagcgttc 60
cccaatctga atacctgcag gctcccacat gagggagagg gcagactcag gtgggaagat 120
gtgccatgcg taaggcatca acgtgtatct gtgggatctt cgttgccttc agtaatcagg 180
gtgtgaaaaa agcagacaag ttgtgtgtgt gtgtgtgtgt ctaagaaaac ttgtgtgctt 240
ttcaaaaagg cagtgctaag cacaagattt caagaaagcc tcttcttgtt gcctagctga 300
gtgggagagt cattttcccc agacactaca tttggataca ggtgccaaag aacattatta 360
aggaattatt tagaaacaat gtgtctagtt taagaaagtg gttttcagta ttgtgacaat 420
acaacgtttt tacaaggttg ttttctacca ccatatttta aagatatttt tatgaccgtg 480
tatactcaca ctttgctt 498

<210> 166
<211> 489
<212> ADN
<213> humano

<400> 166
aaagcccttc atctaatatt tgttgctatt gccaattttt caatgaaatg acctaaaaac 60
aacaaaaaaa aataacctat acggtagttg ctttaggggg tgggggatg ctatctgtta 120
gtgcttaaaa gggggtaaat gcttgccgct ttagaggtgg atggtgctca taaaaggccc 180
cagtcggggg tatttaaaaa ggactgaaca gaaatcctta gctagtagaa tggcagcacg 240
ctgtaaaatt attactgtat tgtgtactgg ctataagatg tagacacctt tcagtaagcc 300
aatcatttgt aaccattcta gcagtgtcat attaggttaa taaggctgct gtgttttaaa 360
gggcattttt atttgggttt tggtgaaatt ctttaatttg ttgattatat tcacataaaa 420
tcagcattca ttgacacata gctctaatga catatgtatg aaaaaccata cactggatga 480
cctagtcga 489

<210> 167
<211> 556
<212> ADN
<213> humano

<400> 167

ctgatggttc tttctctgat gagatgaaca ccattcttga taatcttgcc gccagggact 60
ttataaactg gttgattcag accaaaatca ctgacaggaa ataactatat cactattcaa 120
gatcatcttc acaacatcac ctgctagcca cgtgggatgt ttgaaatgtt aagtcctgta 180
aatttaagag gtgtattctg aggccacatt gctttgcatg ccaataaata aattttcttt 240
tagtgttgtg tagccaaaaa ttacaaatgg aataaagttt tatcaaaata ttgctaaaat 300
atcagcttta aaatatgaaa gtgctagatt ctgttatttt cttcttattt tggatgaagt 360
accccaacct gtttacattt agcgataaaa ttatttttct atgatataat ttgtaaatgt 420
aaattattcc gatctgacat atctgcatta taataatagg agaatagaag aactggtagc 480
cacagtggtg aaattggaaa gagaactttc ttcctgaaac ctttgtctta aaaatactca 540
gctttcaatg tatcaa 556

<210> 168
<211> 244
<212> ADN
<213> humano

<400> 168
gccggctcct gcaagtgcaa aaagtgcaaa tgcacctcct gcaagaagag ctgctgctcc 60
tgttgccccc tgggctgtgc caagtgtgcc cagggctgca tctgcaaagg ggcgtcagag 120
aagtgcagct gctgtgcctg atgtcgggac agccctgctg tcagatgaaa acagaatgac 180
acgtaaaatc cgaggttttt tttttctaca actccgactc atttgctaca ttccttttt 240
tctg 244

<210> 169
<211> 557
<212> ADN
<213> humano

<400> 169
ttccctgctg gaggatccca agattaagga gattgctgca aagcacaaaa aaaccgcagc 60
ccaggttctg atccgtttcc atatccagag gaatgtgatt gtcatcccca agtctgtgac 120
accagcacgc attgttgaga acattcaggt ctttgacttt aaattgagtg atgaggagat 180
ggcaaccata ctcagcttca acagaaactg gagggcctgt aacgtgttgc aatcctctca 240
tttggaagac tatcccttca atgcagaata ttgaggttga atctcctggt gagattatac 300
aggagattct ctttcttcgc tgaagtgtga ctacctccac tcatgtccca ttttagccaa 360
gcttatttaa gatcacagtg aacttagtcc tgttatagac gagaatcgag gtgctgtttt 420
agacatttat ttctgtatgt tcaactagga tcagaatatc acagaaaagc atggcttgaa 480
taaggaaatg acaatttttt ccacttatct gatcagaaca aatgtttatt aagcatcaga 540
aactctgcca acactga 557

<210> 170
<211> 268
<212> ADN
<213> humano

<400> 170
taagtccagt agtagcaaag ccccaaatca aagccagcaa gaccacagtc acaggagata 60
aggactctgt gaacctgacc tgctccacaa atgacactgg aatctccatc cgttggttct 120
tcaaaaacca gagtctcccg tcctcggaga ggatgaagct gtcccagggc aacaccaccc 180
tcagcataaa ccctgtcaag agggaggatg ctgggacgta ttggtgtgag gtcttcaacc 240
caatcagtaa gaaccaaagc gaccccat 268

<210> 171
<211> 459
<212> ADN
<213> humano

<400> 171
tgagcctggg gttctggtgt tagaatattt ttaagtaggc tttactgaga gaaactaaat 60
attggcatac gttatcagca acttcccctg ttcaatagta tgggaaaaat aagatgactg 120
ggaaaaagac acacccacac cgtagaacat atattaatct actggcgaat gggaaaggag 180
accattttct tagaaagcaa ataaacttga ttttttttaaa tctaaaattt acattaatga 240
gtgcaaaata acacataaaa tgaaaattca cacatcacat ttttctggaa aacagacgga 300
ttttacttct ggagacatgg catacggtta ctgacttatg agctaccaaa actaaattct 360
ttctctgcta ttaactggct agaagacatt catctatttt tcaaatgttc tttcaaaaca 420
tttttataag taatgtttgt atctatttca tgctttact 459

<210> 172

<211> 482
<212> ADN
<213> humano

<400> 172
atttctttgg cagttttcgt gctaatgttt ttgctaagga agataagctc tgaaccatta 60
aaggacgagt ttaaaaacac aggatcaggt ctcctgggca tggctaacat tgacctggaa 120
aagagcagga ctggtgatga aattattctt ccgagaggcc tcgagtacac ggtggaagaa 180
tgcacctgtg aagactgcat caagagcaaa ccgaaggtcg actctgacca ttgctttcca 240
ctcccagcta tggaggaagg cgcaaccatt cttgtcacca cgaaaacgaa tgactattgc 300
aagagcctgc cagctgcttt gagtgctacg gagatagaga aatcaatttc tgctaggtaa 360
ttaaccattt cgactcgagc agtgccactt taaaaatctt ttgtcagaat agatgatgtg 420
tcagatctct ttaggatgac tgtatttttc agttgccgat acagcttttt gtcctctaac 480
tg 482

<210> 173
<211> 519
<212> ADN
<213> humano

<400> 173
gaagacacta ccaacatgat attacgtatt gatctgacca cacacaatgt tactctagaa 60
gaaccaatag aaatcaactg gtcatgaaga tcaccatcaa ttttagttgt caatgggaaa 120
aaacaccagg atttaagttt cacagcactt acaattttcc ctcttcactt ggttcttgta 180
ctctacaaaa tatagctttc ataacatcga aaagttattt tgtagcgtac atcaatgata 240
atgctaattt tattatagta atgtgacttg gattcaattt taaggcatat ttaacaaaat 300
ttgaatagcc ctatttatcc ttgttaagta tcagctacaa ttgtaaacta gttactaaac 360
atgtatgtaa atagctaaga tataatttaa acgtgatttt taaattaaat aaaatttta 420
tgtaattata tatactatat ttttctcaat gtttagcaga tttaagatat gtaacaacaa 480
ttatttgaag atttaattac ttcttagtat gtgcattta 519

<210> 174
<211> 227
<212> ADN
<213> humano

<400> 174
attgcaattt cttaggtaac cttatattta caataaatga agattaccct caaatgctag 60
aagctgtcta ggtccgtccg gtgtgtcaga tttcctcaga ttagatgtgc caataaccaa 120
gtttattcag taaacaactt gtacttgttt catctggttt attactctca cccataaaca 180
gtaatgactc tctgaccctc tggaaatatg taatgcttcc aatcttg 227

<210> 175
<211> 478
<212> ADN
<213> humano

<400> 175
ttttggacct gcggtggtgg ccaaccactg gaacttccac tggatctact ggctgggccc 60
actcctggct ggcctgcttg ttggactgct cattaggtgc ttcattggag atgggaagac 120
ccgcctcatc ctgaaggctc ggtgagcaga gctcgtggga ttcctgctgc tccaggtgtc 180
ctcagctcac ctgtcccaga ctgaggacag gggagttcct gcatttcctg ccagggcaga 240
ggcccagagg agcgaccccc tgcttccact gcttgggcct gctttctcag atagactgac 300
tgctgaggag gctctaggtt cttggaattc ctttgtgctc atcagagacc ccagcctggg 360
gaacacgctg cccgcactgc ccagagagca gtgcaaacac cacaacacga gcgtgtttct 420
tgagaggaat gtccccgagt tggacaagga ggctgtttct gcacatcagc tcatttcc 478

<210> 176
<211> 436
<212> ADN
<213> humano

<400> 176
gaggggtcac cgtgcaggat ggaaatttct ccttttctct ggagtcagtg aagaagctca 60
aagacctcca ggagccccag gagcccaggg ttgggaaact caggaacttt gcacccatcc 120
ctggtgaacc tgtggttccc atcctctgta gcaacccgaa ctttccagaa gaactcaagc 180
ctctctgcaa ggagcccaat gcccaggaga tacttcagag gctggaggaa atcgctgagg 240

acccgggcac atgtgaaatc tgtgcctacg ctgcctgtac cggatgctag gggggcttgc 300
ccactgcctg cctcccctcc gcagcaggga agctcttttc tcctgcagaa agggccaccc 360
atgatactcc actcccagca gctcaaccta ccctggtcca gtcgggagga gcagcccggg 420
gaggaactgg gtgact 436

<210> 177
<211> 234
<212> ADN
<213> humano

<400> 177
tcgtctgctt cacaagctat cgctatggtg ttcgtgcgca ggccgtggcc cgccttgacc 60
acagtgcttc tggccctgct cgtctgccta ggggcgctgg tcgacgccta ccccatcaaa 120
cccgaggctc ccggcgaaga cgcctcgccg gaggagctga accgctacta cgcctccctg 180
cgccactacc tcaacctggt cacccggcag cggtatggga aaagagacgg cccg 234

<210> 178
<211> 287
<212> ADN
<213> humano

<400> 178
tatttgaata tgtatcgtgc cccctccggt gtctttgatc aggatgacat gtgccatttt 60
tcagaggacg tgcagacagg ctggcattct agattacttt tcttactctg aaacatggcc 120
tgtttgggag tgcgggattc aaaggtggtc ccaccgctgc ccctactgca aatggcagtt 180
ttaatcttat cttttggctt ctgcagatgg ttgcaattga tccttaacca ataatggtca 240
gtcctcatct ctgtcctgct tcataggtgc caccttgtgt gtttaaa 287

<210> 179
<211> 536
<212> ADN
<213> humano

<400> 179
tgacgcaaaa taccaccttg gcgcctacac gggagacgac gtccgcatcg tccgtgacga 60
catgctgtgt gccgggaaca cccggaggga ctcatgccag ggcgactccg gagggcccct 120
ggtgtgcaag gtgaatggca cctggctgca ggcgggcgtg gtcagctggg gcgagggctg 180
tgcccagccc aaccggcctg gcatctacac ccgtgtcacc tactacttgg actggatcca 240
ccactatgtc cccaaaaagc cgtgagtcag gcctgggttg gccacctggg tcactggagg 300
accaacccct gctgtccaaa acaccactgc ttcctaccca ggtggcgact gccccccaca 360
ccttccctgc cccgtcctga gtgccccttc ctgtcctaag ccccctgctc tcttctgagc 420
cccttcccct gtcctgagga cccttcccca tcctgagccc ccttccctgt cctaagcctg 480
acgcctgcac cgggccctcc ggccctcccc tgcccaggca gctggtggtg ggcgct 536

<210> 180
<211> 472
<212> ADN
<213> humano

<400> 180
atgatcacaa aatgttgcct gttttgtttc cgaaagcttg ccaaaacagg aaagaagaag 60
aaaagggatt agttatatca aaagcctgaa gtggaatgac caaaagatgg gactcctcct 120
ttattccagc atggagggtt ttaaatggag gatttccttt ttcctgcgac aaaacgtctt 180
ttcacaactt accctgttaa gtcaaaattt attttccagg aatttaatat gtactttagt 240
tggaattatt ctatgtcaat gatttttaag ctatgaaaaa taataatata aaaccttatg 300
ggcttatatt gaaatttatt attctaatcc aaaagttacc ccacacaaaa gttactgagc 360
ttccttatgt ttcacacatt gtatttgaac acaaaacatt aacaactcca ctcatagtat 420
caacattgtt ttgcaaatac tcagaatatt ttggcttcat tttgagcaga at 472

<210> 181
<211> 334
<212> ADN
<213> humano

<400> 181
caagtatcgg ggctctgcta tcaaggtgca aagtccttcg tggatgcaac ctcaaccata 60
tattctacag caccctggtg ccgtgttaac tccctcaatg gagcacacca tgtcactaca 120
gcccgcatca atgatcagcc ctctggccca gcagatgagt catctgtcac taggcagcac 180

cggaacatac atgcctgcaa cgtcagctat gcaaggagcc tacttgccac agtatgcaca 240
tatgcagacg acagcggttc ctgttgagga ggcaagtggt caacagcagg tggctgtcga 300
gacgtctaat gaccattctc catatacctt tcaa 334

<210> 182
<211> 475
<212> ADN
<213> humano

<400> 182
tggactggtg tcgagccaag actcggggcc tacgagcacg tcgacatcca gaacttctcc 60
tccagctgga gtgatgggat ggccttctgt gccctggtgc acaacttctt ccctgaggcc 120
ttcgactatg ggcagcttag ccctcagaac cgacgccaga acttcgaggt ggccttctca 180
tctgcggaga tgctggtgga ctatgtgccc ctggtggagg tggacgacat gatgatcatg 240
ggcaagaagc ctgaccccaa gtgtgtcttc acctatgtgc agtcgctcta caaccacctg 300
cgacgccacg aactggcctc gcgcggcaag aatgtctagc ctgcccgccc gcatggccag 360

ccagtggcaa ctgccgcccc cactctccgg gcaccgtctc ctgcctgtgc gtccgcccac 420
cgctgccctg tctgttgcga caccctcccc cccacataca cacgcagcgt tttga 475

<210> 183
<211> 561
<212> ADN
<213> humano

<400> 183
ggatgtgata gcattcctgc tggcctgcgt ggcaactgtg atatttatca tcacaaaatt 60
ttgcctgttt tgtttccgaa agcttgccaa aacaggaaag aagaagaaaa gagattagtt 120
atatcaaaag cctgaagtgg aatgactgaa agatgggact cctcctttat ttcagcatgg 180
agggttttaa atggaggatt tccttttcc tgtgacaaaa catcttttca caacttacct 240
tgttaagaca aaatttattt tccagggatt taatacgtac tttagttgga attattctat 300
gtcaatgatt tttaagctat gaaaaataca atgggggaa ggatagcatt tggagatata 360
cctaatgtta aatgacgagt tactggatgc agcacgcaac atggcacatg tgtatacata 420
tgtagctaac ccttcgttgt gcacatgtac cctaaaactt aaagtataat ttaaaaaaag 480
caaaaaaaaa aaataccaac tctttttttt aaaccaggaa ggaaaatgtg aacatggaaa 540
caacttctag tattggatct g 561

<210> 184
<211> 512
<212> ADN
<213> humano

<400> 184
gccccggagt gcagctgcgg ggacccgctg ctcgaccccg gcctgccgga gcccgaggcc 60
ccgccccctg cgggtcccga accgcttacc ctcatccctg ggcctgtcga gcccttcagc 120
atcgtgacca tgcccgggcc ccggggtccg gcgccaccct ggctgcccag ccctattggc 180
gaggaggagg agaatctggc ctgagatctt agagcccagc cccctaagga cagggaacca 240
ggtccctgca cggcacccac gcaggtgtcc cggtctgcat aagcctcgta tgcctttgta 300
aagtccacct acacttttga ccagctctcg ctgcccgcat gtgtttggcg ctgtgctagg 360
ggcgggagtt cttccagact cttggaccag cccgccctga ccaccagctc tacttcccaa 420
cccccactgc ctgagaggtc tctatcagtg tcctgcctga attctttcct tcaagtgaag 480
atgtgactga ctacctcctc gagttgtcat ga 512

<210> 185
<211> 450
<212> ADN
<213> humano

<400> 185
gaacccaggg agcgcgatgg gctgcagggc tgcgtcaggg ctcctgccag gagtggccgt 60
ggtcctcctg ctgctgctgc agagcacaca gtcagtctac atccagtacc aaggcttccg 120
ggtccagctg gaatccatga agaagctgag tgacctggag gcacagtggg cacccagccc 180
ccgcctgcag gcccagagcc tcctgcccgc cgtgtgccac caccctgctc tgcctcagga 240
ccttcagcct gtctgcgcct cgcaggaggc ttccagcatc ttcaagaccc tgaggaccat 300
cgctaacgac gactgtgagc tgtgtgtgaa cgttgcgtgt accggctgcc tctgagatag 360
ccctgggtac cctgagccca ccagggacac ctcgcccttc agcccaccac cctggcaggc 420
ttccatcccc gtccatgctc aagatgggtc 450

<210> 186
<211> 474
<212> ADN
<213> humano

<400> 186
ttattcttag cgtcactggt ctggctttca gaattaacat acaaggttgc cacacctagt 60
tctgcccagc tttatgtctt ttattccagt attccaccaa agtttgtttt cctgcattcc 120
agttctcaag tcttaagata aagattgtac ttgacagttt agtatatcca taaaactatt 180
tgaggtggtt aaggttcttg ggttcatttt ccttaatact ttgctgaata ttgtagattg 240
taggcaatga aaaagtctac taaattagga aaaccttgaa taattaggta tcctaggtaa 300
gagcccctaa acatcaagca atctgtgagt ctgtaaagaa ataaatattt tttggattat 360
tcttatctaa ttccacccct gttggaagat gatttctttg ttctttgcaa ctatggaagc 420
tgtgaaaatc atcacaagtg cctctgaaag cgagtgttag gttggttaga gggt 474

<210> 187
<211> 569
<212> ADN
<213> humano

<400> 187
gtgacggtgc tgaagaaggc cctggatgaa gagacgcggt cccatgaggc tcaggtccag 60
gagatgaggc agaaacacgc acaggcggtg gaggagctca cagagcagct tgagcagttc 120
aagagggcca aggcgaacct agacaagaat aagcagacgc tggagaaaga gaacgcagac 180
ctggccgggg agctgcgggt cctgggccag gccaagcagg aggtggaaca taagaagaag 240
aagctggagg cgcaggtgca gacactgagt ttttagaaaa acatatccac ggtaaccggt 300
ccctggcaat tctgtttaca tgaaatgggg agaaagtcac cgaaatgggt gccgccggcc 360
cccactccca attcattccc taacctgcaa acctttccaa cttctcacgt caggcctttg 420
agaattcttt ccccctctcc tggtttccac acctcagaca cgcacagttc accaagtgcc 480
ttctgtagtc acatgaattg aaaaggagac gctgctccca cggaggggag caggaatgct 540
gcactgttta caccctgact gtgcttaaa 569

<210> 188
<211> 422
<212> ADN
<213> humano

<400> 188
tagtggccgt gaggagcatc ttcagtaaga aggaaggttc tgacagacaa tggaactacg 60
cctgcatgcc cacgccacag agcctcgggg aacccacgga gtgctggtgg gaggagatca 120
acagggctgg catggaatgg taccagacgt gctccaacaa tgggctggtg gcaggattcc 180
agagccgcta cttcgagtca gtgctggatc gggagtggca gttttactgt tgtcgctaca 240
gcaagaggtg cccatattcc tgctggctaa caacagaata tccaggtcac tatggtgagg 300
aaatggacat gatttcctac aattatgatt actatatccg aggagcaaca accactttct 360
ctgcagtgga aagggatcgc cagtggaagt tcataatgtg ccggatgact gaatacgact 420
gt 422

<210> 189
<211> 183
<212> ADN
<213> humano

<400> 189
aatgtcatag acactgattt catcgacgag gaagttctta tgtccttggt gatagaaatg 60
ggtttggacc gcatcaagga gctgcccgaa ctctggctgg ggcaaaacga gtttgatttt 120
atgacggact tcgtgtgcaa acagcagccc agcagagtga gctgttgact cgatcgaaac 180
ccc 183

<210> 190
<211> 434
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (158)..(158)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 190
ccccccaatt gctgccaata gtggataaca tgtatcactc actgccaaaa atagaaagtg 60
accatgaaaa ataaattcgc tggggaaggg ggctccatgc tggtgtggcc aaggctgaga 120
gctctctctt ctctgttaca aaacgagata agcaagtntt agaattgcct taaggccaca 180
ctggcatctc cctgaccttc tccagggaca gaagcaggag taagtttctc atcccatggg 240
cgaccagggc catctcctcc caccagtggc ccccactcac agggagctgg caatgcccta 300
cctgcctgtt ctccagatgg agaaacaggc tctgagattt cacaggtctt gcccaaagtc 360
attgatttta atgattaaaa agaataaaca cagtgtttcc tgagtagcag tgattgttat 420
gccttgctat ttta 434

<210> 191
<211> 463
<212> ADN
<213> humano

<400> 191
gatgtattaa cctacctgtg aatcatatgt tgtaggaaaa gctgttccca tgtctaacag 60
gacttgaatt caaagcatgt caagtggata gtagatctgt ggcgatatga gagggatgca 120
gtgcctttcc ccattcattc ctgatggaat tgttatacta ggttaacatt tgtaattttt 180
ttctagttgt aatgtgtatg tctggtaaat aggtattata ttttggcctt acaataccgt 240
aacaatgttt gtcattttga aatacttaat gccaagtaac aatgcatgct ttggaaattt 300

ggaagatggt tttattcttt gagaagcaaa tatgtttgca ttaaatgctt tgattgttca 360
tatcaagaaa ttgattgaac gttctcaaac cctgtttacg gtacttggta agagggagcc 420
ggtttgggag agaccattgc atcgctgtcc aagtgtttct tgt 463

<210> 192
<211> 468
<212> ADN
<213> humano

<400> 192
agggcaagtg ttcccaaatt gacgccacct aataatcatc accacaccgg gagcagatct 60
gaaggcacac tttgattttt ttaaggataa gaaccacaga acactgggta gtagctaatg 120
aaattgagaa gggaaatctt agcatgcctc caaaaattca catccaatgc atactttgtt 180
caaatttaag gttactcagg cattgatctt ttcagtgttt tttcacttag ctatgtggat 240
tagctagaat gcacaccaaa aagatacttg agctgtatat atatatgtgt gtgtgtgtgt 300
gtgtgtgtgt gtgtgtgcat gtatgtgcac atgtgtctgt gtgatatttg gtatgtgtat 360
ttgtatgtac tgttattcaa aatatattta atacctttgg aaaatcttgg gcaagatgac 420
ctactagttt tccttgaaaa aaagttgctt tgttattaat attgtgct 468

<210> 193
<211> 531
<212> ADN
<213> humano

<400> 193
ccgagccgag cttactgtga gtgtggagat gttatcccac catgtaaagt cgcctgcgca 60
ggggagggct gcccatctcc ccaacccagt cacagagaga taggaaacgg catttgagtg 120
ggtgtccagg gccccgtaga gagacattta agatggtgta tgacagagca ttggccttga 180
ccaaatgtta aatcctctgt gtgtatttca taagttatta caggtataaa agtgatgacc 240
tatcatgagg aaatgaaagt ggctgatttg ctggtaggat tttgtacagt ttagagaagc 300
gattatttat tgtgaaactg ttctccactc caactccttt atgtggatct gttcaaagta 360
gtcactgtat atacgtatag agaggtagat aggtaggtag attttaaatt gcattctgaa 420
tacaaactca tactccttag agcttgaatt acatttttaa aatgcatatg tgctgtttgg 480
caccgtggca agatggtatc agagagaaac ccatcaattg ctcaaatact c 531

<210> 194
<211> 392
<212> ADN
<213> humano

<400> 194
ggagctgtca ccatgacggg ggaacttgag gttaagaaca tggacatgaa gccggggtca 60
accctgaaga tcacaggcag catcgccgat ggcactgatg gctttgtaat taatctgggc 120

```
caggggacag acaagctgaa cctgcatttc aaccctcgct tcagcgaatc caccattgtc    180
tgcaactcat tggacggcag caactggggg caagaacaac gggaagatca cctgtgcttc    240
agcccagggt cagaggtcaa gttcacagtg acctttgaga gtgacaaatt caaggtgaag    300
ctgccagatg ggcacgagct gacttttccc aacaggctgg gtcacagcca cctgagctac    360
ctgagcgtaa ggggcgggtt caacatgtcc tc                                  392
```

<210> 195
<211> 233
<212> ADN
<213> humano

<400> 195

```
gcgtgttttc ctcttgatcg ggaactcctg cttctccttg cctcgaaatg gaccccaact     60
gctcctgctc gcctgttggc tcctgtgcct gtgccggctc ctgcaaatgc aaagagtgca    120
aatgcacctc ctgcaagaag agctgctgct cctgctgccc tgtcggctgt gccaagtgtg    180
cccagggctg catctgcaaa gggacgtcag acaagtgcag ctgctgtgcc tga           233
```

<210> 196
<211> 578
<212> ADN
<213> humano

<400> 196

```
cccgaccatc gaatcttgcg aacaacacga tacttgttaa gtggctaccc caaaacgatc     60
tgcttggtca cccgatgacc cgtgccttta tcacccatgc tggttcccat ggtgtttatg    120
aaagcatatg caatggcgtt cccatggtga tgatgccctt gtttggtgat cagatggaca    180
atgcaaagcg catggagact aagggagctg gagtgaccct gaatgttctg gaaatgactt    240
ctgaagattt agaaaatgct ctaaaagcag tcatcaatga caaaagttac aaggagaaca    300
tcatgcgcct ctccagcctt cacaaggacc gcccggtgga gccgctggac ctggccgtgt    360
tctgggtgga gtttgtgatg aggcacaagg gcgcgccaca cctgcgcccc gcagcccacg    420
acctcacctg gtaccagtac cattccttgg acgtgattgg tttcctcttg gccgtcgtgc    480
tgacagtggc cttcatcacc tttaaatgtt gtgcttatgg ctaccggaaa tgcttgggga    540
aaaaagggcg agttaagaaa gcccacaaat ccaagacc                            578
```

<210> 197
<211> 509
<212> ADN
<213> humano

<400> 197

```
tgcagaggcc tatgttttca ctcctaacat gatctgtgct ggaggagaga agggcatgga     60
tagctgtaaa ggggacagtg gtggggcctt tgctgtacag gatcccaatg acaagaccaa    120
attctacgca gctggcctgg tgtcctgggg gccccagtgt gggacctatg ggctctacac    180
acgggtaaag aactatgttg actggataat gaagactatg caggaaaata gcacccccg     240
tgaggactaa tccagataca tcccaccagc ctctccaagg gtggtgacca atgcattacc    300
ttctgttcct tatgatattc tcattatttc atcatgactg aaagaagaca cgagcgaatg    360
atttaaatag aacttgattg ttgagacgcc ttgctagagg tagagtttga tcatagaatt    420
gtgctggtca tacatttgtg gtctgactcc ttggggtcct ttccccggag tacctattgt    480
agataacact atgggtgggg cactcctttt                                     509
```

<210> 198
<211> 507
<212> ADN
<213> humano

<400> 198

```
gggcctaacc agccttggga gtattgactg gtcccttacc tcttatggct aagtctttga     60
ctgtgttcat ttaccaagtt gacccagttt gtcttttagg ttaagtaaga ctcgagagta    120
aaggcaagga ggggggccag cctctgaatg cggccacgga tgccttgctg ctgcaaccct    180
ttccccagct gtccactgaa acgtgaagtc ctgttttgaa tgccaaaccc accattcact    240
ggtgctgact acatagaatg gggttgagag aagatcagtt tgggcttcac agtgtcattt    300
gaaaacgttt tttgttttgt tttgtaatta ttgtggaaaa ctttcaagtg aacagaagga    360
tggtgtccta ctgtggatga gggatgaaca aggggatggc tttgatccaa tggagcctgg    420
gaggtgtgcc cagaaagctt gtctgtagcg ggttttgtga gagtgaacac tttccacttt    480
ttgacacctt atcctgatgt atggttc                                        507
```

<210> 199
<211> 510

<212> ADN
<213> humano

<400> 199
agatgtgttt agaacctctt gtttaaaaat aatagactgc ttatcataaa atcacatctc 60
acacatttga ggcagtggtc aaacaggtaa agcctatgat gtgtgtcatt ttaaagtgtc 120
ggaatttagc ctctgaatac cttctccatt gggggaaaga tattcttgga accactcatg 180
acatatctta gaaggtcatt gacaatgtat aaactaattg ttggtttgat atttatgtaa 240
atatcagttt accatgcttt aattttgcac attcgtacta tagggagcct attggttctc 300
tattagtctt gtgggttttc tgtttgaaaa ggagtcatgg catctgttta catttacctt 360
atcaaaccta gaatgtgtat atttataaat gtatgtcttc attgctaggt actaatttgc 420
agatgtcttt acatatttca atacagaaac tataacattc aatagtgtgc tgtcaaagtg 480
tgcttagctc acctggatat acctacattg 510

<210> 200
<211> 524
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (314)..(320)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 200
gaagggagtg ttgctcccag tccagaggcc tgattctgtt cggactgggt tctcaagaca 60
cgaccaggtt ctcaagacac gagtcccctt gttcctcccc attaaagggg gtttgtcaga 120
agcaagaaca gcccctctcc ccagtcacag cctgaaggga ggccccgaga gcttcctcct 180
tccccccacc tgctccttac cttctctgcc ctgcttttta gaactgcagt tcattgtttt 240
aagggattgg gggagggagc ctggggacac aaacctttta tacaatacaa agctttgctt 300
ttttttttt tttnnnnnnn ccttttccct ttctcggttc tcttctctcc tctgaatggc 360
tgaagacccc tctgccgagg gaggttgggg attgtgggac aaggtccctt ggtgctgatg 420
gcctgaaggg gcctgagctg tgggcagatg cagttttctg tgggcttggg gaacctctca 480
cgttgctgtg tcctggtgag cagcccgacc aataaacctg cttt 524

<210> 201
<211> 406
<212> ADN
<213> humano

<400> 201
ggctgcctgc ggatgaagga ccagtgtgac aagtgccggg agatcttgtc tgtggactgt 60
tccaccaaca acccctccca ggctaagctg cggcgggagc tcgacgaatc cctccaggtc 120
gctgagaggt tgaccaggaa atataacgag ctgctaaagt cctaccagtg gaagatgctc 180
aacacctcct ccttgctgga gcagctgaac gagcagttta actgggtgtc ccggctggca 240
aacctcacgc aaggcgaaga ccagtactat ctgcgggtca ccacggtggc ttcccacact 300
tctgactcgg acgttccttc cggtgtcact gaggtggtcg tgaagctctt tgactctgat 360
cccatcactg tgacggtccc tgtagaagtc tccaggaaga acccta 406

<210> 202
<211> 286
<212> ADN
<213> humano

<400> 202
agcagctgaa cgagcagttt aactgggtgt cccggctggc aaacctcacg caaggcgaag 60
accagtacta tctgcgggtc accacggtgg cttcccacac ttctgactcg gacgttcctt 120
ccggtgtcac tgaggtggtc gtgaagctct ttgactctga tcccatcact gtgacggtcc 180
ctgtagaagt ctccaggaag aaccctaaat ttatggagac cgtggcggag aaagcgctgc 240
aggaataccg caaaaagcac cgggaggagt gagatgtgga tgttgc 286

<210> 203
<211> 101
<212> ADN
<213> humano

<400> 203

cgatcaccaa tgtacctcca gaggtaactg tgctcacgaa cagccctgtg gaactgagag 60
agcccaacgt cctcatctgt ttcatagaca agttcacccc a 101

<210> 204
<211> 530
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (115)..(115)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (117)..(117)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (121)..(123)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 204
gatataccat gtattcacac tttaaaaaat acacatagca gagtatcgga aagtatgtac 60
caaaacattg atctggctac cactgggagt caggatcatg agttcatctt cttcntnctt 120
nnnactgctt ttccaaacat tctccagtaa gcaggtacta catttataat ggaaggaatt 180
ttttaaaaaa ttttaagctg tacactttca agtaagatct gaattctaat gctggcttgt 240
gcctcttact atgtggtttg gtcattatag ataatgccca gtttcagttt ccccatcttt 300
gaaaaggaga taatatgtta tctcttggga gtagttctga atatgaagtg tgttgataca 360
agaagcactg acaatgtttc tgtttcttaa atttaaaact ggcctggttt gccttttta 420
tcaagagagc ttaacagata aaaaatgaaa ttagtctatt ttctacttgc cagcagagta 480
tctgtcttat tttaggatgc agtgtgaaac ttaccattca actgaacaac 530

<210> 205
<211> 480
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (431)..(431)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 205
gaaggctgga ttctatctac ataagtcctt tcaattccac cagggccaga gcagctccac 60
cactgtgcac ttagccatga tggcaacaga aaccaagaga cacaattacg caggtattta 120
gaagcagagg gacaaccaga aggcccttaa ctatcaccag tgcatcacat ctgcacactc 180
tcttctccat tccctagcag gaacttctag ctcatttaac agataaagaa actgaggccc 240
acggtttcag ctagacaatg atttggccag gcctagtaac caaggccctg tctctggcta 300
ctccctggac cacgaggctg attcctctca tttccagctt ctcagtttct gcctgggcaa 360
tggccagggg ccaggagtgg ggagagttgt gatggagggg agaggggtca cacccacccc 420
ctgcctggtt ntaggctgct gcacaccaag gccctgcatc tgtctgctct gcatatatgt 480

<210> 206
<211> 546
<212> ADN
<213> humano

<400> 206
agacagctgt ttagggtctt ctcccctcac ccatgctttc atcatcccct ccgcacagcc 60
tccccgtcca ggccttctaa ccacacctac ccagggctgc cgcattcctg cactcagaag 120
tctgcagcgg tgcctcacaa acttgattgt gcataaaaat cactggggat cttgttaata 180
cagattctaa ctcaatagat ctgggagatc ctgcatttct aacaagctcc caggtaaggc 240
ggaggctgct ggtgtgagga ccatgctgtg agcagcaggg cgagagtgcc cagggctgat 300
atatattgga aatatcaccc ctgaagccat cgctggcccc cacctcctgt ggactgatgc 360

cccagggatt cccaccccac ttctgcaacc ccaggtatcc ttcattatcc accccatccc 420
agactcccac cccagggatt gcccgtgaag actttggcct agcaaattgt gttggttatg 480
tgagtgttgt tttaatcaga gatgtacatg attgccaatc tgcatttctt accagtgtga 540
ccacac 546

<210> 207
<211> 562
<212> ADN
<213> humano

<400> 207
atcatcagat cgactcttat acgagtaata tgcctgctat ttgaagtgta attgagaagg 60
aaaattttag cgtgctcact gacctgcctg tagccccagt gacagctagg atgtgcattc 120
tccagccatc aagagactga gtcaagttgt tccttaagtc agaacagcag actcagctct 180
gacattctga ttcgaatgac actgttcagg aatcggaatc ctgtcgatta gactggacag 240
cttgtggcaa gtgaatttgc ctgtaacaag ccagattttt taaaatttat attgtaaata 300
ttgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtatatatat atatatatgt acagttatct aagttaattt 360
aaagttgttt gtgccttttt atttttgttt ttaatgcttt gatatttcaa tgttagcctc 420
aatttctgaa caccataggt agaatgtaaa gcttgtctga tcgttcaaag catgaaatgg 480
atacttatat ggaaattctg ctcagataga atgacagtcc gtcaaaacag attgtttgca 540
aaggggaggc atcagtgtct tg 562

<210> 208
<211> 553
<212> ADN
<213> humano

<400> 208
tacaccacaa tggctgagca cttcctgacg ttgctggtag tgcctgccat caagaaagat 60
tatggttccc aggaagactt cactcaagtg tggaacacca ccatgaaagg gctcaagtgc 120
tgtggcttca ccaactatac ggattttgag gactcaccct acttcaaaga gaacagtgcc 180
tttcccccat tctgttgcaa tgacaacgtc accaacacag ccaatgaaac ctgcaccaag 240
caaaaggctc acgaccaaaa agtagagggt tgcttcaatc agcttttgta tgacatccga 300
actaatgcag tcaccgtggg tggtgtggca gctggaattg ggggcctcga gctggctgcc 360
atgattgttt ccatgtatct gtactgcaat ctacaataag tccacttctg cctctgccac 420
tactgctgcc acatgggaaa ctgtgaagag gcaccctggg caagcagcag tgattggggg 480
aggggacagg atctaacaat gtcacttggg ccagaatgga cctggccttt ctgctcccag 540
acttgggggc tag 553

<210> 209
<211> 220
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (132)..(132)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (135)..(135)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (159)..(159)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (162)..(162)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (172)..(172)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (174)..(174)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (180)..(180)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 209
gcagttatgg gcaaccctaa ggtgaaggct catggcaaga aagtgctcgg tgcctttagt 60
gatggcctgg ctcacctgga caacctcaag ggcacctttg ccacactgag tgagctgcac 120
tgtgacaagc tncangtgga tcctgagaac ttcaggctnc tnggcaacgt gntngtctgn 180
gtgctggccc atcactttgg caaagaattc accccaccag 220

<210> 210
<211> 417
<212> ADN
<213> humano

<400> 210
tctctgggct ccaggctgag gacgaggctg attattactg ctgctcatat gcaggtagtt 60
acactgtggt tttcggcgga gggaccaaac tgaccgtcct aggtcagccc aaggctgccc 120
cctcggtcac tctgttcccg ccctcctctg aggagcttca agccaacaag gccacactgg 180
tgtgtctcat aagtgacttc tacccgggag ccgtgacagt ggcctggaag gcagatagca 240
gccccgtcaa ggcgggagtg gagaccacca caccctccaa acaaagcaac aacaagtacg 300
cggccagcag ctatctgagc ctgacgcctg agcagtggaa gtcccacaga agctacagct 360
gccaggtcac gcatgaaggg agcaccgtgg agaagacagt ggcccctaca gaatgtt 417

<210> 211
<211> 532
<212> ADN
<213> humano

<400> 211
tttggtgcag ctgctagtca gtccctgact gacattgcca agtattcaat aggcagactg 60
cggcctcact tcttggatgt ttgtgatcca gattggtcaa aaatcaactg cagcgatggt 120
tacattgaat actacatatg tcgagggaat gcagaaagag ttaaggaagg caggttgtcc 180
ttctattcag gccactcttc gttttccatg tactgcatgc tgtttgtggc actttatctt 240
caagccagga tgaagggaga ctgggcaaga ctcttacgcc ccacactgca atttggtctt 300
gttgccgtat ccatttatgt gggcctttct cgagtttctg attataaaca ccactggagc 360
gatgtgttga ctggactcat tcagggagct ctggttgcaa tattagttgc tgtatatgta 420
tcggatttct tcaaagaaag aacttctttt aaagaaagaa aagaggagga ctctcataca 480
actctgcatg aaacaccaac aactgggaat cactatccga gcaatcacca gc 532

<210> 212
<211> 361
<212> ADN
<213> humano

<400> 212
gcacgccatc aatgccatcg tgcgcagccc gcgtggcggg gcccggaggc acgcagagct 60
gtccttcgtg ttcctcacgg acggcgtcac gggcaacgac agtctgcacg agtcggcgca 120
ctccatgcgc aacgagaacg tggtacccac cgtcctggcc ttgggcagcg acgtggacat 180
ggacgtgctc accacgctca gcctgggtga ccgcgccgcc gtgttccacg agaaggacta 240
tgacagcctg gcgcaacccg gcttcttcga ccgcttcatc cgctggatct gctagcgccg 300
ccgcccgggc cccgcagtcg agggtcgtga gcccaccccg tccatggtgc taagcgggcc 360
c 361

<210> 213
<211> 498
<212> ADN
<213> humano

<400> 213

tgtttcctca tagctagttc tcaagctgca tgtaagattt taacgggaag agaaaatagg 60
cctggacctg aaggtctcaa atatgttgag aagaaagtat gaactataag gaacttgaga 120
tgtagattta ttttgcagga aatacgagga aaataggaaa gaagtgtttg ccgcatcaag 180
tgtaaagaat gatactgagg atttttacat tttatgaaat gaaataatgg catttacaaa 240

atgaaaaatg tagtttcaca actaagtttt gttaacagag actgcatgct ttgcttatag 300
ttcttaattt tggttttgac attcatttaa ttttttccat gttaaatatg tagtttaatt 360
atttactcaa aataaacatt gttcatgctt ttaggccttt gggggaattg atttttatcc 420
acaggtagaa aatggtcttt gcacacacta cacttatttc aaatatacaa tgtgctcccg 480
aactttcgca ttagtctt 498

<210> 214
<211> 491
<212> ADN
<213> humano

<400> 214
gaaatatcac tgacactcca gactaaagca gagtctaggt ttctgcaatt ttgttacagt 60
aatttgtaaa tagctttagt aaactcacct tgcatggtag attaataaga tgacttactg 120
tacatgaatt acacaataat gagatctggt ggctatttcc acattttgaa aaggattcag 180
ttatttactg acagtggtga gcatcctttt taaaataatg ttctgatact taaacattag 240
agagcagtat ctttaaatga attattaaca ctttggaata cttacatttt ctgttatttt 300
tgattgcctg ataaccagtt tcaatgatga aaatgaaaac aagtgctgaa gatgaaatgg 360
aagagaaccg ttttaatctg gattttgttt tgtcacacct ggaaaatact ttgcaaatat 420
gttctaaatt gaaaacaatt tttttatgat cacatggttc actaccaaat gaccctcaaa 480
taagccagat g 491

<210> 215
<211> 389
<212> ADN
<213> humano

<400> 215
gatagtcgga atagagccgc cccaactcag atcctacaac acgcaagttc cttcttgaac 60
cctggtgcct cctaccctat ggccctgaat ggtgcactgg tttaattgtg ttggtgtcgg 120
cccctcacaa atgcagccaa gtcatgtaat tagtcatctg gaacaaagac taaaaacagc 180
agagaattgc gggttctacc cagtcagaag atcacaccat ggagactttc tactagagga 240
cttgaaagag aactgagggg ccacaaaata aacttcacct tccattaagt gttcaagcat 300
gtctgcaaat taggagggag ttagaaacag tctttttcat cctttgtgat gaagcctgaa 360
attgtgccgt gttgccttat atgaatatg 389

<210> 216
<211> 515
<212> ADN
<213> humano

<400> 216
tgtctccccg ctatctaaaa aagtataaga acaagcagat aacagcgaga atcttggagg 60
cccatcagaa tgtagctcag atgagtctaa ttgaagccaa gatgagattt attcaagctt 120
ggcagtcact acctgaattt ggcatcactc acttcattgc aaggttccaa gggggcaaaa 180
aagaagaact tattggaatt gcatacaaca gactgattcg gatggatgcc agcactggag 240
atgcaattaa aacatggcgt ttcagcaaca tgaaacagtg gaatgtcaac tgggaaatca 300
aaatggtcac cgtagagttt gcagatgaag tacgattgtc cttcatttgt actgaagtag 360
attgcaaagt ggttcatgaa ttcattggtg gctacatatt tctctcaaca cgtgcaaaag 420
accaaaacga gagtttagat gaagagatgt tctacaaact taccagtggt tgggtgtgaa 480
tagaaatact gtttaatgaa actccacggc cataa 515

<210> 217
<211> 536
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (26)..(26)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (64)..(64)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (124)..(124)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 217
aaaatgctat tagtccgtcg tgcttnattt gtttttgtcc ttgaataagc atgttatgta 60
tatngtctcg tgtttttatt tttacaccat attgtattac acttttagta ttcaccagca 120
taancactgt ctgcctaaaa tatgcaactc tttgcattac aatatgaagt aaagttctat 180
gaagtatgca ttttgtgtaa ctaatgtaaa aacacaaatt ttataaaatt gtacagtttt 240
ttaaaaacta ctcacaacta gcagatggct taaatgtagc aatctctgcg ttaattaaat 300
gcctttaaga gatataatta acgtgcagtt ttaatatcta ctaaattaag aatgacttca 360
ttatgatcat gatttgccac aatgtcctta actctaatgc ctggactggc catgttctag 420
tctgttgcgc tgttacaatc tgtattggtg ctagtcagaa aattcctagc tcacatagcc 480
caaaagggtg cgagggagag gtggattacc agtattgttc aataatccat ggttca 536

<210> 218
<211> 514
<212> ADN
<213> humano

<400> 218
gaccagttct tcggagagca cctgttggag tctgatcttt tcccgacgtc tacttccctg 60
agtcccttct accttcggcc accctccttc ctgcgggcac ccagctggtt tgacactgga 120
ctctcagaga tgcgcctgga gaaggacagg ttctctgtca acctggatgt gaagcacttc 180
tccccagagg aactcaaagt taaggtgttg ggagatgtga ttgaggtgca tggaaaacat 240
gaagagcgcc aggatgaaca tggtttcatc tccagggagt tccacaggaa ataccggatc 300
ccagctgatg tagaccctct caccattact tcatccctgt catctgatgg ggtcctcact 360
gtgaatggac caaggaaaca ggtctctggc cctgagcgca ccattcccat cacccgtgaa 420
aagaagcctg ctgtcaccgc agcccccaag aaaaagatgc cctttcttga attgcatttt 480
ttaaaacaag aaagtttccc caccagtgaa tgaa 514

<210> 219
<211> 293
<212> ADN
<213> humano

<400> 219
tgaatcttcg ggtgtttccc tttagctaag cacagatcta ccttggtgat ttggaccctg 60
gttgctttgt gtctagtttt ctagaccctt catctcttac ttgatagact tactaataaa 120
atgtgaagac tagaccaatt gtcatgcttg acacaactgc tgtggctggt tggtgctttg 180
tttatggtag tagtttttct gtaacacaga atataggata agaaataaga ataaagtacc 240
ttgactttgt tcacagcatg tagggtgatg agcactcaca attgttgact aaa 293

<210> 220
<211> 398
<212> ADN
<213> humano

<400> 220
ctgtgtatcc ttcaaagacc cagcccctgc agcaccataa cctcctggtc tgttctgtga 60
gtggtttcta tccaggcagc attgaagtca ggtggttccg gaatggccag gaagagaaga 120
ctggggtggt gtccacaggc ctgatccaca atggagactg gaccttccag accctggtga 180
tgctggaaac agttcctcgg agtggagagg tttacacctg ccaagtggag cacccaagcg 240
tgacaagccc tctcacagtg gaatggagag cacggtctga atctgcacag agcaagatgc 300
tgagtggagt cgggggcttt gtgctgggcc tgctcttcct tggggccggg ctgttcatct 360
acttcaggaa tcagaaagga cactctggac ttcagcca 398

<210> 221
<211> 396
<212> ADN
<213> humano

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (148)..(149)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (151)..(154)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (156)..(156)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 221
agtcaaatgc caaacactag ctctgtatta atccccatca ttactggtaa agcctcattt 60
gaatgtgtga attcaataca ggctatgtaa aatttttact aatgtcatta ttttgaaaaa 120
ataaatttaa aaatacattc aaaattanna nnnnanacaa gcttaattgt taatattccc 180
taaacacaat tttatgaagg gagaagacat tggtttgttg acaataacag tacatctttt 240
caagttctca gctatttctt ctacctctcc ctatcttaca tttgagtatg gtaacttatg 300
tcatctatgt tgaatgtaag cttataaagc acaaagcata catttcctga ctggtctaga 360
gaactgatgt ttcaatttac ccctctgcta aataaa 396

<210> 222
<211> 396
<212> ADN
<213> humano

<400> 222
ggcaaactgc ttaatcttgt ggattttgta gatggtttca aatgactgaa ctgcattcag 60
atttacgagt gaaaggaaaa attgcattag ttggttgcat gaactttgaa gggcagatat 120
tactgcacaa actgccatct cgcttcattt ttttaactat gcatttgagt acagactaat 180
ttttaaaata tgctaaactg gaagattaaa cagatgtggc ccaaactgtt ctggatcagg 240
aaagtcatac tgttcacttt caagttggct gtccccccg ccgcccccc ccacccccat 300
atgtacagat gataataggg tgtggaatgt cgtcagtggc aaacatttca cagattattt 360
tgtttctgtc ttcaacattt ttgacactgt gctaat 396

<210> 223
<211> 479
<212> ADN
<213> humano

<400> 223
ctcctccatg agtctgacat ctcggaaact gagcagctgc cggacgcctg ggtcaggaat 60
ccaagacccc acctcttaag gactggttcc tcagaaagca ccctcaggga aaaaggtgaa 120
aacattacat ccgtggattc tcctgccaca accgcattgg aagaaaaggc tgccgcaaca 180
tctcagcgag gagtgaagga cccatgtccc aggaaccgcg ctgcgccacc tgcactcacc 240
cccctcacat tctcttaagc acccggtggc cctccgaggc ctggcggaat ggtggtgccc 300
acggggttgg gcaagggctc accaggacct caacgggcaa agttgtgcac actaaaatat 360
caaatcaagg tgcttggttt taaagtaaat gtttttctaa agaaagctgt gttcttctgt 420
tgacccagac gaatagggca cagccctgta actgcacgtg ccttctgtca ttgggaatg 479

<210> 224
<211> 259
<212> ADN
<213> humano

<400> 224
caccatcacg tgcctggtga cgggcttctc tcccgcggac gtcttcgtgc agtggatgca 60
gaggggcag cccttgtccc cggagaagta tgtgaccagc gccccaatgc ctgagcccca 120
ggccccaggc cggtacttcg cccacagcat cctgaccgtg tccgaagagg aatggaacac 180
gggggagacc tacacctgcg tggtggccca tgaggccctg cccaacaggg tcaccgagag 240
gaccgtggac aagtccacc 259

<210> 225
<211> 340
<212> ADN

<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (208)..(208)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (262)..(262)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 225
ttctttttta tattgtcctc cacctccatc attttcaata aaagataggg cttttgctcc 60
cttgttcttg gagggaccat tattacatct ctgaactacc tttgtatcca acatgtttta 120
aatccttaaa tgaattgctt tctcccaaaa aaagcacaat ataaagaaac acaagattta 180
attatttttc tacttggggg gaaaaaangt cctcatgtag aagcacccac ttttgcaatg 240
ttgttctaag ctatctatct anctctcagc ccatgataaa gttccttaag ctggtgattc 300
ctaatcaagg acaagccacc ctagtgtctc atgtttgtat 340

<210> 226
<211> 505
<212> ADN
<213> humano

<400> 226
ggaagcacaa tttccacctt atttttttgaa ctttggcagt ttcaatgtct gtctctgttg 60
cttcggggca taagctgatc accgtctagt tgggaaagta accctacagg gtttgtaggg 120
acatgatcag catcctgatt tgaaccctga aatgttgtgt agacaccctc ttgggtccaa 180
tgaggtagtt ggttgaagta gcaagatgtt ggcttttctg gatttttttt gccatgggtt 240
cttcactgac cttggacttt ggcatgattc ttagtcatac ttgaacttgt ctcattccac 300
ctcttctcag agcaactctt cctttgggaa aagagttctt cagatcatag accaaaaaag 360
tcataccttc gaggtggtag cagtagattc caggaggaga agggtacttg ctaggtatcc 420
tgggtcagtg gcggtgcaaa ctggtttcct cagctgcctg tccttctgtg tgcttatgtc 480
tcttgtgaca attgttttcc tccct 505

<210> 227
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 227
agagaaccca ccatggtgct gtctcctgcc gacaagacca acgtcaaggc cgcctggggt 60
aaggtcggcg cgcacgctgg cgagtatggt gcggaggccc tggagaggat gttcctgtcc 120
ttccccacca ccaagaccta cttcccgcac ttcgacctga gccacggctc tgcccaggtt 180
aagggccacg gcaagaaggt ggccgacgcg ctgaccaacg ccgtggcgca cgtggacgac 240
atgcccaacg cgctgtccgc cctgagcgac ctgcacgcgc acaagcttcg ggtggacccg 300
gtcaacttca agctcctaag ccactgcctg ctggtgaccc tggccgccca cctccccgcc 360
gagttcaccc ctgcggtgca cgcctccctg gacaagttcc tggcttctgt gagcaccgtg 420
ctgacctcca aataccgtta agctg 445

<210> 228
<211> 499
<212> ADN
<213> humano

<400> 228
tggaggaatt tcacaagcac ccgcccgtgc agtgggcctt ccaggagacc agtgtggaga 60
gcgccgtgga cacgcccttc ccagctggaa tatttgtgag gctggaattt aagctgcagc 120
agacaagctg ccggaagagg gactggaaga aacccgagtg caaagtcagg cccaatggga 180
ggaaacggaa atgcctggcc tgcatcaaac tgggctctga ggacaaagtt ctgggccggt 240
tggtccactg ccccatagag acccaagttc tgcgggaggc tgaggagcac caggagaccc 300
agtgcctcag ggtgcagcgg gctggtgagg acccccacag cttctacttc cctggacagt 360
tcgccttctc caaggccctg ccccgcagct aagccagcac tgagctgcgt ggtgcctcca 420
ggaccgctgc cggtggtaac cagtggaaga ccccagcccc cagggagagg accccgttct 480
atccccagcc atgataata 499

<210> 229

<211> 465
<212> ADN
<213> humano

<400> 229
tttgtcagga aaccttggcc tctgctaagg tgtatttggt ccttgagaag tgggagcacc 60

ctacagggac actatcactc atgctggtgg cattgtttac agctagaaag ctgcactggt 120
gctaatgccc cttggggaaa tggggctgtg aggaggagga ttataactta ggcctagcct 180
cttttaacag cctctgaaat ttatcttttc ttctatgggg tctataaatg tatcttataa 240
taaaaaggaa ggacaggagg aagacaggca aatgtacttc tcacccagtc ttctacacag 300
atggaatctc tttggggcta agagaaaggt tttattctat attgcttacc tgatctcatg 360
ttaggcctaa gaggctttct ccaggaggat tagcttggag ttctctatac tcaggtacct 420
ctttcagggt tttctaaccc tgacacggac tgtgcatact ttccc 465

<210> 230
<211> 526
<212> ADN
<213> humano

<400> 230
actggatgcg ttaataaccc atgttttacc ttttgaaaaa ataaatgaag gatttgacct 60
gcttcactct gggaaaagta tccgtaccgt cctgacgttt tgaggcaata gagatgcctt 120
cccctgtagc agtcttcagc ctcctctacc ctacaagatc tggagcaaca gctaggaaat 180
atcattaatt cagctcttca gagatgttat caataaatta cacatggggg ctttccaaag 240
aaatggaaat tgatgggaaa ttatttttca ggaaaattta aaattcaagt gagaagtaaa 300
taaagtgttg aacatcagct ggggaattga agccaacaaa ccttccttct taaccattct 360
actgtgtcac ctttgccatt gaggaaaaat attcctgtga cttcttgcat ttttggtatc 420
ttcataatct ttagtcatcg aatcccagtg gaggggaccc ttttacttgc cctgaacata 480
cacatgctgg gccattgtga ttgaagtctt ctaactctgt ctcagt 526

<210> 231
<211> 555
<212> ADN
<213> humano

<400> 231
gcagatttct tgcttcatat gacaaagcct caattactaa ttgtaaaaac tgaactattc 60
ccagaatcat gttcaaaaaa tctgtaattt ttgctgatcg aaagtgcttc attgactaaa 120
cagtattagt ttgtggctat aaatgattat ttagatgatg actgaaaatg tgtataaagt 180
aattaaaagt aatatggtgg ctttaagtgt agagatggga tggcaaatgc tgtgaatgca 240
gaatgtaaaa ttggtaacta agaaatggca caaacacctt aagcaatata ttttcctagt 300
agatatatat atacacatac atatatacac atatacaaat gtatattttt gcaaaattgt 360
tttcaatcta gaacttttct attaactacc atgtcttaaa atcaagtcta taatcctagc 420
attagtttaa tattttgaat atgtaaacac ctgtgttaat gctttgttaa tgcttttccc 480
actctcattt gttaatgctt tcccactctc gggaaggatt tgcattttga gctttatctc 540
taaatgtgac atgca 555

<210> 232
<211> 453
<212> ADN
<213> humano

<400> 232
ggatgccgct ctgtgacaaa tgtggcagtg gcatagtcgg tgctgtggtg aaggcgcggg 60
ataagtaccg gcaccctgag tgcttcgtgt gtgccgactg caacctcaac ctcaagcaaa 120
agggctactt cttcatagaa ggggagctgt actgcgaaac ccacgcaaga gcccgcacaa 180
aacccccaag aggctatgac acggtcactc tgtatcccaa agcttaagtc tctgcaggcg 240
tggcacacgc acgcacccac ccacgcgcac ttacacgaga agacattcat ggctttgggc 300
agaaggattg tgcagattgt caactccaaa tctaaagtca aggctttaga cctttatcct 360
attgtttatt gaggaaaagg aatgggaggc aaatgcctgc tatgtgaaaa aaacatacac 420
ttagctatgt tttgcaactc tttttggggc tag 453

<210> 233
<211> 396
<212> ADN
<213> humano

<400> 233
ttcctgaagc tcttcggctg acagcccgct cggctcgccc tctcccccgg aggccgcgcc 60
ctcccggaaa agccgggtcc tccagacccc gaggccttgc tctcagagcg ggaggcccca 120
cccactggag agccccgccc ctaaggtact atgagttctc aggggtcaag ttcagaaacg 180
gcccagccag acctaaaccc acacgcccac aaagtggatt gcacacagac aagaactccc 240
gtgcgggcct ccactctatt cccacccttg agggagcccc cttactgggg gagggtcctt 300

gcaattccag cgaatcggag gccaggccag gacgtccttg ctccctgcac cctcactgtt 360
ctgtgcactt tttctaccta cataaacaca cgcatt 396

<210> 234
<211> 501
<212> ADN
<213> humano

<400> 234
gcagggctag ttattccgat ttcttgcaca attatttagc tttttgtaag ttcaacatgt 60
aaattttaaa gacataaata tagagagact tatgtgtttg aatataaatg atatatatgg 120
attagcatgt acctgtatat tattaaacat gcaatgaact gactggtaag tgacgtctaa 180
ttgtatggct agcaatgtaa tttattcaga ctgtattttt gtacagagca gtgcactcta 240
acctatgcct ctgtgtcctc tttaatgcct aaagctgtgc ctagaaattt catctgtctt 300
aaaagtaaaa tatacttcat gctgtttatg ctattagttt ctgtactgct attctatatt 360
tattattttt aaatatatga catgtttact acttaaacat gaattcatgg tatcctggtt 420
atttttttta agtcatctgg gggaaaacct gtttatcact ccagtgattt tgagtttgca 480
gtttcacaat cagttcttca t 501

<210> 235
<211> 94
<212> ADN
<213> humano

<400> 235
caggcctttt ccactttgag ggaggtgctt cgaagaatgt tgcccacacc taagtgttag 60
aagcctatgt ccgttcatcc ctgagaggtc tgaa 94

<210> 236
<211> 508
<212> ADN
<213> humano

<400> 236
tggcggactc catgtttgtg atccctgcac tccaagtagc acattttcag tgttcccggg 60
cccctgtgta cttctacgag ttccagcatc agcccagctg gctcaagaac atcaggccac 120
cgcacatgaa ggcagaccat ggtgatgagc ttccttttgt tttcagaagt ttctttgggg 180
gcaactacat taaattcact gaggaagagg agcagctaag caggaagatg atgaagtact 240
gggccaactt tgcgagaaat gggaacccga atggcgaggg tctgccacac tggccgctgt 300
tcgaccagga ggagcaatac ctgcagctga acctacagcc tgcggtgggc cgggctctga 360
aggcccacag gctccagttc tggaagaagg cgctgcccca aaagatccag gagctcgagg 420
agcctgaaga gagacacaca gagctgtagc tccctgtgcc ggggaggagg gggtgggttc 480
gctgacaggc gagggtcagc ctgctgtg 508

<210> 237
<211> 475
<212> ADN
<213> humano

<400> 237
gagagctcgc tttgagtgac tgggttttgt gattgcctct gaagcctatg tatgccatgg 60
aggcactaac aaactctgag gtttccgaaa tcagaagcga aaaaatcagt gaataaacca 120
tcatcttgcc actacccccc cctgaagcca cagcagggtt tcaggttcca atcagaactg 180
ttggcaaggt gacatttcca tgcataaatg cgatccacag aaggtcctgg tggtatttgt 240
aacttttgc aaggcatttt tttatatata tttttgtgca catttttttt tacgtttctt 300
tagaaaacaa atgtatttca aaatatattt atagtcgaac aattcatata tttgaagtgg 360
agccatatga atgtcagtag tttatacttc tctattatct caaactactg gcaatttgta 420
aagaaatata tatgatatat aaatgtgatt gcagcttttc aatgttagcc acagt 475

<210> 238
<211> 491

<212> ADN
<213> humano

<400> 238
tgtggtttct gtagcaacac ttctcatgac catctgtttt gtgtttatga tgatttttc 60
aggtctgttg gtcaatctca caaccattgc atcttggctg tcatggcttc agtacttcag 120
cattccacga tatggattta cggctttgca gcataatgaa tttttgggac aaaacttctg 180

cccaggactc aatgcaacag gaaacaatcc ttgtaactat gcaacatgta ctggcgaaga 240
atatttggta aagcagggca tcgatctctc accctggggc ttgtggaaga atcacgtggc 300
cttggcttgt atgattgtta ttttcctcac aattgcctac ctgaaattgt tatttcttaa 360
aaaatattct taaatttccc cttaattcag tatgatttat cctcacataa aaaagaagca 420
ctttgattga agtattcaat caagtttttt tgttgttttc tgttcccttg ccatcacact 480
gttgcacagc a 491

<210> 239
<211> 400
<212> ADN
<213> humano

<400> 239
gaacacgcag agagtttccc tagatatact cctgcctcca ggtgctggga cacacctttg 60
caaaatgctg tgggaagcag gagctgggga gctgtgttaa gtcaaagtag aaaccctcca 120
gtgtttggtg ttgtgtagag aataggacat agggtaaaga ggccaagctg cctgtagtta 180
gtagagaaga atggatgtgg ttcttcttgt gtatttattt gtatcataaa cacttggaac 240
aacaaagacc ataagcatca tttagcagtt gtagccattt tctagttaac tcatgtaaac 300
aagtaagagt aacataacag tattaccctt tcactgttct cacaggacat gtacctaatt 360
atggtactta tttatgtagt cactgtattt ctggattttt 400

<210> 240
<211> 467
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (84)..(85)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (136)..(137)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 240
ctccagcccc agagctgaaa acaccaagtg cctatttgag ggtgtctgtc tggagactta 60
gagtttgtca tgtgtgtgtg tgtnnttggt taatgtgggt ttatgggttt tctttctttt 120
ttttttttt tttttnnagt ctacattagg gggaagtgag cgcctcccat gtgcagacag 180
tgtgtcttta tagatttttc taaggctttc cccaatgatg tcggtaattt ctgatgtttc 240
tgaagttccc aggactcaca cacccgttcc catctcactt gcccacccag tgtgacaacc 300
ctcggtgtgg atatacccca gtggactcat ggctcttccc caccccccact ttctataaat 360
gtaggcctag aatacgcttc tctgttgcaa aactcagcta agttcctgct tccaccttga 420
tgttgaaata tcttatgtaa gagggcaggg gatgtcgtga agatggc 467

<210> 241
<211> 352
<212> ADN
<213> humano

<400> 241
ggaatgacac ttacttacga cccaactaca gctgctatac agaacggatt ttatccttca 60
ccatacagta ttgctacaaa ccgaatgatc actcaaactt ctattacacc ctatattgca 120
tctcctgtat ctgcctacca ggtgcaaagt ccttcgtgga tgcaacctca accatatatt 180
ctacagcacc ctggtgccgt gttaactccc tcaatggagc acaccatgtc actacagccc 240
gcatcaatga tcagccctct ggcccagcag atgagtcatc tgtcactagg cagcaccgga 300
acatacatgc ctgcaacgtc agctatgcaa ggagcctact tgccacagta tg 352

<210> 242
<211> 520
<212> ADN
<213> humano

<400> 242
ggaacgaaac cagcgtccta ttccagcgcc tctacgggcc ccaggccctc ctcttctccc 60
tcttctggcc caccttcctg ctgaccggtg gcctcctcat tatcgccatg gtgaagagca 120

accagtacct gtccatcctg gcggcccaga agtagagcca tccatccatg ccataccact 180
tgtcagggca caggggactg gctgggcccc cagggctgct ccccacttgc agcacaatgc 240
cttctccacc tgccctccca ctcttccagt ccaatccacg ctgtcttctg ttgcaggact 300
aacctttgag aaatcctttt gtgaagtcat tgcctgctca agaatgtaca gtggctcccc 360
aatgccttgg agccataagg ccagccagtt ctagctctct attacctgtc cccactcaac 420
tgactcatac ctgtttccgg ctgcatcact atgtgcccca cagagaacga tgatcgtcac 480
ctctgtgcct gagttctccc tgttgtctca aagcggtacc 520

<210> 243
<211> 538
<212> ADN
<213> humano

<400> 243
ccggtcagca ggatcatcgt gcacccacag ttctacatca tccagactgg agcggatatc 60
gccctgctgg agctggagga gcccgtgaac atctccagcc gcgtccacac ggtcatgctg 120
ccccctgcct cggagacctt ccccccgggg atgccgtgct gggtcactgg ctggggcgat 180
gtggacaatg atgagccccc cccaccgcca tttcccctga agcaggtgaa ggtccccata 240
atggaaaacc acatttgtga cgcaaaatac caccttggcg cctacacggg agacgacgtc 300
cgcatcatcc gtgacgacat gctgtgtgcc gggaacaccc ggagggactc atgccagggc 360
gactctggag ggcccctggt gtgcaaggtg aatggcacct ggctacaggc gggcgtggtc 420
agctgggacg agggctgtgc ccagcccaac cggcctggca tctacacccg tgtcacctac 480
tacttggact ggatccacca ctatgtcccc aaaaagccgt gagtcaggcc tggggtgt 538

<210> 244
<211> 489
<212> ADN
<213> humano

<400> 244
ggccaaatca ccgacctgaa ggcggaaatt cacgggggca gtctcattaa tctgacttgg 60
acagctcctg gggatgatta tgaccatgga acagctcaca agtatatcat tcgaataagt 120
acaagtattc ttgatctcag agacaagttc aatgaatctc ttcaagtgaa tactactgct 180
ctcatcccaa aggaagccaa ctctgaggaa gtctttttgt ttaaaccaga aaacattact 240
tttgaaaatg gcacagatct tttcattgct attcaggctg ttgataaggt cgatctgaaa 300
tcagaaatat ccaacattgc acgagtatct ttgtttattc ctccacagac tccgccagag 360
acacctagtc ctgatgaaac gtctgctcct tgtcctaata ttcatatcaa cagcaccatt 420
cctggcattc acattttaaa aattatgtgg aagtggatag gagaactgca gctgtcaata 480
gcctagggc 489

<210> 245
<211> 461
<212> ADN
<213> humano

<400> 245
acccttcag cgactagaga gctacaggag aatcaccagt ggcaaatgtc cccagaaagc 60
tgtgatcttc aagaccaaac tggccaagga tatctgtgcc gaccccaaga agaagtgggt 120
gcaggattcc atgaagtatc tggaccaaaa atctccaact ccaaagccat aaataatcac 180
catttttgaa accaaaccag agcctgagtg ttgcctaatt tgttttccct tcttacaatg 240
cattctgagg taacctcatt atcagtccaa agggcatggg ttttattata tatatatata 300
ttttttttt aaaaaaaaac gtattgcatt taatttattg aggctttaaa acttatcctc 360
catgaatatc agttatttt aaactgtaaa gctttgtgca gattctttac cccctgggag 420
ccccaattcg atcccctgtc acgtgtgggc aatgttcccc c 461

<210> 246
<211> 534
<212> ADN
<213> humano

<400> 246
tgtgaagctt tacgcgcaca cggacaaaat gcccaaactg gagcccttgc aaaaacacgg 60
cttgtggcat tggcatactt gcccttacag gtggagtatc ttcgtcacac atctaaatga 120
gaaatcagtg acaacaagtc tttgaaatgg tgctatggat ttaccattcc ttattatcac 180
taatcatcta aacaactcac tggaaatcca attaacaatt ttacaacata agatagaatg 240
gagacctgaa taattctgtg taatataaat ggtttataac tgcttttgta cctagctagg 300
ctgctattat tactataatg agtaaatcat aaagccttca tcactcccac atttttctta 360

cggtcggagc atcagaacaa gcgtctagac tccttgggac cgtgagttcc tagagcttgg 420
ctgggtctag gctgttctgt gcctccaagg actgtctggc aatgacttgt attggccacc 480
aactgtagat gtatatatgg tgcccttctg atgctaagac tccagacctt ttgt 534

<210> 247
<211> 560
<212> ADN
<213> humano

<400> 247
tctactgcgt gacttgccat gagaccaagt ttgccaagca ttgcgtgaag tgcaacaagg 60
ccatcacatc tggaggaatc acttaccagg atcagccctg gcatgccgat tgctttgtgt 120
gtgttacctg ctctaagaag ctggctgggc agcgtttcac cgctgtggag gaccagtatt 180
actgcgtgga ttgctacaag aactttgtgg ccaagaagtg tgctggatgc aagaacccca 240
tcactgggaa aaggactgtg tcaagagtga gccgcccagt ctctaaagct aggaagcccc 300
cagtgtgcca cgggaaacgc ttgcctctca ccctgtttcc cagcgccaac ctccggggca 360
ggcatccggg tggagagagg acttgtccct cgtgggtggt ggttctttat agaaaaaatc 420
gaagcttagc agctcctcgt ggcccgggtt tggtaaaggc tccagtgtgg tggcctatga 480
aggacaatcc tggcacgact actgcttcca ctgcaaaaaa tgctccgtga atctggccaa 540
caagcgcttt gttttccacc 560

<210> 248
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 248
gcataggaga taaaaccccc actgagatgc tctcatgcct cagctggacc caccgtgtag 60
acacacgaca tgcaagagtt gcagcggctg ctccaactca ctgctcaccc tctctgtgag 120
cagaaagaac cctactgaca tgcatggtta acttcctcat cagaactctg cccttccctt 180
ctgttctttt gtgctttcaa ataactaaca cgaacttcca gaaaattaac atttgaactt 240
agctgtaatt ctaaactgac ctttccccgt actaacgttt ggtttccccg tgtggcatgc 300
ttttctgagc cttcctactt taaagcatgg aacatgcagg tgatttggga agtgtagaaa 360
gacctgagaa aacgagcctg tttcagagga acatcgtcac aacgaatact tctggaagct 420
taacaaaact aaccctgctg tcctt 445

<210> 249
<211> 185
<212> ADN
<213> humano

<400> 249
atttcgtttt gcttttggtt gcctgaatgt tgtcaccaag tgaaaaaatt atttaactat 60
atgtaaaatt tctcttttaa aaaaaagttt tactgatgtt aaacgttctc agtgccaatg 120
tcagactgtg ctcctccctc tcctgaacct ctaccctcac cctgagctgt cttgttgaaa 180
acagt 185

<210> 250
<211> 551
<212> ADN
<213> humano

<400> 250

agcccttgc tctggaggaa gttctccagc ttcagctcaa ctcacagctt ctccaagcat 60
caccctggga gtttcctgag ggttttctca taaatgaggg ctgcacattg cctgttctgc 120
ttcgaagtat tcaataccgc tcagtatttt aaatgaagtg attctaagat ttggtttggg 180
atcaatagga aagcatatgc agccaaccaa gatgcaaatg ttttgaaatg atatgaccaa 240
aattttaagt aggaaagtca cccaaacact tctgctttca cttaagtgtc tggcccgcaa 300
tactgtagga acaagcatga tcttgttact gtgatatttt aaatatccac agtactcact 360
ttttccaaat gatcctagta attgcctaga aatatctttc tcttacctgt tatttatcaa 420
tttttcccag tatttttata cggaaaaaat tgtattgaaa acacttagta tgcagttgat 480
aagaggaatt tggtataatt atggtgggtg attatttttt atactgtatg tgccaaagct 540
ttactactgt g 551

<210> 251
<211> 518
<212> ADN
<213> humano

<400> 251
gtgccatagt gcaggcttgg ggagctttaa gcctcagtta tataacccac gaaaaacaga 60
gcctcctaga tgtaacattc ctgatcaagg tacaattctt taaaattcac taatgattga 120
ggtccatatt tagtggtact ctgaaattgg tcactttcct attacacgga gtgtgctaaa 180
actaaaaagc attttgaaac atacagaatg ttctattgtc attgggaaat ttttctttct 240
aacccagtgg aggttagaaa gaagttatat tctggtagca aattaacttt acatcctttt 300
tcctacttgt tatggttgtt tggaccgata agtgtgctta atcctgaggc aaagtagtga 360
atatgtttta tatgttatga agaaaagaat tgttgtaagt ttttgattct actcttatat 420
gctggactgc attcacacat ggcatgaaat aagtcaggtt ctttacaaat ggtattttga 480
tagatactgg attgtgtttg tgccatattt gtgccatt 518

<210> 252
<211> 419
<212> ADN
<213> humano

<400> 252
gtcaggactg ttatggccct gttgtgctga gttagttgga acagaattca agctccctgc 60
actagtccac ctgccccact gcttcttcgc ttctctcttg gaaagtccag tctctcctcg 120
gcttgcaatg gaccccaact gctcctgcgc cgctggtgtc tcctgcacct gcgctggttc 180
ctgcaagtgc aaagagtgca aatgcacctc ctgcaagaag agctgctgct cctgctgccc 240
cgtgggctgt agcaagtgtg cccagggctg tgtttgcaaa ggggcgtcag agaagtgcag 300
ctgctgcgac tgatgccagg acaacctttc tcccagatgt aaacagagag acatgtacaa 360
acctggattt ttttttttata ccaccttgac ccatttgcta cattcctttt cctgtgaaa 419

<210> 253
<211> 506
<212> ADN
<213> humano

<400> 253
caggaaggac cttgctttgg accctacaca cttcggctct ctggacactt gcgacacctc 60
aaggtgttct ctgtagctca atctgcaaac atgccaggcc tcagggatcc tctgctgggt 120
gcctccttgc cttgggacca tggccacccc agagccatcc gatcgatgga tgggatgcac 180
tctcagacca agcagcagga attcaaagct gcttgctgta actgtgtgag attgtgaagt 240
ggtctgaatt ctggaatcac aaaccaagcc atgctggtgg gccattaatg gttggaaaac 300
actttcatcc ggggctttgc cagagcgtgc tttcaagtgt cctggaaagt ctgctgcttc 360
tccaagcttt cagacaagaa tgtgcactct ctgcttaggt tttgcttggg aaactcaact 420
tctttcctct ggagacgggg catctccctc tgatttcctt ctgctatgac aaaaccttta 480
atctgcacct tacaactcgg ggacaa 506

<210> 254
<211> 565
<212> ADN
<213> humano

<400> 254

ttaccaatga caaccctgag tgccgccttg tgaaagaaac ccggatttgt gaggtgcggc 60
cttgtggaca gccagtgtac agcagcctga aaaagggcaa gaaatgcagc aagaccaaga 120
aatcccccga accagtcagg tttacttacg ctggatgttt gagtgtgaag aaataccggc 180
ccaagtactg cggttcctgc gtggacggcc gatgctgcac gccccagctg accaggacat 240
gtgaagatgc ggttccgctg cgaagatggg gagacatttt ccaagaacgt catgatgatc 300
cagtcctcaa atgcaactac aactgcccgc atgccaatga agcagcgttt cccttctaca 360
ggctgttcaa tgacattcac aaatttaggg actaaatgct acctgggttt ccagggcaca 420
cctagacaaa caagggagaa gagtgtcaga atcagaatca tggagaaaat gggcgggggt 480
ggtgtgggtg atgggactca ttgtagaaag gaagccttgc tcattcttga ggagcattaa 540
ggtatttcga aactgccaag ggtgc 565

<210> 255
<211> 413
<212> ADN
<213> humano

<400> 255
aaattgtgga gttagcctcc tgtggagtta gcctcctgtg gtaaaggaat tgaagaaaat 60
ataacacctt acacccttttt tcatcttgac attaaaagtt ctggctaact ttggaatcca 120

ttagagaaaa atccttgtca ccagattcat tacaattcaa atcgaagagt tgtgaactgt 180
tatcccattg aaaagaccga gccttgtatg tatgttatgg atacataaaa tgcacgcaag 240
ccattatctc tccatgggaa gctaagttat aaaaataggt gcttggtgta caaaactttt 300
tatatcaaaa ggctttgcac atttctatat gagtgggttt actggtaaat tatgttattt 360
tttacaacta attttgtact ctcagaatgt ttgtcatatg cttcttgcaa tgc 413

<210> 256
<211> 253
<212> ADN
<213> humano

<400> 256
aaggcaagag gatgcatctt tcttcctggt gtacaagcct ttaaagactt ctgctgctga 60
tatgcctctt ggatgcacac tttgtgtgta catagttacc tttaactcag tggttatcta 120
atagctctaa actcattaaa aaaactccaa gccttccacc aaaacagtgc cccacctgta 180
tacattttta ttaaaaaaat gtaatgctta tgtataaaca tgtatgtaat atgctttcta 240
tgaatgatgt ttg 253

<210> 257
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 257
gaaggagacg gtctggcggc ttgaagaatt tggacgattt gccagctttg aggctcaagg 60
tgcattggcc aacatagctg tggacaaagc caacttggaa atcatgacaa agcgctccaa 120
ctatactccg atcaccaatg acaagttcac cccaccagtg gtcaatgtca cgtggcttcg 180
aaatggaaaa cctgtcacca caggagtgtc agagacagtc ttcctgccca gggaagacca 240
ccttttccgc aagttccact atctcccctt cctgccctca actgaggacg tttacgactg 300
cagggtggag cactggggct tggatgagcc tcttctcaag cactgggagt ttgatgctcc 360
aagccctctc ccagagacta cagagaacgt ggtgtgtgcc ctgggcctga ctgtgggtct 420
ggtgggcatc attattggga ccatc 445

<210> 258
<211> 370
<212> ADN
<213> humano

<400> 258
aatattggat atcaactgct tgtaaaggtg ctcctccttt ttcttgtcat tgctggtcaa 60
gattactaat atttgggaag gctttaaaga cgcatgttat ggtgctaatg tactttcact 120
tttaaactct agatcagaat tgttgacttg cattcagaac ataaatgcac aaaatctgta 180
catgtctccc atcagaaaga ttcattggca tgccacaggg gattctcctc cttcatcctg 240
taaaggtcaa caataaaaac caaattatgg ggctgctttt gtcacactag catagagaat 300
gtgttgaaat ttaactttgt aagcttgtat gtggttgttg atctttttt tccttacaga 360
cacccataat 370

<210> 259

<211> 449
<212> ADN
<213> humano

<400> 259
atctcatacc cgcaaatttt aaccttgtca acctctgggg tattagtatg ccctgacctg 60
agtgaattca cccgtgacaa aactgacgtg aagattcaat ggtacaagga ttctcttctt 120
ttggataaag acaatgagaa atttctaagt gtgaggggga ccactcactt actcgtacac 180
gatgtggccc tggaagatgc tggctattac cgctgtgtcc tgacatttgc ccatgaaggc 240
cagcaataca acatcactag gagtattgag ctacgcatca agaaaaaaaa agaagagacc 300
attcctgtga tcatttcccc cctcaagacc atatcagctt ctctggggtc aagactgaca 360
atcccgtgta aggtgtttct gggaaccggc acacccttaa ccaccatgct gtggtggacg 420
gccaatgaca cccacataga gagcgccta 449

<210> 260
<211> 435
<212> ADN
<213> humano

<400> 260
agctcgaaag agtttgcaac cccatcatca gcaaacttta ccaaggtggt cctggcggcg 60
gcagcggcgg cggcggttca ggagcctccg ggggacccac catcgaagaa gtggactaag 120
cttgcactca agtcagcgta aacctctttg cctttctctc tctctctttt tttttgtttg 180
tttctttgaa atgtccttgt gccaagtacg agatctattg ttggaagtct ttggtatatg 240
caaatgaaag gagaggtgca acaacttagt ttaattataa aagttccaaa gtttgttttt 300
taaaaacatt attcgaggtt tctctttaat gcattttgcg tgtttgctga cttgagcatt 360
tttgattagt tcgtgcatgg agatttgttt gagatgagaa accttaagtt tgcacacctg 420
ttctgtagaa gcttg 435

<210> 261
<211> 476
<212> ADN
<213> humano

<400> 261
gctttttttg ttgtcagcta tcttaagaat cattaaatac acctgctttg ggtaaaactc 60
tttgcaagca gtaattaaca ctagtaacag tgaaagcaca agatttccaa atcagtcgtt 120
ttctcaaaaa aatatcgtat aagtgactca tcctgtctgc taactccaga cctcccagct 180
tgaagccaaa tctttccatg tgagattgat atggatttcc tagaagtact ggaatgttgt 240
catatcttgc cctattttaa ttctgctata gaaaacaatt gccttcactt ttaaggagta 300
atttgaatat taataactct ggtctagatt ttcatataat gtattaaaga caaagtagtg 360
aacatcaatg aacatctgat agagataaac tgtaatcagg cataagcttg tttgtatgtt 420
ctggcagtga ctaatcagta aatgatgtcg gtttgcccag tatcacttat cttctg 476

<210> 262
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<400> 262
cgtgaacggc aaagtggcgc tggtgaccgg cgcggctcag ggcataggca gagcctttgc 60
agaggcgctg ctgcttaagg gcgccaaggt agcgctggtg gattggaatc ttgaagcagg 120
tgtacagtgt aaagctgccc tggatgagca atttgaacct cagaagactc tgttcatcca 180
gtgcgatgtg gctgaccagc aacaactgag agacactttt agaaaagttg tagaccactt 240
tggaagactg gacattttgg tcaataatgc tggagtgaat aatgagaaaa actgggaaaa 300
aactctgcaa attaatttgg tttctgttat cagtggaacc tatcttggtt tggattacat 360
gagtaagcaa aatggaggtg aaggcggcat cattatcaat atgtcatctt tagcagccca 420
ccattgattg ccaatggatt gataacactc attgaagatg atgctttaaa tggtgctatt 480
atgaagatca caacttctaa gggaattcat tttcaagact atgatacaac tccatttcaa 540
g 541

<210> 263
<211> 421
<212> ADN
<213> humano

<400> 263

gagtattaca ttggccttgg gggacagaaa ggaggaagtt ctgactttc agggctacct 60
tatttctact aaggacccag agcaggcctg tccatgccat tccttcgcac agatgaaact 120
gagctgggac tggaaaggac agcccttgac ctgggttctg ggtataattt gcacttttga 180
gactggtagc taaccatctt atgagtgcca atgtgtcatt tagtaaaact taaatagaaa 240
caaggtcctt caaatgttcc tttggccaaa agctgaaggg agttactgag aaaatagtta 300
acaattactg tcaggtgtca tcactgttca aaaggtaagc acatttagaa ttttgttctt 360
gacagttaac tgactaatct tacttccaca aaatatgtga atttgctgct tctgagaggc 420
a 421

<210> 264
<211> 281
<212> ADN
<213> humano

<400> 264
ggactggtga agccttcgga gaccctgtcc ctcacctgca gtgtctctgg tggctccatc 60
agtagttact actggagctg gatccggcag cccccaggga agggactgga gtggattggg 120
tatatcaatt acagtgggag caccaactat aacccctccc tcaagagtcg agtcaccata 180
tcagtagaca cgtccaagaa ccagttctcc ctgaagctga gctctgtgac cgctgcggac 240
acggccgtgt attactgtgc gagaacgatt tcgggggggtc g 281

<210> 265
<211> 293
<212> ADN
<213> humano

<400> 265
aatagtgatg acgcagcttc cagccaccct gtctgtgtct ccaggggaaa gagccaccct 60
ctcctgcagg gccagtcaga gtgttcgcag caacttagcc tggtaccagc aaaaacctgg 120
ccaggctccc aggctcctca tctacggtgc atccaccagg gccaatggta tcccagccag 180
gttcagtggc agtgggtctg ggacagagtt cactctcacc atcagcggcc tgcagtctga 240
cgattttgca gtttattact gtcaacacta taataactgg cctccgtgga cgt 293

<210> 266
<211> 284
<212> ADN
<213> humano

<400> 266
aattgtgttg acgcagtctc caggcaccct gtctttgtct ccaggggaaa gagccaccct 60
ctcctgcagg gccagtcaga gtattagcag cagtttctta gcctggtacc agcagaaagt 120
tggccaggct cccaggctcc tcatctatgg tgcatccagc agggccactg gcatcccaga 180
caggttcagt ggcagtgggt ctgggacaga cttcactctc accatcagca gactggagcc 240
tgaagatttt gcagtgtatt actgtcagca atatggtagc tcgc 284

<210> 267
<211> 263
<212> ADN
<213> humano

<400> 267
tcctccctgt ctgcatctgt aggagacaga gtcaccatca cttgccgggc aagtcagggc 60
attagaaatg atttagcctg gtatcagcag aaaccaggga aagcccctaa gcgcctgatc 120
tatgctgcat ccagtttgca aagtggggtc ccatcaaggt tcagcggcag tggatctggg 180
acagaattca ctctcacaat cagcagcctg cagcctgaag attttgcaac ttattactgt 240
ctacagcata atagttaccc ttg 263

<210> 268
<211> 458
<212> ADN
<213> humano

<400> 268

gcagttgagt cgtcatcact tttcagtgat gggagagtag atggtgaaat ttattagtta 60
atatatccca gaaattagaa accttaatat gtggacgtaa tctccacagt caaagaagga 120
tggcacctaa accaccagtg cccaaagtct gtgtgatgaa ctttctcttc atacttttt 180
tcacagttgg ctggatgaaa ttttctagac tttctgttgg tgtatccccc ccctgtatag 240
ttaggatagc atttttgatt tatgcatgga aacctgaaaa aaagtttaca agtgtatatc 300
agaaaaggga agttgtgcct tttatagcta ttactgtctg gttttaacaa tttcctttat 360
atttagtgaa ctacgcttgc tcatttttc ttacataatt ttttattcaa gttattgtac 420
agctgtttaa gatgggcagc tagttcgtag ctttccca 458

<210> 269
<211> 494
<212> ADN
<213> humano

<400> 269
tgaggagaag tctgccgtta ctgccctgtg gggcaaggtg aacgtggatg aagttggtgg 60
tgaggccctg ggcaggctgc tggtggtcta cccttggacc cagaggttct ttgagtcctt 120
tggggatctg tccactcctg atgctgttat gggcaaccct aaggtgaagg ctcatggcaa 180
gaaagtgctc ggtgccttta gtgatggcct ggctcacctg gacaacctca agggcacctt 240
tgccacactg agtgagctgc actgtgacaa gctgcacgtg gatcctgaga acttcaggct 300
cctgggcaac gtgctggtct gtgtgccggc ccatcacttt ggcaaagaat tcacccaacc 360
agtgcaggct gcctatcaga aagtggtggc tggtgtggct aatgccctgg cccacaagta 420
tcactaagct cgctttcttg ctgtccaatt tctattaaag gttcctttgt tccctaagtc 480
caactactaa actg 494

<210> 270
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 270
agagaaccca ccatggtgct gtctcctgac gacaagacca acgtcaaggc cgcctggggt 60
aaggtcggcg cgcacgctgg cgagtatggt gcggaggccc tggagaggat gttcctgtcc 120
ttccccacca ccaagaccta cttcccgcac ttcgacctga gccacggctc tgcccaggtt 180
aagggccacg gcaagaaggt ggccgacgcg ctgaccaacg ccgtggcgca cgtggacgac 240
atgcccaacg cgctgtccgc cctgagcgac ctgcacgcgc acaagcttcg ggtggacccg 300
gtcaacttca agctcctaag ccactgcctg ctggtgaccc tggccgccca cctccccgcc 360
gagttcaccc ctgcggtgca cgcctccctg gacaagttcc tggcttctgt gagcaccgtg 420
ctgacctcca aataccgtta agctg 445

<210> 271
<211> 485
<212> ADN
<213> humano

<400> 271
gggagtttcc tgagggtttt ctcataaatg agggctgcac attgcctgtt ctgcttcgaa 60
gtattcaata ccgctcagta ttttaaatga agtgattcta agatttggtt tgggatcaat 120
aggaaagcat atgcagccaa ccaagatgca aatgattttga aatgatatga ccaaaatttt 180
aagtaggaaa gtcacccaaa cacttctgct ttcacttaag tgtctggccc gcaatactgt 240
aggaacaagc atgatcttgt tactgtgata ttttaaatat ccacagtact cacttttcc 300
aaatgatcct agtaattgcc tagaaatatc tttctcttac ctgttattta tcaatttttc 360
ccagtatttt tatacggaaa aaattgtatt gaaaacactt agtatgcagt tgataagagg 420
aatttggtat aattatggtg ggtgattatt ttttatactg tatgtgccaa agctttacta 480
ctgtg 485

<210> 272
<211> 435
<212> ADN
<213> humano

<400> 272

tcctgccgac aagaccaacg tcaaggccgc ctggggtaag gtcggcgcgc acgctggcga 60
gtatggtgcg gaggccctgg agaggatgtt cctgtccttc cccaccacca agacctactt 120
cccgcacttc gacctgagcc acggctctgc ccaggttaag ggccacggca agaaggtggc 180
cgacgcgctg accaacgccg tggcgcacgt ggacgacatg cccaacgcgc tgtccgccct 240
gagcgacctg cacgcgcaca agcttcgggt ggacccggtc aacttcaagc tcctaagcca 300
ctgcctgctg gtgaccctgg ccgcccacct ccccgccgag ttcacccctg cggtgcacgc 360
ctccctggac aagttcctgg cttctgtgag caccgtgctg acctccaaat accgttaagc 420
tggagcctcg gtggc 435

<210> 273
<211> 583
<212> ADN
<213> humano

<400> 273
tacgcagact ccgtgaaggg ccgattcacc atctccagag acaattccaa gaacacgctg 60
tatcttcaaa tgaacagcct gagagccgag gacacggccg tattactgtg caagagagac 120
ttgtgtgatt ggggccaagg taccctggtc accgtgtcga gaggtggcgg tggctcgggc 180
ggtggtgggt cgggtggcgg cggatcttct gagctgactc aggaccctgc tgtgtctgtg 240
gccttgggac agacagtcag gatcacatgc caaggagaca gcctcagaag ctattatgca 300
agctggtacc agcagaagcc aggacaggcc cctgtacttg tcatctatgg taaaaacaac 360
cggccctcag ggatcccaga ccgattctct ggctccagct caggaaacac agcttccttg 420
accatcactg gggctcaggc ggaagatgag gctgactatt actgtaactc ccgggacagc 480
agtggtaacc atgtggtatt cggcggaggg accaagctga ccgtcctagg tgcggccgca 540
gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg aatggggccg cat 583

<210> 274
<211> 484
<212> ADN
<213> humano

<400> 274
ttgcacaagt ttcctgggct ggaccgtttc aacagagagg cttatttgac tttatgctag 60
aagatgaggc ttctgggata ggcccagaag ttcctgatga ccgcgacttc gagccctccc 120
taggcccagt gtgccccttc cgctgtcaat gccatcttcg agtggtccag tgttctgatt 180
tgggtctgga caaagtgcca aaggatcttc cccctgacac aactctgcta gacctgcaaa 240
acaacaaaat aaccgaaatc aaagatggag actttaagaa cctgaagaac cttcacgttg 300
tctaccttca taacaacaat atctctgtag ttggatcaag tgacttctgc ccacctggac 360
acaacaccaa aaaggcttct tattcgggtg tgagtctttt cagcaacccg gtccagtact 420
gggagataca gccatccacc ttcagatgtg tctacgtgcg ctctgccatt caactcggaa 480
acta 484

<210> 275
<211> 502
<212> ADN
<213> humano

<400> 275
tgtccataca gagtgtgcat tccctggcag gggctcctgc tcacagcctc gcttttaacc 60
ttctggaacc tgccaaacag tgcccagacc aatattgatg gtgtgccgtt caatgtcgca 120
gaagggaagg aggtccttct agtagtccat aatgagtccc agaatcttta tggctacaac 180
tggtacaaag ggcaaagggt gcatgccaac tatcgaatta taggatatgt aaaaaatata 240
agtcaagaaa atgccccagg gcccgcacac aacggtcgag agacaatata ccccaatgga 300
accctgctga tccagaacgt cacccacaat gacgcaggaa tctataccct acacgttata 360
aaagaaaatc ttgtgaatga agaagtaacc agacaattct acgtattcta tgagtcagta 420
caagcaagtt cacctgacct ctcagctggg accgctgtca gcatcatgat tggagtactg 480
gctgggatgg ctctgatata gc 502

<210> 276
<211> 510
<212> ADN
<213> humano

<400> 276

tgcacagtac tcctggctta tcaatggaac attccagcaa agcacacaag agctctttat 60
ccctaacatc actgtgaata atagtggatc ctatacctgc cacgccaata actcagtcac 120
tggctgcaac aggaccacag tcaagacgat catagtcact gagagacaga atctcaccat 180
gttgcccggg ctggactcga actcctgggc tcaagcaatc ctcccatctg tttcccaaag 240
tgctgagatt acagataatg ctctaccaca agaaaatggc ctctcacctg gggccattgc 300
tggcattgtg attggagtag tggccctggt tgctctgata gcagtagccc tggcatgttt 360
tctgcatttc gggaagaccg gcagggcaag cgaccagcgt gatctcacag agcacaaacc 420
ctcagtgtcc aaccacactc aggaccactc caatgaccca cctaacaaga tgaatgaagt 480
tacttattct accctgaact ttgaagccca 510

<210> 277
<211> 244
<212> ADN
<213> humano

<400> 277
tcctccttcc cttacggaat tacatcttga tggcaacaaa atcagcagag ttgatgcagc 60
tagcctgaaa ggactgaata atttggctaa gttgggattg agtttcaaca gcatctctgc 120
tgttgacaat ggctctctgg ccaacacgcc tcatctgagg gagcttcact tggacaacaa 180
caagcttacc agagtacctg gtgggctggc agagcataag tacatccagg ttgtctacct 240
tcat 244

<210> 278
<211> 198
<212> ADN
<213> humano

<400> 278
tcacaccgta gcccacatgg atagcacagt tgtcagacaa gattccttca gattccgagt 60
tgcctaccgg ttgttttcgt tgttgttgtt gttgtttttc ttttctcttt ttttttgaa 120
gacagcaata accacagtac atattactgt agttctctat agttttacat acattcatac 180
cataactctg ttctctcc 198

<210> 279
<211> 430
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (42)..(42)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (93)..(94)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (107)..(107)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (121)..(121)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (125)..(125)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (144)..(144)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (155)..(155)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (163)..(163)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (167)..(167)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (174)..(174)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (184)..(184)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (188)..(188)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (193)..(193)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (199)..(199)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (254)..(254)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (270)..(270)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (361)..(361)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (364)..(364)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (377)..(377)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 279
cactttccaa tgccacagac aactcacatt gttcaactcc cnttctcggg gtgggacaga 60
cgagacaaca gcacacaggc agccagccgt ggnnccagag gctcganggg gctcaggggc 120
ntcanggcac ccgtccccac acgnagggcc ccgtngggtg ggncctnggc cctngctttc 180
tacngccnaa tgnttatgnc cagctccatg ttctcccaaa taccgttgat gtgaattatt 240
ttaaaggcaa aacngtgctc tttattttan aaaacactga taatcacact gcggtaggtc 300
attcttttgc cacatcccta tagaccactg ggtttggcaa aactcaggca gaagtggaga 360
nccnttctag acatcantgt cagccttgct acttgaaggt acaccccata gggtcggagg 420
tgctgtcccc 430

<210> 280
<211> 135
<212> ADN
<213> humano

<400> 280
gaggcaaatg gatctcgata tttcagatgg gcttttgatg cactgttgcc aaggaaggct 60
ttttctgatt ttttgacaaa tgaatttttg cacactttca ttggtgtctt tcggcaactt 120
acacacattg aaaat 135

<210> 281
<211> 260
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (45)..(45)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (48)..(48)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 281
gaggacttag gagagatctg aactccagct gccctacaaa ctccntcnca gcttttcttc 60
tcacttcatg tgaaaactac tccagtggct gactgaattg ctgacccttc aagctctgtc 120
cttatccatt acctcaaagc agtcattcct tagtaaagtt tccaacaaat agaaattaat 180
gacactttgg tagcactaat atggagatta tcctttcatt gagcctttta tcctctgttc 240
tcctttgaag aacccctcac 260

<210> 282
<211> 131
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (85)..(85)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 282
gcactgggag gcccaagagc caatccagat gcctgagaca acggagactg tgctctgtgc 60
cctgggcctg gtgctgggcc tagtnggcat catcgtgggc accgtcctca tcataaagtc 120
tctgcgttct g 131

<210> 283
<211> 466
<212> ADN
<213> humano

<400> 283

tgcagaagtc aaaccctcat gacaaagtag gcacaagtct acaataagct aaatcagaat 60
ttacaaatac aagtgtccca ggtagcattg actcccgtca ttggagtgaa atggatcaaa 120
gtttgaatta aggcctatgg taaggtaaca ttgctttgtt gtacttttga acaagagctc 180
ctcctgatca ctattacata tttttctaga aaatctaaag ttcagaagag aatgtatcac 240
tgctgacttt tattccaata tttggatgga gtaagtttta gggtagaatt ttgttcagtt 300
tggatttaat cttttgaaaa gtaaattcct tgtttactgg tttgactata attctctgtt 360
atctttacga ggtaaaactg caagctgact agcatgttct gtgaatctgc cattcctaaa 420
aattttataa acacttgata cttttcactg ataatggatc gctcca 466

<210> 284
<211> 496
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (304)..(304)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (307)..(307)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 284
tcacagcggg caggacggac cccgcccacg acgtgcgggt ggcggtggtg cagtacagcg 60
gcacgggcca gcagcgccca gagcgggcgt cgctgcagtt cctgcagaac tacacggccc 120
tggccagtgc cgtcgatgcc atggacttta tcaacgacgc caccgacgtc aacgatgccc 180
tgggctatgt gacccgcttc taccgcgagg cctcgtccgg cgctgccaag aagaggctgc 240
tgctcttctc agatggcaac tcgcagggcg ccacgcccgc tgccatcgag aaggccgtgc 300
aggnagncca gcgggcaggc atcgagatct tcgtggtggt cgtgggccgc caggtgaatg 360
agccccacat ccgcgtcctg gtcaccggca agacggccga gtacgacgtg gcctacggcg 420
agagccacct gttccgtgtc cccagctacc aggccctgct ccgcggtgtc ttccaccaga 480
cagtctccag gaaggt 496

<210> 285
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (54)..(54)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (91)..(91)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (99) .. (99)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (106)..(106)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (110)..(110)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea

<222> (136)..(136)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (151)..(151)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 285
gaatttcacc tgtaaacctg agtcgtacag aaagctgcct ggtatatcca aaangctttt 60
tattcctcct gctcatattg tgattctgcc ntttggggna cttttncttn aaaccttcag 120
ttatgatttt tttttncata cacttattgg naactctgct tgatttttgc ctcttccagt 180
cttcctgaca ctttaattac caacctgtta cctactttga ctttttgcat ttaaaacaga 240
cactggcatg gatatagttt tacttttaaa ctgtgtacat aactgaaaat gtgctatact 300
gcatactttt taaatgtaaa gatattttta tctttatatg aagaaaatca cttaggaaat 360
ggctttgtga ttcaatctgt aaactgtgta ttccaagaca tgtctgttct acatagatgc 420
ttagtccctc atgcaaatca attactggtc caaaagattg ctgaaatttt atatgcttac 480
tgatatattt tacaattttt tatcatgcat gtcctgtaaa ggttacaagc ctgcacaata 540
a 541

<210> 286
<211> 557
<212> ADN
<213> humano

<400> 286
tcttcccctt gagcttcaga gaggagagtt ggcatggtta aatctgaatg gttacctcac 60
tgctgaaaac ccagaggggc gtggcacact cgcttgtgtg gaaaagcctc taaatgcatc 120
ccttcctttc tttcctgctt cctttgcctt acaattgaag cagcccgtgg taccatcaca 180
gtatgcagag acttcctcac ctttcatatc tagggaccac ccccgatgca ttggtgaggg 240
tgggcactta taaatgcctg ctattgttaa gccattccag cctcttcctc tgaatagacc 300
agacgccctt tcacttagtt cagtgccagt ccttttgcct tcccaaccct gctgttaggc 360
ctgctgttcc ctttgctctt gattaggaga gatggaagga gatgagctcc cataactgaa 420
ttggcctttg gttcatgttt tctccccata tgtatatatg ccatatgtga atatgccata 480
tatatgtgcc aacaaatcta tctacgttgt tcttttcaaa ttagcacgca gataggaatt 540
ttgagtttct tcttctt 557

<210> 287
<211> 418
<212> ADN
<213> humano

<400> 287
tatgtaaact ttaacttcca ctttgtataa atttttaagt gtcagactat ccattttaca 60
cttgctttat ttttcattac ctgtagcttt gggcagattt gcaacagcaa attaatgtgt 120
aaaattggat tattactaca aaaccgttta gtcatatcta tctaatcaga tcttcttttg 180
ggaggatttg atgtaagtta ctgacaagcc tcagcaaacc caaagatgtt aacagtattt 240
taagaagttg ctgcagattc ctttggccac tgtatttgtt aatttcttgc aatttgaagg 300
tacgagtaga ggtttaaaga aaaatcagtt tttgttctta aaaatgcatt taagttgtaa 360
acgtcttttt aagcctttga agtgcctctg attctatgta acttgttgca gactggtg 418

<210> 288
<211> 199
<212> ADN
<213> humano

<400> 288
cgccggctcc tgcaaatgca aagagtgcaa atgcacctcc tgcaagaaaa gctgctgctc 60
ctgctgccct gtgggctgtg ccaagtgtgc ccagggctgc atctgcaaag gggcgtcgga 120
caagtgcagc tgctgcgcct gatgctggga cagccccgct cccagatgta aagaacgcga 180
cttccacaaa cctggattt 199

<210> 289
<211> 500
<212> ADN
<213> humano

<400> 289

caactgtttt tgcgacttta taggcaggta aattttgcta ttactattga atacaaatga 60
caattcattt atgaccactc aaacagcgtt agtaaccatt tagtgacaaa ggattaaaac 120
atccatctgg atgttaattt tgaagatgta aattatatgt tgtttaaatt tttccaggca 180
tctgaaaacc ttatctgcta gacaatgtaa gattcacaca gagttatctg ggattctgat 240
tttttaaata gtacatatca ttaaaccatt ttctctaaat gtaagaagag cagaaaaaat 300
cttataagat tatcagattt ttctaatgac acagaaatgt aagaaaaaaa tccctttata 360
ttgaaaaaag atgcagtcaa agtcttttca gacatgccca aactttgaga atttcttcaa 420
ccatctaatg ctataaagat ttttgttctt cctgttcaca accagttgta taacagaaat 480
actagctact gttttccttc 500

<210> 290
<211> 546
<212> ADN
<213> humano

<400> 290
gatgggtcgt gtgatgagat gcatttaagg ccgatagtga tagatgtttt ttttatttct 60
tgaacacagg ctttgtctga atgatgttct tttatctctt gaacacaagc tttgaatgat 120
aactacaggt tttaagtgct gttacattaa taccataatg tgatgtgtta gaaacaaagg 180
gatatttcaa aggtagatat ttgaaaattc tctagtctca atatgtatgt gtattgaata 240
tactctaaaa ataaatgtgc aatttgctag taggacaatg cagtgactga ctagcattag 300
gtatgtttct tttatatcct agctatgtcc cactttcttc taagtgcaat cctttcatgt 360
tcacttgctg ttttacccca tctactctaa cttcatttgg aaggcttgtc tagagtatag 420
catgtatttt taccttttgca gtgaattgca tgtgctaatt gtaaccacag ctatttttat 480
gttgacataa ctccaaatgt tatattaaat gttctattat atattagctc taatccctta 540
agtaaa 546

<210> 291
<211> 419
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (249) .. (249)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 291
acagtgttct ctaatgttac agatgagatg cgcattgcca aagaggagat ttttggacca 60
gtgcagcaaa tcatgaagtt taaatcttta gatgacgtga tcaaaagagc aaacaatact 120
ttctatggct tatcagcagg agtgtttacc aaagacattg ataaagccat aacaatctcc 180
tctgctctgc aggcaggaac agtgtgggtg aattgctatg gcgtggtaag tgcccagtgc 240
ccctttggnt gggattcaag atgtctggaa atggaagaga actgggagag tacggtttcc 300
atgaatatac agaggtcaaa acagtcacag tgaaaatctc tcagaagaac tcataaagaa 360
aatacaagag tggagagaag ctcttcaata gctaagcatc tccttacagt cactaatat 419

<210> 292
<211> 538
<212> ADN
<213> humano

<400> 292
caaggtccca ctctaggtga tagacaggga ccccttctac tgaacctttg aggaaaggag 60
gaaggaagaa atgcgtttag atcttggatg cagacctttc aaagggttaa atgtaaccat 120

atggatcaac cacatgcaca tccttactac agaatccgtc ctttcatttc aacttatagc 180
aagctatgat ttttatatat aaatattata taaataatgt ataaaacatt aaaagttaac 240
tatgtaagat attatttctg aaacaattta gctatatcca ctatgattat aaactgtgtc 300
tcgacctgtg ttatttacat tagctgctta aaaaagcatt gagttaattt ttttaaatat 360
caactaaaat atcatagttc tgtggtagac attgttttat aatgaaataa ctgcaactag 420
agaaaactgt ataaaaacat taaattgtca gtatttttgt aaggttccat tttgtaaaga 480
gaataatatt caaagacttt tgtagcatac aaagtgaaaa cttgtatctg cgaaacta 538

<210> 293
<211> 431
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (131)..(131)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 293
aagcagccta gggatgagca tttctttgaa agcaattagg ttattcacct ggtattaaaa 60
ctatttactg ttaaaaaatc tgtgacttca tgaagttgat ttttaaaggc agcatcaaaa 120
actgaaaagg naagggaaaa aataggcagc ttctctgcac ttgtttggag ctccccaaaa 180
caggagccat ggagaagtgg catcaagacc gggctgccct ttcgagaaca ccctgtggca 240
gttcagagac acgcttttcc tacactgcat gcagcccctc tttccagcac tggaaagaag 300
tggtcttgag cccagctgag aagcacttca cactcctctc tcttgttctg aatggtgttt 360
gtgtcagtct gcagctgtgt atggtattat gtcttataat cctgcatcac ttctatccta 420
tccagtcata t 431

<210> 294
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 294
gggtagatgg gagtgtcgct tgtatgttat cgtacagctg acatgtattt ttgtctattc 60
tttattatct tagtttcatg ctatgtatgt accataacca acctattgcc tatgagaaac 120
atgtaagata atgtatttac agccattgtt acaagtttat aatgtatttt tctatcttgt 180
tttatatgta tgttatataa cattcaaaaa gaatttttt cttgattgag aaaaggatac 240
aaaatgcaaa atccacaatt ttgataactg aaaattgcca attgttttgc agtactttat 300
tatattgggt gtcttgtctt ttttgggctt ttagttagct aatgaatgaa tacattagac 360
acttttgggt tttagttggg attttacata gcttgcattt taattctttg gttctttgct 420
gtttctatta acccacagca ttatt 445

<210> 295
<211> 394
<212> ADN
<213> humano

<400> 295
gaaggttgtc atgggctgtt ccttgggggt ttttatcctg ctcaccgtgg agataagcct 60
gcggcttgtc taaccagcgc agcgcaaagg tctcaatgcc ttttggtaac atccgtcatt 120
gcagaagaaa gtttacacga cgtcaaaaag tgacgttcat gctaagtgtt tttccagaaa 180
tattggtttc atgtttctta ttggctctgc ctcctgtgct tatatcatcc aaaaactttt 240
taaaaaggtc cagaattcta ttttaacctg atgttgagca cctttaaaac gttcgtatgt 300
gtgttgcact aattctaaac tttggaggca ttttgctgtg tgaggccgat cgccactgta 360
aaggtcctag agttgcctgt ttgtctctgg agat 394

<210> 296
<211> 179
<212> ADN
<213> humano

<400> 296
gagatttacc atgtatcagt gcctggcttt ttgttataaa gctttgtttg tctagtgctc 60
ttttgctata aaatagactg tagtacaccc tagtaggaaa aaaaaaaaac taaatttaaa 120
aataaaaaat atatttggct tatttttcgc aggagcaatc cttttatacc atgaatatt 179

<210> 297
<211> 540
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (59) .. (59)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (103)..(103)

<223> n es a, c, g, o t

<400> 297
gtttatacaa ctgtcagtcc acccagtggt gcaactggtt ctgattcagt cttccgatnc 60
ctttttattt ttcacttttt cctatttctg aatttttttt ttnatttgtg atcttgattt 120
tgatgagggg ttggggagtg gggagggagt cgaaccaaga cttggagtta agaggatttt 180
catcttttgc atccaacagg cagaatatga tctgtgtcca aaagtgaact tgagtcagga 240
atgaatcaat ttcagcataa acaagcacaa aaatttagtc tgctggctga ctggaagcaa 300
aaaagtcaag atggaatatg atgaattcca acacaatggg gcaccaaggc ctttaggcct 360
ctctttttat tttgctttgg ttttgtttgt ttttctttag agacatgctc tttctcatgg 420
gacttgaagt ggactcatct ttgtgcagtg ctggttttgc catactcatt tcaagtatta 480
tagacatatg taatggtgaa aatatatgaa ctgtggcctt tttcattctt gttacttgtg 540

<210> 298
<211> 480
<212> ADN
<213> humano

<400> 298
gaagtgactg ttgtaccatg gttgtgcaca tgcttcagaa tcctatggaa gagaatattc 60
ctacttgcag tacatcaaag gaatggatgg tggaccctac tattcatgtt ttgagacata 120
aatgttcact ttaaagcaat tgcataatag ataaaaacct gaactttcat tggatttttg 180
ttaattttcc tcattttgaa ttatgtgcac taccatagct acatcagttt gatacagtat 240
tgaaaaatta tcagttatat tttgctgttt atgatctatt tgtagattag gattaaaatg 300
gatttaatcc atttttaagg ctgtgtgaat ttttctaaac aagaaccatt tgcaatatgg 360
atttcttaga gattaaacca attataactt attagcagtc gcgagcacat gttcatatag 420
tcaatgtaaa aatacactaa tgagtatttg gtaaatccca gtaggctttt accattagca 480

<210> 299
<211> 124
<212> ADN
<213> humano

<400> 299
tccctcactt ctcttaagcc aagaagtttg ctttccctag ctgcagtgta gatggctctt 60
gtttttgttt ttttgtttta atcatttggc attcacatgt ggctgttaat atgtgcttgt 120
tttt 124

<210> 300
<211> 547
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (59) .. (59)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (308)..(308)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 300
tggtgggagg gctctcaatc agcagggccc caggagggaa gaagaagtgg ggcaaagcnt 60
ggcctcgccg ctcgggagct ttgccatctg agccacgcct cctccaggcc atgctccttg 120
aacttggaaa tgtcaaccgg agcccttaca ccagccctcc agcatctaat agacttgaat 180
ctactctaaa cgaatattta atccaacctc actacattgt agctcagtcc aacgactaac 240
cctgaaatgg gggtgttcca gccttcagcg agatggccaa gcggtcccct gggggctgtg 300
gcagcggnct tatccttctc tgttgccaac cttgccgtcc gacctcctcc gcccccatgc 360
ggtgaccccg tccgtgtctg tgtctgtcca tacgtgtgag tccagctaaa aagacaaaac 420
agaacccgtg ggcccagctc ggaaggtgcg tggagaaggc tccgacgtct ccgaagtgca 480
gcccttggga tggcattccg ttgtgtgcct tattcctgga gaatctgtat acggctcgcc 540
tatagaa 547

<210> 301
<211> 350
<212> ADN

<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (90)..(90)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (124)..(124)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (143)..(143)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (150)..(150)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (157)..(158)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (162)..(163)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (168)..(168)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (223)..(223)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 301
cttctccaag catcaccctg ggagtttcct gagggttttc tcataaatga gggctgcaca 60
ttgcctgttc tgcttcgaag tattcaatan ccgctcagta ttttaaatga agtgattcta 120
aganttttggt ttgggatcaa tanggaaagn catatgnnca gnnccaancc aagatgcaaa 180
tgttttgaaa tgatatgacc aaaattttaa gtaggaaagt cancccaaac acttctgctt 240
tcacttaagt gtctggcccg caatactgta ggaacaagca tgatcttgtt actgtgatat 300
tttaaatatc cacagtactc acttttttcca aatgatccta gtaattgcct 350

<210> 302
<211> 414
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (157)..(157)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 302

gtatcaaaat cttccaatta tcatgctcac ctgaaagagg tatgctctct taggaataca 60
gtttctagca ttaaacaaat aaacaagggg agaaaataaa actcaaggag tgaaaatcag 120
gaggtgtaat aaaatgttcc tcgcattccc ccccgcnttt ttttttttt ttgactttgc 180
cttggagagc cagagcttcc gcattttctt tactattctt tttaaaaaaa gtttcactgt 240
gtagagaaca tatatgcata aacataggtc aattatatgt ctccattaga aaaataataa 300
ttggaaaaca tgttctagaa ctagttacaa aaataattta aggtgaaatc tctaatattt 360
ataaaagtag caaaataaat gcataattaa aatatatttg gacataacag actt 414

<210> 303
<211> 426
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (324)..(324)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 303
caggaggaca cagcattatt ctagtgctgt actgttccgt acggcagcca ctacccacat 60
gtaacttttt aagatttaaa tttaaattag ttaacattca aaacgcagct ccccaatcac 120
actagcaaca tttcaagtgc ttgagagcca tgcatgatta gtggttaccc tattgaatag 180
gtcagaagta gaatcttttc atcatcacag aaagttctat tggacagtgc tcttctagat 240
catcataaga ctacagagca cttttcaaag ctcatgcatg ttcatcatgt tagtgtcgta 300
ttttgagctg gggttttgag actncccctta gagatagaga aacagaccca agaaatgtgc 360
tcaattgcaa tgggccacat acctagatct ccagatgtca tttcccctct cttattttaa 420
gttatg 426

<210> 304
<211> 295
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (114)..(114)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (224)..(224)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 304
accaatgagg ttcctgaggt cacagtgttt tccaagtctc ccgtgacact gggtcagccc 60
aacaccctca tctgtcttgt ggacaacatc tttcctcctg tggtcaacat cacntggctg 120
agcaatgggc actcagtcac agaaggtgtt tctgagacca gcttcctctc caagagtgat 180
cattccttct tcaagatcag ttacctcacc ttcctccctt ctgntgatga gatttatgac 240
tgcaaggtgg agcactgggg cctggatgag cctcttctga aacactggga gcctg 295

<210> 305
<211> 537
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (368)..(368)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 305

cacatggttc tagcctggac ctggctgggc tccatgagaa tgagttgcct ccaccctgtc 60
ccaacagctg acagccagga gccactctcc cagctgcagg cctttgtggt ccatcttgtc 120
ctgcttcctc actgtggacc cctgtctggg ccaccctagt gtgctaagct gagcagtgca 180
gtgtgaacag ggcccatggt gtattctagg ccacagccca gcactcctct gggctgctct 240
caaaccatgt cccatcttca gcatccctcc caccaactta ctcccctgtg gtgagtaccg 300
tggaacccca gcccacctca ctatcatact cagcttcccc tgatggccca tcccagcccc 360
tgaagctnta tgccaagaac acagctaccg cacaccaccc tgaaacagcc acagccaagg 420
taggcatgca tatgaggtct tccccatacc ctctgggtgt tgagaggttt agccacatga 480
gggagcagag gacaatctct gcagggctgg gagtgggtag ggactgaagg tctcaat 537

<210> 306
<211> 466
<212> ADN
<213> humano

<400> 306
tcagtgtctg ggctcatgac ttgtaaatgg aagctgatgt gaacaggtaa ttaatattat 60
gacccacttc tatttacttt gggaaatatc ttggatctta attatcatct gcaagtttca 120
agaagtattc tgccaaaagt atttacaagt atggactcat gagctattgt tggttgctaa 180
atgtgaatca cgcgggagtg agtgtgccct tcacactgtg acattgtgac attgtgacaa 240
gctccatgtc ctttaaaatc agtcactctg cacacaagag aaatcaactt cgtggttgga 300
tggggccgga acacaaccag tctttttgta tttattgtta ctgagacaaa acagtactca 360
ctgagtgttt ttcagtttcc tactggtggt tttgatattg tttgtttaag atgtatattt 420
agaatgacat catctaagaa gctgattttg ctaaactcct gttccc 466

<210> 307
<211> 474
<212> ADN
<213> humano

<400> 307
gaactcatgt gatttaccct tttcaacttt ttggaaaacg atttaattta ttctaattag 60
attaacccta ttaatctatg gattgggtat caaaatgaat gccagtccag atgtgcctag 120
acacgaaatt ggagctgagg actctcacga tatgcaagtt catccaacgt gaagatacca 180
taagcttttt ctctgaacca gagaaatgaa agtcagttta agaggctgat agatcttggc 240
cctgttaagg catccacttc acagttctga aggctgagtc agccccactc cacagttagg 300
ccaagaatta gattttaaaa cttcatctgt ctgtcccagt taactgttaa ataaggcctc 360
atcctccact gaagagtatg gattgaagga ttgtgaacta tgtttagtgt gattgtgaac 420
ttggtgccta atgttccatg tctgaagttt gccccagtgc tacacgttgg agta 474

<210> 308
<211> 388
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (218)..(218)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 308
gatgcaattg gttctcctgc attgagattt gatttaacag tgttatgtta acatttatac 60
ttgccttgga ctgtagaaca gaacttaaat gggaatgtat tagttttaca actacaatca 120
agtcatttta cctttaccca gtttttaata taaaacttaa attttgaaat tcactgtgtg 180
actaatagca tgatgctctg cagttttatt aagaaatnag cctaaccata caactctcat 240
ttccttagta agccaaatta ggattaactt ctataaacag tgttgggaac aatgtttaac 300
attttgtgcc aatttgttcc tgtattcatg tatgtaagtt acagatctga ctcttcattt 360
ttaagttcct tgttacatca tggtcatt 388

<210> 309
<211> 379
<212> ADN
<213> humano

<400> 309

cctatcctac ttgcccatat gagcacggct ccccatggcc acatactcct gcaaagcttt 60
tatgctgctt cgcttttctc taaacagatc tgatattgct gctcctgtgg ttttctcaaa 120
attaactttg ccgtggtttt taaaaaggaa tcaaaatgca ttgttgcatt aagctttttc 180
aataaaggaa aattacggaa ggaaaatagg caacaccagc aaattatatg tggacaggtt 240
ctaaactcta tatatacata tatatatata tatctatata tctatatacg taatcatcta 300
gttctgtcat cttactgaaa ggaataacac ttctaaagat caccatttct gagaagttct 360
tggaaatctt tatgtctaa 379

<210> 310
<211> 519
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (130)..(130)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (144)..(144)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (167)..(167)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (169)..(169)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (268)..(268)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (349)..(349)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (358)..(358)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (478)..(478)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 310
caccgcgcag agctcagggg gtggtgcgcc cggcccttct gcggcgcaca gcccagccca 60
ggaacgcggg cggtgcggac tcagcgggcc gggtgcaggc gcggagctgg gcctctgcgc 120
ccggcccgan ctccgtctat aaanagagca gccagttgca gggctcnant ctgctttcca 180
actgcctgac tgcttgttcg tctcactggt gtgagctcca gcatcccctt tgctcgaaat 240
ggaccccaac tgctcttgcg ccactggntg gctcctgcac gtgcgccggc tcctgcaagt 300
gcaaagagtg caaatgcacc tcctgcaaga agagctgctg ttcctgctnc cccgtggnct 360
gtgccaagtg tgcccagggc tgcgtctgca aaggggcatc ggagaagtgc agctgctgtg 420
cctgatgtgg gaacagctct tctcccagat gtaaatagaa caacctgcac aacctggnat 480
ttttttaaaa atacaacact gagccatttg ctgcatttc 519

<210> 311
<211> 468
<212> ADN

<213> humano

<400> 311
tactgatgct tctgatactg gatgtttagc ttcttactgc aaaaacataa gtaaaacagt 60
caactttacc atttccgtat tctccataga ttgaagaaat ttataccaca tatcgcatat 120
gaccatcttt ccatcaaatc aatgtagaga taatgtaaac tgaaaaaaaa tctgcaagat 180
aatgtaactg aatgttttaa aaacagaact tgtcacttta tataaaagaa tagtatgctc 240
tatttcctga atggatgtgg aaatgaaagc tagcgcacct gcactttgaa ttcttgcttc 300
ttttttatta ctgttatgat tttgcttttt acagatgttg gacgattttt tcttctgatt 360
gttgaattca taatcatggt ctcatttcct ttgcttcttt ggaatatttc tttcaacaca 420
ttcctttatt ttattataca ttgtgtcctt tttttagcta ttgctgct 468

<210> 312
<211> 147
<212> ADN
<213> humano

<400> 312
gacaggaggg tgtccacata tgttaacatc agttggatct cctatagaag tttctgctgc 60
tctctttcct tctccctgag ctggtaactg caatgccaac ttcctgggcc tttctgacta 120
gtatcacact tctaataaaa tccacaa 147

<210> 313
<211> 560
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (175)..(177)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (179)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (190)..(190)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (422)..(422)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (426)..(426)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (429)..(430)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 313

gctccacatg agccatgcat gcttagcaat ccaagtgcag agctctttgc tccaggagtg 60
aggagactgg gaggtgaaat ggggaaatgg aagggtttgg aggcagagct gaaaacaggg 120
ttggaaggat ttcctgaatt agaagacaaa cgttagcata cccagtaagg aaaannngnn 180
naggggccan ggggaacccg tgaggatcac tctcaaatga gattaaaaac aaggaagcag 240
agaatggtca gagaatggga ttcagattgg gaacttgtgg ggatgagagt gaccaggttg 300
aactgggaag tggaaaaagg agtttgagtc actggcacct agaagcctgc ccacgattcc 360
taggaaggct ggcagacacc ctggaaccct ggggagctac tggcaaactc tcctggattg 420
gncctnatnn ttttggtggg aaaggctgcc ctggggatca actttccttc tgtgtgtggc 480
tcaggagttc ttctgcagag atggcgctat ctttcctcct cctgtgatgt cctgctccca 540
accatttgta ctcttcatta 560

<210> 314
<211> 530
<212> ADN
<213> humano

<400> 314
aagtgtgcat aatttcattt aacgttaaag aaatagatcc aattcctttc ttgcaaccaa 60
aaataaataa aatacgttgc ctcaatataa ggtttgggct attctgtgtt tctatagaag 120
caatctgttt ttggtaaaat gtacttttaa ggatccagtc atctgaagta ttttatgtag 180
agttagagat ttcacaatat tgactataca tatatttaaa atataaatta tccagctgat 240
gtttgaattt gtcttacttt cctggccacc tcgttgtcct attttataag ctggggagtt 300
aactagctta acaaaagatg cttagctttt gtaaaagaac aagtgtttca ttttacaaag 360
acactccaaa tgatagttac ttgattttct cgagaccttt aactatggtg atgaataaca 420
ggacttgctt tcaagcctta ataaatgtaa aatgcctttt aatgaagata cagctgagtg 480
ttttcctcat gaatctgaac caattaccaa tttgtgttcc agtcttgatt 530

<210> 315
<211> 417
<212> ADN
<213> humano

<400> 315
gaaaccaagg tcaggaggcc gttgcagaca taaatctcgg cgactcggcc ccgtctcctg 60
agggtcctgc tggtgaccgg cctggacctt ggccctacag ccctggaggc cgctgctgac 120
cagcactgac cccgacctca gagagtactc gcaggggcgc tggctgcact caagaccctc 180
gagattaacg gtgctaaccc cgtctgctcc tccctcccgc agagactggg gcctggactg 240
gacatgagag ccccttggtg ccacagaggg ctgtgtctta ctagaaacaa cgcaaacctc 300
tccttcctca gaatagtgat gtgttcgacg ttttatcaaa ggcccccttt ctatgttcat 360
gttagttttg ctccttctgt gtttttttct gaaccatatc catgttgctg acttttc 417

<210> 316
<211> 544
<212> ADN
<213> humano

<400> 316
cacaggcagg tgactactcc atgcgcgtgg acctgcgggc tggggacgag gctgtgttcg 60
cccagtacga ctccttccac gtagactcgg ctgcggagta ctaccgcctc cacttggagg 120
gctaccacgg caccgcaggg gactccatga gctaccacag cggcagtgtc ttctctgccc 180
gtgatcggga ccccaacagc ttgctcatct cctgcgctgt ctcctaccga ggggcctggt 240
ggtacaggaa ctgccactac gccaacctca acgggctcta cgggagcaca gtggaccatc 300
agggagtgag ctggtaccac tggaagggct tcgagttctc ggtgcccttc acggaaatga 360
agctgagacc aagaaacttt cgctccccag cgggggggagg ctgagctgct gcccacctct 420
ctcgcacccc agtatgactg ccgagcactg aggggtcgcc ccgagagaag agccagggtc 480
cttcaccacc cagccgctgg aggaagcctt ctctgccagc gatctcgcag cactgtgttt 540
acag 544

<210> 317
<211> 437
<212> ADN
<213> humano

<400> 317

ccaatggcga gggtctgcca cactggccgc tgttcgacca ggaggagcaa tacctgcagc 60
tgaacctaca gcctgcggtg ggccgggctc tgaaggccca caggctccag ttctggaaga 120
aggcgctgcc ccaaaagatc caggagctcg aggagcctga agagagacac acagagctgt 180
agctccctgt gccggggagg agggggtggg ttcgctgaca ggcgagggtc agcctgctgt 240
gcccacacac acccactaag gagaaagaag ttgattcctt cattcacttc gccattcatt 300
catacttccg tccatccatt cagaaagcat ttattaagaa tttactcagg catgatggcc 360
catacttgta atcccagcta ttgggaagga tgagatggga ggatggcttg aggccagagg 420
tttgagaccg accagcc 437

<210> 318
<211> 557
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (464)..(464)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 318
gggagagtcc atctggaagc tggagtatat cctgacccag acctacgaca ttgaagattt 60
gcagccggaa agtttatatg gattagctaa acaatttaca atcctagaca gtaagcagtt 120
tataaaatac tacaattact tctttgtgag ttatgacagc agtgtaacat gtgataagac 180
atgtaaggcc tttcagattt gtgcaattat gaatcttgat aatatttcct atgcagattg 240
cctcaaacag ctttatataa agcacaatta ctagtatttc acagtttttg ctaatagaaa 300
atgctgattc tgattctgag atcaatttgt gggaatttta cataaatctt tgttaattac 360
tgagtgggca agtagacttc ctgtctttgc tttctttttt tttttctttt tgatgcctta 420
atgtagatat ctttatcatt ctgaattgta ttatatattt aaantgctca ttaatagaat 480
gatggatgta aattggatgt aaatattcag tttatataat tatatctaat ttgtaccctt 540
gttgaaattg tcattta 557

<210> 319
<211> 336
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (150)..(150)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (154)..(154)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 319
cttcgcttct ctcttggaaa gtccagtctc tcctcggctt gcaatggacc ccaactgctc 60
ctgcgccgct ggtgtctcct gcacctgcgc tggttcctgc aagtgcaaag agtgcaaatg 120
cacctcctgc aagaagagct gctgctcctn gctnccccgt gggctgtagc aagtgtgccc 180
agggctgtgt ttgcaaaggg gcgtcagaga agtgcagctg ctgcgactga tgccaggaca 240
acctttctcc cagatgtaaa cagagagaca tgtacaaacc tggatttttt ttttatacca 300
ccttgaccca tttgctacat tccttttcct gtgaaa 336

<210> 320
<211> 208
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (85)..(85)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (100)..(100)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (102)..(102)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (119)..(123)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (125)..(126)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (128)..(128)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (148)..(148)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 320
cctggggctg agcaaggcct acgtaggcca gaagagcagc ttcacagtag actgcagcaa 60
agcaggcaac aacatgctgc tggtnggggt tcatggcccn angacccccc gcgaggagnn 120
nnngnngnag cacgtgggca gccggctnta cagcgtgtcc tacctgctca aggacaaggg 180
ggagtacaca ctggtggtca aatggggg 208

<210> 321
<211> 358
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (146)..(146)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (180)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 321
gaaactgtat gggtagcttt tttgtttgtt ttttgttttg tttttgtttt tgtttttgtt 60
tttagttgta ggtcgcagcg gggaaatttt ttgcgactgt acacatagct gcagcattaa 120
aaacttaaaa aaattgttaa aaaaanaaaa aaagggaaaa catttcaaaa aaaaaaaaan 180
ngataaacag ttacaccttg ttttcaatgt gtggctgagt gcctcgattt tttcatgttt 240
ttggtgtatt tctgatttgt agaagtgtcc aaacaggttg tgtgctggag ttccttcaag 300
acaaaaacaa acccagcttg gtcaaggcca ttacctgttt cccatctgta gttattcg 358

<210> 322
<211> 344
<212> ADN
<213> humano

<400> 322

gctgctgccg cggggaagca ggaactggcc aagtacttct tggcagagct gctgtctgaa 60
cccaaccaga cggagaatga tgccctggaa cctgaagatc tgtcccaggc tgctgagcag 120
gatgaaatga ggcttgagct gcagagatct gctaactcaa acccggctat ggcaccccga 180
gaacgcaaag ctggctgcaa gaatttcttc tggaagactt tcacatcctg ttagctttct 240
taactagtat tgtccatatc agacctctga tccctcgccc ccacacccca tctctcttcc 300
ctaatcctcc aagtcttcag cgagaccctt gcattagaaa ctga 344

<210> 323
<211> 486
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (103)..(103)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 323
acaggaaatt gctacttacc gccgccttct ggaaggagaa gacgtaaaaa ctacagaata 60
tcagttaagc accctggaag agagagatat aaagaaaacc agnaagatta agacagtcgt 120
gcaagaagta gtggatggca aggtcgtgtc atctgaagtc aaagaggtgg aagaaaatat 180
ctaaatagct accagaagga gatgctgctg aggttttgaa agaaatttgg ctataatctt 240
atctttgctc cctgcaagaa atcagccata agaaagcact attaatactc tgcagtgatt 300
agaaggggtg gggtggcggg aatcctattt atcagactct gtaattgaat ataaatgttt 360
tactcagagg agctgcaaat tgcctgcaaa aatgaaatcc agtgagcact agaatattta 420
aaacatcatt actgccatct ttatcatgaa gcacatcaat tacaagctgt agaccaccta 480
atatca 486

<210> 324
<211> 299
<212> ADN
<213> humano

<400> 324
gagaaagcca ggcaggtagc caggggact agcccctgtg gagactgggg ggcttgaaat 60
tgtccccgtg gtctcttact ttcctttccc cagcccaggg tggacttaga aagcaggggc 120
tacaagaggg aatccccgaa ggtgctggag gtgggagcag gagattgaga aggagagaaa 180
gtgggtgaga tgctggagaa gagaggagag gagagaggca gagagcggtc tcaggctggt 240
gggaggggcg cccacctccc cacgccctcc cctcccctgc tgcaggggct ctggagaga 299

<210> 325
<211> 419
<212> ADN
<213> humano

<400> 325
atgagccttc atacatggac tgagagtcag agcttgaaga aaagcttatt tattttcccc 60
aacctccccc aggtgcagtg tgacattatt ttattataac atccacaaag agattatttt 120
taaataattt aaagcataat atttcttaaa aagtatttaa ttatatttaa gttgttgatg 180
ttttaactct atctgtcata catcctagtg aatgtaaaat gcaaaatcct ggtgatgtgt 240
tttttgtttt tgttttcctg tgagctcaac taagttcacg gcaaaatgtc attgttctcc 300
ctcctacctg tctgtagtgt tgtggggtcc tcccatggat catcaaggtg aaacactttg 360
gtattctttg gcaatcagtg ctcctgtaag tcaaatgtgt gctttgtact gctgttgtt 419

<210> 326
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (42)..(42)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (51)..(51)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (197)..(197)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (212)..(212)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (220)..(220)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (275)..(275)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (288)..(288)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (293)..(293)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (300)..(300)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (306)..(308)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (336)..(336)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (359)..(359)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 326
atgcctacag gtatgcgtga ttgtgtgtgt gtgcatgggt gnacagccac ntgtctacct 60
atgtgtcttt ctgggaatgt gtaccatctg tgtgcctgca gctgtgtagt gctggacagt 120
gacaaccctt tctctccagt tctccactcc aatgataata gttcacttac acctaaaccc 180
aaaggaaaaa ccagctntag gtccaattgt tntgctctan actgatacct caaccttggg 240
gccagcatct cccactgcct ccaaatatta gtaantatga ctgacgtncc canaagtttn 300
tgggtnnnac cacactcccc aacccccccac tcctanttcc tgaagggccc tcccaaggnt 360
acatccccac cccacagttc tccctgagag agatcaacct ccctgagatc aaccaaggca 420
gatgtgacag caagggccac ggacc 445

<210> 327
<211> 524
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (40)..(40)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (44)..(44)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (48)..(49)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (52)..(56)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (60)..(60)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (98)..(98)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 327
gcctctggca atgccattca ggccaggtct tcctcctatn gtgnaganna tnnnnntggn 60
ggtggaaagc gattctctca ttctggcaac cagttggnac ggccccatca ccgccctccg 120
ggtccgagtc aacacatact acatcgtagg tcttcaggtg cgctatggca aggtgtggag 180
cgactatgtg ggtggtcgca acggagacct ggaggagatc tttctgcacc ctggggaatc 240

agtgatccag gtttctggga agtacaagtg gtacctgaag aagctggtat ttgtgacaga 300
caagggccgc tatctgtctt ttgggaaaga cagtggcaca agtttcaatg ccgtcccctt 360
gcaccccaac accgtgctcc gcttcatcag tggccggtct ggttctctca tcgatgccat 420
tggcctgcac tgggatgttt accccactag ctgcagcaga tgctgagcct cctctccttg 480
gcaggggcac tgtgatgagg agtaagaact cccttatcac taac 524

<210> 328
<211> 335
<212> ADN
<213> humano

<400> 328
acaaggccca ggctggggcc agggccagag gggaaggccc tggattctca ctcatgtgag 60
atcttgaatc tctttctttg ttctgtttgt ttagttagta tcatctggta aaatagttaa 120
aaaacaacaa aaaactctgt atctgtttct agcatgtgct gcattgactc tattaatcac 180
atttcaaatt caccctacat tcctctcctc ttcactagcc tctctgaagg tgtcctggcc 240
agccctggag aagcactggt gtctgcagca cccctcagtt cctgtgcctc agcccacagg 300
ccactgtgat aatggtctgt ttagcacttc tgtat 335

<210> 329
<211> 244
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (74)..(74)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (93)..(93)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (164)..(169)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (171)..(172)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (176)..(176)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (180)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 329
tcaacttcaa gctcctaagc cactgcctgc tggtgaccct ggccgcccac ctccccgccg 60
agttcaaccc ctgnggtgca cgcctccctg ganaagttcc tggcttctgt gagcaccgtg 120
ctgacctcca aataccgtta agctggagcc tcggtagccg ttcnnnnnnc nngctnggcn 180
ntccaacggg ccctcctccc ctccttgcac cggcccttcc tggtctttga ataaagtctg 240
agtg 244

<210> 330
<211> 543
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (324)..(324)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 330
cttcctcgga ggcagcattg ttaagggagg ccctgtgcaa gtgctggagg acgaggaact 60
aaagtcccag ccagagcccc tagtggtcaa gggaaaacgg gtggctggag gccctcagat 120
gatccagctc agcctggatg ggaagcgcct ctacatcacc acgtcgctgt acagtgcctg 180
ggacaagcag ttttaccctg atctcatcag ggaaggctct gtgatgctgc aggttgatgt 240
agacacagta aaaggagggc tgaagttgaa ccccaacttc ctggtggact tcgggaagga 300
gccccttggc ccagcccttg cccnatgagc tccgctaccc tgggggcgat tgtagctctg 360
acatctggat ttgaaggctc caccctcatc acccacactc cctattttgg gccctcactt 420
ccttggggac ctggcttcat tctgctctct cttggcaccc gacccttggc agcatgtacc 480
acacagccaa gctgagactg tggcaatgtg ttgagtcata tacatttact gaccactgtt 540
gct 543

<210> 331
<211> 507
<212> ADN
<213> humano

<400> 331

ccatcggtgc ggactccaag gaggtgcact ataagaaccg cttctggcat gacacctgct 60
tccgctgtgc caagtgcctt caccccttgg ccaatgagac ctttgtggcc aaggacaaca 120
agatcctgtg caacaagtgc accactcggg aggactcccc caagtgcaag gggtgcttca 180
aggccattgt ggcaggagat caaaacgtgg agtacaaggg gaccgtctgg cacaaagact 240
gcttcacctg tagtaactgc aagcaagtca tcgggactgg aagcttcttc cctaaagggg 300
aggacttcta ctgcgtgact tgccatgaga ccaagtttgc caagcattgc gtgaagtgca 360
acaagggttt ggtaaaggct ccagtgtggt ggcctatgaa ggacaatcct ggcacgacta 420
ctgcttccac tgcaaaaaat gctccgtgaa tctggccaac aagcgctttg ttttccacca 480
ggagcaagtg tattgtcccg actgtgc 507

<210> 332
<211> 492
<212> ADN
<213> humano

<400> 332
ttgtcaaggg gctttgcatt caaactgctt ttccagggct atactcagaa gaaagataaa 60
agtgtgatct aagaaaaagt gatggtttta ggaaagtgaa aatatttttg tttttgtatt 120
tgaagaagaa tgatgcattt tgacaagaaa tcatatatgt atggatatat tttaataagt 180
atttgagtac agactttgag gtttcatcaa tataaataaa agagcagaaa aatatgtctt 240
ggttttcatt tgcttaccaa aaaaacaaca acaaaaaaag ttgtcctttg agaacttcac 300
ctgctcctat gtgggtacct gagtcaaaat tgtcattttt gttctgtgaa aaataaattt 360
ccttcttgta ccatttctgt ttagttttac taaaatctgt aaatactgta tttttctgtt 420
tattccaaat ttgatgaaac tgacaatcca atttgaaagt ttgtgtcgac gtctgtctag 480
cttaaatgaa tg 492

<210> 333
<211> 251
<212> ADN
<213> humano

<400> 333
tcataagtga cttctacccg ggagccgtga cagtggcctg gaaggcagat agcagccccg 60
tcaaggcggg agtggagacc accacaccct ccaaacaaag caacaacaag tacgcggcca 120
gcagctatct gagcctgacg cctgagcagt ggaagtccca cagaagctac agctgccagg 180
tcacgcatga agggagcacc gtggagaaga cagtggcccc tacagaatgt tcataggttc 240
tcaaccctca c 251

<210> 334
<211> 519
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (118)..(118)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (125)..(125)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (133)..(133)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (136)..(136)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 334

gagtatacat cggtgcaggc ttcctggatg acagttgggt gatatgtgtc atgtggccta 60
aaagcctcca tgtcatttga cctacgaatt ctatctttgg gaatttatcc taagaaanta 120
cttanggatt tanttngtga taagatgttc atcccagcat tgcaatggag aaaaatggga 180
agcaatggtt tggttgggaa tttattcctt ttctgctgta acgaaagttt gcaatagggg 240
attgcttaag taaattattg tatctccatc cagatggtgg agtaccgcgc agacattaaa 300
agtcatgtaa aagaacatct gactgaaaga aaaatgctcc ttgaatatta aaaggttgta 360
aaaatagtgc atgttatgtg atttcaattt tgtttttaa aatatgggtg tatgcttgta 420
tacgtagagc agataaaaaa gacggaaggc atactaaaaa atgttgagtg gttatctttg 480
tatggtggaa caaagtcact gtaattttca tctttggtt 519

<210> 335
<211> 492
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (254)..(254)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (315)..(315)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (388)..(388)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 335
tggggctgag caaggcctac gtaggccaga agagcagctt cacagtagac tgcagcaaag 60
caggcaacaa catgctgctg gtgggggttc atggcccaag gacccctgc gaggagatcc 120
tggtgaagca cgtgggcagc cggctctaca gcgtgtccta cctgctcaag gacaaggggg 180
agtacacact ggtggtcaaa tgggggacg agcacatccc aggcagcccc taccgcgttg 240
tggtgccctg agtntggggc ccgtgccagc cggcagcccc caagcctgcc ccgctaccca 300
agcagccccg ccctnttccc ctcaaccccg gcccaggccg ccctggccgc ccgcctgtca 360
ctgcagccgc ccctgccctg tgccgtgntg cgctcacctg cctccccagc cagccgctga 420
cctctcggct ttcacttggg cagagggagc catttggtgg cgctgcttgt cttctttggt 480
tctgggaggg gt 492

<210> 336
<211> 386
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (30)..(30)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (117)..(117)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (123)..(124)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (221)..(221)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (331)..(331)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (335)..(335)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (338)..(338)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (344)..(344)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (354)..(354)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (359)..(359)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 336
aatgctctgg gtctctggat ccagtggggn atattgtgat gactcagtct ccactctccc 60
tgcccgtcac ccctggagag ccggcctcca tctcctgcag gtctagtcag agcctcntgc 120
atnntaatgg atacaactat ttggattggt acctgcagaa gccagggcag tctccacagc 180
tcctgatcta tttgggttct aatcgggcct ccggggtccc ngacaggttc agtggcagtg 240
gatcaggcac agattttaca ctgaaaatca gcagagtgga ggctgaggat gttggggttt 300
attactgcat gcaagctcta caaactcctc ngacnttngg ccangggacc aagntggana 360
tcaaacgaac tgtggctgca ccatct 386

<210> 337
<211> 295
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (136)..(136)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (221)..(221)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 337
gcaagatggt gttgcagacc caggtcttca tttctctgtt gctctggatc tctggtgcct 60
acggggacat cgtgatgacc cagtctccag actccctggc tgtgtctctg ggcgagaggg 120
ccaccatcaa ctgcangtcc agccagagtg ttttatacag ctccaacaat aagaactact 180
tagcttggta ccagcagaaa ccaggacagc ctcctaagct nctcatttac tgggcatcta 240
cccgggaatc cggggtccct gaccgattca gtggcagcgg gtctgggaca gattt 295

<210> 338
<211> 470
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (92)..(92)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (126)..(126)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (148)..(149)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (166)..(167)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (170)..(170)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (182)..(182)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (239) .. (239)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (269) .. (269)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (289) .. (289)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (291)..(293)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (317)..(318)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (320)..(320)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (327)..(327)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (329)..(330)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 338
gaggtgcagc tgttggagtc tgggggaggc ttggtacagc ctggggggtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctggatt cacctttagc anctatgcca tgagctgggt ccgccaggct 120
ccaggnaagg ggctggagtg ggtctcannt attagtggta gtggtnntan cacatactac 180
gnagactccg tgaagggccg gttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacgctgtnt 240
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggnc acggccgtat attactgtnc nnnagaaaat 300
ggtgtcagca gttgganntn ccaaganann accccaacct atgttgacta ctggggccag 360
gaaccctggt caccgtctcc tcagggagtg catccgcccc aacccttttc cccctcgtct 420
cctgtgagaa ttccccgtcg gatacgaagc agcgtggccg ttggctgctc 470

<210> 339
<211> 473
<212> ADN
<213> humano

<400> 339
cgtcagtcat cctttattgc agtcgggatc cttggggttg ttctgttggc cattttcgtc 60
gcattattct tcttgactaa aaagcgaaga cagagacagc ggcttgcagt ttcctcaaga 120
ggagagaact tagtccacca aattcaatac cgggagatga attcttgcct gaatgcagat 180
gatctggacc taatgaattc ctcagaaaat tcccatgagt cagctgattt cagtgctgct 240
gaactaattt ctgtgtctaa atttcttcct atttctggaa tggaaaagga ggccattctg 300
agccacactg aaaaggaaaa tgggaattta taacccagtg agttcagcct ttaagatacc 360
ttgatgaaga cctggactat tgaatggagc agaaattcac ctctctcact gactattaca 420
gttgcatttt tatggagttc ttcttctcct aggattccta agactgctgc tga 473

<210> 340
<211> 123
<212> ADN
<213> humano

<400> 340
ggggaatgga gcaaaacagt ctttgaatat cgaacacgca aggctgtgag actacctatt 60
gtagatattg caccctatga cattggtggt cctgatcaag aatttggtgt ggacgttggc 120
cct 123

<210> 341
<211> 290
<212> ADN
<213> humano

<400> 341
cttgctctgt tgcagattgg cagatgccgc ctccctatgt ggtgctggac ttgccgcagg 60
agaccctgga ggaggagacc cccggcgcca acctgtggcc caccaccatc accttcctca 120
ccctcttcct gctgagcctg ttctatagca cagcactgac cgtgaccagc gtccggggcc 180
catctggcaa cagggagggc ccccagtact gagcgggagc cggcaaggca cagggaggaa 240
gtgtggagga acctcttgga gaagccagct atgcttgcca gaactcagcc 290

<210> 342
<211> 276
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (32)..(35)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (203)..(203)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (240)..(240)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 342
gcataaatta atcagcccca gagtgcttta annnnttctc ttaaataccg gtgtctttga 60
tcaggatgac atgtgccatt tttcagagga cgtgcagaca ggctggcatt ctagattact 120
tttcttactc tgaaacatgg cctgtttggg agtgcgggat tcaaaggtgg tcccaccgct 180
gcccctactg caaatggcag ttntaatctt atcttttggc ttctgcagat ggttgcaatn 240
gatccttaac caataatggt cagtcctcat ctctgt 276

<210> 343
<211> 314
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (150)..(150)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (161)..(161)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (185)..(185)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 343
ctactctggc tccgaggtgc cagatgtgac atccagatga cccagtctcc atcctccctg 60
tctgcatctg taggagacag agtcaccatc acttgccggg caagtcagag cattagcagc 120
tatttaaatt ggtatcagca gaaaccaggn aaagccccta ngctcctgat ctatgctgca 180
tccantttgc aaagtggggt cccatcaagg ttcagtggca gtggatctgg gacagatttc 240
actctcacca tcagcagtct gcaacctgaa gattttgcaa cttactactg tcaacagagt 300
tacagtaccc ctca 314

<210> 344
<211> 448
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (28)..(28)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (40)..(40)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (49)..(50)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (86)..(87)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea

<222> (99) .. (99)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (121)..(121)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (139)..(139)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (168)..(168)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (180)..(180)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (212)..(212)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (226)..(226)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (232)..(232)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (236)..(236)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (248)..(248)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (255)..(255)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (266)..(266)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (314)..(314)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (369)..(369)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (371)..(371)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (398)..(398)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 344
gccgagtact ggaacagcca gaaggacntc ctggaagacn agcgggccnn ggtggacacc 60
tactgcagac acaactacgg ggttgnngag agcttcacng tgcagcggcg agtccatcct 120
naggtgactg tgtatcctnc aaagacccag cccctgcagc accacaanct cctggtctgn 180
tctgtgagtg gtttctatcc aggcagcatt gnaagtcagg tggttncgga anggcnagga 240
agagaagnct ggggntggtg tccacnggcc tgatccagaa tggagactgg accttccaga 300
ccctggtgat gctngaaaca gttcctcgga gtggagaggt ttacacctgc caagtggagc 360

acccaagcnt nacgagccct ctcacagtgg aatggagngc acggtctgaa tctgcacaga 420
gcaagatgct gagtggagtc gggggctt 448

<210> 345
<211> 550
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (30)..(30)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (42)..(42)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (49).. (49)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (58)..(58)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (116)..(116)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (119)..(119)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (175)..(176)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (178)..(178)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (180)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (183)..(183)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (188)..(188)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (225)..(225)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (246)..(246)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (248)..(248)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (258)..(258)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (268)..(268)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (274)..(274)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (285)..(287)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (289) .. (289)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (299) .. (299)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (336)..(336)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (364)..(364)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 345
aagatcctgg agtttgtggg gcgctccctn ccagaggaga cngtggacnt catggttnag 60
cacacgtcgt tcaaggagat gaagaagaac cctatgacca actacaccac cgtccnccng 120
gagttcatgg accacagcat ctccccttc atgaggaaag gcatggctgg ggacnngngn 180
ngnccacntt caccgtggcg cagaatgagc gcttcgatgc ggacntatgc ggagaagatg 240
gcaggncngc agcctcangc ttccgctntg agcngtgaga ggggnnncnt ggagtcacng 300
cagagggagt gtgcgaatca aacctgacca agcggntcaa gaataaaata tgaattgagg 360
gccngggacg gtaggtcatg tctgtaatcc cagcaatttg gaggctgagg tgggaggatc 420
atttgagccc aggagttcga gaccaacctg ggcaacatag tgagattctg ttaaaaaaat 480
aaaataaaat aaaaccaatt tttaaaaaga gaataaaata tgattgtggg ccaggcagag 540
tggctcatgc 550

<210> 346
<211> 496
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (150)..(151)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (345)..(345)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (347)..(348)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (366)..(366)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (405)..(405)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (428)..(428)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 346
ccggtcagca ggatcatcgt gcacccacag ttctacatca tccagactgg agcggatatc 60
gccctgctgg agctggagga gcccgtgaac atctccagcc gcgtccacac ggtcatgctg 120
ccccctgcct cggagacctt ccccccgggn ntgccgtgct gggtcactgg ctggggcgat 180
gtggacaatg atgagcccct cccaccgcca tttcccctga agcaggtgaa ggtccccata 240
atggaaaacc acatttgtga cgcaaaatac caccttggcg cctacacggg agacgacgtc 300
cgcatcatcc gtgacgacat gctgtgtgcc gggaacaccc ggagngnntc atgccagggc 360
gactcnggag ggcccctggt gtgcaaggtg aatggcacct ggctncaggc gggcgtggtc 420
agctgggncg agggctgtgc ccagcccaac cggcctggca tctacacccg tgtcacctac 480
tacttggact ggatcc 496

<210> 347
<211> 519
<212> ADN

<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (326)..(326)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (374)..(376)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (398)..(401)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 347
gaaccacctc aatgcaaaga ttctacggga aaatgtgggc cccctccacc tattgacaat 60
ggggacatta cttcattccc gttgtcagta tatgctccag cttcatcagt tgagtaccaa 120
tgccagaact tgtatcaact tgagggtaac aagcgaataa catgtagaaa tggacaatgg 180
tcagaaccac caaaatgctt acatccgtgt gtaatatccc gagaaattat ggaaaattat 240
aacatagcat taaggtggac agccaaacag aagctttatt tgagaacagg tgaatcagct 300
gaatttgtgt gtaaacgggg atatcngtct ttcatcacgt tctcacacat tgcgaacaac 360
atgttgggat gggnnnctgg agtatccaac ttgtgcannn ngatagaatc aatcataaaa 420
tgcacacctt tattcagaac tttagtatta aatcagttct taatttcatt tttaagtatt 480
gttttactcc tttttattca tacgtaaaat tttggatta 519

<210> 348
<211> 516
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (161)..(162)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (164)..(167)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (170)..(170)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (174)..(176)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (179)..(179)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (256)..(256)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (364)..(370)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (372)..(376)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (465)..(465)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 348
tcttccaatt tattatctgc accaattatt ttgggcactt ctcctgtgta tgtaaacttt 60
ggagtttagg tctacgtcat ttatataaga gcctgtagac ctgagtggat ggacactgcc 120
tcttagaact agaacttaga actttatctt gaaaatgtac nncnnnngcn gaannnccnc 180
acagagtatg tgtcaggtag gaaccaaatt tatgattgtt atattcaaac tggttttctg 240
ttccttgaaa atggtntttt ttctgatcaa agcctattta ggagttatta tgttcttgag 300
tttattccat gtgtgtgaat attttgaatg aatccactaa taagatatgc atgtatgtct 360
ggannnnnnn cnnnnnagaa taaatattta agtagacttt aacaagtaaa tggttgtagg 420
catcattaag tcttaaatag ccttttcaaa gatattagtg ttctngtttt aattattcag 480
ataattcctt taattctcca ctcaaatctg acttta 516

<210> 349
<211> 507
<212> ADN
<213> humano

<400> 349
gattcctgtg ggtccagctt tggaactggg aaacctttct tcggatccgc actcattcca 60
ctgatgccag ctgcccctga aggatgccag tactgtggtg tgtgagtctc agcagccgcc 120
cacacgctcc taactctgct gcatggcaga tgcctaggtg gaaatagcaa aaacaaggcc 180
cgggctgggg ccagggccag aggggaaggc cctggattct cactcatgtg agatcttgaa 240
tctctttctt tgttctgttt gtttagttag tatcatctgg taaaatagtt aaaaaacaac 300
aaaaaactct gtatctgttt ctagcatgtg ctgcattgac tctattaatc acatttcaaa 360
ttcaccctac attcctctcc tcttcactag cctctctgaa ggtgtcctgg ccagccctgg 420
agaagcactg gtgtctgcag cacccctcag ttcctgtgcc tcagcccaca ggccactgtg 480
ataatggtct gtttagcact tctgtat 507

<210> 350
<211> 275
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (129)..(129)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (187)..(187)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (191)..(191)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 350
ctctggctcc caggtgccag atgtgccatc cagttgaccc agtctccatc ctccctgtct 60
gcatctgtag gagacagagt caccatcact tgccgggcaa gtcagggcat tagcagtgct 120
ttagcctgnt atcagcagaa accagggaaa gctcctaagc tcctgatcta tgatgcctcc 180
agtttgnaaa ntggggtccc atcaaggttc agcggcagtg gatctgggac agatttcact 240
ctcaccatca gcagcctgca gcctgaagat tttgc 275

<210> 351
<211> 339

<212> ADN
<213> humano

<400> 351
ccaactgcct gactgcttgt tggcctcacc ggtgggagct ccagcatctc ctttgctcga 60
aatggacccc aactgctcct gtgccactgg tggctcctgc atgtgcgccg gctcctgcaa 120
gtgcaaagag tgcaaatgca cctcctgcaa gaagagctgc tgctcctgct gccccgtggg 180
ctgtgccaag tgtgcccagg gctgcatctg caaaggggcg ttggagaagt gcaactgcta 240
tgcctgacgt ggggacagct ctgctcccag atgtaaatag agtaacctgc acaaacctgg 300
atttttaaa aaatacaaca ctgagccatt tgcttcatt 339

<210> 352
<211> 259
<212> ADN
<213> humano

<400> 352
tcctccctgt ctgcatctgt aggagacaga gtcaccatca cttgccgggt gagtcagggc 60
attagcagtt atttaaattg gtatcggcag aaaccaggga aagttcctaa gctcctgatc 120
tatagtgcat ccaatttgca atctggagtc ccatctcggt tcagtggcag tggatctggg 180
acagatttca ctctcactat cagcagcctg cagcctgaag atgttgcaac ttattacggt 240
caacggactt acaatgccc 259

<210> 353
<211> 539
<212> ADN
<213> humano

<400> 353
tggaggaagt tctccagctt cagctcaact cacagcttct ccaagcatca ccctgggagt 60
ttcctgaggg ttttctcata aatgagggct gcacattgcc tgttctgctt cgaagtattc 120
aataccgctc agtattttaa atgaagtgat tctaagattt ggtttgggat caataggaaa 180
gcatatgcag ccaaccaaga tgcaaatgtt ttgaaatgat atgaccaaaa ttttaagtag 240
gaaagtcacc caaacacttc tgctttcact taagtgtctg gcccgcaata ctgtaggaac 300
aagcatgatc ttgttactgt gatattttaa atatccacag tactcacttt ttccaaatga 360
tcctagtaat tgcctagaaa tatctttctc ttacctgtta tttatcaatt tttcccagta 420
tttttatacg gaaaaaattg tattgaaaac acttagtatg cagttgataa gaggaatttg 480
gtataattat ggtgggtgat tatttttttat actgtatgtg ccaaagcttt actactgtg 539

<210> 354
<211> 358
<212> ADN
<213> humano

<400> 354
ccgccatttc ctctgaagca ggtgaaggtc cccataatgg aaaaccacat ttgtgacgca 60
aaataccacc ttggcgccta cacgggagac gacgtccgca tcgtccgtga cgacatgctg 120
tgtgccggga acacccggag ggactcatgc cagggcgact ccggagggcc cctggtgtgc 180
aaggtgaatg gcacctggct gcaggcgggc gtggtcagct ggggcgaggg ctgtgcccag 240
cccaaccggc ctggcatcta cacccgtgtc acctactact tggactggat ccaccactat 300
gtccccaaaa agccgtgagt caggcctggg ttggccacct gggtcactgg aggaccaa 358

<210> 355
<211> 273
<212> ADN
<213> humano

<400> 355
agtcgggccc aggactggtg aagccttcgg agaccctgtc cctcacctgc actgtctctg 60
gtggctccat cagtagttac tactggagct ggatccggca gcccgccggg aagggactgg 120
agtggattgg gcgtatctat accagtggga gcaccaacta caacccctcc ctcaagagtc 180
gagtcaccat gtcagtagac acgtccaaga accagttctc cctgaagctg agctctgtga 240
ccgccgcgga cacggccgtg tattactgtg cga 273

<210> 356
<211> 162
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (114)..(114)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (119)..(119)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 356
agtgggtctc agctattagt gggagtgcag gtaccacata ctacgcagac tccgtgaagg 60
gccggttcac cacctccaga gacaattcca agaacacgct gtatctgcaa atgnacagnc 120
tgagagccga ggacacggcc gtatattact gtgcgaaatc cc 162

<210> 357
<211> 288
<212> ADN
<213> humano

<400> 357
tcctccctgt ctgcatctgt aggagacaga gtcaccatca cttgccaggc gagtcaggac 60
attagtaatt ttttaacttg gtatcagaag aagccaggga aagcccctaa agtcctgatc 120
tacgatgcat ccaatttgga aacaggggtc ccatcaaggt tcagtggaag tggttctggg 180
acagatttta ctttcaccat cgccagcctg cagcctgacg attttgcaac atattactgt 240
caacaatata atgatcaccc cctcactttc ggccctggga ccaaagtg 288

<210> 358
<211> 356
<212> ADN
<213> humano

<400> 358
atgaaactga ttacaacagg ctgtaagaat caaagtcaac tgacatctat gctacatatt 60
attatatagt ttgtactgag ctattgaagt cccattaact taaagtatat gttttcaaat 120
tgccattgct actattgctt gtcggtgtat tttattttat tgtttttgac tttggaagag 180
atgaactgtg tatttaactt aagctattgc tcttaaaacc agggatcaga atatatttgt 240
aagttaaatc attggtgcta ataataaatg tggattttgt attaaaatat atagaagcaa 300
tttctgttta catgtccttg ctacttttaa aaacttgcat ttattcctca gatttt 356

<210> 359
<211> 247
<212> ADN
<213> humano

<400> 359
catctcctgc actggaacca gcagtgacgt tggtgcttat aactatgtct cctggtacca 60
acagcaccca ggcaaagccc ccaaactcat gatttatgag gtcagtaatc ggccctcagg 120
ggtttctaat cgcttctctg gctccaagtc tggcaacacg gcctccctga ccatctctgg 180
gctccaggct gacgacgagg gtgattacta ctgcatctca tatacaagta gcaaccctct 240
cgtggtt 247

<210> 360
<211> 548
<212> ADN
<213> humano

<400> 360

tcaagtggga agagcgctgt tcaaggacca cctgagcgtg acctctgtgg ctgctacagc 60
gtgttccagt gtcctgccgg gctgtgccga gccatggaac catggggaga ccttcacttg 120
cactgctgcc caccccgagt tgaagacccc actaaccgcc aacatcacaa aatccggaaa 180
cacattccgg cccgaggtcc acctgctgcc gccgccgtcg gaggagctgg ccctgaacga 240
gctggtgacg ctgacgtgcc tggcacgtgg cttcagccca aggatgtgct ggttcgctgg 300
ctgcaggggt cacaggagct gccccgcgag aagtacctga cttgggcatc ccggcaggag 360
cccagccagg gcaccaccac cttcgctgtg accagcatac tgcgcgtggc agccgaggac 420
tggaagaagg gggacacctt ctcctgcatg gtgggccacg aggccctgcc gctggccttc 480
acacagaaga ccatcgaccg cttggcgggt aaacccaccc atgtcaatgt gtctgttgtc 540
atggcgga 548

<210> 361
<211> 257
<212> ADN
<213> humano

<400> 361
gctgtcagga ttcttcaagg agaatgaata ctgggaatca agacaggact ataccttatc 60
cataggcgca ggtgcacagg gggaggccat aaagatcaaa catgcatgga tgggtcctca 120
cgcagacaca cccacagaag gacactagcc tggcgcgcgt gcacacacac acacacacac 180
acgagttcat aatgtggtga tggccctaag ttaagcaaaa tgcttctgca cacaaaactc 240
tctggtttac ttcaaat 257

<210> 362
<211> 277
<212> ADN
<213> humano

<400> 362
gcacctgagc atgaaactcg acgcgttctt cggcatcttc tttggggccc tgggcggcct 60
cttgctgctg ggggtcggga cgttcgtggt cctgcgcttc tggggttgct ccggggccag 120
gttctcctat ttcctgaact cagctgaggc cttgccttga aggggcagct gtggcctagg 180
ctacctcaag actcacctca tccttaccgc acatttaagg cgccattgct tttgggagac 240
tggaaaaggg aaggtgactg aaggctgtca ggattct 277

<210> 363
<211> 140
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (33)..(33)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (44)..(44)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (64)..(65)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (99)..(100)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 363
catctcctgc actggaacca gcagtgacgt tgntggttat aacnatgtct cctggtacca 60
acannaccca ggcaaagccc ccaaactcat gatttatgnn gtcagtaatc ggccctcagg 120
ggtttctaat cgcttctctg 140

<210> 364
<211> 113

<212> ADN
<213> humano

<400> 364
gcgctggttc ctgcaagtgc aaagagtgca aatgcacctc ctgcaagaag agctgctgct 60
cctgctgccc cgtgggctgt agcaagtgtg cccagggctg tgtttgcaaa ggg 113

<210> 365
<211> 266
<212> ADN
<213> humano

<400> 365
aggacagagg gtcaccatct cttgctctgg aagcagctcc aacattggga agaattatgt 60
atcctggtac cagcaactcc caggaacagc ccccaaactc ctcatctata aaaataataa 120
gcgaccctca gggattcctg accgattctc tggctccaag tctggcacgt cagccaccct 180
gggcatcacc agactccaga ctggggacga ggccgattat tactgcggaa catgggatag 240
cagcctgagt ggtggccggg ggatat 266

<210> 366
<211> 434
<212> ADN
<213> humano

<400> 366
tgaggagaag tctgccgtta ctgccctgtg gggcaaggtg aacgtggatg aagttggtgg 60
tgaggccctg ggcaggctgc tggtggtcta cccttggacc cagaggttct ttgagtcctt 120
tggggatctg tccactcctg atgctgttat gggcaaccct aaggtgaagg ctcatggcaa 180
gaaagtgctc ggttctttga gtcctttggg gatctgtcca ctcctgatgc tgttatgggc 240
aaccctaagg tgaaggctca tggcaagaaa gtgctcggtg cctttagtga tggcctggct 300
cacctggaca acctcaaggg caccttgcc acactgagtg agctgcactg tgacaagctg 360
cacgtggatc ctgagaactt caggctcctg ggcaacgtgc tggtctgtgt gctggcccat 420
cactttggca aaga 434

<210> 367
<211> 273
<212> ADN
<213> humano

<400> 367
cagtgtccgg atctcctgga cagtcagtca ccatctcctg caccggaacc agcagtgatg 60
ttggtggtta taactatgtc tcctggtacc aacagcaccc aggcaaagcc cccacactca 120
tgatttatga tgtcattaag cggccctcag gggtccctga tcgcttctct ggctccaaat 180
ctggcaacac ggcctccctg accatctctg ggctccaggc tgaggatgag gctgattatt 240
attgcagctc aaatgcaggc agtttttatg tct 273

<210> 368
<211> 233
<212> ADN
<213> humano

<400> 368
tcctgcactg ggagcagctc ctacatcggg gcaggttatg atgtacactg gtaccggcaa 60
cttcccggca cagccccaa actcctcatc tatggtaaca ccgatcggcc ctcaggggtc 120
cctgaccgat tctctggctc caagtctggc atctcagcct ccctggccat cactgggctc 180
caggctgagg atgaggctga ttattactgc aagtcctatg acagcagcct gag 233

<210> 369
<211> 256
<212> ADN
<213> humano

<400> 369

gatgtgacat ccaggtgacc cagtctccat cttccctgtc tgcgtctgta ggagacagag 60
tcaccatcac ctgccgggca agtcagggca ttagcaatgg gttatcctgg tatcagcaga 120
aaccagggca agcccctacg ctcctgatct atgctgcatc cagtttgcag tcgggggtcc 180
catctcggtt cagtggcagt ggatctggga cagatttcac tctcaccatc agcagcctgc 240
agcctgaaga tgttgc 256

<210> 370
<211> 434
<212> ADN
<213> humano

<400> 370
ggtccccaca gactcagaga gaacccacca tggtgctgtc tcctgccgac aagaccaacg 60
tcaaggccgc ctggggtaag gtcggcgcgc acgctggcga gtatggtgcg gaggccctgg 120
agaggcactt cgacctgagc cacggctctg cccaagttaa gggccacggc aagaaggtgg 180
ccgacgcgct gaccaacgcc gtggcgcacg tggacgacat gcccaacgcg ctgtccgccc 240
tgagcgacct gcacgcgcac aagcttcggg tggacccggt caacttcaag ctaagccact 300
gcctgctggt gaccctggcc gcccacctcc ccgccgagtt caccccctgcg gtgcacgctt 360
ccctggacaa gttcctggct tctgtgagca ccgtgctgac ctccaaatac cgttaagctg 420
gagcctcggt agcc 434

<210> 371
<211> 270
<212> ADN
<213> humano

<400> 371
gctgccaggt gccagatgtg acatccagat gacccagtct ccatcctccc tgtctgcatc 60
tgtaggagac agagtcacca tcacttgccg ggcgagtcag ggcattagca ataatttaaa 120
ttggtatcag cagaaaccag ggaaaactcc taagctcctg atctatgctg cacccagtct 180
gcaaagtggg attccctctc ggttcagtga cagtggatct ggggcagatt acactctcac 240
catccgcagc ctgcagcctg aagattttgc 270

<210> 372
<211> 319
<212> ADN
<213> humano

<400> 372
agtcgctcca tttatcgctt gagatctcca gccttaccgc ggctcgaaat ggaccccaac 60
tgctcctgca ccactggtgt ctcctgcgcc tgcaccggct cctgcaagtg caaagagtgc 120
aaatgcacct cctgcaagaa gagctgctgc tcctgctgcc ccgtgggctg tgccaagtgt 180
gcccacggct gtgtctgcaa agggacgttg gagaactgca gctgctgtgc ctgatgtggg 240
aacagctctt ctcccagatg ttaatagaac aagctgcaca acctggattt tttttcaata 300
cgatactgag ccatttgct 319

<210> 373
<211> 434
<212> ADN
<213> humano

<400> 373
cctccagacc tccttgaaat acaatattct cccagaaaag gaagagttcc cctttgcttt 60
aggagtgcag actctgcctc aaacttgtga tgaacccaaa gcccacacca gcttccaaat 120
ctccctaagt gtcagttaca cagggagccg ctctgcctcc aacatggcga tcgttgatgt 180
gaagatggtc tctggcttca ttcccctgaa gccaacagtg aaaatgcttg aaagatctaa 240
ccatgtgagc cggacagaag tcagcagcaa ccatgtcttg atttaccttg ataaggtgtc 300
aaatcagaca ctgagcttgt tcttcacggt tctgcaagat gtcccagtaa gagatctcaa 360
accagccata gtgaaagtct atgattacta cgagacggat gagtttgcaa tcgctgagta 420
caatgctcct tgca 434

<210> 374
<211> 500
<212> ADN
<213> humano

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (77)..(77)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (181)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (207)..(207)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 374
ctattaccat tctaactttc ataaaaagtt gggatcaaga agcagctgat ttcctgccag 60
ggcttatatt agggggntga ttcttaaagg acattaggat tggtgctcag aaatggttaa 120
tcatgctgtg tgctagccag ggccagctgg taccttcttt gccatgagca ttcaagggac 180
ngctaacctt tattgacaat ctatatngca aaagtcagga aagaggttgt gagctgattg 240
gattaaagac ctggcacttc agtaactcag cacgcttcca cttcactcaa cttaagagag 300
ttcattgaca gtgttaggat gtgaaggctg ggaaacactt attttgcttc aagagttcca 360
cttggctctc ccaaataggt acctcaaaaa ctgttagcaa gcggcatttg gatgtcttga 420
caggggcttt gcagggattt ttagggtttt ttccacattg tccacattaa tggttggcat 480
gattgtgctt gcaggccaag 500

<210> 375
<211> 542
<212> ADN
<213> humano

<400> 375
gaatatgacg ttaccttgca gactaaaagg ttgaaggccc gaaactaact tttagctaac 60
aataagggct gtgccccaat ggaaactgag ttcattttct gagaaaggtt tggatgactg 120
aaatatttcc tctacagtca aggactttgg catgcggtgg ctgaaactga gctttttgt 180
gtgggctcca gttctcactg ttctgcaatg ctcatggcaa gttgaatggt gagctagctt 240
ataaattaaa gagctctgaa ctgtattcag accgactggg tatctagctt actgttttaa 300
catcattgtt gaaaccagac cctgtagtcc agtggtgctg ccctgttgtg caaactgctc 360
ctttttctcg tgtttttgta aagagcttcc atctgggctg gacccagttc ttgcacatac 420
aagacaccgc tgcagtcagc taggaccttt ccgccatgta ttctattctg tagtaaagca 480
tttccatcaa caatgcctaa ttgtatctgt tatttttggt ttaacacaca ctgattcata 540
ct 542

<210> 376
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<400> 376
ggtctacgcc tattacaacc tggaggaaag ctgtacccgg ttctaccatc cggaaaagga 60
ggatggaaag ctgaacaagc tctgccgtga tgaactgtgc cgctgtgctg aggagaattg 120
cttcatacaa aagtcggatg acaaggtcac cctggaagaa cggctggaca aggcctgtga 180
gccaggagtg gactatgtgt acaagacccg actggtcaag gttcagctgt ccaatgactt 240
tgacgagtac atcatggcca ttgagcagac catcaagtca ggctcggatg aggtgcaggt 300
tggacagcag cgcacgttca tcagccccat caagtgcaga gaagccctga agctggagga 360
gaagaaacac tacctcatgt ggggtctctc ctccgatttc tggggagaga agcccaacct 420
cagctacatc atcgggaagg acacttgggt ggagcactgg cctgaggagg acgaatgcca 480
agacgaagag aaccagaaac aatgccagga cctcggcgcc ttcaccgaga gcatggttgt 540
c 541

<210> 377
<211> 485
<212> ADN
<213> humano

<400> 377

cccctgcata tcttctcagc aataactcca tgggctctgg gaccctaccc cttccaacct 60
tccctgcttc tgagacttca atctacagcc cagctcatcc agatgcagac tacagtccct 120
gcaattgggt ctctggcagg caatagttga aggactcctg ttccgttggg gccagcacac 180
cgggatggat ggagggagag cagaggcctt tgcttctctg cctacgtccc cttagatggg 240
cagcagaggc aactcccgca tcctttgctc tgcctgtcgg tggtcagagc ggtgagcgag 300
gtgggttgga gactcagcag gctccgtgca gcccttggga acagtgagag gttgaaggtc 360
ataacgagag tgggaactca acccagatcc cgcccctcct gtcctctgtg ttcccgcgga 420
aaccaaccaa accgtgcgct gtgacccatt gctgttctct gtatcgtgat ctatcctcaa 480
caaca 485

<210> 378
<211> 512
<212> ADN
<213> humano

<400> 378
ctcttttact actgaccttt cacagagaaa aaatatttcc cttgaaaaaa actgggcttg 60
tcatttttc ccttgtagct ttaagcagag acataagtgc cttgcattac acatagtaaa 120
ctttctttaa aaaaaaaaaa aaaagatttt ggagactacc agggtaagat tccaacttgt 180
ccaaaagctt tctggcctta catattttat tataaaaatt ctcaagtctg gtaatcttct 240
atgtcagagc tagtgatttc aaaaggtttc acaattcccc aagacaaaag tgattttcgt 300
tcattataat aaggttaagt gatatgtgat tcataacaat tttgatgtga agaagggaag 360
gacatcattg acttaataat agtatcagtc ggtgcaacag ttggcaacat gtgccttcac 420
actttaccat aaagagacgg gtttgagggt ttgccttcta aagtctgcaa cttcaagaaa 480
aaaaatcgac actgtggatt gactttcccg gt 512

<210> 379
<211> 520
<212> ADN
<213> humano

<400> 379
aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat aattttaaaa atttgaatgg 60
aaggggggtaa aggaagtcat gaagtttttt tgcattttta tttaaatgaa ggaattccaa 120
ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg taaagtgtta aaatttacga 180
taagtattct attggggagg aaaggtaact ctgatctcag ttacagtttt tttttccttt 240
ttaatttcat tattttgggt ttttggtttt tgcagtccta tttatctgca gtcgtattaa 300
gtcctattgc tagaataggt tactacaaaa aaggttatat tctgaaagaa aaataactga 360
cattatatat aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa attacacact gagagcatgt 420
cctatgcaga catagatttt tctgttcatt tatttttctt cattgcagtg gattgatttg 480
ataaatagat gtgttgaatt actacatttg ctgtacatat 520

<210> 380
<211> 448
<212> ADN
<213> humano

<400> 380
ggagctagcc ttgtttttg catctttctc actcccatac atttatatta tatccccact 60
aaatttcttg ttcctcattc ttcaaatgtg ggccagttgt ggctcaaatc ctctatattt 120
ttagccaatg gcaatcaaat tctttcagct cctttgtttc atacggaact ccagatcctg 180
agtaatcctt ttagagcccg aagagtcaaa accctcaatg ttccctcctg ctctcctgcc 240
ccatgtcaac aaatttcagg ctaaggatgc cccagaccca gggctctaac cttgtatgcg 300
ggcaggccca gggagcaggc agcagtgttc ttcccctcag agtgacttgg ggagggagaa 360
ataggaggag acgtccagct ctgtcctctc ttcctcactc ctcccttcag tgtcctgagg 420
aacaggactt tctccacatt gttttgta 448

<210> 381
<211> 547
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (159)..(159)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (240)..(240)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (299) .. (299)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (312)..(312)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 381
gcgggtcttg ctggctaaaa tgcccaggta aagggttggt tggacacagc gcttagtgca 60
cgctgtcatc atggacatca taatcagttg tgaaaaacac gcgaacctat gacacttctt 120
attccacact gaatgtgaaa ttgcatgttc agatgtttna ctacgaggcc tggctcacag 180
gaagtgttca gtaaaagtat gcactgttag attactgata acgcggatag atttttgttn 240
accataaatt gttccagatt tatattaatg gaaggaagtg tgcatttatt agctattant 300
caactttaca angcaaacat cttatttctc atctttaaac atgtcgacca gtttaattga 360
aaagtattct gagactgcaa aatggggtgt taaaaaatac tgcagttacg gagctgtgta 420
aaccagtttc tcattgcata agatacagat gtaaattgca tggagaggtt gatatgcacc 480
tgtacagtaa ttcactcccc catttcactt ctttgtcaga gaatagttct tgttcatact 540
gagtgtt 547

<210> 382
<211> 425
<212> ADN
<213> humano

<400> 382
gcatccgagg ggagccgccg gatgtggaag aagactcggc tttcctgcag ccatttagtg 60
ccgccccatg ctaggttatt tgacattgtg cagtgtagag ttgccttaaa gtgcgtgatc 120
tgccagtgct ttcttcaagt cacccttgcc ccgattcctc atgtttgcgc tccccagggt 180
tgctcaagtg gaaattttgt cagctgttta gccttttcgt acttggcgtg atgtcaactt 240
cacttctaat ctgcaaaagc agaagctgtt tcctagttta cctcgcgtgt gtttacctat 300
atggagtagc tcgcagagat cacagaaatg cttgcagcct aaggcagggt tttcagaccg 360
tgggtcccag cccatttagt aaaatgggaa atcaattagc aagtggtcac cagcattaca 420
cagca 425

<210> 383
<211> 551
<212> ADN
<213> humano

<400> 383
tatacagttt aataagcctc ttgcaagtta cttgttctct cacctgaggt atttttttcc 60
tccccacctt gcccctgttc ctcccttcct cttctccctt tgcaagagga aatatttaac 120
atatttgggt ccaacttcaa taatgtaata attaatacat taaaagcatt taacttcctt 180
tctagaaaaa tgcacaggct aaggcataga caaaacaaag agaaatgctg agaaatttgc 240
cactggagac aagcaatctg aataaatatt tgccaaaagt tctttttatg tcatatagtg 300
tcaggatttg aaggagctat ttttttttaat gttgcaacta gcaactcatc ttcggaagac 360
acagccagga gaatgaagta gaagtgaaag gtttataaat ccatttgtaa gcatttatcc 420
catatatttt aaattcaaga aaaattgtgt ttatctttag aattttgtat tcaatacttt 480
atgtactatg tgactcatgc ttctggataa ataaagcacc aaatatgtat ctgtaaccac 540
aatcacacat a 551

<210> 384
<211> 468
<212> ADN
<213> humano

<400> 384

ggcttgatgt agactggctt gctttgattt ttagtgaagg gaatgtacgt aaaacaaaat 60
agggcttggc tggtcaaagg agacaagcag gatggatgga tggatggatg aatagataga 120
tggtgtttgc atgtaaattg cagagaaaac aaaaccaaag ctgattggaa acaattaatt 180
gtgggtgtct gaggggggaag gtcgcagctt tgggcagctt tgagaagcgg tacaagagct 240
ctgtgcctgt gtgtccagcc ctggagccag ccagtgcatt tattttaagc tcttagaagc 300
aactccttgg cccaggaatg cgtgacccct gagatgggtc cacgcatctc tctacacgtc 360
cttctctccg tgggatactg gactcgtgcc tctgcgccca ttctcttctc acgcatatcc 420
atgagcttta atttcacttt ctgatcacgg tacgtccata aagccagt 468

<210> 385
<211> 355
<212> ADN
<213> humano

<400> 385
ggagatgact taagttggca gcagtaatct tcttttagga gcttgtacca cagtcttgca 60
cataagtgca gatttgcccc aagtaaagag aatttcctca acactaactt cacggggata 120
atcaccacgt aactaccctt aaagcatatc actagccaaa gaggggaata tctgttcttc 180
ttactgtgcc tatattaaga ctagtacaaa tgtggtgtgt cttccaactt tcattgaaaa 240
tgccatatct ataccatatt ttattcgagt cactgatgat gtaatgatat atttttcat 300
tattatagta gaatattttt atggcaagag atttgtggtc ttgatcatac ctatt 355

<210> 386
<211> 551
<212> ADN
<213> humano

<400> 386
gaagctgaca caccgtatgt tgttagagtc ttttatctgg tcaggggaaa caaaatcttg 60
acccagctga acatgtcttc ctgagtcagt gcctgaatct ttatttttta aattgaatgt 120
tccttaaagg ttaacatttc taaagcaata ttaagaaaga ctttaaatgt tattttggaa 180
gacttacgat gcatgtatac aaacgaatag cagataatga tgactagttc acacataaag 240
tccttttaag gagaaaatct aaaatgaaaa gtggataaac agaacattta taagtgatca 300
gttaatgcct aagagtgaaa gtagttctat tgacattcct caagatattt aatatcaact 360
gcattatgta ttatgtctgc ttaaatcatt taaaaacggc aaagaattat atagactatg 420
aggtaccttg ctgtgtagga ggatgaaagg ggagttgata gtctcataaa actaatttgg 480
cttcaagttt catgaatctg taactagaat ttaattttca ccccaataat gttctatata 540
gcctttgcta a 551

<210> 387
<211> 433
<212> ADN
<213> humano

<400> 387
gttcaaaata tttccaagcc tgagtattgt ctattggtat agatttttag aaatcaataa 60
ttgattattt atttgcactt attacaatgc ctgaaaaagt gcaccacatg gatgttaagt 120
agaaattcaa gaaagtaaga tgtcttcagc aactcagtaa aaccttacgc caccttttgg 180
tttgtaagag gtttttttata catttcaaac aggttgcaca aaagttaaaa taatggggtc 240
ttttataaat ccaaagtact gtgaaaacat tttacatatt ttttaaatct tctgactaat 300
gctaaaacgt aatctaatta aatttcatac agttactgca gtaagcatta ggaagtgaat 360
atgatataca aaatagttta taaagactct atagtttcta taatttattt tactggcaaa 420
tgtcatgcaa caa 433

<210> 388
<211> 493
<212> ADN
<213> humano

<400> 388
ggcagcccac aagtttctcg tggggagatg gaggcagagc ccagggtagg ggacagagct 60
gctggggcct ttccttgcct gggaatctgt cccaggaaga gcttccccac tcccatcccc 120
caaattggaa aaaccgtaca ttcaagcctg tttggccctg aaattcttaa gaatctggtt 180
aagaattaac tcactaatgt caaaagtcaa aacctcctag gggttgtcct gggagtcagg 240
ttcacgggta cagaagatga atctcagatg tcactcaacc tgagccgtca ttctctgtgg 300
cagggctgcc ctgggtttct cttactcaat ccctggagtg taagcatttg gattgtgtca 360
cagattacct ttttaccttt tctttctttt tttttctttt tttcaatatc agtgcccaca 420

ccttactgag tattgagttt tagagctttc gcttgatgtg cttgaccaag agacttcttt 480
tgtatccttt tct 493

<210> 389
<211> 473
<212> ADN
<213> humano

<400> 389
tcaagtgcgt tctttagacc aatgcattgc gtttctttcc ctgcttttga gatagtagga 60
agagttcttg gtggtgtccc ccccttcaa ttcttcagtt gtatagtagt tatagggaag 120
atatgggtgt ttttctttat tattactttt ttttttctgc aggtcagtaa aaggatttaa 180
gttgcactga caaaaatacc aaaataaaag tgtattttta agttcccatt tgaaattgct 240
ggcgctgctg gccggatgca tttttgagtt tgtattagtt gataaattaa cagtaataac 300
aagattgtat gaaccgcatg gtgcttgcag ttttaaatat tgtggatatt tgtcctgcat 360
cagaaacgag ctttggtttt tacagattca actgtgttga aatcaaacct gccgcaacag 420
aaattgtttt tatttcatgt aaaataaggg atcaatttca aaccctgctt atg 473

<210> 390
<211> 495
<212> ADN
<213> humano

<400> 390
cctcctgcct ctggatttta ggtgttgatt tctggatcac gggataccac ttcctgtcca 60
caccccgacc aggggctaga aaatttgttt gagattttta tatcatcttg tcaaattgct 120
tcagttgtaa atgtgaaaaa tgggctgggg aaaggaggtg gtgtccctaa ttgttttact 180
tgttaacttg ttcttgtgcc cctgggcact tggcctttgt ctgctctcag tgtcttccct 240
ttgacatggg aaaggagttg tggccaaaat ccccatcttc ttgcacctca acgtctgtgg 300
ctcagggctg gggtggcaga gggaggcctt caccttatat ctgtgttgtt atccagggct 360
ccagacttcc tcctctgcct gccccactgc accctctccc ccttatctat ctccttctcg 420
gctccccagc ccagtcttgg cttcttgtcc cctcctgggg tcatccctcc actctgactc 480
tgactatggc agcag 495

<210> 391
<211> 482
<212> ADN
<213> humano

<400> 391
ggcatgtgtg actgtttcag cgactgcgga gtctgtctct gtggcacatt ttgtttcccg 60
tgccttgggt gtcaagttgc agctgatatg aatgaatgct gtctgtgtgg aacaagcgtc 120
gcaatgagga ctctctacag gacccgatat ggcatccctg gatctatttg tgatgactat 180
atggcaactc tttgctgtcc tcattgtact ctttgccaaa tcaagagaga tatcaacaga 240
aggagagcca tgcgtacttt ctaaaaactg atggtgaaaa gctcttaccg aagcaacaaa 300
attcagcaga cacctcttca gcttgagttc ttcaccatct tttgcaactg aaatatgatg 360
gatatgctta agtacaactg atggcatgaa aaaaatcaaa tttttgattt attataaatg 420
aatgttgtcc ctgaacttag ctaaatggtg caacttagtt tctccttgct ttcatattat 480
cg 482

<210> 392
<211> 566
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (124)..(124)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 392
agagaatgcc cttctcctta ttgtaaccct gtctggatcc tatcctccta cctccaaagc 60
ttcccacggc ctttctagcc tggctatgtc ctaataatat cccactggga gaaaggagtt 120
ttgncaaagt gcaaggacct aaaacatctc atcagtatcc agtggtaaaa aggcctcctg 180
gctgtctgag gctaggtggg ttgaaagcca aggagtcact gagaccaagg ctttctctac 240
tgattccgca gctcagaccc tttcttcagc tctgaaagag aaacacgtat cccacctgac 300

atgtccttct gagcccggta agagcaaaag aatggcagaa aagtttagcc cctgaaagcc 360
atggagattc tcataacttg agacctaatc tctgtaaagc taaaataaag aaatagaaca 420
aggctgagga tacgacagta cactgtcagc agggactgta aacacagaca gggtcaaagt 480
gttttctctg aacacattga gttggaatca ctgtttagaa cacacacact tacttttct 540
ggtctctacc actgctgata ttttct 566

<210> 393
<211> 489
<212> ADN
<213> humano

<400> 393
attaccttat catgtcttag agcccgtctt tatgtttaaa actaatttct taaaataaag 60
ccttcagtaa atgttcatta ccaacttgat aaatgctact cataagagct ggtttggggc 120
tatagcatat gctttttttt ttttaattat tacctgattt aaaaatctct gtaaaaacgt 180
gtagtgtttc ataaaatctg taactcgcat tttaatgatc cgctattata agcttttaat 240
agcatgaaaa ttgttaggct atataacatt gccacttcaa ctctaaggaa tatttttgag 300
atatcccttt ggaagacctt gcttggaaga gcctggacac taacaattct acaccaaatt 360
gtctcttcaa atacgtatgg actggataac tctgagaaac acatctagta taactgaata 420
agcagagcat caaattaaac agacagaaac cgaaagctct atataaatgc tcagagttct 480
ttatgtatt 489

<210> 394
<211> 506
<212> ADN
<213> humano

<400> 394
atggggctgg ggacttgaat tggatgcttc aaaaccatca cctgttggcc aacaagtttg 60
acccaaaggt agatgataat gctcttcagt gcttagaaga atacctacgt tataaggcca 120
tctatgggac tgaactttga gacacactat gagagcgttg ctacctgtgg ggcaagagca 180
tgtacaaaca tgctcagaac ttgctgggac agtgtgggtg ggagaccagg gctttgcaat 240
tcgtggcatc ctttaggata agagggctgc tattagattg tgggtaagta gatcttttgc 300
cttgcaaatt gctgcctggg tgaatgctgc ttgttctctc acccctaacc ctagtagttc 360
ctccactaac tttctcacta agtgagaatg agaactgctg tgatagggag agtgaaggag 420
ggatatgtgg tagagcactt gatttcagtt gaatgcctgc tggtagcttt tccattctgt 480
ggagctgccg ttcctaataa ttccag 506

<210> 395
<211> 315
<212> ADN
<213> humano

<400> 395
ggaattcttc tcttacttca ataaaatggg ttttaacata actttaaatt cagttaaata 60
tacaatattg aatacctata gttgactttg ggatggggac tttttcaagt cattaagagt 120
gtttgtttaa ggtgatctca ttgatggtag ttctcagccg tctcaaaaac tgcaagctaa 180
tcagtcagac attctttaat gaccccaatt ttttcacttt aattgttacc atgttttcta 240
tttttactga tttttgctaa agcatgtaag agtgaattta ttatagcagt aatcttgtgt 300
ttctcctgat gtgca 315

<210> 396
<211> 331
<212> ADN
<213> humano

<400> 396
atcaacacat ttagcttggc gttttattca ttccatcacc cttactgtaa ctactatggc 60
aactcaaata attgtcatgg gactatgtcc atcttaatgg gtctggatgg catggtgctc 120
ctcttaagtg tgctggaatt ctgcattgct gtgtccctct ctgcctttgg atgtaaagtg 180
ctctgttgta cccctggtgg ggttgtgtta attctgccat cacattctca catggcagaa 240
acagcatctc ccacaccact taatgaggtt tgaggccacc caaagatcaa cagacaaatg 300
ctccagaaat ctatgctgac tgtgacacaa g 331

<210> 397
<211> 449
<212> ADN
<213> humano

<400> 397
catctctcag gaggtgggct gtccaccaaa atgagcattc agggctgcgt ggcccaacct 60
tccagcttct tgttgaacca caccagacaa atcgggatct tctctgcgcg tgagaagcgt 120
gatgtgcagc ctcctgcctc tcagcatgag ggaggtgggg ctgagggcct ggagtctctc 180
acttgggggg tggggctggc actggcccca gcgctgtggt ggggagtggt ttgcccttcc 240
tgctaactct attaccccca cgattcttca ccgctgctga ccacccacac tcaacctccc 300
tctgacctca taacctaatg gccttggaca ccagattctt tcccattctg tccatgaatc 360
atcttcccca cacacaatca ttcatatcta ctcacctaac agcaacactg gggagagcct 420
ggagcatccg gacttgccct atgggagag 449

<210> 398
<211> 483
<212> ADN
<213> humano

<400> 398
tccttgtcca caagcactat ggcccccggc tcaagtgctg ctctggcaaa gctccggagc 60
cccagcccca aggctttgac aaccaggcgt tcctccctga ccacaaggcc aactgggcgc 120
ccgtccccag ccccacgcac gaccccaagc ccgcggaggc accgatgccc gcagagcccg 180
cacccccccgg ccctgcctcc ccaggcggtg cccctgagcc ccccgcagcg gcccgagctg 240
gcggaagccc cacggcggtg aggtccatcc tgaccaagga gcggcggcca gagggcgggt 300
acaaggctgt ctggtttggc gaggacatcg ggacggaggc agacgtggtc gttctcaacg 360
cgcccaccct ggacgtggat ggcgccagtg actccggcag cggcgatgag ggcgagggcg 420
cggggagggg tgggggtccc tacgatgcgc ccggtggtga tgactcctac atctaagtgg 480
ccc 483

<210> 399
<211> 241
<212> ADN
<213> humano

<400> 399
accatcgctg gtggtatccc agggtccctg ctcaagtttt ctttgaaaag gagggctgga 60
atggtacatc acataggcaa gtcctgccct gtatttaggc tttgcctgct tggtgtgatg 120
taagggaaat tgaaagactt gcccattcaa aatgatcttt accgtggcct gccccatgct 180
tatggtcccc agcatttaca gtaacttgtg aatgttaagt atcatctctt atctaaatat 240
t 241

<210> 400
<211> 470
<212> ADN
<213> humano

<400> 400
gaatactcat aattcttatc tctataatca aaagtataat ttactgtaga aaaataaaga 60
gatgcttgtt ctgaaagtaa gatcagtgaa ctgcttttca gtctcaatct ttgagaattg 120
taaattcatc aaataattgc ttacatagta aaaatttaag gtattagaaa acctgcataa 180
caaatagtat tatatattaa atattttgat atgtaaagct ctacacaaag ctaaatatag 240
tgtaataatg tttacactaa taagcaaata tgttaatctt ctcatttttt tactgtcata 300
taatcttagt gatatgccta ttaatagttt taaataaata aattggctca tctggctttt 360
tgaaaatttt gaaattctta cagatgttga ttaggtatat ctacaaatta atttcaattt 420
taaaatgatg atataaaaat aaatataagt atttttcttg tgtatgtata 470

<210> 401
<211> 488
<212> ADN
<213> humano

<400> 401
agtaactttg tttatccctc aagcaaatcc tgatgacatt gatcctactc ctactcctac 60
tcctactcct gataaaagtc ataattctgg agttaatatt tctacgctgg tattgtctgt 120
gattgggtct gttgtaattg ttaactttat tttaagtacc accatttgaa ccttaacgaa 180
gaaaaaaatc ttcaagtaga cctagaagag agttttaaaa aacaaaacaa tgtaagtaaa 240
ggatatttct gaatcttaaa attcatccca tgtgtgatca taaactcata aaaataattt 300
taagatgtcg gaaaaggata ctttgattaa ataaaaacac tcatggatat gtaaaaactg 360
tcaagattaa aatttaatag tttcatttat ttgttatttt atttgtaaga aatagtgatg 420

aacaaagatc ctttttcata ctgatacctg gttgtatatt atttgatgca acagttttct 480
gaaatgat 488

<210> 402
<211> 407
<212> ADN
<213> humano

<400> 402
ttccacttct attccacgga gaaaaaaatt gatttgtgtc acagaagttt ttatggaaac 60
tagcaccatg tctacagaaa ctgaaccatt tgttgaaaat aaagcagcat tcaagaatga 120

agctgctggg tttggaggtg tccccacggc tctgctagtg cttgctctcc tcttctttgg 180
tgctgcagct ggtcttggat tttgctatgt caaaaggtat gtgaaggcct tccctttac 240
aaacaagaat cagcagaagg aaatgatcga aaccaaagta gtaaaggagg agaaggccaa 300
tgatagcaac cctaatgagg aatcaaagaa aactgataaa aacccagaag agtccaagag 360
tccaagcaaa actaccgtgc gatgcctgga agctgaagtt tagatga 407

<210> 403
<211> 120
<212> ADN
<213> humano

<400> 403
ctcaactcgg ccatcacata tcgaattacc aaccactcac acttccggat ggagggagag 60
gttgtgctga ccaccaccac actggcacag gcgggagcct tctacgcaga ggttgaggcc 120

<210> 404
<211> 321
<212> ADN
<213> humano

<400> 404
tccattacca agagctcatg ccacccggtt cctgcatgcc agaggagccc aagccaaaga 60
ggggaagacg atcgtggccc cggaaaagga ccgccaccca cacttgtgat tacgcgggct 120
gcggcaaaac ctacacaaag agttcccatc tcaaggcaca cctgcgaacc cacacaggtg 180
agaaacctta ccactgtgac tgggacggct gtggatggaa attcgcccgc tcagatgaac 240
tgaccaggca ctaccgtaaa cacacggggc accgcccgtt ccagtgccaa aaatgcgacc 300
gagcattttc caggtcggac c 321

<210> 405
<211> 531
<212> ADN
<213> humano

<400> 405
aaaacccatt ctttcagtta catctactaa gagctcgtag ttcaataaca ttccaaagaa 60
cgtagtttgg aaaacactgg cctatcggct gtaataggaa gggtctaaag aaaattattt 120
gctgagtcct cataatcaat tggctataat cacaatttaa taatttatca atgcaaacag 180
tacattaaaa actgtagcac aatctataat ttttaccttc atatgcagag aaattaagaa 240
tttacatctt ttacaaatat gtgtatctct gaaataatga aatatattga tgggtgaaat 300
aatatttctg gtattttctt cattataaca cgtggaatgg gacagtggct agaggtatgg 360
atggagcaag gtcaaatatg agctgatgga gctgggcgct aaataagggt ataatatgct 420
acttctgtgt atgttgtgta tggtatagta tgctatttct gtgtatgttc aaattgttta 480
tgtatataat aaagttttaa aaatttgtat gtacttgaca attccttaga a 531

<210> 406
<211> 533
<212> ADN
<213> humano

<400> 406
agaggagaca ctttggcgtt cttcaagcag aactgaggct gcgaaaaatc caagtctcta 60
cagagacact gatgaagttg aaagggtaat tgttttcca tgccaaatga ggaaatcaaa 120
ttaatgagtt gacaaacttt tcctgagatg ttatttcatc tacatttagt taaacaactt 180
agaatgatat ctagaaaata tttattttca gccaggaact ttagcaaact gtggcaatga 240
tcactgggaa tgaaaacgta taatgttcta caatttttgt tatcacattg gatgactttg 300
aatatagtag tgacacttgg gaccaaataa attattttat atgactacta gaacaaagtt 360

ttagtaagct gtctgctaat agagtcagaa ttcttccaga ttgtttccag ctgtaacagg 420
tattgaattt ccaccgtgct cctatgtaac agctgggtgg tgtaaaaaat gaacttcaaa 480
ttatggagtg gaagaagcgt aatgttaata tcttgtaaat tcgtattccc tat 533

<210> 407
<211> 394
<212> ADN
<213> humano

<400> 407
cattttccag gatctcagtg tgagtatcat tgatgcctgg gatataacaa ttgcatatgg 60
cacaaataat gtacacccac ctcaacatgt agtcggaaat cagattaata tattattaaa 120
ctatatttgt taaataacac aaaagtctga aattcattca cttaagtaaa aaaatttatt 180
gactgtctac tagcaggcca gatgctgtgt ttggctctga attcccaact agcaagagca 240
gagaatctac attatggctg atccataagc caccaattca gctaaatgag atgtttctaa 300
tctgggcttc cacttaaaaa taaaactaaa aatactcatg aaaagagcct acccttcttg 360
atcagagcca tacccctctt caccaatggg aagt 394

<210> 408
<211> 478
<212> ADN
<213> humano

<400> 408
ggtattttag tctagtttta tatgaacggt tgtatcaggg taaccaactc gatttgggat 60
gaatcttagg gcaccaaaga ctaagacagt atctttaaga ttgctaggga aaagggccct 120
atgtgtcagg cctctgagcc caagccaagc atcgcatccc ctgtgatttg cacgtataca 180
tccagatggc ctaaagtaac tgaagatcca caaaagaagt aaaaatagcc ttaactgatg 240
acattccacc attgtgattt gttcctgccc caccctaact gatcaatgta ctttgtaatc 300
tcccccaccc ttaagaaggt actttgtaat cttccccacc cttaagaagg ttctttgtaa 360
ttctccccac ccttgagaat gtactttgtg agatccaccc tgcccacaaa acattgctct 420
taacttcacc gcctaaccca aaacctataa gaactaatga taatccatca cccttcgc 478

<210> 409
<211> 487
<212> ADN
<213> humano

<400> 409
gctggccaag actactgggc cgtgctttct ggaaaaggca tttcagccac gctgatgatc 60
ttctccctct tggagttctt cgtagcttgt gccacagccc attttgccaa ccaagcaaac 120
accacaacca atatgtctgt cctggttatt ccaaatatgt atgaaagcaa ccctgtgaca 180
ccagcgtctt cttcagctcc tcccagatgc aacaactact cagctaatgc ccctaaatag 240
taaaagaaaa aggggtatca gtctaatctc atggagaaaa actacttgca aaaacttctt 300
aagaagatgt cttttattgt ctacaatgat ttctagtctt taaaaactgt gtttgagatt 360
tgtttttagg ttggtcgcta atgatggctg tatctccctt cactgtctct tcctacatta 420
ccactactac atgctggcaa aggtgaagga tcagaggact gaaaaatgat tctgcaactc 480
tcttaaa 487

<210> 410
<211> 313
<212> ADN
<213> humano

<400> 410
agcccaccag caggagcttg gagtttgggg agtggggatg agtccgtcaa gcacaactgt 60
tctctgagtg gaaccaaaga agcaaggagc taggaccccc agtcctgccc cccaggagca 120
caagcagggt cccctcagtc aaggcagtgg gatgggcggc tgaggaacgg ggcaggcaag 180
gtcactgctc agtcacgtcc acgggggacg agccgtgggt tctgctgagt aggtggagct 240
cattgctttc tccaagcttg gaactgtttt gaaagataac acagagggaa agggagagcc 300
acctggtact tgt 313

<210> 411
<211> 325
<212> ADN
<213> humano

<400> 411
gccactatct tgaagaaggt gcacagtgcc ctgctcctct ttcctatgtc cccagaattc 60
tcttagggtt ctcagatgcc atgactttca aggagagagt acggaaccac atcatgcact 120
tggaggaaca tttattttgc cagtattttt ccaaaaatgc cctagaaata gcctctgaaa 180
ttctccaaac acctgtcaca gcatatgatc tctacagcca cacatcaatt tggttgttgc 240
gaacagactt tgttttggac tatcccaaac ccgtgatgcc caatatgatc ttcattggtg 300
gtatcaactg ccatcaggga aagcc 325

<210> 412
<211> 284
<212> ADN
<213> humano

<400> 412
ctttatcatc cccacaaaca ttttgaaact ggaatatttg tcttcagaaa atggaaacaa 60
gactataaat gataagccct gtccctagca ccacctctcc tgtgtgtgga atagaggccc 120
ctcgtgctac caacacttac cctgtgttta aaaagatctt gtaccaagcc aacggcgttc 180
ctggctctcc tgcccacagg atgaacattt tcggcttcct taggagtttt gccctaccgt 240
attccaaagc gtgtgctggt ttctcatatt gtctgtaggc tcac 284

<210> 413
<211> 539
<212> ADN
<213> humano

<400> 413
gtgaggctca gtcagaacct ccaccctccc ccacaccaaa gacaggggca gcgtagtatt 60
caaaccagta ttgtggtggg gaataattgt atacatgtaa attatcaagc cctatgagtg 120
gaagaatttt ttcaaattat ttttgtctct ctatatattg atttatatta tgtataacta 180
tctctttata taaactatat ataattatat atatataact atataattat atatatataa 240
ctatatatat aactatatat atgtatcccc tagtattgga tcatgaagag ctcttcatgc 300
attctttgca aaggaggtta taaagttacg ccctcagaac atttataact ataagaatgt 360

gccagttaaa gtgctcaaca ggaaatatga cagtttaaaa gcattgtaaa actcacatag 420
cttacttctc tctctaaagt gcaacaagga tgaatagaat gggccaaggt atgacaatta 480
atggttctgc atgacctagc cactgctggg ggttttcttc tataacgttg tccttgtga 539

<210> 414
<211> 511
<212> ADN
<213> humano

<400> 414
gggacttaac atttcacgtt gtatcttact tgcagtgaat gcaagggtta cttttctctg 60
gggacctccc ccatcaccca ggttcctact ctgggctccc gattcccatg gctcccaaac 120
catgccgcat ggtttggtta atgaaaccca gtagctaacc ccactgtgct tccacatgcc 180
tggcctaaaa tgggtgatat acaggtctta tatccccata tggaatttat ccatcaacca 240
cataaaaaca aacagtgcct tctgccctct gcccagatgt gtccagcacg ttctcaaagt 300
ttccacatta gcactcccta aggacgctgg gagcctgtca gtttatgatc tgacctaggt 360
ccccccttc ttctgtcccc tgtttttaag tccggatttt tacagaagga actgtctcca 420
gacagctcat caaggaacca agcaaaggcc agatagcctg acagataggc tagtggtaat 480
tgtgtatatg ggcgggacgt gtgtgtcatt a 511

<210> 415
<211> 316
<212> ADN
<213> humano

<400> 415
cctctgtcct caaatgtcca aaatgttgga ggacctctgt tcatatccca cgcctgggct 60
cttgccagca gtggagttac tgtagaggga tgtcccaagc ttgttttcca atcagtgtta 120
agctgtttga aactctcctg tgtctgtgtt ttgtttgtgc gtgtgtgtga gagcacatca 180
gtgtgtgcag gctgtgtttc cccatttctc tcctcccttc agacccatca ttgagaacaa 240
atgtaagaaa tcccttccca ccaccctccc tgcctcccag gccctctgcg ggggaaacaa 300
gatcacccag catcct 316

<210> 416
<211> 149

<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (55)..(55)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 416
atattttgta tcatcgtgcc tatagccgct gccaccgtgt ataaatcctg gtgtntgctc 60
cttatcctgg acatgaatgt attgtacact gacgcgtccc cactcctgta cagctgcttt 120
gtttctttgc aatgcattgt atggcttta 149

<210> 417
<211> 523
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (29) .. (29)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 417
atccgacttg aatattcctg gacttacana atgccaaggg ggtgactgga agttgtggat 60
atcagggtat aaattatatc cgtgagttgg gggagggaag accagaattc ccttgaattg 120
tgtattgatg caatataagc ataaaagatc accttgtatt ctctttacct tctaaaagcc 180
attattatga tgttagaaga agaggaagaa attcaggtac agaaaacatg tttaaatagc 240
ctaaatgatg gtgcttggtg agtcttggtt ctaaaggtac caaacaagga agccaaagtt 300
ttcaaactgc tgcatacttt gacaaggaaa atctatattt gtcttccgat caacatttat 360
gacctaagtc aggtaatata cctggtttac ttctttagca tttttatgca gacagtctgt 420
tatgcactgt ggtttcagat gtgcaataat ttgtacaatg gtttattccc aagtatgcct 480
taagcagaac aaatgtgttt ttctatatag ttccttgcct taa 523

<210> 418
<211> 576
<212> ADN
<213> humano

<400> 418
ccaatcctga aggtactccc tgtttgctgc agaatgtcag atattttgga tgttgcataa 60
gagtcctatt tgccccagtt aattcaactt ttgtctgcct gttttgtgga ctggctggct 120
ctgttagaac tctgtccaaa aagtgcatgg aatataactt gtaaagcttc ccacaattga 180
caatatatat gcatgtgttt aaaccaaatc cagaaagctt aaacaataga gctgcataat 240
agtatttatt aaagaatcac aactgtaaac atgagaataa cttaaggatt ctagtttagt 300
tttttgtaat tgcaaattat atttttgctg ctgatatatt agaataattt ttaaatgtca 360
tcttgaaata gaaatatgta ttttaagcac tcacgcaaag gtaaatgaac acgttttaaa 420
tgtgtgtgtt gctaattttt tccataagaa ttgtaaacat tgaactgaac aaattaccta 480
taatggattt ggttaatgac ttatgagcaa gctggtttgg ccagacagta tacccaaact 540
tttatataat atacagaagg ctatcacact tgtgaa 576

<210> 419
<211> 323
<212> ADN
<213> humano

<400> 419
tcgactctgc tgctcatggg aagaacagaa ttgctcctgc atgcaactaa ttcaataaaa 60
ctgtcttgtg agctgatcgc ttggagggtc ctctttttat gttgagttgc tgcttcccgg 120
catgccttca ttttgctatg gggggcaggc agggggggatg gaaaataagt agaaacaaaa 180
aagcagtggc taagatggta tagggactgt cataccagtg aagaataaaa gggtgaagaa 240
taaaagggat atgatgacaa ggttgatcca cttcaagaat tgcttgcttt caggaagaga 300
gatgtgtttc aacaagccaa cta 323

<210> 420
<211> 448
<212> ADN
<213> humano

<400> 420
aataacgcaa atggcttcct ctttcctttt tttggaccat ctcagtcttt atttgtgtaa 60
ttcattttga ggaaaaaaca actccatgta tttattcaag tgcattaaag tctacaatgg 120
aaaaaaagca gtgaagcatt agatgctggt aaaagctaga ggagacacaa tgagcttagt 180
acctccaatt tcctttcttt cctaccatgt aaccctgctt tgggaatatg gatgtaaaga 240
agtaacttgt gtctcatgaa aatcagtaca atcacacaag gaggatgaaa cgccggaaca 300
aaaatgaggt gtgtagaaca gggtcccaca ggtttgggga cattgagatc acttgtcttg 360
tggtggggag gctgctgagg ggtagcaggt ccatctccag cagctggtcc aacagtcgta 420
tcctggtgaa tgtctgttca gctcttct 448

<210> 421
<211> 477
<212> ADN
<213> humano

<400> 421
tcaaatggaa cctgccctct aaagcacttt ctttccttta cttgcgtggt ttcatgtaag 60
ctgtgctgtt tagaaacaac atctcagact ttacaaagaa atgacaaaga aggcaattgc 120
acttttaag ggatatcgac aagcagtttc tgttttctaa aggacaaaat acagagtgtg 180
tgtcattttt aattagattc tttcccctgc tgagttggaa attccagtgc agcactgatt 240
gaccacagtt gccaatctaa aagcacaaag acagaagtaa agctttatgc taattttatt 300
tcaatatgat agaaaattta tcttggtatg tccttttta gataactcca gcaggaaact 360
gtaactgcta tgtctttagg aaaacgtaga agaaagaaca ttattattct ttaattccta 420
caaggtactt gaaaacctta agtgaaaaag atttctatct ttttatcttg gcgcatt 477

<210> 422
<211> 577
<212> ADN
<213> humano

<400> 422
tgccactaat tcattcacac taaggtgtaa atgattgata ataggaatga gttacctctt 60
cccacagaca tttgttttta agtatgacag agcagggcct taatcccaag ggaaaaggtt 120
atggaactgg agggggtgag ctttctgggt agaaggagac ttcctgaatt tccttaaaac 180
ccagtaagag taagacctgt tgttttggaa ggtctgctcc accatctaag agcactgttt 240
ttttttttt gttgttgttg ttgttttacg gtctctgagg gaatatagta aaaatgcata 300
tgcacgtgca atttgcacgg cagcatttca ccgattgtgg actgtattgg ctaatgtgtt 360
tcctggtctt tagatgcaaa ccattaataa cactatctta tctcatagtt ttttcagggg 420
tgcttcttga ttagtaggga attttgaaca cctctttaaa tacagctaga aaataaaacc 480
aatttgtaaa gccacatttg catatgatgc cagcctcacg catttgtata tctccagaaa 540
ttcaggtatg cctcaccaat ttgcccgtct ttaataa 577

<210> 423
<211> 544
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (46).. (46)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (64)..(64)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (66)..(66)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (97)..(97)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 423
taaactaacc cttacattcc atgtgatgtg atgtaggctt ataagntgct aaaatctata 60
ggtntnggaa gtgaaagatt ctatttttc ttttttngta cataatggga atttcattcc 120
agattatatt ttatttacat attaatttca cagaatatta atatttctta acttcttaaa 180
gcatgctagc gttttatgta tatgtacaca tatattcaga cagggtaatt ttatctgctg 240
cctaacattg tactaaaata ttgctttatc tgtttttaat tacaaaatgc taatgatttc 300
ttaaattata gtttaaagac aattggccca ggaagcaaat cccctgcctt tagtatgaac 360
cactataagt aaccttacaa atagagttaa tccaagacaa tattaacaaa ctgtgctttg 420
tctttaataa aagggatagg attaacaaac atattgatgg cataacctat tcagctatgt 480
ccttattttt gcaataatgt aacctcaaat attggattgt tgaaccaaca atggctgtgt 540
taaa 544

<210> 424
<211> 512
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (79) .. (79)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 424
tttatgatga ctcagtggtg ccagagtaaa gtttctaaaa taacattcct ctcacttgta 60
ccccactaaa agtattagnc tacacattac attgaagtta aacacaaaat tatcagtgtt 120
ttagaaacat gagtccggac tgtgtaagta aaagtacaaa cattatttcc accataaagt 180
atgtattgaa atcaagttgt ctctgtgtac agaatacata cttattccca tttttaagca 240
tttgcttctg ttttccctac ctagaatgtc agatgttttt cagttatctc cccatttgtc 300
aaagttgacc tcaagataac atttttcatt aaagcatctg agatctaaga acacaattat 360
tattctaaca atgattatta gctcattcac ttattttgat aactaatgat cacagctatt 420
atactacttt ctcgttattt tgtgtgcatg cctcatttcc ctgacttaaa cctcactgag 480
agcgcaaaat gcagctttat acttttttact tt 512

<210> 425
<211> 517
<212> ADN
<213> humano

<400> 425
gataacctac atcaaccgag ataccaaaat catcctggag accaagagca agaccattta 60
caagctgaac ggtgtgtccg aaagggacct gaagaaatcg gtgctgtggc tcaaagacag 120
cttgcagtgc acctgtgagg agatgaacga catcaacgcg ccctatctgg tcatgggaca 180
gaaacagggt ggggagctgg tgatcacctc ggtgaagcgg tggcagaagg ggcagagaga 240
gttcaagcgc atctcccgca gcatccgcaa gctgcagtgc tagtcccggc atcctgatgg 300
ctccgacagg cctgctccag agcacggctg accatttctg ctccgggatc tcagctcccg 360
ttccccaagc acactcctag ctgctccagt ctcagcctgg gcagcttccc cctgcctttt 420
gcacgtttgc atccccagca tttcctgagt tataaggcca caggagtgga tagctgtttt 480
cacctaaagg aaaagcccac ccgaatcttg tagaaat 517

<210> 426
<211> 441
<212> ADN
<213> humano

<400> 426
ggtgcaactg tgacttgggt ctggttggtt gttgtttgtt gttttgagtc agctgatttt 60
cacttcccac tgaggttgtc ataacatgca aattgcttca attttctctg tggcccaaac 120
ttgtgggtca caaaccctgt tgagataaag ctggctgtta tctcaacatc ttcatcagct 180
ccagactgag actcagtgtc taagtcttac aacaattcat cattttatac cttcaatggg 240
aacttaaact gttacatgta tcacattcca gctacaatac ttccatttat tagaagcaca 300
ttaaccattt ctatagcatg atttcttcaa gtaaaaggca aaagatataa attttataat 360
tgacttgagt actttaagcc ttgtttaaaa catttcttac ttaacttttg caaattaaac 420
ccattgtagc ttacctgtaa t 441

<210> 427
<211> 377
<212> ADN

<213> humano

<400> 427
agggtacgag aacttgccaa tgggaaattc atccgagtgg cactggcaga gaaggatagg 60
agtggaatgc ccacacagtg accaacagaa ctggtctgcg tgcataacca gctgccaccc 120
tcaggcctgg gccccagagc tcagggcacc cagtgtctta aggaaccatt tggaggacag 180
tctgagagca ggaacttcaa gctgtgattc tatctcggct cagacttttg gttggaaaaa 240
gatcttcatg gccccaaatc ccctgagaca tgccttgtag aatgattttg tgatgttgtg 300
atgcttgtgg agcatcgcgt aaggcttctt gcttatttaa actgtgcaag gtaaaaatca 360
agcctttgga gccacag 377

<210> 428
<211> 521
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (96)..(96)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (102)..(102)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (354)..(354)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 428
gagtccaaat gtcatcagtg ctcattttga gataccctgc tatcgatggt cgctacaaac 60
caggaaatac tcaagttatt atgtgtatac attggnttta gntttatgaa acaatttacc 120
ttcatgatct catagttaaa attgtaataa atttaggaat ataaaggatc aatatgggaa 180
gcaaaatttc taaaggcagt ttctgttgtt ttaattagta tttgtgtagt tcaaaccagg 240
aaggatttga ctatcattag attttgctta actttatgaa agctaaaata ttctctgtta 300
taaaggggca actccatctg gtcctatagc atctttacta ctgatttttt tttngtttaa 360
tttgaaaatg caaagaattg ttaaatgttc ttaaatgttc tcactacaaa aaaagaaaaa 420
agataactac gtgaggtgat ggatatgtta attagctgga ttgtggtaat cattttggaa 480
tgtatatgta tatcaaaaca tgtagtacac cctaaatata t 521

<210> 429
<211> 423
<212> ADN
<213> humano

<400> 429
agatacattt ttacccacca taaatgttac aatatctgaa tatgctttgt caaactatcc 60
ctttatgcaa tcgtcttcat attgttttta tgattctaat caagctgtat gtagagactg 120
aatgtgaagt caagtctgag cacaaaaaga taatgcacga tgagattgcc taccatttta 180
taggatattt actatgtatt tatacgttaa gacctctatg aatgaatgta tcagagaatg 240
tctttgtaac tgtttaattc aatctgtaat aaaaatctaa ctaactaact catttatttc 300
tattaaaaag gtattgtcct ttaggcgggg aatgggaatc cttgctgcac tgttgcagtc 360
attctgaaag gacctttccc tgtacttacc tttcaacatg cttcaatctt atcaacgcta 420
cat 423

<210> 430
<211> 465
<212> ADN
<213> humano

<400> 430
gaaaaccgat gtgatccttg atcgaaaaaa aaatccagaa ccttgggaaa ctgtggaccc 60

tactgtacct caaaagctta taacaatcaa ccaacaatgg aaacccattg aagagttgca 120
aaatgtccaa agggtgacca aatgacgagc cctcgcctct ttcttctgaa gagtactcta 180
taaatctagt ggaaacattt ctgcacaaac tagattctgg acaccagtgt gcggaaatgc 240
ttctgctaca tttttagggt ttgtctacat tttttgggct ctggataagg aattaaagga 300
gtgcagcaat aactgcactg tctaaaagtt tgtgcttatt ttcttgtaaa tttgaatatt 360
gcatattgaa atttttgttt atgatctatg aatgtttttc ttaaaattta caaagctttg 420
taaattagat tttctttaat aaaatgccat ttgtgcaaga tttct 465

<210> 431
<211> 548
<212> ADN
<213> humano

<400> 431
aattgtgttg tgatgctact cactttgatt gcaatgatga tgtccaaggt aagctattaa 60
aaggcaggtt acttccaaat cgcactgaag gaaaaggtta agaataatac atgatcacag 120
aaatgcatac cactgtctgt aaacccaaca aaattcactg ttctcttttg gatttattta 180
gcctgatgta tttttaattc aatttttatg gtgatgggca aatcattctt ggtaaatgta 240
aatcaaacat gattgattta aaacttcatg gaatttgtag aaaattatgg acatttttgg 300
tgagaaagaa caatagtcaa aactcacatg gatagagtgt gtttgttttt tgccaaaaat 360
gccccagacc ttttcccaaa cctcaaaaac gtcttggaaa aattgtaaaa gtttgataac 420
agaaacatct ttaggatatt tttgtctgac gtattttgct tctagtatgt gcctactgtg 480
attttttca tgtggaaaat gcaaaatttg taacaaaatg gttatatgga acatgcctat 540
taaacgaa 548

<210> 432
<211> 494
<212> ADN
<213> humano

<400> 432
ggcatctggc acgtgcccaa taagtccccc atgcagcact ggagaaacag ctccctgctg 60
aggtaccgca cggacactgg cttcctccag acactgggac ataatctgtt tggcatctac 120
cagaaatatc cagtgaaata tggagaagga aagtgttgga ctgacaacgg cccggtgatc 180
cctgtggtct atgattttgg cgacgcccag aaaacagcat cttattactc accctatggc 240
cagcgggaat tcactgcggg atttgttcag ttcagggtat ttaataacga gagagcagcc 300
aacgccttgt gtgctggaat gagggtcacc ggatgtaaca ctgagcacca ctgcattggt 360
ggaggaggat actttccaga ggccagtccc cagcagtgtg gagattttc tggttttgat 420
tggagtggat atggaactca tgttggttac agcagcagcc gtgagataac tgaggcagct 480
gtgcttctat tcta 494

<210> 433
<211> 443
<212> ADN
<213> humano

<400> 433
gagaagcacc tgttccaact aagactaaag tggccgttga tgagaataaa gccaaagaat 60
tccttggcag cctgaagcgc cagaagcggc agctgtggga ccggactcgg cccgaggtgc 120
agcagtggta ccagcagttt ctctacatgg gctttgacga agcgaaattt gaagatgaca 180
tcacctattg gcttaacaga gatcgaaatg gacatgaata ctatggcgat tactaccaac 240
gtcactatga tgaagactct gcaattggtc ccccggagccc ctacggcttt aggcatggag 300
ccagcgtcaa ctacgatgac tactaaccat gacttgccac acgctgtaca agaagcaaat 360
agcgattctc ttcatgtatc tcctaatgcc ttacactact tggtttctga tttgctctat 420
ttcagcagat ctttctacct act 443

<210> 434
<211> 507
<212> ADN
<213> humano

<400> 434
agctgccggg caacgtgttg tgtaagtgaa catctgggag gtaaacacta cacgtgaaga 60
gtggtgaaag ggaacattga ttactgaagt gccctggaga gggaaagcac tggtcaacat 120
cacatggaca aatttcattg ttttctaaag atggcctgga agtagtcttt gccactgctt 180
cctccacaaa cagctcttca taacatgggc tgcatgaaat caaagcaaac tttcccattt 240
cctaccatat atgaaggtga gaagcagcat gagagtgaag aacccttttat gccagaagag 300

agatgtctac ctaggatggc ttctccagtt aatgtcaaag aggaagtgaa ggaacctcca 360
gggaccaata ttgtgatctt ggaatatgca caccgcctgt ctcaggatat cttgtgtgat 420
gccttgcagc aatgggcatg caataacatc aagtaccatg acattccata cattgagagt 480
gaggggcctt gaggctgtag gatgaca 507

<210> 435
<211> 392
<212> ADN
<213> humano

<400> 435
ggggctatac tccatccaaa tatgcagtgg aaggtttcaa tgacagctta agacgggaca 60
tgaaagcttt tggtgtgcac gtctcatgca ttgaacgtct agacaaactg aaaggcaata 120
aatcctatgt gaacatggac ctctctccgg tggtagagtg catggaccac gctctaacaa 180
gtctcttccc taagactcat tatgccgctg gaaaagatgc caaaattttc tggatacctc 240
tgtctcacat gccagcagct ttgcaagact ttttattgtt gaaacagaaa gcagagctgg 300
ctaatcccaa ggcagtgtga ctcagctaac cacaaatgtc tcctccaggc tatgaaattg 360
gccgatttca agaacacatc tccttttcaa cc 392

<210> 436
<211> 512
<212> ADN
<213> humano

<400> 436
ggggctatac tccatccaaa tatgcagtgg aaggtttcaa tgacagctta agacgggacc 60
tgaaagcttt tggtgtgcac gtctcatgca ttgaaccagg attgttcaaa acaaacttgg 120
cagatccagt aaaggtaatt gaaaaaaaac tcgccatttg ggagcagctg tctccagaca 180
tcaaacaaca atatggagaa ggttacattg aaaaaagtct agacaaactg aaaggcaata 240
aatcctatgt gaacatggac ctctctccgg tggtagagtg catggaccac gctctaacaa 300
gtctcttccc taagactcat tatgccgctg gaaaagatgc caaaattttc tggatacctc 360
tgtctcacat gccagcagct ttgcaagact ttttattgtt gaaacagaaa gcagagctgg 420
ctaatcccaa ggcagtgtga ctcagctaac cacaaatgtc tcctccaggc tatgaaattg 480
gccgatttca agaacacatc tccttttcaa cc 512

<210> 437
<211> 262
<212> ADN
<213> humano

<400> 437
tatctgcggc cccaggacag aaggtcgcca tctcctgctc tggaagcagc tccaacattg 60
ggaataatta tgtatcctgg taccaacaac tcccaggaac agcccccaaa ctcctcattt 120
atgacaataa taagcgaccc tcagggattc ctggccgatt ctctggctcc aagtctggca 180
cgtcagccac cctgggcatc accggactcc agactgggga cgaggccgat tattactgcg 240
gaacatggga tagcagcctg ag 262

<210> 438
<211> 544
<212> ADN
<213> humano

<400> 438
ttttatttca ggcttccagc tgtccctgtg agttatcctg gacatttcga tggtttttgg 60
taaggccaaa ctctgataag caaaacagag aatactgacg gtatacttaa ccatatgtgt 120
aactgatact tggcaccatg gaatttttca ttgagttatt tcctcattct tttaaaaaat 180
aagggactat aaatcagtta tttagtatct tttgtttttg tagctgattc cttaactttc 240
ttgtatgcct ctagtaattt cagagattaa atattgcttt aaactgtgat actttgattt 300
gctagattga caaaactgat actaatataa ttaagttcat ctttgaaata catctttgtg 360
cgtagagcca aaaaaagaga taaaattaat aatagttcac ttgttatttg agattaattt 420
ggcatttgaa atgatcattt tattttacaa tcatttataa tgaatcaatg ttccagttag 480
ctttaaaagg tatacggtgc taattagtaa aatattgaag gcaatatttt actgctagct 540
tgca 544

<210> 439
<211> 380
<212> ADN
<213> humano

<400> 439
taatcctgac attagctgac ttgctagtga gcttgcttta aaaatctaca ctcttgcatt 60
cttaggcata caggggaaat gttgaaaagg aaggtggaaa accaagaatt tagtttgcca 120
atgattgcct ctgattcttg taagtttgag ttccacaagg gctaatttat tcccctttta 180
cttgggtttt ggggtggtgg aaagcgggaa atttgggtga tttgttgatt ggcaatgagg 240
ataaaatgtt aatacttttt tggggactta acaactttat cctattctac aagtcagtaa 300
aggaacaatt ggtactcacc tcagtgctgc actcaactat ggaaagaggc agagtttgct 360
tgcccaattg ccaaactaaa 380

<210> 440
<211> 529
<212> ADN
<213> humano

<400> 440
attagtgtca ttagtgtgtt ggaagagaaa tactattcag taagcttcgc caaagaaaag 60
tgagtcaaag ttaatgtgtg tgtgcattta tatgtaggca gctcgtagac cacattttag 120
ccagcaactg gtaacaaaga gcttagtttt ccttgtttga atgctgtaga tctgtaccta 180
gtacccctcc catctactga tttgtttgtt tttgtaacca aacacatttt cagatagaag 240
gagccttaaa aaaaaaaaaa tcacattgag taacttcagt atgaatgaat gagagtgtgt 300
ggagctaccc ctcaccctcc acccctttgt gctttttatt cccgaatttt cccagtctct 360
taaacagaaa aatgactgat ataattatct tttggaaact gagccttaat ttttttaga 420
gggggaaata agttttcccc aactcacaca gcataagcaa tgtttgacag caatataatg 480
ccgttgtaaa ctactgagag tattgtatct gttctggtaa ccatgtaca 529

<210> 441
<211> 389
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (74)..(74)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (181)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 441
ttgtttttga catcagctgt aatcattcct gtgctgtgtt ttttattacc cttggtaggt 60
attagacttg cacnttttnt aaaaaaaggt ttctgcatcg tggaagcatt tgacccagag 120
tggaacgcgt ggcctatgca ggtggattcc ttcaggtctt tcctttggtt ctttgagcat 180
nctttgcttt cattcgtctc ccgtctttgg ttctccagtt caaattattg caaagtaaag 240
gatctttgag taggttcggt ctgaaaggtg tggcctttat atttgatcca cacacgttgg 300
tcttttaacc gtgctgagca gaaaacaaaa caggttaaga agagccgggt ggcagctgac 360
agaggaagcc gctcaaatac cttcacaat 389

<210> 442
<211> 450
<212> ADN
<213> humano

<400> 442
ggtcagatgg tcaacttttt tcagtattat ttatagttgg cacttgattg cagttctgtg 60
aggcttgagc attcatacac ctcacctgcc ttggcaagcc tattttagtg atatggcagc 120
acggatataa cactatgcat taaaagcact ttttgtaata agtttaatat cctaaaagga 180
atgccaatta agttttgtta actgtgtcat caacttatcc tagtacctca gtgttcattc 240
ctgttacctg catatcttct taaaagaaat agctgttatt aatgcctttt tgttttccat 300
tgagtgtaca ctactgaata agtgtaggag ttttatgttt accatgtgag tcctgcaaca 360
ctaaagatat tttgaatatc agtcatgatg gcaatttctg tataaaagag ccttaaatgg 420
aacattgttt tgagatcaaa ctccccaccc 450

<210> 443
<211> 496
<212> ADN

<213> humano

<400> 443
gatatctggc catgggtaac ctcattgtaa ctatcatcag aatgggcaga gatgatcttg 60
aagtgtcaca tacactaaag tccaaacact atgtcagatg ggggtaaaat ccattaaaga 120
acaggaaaaa ataattataa gatgataagc aaatgtttca gcccaatgtc aacccagtta 180
aaaaaaaaat taatgctgtg taaaatggtt gaattagttt gcaaactata taaagacata 240
tgcagtaaaa agtctgttaa tgcacatcct gtgggaatgg agtgttctaa ccaattgcct 300
tttcttgtta tctgagctct cctatattat catactcaga taaccaaatt aaaagaatta 360
gaatatgatt tttaatacac ttaacattaa actcttctaa ctttcttctt tctgtgataa 420
ttcagaagat agttatggat cttcaatgcc tctgagtcat tgttataaaa aatcagttat 480
cactatacca tgctat 496

<210> 444
<211> 538
<212> ADN
<213> humano

<400> 444
gacctaatac atttcctctg tgtgtgtgtg taacattcca aatacttttt ttttcttttc 60
cactgtttgt aaggtgcaac aatttaatat ttttaaggga ctttttaaga gttccttaag 120
aaccaattta aaattacttc agtgcaatcc tacacagtat caacattaga attttgatat 180
tagtcttatg ttatcttcca ttctattttt atctgctttt tgctgctagt ttcaaactgc 240
cagtattttt ccttttgctt ttaaaatagt tacaatattt ttcatgatag ccacagtatt 300
gccacagttt attataataa agggttttta tttgatttag cgcattcaaa gctttttct 360
atcacttttg tgttcagaat ataacctttg tgtgcgtgta tgttgtgtgt gtgcatgtgt 420
ggcgtatatg tgtgttacag gttaatgcct tcttggaatt gtgttaatgt tctcttggtt 480
tattatgcca tcagaatggt aaatgagaac actacaactg tagtcagctc acaatttt 538

<210> 445
<211> 474
<212> ADN
<213> humano

<400> 445
gagtgagtcc cagttacatc aaacagtgac ttccagttat tccccagtaa gtctgagtgg 60
ttccttcaag ctgggtgtct ttccagcctt tgccagtcta gccccagcag ggcaccgtgt 120
atgaatgcag tttggtgctg ttttagagta tgcctgctcc ccagcccccc gcctggaacc 180
ctctgagcaa cttgctctga cctataatgt cttaggtgca acacggaccc caccagagct 240
cttggatacc cccctagatc catgtggctt tatgtgaggg gactgaatgc agacacacca 300
tagccccctt ctactacttt ccctctcgcc ctgccaccta gttccacatg gaaccaacaa 360
gttgagtgca tccctgttgg gtgttttgtg ttgagactgg ctgaaatgag gagactttga 420
ccatgtgacg tgtcaacaga ctcaaggaga caaccacctc aactgggtca tgtg 474

<210> 446
<211> 414
<212> ADN
<213> humano

<400> 446
ccccagtctc acctacgaaa tatgaagagc aaaagctgat tttgcttact tgctaaactg 60
ttgggaaagc tctgtagagc atggttccag tgaggccaag attgaaattt gatactaaaa 120
aggccaccta gctttttgca gataacaaac aagaaagcta ttccaagact cagatgatgc 180
cagctgtctc ccacgtgtgt attatggttc accaggggga actggcaaaa gtgtgtgtgg 240
ggaggggaag ggtgtgtgag tggttctgag caaataacta cagggtgccc attaccactc 300

aagaagacac ttcacgtatt cttgtatcaa attcaataat cttaaacaat ttgtgtagaa 360
gtccacagac atctttcaac cacctttag gctgcatatg gattgccaag tcag 414

<210> 447
<211> 524
<212> ADN
<213> humano

<400> 447
tcatgcgtca tccctaaaat aataagatac atgggatcaa atagcccttg ccttttcaac 60

acaaatcagt tggaaaatta tggtttgagt cctgttgctg ccatggcttc tgtttctcag 120
aaatgagtgt gtatgaacat accaatctat gtaataggct acctttttt gtcttctttg 180
gaactttgta cacaaaccaa gacaatatca gggtgacagg tgaatgaact taaattctca 240
gtcttgtcta ttcaccaaaa aagtatactg cctgtttttt ctttaattat tcaaggttga 300
tgacttttag gaacatgttt tatactgtat tttttaatta aagcaagtgc cttgatgtaa 360
ttccatgtaa atcattgctt aaccctctta tgggatgagg atgagttatt aatgtattgc 420
agcctactgg aaaggagggg gagttggtta atagcagata cttttcttct agaagcttat 480
gttttatgct gtttattatg taagatcctg tatgtgtgtt gaga 524

<210> 448
<211> 426
<212> ADN
<213> humano

<400> 448
ataatgatcc attcgagttc tgtgatcctt attgttctta attgtgtttc tctacgtatt 60
gttacagatg agccatacgt ttctttgtat caatgtagac atgacttcag atacctctga 120
ggacctaccc agcagtctag gaccctgggc caagtgctgg gactatggta ctaaatccag 180
tagatgggct gtgtagcaac tctcccaggg aacacactag ggtacttagg gaggtgcttt 240
gtggagcatg ttgaagcttt gagatctgag caggaggcag tgatgtccct ggtctattca 300
gggaaagatt tcagtgtgaa atggtaaaca tccaattgac aggatttaga ttttgcttag 360
tttttctgct ttttaatgtt tctatccccc atctcagtgt tttctttatc catcccagtg 420
atgcct 426

<210> 449
<211> 470
<212> ADN
<213> humano

<400> 449
ataattttac atgatcctca atatcaactc cagtttaaaa agtgttattt ttaaaacatt 60
tgaaaccaag tactgtttaa tttcaatcag aagatgcaaa tacatacttt gatctatgtt 120
tgattttgct aataatattt gaaggagatt gcctaccaag gacaaaacaa taaatttaaa 180
aatcaaacga tttctccata cgctcatagt cacatatgga attttgagaa aataaagcat 240
gctgtcttta ggaattttta tacttctttg tctttcttcc ttaatatttg cttctagctg 300
ctcttggcaa tgatgaattg ttatgtatgc attaatgttt tgcagcccaa aagttgttca 360
cattttcct atataagatc tgtggagtgt gtgtttcaaa gagagaacta cagaaatgtt 420
aaagcaggaa aacctgaatg tgatgtgcac attttcatcc cacatggaca 470

<210> 450
<211> 404
<212> ADN
<213> humano

<400> 450
catttctgtc acatgcactt agttgacatt acatctacat atattagctt tttcctacat 60
gagccatcta tttacttagt aaccagtgtt cttaatgaag tatttagtct tgggtttctt 120
gtaaaatttc tctgcattcc ttagacagtg tactatacat gaaatattct tgttgaccta 180
gtaatttata ttattccatt taattcttaa acctatggcc tttttattga gcacactctt 240
aaatcattat ttggcttgta aacattcatc tgaattgtgg ctacaatcct ctttaaataa 300
tctaggaaaa aagaaagata aagcttacat tttcacagtt ttggctctta aacacattcc 360
acaaatgcca ttaagaattt attttgtttt aggccagtca tggt 404

<210> 451
<211> 522
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (388)..(388)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 451
gagcttctag aaatttcact tgcaagttta tttttgcttc ctgtgttact gccattccta 60
tttacagtat atttgagtga atgattatat ttttaaaaag ttacatgggg ctttttggt 120

tgtcctaaac ttacaaacat tccactcatt ctgtttgtaa ctgtgattat aatttttgtg 180
ataatttctg gcctgattga aggaaatttg agaggtctgc atttatatat tttaaataga 240
tttgataggt ttttaaattg ctttttttca taaggtattt ataaagttat ttggggttgt 300
ctgggattgt gtgaaagaaa attagaacca cgctgtattt acatttacct tggtagttta 360
tttgtggatg gcagttttct gtagtttngg ggactgtggt agctcttgga ttgttttgca 420
aattacagct gaaatctgtg tcatggatta aactggctta tgtggctaga ataggaagag 480
agaaaaaatg aaatggttgt ttactaattt tatactccca tt 522

<210> 452
<211> 500
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (299) .. (299)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (456)..(456)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 452
ttgtgtgtaa tttcatggtg gcctagtgtt gtggtgcttc tggtaatggt aatagaagct 60
caactatttt tttgtggatt tcagttttta tcatcagaag tcctagacag tgacatttct 120
taatggtggg agtccagctc atgcatttct gattatacaa aacagtttgc agtaggttat 180
ttgtcatttc agtttttttac tgaaatttga gctaaacatt tttacatgta aatacttgta 240
tttaccaaag atttaaatca gttgattaat taattaactc aaatactgtg aactatctnt 300
aaaacactag aaaaaagaaa tgttagtatc tcaattacac caactgtgca aatgaacttt 360
gataaaatag aaataatcta cattggcctt tgtgaaatct ggggaagagc tttaggattc 420
tagtagatgg atactgaata ctcaggccca cttaanttat taatgtatac attgtgtttt 480
tgtctttatg ctatgtacag 500

<210> 453
<211> 512
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (447)..(448)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (450)..(455)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 453
ggcgtgcaat tttggtctgc gccacataac cattctgaag cttttaggcg ttggagagga 60
agttggggga gtgttagaac tgttcccaat taatgggagc tctgttgttg agcgagaaga 120
cgtaccagcc catttggtga aagacattcg taactatttt caagtgagcc cggagtactt 180
ctccatgctt ctagtcggaa aagacggaaa tgtcaaatcc tggtatcctt ccccaatgtg 240
gtccatggtg attgtgtacg atttaattga ttcgatgcaa cttcggagac aggaaatggc 300
gattcagcag tcactgggga tgcgctgccc agaagatgag tatgcaggct atggttacca 360
tagttaccac caaggatacc aggatggtta ccaggatgac taccgtcatc atgagagtta 420
tcaccatgga taccccttact gagcagnnan nnnnnacctt agactcagcc agtttcctct 480
gcagctgcta aaactacatg tggccagctc ca 512

<210> 454
<211> 565
<212> ADN
<213> humano

<400> 454

aactgtgtac ttgtctggtc agctgtgtat gatcagttat ctacctcaga gtctattttc 60
ttttgtgctg ggacaggttg ctggccctcc ctgtttccac agaccaaatc ctcctagctc 120
aggagctagg gctaagcagt tatttctttc aagtattttt tagttcttaa attttatgct 180
tgtatttgat gatagatgtc agtgacattt catagtttca aaagtccttg ctgctctgag 240
aagtgtagat tctagtgaaa attacatagt cataagagaa atgtgttttt gtttttgttt 300
ttgtttcatt tttttaaagt tgtggtatta ttggttctat gctccctgga atattactgc 360
tttgtgaaag tccagactga acgcagcacc ctctgtgtac ctagtacagt tataaacctg 420
ggtctctcac tacttgatat ttttgcatta gttaagacag aaatttgata gctcggttag 480
aggggagggg aaatctgctg ctagaaatgt ctgaactaag tgccatactc gtctgggtaa 540
gatttgggaa acataacctc tgtac 565

<210> 455
<211> 575
<212> ADN
<213> humano

<400> 455
gatgagagca aaggggtcgc accatatgga aatgttgaaa actattgtaa agtagtatta 60
tgaagtagct tttgtgtcat tcatgtcgat gacatgaaag tgaagtaaat ttattctatg 120
taaattcaca ctaaaaccag tacagtacca taagtagaat acatgtaaga atcacctagt 180
cttcactata ttgagtaaat ataacatgct aattttacaa ttaatgaaac taaactttta 240
aacatctcca ttatatctac atccttttga aggtatttat catagttgcc aattttaatt 300
ttaggattga ctttctcttt ctgaatgact tcataaagtt tggtgtgaat tttgaagact 360
tgggttacta atgattgtat ctttgctagt caacaactta tgaaatatac tcaatgcgtc 420
tgatgtgtca ttaagtgcag aaataactaa gacacaaata acctttgcaa accttcaagc 480
tgtgtaatat tccaatgttg ttttttttctt tgtatatata cttatatcac gtaggatgta 540
aaaccagtat gaccttgtct agtctccaaa cttaa 575

<210> 456
<211> 411
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (179)..(179)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (343)..(343)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 456
gccacacgtc caaaaccaat caggtcaact cgggcggtgt gctgctgagg ttgcaggtgg 60
gcgaggaggt gtggctggct gtcaatgact actacgacat ggtgggcatc cagggctctg 120
acagcgtctt ctccggcttc ctgctcttcc ccgactaggg cgggcagatg cgctcgagnc 180
ccacgggcct tccacctccc tcagcttcct gcatggaccc accttactgg ccagtctgca 240
tccttgccta gaccattctc cccaccagat ggacttctcc tccagggagc ccaccctgac 300
ccacccccac tgcacccccc ccccatgggt tctctccttc ctntgaactt ctttaggagt 360
cactgcttgt gtggttcctg ggacacttaa ccaatgcctt ctggtactgc c 411

<210> 457
<211> 550
<212> ADN
<213> humano

<400> 457
gtatgtttgt aagtgcttct gcacgaatgt ttatacatga ctgtttccat agtacttatg 60
tttttaaaaa tattcagtca tttcctacta taatcctcat gtatccatgt aactgactca 120
aaaatacttc agccacagaa agctaaaact gagcaaatct cattcttctt ttccatcccc 180
tttgcatgtg gctggcattt agtaatgatt aataatatgg ccagctgaat aacagaggtt 240
tgagacacaa ttctttctca aaggagtcag ctaagctggg tctacttatg gacaaacatc 300
taaatgtgtg gaagtatctg atatttgaca atggtaaatt tccacttagc tagctagcat 360
tgtcagactt caatctcctc atggctctgg ccgtcctgtt ttaagcatga taattgttgg 420
ccacatctca catagttctc attgagtgag ttcataaata aacagggttt ttttttttt 480

ttaaagagca gccaagcaca aagtgtgact ttgttgacat tttatgtgac tttgtcatat 540
gttcctaacc 550

<210> 458
<211> 353
<212> ADN
<213> humano

<400> 458
agtgtcaggt gccttgcagg aaaataatct gagtcccaag ctagcctgtg ctcatccaca 60
atcacaatga acatgtcaag gaagaatttg cagagactca agggaagcac aatgggataa 120
ggtaatcact ttcagtgaaa aactgttttc ttgaaaacag gcttggacac aattgaaagc 180
tggcttcctg caaacacacc aagagtctgt aatctagcct atccattata tgtcctttat 240
tattcatgat atcctattct tctaccttgt tgcctggtaa ctttttctga ggactgagtt 300
tctgcagcga tgtggtgcac tcttcctgtg atgaggaaac atctgggccc cct 353

<210> 459
<211> 528
<212> ADN
<213> humano

<400> 459
ctggacaccc ggttaccaaa gtcagcaaag aagatgcggt aatcgccgcc tgatctccac 60
atggtgaaca caacactccc accaacacct ccttgactgg tcggtcttca gcaccggggg 120
tgggcaggca ggtgttctgt gttgacgaga attgcacagg ctaaacacaa acacggaacc 180
agagtgagaa cacctcactc acggcagccc aggctgctcc ctaccaggtg acggagcgcg 240
ccggggctgt gggtgccagg ggctgagtgc tagggactcg tcatgagtgg ggatccccac 300
gttcctgtca ctgctgtcaa acagaaggta aacagtctta tgaatgtatt tccttaggaa 360
aacttgtaaa aacttttatt aggatatcta tttaatactg aactttggcc tactttgtga 420
tagactataa acaaattgag gaaatcacta tttctcactt ctgtattttc tcaaaaataa 480
ttttgttaca gagttcaata tactgtgtac cattgatctt ctattgtg 528

<210> 460
<211> 469
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (99) .. (99)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 460
gaaactgcgg atcccaaact gttccctttt tcatttcttg aaatgttacc actacagaca 60
ttttttaag gtgaataaac agttgtgatg tgctgtacnt aaaatcatgt ttaatcgtat 120
aaggaaacat ttcaatacac ttatacagga agaaaactat agatgaagta catgtgtgtg 180
attcagtctg attcacagaa ttctgagagt aatatggaat aaaacaactc cacttagatg 240
ataactgaag catttcctgc cttgtgaaaa tttggatttt aaattgctgt tagaatggga 300
aatttggaca ctttatatca ttgtataatt tcagaattta gtttctgtat cttttggaaa 360
acatgattat agcaaaaaca tagaaaataa tctattacta aaacaccata aatgtaaaac 420
tagtatgctt ggctgttaac tctaaagatg ttacttatgt ctgttttta 469

<210> 461
<211> 457
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (151)..(151)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (155)..(155)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 461
tgagggtgag cttactcagg gcccccagag gaagccctca gcctctgccc tccccccaca 60
cagggcggga gcccaggcct gttcctggca gctgtggctg cagctgtgct cctgctccct 120
cctggaatgt gcgacaagcc caaatgttcc ngggnaggcg gccggggcag ggggcttaga 180
agtgctaata tggttctgtg ttttgcctga aacgatacca ggttcccctg aatagcaact 240
ttacaaggtc catgtgggag ggaccaaccc agatgccctg ctgagtgtcc ctgaaaccat 300
ggcagctcca tctgtcaaga tggcaggggc cggagtgagg gggctgctgg cttaacagca 360
ggcatctggg caggccagtc ctcaaagcag ctcctgaagg tctgtgttgc actgtcacca 420
gtctcaagct atgcctctaa tttcaccagg gatattg 457

<210> 462
<211> 139
<212> ADN
<213> humano

<400> 462
gtgtgatgca tgtgagcgtc tctggcacac acacttggac atacagttct gtgtgcgctc 60
attcttatta caggagtgag caaaggaagc atttaccccg atggttacct agaccacgat 120
tatttggatt gggggggagg 139

<210> 463
<211> 430
<212> ADN
<213> humano

<400> 463
atccctgtat tcatggcttg actttgtgac tgctctacac tgcatgtctg acattgcaga 60
gtgagctatg ttgaggtaaa ctggttggtt gtcattattt tgcaatcagc ctggtctctc 120
ccatgaagat gtcgtgtgca taagcacaat catcactgat tagaagatca cagcagaata 180
cccttggatt agagagaagt tcgtaccttg catttctctg aattctagtc tctcataagc 240
actgctttgc tggatgattt tcactgcttt gtgttaatga ctttgagcga tctctcacat 300
gatggggttc tttagtacat ggtaacagcc atgtcatctt acacacctag cattgtgaat 360
gctgtagtga catcctttat aggcacctta cagctcaaaa cttttgtttc atttcatgcc 420
ttacttatca 430

<210> 464
<211> 486
<212> ADN
<213> humano

<400> 464
agtgccattt attctagttt atcatgtttt gcatgtttga aagtatgaat gtgctctttc 60
ctaaaacatg gcaaatgaat agatgtagag aataacaata ttacttacaa gatgaaatga 120
ttagattaga agtgtccctt tattaaactt tgtcagcctg actgggtaca attcttttgt 180
taatttgcag tgtggtttgt atacacgtat acgtgttatc aataataaga ttttgcaact 240
ggatgacaca agattttact tgaacagtga aggacaaaaa tcatgattgt ggaagatatt 300
tttaaaatct gattttgcag cgatcacttt taaaccctgt agtgatgtaa gactaaaata 360
taattgctaa gattttgttg gttaatgtaa agatatgact tttctgcact gtactctctt 420
cataggattg taaaggtgtt ctaatccaat tgcatgatgt agtaagcctc ttaaatatgt 480
gtgtta 486

<210> 465
<211> 550
<212> ADN
<213> humano

<400> 465
tcctatgtct tctttcttaa atccagttgc tgattttgta aaatacagtt gtgataaagc 60
agcattacgg gggggaaaaa gctatattcc aactggtgtt aaatgtattc aacaaaatct 120
tacatcatac agtatttatt tcttaattaa tagaacttca gtgatatact tggtagatat 180
ctcaagcctt ttgtctttta cacaatggtg ctctatccta ttgttttctt ttcaaagaag 240
catctgaaca cttgcatttc tattttccta tccaaaggca tccacatcta agtgtgtttt 300
taaagttgat taaaattatt tttctgttaa agcattctga aagtgtttgt ctttacctag 360
aatgatttgt acacactcgt ggtcaactga acatgaatgt cagtagtagt ctaattatgg 420
gaagggtaaa cgtgttagat taaggctctt aaagctctaa accatataaa ctatggactt 480
gtatcatgat ttaactgttc ttagatcttt cttacacagt gattcattcc tctatttgta 540
cagtggcttt 550

<210> 466
<211> 493
<212> ADN
<213> humano

<400> 466
tatcaaaggt ttgccagcca ataaagtgca tcccaagtat acaggggaga aagctagact 60
cctacagggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa taatttttct 120
aatttttatt ttttggttcc aaatgtaaag ctccttgtgt ttacctctgt ttatgtcatt 180
cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa atctgggatc 240
catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttcctc tacctgataa 300
tgataatact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc tttcacatct 360
cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa aatttttaaa 420
tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag tttgtacttg 480
gccctgagtt gaa 493

<210> 467
<211> 461
<212> ADN
<213> humano

<400> 467
cagaaacatg accctcgctg gtcttgggtc cacatatcat tggactctgg gggacacaaa 60
gatgcctgtg acactttggt gttgccgagt tagtcaacaa ttattctggg aaaaagcaga 120
attgaattct tctctagatg tcctaccagg gttggccaag ggccacaaag caggctaata 180
aattcccaca ggatccagac accaggcaaa attgctctaa gaagccagtt actgtcatcc 240
ctctatggtt ctagaaaaaa tagtacaaaa atgacaggtc atcctatgag cgtcatgcca 300
atgaaacccc atcttctgga gaagcccttg aatcagaatt atctttttc ttgatgtcgt 360
cagatgcagc cagtttctta attttttaa aaactgtatg tttctgtggt atgtatattt 420
gtacacctaa ctacctggca cttggaaatc acagcactac t 461

<210> 468
<211> 448
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (28) .. (28)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 468
ttatcctgcg acaacacttt cagcaganta gcctctcctt atctcacaga tcacaagcac 60
ccctagatag tgtgattctg tcagatagca tttatgcaaa aatctatgaa gttaaaagat 120
cgtagaagcc aaatgaaatg tacatatcta ctgactgatg acaagggaat ttcattagga 180
agaaggtaaa gaaacatcgt tgagtagcct accttgattt ctgtcaagtt cataaccagc 240
ttcatatttt aaaggcttca ggtttgaaat taagtcaact gcatgcagct ttgctgataa 300
atgaataatt ctctttgatg ccatttatga gaaaagactt caatatctgt tgcctgtcat 360
atttaagaaa aattactgtt tctactctct gtatctgatt ttaaaagaaa aaactattca 420
tacctggctt ccaggtaatt gactttga 448

<210> 469
<211> 427
<212> ADN
<213> humano

<400> 469
gaactgagtc aatatggcaa ggtgtatgtg atctgtggga gttatgccat ttaacatagg 60
aagtgcatgg gactttccct ctctgcactc cagctcttac tgtaccatta gaagatgcag 120
aattctgttg gtgtgcaaaa agtatagcct tacattcaag cagaatggat ctgaagaaag 180
cagcaatatc tgttactaga gaacattccc atgtgtttaa actcttcact tcttagatgc 240
atttaaattc ttaatgcaaa tgacgtagca atttgaaaac ttctccgtat tacttgtgtt 300
taaaatgtct tgctttaaat acaaaacaaa tggtaaaggg gattatcttt tgtttagatg 360
gttaaatatt atttttgcct tagatagctt tgtaataatt tttctccaga cagttcaaca 420
cttttga 427

<210> 470
<211> 567

<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (246)..(246)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 470
tactgactga ctacaggggc tgattgtgaa gcacgaggaa ccccatgtgt gtggagactg 60
tagggtgaga gcacacaatt attagcatca tttctgagtg atctcacaga ttttttttct 120
tgtgtttgtt ttgctttttg acaactgctt ctcccacgtt ccttgcaatt ctattctctc 180
accttcactt tactatttgt attcgatgga ccaggataat tcaggcaagg ttaccttgta 240
aacttnaatt ggccacacac catgttgtca cccagctggc tatgaagtga ataatggtac 300
tgaaagtaaa cctgaagacc tttctcagat ctatttttaag tctgagtctg accaaccatg 360
gaaaatattc gacatgaatt aatgtagaga actataaagc atttatgaca gctccaagaa 420
aaatcatcta ctctatgcag gagatatgtt tagagacctc tcagaaaaac ttgcctggtt 480
tgagggtaca cagtaccatt ttaatcttct gaaaatatct gtattcctgc tctttttctg 540
ctgtcactgt caatctgcta tattttt 567

<210> 471
<211> 506
<212> ADN
<213> humano

<400> 471
ttcctgacgg gaatgttgtg ctataatgaa tctgcataac gcttgggatt ctaggaggaa 60
ggaaggttcc atggacatgt aagtacagca tattcccctc agtcttctag gagggcagag 120
tgaatcccag aactggtaag attgggaatc tgagcattgc cactttaatc ttagaatatt 180
tatcattttg acacatcctg ttttttagag aggaaaacaa acacagtttc tgcattggta 240
gtgtaaagca taccttgtta ggaacgtgtt ttgtaagaca catttgggtt gtcattctag 300
agcatgtcaa actttgtact tcaaaatata tttagtatga ttgttagtgg taacatatat 360
caaggctttg aattaactgt tttatttaat tttcacaaga agcacttatt ttagccatag 420
gaaaaccaat ctgagctaca aatagttctt taaaataagc ccaggttatt tagctattct 480
agaaagtgcc gacttctttc aagaag 506

<210> 472
<211> 488
<212> ADN
<213> humano

<400> 472
ttaaatattc attccattac atctagactc accaagaact acatgttatg atgttaagtt 60
gaagttgaaa catgatgttt tgcattaaat ttaagatatg caaatttatg tagagaaaat 120
aaatgttata taccctataa tctttcacct aattagtatt taattatatg gatttgtttt 180
atattataaa agatgttttg attttgtctt ttgatattga caaaattgtt tggatatcct 240
tatgttctca agtctgtatc tgcctcccct gccttatttc ttatgttttg ccacagttaa 300
cccattgtgc ttctttgtaa tcaaacagtt tgtgggagaa tgggcttatt gaatgtctaa 360
aaaataagtt taaagtgttt gttaccctaa gtttttttaca tttttaaact ctaattacat 420
atgtgaatgt tattactctc agtgaattgt tattgtttgc aaaaatgcac tgggcagtaa 480
cattttgt 488

<210> 473
<211> 426
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (262)..(262)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (271)..(271)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 473

gccggactgg aaccgtctga gcggcctaac ccgcgcccgg gtagagacct gcgggggatg 60
acagctgaac cgcctaaagg aggtgaaggc tttcgtcacg caggacattc cattctatca 120
caacctggtg atgaaacacc tccctggggc cgaccctgag ctcgtgctgc tgggccgccg 180
ctacgaggaa ctagagcgca tcccactcag tgaaatgacc cgcgaagaga tcaatgcgct 240
agtgcaggag ctcggcttct ancgcaaggc ngcgcccgac gcgcaggtgc cccccgagta 300
cgtgtgggcg cccgcgaagc ccccagagga aacttcggac cacgctgacc tgtaggtccg 360
ggggcgcggc ggagctggga cctacctgcc tgagtcctgg agacagaatg aagcgctcag 420
catccc 426

<210> 474
<211> 563
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (35)..(35)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (55)..(55)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (96)..(96)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 474
aatggcttct atgatcagaa ctgggaaaac agtgnatctt atggtggaag aggtnctcag 60
caagtgtaca gtatttacct tcctttgtct tacatnggct ttttaaattt tccattaatt 120
tcaacataat tatgggaaca agtgtacaga agaatttttt ttttaagata tgtgagaact 180
tttcatagat gaacttttta acaaatgttt tcatttacag gaaattgcaa agaaaattct 240
caagtgatag tctttttttt taagtgtttc gtaagacaaa aattgaataa tgtttttga 300
agttctggca agattgaagt ctgatattgc agtaatgata tttattaaaa acccataact 360
accaggaata atgatacctc ccacccctg attcccataa cataaaagtg ctacttgaga 420
gtgggggaga atggcatggt aggctacttt tcagggcctt gacaagtaca tcacccagtg 480
gtatcctaca tacttctttc aagatcttca accatgaggt aaaagagcca agttcaaaga 540
accctagcac aaatttgctt tgg 563

<210> 475
<211> 474
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (48)..(48)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (55)..(55)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 475
ggaacctatc aatttgagtg gacttttttct ttagtagtac accatttngg ttgtngtagt 60
ttcaaagtct ttctgaagca gatatattgg gattggagcg gggtggggaa aactgtcact 120
cctttcagag gaaaagggga ggagcatgga gaaaaacaaa aattaaagga cttaaagaat 180
ggctatacag tgttgagtgt tgaggatatt aaacatgtta tttttcaaac gtatgtaata 240

tatattaaat ttataaagca aatttatgtt gtgatcttgc ctgaacaaat tatattttaa 300
tgaaaaaact ttctattaat agttcacgca agagaaaaca ctttcaacat agtcgaaggc 360
ttcaagatct aagtgtatca gacttaggga aaaagtggca caaccttcga tttaaaattc 420
tagtctttaa aatgagtttg taaataatta gctattacgt tctattaagt tgtt 474

<210> 476

<211> 322
<212> ADN
<213> humano

<400> 476
agggatctct ctacaagagc ccctgcccct ctgttggagg cacagtttta gaataaggag 60
gaggagggag aagagaaaat gtaaaggagg gagatctttc ccaggccgca ccatttctgt 120
cactcacatg gacccaagat aaaagaatgg ccaaaccctc acaacccctg atgtttgaag 180
agttccaagt tgaagggaaa caaagaagtg tttgatggtg ccagagaggg gctgctctcc 240
agaaagctaa aatttaattt ctttttttcct ctgagttctg tacttcaacc agcctacaag 300
ctggcacttg ctaacaaatc ag 322

<210> 477
<211> 409
<212> ADN
<213> humano

<400> 477
ggtaattatg gaaactcctc aaagaggaga aagtaatttt tttccagaca tttttctcat 60
tctgtgtctt tcacacacta gtttccatag ttcgagaatt ctgtttttta ccattgggct 120
gtgaatgttc acaatatcag tcctgttgaa ttcctatgag gtaatcacaa tgtgtatatg 180
ttcattttct aggtatgata aaagaatgta tggcttttta ttctgtggaa gtaaaatcct 240
gaacgtttac aacttttcct taacttgtaa ataaaaaatt gtaagttttt tctttttta 300
cagaaaactt agcttgtgta attctgttag tttcagattt ctctcctgtt tttgcaaatt 360
gtgggaaaga ttgacaatgc aaatgtgtca aagacatact gttgggtgc 409

<210> 478
<211> 544
<212> ADN
<213> humano

<400> 478
acatgggttt atacaagttc ctcttgagaa ggcaaaaaga ccaccatgtg tgagagctct 60
ttgacttggc caataggggc ctatcttaat gcacttgttt ggacacattt ctgatcttat 120
ttgtaaaggc tgcaaaagga gaggatgaaa tgctgtaaaa gtaggaaatg aagtggaagc 180
tggaagaaaa tgtaattggt ggtacagcta tgggccagat ggtggagggg agggtgggga 240
cccctgccgg caagcagagt gtcacagctg gctttcctca cttgggaaaa gggtactgcc 300
ggtctagcag cctcctctgt actcagccag gacacccagc gcgtgggacc tgtttgtgtc 360
tgttttgctt ccttgggaac ggcacagtca ctcaccctgc catttgcgga aatgacctgg 420
tgcactttga ctgttaagca atgcgttatt gctgtagtca aggttagtgc aagcaaggaa 480
acattcccag taaggtattt gtttccattt tctgtctgtg cttctgtcag aaacttgcta 540
ggac 544

<210> 479
<211> 479
<212> ADN
<213> humano

<400> 479
caaacgtcct ggactgcaca gacctcccac tccagaccat ccaggcctgg ttcccaagac 60
ccgatccttc ccctgcaacc agacagtcta caactgcccc ctccagccca ttttctgccg 120
tgaaacccca gccagccaca ccagactctg gaaccctttt tcgactgccc caactcttgg 180
acaccaggcc aactagaaca cccaacacca aactgtacag actctcccac cccaacctcc 240
ccagactctg cacggatgtc ctaggccccc tccccaactc taaccagacc ccatcccccct 300
aagtcccttt gtcttgaccc ccaagtcttc aaccagatat cctcggcaac ccacctccca 360
ccctcctcct cttctccttc aagacccaac tgagcacccg ctctgattcc ccacagcctt 420
tctccctgcc accactccct tagtctttcc caggcttact ctcccaataa atgtgctag 479

<210> 480
<211> 493
<212> ADN
<213> humano

<400> 480

ggtggagttg gtggtcttaa tttggagatg caggggcaac ctgtgaccct ttgaggcaag 60
agccctgcac ccagctgtcc cgtgcagccg tgggcagggg ctgcacacgg aggggcaggc 120
gggccagttc agggtccgtg ccaggccctc ctcagtgccc tgtgaaggcc tcctgtcctc 180
cgtgcggctg ggcaccagca ccagggagtt tctatggcaa ccttagtgat tattaaggaa 240
cactgtcagt tttatgaaca tatgctcaaa tgaaattcta ctttaggagg aaaggattgg 300
aacagcatgt cacaaggctg ttaattaaca gagagacctt attggatgga gatcacatct 360
gttaaataga atacctcaac tctacgttgt tttcttggag ataaataata gtttcaagtt 420
tttgtttgtt tgttttacct aattacctga aagcaaatac caaaggctga tgtctgtata 480
tggggcaaag ggt 493

<210> 481
<211> 483
<212> ADN
<213> humano

<400> 481
atttttccat cttattcaag tcagagcact ttttttaaa tagcaataca acaggcaaga 60
gaatactcaa aaatatttaa aactgtattg ataccaagag tatgttttaa atattttcta 120
ataaatactt gagcggtttt tgtctggcag gcttccaaat ttgccaaaat taagcgttca 180
gtattttcaa cacatacgct ttttactggt ttatactgaa ctatctgatg agaattcctg 240
tgttcccaaa gcaactgatg tttacaggtc ttgtgtttct cctcctcctt tctaaggatg 300
agggaatcca caacagactt tctctagaaa acactaatga tggacaactt tttggtgtca 360
tcaatgagtt ggctactacc ttgatgtaaa aatttgtaag gaaaattttc accatttcga 420
gtgtcaagtg tatttttaac tgtctggttt gtacttttat gacttttgta ctaccaaagc 480
gga 483

<210> 482
<211> 408
<212> ADN
<213> humano

<400> 482
agtgatctct ggaagcgcta aagctaaaat ttctgttctt gaaacacttc agctttgcaa 60
ctaaaatatt acagattaat aataaattaa accaaccaat gataaacact actcagtcca 120
ccaacaacaa acgtgtttga attcacctta ccaatattaa tcccagcgtg tgtaaaacag 180
aacagtaact ctatgtgacc ccagataaca ttttgtaaca ttgtgcttcc ttgtagtttg 240
taatgtgagt tcaatcagta tttatgttga aatttctaac attaaatcta gtctctatcc 300
tgttaattta atttttaaat gctttatcca tttgtgcaaa ggtaaacgca gattgtatct 360
tttttaatgg tacggcataa aaagtaaccc tcaagtgaag tgtctcta 408

<210> 483
<211> 489
<212> ADN
<213> humano

<400> 483
tgacgagacc tcttcaaaaa cccacagtaa aactcccctc cctccagttg gccaccagtc 60
tgccaccaaa catgaacaaa ttctgctgct aatcggtttc ccttgtgatc tggttcctga 120
ggtcttcgga tctgtgcaat gaattattta ttgttttatt aaaccgacag tggtgtccca 180
gagaggaacc ataaataaaa tggaaatctg gtgctgtgat aaagtaataa ctagcattaa 240
tgagacctgg ttttcctttc agaaagtcca gtatacctgt aacaaaggtt aaagcaattt 300
atatttaatt tgcattctga tgttaacatt taaacagcaa ttctaacaaa aatgcatcga 360
gtctaattct tacctctatc aaaaaacaac tgtataaatt tatgaccaac attaaaacaa 420
aaacaaaatg taaattttct ctttagaaat gattaactgg aaatgagtga gacagcacct 480
tgtgggttt 489

<210> 484
<211> 460
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (101)..(101)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (129)..(129)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (131)..(133)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 484
tgctcgcatt gatcatccta atcatcttat tcagcctatc ccagagaaaa cggcacaggg 60
aacagtatga tgtgcctcaa gagtggcgaa aggaaggcac ncctggcatc ttccagaaga 120
cggccatcng nnnagaccag aatctgaggg agagcagatt cggccttgag aacgcctaca 180
acaacttccg gcccaccctg gagactgttg actctggcac agagctccac atccagaggc 240
cggagatggt agcatccact gtgtgagcca acgggggcct cccaccctca tctagctctg 300
ttcaggagag ctgcaaacac agagcccacc acaagcctcc ggggcgggtc aagaggagac 360
cgaagtcagg ccctgaagcc ggtcctgctc tgagctgaca gacttggcca gtcccctgcc 420
tgtgctcctg ctggggaagg ctgggggctg taagcctctc 460

<210> 485
<211> 560
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (144)..(144)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 485
gctgattcta attgtgtgta ggtcttgagg attaagcaca caaatttcac aaacttctgt 60
ttgagtaaac aaactcagcc ttctgtaaat atacatgcaa gtttggaaac agtaatactg 120
tacctataaa tatatgctgt ctgntttgtg tacagtatgt aaaaactcct tttctgccac 180
actaaaaatg caagccattt atgggaatcc taaaactagt attgaactaa aactttgcta 240
atgatcttta ttagaggatc gtccaacttt tcacttacct tgggttttct tttcaattca 300
ctcttacact agtctgctta tttccagctg tttattttat tgagtcctga atttaaaaaa 360
aaaatatttt gattcatttt gtaaatacaa gctgtacaaa aaagagagat ttaatgttgt 420
cttttaaata ctccaatttt cattctaata tgaatgttgt tatattgtac ttagaaactg 480
tacctttaat attacattac ctttattaaa agtgcattga acacatcaat tttagatgtg 540
ctttatgtac tgttatccta 560

<210> 486
<211> 212
<212> ADN
<213> humano

<400> 486
taagcattca gtgagctgcc aattttgatt ttgtgttgct ctttacccaa attatttttt 60
ctttgttttt ctttttttgg gggaggaggg gaaaaaagca gcaatactgt gtttggaaat 120
tatactctgt atctggtttt cctgtgtatg ttaaccactt aaatgttatt atcctgcttt 180
ggttttagag tgattgtgag gcattcaatg ca 212

<210> 487
<211> 407
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (75)..(75)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 487

agtgcctaaa tcttgtttac ctatcacttt aaaaaaataa ttgaagtgta agctaaataa 60
aatgcttgga gtttngcctg ggctagtgag agttggtgca aattcttgtg tgtgtttgca 120
taggaaggtg agatgaccat ctactaaaga ggaagtagct aaatacagat ctgtgggtgt 180
ttttaaaaaa actcaaccta tctggtgttt tattttaatg gataaaaatg taatttttct 240
aaggtagcaa cttatttcca aattaatata gatgaaaaat agataccaat tagactaaat 300
tgaaagcttt ttgttctata tttgcatagc ctttgaaata tttcttagtg cctaggaggt 360
ctggggattc ctctttcgtg gtggtcacta accttacttg atgcaga 407

<210> 488
<211> 553
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (105)..(105)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (136)..(136)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (142)..(142)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (155)..(156)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (481)..(481)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 488
aacaccaatt atgcaaacta ctttttttttc cagcagaaag ggagctgaca tgatcaaatc 60
catgttttca aatgaactga aaaaggcatc cagcaccact tatancacat ttatttcagt 120
tccaggctga cagccntggg gnatctagca ggatnnataa ttgtcatctg gtgagagttg 180
ggactttgct caattttaat accaatctct cctgattgta attacctcca ctactttcat 240
gatccccta caatattttt ttaaatgata tatttattca ctgaatcaaa tgtcattaat 300
gagttatctt ctgtggagga tgactgttct ctttgttaat gttcacaatc aagatcttgg 360
gctgagaaga ggcccttcac ccaaggagtt tgaagtatca cagcgtgtgg gaaggtggga 420
accaggatac ccattcattt ccaaccgaga cacagagaag tgagtcacag aatttgagcc 480
ngctctcttg actgcccagc cagagacact gatttctgta acctcttcac ttgatcctgc 540
ctcttaagca tta 553

<210> 489
<211> 421
<212> ADN
<213> humano

<400> 489
tcatttctag agtacctgag ccaaacaaat acacaacgga agctgcagct gtatcatcac 60
tagcaatttg ctcatcatta tttactacct ttgaacctaa ggtttcctgc ctatgctttt 120
gaaagcaaaa atcagtctcc tttgcatgaa aaagagcctt agatttttaa acatgttagt 180
taccagaatg ctaaaatacc agttgattac ccaaattatt ttggaaatct atccataatg 240
gaagtctaca acaaacacat aaaacagatt acactaagag ctgagaaatt caaaggaact 300
gaagattctg agagataaac tgttcaagtc ttagcaatga tactgcactt ctctttgaca 360
ggttctgggc ttaagttaga ggccctactg gttccaaacc atattccact gactttgcaa 420
g 421

<210> 490
<211> 505

<212> ADN
<213> humano

<400> 490
cctctgagtg ttttgtgggt tctgggtgtt ttgtacattt tagccaagct aaccacttgt 60
ctgcaagtac tgactttcct atgaattctt tgaagattat tgagtcagaa aggaaaaata 120
tagccccaaa ttcccaggct tttaatgcat tacattaact gcctattgaa atgagaagtt 180
cttcacaaac ttgtataccc actaacaaga ttgcacataa acatgcatta aagtatatac 240
taagaaaccc tctgtccaac ggctcatgca tatgaagtcc gaacatggga gtttgccaat 300
tgcattcatc aagtcgtttt gcggagtcag atccctgatg gaagagctca caggctctgc 360
cttccaagtc ctgggttcct aactggtgac cttagcctgg ggtctgtggg gagaccaacc 420
ctggcttcca agaaaaccac attccatgga ctatcagaaa tagacacaga tttgggtgac 480
aaagctggct ctgtatttgc atttt 505

<210> 491
<211> 497
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (48)..(48)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (84)..(84)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (86)..(87)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (116)..(116)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (348)..(348)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 491
gcaagcgcgt gctgagcaag ctgcagtctc catcgcgggc ccgcgggnca gggggcagtc 60
ccgggggget gcagaagcgg cacncnngcg tcaccgtcaa gtatgaccgg cggganctgc 120
agcggcggct ggacgtggag aagtggatcg acgggcgcct ggaggagctg taccgcggca 180
tggaggcaga catgcccgat gagatcaaca ttgatgaatt gttggagtta gagagtgaag 240
aggagagaag ccggaaaatc cagggactcc tgaagtcatg tgggaaacct gtcgaggact 300
tcatccagga gctgctggca aagcttcaag gcctccacag gcagcccngc ctccgccagc 360
caagcccctc ccacgacggc agcctcagcc ccctccagga ccgggcccgg actgctcacc 420
cctgaccctc ttgcactctc cctgcccccc ggacgccgcc cagcttgctt gtgtataagt 480
tgtatttaat ggttctg 497

<210> 492
<211> 540
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (380)..(380)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 492

cactgttcca tggtcagcaa gtcatatttc ataatgtgga ttttccaaaa taattattga 60
atacagctat tctatggcta cttttagtgt ttttgtggta tgtggtgtgg gagtgtttat 120
ggaattacca gtatcttaaa ttttcaaagg aaccttggaa gtctatcact ctaaatgaaa 180

gtctgtcact ctacatgaat tatgtgctca aatttgacca actcagttta agacacaaaa 240
cagtaatttg aagaaggaaa aatgaagaga gtttctagtt taatgggtta aatttttgtt 300
gttgcaatag taagtttagt cttcttataa tatttctaaa tgaaaaatca taggtatttg 360
ttaccatgtg tgaagattan tttgttaaaa gcaaaagtgg tcgtgtgata tgctaaatgt 420
taattactga ttttatatgt ttaaatcacg ccaaacaaat tatgtctgtg ccatccaggg 480
tctgttgtta atctttttct gagtacttgg attgggataa agggcttgta ctatgcactt 540

<210> 493
<211> 569
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (79) .. (79)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (286)..(286)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 493
acacttatag tctactgccc atgtaaggat cagctccggc taagaggcca aagatgggtg 60
acatcgttat gctctgccnt ttatttttc tttcttaccc acttagcttc ctaattggag 120
gaaggaggcg tggtaaaggt atatgaagac tatggtttaa ttagaccaga aaacactgtc 180
ataatctctg gggtcatcag aatgtccagt tttgtctttg ggccaagata agggcagtgg 240
gatttatgat gtgttgttta tagtctgaaa ctactctggt gatcanccag ggtcagtttc 300
tttaatgatg gtttccaact ggcctaatac attaagtaag actggctgat aacatgacca 360
gacagacata aagaccctgt tgggaatgac attgaactct caaagtcaag atttcttaca 420
caaatctatc agctggagaa aatgaaggca gtgtggtata tgtgtgcaaa taaggacatt 480
atgaagctta aatatggaat gtctcttgga ccccccgatgt catctgtatt ctctttttct 540
tcttgtacta tatcctttgc ctgtaaata 569

<210> 494
<211> 326
<212> ADN
<213> humano

<400> 494
tcccagtgcg aactctgctg tgagtgtgtg cggggaggcg cgcccgcgct gagtcggcgg 60
cgggtagcca ctccatgccc ttgtccgatg gtttgcaact ccgattttgc acaccgctcc 120
accgtgcccc ccagcgcaca cccattcaca ctcacgccaa cactctcgct gaacactttt 180
ataattgtta ggcgtggccg ttgggacttt gggcgcagcg cggctgctac tgcgtctgga 240
ggattgatat ttatttttgc attgcgatgg ctgaaggcat ttatttaacg atcttttac 300
ctggatatgt ctgtgaggct cctgaa 326

<210> 495
<211> 548
<212> ADN
<213> humano

<400> 495
gtgaagtacc atagaccata ttgtctagat gggacaaaat aataaatttt gactaagaac 60
ttactgttta gagagaaaaa atagtaaata atgttcaaaa tgagaagaca ataactgaca 120
agtctgtgat ttttgggtta gatgagacca cttttgattt ttgaggaata aaaggagtta 180
gtttttggt cctgatgtgt aaaatgattc atggggtttc acatacagac aagtagtttt 240
cttttcagca aatatttaac atatctctca atatattttt caccagtttt tggtaaatat 300
gcattgctat aggtatacca agtttttttt gttatgttta gtaactaatt tcatttttc 360
tgtatatgta aatatagcta ttggaccctg cattgaaaac cttcttagta ctaacaacac 420
tccttttatt attaccttca tagttacttt aaatgacata tttatttcga gttttacttc 480
tggctgagtt gcaaagtcta tgagaatgtt acctcctgtc tcagaagctt gttagttatt 540
gtgccacc 548

<210> 496
<211> 476
<212> ADN
<213> humano

<400> 496
acatctgcta gaacctttg ccttaactat tcaccaatat atgctaatat tcataaatat 60
ggattgactg tttacaaaca ttagaatctt gtcttggttc cattttgatg gctaatattt 120
gttatcttaa ttaagactat ttctgaggtc atgattactt gaaaatattg actaaaactg 180
ggtccttaga aattccaggt ggagctgatt tacctatgac tgaggggaaa aaaaaatcaa 240
attttactga taatagtaat gctccaaatg aattaatgac acatctgttc aataaataaa 300
gagcttaaat atacaaaaca taagaaatct gggcaacaaa acttgtggtc tttacttttg 360
aatagctacc caagaaaagg ttttaaaggt aaaagttatg agtaatgtca tcacaataag 420
ctcttgttta aaattctttt cttttatgta taattaggtt tatgtttcat gtcttt 476

<210> 497
<211> 414
<212> ADN
<213> humano

<400> 497
atcccatggg caataaagcg cattcaatgt gtttataagc caaacagtca ctttgtttaa 60
gcaaacacaa gtacaaagta aaatagaacc acaaaataat gaactgcatg ttcataacat 120
acaaaaatcg ccgcctactc agtaggtaac tacaacattc caactcctga atatatttat 180
aaatttacat tttcagttaa aaaaatagac ttttgagagt tcagattttg ttttagattt 240
tgttttctta cattctggag aaccgaagct cagctcagcc ctcttcctta ttttgctccc 300
aaagcctccc ccaaatcatc actccctgcc ccccttaagg ctagaggtga gcatgtccct 360
cacaattgca catgtcaagc catcagcaag gcgcatcaca caaaaggcac caag 414

<210> 498
<211> 309
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (61)..(61)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 498
cagtgagtcg aggttgcgct actgcactcc agcctggaca acagagggag actctgtctc 60
naaaaaaaaa aaaacctaca gctgttcaag gaccagctga caggtcaagt gtggcctttt 120
ctggtctttg aacacatcat agaaagtgac aaatgctgca aagccatgaa gaacatgaac 180
tataaacggg tagactaact gcccagctta gacacttatc tatgccacaa aacagctgaa 240
tttgtcacat ttatatattg caatatggga agtattgaga tcaaaacagg attccattga 300
cctaattat 309

<210> 499
<211> 233
<212> ADN
<213> humano

<400> 499
gccatcacag ttgcgattcc atgagtagct gctttatgac tgctttttgt actatctgga 60
tgtgcccaga gttacttctg tacaagctct gtatctatgt ccgttgagaa cattatttta 120
acaagaagaa caccaacagt agcatgaaat ataatactgt tttataattc taaagctgct 180
gttaatttat gaagtacata ataatctaat gtaaactgca gaagtcagag caa 233

<210> 500
<211> 420
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (71)..(71)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 500
gcaaccattg gggaatgacc ttttcatttc agaagtggat gaggaaggtg gtgtgagcat 60
caggtatatt nctggaccat ttcaagtgct ggtgagaaga aaggaactct ttgcctgaac 120
tgggcttggt tttccaagtg ctgctttgga aatgaagacc cagagatgca gagcttatgg 180
tagttcataa atcttcatgt tctattatct ttcatctgcc aataaagttc attttcaata 240
atgtccacca ttgctgtgcc cagaataacc acaggcaaac atcaaaacaa tacgcataag 300
ttagacaaga ttaaatcttg tctgatatct gcacaaacag atatgcacca tgttggaaac 360
atgtgttttc ctagtcccat ccaggcttcc cacaagaaag ccatgatgtg ggtctaaacc 420

<210> 501
<211> 390
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (96)..(96)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 501
attgtttccc atagcagaat gtcaatattc acagtacatt tctgtaaaga gcaaaccaat 60
ataatgtttt gagtgttgaa aaaaattcca gatttntgaa gaattagaca actcttcatc 120
taccttattt ctagttcaca cagttatctc aaattccact gaaactaatg ggatactgtc 180
ttgtgtagat gccagttgag tttataatgt gacctagtaa agctgtcttt tttgttgtgt 240
tgtatgagtg tcggatcatg cttttaggaa tacttttatt aaaatggtgt gcattcatgc 300
aaaaggccaa ctggcttttg tgaacaatag atcttttctc ccctttattt tgttctcttg 360
acacttttgt gaaaattacc tagcctgata 390

<210> 502
<211> 460
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (258)..(258)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 502
aaagccttcc ctaaaaagag agcatgccag tcatagagac actaatttgg cacttttcct 60
ccttcttagg tttaaatgtt ataccaatgc atgtgtttga aatatccatt aagatgattt 120
aaaatttgtc ttgtattttg agtttcttaa atgcgtggat tcttgttcat ttatctctga 180
atatgtctct tttatatttt ggcacaatta tacacattgg aaagggccaa cctattaggg 240
ctcaagtatg tatatgcnaa aaaaaaaagt tatatcaaac aggcacagtt attacaacta 300
gagagaaatt ccagaaatat ttgtttttt aagagaaagt aaattttcac attagatttc 360
tattcaaagt actaatatct acatggtcca cacttttcta ttttaaaaaa ttgtgttctc 420
ttgttaaata gattaacatt tccacttctg tttatcacaa 460

<210> 503
<211> 514
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (285)..(285)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (469)..(469)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 503
atctttccat attgaggaca gcctctgcat ataaaaatgt tcattgggag aaaaattatt 60

tttaaaacta aatttttata gtagtcctcc attactggca attaaggagc aacccacaaa 120
atgtcattat gtggttcttt gattaggcat aaaaagtatt gcaaacagct tttctattcc 180
tttggaatat gaatcttttt aatgtctaaa gttaacctgc aacattttct agtaggacaa 240
gtcaatgtaa attaggtaat ttttgcctgt tttatacctt ctgtngcatt ttgttcaaat 300
gaaaacattt tttaaaacat gattgaattt ttacttctca gataattggt ttgagtgtgg 360
aatttctttt ttaacacttt gatatgtaag ttagtgtaaa ttaatacttt tataacacta 420
ctaggcttta tatttttatg gaatgtttta aaatttgaaa tttttgaant gttaatttag 480
cagtacttta tcattatgtg ccaatactga caag 514

<210> 504
<211> 445
<212> ADN
<213> humano

<400> 504
tttactccag tcattcgatg ttgctgagat ttacatatga ctcttgtcaa catctcatct 60
tttgacccaa tcttattcat ttaataagag gtctcattca tttgcatgga aaaatgctca 120
ttgtatattg caaagtgaaa ataacgagtt gcaaaacagt gtatacatat atgtgtgtat 180
atatgtacac tttatttgta catttctatg tgacataatg caaaggaaag tgtctgattt 240
tattatacac caaaggttaa cagtgaatct ctgtgtgatc tctttttttt tctttttgcc 300
tatctgcatc ttctcacttg ccaaaaaatg aatatatgtt tatgtgtgta tattacttgt 360
gtcacaaaaa accctaaagt agacagtaaa agaacttgtc aatcgccttt ggaaggcaat 420
gaaacactta ataaactctc aataa 445

<210> 505
<211> 514
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (26)..(26)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (128)..(128)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 505
agccaagaac tgaccggggc cagggnctgc catggtctcc ttgcctgctc caaggcacag 60
gatacagtgg gaatcttgag actctttggc catttcccat ggctcagact aagctccaag 120
cccttcanga gttccaaggg aacacttgaa ccatggacaa gactctctca agatggcaaa 180
tggctaattg aggttctgaa gttcttcagt acattgctgt aggtcctgag gccagggatt 240
tttaattaaa tggggtgatg ggtggccaat accacaattc ctgctgaaaa acactcttcc 300
agtccaaaag cttcttgata cagaaaaaag agcctggatt tacagaaaca tatagatctg 360
gtttgaattc cagatcgagt ttacagttgt gaaatcttga aggtattact taacttcact 420
acagattgtc tagaagacct ttctaggagt tatctgattc tagaagggtc tatacttgtc 480
cttgtcttta agctatttga caactctacg tgtt 514

<210> 506
<211> 432
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (197)..(197)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (268)..(268)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (357)..(357)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (364)..(365)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 506
gggctgttcc agagattcga tcctcttaag gcattatcag tgagcaaatg tgaaggaaat 60
ggtgtctgga agaaagttct ggttcacatg ccttgtagct aagtctttct gcaaacaacc 120
tcccttcccc ccgtcgagtc atttggtgac tttgatgggg ggatttctgg ttatgtcaag 180
gctctggaga caggaanggc ctttggccgc cttgggtagt tgacctgcct tttctgactc 240
cgggacgagc cagtcctagg ctgcctcngg gagcacttga ggtatcccgc aggccatgag 300
gacccactgg gcagctcctg gacagcctct tggctccagc ccccacccga aagtggnaca 360
ctgnntccgc cctggccacc tggggactgg cactgtggtg cacagtggcc caatgtggcc 420
aacggaagtt tt 432

<210> 507
<211> 225
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (35)..(36)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (38)..(43)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 507
cacaggtgta gcactcccaa agcaagactc caganngnnn nnnacctcat gcctggcacc 60
tgaggtaccc agcagcctcc tgtctcccct ttcagccttc acagcagtga gctgcaatgt 120
tggagggctt catctcgggc tgcaaggacc ctgggaaagt tccagaactc cacgtccttg 180
tctcaattgt gccatcaact ttcagagcta tcatgagcca acctc 225

<210> 508
<211> 224
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (59) .. (59)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 508
caccatgacc ggtcacagct acaaatccag agaccatcaa tcctgctaga gtgcagggng 60
gcaagcaccc aagggtggct gaccaagact gcagagtctc ctccatcttc aggtccattc 120
agcctcctgg catttaacta ccagcatcca gtggtcccca aggaatccct tcctagcctc 180
ctgacatgag tctgctggaa agagcatcca aacaaacaag taat 224

<210> 509
<211> 177
<212> ADN
<213> humano

<400> 509
ggttagattc cgttttgact gcttggtatc tcattgtaag catttcccag ggacactaca 60
cagtctttat aattatgatc actacatctt ttggataact taggcttttg cactattttg 120
tcacgatgcc tcaaactttt ctatcattgt ctgtaattac tcctataatc ttttatt 177

<210> 510

<211> 498
<212> ADN
<213> humano

<400> 510
aatatctcaa gatttctagg cattttccta tgtctaatag taggatgttc tctctgaatt 60
tatttattac aaaaataaca ttacaacaat aaagcaaaat aatatttaaa agaaagaaaa 120
aacaaacagt cgcaatacca gaacaccatt gtagtcgttt gtgtatgtgt gacttcttta 180
ctgtgttcat gcagagacaa gctttgtaat acctttgtaa ctactgtaca ggtgcgtggt 240
tagattccgt tttgactgct tggtatctca ttgtaagcat ttcccaggga cactacacag 300
tctttataat tatgatcact acatcttttg gataacttag gcttttgcac tattttgtca 360
cgatgcctca aacttttcta tcattgtctg taattactcc tataatcttt tattataaaa 420
tattgaaaca aagtcacatc actaaaaaca ctgtgagtat aatttattag taagtgtaga 480
ctgtgtatca ttagcaaa 498

<210> 511
<211> 453
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (348)..(348)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 511
ggagctgctt caagaagaaa cccggcagaa gctcaacgtg tctacgaagc tgcgccagct 60
ggaggaggag cggaacagcc tgcaagacca gctggacgag gagatggagg ccaagcagaa 120
cctggagcgc cacatctcca ctctcaacat ccaggtgcct gccccgtgtc cttgcttcct 180
tcatgggtcc tctcaacttc tctgcgctga gatcccccgc aggcagatcg cggtggagtg 240
ttggtgcgat ggtgcttgac cccccagctt cccctgctat tgggtttctc caacgaggag 300
acatggtctt cgcttctcag agtctgtggg gccagggaca ggggccantc atggtccccc 360
tctcacccta ccctggacgc tgtccttgta gctctccgac tcgaagaaga agctgcagga 420
ctttgccagc accgtggaag ctctggaaga ggg 453

<210> 512
<211> 447
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (49) .. (49)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (153)..(153)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (177)..(177)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 512
tgttaccttt cagttacatg cctttgatcc taaaattctc tacttttgnt gccttatcag 60
ttctttgcaa tctgcctgtg gttatcagca cttaaagcac aattttgaag gggaaaaaaa 120
tgataatcac cttagtccca aagaaataat ttntgtcaaa ctgccttatt agtattnaaa 180
acagacacac tgaatgaagt agcatgatac gcatatatcc tactcagtat cattggcctt 240
ttatcaaatg gggaaactat acttttgtat tacatagttt tagaaatcga aagttagaga 300
ctctttataa gtaatgtcaa ggaacagtaa tttaaaaaca aagttctaac aaatatattg 360
tttgcttaat cacaatgccc tcaacttgta tttgaataac taaataggac atgtcttcct 420
tggagctgtg ggcattagtt cagaagc 447

<210> 513
<211> 469

<212> ADN
<213> humano

<400> 513
gtttacacct atactgcata atccaacaat tttaatttca gttgaagaca tgttactaat 60
ataactatta ttaaaagagt agaggatgtg taattaacca tatcttctaa aacatggtta 120
ctaaaagaat atgtaacatc aatattgacc ttggtttctt acacaagtgt tgctaactca 180
atagtgaagg agacactatt aaattttctg aacccatgag agatactaga gatggggagt 240
ggaaagtgtt tggttcaggg atatctgaag aacagaaggg cagagatttc ttaagtgacg 300
cctcatctac aagctggaaa ttcctaaaaa caagtagaaa gcttataaac aacaggtgat 360
acactcacct cactggtttt agtaaattac caatacagaa agtatcccta gtcttaaaaa 420
caagtggaaa atttgaactg attagtcata ttcctttgat tacactgtt 469

<210> 514
<211> 236
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (135)..(135)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 514
cagtcagagt ggacaaacct ctgtgggagg ctctactgca ctgagatgca gctcttccga 60
gggggctcct aagccagtgt acaactgggt gcgtcttgga acttttccta caccttctcc 120
tggcagcatg gttcnagatg aggtgtctgg ccagctcatt ctcaccaacc tctccctgac 180
ctcctcgggc acctaccgct gtgtggccac caaccagatg ggcagtgcat cctgtg 236

<210> 515
<211> 488
<212> ADN
<213> humano

<400> 515
gcctcctcag acactctcaa gaggatgggg agatgacatc acttgggtac aaacttatga 60
agaaggtctc ttttatgctc aaaaaagtaa gaagccatta atggttattc atcacctgga 120
ggattgtcaa tactctcaag cactaaagaa agtatttgcc caaaatgaag aaatacaaga 180
aatggctcag aataagttca tcatgctaaa ccttatgcat gaaaccactg ataagaattt 240
atcacctgat gggcaatatg tgcctagaat catgtttgta gacccttctt taacagttag 300
agctgacata gctggaagat actctaacag attgtacaca tatgagcctc gggatttacc 360
cctattgata gaaaacatga agaaagcatt aagacttatt cagtcagagc tataagagat 420
gatagaaaaa agccttcact tcaaagaagt caaatttcat gaagaaaacc tctggcacat 480
tgacaaat 488

<210> 516
<211> 452
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (34)..(34)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 516
aaggttatag ccacattcaa cttgaatggt cccnaatgtt aaatttacca tgaatactgt 60
gtcttacaat gctgagctct cgactagact aaccagaata ggaacacagt ctcaaaggat 120
accataagac aaacagtatt tagacatata aaaaactaca gagatgataa cttgaagaat 180
aaataacgtg aaaaactact atattcttga atgggagtag aatgtaagct ctttgagggc 240
agggactttg actgtcttgt tcattgctat atgataatgc ctggcccaac agcaggcatt 300
ctgtagtgtc tgttgaacaa acatctaaaa tctggcaaag tgaacaatgg ttcctgagga 360
taagtattta aataacaaaa ttaactttca ctacaaaagc tgccaactta cctttatctt 420
ctggtgctat cccctgagct ttcttaagat ca 452

<210> 517
<211> 399
<212> ADN

<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (119)..(119)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 517
gaatgcatga tctcaagcct taactactat aatctttttc tgcccctcag aaattgaata 60
acctaaccaa gatgccttta ggggatgccc taagtaaatg taatttcaga tttcagggnt 120
ttttttttt tcctctctaa gtgttccttc cctttcttct cctgctctcc atcatgttat 180
ggagaccagt gaggaaccag tgttaacttg gtgacaatgt gacagctggt gctttatcta 240
agctccgttt tctatttctt gggaatgctt tattgtggaa actgcttcag atacttaaat 300
tgaatcataa cttgcttctg taaattgcgt aaagacaaca aactgatttt agtttgaaaa 360
gtttatcttt tacttgtaaa ccttgtttgc cagttacct 399

<210> 518
<211> 529
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (60)..(64)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (68)..(70)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (74)..(83)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (86)..(87)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (89)..(90)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (92)..(92)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (95)..(95)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (99) .. (99)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (101)..(103)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (111)..(112)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (115)..(115)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (121)..(121)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (124)..(124)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (127)..(127)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (129)..(129)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (432)..(432)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 518
agccccaggt gtatttctga gtgtcaacag tgttaatttc aagcatgcta ataaaatgtn 60
nnnncggnnn atannnnnnn nnnaannann cnttnaaant nnnggtttcc nntgntaaaa 120
ncanccncnt ttgcttttgt tagctgtaat atttttgtc atttagataa gacctggttt 180
ggctctcaat aaaagatgaa gacagtagct ctgtacaggg atatatctat attagtcttc 240
atctgatgaa tgaagaaatt ttctcatatt atgttcaaga aagtatttac ttcctaaaaa 300
tagaattccc gattctgtct attttggttg aataccagaa caaatctttc cgttgcaatc 360
ccagtaaaac gaaagaaaag gaatatctta cagactgttc atattagatg tatgtagact 420
gttaatttgc antttcccca tatttcctgc ctatcttacc cagataactt tctttgaagg 480
taaaagctgt gcaaaaggca tgagactcag gcctactctt tgtttaaat 529

<210> 519
<211> 281
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (31)..(31)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 519
aatcttgtga gttgtgacct aggtgaaggt ntaatgataa catctggagg aagcatcatt 60
tgttcagcta cctagggttt actttcagac ttttcctaca gtttaaagca cttgcgttca 120
gtgtggtacg atctgtttgt aatgttaatc attgactatt gttctgctac ttggatgttg 180
atagtgaagc agagaacaat ttatcatcgt ttattatgag tcactatgca cgcaactatg 240
cttaacatgg cgaaatgtat taaacactcg tccaactatt t 281

<210> 520
<211> 352
<212> ADN
<213> humano

<400> 520
aaagggtggc atttgcgtca cgtggaccag ggacagtgct gaaatcagca gtgctcagaa 60
acaatttaac atgttgaaac gacaatattc taaaatactg atgaatcttg catcaatata 120
attattgggt ttttttttctt tttcctgctg tataactcct tgccatgcaa actctcaaga 180

ggccaatata ttcctggcca tgtttgaatg agcctcttaa aataaactta gagccatgca 240
aatgccagca gcttaatgga tttcatggaa tgaaataccg tgattaactc atagctacat 300
atcattgcat aaatgggatt tatctttttt ctcacttatt tttgcggtga aa 352

<210> 521
<211> 245
<212> ADN
<213> humano

<400> 521
agagccatgc aaatgccagc agcttaatgg atttcatgga atgaaatacc gtgattaact 60
catagctaca tatcattgca taaatgggat ttatcttttt tctcacttat ttttgcggtg 120
aaagtcgagg gcatgcaaga gtttctcttc cagaagccaa gaggagaaca aaggtcctaa 180
tgctgtacta ttccaccctt tggacgcctc atccaggacg cagaggactc taggtttaac 240
atttt 245

<210> 522
<211> 495
<212> ADN
<213> humano

<400> 522
gacccagagt cacctaagag aactcttcca acttaaatga ctagggtgtg taatcagttg 60
cttcttattc tgtgtctcag atttcctagt ccatgacatt taatagtgag tatagagtag 120
gatattctat acattttagt atttggccct tggaaacaaa gttaaatacc atgtcactca 180
gaagactctc aaagtttgtg tataaatggc gaagtatgca ctatgagaga ttctaatcca 240
ttcacatcat tcttgagttg tgcaaataca cttggctttg atttcacttg gtgatctaaa 300
tttgtttatt taagctgcaa gaaagttaca ttaatttgga atgtgtcatc acttggaccc 360
agtatatcag atttttattg agtaaaatgt taaaaataat aagtgtaact cagattctgg 420
atgttcgagt ttacaataca ttgcctgtaa taaaagctga ttctgaagtg catttttctt 480
gacttacttt ggcag 495

<210> 523
<211> 374
<212> ADN
<213> humano

<400> 523
atgcacgtac aaatttctta acctgttatc aatgtctgag ctacataatt atctttctag 60
ttggagtttg ttttaggtgt gtaccaactg acatttcagt ttttctgttt gaagtccaat 120
gtattagtga ctctgtggct gctctcttca cctgcccctt gtggcctgtc tacaattcta 180
aatggatttt gaactcaatg tcgtcgcttc tggtttcctg catataccaa tagcattacc 240
tatgactttt tttttcctga gctattttca ctgagctgag ctaatgaact aaaactgagt 300
tatgtttaat atttgtatca aatacataaa aggaatactg ctttttcctt ttgtggctca 360
aaggtagctg catt 374

<210> 524
<211> 451
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (271)..(271)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 524

ggaatctttt ccaataacca gctaaagatt tgcactgaaa tacaacttgt atgccttttg 60
cattttaaa gcctgcttcc tggatttaag cagagtgata gtgttcaaag agccagttca 120
gcctgtaaca tatttgaaaa agatatgtct gcactttgag gtccctttg aatgccattc 180
actagacctc tcaagcattt tgtttcattg ctacatccaa gcgcctcaca agtccacaat 240
gcgggacagc atcaaaagct caagactttg naaaaagctt gtgggcttgc actgggggag 300
ggaagggaac aaaatttgtg tacttctttg tttaatttag aaataaggca tccaagagat 360
gccattattt tctgtgtttc aattgttgtg cctttgagtt aaactgcatt tttgtctttt 420
ggttgaaatc tgaaatgtac tgtcccaata t 451

<210> 525
<211> 360
<212> ADN
<213> humano

<400> 525
ctccttatct gttctagttc cgaagcagtt tcactcgaag ttgtgcagtc ctggttgcag 60
ctttccgcat ctgccttcgt ttcgtgtaga ttgacgcgtt tctttgtaat ttcagtgttt 120
ctgacaagat ttaaaaaaaa aaaaaaggaa aaaaaaagaa aaaatgaatt tactgctgca 180
ggtttttttc tctctccatg tgtcactaag tgaagtttgt gccttctata gcaaagagaa 240
tatttttac atcctactaa cagtagattt ttttgtagtg aacatttttt gtatttttat 300
ttataagtct cataagaaaa atagcaatgt tcagttgtat accttgaatc tgcagttaga 360

<210> 526
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<400> 526
aataggtctt gcaggtttcc ttttgaattt taagtatcat aaatattttt taagtaaata 60
atacggggtg tcagtaatat ctgcagaatg aatgcagtct ttcatgctaa tgagttagtc 120
tggaaaaata aagtcttatt ttctatgttt tattcataga aatggagtat taatttttaa 180
tattttcacc atatgtgata acaaaggatc tttcatgaat gtccaagggt aagtcagtat 240
taattaatgc tgtattacaa ggcaatgcta ccttctttat tccccctttg aactaccttt 300
gaagtcacta tgagcacatg gatagaaatt taacttttt ttgtaaagca agcttaaaat 360
gtttatgtat acatacccag caacttttat aaatgtgtta aacaatttta ctgattttta 420
taataaatat tttggtaaga ttttgaataa tatgaattca ggcagatata ctaaactgct 480
tttatttact tgtttagaaa attgtatata tatgtttgtg tatcctaaca gctgctatga 540
a 541

<210> 527
<211> 484
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (70)..(70)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 527
gagaacatca gatctaatag agcatagtga tactatttaa tttaaccaaa gtctctagtg 60
aatatttcan ctttgaatgt aaactaacaa ataaacctga ccaccaagga gattgtttgc 120
ccagagtttc aaagcacatt gtctacaaat ggaaattgaa ataatttata aaatattgac 180
gttactatgt tttttaaaaa gttcctaatt ttttcactaa atggaggaaa ctattagttt 240
tattgttaaa tatggtagat attaatattc ctcttagatg accagtgatt ccaattgtcc 300
cagtttgaaa taagtaccct gtgagtatga gataaattag tgacaatcag aacaagtttc 360
agtatcagat gttcaagagg aagttgctat tgcattgatt ttaatatttg tacataaaca 420
ctgatttttt tgagcattat tttgtatttg ttgtacttta atacctggtg tacagttcca 480
gaaa 484

<210> 528
<211> 399
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (119)..(120)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (145)..(145)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 528
gaaggatgct gaggacctag atgagaagtt acctgcaaaa ggcaaaaggg ttacttagtg 60
tcagaaccaa ggcaatgact tctctctccc agatctccta gctactggtc ctgggccann 120
ttttttttt taaataatcc caacntttct ttaaaagaca agcatttcag taagctagtt 180
attttcatgg gttgctcatc catttttttc agtgatctaa aaatgtaggg agatggctac 240
tactgaagtt gtctgtctac ttgggataat agcaaattaa ttgaagacaa tgggaaagta 300
agttataaaa aatactggga aatctgtttc tcttctgagc aagcattcag ggcaggtata 360
aacatcaaac atagtgacat tgtcaaaacc tcttccatt 399

<210> 529
<211> 420
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (78)..(78)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (161)..(161)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (163)..(165)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 529
ggaaagagaa acgtggctca agtgctggct caccttctag ctgtgtggcc ctgggcaggt 60
tactgaggct cttccaanct cacttttcac atgtaaaatg gcatttctaa aagtacctac 120
cctacctcaa aggaattctg aaaaaagtaa gtgaatttgt nannnaagca aagcactcac 180
aatatgcctg acacacaaac tgcttaataa atgttagtaa tttttaaaac ctcctcataa 240
gcggcttaga aattattcat gtttggtaca tatttattgc aagtcaagca gatccaactt 300
ttttgaaagc tggtggtcta ggagtatagt tttaattata tttgtaaata ctcaaaagta 360
ttagatgcca gtctaattta aatgcagtct gactgtagcg agtaactgac ctgggcaatg 420

<210> 530
<211> 378
<212> ADN
<213> humano

<400> 530
gggactcagt tcttagagaa gtcttttggt cttagagttc atcaagcaga gaaggggaag 60
gacatggtcc aggaaaataa atcagcacac aaagagatgg ggtcttgagg gtgcatagta 120
cattctggac agccagttac ctgggatgag ttgggaggga ggagaataag gacaaaagac 180
catctgggca aaaatcacga aggggtatgt gtgtcatgta aaggtgtgcc atgatagtta 240
ttcatattgc tattgtaata ttaatatata gtaattaact acacatgaca cagctttaca 300
tgaccttaag tagttatcaa cattaccata atagtaatat taataactac aataagagcc 360
attattattc acttgagg 378

<210> 531
<211> 360
<212> ADN
<213> humano

<400> 531

gttagcaagt gccagcttgt aggctggttg aagtacagaa ctcagaggaa aaaagaaatt 60
aaattttagc tttctggaga gcagcccctc tctggcacca tcaaacactt ctttgtttcc 120
cttcaacttg gaactcttca aacatcaggg gttgtgaggg tttggccatt cttttatctt 180
gggtccatgt gagtgacaga aatggtgcgg cctgggaaag atctccctcc tttacatttt 240
ctcttctccc tcctcctcct tattctaaaa ctgtgcctcc aacagagggg caggggctct 300
tgtagagaga tccctggccc aggacaggag atgccaaatc taatttatct cactgagggc 360

<210> 532
<211> 502
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (371)..(371)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 532
tttcctacca atttcacatt ttgcagaaac ttgttcacat ttccaacaat atcagaatta 60
gaaaacagtt cagataacaa gaaagattaa aaattaggga aattctgata tcaccataaa 120
gcactatttt acatttagag attacattta agataaagtc atcatacaca aaaacaataa 180
atatttataa ctttctctat aaggtccgca tatactgtat atattgaaac aatctgaatg 240
actagtagat ttcatatgac cattgttatt tccactttct ccaatacttg tattttatgc 300
tacatgtaat gaagttggac ctttttatta tttagtaatt cctatatgtt cctatacttt 360
tcattttcaa natgattgct ctattgtttc atgttgtttc tagcaatata tctccatgag 420
atatgcactt tgtttcatat tgaaaagtat aaaatttatc tttcaattcc tgtgtgtgta 480
tcctatggtt atctgtatgt at 502

<210> 533
<211> 258
<212> ADN
<213> humano

<400> 533
tcccaacccg gttctggcaa agaatccagt tatcccttcc atgaagacgc acataactct 60
cttacttggt ctttccatta gggacaacat aagtcttgtt ttacatcaaa taaaaacaat 120
gttaaaaagt gtgtgaacct taaaaatgga agtctactag tttacatacc tacttcagag 180
gacatggaaa tgaccatggg cctgcatttc agggaccaaa gcaaattagg cctggcctaa 240
aatacatcag acctttttg 258

<210> 534
<211> 460
<212> ADN
<213> humano

<400> 534
gttgacccca actttggaac tcagatcata ggatctccca gaggtttcag gtgttcctaa 60
gaagcttcta aaggaagttt tggaagaaag actaataggt gtaaacatat aaacatatat 120
attatatata gctatatata tttaaagaga tctctacata tatatatata taaatacaac 180
tactgtactc tctgcatctg tacaaagtat gagttaaact gcccaggtag tgtgagatac 240
gtaatgcatg aatgtgaata tcctgaaatc tgccttctta gcaacgtgcc gcgtgtactg 300
gagagaggac agttgctcct gggagttctc tcaatgggca aatgtacaag ttgatgccgt 360
cttatccacc aacaagccat taaggttggt ttcctgctga gacttttgta ccggaagcga 420
gaccggcagc actgggggtg tccatatgcc acttatgagg 460

<210> 535
<211> 493
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (280)..(280)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 535

ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa ttttttgtgg tcataatcaa atacttagtt 60
gtttttgatg ccccaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt 120
atcttacaaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcat tgtttaaagc 180
acgaatgttc cctctggggt acttgttaaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag 240
aagtgctgca cactttacag cagcttcctt tctttccatn gcactgccta gttaacagaa 300
gtcttataaa aatttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaatg 360
gcattagatg gctctatatt ttttaaagct atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt 420
acttatacat atctaaacat gtcttcatgg tttatatttt cacttatata tgctgggctg 480

gattaagctt tgt 493

<210> 536
<211> 486
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (28)..(28)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (31)..(31)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (39) .. (39)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (118)..(149)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 536
ggggcagagg gactatgttg tgagcctngc naaagaagnt tgtgtgggga ctgtgggcag 60
tgaatgcgtt gggaacaata tggaaaactg ggagctgcct tggaatctac agggccgnnn 120
nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnng gctgaagaaa agaagaatgg tattcatgca 180
gttcccattt tacagatgaa aacaagagga ctttttctgt gaagtcaaga aagtggttac 240
aatggtactt tcagcctgtc cgaattatgt attgcccctc ccctttttat taataacatt 300
gaagtgtgat gggacaacca ctgaagccgt ctgttgaaac ctgctgggac tttttagcca 360
ttctcttcaa cataaagaat gggtgttttt ggaggggggtg agaggaatgg ggaaatgttg 420
tcaaagagta caatgtttta gttgagacag gaggaatata ttttgttgag atctacagca 480
cagcat 486

<210> 537
<211> 299
<212> ADN
<213> humano

<400> 537
gatagcgaat gcactcaggg tcagcagtgg agtttaaaaa ttgtctcttt tcaacttatt 60
taaatgacag cacctgagaa gaggaaccgt tttacactgg atgtttctca tgtagaacaa 120
gaaatctttc tggaattgat gtttacatgt ctgttgttgg tcatctctcc tgtgtcttaa 180
atactttaat gttggaagag catagtgttt gggctagtgg gtttctgaca gcccatggga 240
atgccctgaa actactgtat ctgatgtttg ttttcgatga ggttccatgt tttgttttc 299

<210> 538
<211> 367
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (27)..(27)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (32)..(32)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 538
gcagctgtgg tggtcattat aagcatngtc cntcctggga agaagcatcc aggcaagcag 60
aaaagaaaag atgcagccac cagaaaaaga aactccagaa gtcctgcatt tggatgaggc 120

caaggatcac aacagcctaa acaacctaag agaaactttg ctctcagaaa agccaaactt 180
ggcccaggtg gaacttgagt taaaagagag agatgtgctg tcagttttcc ttccggatgt 240
accagaaact gagagctagt gagggttcag agaagcccca tcctaagcca gacacatgat 300
gtgggctcag ctcagtggcc tgaaacctct caggttttag agtctctccc aagaagccgc 360
ttttttc 367

<210> 539
<211> 394
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (54)..(54)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (58)..(59)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (61)..(61)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (65)..(65)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (68)..(69)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (71)..(72)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (74)..(74)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (76).. (76)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (78)..(81)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (83)..(84)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (95)..(95)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (115)..(115)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (127)..(127)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (129)..(129)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (219) .. (219)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 539
tactagttgt tttacactct cttttcttat tcttagggct tttgtgtatg tctnactnnt 60
ntttnaanna nntncncnnn nanncagacc ttaantttta tatttttta aagtngctaa 120
catagcngna ggcacttaag catttagtca atgatattgg tagaaatagt aaaatacatc 180
ctttaaatat atatctaagc atatatttta aaaggagcna aaataaaacc aaagtgttag 240
taaattttga tttattagat attttagaaa aataatagaa ttctgaagtt ttaaaaatgt 300
cagtaattaa tttattttca ttttcagaaa tatatgcatg cagttatgtt ttatttgatt 360
gttgacttag gctatgtctg tatacagtaa ccaa 394

<210> 540
<211> 452
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (72)..(72)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (86)..(86)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (93)..(93)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (96)..(96)
<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (98)..(98)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (107)..(108)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (111)..(111)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (121)..(121)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (124)..(124)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (130)..(130)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (264)..(266)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (269) .. (269)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (273)..(274)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (277)..(278)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (281)..(284)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (328)..(328)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (362)..(362)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea

<222> (373)..(373)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (379)..(379)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 540
gagtaggttc ggtctgaaag gtgtgggcct ttatatttga tccacacacg ttggtctttt 60
aaccgtgctg ancagaaaac aaaacnggtt aanaanancc gggtggnnag ntgacagagg 120
naanccgctn aaataccttc acaataaata gtggcaatat atatatagtt taagaaggct 180
ccccatttgg catcgtttaa tttaaatgtt atgttataag cacagctctc ttctccaatt 240
ttcatcctgc aagcaactca aaannnttna aannaannтt nnnntgtagt tattttcaaa 300
tctttgcttg ataagtatta agaaatantg gacttgctgc cgtaatttaa agctctgttg 360
antttgtttc cgnttggant tttgggggag gggagcactg tgtttatgct ggaatatgaa 420
gtctgagacc ttccggtgct gggaacacac aa 452

<210> 541
<211> 457
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (364)..(366)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (369)..(369)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (379)..(379)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (382)..(383)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (398)..(398)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (407)..(407)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 541
ggaacctata aatgtagttt catctgtcgt caattactgc agaaaattat gtgtatccac 60
aacctagtta ttttaaaaat tatgttgact aaatacaaag tttgttttct aaaatgtaaa 120
tatttgccac aatgtaaagc aaatcttagc tatattttaa atcataaata acatgttcaa 180
gatacttaac aatttattta aaatctaaga ttgctctaac gtctagtgaa aaaaatattt 240
ttaaaatttc agccaaataa tgcattttat ttataaaaat acagacagaa aattagggag 300
aaacctctag ttttgccaat agaaaatgct tcttccattg aataaaagtt atttcaaatt 360
gaannngtnc ctttcacang tnnatgatta aatctgantt cttaatnata tatcctatgc 420
tgattttccc aaaacatgac ccatagtatt aaataca 457

<210> 542
<211> 344
<212> ADN
<213> humano

<400> 542
tctttttgag tgatagtgcc attgaatgag cagtatggaa acagtgttac ttgatatttt 60
gagctttctc aggtttatct aaatcagtgg tagcttaaca aaacccagac taattgtgtg 120
taattgtatt tttaataaaa ggaaagtaca tttcctataa tagcatagta ctgtttgcat 180
gtaagagtat gcaaaacctt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtcttagt 240
gtgtgtaagg catggcagcc aactttgtat ctgctatttt tagtacgagc agagcttcat 300
aattgtggtc actagaactg tacttaccat ggacagttaa aact 344

<210> 543
<211> 414
<212> ADN
<213> humano

<400> 543
tctctcagtt taaacatctt aacagagaat ttgttactgt ttattaaaag aattgcattt 60
ggaagcaaga aaacaaccgg atttgcaatc atgtgaagaa acaataatgc ctttattatc 120
aagtgttaag cacaattctt ataacaaact gtgataaatt ctttttgttt ttttttcctt 180
tgccccatta ttttcttatg aacaaaccaa aaattcatgg tgagcagttg cagtgttggc 240
tgatatatct tttatgtaca gggaatttga aaaggacagt ggattcattt agaagtgtaa 300
ctggtgctgt gattatagca atacatttgt tagttgtact tcatcttttt catgctagct 360
ttttaaatgt ttagttttcc tcttgtcatg gtcagctgct gaatttactt gaag 414

<210> 544
<211> 545
<212> ADN
<213> humano

<400> 544
agattctggc cacggctggg aacgttgtca ccctgaccat catccccagt gtgatctacg 60
agcacatggt caaaaagttg cctccagtcc tgctccacca caccatggac cactccatcc 120
cagatgcctg aagccactgc agggcagggc aggcaggggg ggcttcccgc cctcctgcag 180
caaagggcaa ccaccctcgg atgatgggtt gcagccggcc tgctgcttaa ggtgggggct 240
gccatgaggg gggcgtgtcc aggagggtga ccatgggatg gcttatacac acaggcctcc 300
ttggagcctc agactccaag ctaggctgag gctcaggcag ggcccacagg cagccgattc 360
tcttgtgctg atttaaatgc tggacacgga ggcaggctgt ttaaacgctg cttaaagtcg 420
caactgggcc cctttcaaga aattttgctc taccaggaaa acagttacac attttaagag 480
aacagagcta cgttctttgt gagagctttt tccttgcctt gacttgctct ttgtcacaga 540
ctgca 545

<210> 545
<211> 248
<212> ADN
<213> humano

<400> 545
gtcaccatct cttgttctgg aagcagctcc aacatcggaa gtaattatgt atactggtac 60
cagcagctcc caggaacggc ccccaaactc ctcatctata ggaataatca gcggccctca 120
ggggtccctg accgattctc tggctccaag tctggcacct cagcctccct ggccatcagt 180
gggctccggt ccgaggatga ggctgattat tactgtgcag catgggatga cagattgagt 240
ggttttat 248

<210> 546
<211> 329
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (73)..(73)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (298)..(298)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 546
gtttactctg agattctgta gtcctaatat tgtatcattg tgctgtctgc aaaacaactt 60
gaatctattt tgnttgcatc ttttgttaca tgtaacgcag ctgtacttta tgttctttgc 120
aactgtttcc attatgagaa cgctgtgcta tttacaaggt tacatttttc ttggccaggc 180
gaggtggtca tgcctgtaat cccagcactt tgggaggcca aggtgggcgg atcacttgag 240
gtaaagagtt gagaccagcc tggctagcat ggcgaaaccc agtctctact aaaaatanca 300
aaaattagcc gggtgaaatt agccgggcg 329

<210> 547
<211> 488
<212> ADN
<213> humano

<400> 547
ggtgttttaa ggttagcaca tgcacaaagg aacgagttgg tttaaaaaga taaatcactg 60
caaagaatga aattggctta ttcacatcaa aactagataa gatgctaaaa aaaaaagata 120
tgaaacagaa ctaacctata gtttcctgaa atcagtacag tttaatttat aagaagctag 180
aaagtaatgc accttgattg ttttaggaat gatttatgtg ttgcaatttt aatttattta 240
aagcatgtct actgtgtttg tcctaagaga aatatttcaa caaaacgtgc tctgtgttta 300
agatatgttt aggcagtagt tagcaactct gaaagtagaa actggaaatg tttattgtga 360
ggcttgttgc agaatttcca ttttgtgagt tactacttag tttcatgtca gcctaaaatt 420
gtaaattccc tgtagatctt caccccattg tggtgtcatc aatgaatcca aagcaggtgc 480
cattattt 488

<210> 548
<211> 373
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (67)..(67)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (74)..(74)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 548
gcagggtcat aatcacacag cagtgcctta tatagttgcc ataagacttc agtgcagtac 60
aacatanttt tacngctaca tatcagggca tattctatat ggtgtatttg tgttagaata 120
acacattaaa tgtctttaaa cataaaaata agaatgtttg catgtttcag ttttcaagaa 180
ccaaatgagt aattagctat agattccact ggccttaaac atacaattaa gtgtatacat 240
gatatagtgc acacacaaaa gccaccttta attattgaaa taacctgtat tcttttgga 300
aatcatttaa gtttggtatt gaagtactat atttttgtg catcaatgta ttttctatt 360
tacaagccta tgt 373

<210> 549
<211> 498
<212> ADN
<213> humano

<400> 549
ggagatcgtg ttctgctttt tacatgagga gcagaactgg gccatacacg tgttcaagaa 60
ctaggggagc tacctggtag caagtgagtg cagacccacc tcaccttggg ggaatctcaa 120
actcataggc ctcagataca cgatcacctg tcatatcagg tgagcactgg cctgcttggg 180
gagagacctg ggcccctcca ggtgtaggaa cagcaacact cctggctgac aactaagcca 240
atatggccct aggtcattct tgcttccaat atgcttgcca ctccttaaat gtcctaatga 300
tgagaaactc tctttctgac caattgctat gtttacataa cacgcatgta ctcatgcatc 360
ccttgccaga gcccatatat gtatgcatat ataaacatag cacttttac tacatagctc 420
agcacattgc aaggtttgca tttaagttaa aaaaaaaaag aaaaaaaacc taagggtgaa 480
acgatgccac tttgacgc 498

<210> 550
<211> 551
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (77)..(77)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (228)..(228)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (340)..(340)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (342)..(346)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (349)..(353)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (355)..(356)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (358)..(359)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (361)..(361)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 550
tgactttcat acacacccag tacatctcaa aggatgctaa gggacatttt ctgccagtag 60
agttctcccc ctttttnggt gacagcaata ttattatgtt cacatctaac tccagagctt 120
acttcctgtg gtgccaatgt atttgttgca atttactaca tttttatatg agcctattta 180
taggtgccat taaactcagg tctttcaaat gaaagagttt ctagcccnct tagggaaaaa 240
gataattgtt tagaaaacca taaaatcaat ggtaggaaaa gttggaactg gttacctgga 300
tgccatggtt ctctgttaaa taaagtaaga gaccaggtgn annnnnaann nnnannanng 360
ntattttcag catgctaata aatgtctttc cggttatata tctatctaaa attaaccttt 420
aaaatattgg tttccttgat aaaagcacca ctttggcttt tgttagctgt aatattttgt 480
catttagatt aagacctggt taggctctca ataaaagatg aagacagtag ctctgtacag 540
cggataatat c 551

<210> 551
<211> 537
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (109)..(109)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 551

gctagttgca ttatactggg tcatgaaaaa ttatcccttg aaatagatat gaaacatgtt 60
acttcatttc tggtttaaat aacttgtgga atctttccta atgacaacnt gatattaagg 120
gaaactaaag aaaatgttat tgtggatccc acagtactat attacactgt ttttttttgt 180
ttgttttgtt agtttttttt tatttaaagc aaacctcaaa cattattggg tatcaattac 240
cacctggttg tattaaaata gtaacttatc aatgccatgt aaaaattaat tccattttcg 300
aagccacctg gcagacaggt ttagctgttt catcagcagc ctaatatata ctgttaaatt 360
tgttaaggat ttcactttga aggatacatg caaaacatat agttactatt ttcatgagtc 420
ctgcttctag ctccattgtg gaatacagaa aattaaatat acctgttaag ttcgtatcta 480
aacctaagac attaccaagg tttgtacaaa ttctactacc tgacatttat tccaaga 537

<210> 552
<211> 532
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (69) .. (69)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (131)..(131)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (283)..(283)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (412)..(412)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 552
ctcccctgaa gaacgtgtcc agcaacgcag agtgccctgc ttgttatgaa tctaatggaa 60
cttcctgtng tgggaagccc tggaaatgct atgaagaaga acagtgtgtc tttctagttg 120
cagaacttaa naatgacatt gagtctaaga gtctcgtgct gaaaggctgt tccaacgtca 180
gtaacgccac ctgtcagttc ctgtctggtg aaaacaagac tcttggagga gtcatctttc 240
gaaagtttga gtgtgcaaat gtaaacagct taacccccac gtntgcacca accacttccc 300
acaacgtggg ctccaaagct tccctctacc tcttggccct tgccagcctc cttcttcggg 360
gactgctgcc ctgaggtcct ggggctgcac tttgcccagc accccatttc tncttctctg 420
aggtccagag caccccctgc ggtgctgaca ccctctttcc ctgctctgcc ccgtttaact 480
gcccagtaag tgggagtcac aggtctccag gcaatgccga cagctgcctt gt 532

<210> 553
<211> 521
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (37)..(37)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 553
tttgtccata gaggcttcaa gatagatagg taagagncca gtagtgttca taagaagcca 60
atagagagca ggagccactt tatcaggtgg caggtgtcct gggcctccct gctggctagt 120
cccaagcggt ggtgttgcca ggatgtcttg gaggtgataa tgggacacac agaggcactg 180
agtctccata ggttaaaatg ccaccaaaac tggcctttgc ctaatatccc tcattgacta 240
tttagcattt aatttattta ttttcctgac atttctgcaa gctttgtatt tatatttcca 300
ctttatagat gaggaaattt gaggctctta gaggtaaaat gacttgccca ggtcacacag 360
gaagtggcag agacaagctt tttaaataag aaaaaattaa taaaatataa tatgagagta 420
acttaaaata ttaataaacc acaattttaa attaattaac cgtgataacc aacattaata 480
aaagttaaga taccaaaaca ctggtgtcta attctttcaa c 521

<210> 554
<211> 410
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (45)..(45)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 554
gttctgttgt ttatccatga agcctatata tttctagtgc aaaangccca gtgggtctca 60
aaacattctt ggaggggttt gacacactgc tattagtagt gactcataat tccacgattc 120
cctgggatac agagaaggca ggggggtagt actgtttgaa caaaaatctt cccaagaccc 180
tggcaaagag atcttcctta ggaatcagtg gcatatgcgt ttatgttctt taacagggaa 240
agtaaaagtg agcgcacttt tttgaagctc ataaatactc atgtgactgt aaatttagaa 300
atgttaatta attgggccta atgtttgatc tggaaaagta cttagcagtc accaggaatt 360
tgccttgaac tgactcgaac cacaaatcag aaccgtattt ccacaattta 410

<210> 555
<211> 296
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (123)..(123)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 555
gcactgttaa aatccggcta ggccaagatt tcccaatgtc ttgaagccaa tggctaggaa 60
aacagctgag cctgggactg gactttgtca gtaacctctc ttccctaggg cacgggagga 120
gtngggtgaa taggacctct tggcttgagg accatgattg tgaatacaga catttaattc 180
agaatgacac ctacattgat gaattttcat tgtacaagtg tttttccaga tcaaacacaa 240
aacccatgta attccttgat aaattttcaa tgcagggcag ataaactgtt gctaac 296

<210> 556
<211> 432
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (26)..(26)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (332)..(332)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 556
gtgatcttgg actgtcaatt cccctncctg tgatccattt tactgcaaac ataagggttg 60
cagtaaaggg ttgtctcacg tcttctgctt taaaagccta taaatatatg acctgaaaac 120
tccagttaca taaaggatct gcagctatct aaggcttggt tttcttactg tcatatgata 180
cctgggtcta atgaactctg ctgagatcac ctcaagtttc tgcggttggt aaagagaaca 240
agggaagaac aaacatccct tttattgctc caaatggtga tttaatccct acatggtgct 300
gggtggacaa tgtgtcactg tcacatgcct tnactgtata aatccaacct tctgccagag 360
agaatctgtg gttctggcca tggagggagg atagtggaaa tgatatagtt ggactggtgc 420
ttgatgtcac ta 432

<210> 557
<211> 383
<212> ADN
<213> humano

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (42)..(43)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (85)..(85)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (93)..(93)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (99) .. (99)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (106)..(106)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 557
atgtgattat acttctcttt gacttgtcag cttagcttta gnngatacac tctggtgccc 60
aactattatt gtatcagtga acttnccact ttnctttttnc cttttnctct caatttttgt 120
tgtatcattc ctaccttgtg aggacatata atatttacat tctgttgtca tcctcacatt 180
tcttagttcc acagtttaaa tgtatttgaa actcaaaaca ttcccattaa tctcttggtc 240
agctgaaatt aatgatttaa tagtttcctt aaaaaagact catggaacaa tttccctaaa 300
tttttgccat gtcaaatatg tttatctgta gcctttacac agtaaaaaca atttggctag 360
ataatacaat tctcagttca tat 383

<210> 558
<211> 391
<212> ADN
<213> humano

<400> 558
agggcacttc tcaacattaa ttttggaatt attcaccatt taaaaattgt cactgctctt 60
tttcattact gtagataact gagagttagc tgttctagga aaaggccatg tttcagttag 120
tgctatgact tctttttttcg attaaggttg aagcagtgtt ctcttagtag cctgaacact 180
tctcaaagcg acttatcact agcggcttta atattgagct tctatatcgt tgtgtccacc 240
tcacttttta aggctgttca tacctggcaa tattcactta ctctgctatt tttaaaaact 300
attttaaagt tttaagcaca atgttgactc ttctgtaatt tcctaaaatt atattgtttt 360
cctacagaca gctcaacttt ccttgatatg t 391

<210> 559
<211> 301
<212> ADN
<213> humano

<400> 559
ctcattattc ctttacatgc agaatagagg catttatgca aattgaactg cagtttttca 60
gcatatacac aatgtcttgt gcaacagaaa aacatgttgg ggaaatattc ctcagtggag 120
agtcgttctc atgctgacgg ggagaacgaa agtgacaggg gtttcctcat aagttttgta 180
tgaaatatct ctacaaacct caattagttc tactctacac tttcactatc atcaacactg 240
agactatcct gtctcaccta caaatgtgga aactttacat tgttcgattt ttcagcagac 300
t 301

<210> 560
<211> 463
<212> ADN
<213> humano

<220>

<221> característica miscelánea
<222> (226)..(226)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 560
ataaatgacc agacttttтc taagaaaaat gttgctttaa tgcatttcat gaatttttac 60
tcttatatca ttgcttgcta gtaatagcaa atctgctttt ctgcatctgc tttgcgtagc 120
tattgtaagg ctttgaacta atgtatgtat ttattgcttg aacttctgtg catacctтat 180
aaagcataat gtctgacaat ttaaatggct catgtattct tgcttntatc ataagctgat 240
tatggggact atgatctttt gtatacagca aattttaaac tgtagcacaa acatctgttt 300
atgtattggt ggaatatacc tgttttattt atctttttтg aggtaaacta atttttgata 360
cttttcatta ctgtgtacta tgttcatact ttgaattctc tgacgttaga agtcatggtt 420
gagaattgta acagctgtta ttcgttctgt attcatggct ttc 463

<210> 561
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<400> 561
aaaagcgagg tggccatgtt atgctggtgg ttgccagggc ctccaaccac tgtgccactg 60
acttgctgtg tgaccctggg caagtcactt aactataagg tgcctcagtt ttccttctgt 120
taaaatgggg ataataatac tgacctacct caaagggcag ttttgaggca tgactaatgc 180
tttttagaaa gcattttggg atccttcagc acaggaattc tcaagacctg agtatttttt 240
ataataggaa tgtccaccat gaacttgata cgtccgtgtg tcccagatgc tgtcattagt 300
ctatatggtt ctccaagaaa ctgaatgaat ccattggaga agcggtggat aactagccag 360
acaaaatttg agaatacata aacaacgcat tgccacggaa acatacagag gatgcctttt 420
ctgtgattgg gtgggatttt ttccctttтt atgtgggata tagtagttac ttgtgacaag 480
aataattttg gaataatttc tattaatatc aactctgaag ctaattgtac taatctgaga 540
t 541

<210> 562
<211> 419
<212> ADN
<213> humano

<400> 562
gagtcggaga tgatgcagca cacacacaat tccccagccc agtgatgctt gtgttgacca 60
gatgttcctg agtctggagc aagcacccag gccagaataa cagagctttc ttagttggtg 120
aagacttaaa catctgcctg aggtcaggag gcaatttgcc tgccttgtac aaaagctcag 180
gtgaaagact gagatgaatg tctttcctct ccctgcctcc caccagactt cctcctggaa 240

aacgctttgg tagatttggc caggagcttt cttttatgta aattggataa atacacacac 300
catacactat ccacagatat agccaagtag atttgggtag aggatactat ttccagaata 360
gtgtttagct cacctagggg gatatgtttg tatacacatt tgcatatacc cacatgggg 419

<210> 563
<211> 303
<212> ADN
<213> humano

<400> 563
ggaatgtcac tggtgcccag gtgtacttga gctgtgaggt catcggaatc ccgacacctg 60
tcctcatctg gaacaaggta aaaaggggtc actatggagt tcaaaggaca gaactcctgc 120
ctggtgaccg ggacaacctg gccattcaga cccggggtgg cccagaaaag catgaagtaa 180
ctggctgggt gctggtatct cctctaagta aggaagatgc tggagaatat gagtgccatg 240
catccaattc ccaaggacag gcttcagcat cagcaaaaat tacagtggtt gatgccttac 300
atg 303

<210> 564
<211> 192
<212> ADN
<213> humano

<400> 564

aggtgaaggt gccgagctat aaacctccag aatattatta gtctgcatgg ttaaaagtag 60
tcatggataa ctacattacc tgttcttgcc taataagttt cttttaatcc aatccactaa 120
cactttagtt atattcactg gttttacaca gagaaataca aaataaagat cacacatcaa 180
gactatctac aa 192

<210> 565
<211> 449
<212> ADN
<213> humano

<400> 565
ctcaaagact ctcccgtgga tgacggatga ggactctggg ctgctggaat aggacactca 60
agacttttga ctgccatttt gtttgttcag tggagactcc ctggccaaca gaatccttct 120
tgatagtttg caggcaaaac aaatgtaatg ttgcagatcc gcaggcagaa gctctgccct 180
tctgtatcct atgtatgcag tgtgcttttt cttgccagct tgggccattc ttgcttagac 240
agtcagcatt tgtctcctcc tttaactgag tcatcatctt agtccaacta atgcagtcga 300
tacaatgcgt agatagaaga agccccacgg gagccaggat gggactggtc gtgtttgtgc 360
ttttctccaa gtcagcaccc aaaggtcaat gcacagagac cccgggtggg tgagcgctgg 420
cttctcaaac ggccgaagtt gcctctttt 449

<210> 566
<211> 479
<212> ADN
<213> humano

<400> 566
tctctctttc tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtc ttgtgcttcc 60
tcagaccttt ctcgcttctg agcttggtgg cctgttccct ccatctctcc gaacctggct 120
tcgcctgtcc ctttcactcc acaccctctg gccttctgcc ttgagctggg actgctttct 180
gtctgtccgg cctgcaccca gcccctgccc acaaaacccc agggacagcg gtctccccag 240
cctgccctgc tcaggccttg cccccaaacc tgtactgtcc cggaggaggt tgggaggtgg 300
aggcccagca tcccgcgcag atgacaccat caaccgccag agtcccagac accggttttc 360
ctagaagccc ctcaccccca ctggcccact ggtggctagg tctcccctta tccttctggt 420
ccagcgcaag gaggggctgc ttctgaggtc ggtggctgtc tttccattaa agaaacacc 479

<210> 567
<211> 537
<212> ADN
<213> humano

<400> 567
ccaccgctgg ctgggaggag tcggagactg agacctacac agaggtggtg acagagtttg 60
ggaccgaggt ggagcccgag tttgggacca aggtggagcc cgagtttgag acccagttgg 120
agcctgagtt cgagacccag ctggaacccg agtttgagga agaggaggag gaggagaaag 180
aggaggagat agccactggc caggcattcc ccttcacaac agtagagacc tacacagtga 240

actttgggga cttctgagat cagcgtccta ccaagacccc agcccaactc aagctacagc 300
agcagcactt cccaagcctg ctgaccacag tcacatcacc catcagcaca tggaaggccc 360
ctggtatgga cactgaaagg aagggctggt cctgcccctt tgaggggtg caaacatgac 420
tgggacctaa gagccagagg ctgtgtagag gctcctgctc cacctgccag tctcgtaaga 480
gatggggttg ctgcagtgtt ggagtagggg cagagggagg gagccaaggt cactcca 537

<210> 568
<211> 180
<212> ADN
<213> humano

<400> 568
ctactacatg attggtgagc agaagttctc cagcctcccc ctgggccggg aggcagtaga 60
ggctgctgtg aaagaggctg gctacacaat cgaatggttt gaggtgatct cgcaaagtta 120
ttcttccacc atggccaaca acgaaggact tttctccctg gtggcgagga agctgagcag 180

<210> 569
<211> 368
<212> ADN
<213> humano

<400> 569
tcgtcactga ctactcagac cagaacctgc aggagctgga gaagtggctg aagaaagagc 60
cagaggcctt tgactggtcc ccagtggtga cctatgtgtg tgatcttgaa gggaacagag 120
tcaagggtcc agagaaggag gagaagttga gacaggcggt caagcaggtg ctgaagtgtg 180
atgtgactca gagccagcca ctgggggccg tcccccttacc cccggctgac tgcgtgctca 240
gcacactgtg tctggatgcc gcctgcccag acctccccac ctactgcagg gcgctcagga 300
acctcggcag cctactgaag ccaggggggct tcctggtgat catggatgcg ctcaagagca 360
gctactac 368

<210> 570
<211> 473
<212> ADN
<213> humano

<400> 570
tggcctacat ggaccagcag actggcaacc tcaagaaggc cctgctcctc cagggctcca 60
acgagatcga gatccgcgcc gagggcaaca gccgcttcac ctacagcgtc actgtcgatg 120
gctgcacgag tcacaccgga gcctggggca agacagtgat tgaatacaaa accaccaaga 180
cctcccgcct gcccatcatc gatgtggccc ccttggacgt tggtgcccca gaccaggaat 240
tcggcttcga cgttggccct gtctgcttcc tgtaaactcc ctccatccca acctggctcc 300
ctcccaccca accaactttc cccccaaccc ggaaacagac aagcaaccca aactgaaccc 360
cctcaaaagc caaaaaatgg gagacaattt cacatggact ttggaaaata ttttttcct 420
ttgcattcat ctctcaaact tagtttttat ctttgaccaa ccgaacatga cca 473

<210> 571
<211> 472
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (149)..(149)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (153)..(153)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (428)..(428)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 571
gctccccatt tttataccaa aggtgctaca tctatgtgat gggtggggtg gggagggaat 60
cactggtgct atagaaattg agatgccccc ccaggccagc aaatgttcct ttttgttcaa 120

agtctatttt tattccttga tatttttttnt ttnttttttt ttttttttgt ggatggggac 180
ttgtgaattt ttctaaaggt gctatttaac atgggaggag agcgtgtgcg gctccagccc 240
agcccgctgc tcactttcca ccctctctcc acctgcctct ggcttctcag gcctctgctc 300
tccgacctct ctcctctgaa accctcctcc acagctgcag cccatcctcc cggctccctc 360
ctagtctgtc ctgcgtcctc tgtccccggg tttcagagac aacttcccaa agcacaaagc 420
agtttttncc cctaggggtg ggaggaagca aaagactctg tacctatttt gt 472

<210> 572
<211> 356
<212> ADN
<213> humano

<400> 572
actttcccat gagtgtgatc cacattgtta ggtgctgacc tagacagaga tgaactgagg 60
tccttgtttt gttttgttca taatacaaag gtgctaatta atagtatttc agatacttga 120
agaatgttga tggtgctaga agaatttgag aagaaatact cctgtattga gttgtatcgt 180
gtggtgtatt ttttaaaaaa tttgatttag cattcatatt ttccatctta ttcccaatta 240
aaagtatgca gattatttgc ccaaagttgt cctcttcttc agattcagca tttgttcttt 300
gccagtctca ttttcatctt cttccatggt tccacagaag ctttgtttct tgggca 356

<210> 573
<211> 503
<212> ADN
<213> humano

<400> 573
gaacaacgcc tgtggcattg ccaacctggc cagcttcccc aagatgtgac tccagccagc 60
caaatccatc ctgctcttcc atttcttcca cgatggtgca gtgtaacgat gcactttgga 120
agggagttgg tgtgctattt ttgaagcaga tgtggtgata ctgagattgt ctgttcagtt 180
tccccatttg tttgtgcttc aaatgatcct tcctactttg cttctctcca cccatgacct 240
ttttcactgt ggccatcagg actttccctg acagctgtgt actcttaggc taagagatgt 300
gactacagcc tgcccctgac tgtgttgtcc cagggctgat gctgtacagg tacaggctgg 360
agattttcac ataggttaga ttctcattca cgggactagt tagctttaag caccctagag 420
gactagggta atctgacttc tcacttccta agttcccttc tatatcctca aggtagaaat 480
gtctatgttt tctactccaa ttc 503

<210> 574
<211> 364
<212> ADN
<213> humano

<400> 574
gtacccagtt aaattttcat ttcagataaa caacaaataa ttttttagta taagtacatt 60
attgtttatc tgaaagtttt aattgaacta acaatcctag tttgatactc ccagtcttgt 120
cattgccagc tgtgttggta gtgctgtgtt gaattacgga ataatgagtt agaactatta 180
aaacagccaa aactccacag tcaatattag taatttcttg ctggttgaaa cttgtttatt 240
atgtacaaat agattcttat aatattattt aaatgactgc atttttaaat acaaggcttt 300
atatttttaa ctttaagatg tttttatgtg ctctccaaat tttttttact gtttctgatt 360
gtat 364

<210> 575
<211> 557
<212> ADN
<213> humano

<400> 575
atccgaattc tccatatatt cactaatcaa agacactatt ttcatactag attcctgaga 60
caaatactca ctgaagggct tgtttaaaaa taaattgtgt tttggtctgt tcttgtagat 120
aatgcccttc tattttaggt agaagctctg gaatcccttt attgtgctgt tgctcttatc 180
tgcaaggtgg caagcagttc ttttcagcag attttgccca ctattcctct gagctgaagt 240
tctttgcata gatttggctt aagcttgaat tagatccctg caaaggcttg ctctgtgatg 300
tcagatgtaa ttgtaaatgt cagtaatcac ttcatgaatg ctaaatgaga atgtaagtat 360
ttttaaatgt gtgtatttca aatttgtttg actaattctg gaattacaag atttctatgc 420
aggatttacc ttcatcctgt gcatgtttcc caaactgtga ggagggaagg ctcagagatc 480
gagcttctcc tctgagttct aacaaaatgg tgctttgagg gtcagccttt aggaaggtgc 540
agctttgttg tcctttg 557

<210> 576
<211> 168
<212> ADN
<213> humano

<400> 576
ggcatcatgt tgaccgagct ggagaaagcc ttgaactcta tcatcgacgt ctaccacaag 60
tactccctga taaaggggaa tttccatgcc gtctacaggg atgacctgaa gaaattgcta 120
gagaccgagt gtcctcagta tatcaggaaa aagggtgcag acgtctgg 168

<210> 577
<211> 557
<212> ADN
<213> humano

<400> 577

gccagtcttg accgggatga ggcccacaga caggttgtca tcagcttgtc ccattcaagc 60
caccgagctc accacagaca cagtggagcc gcgctcttct ccagtgacac gtggacaaat 120
gcgggctcat cagccccccc agagagggtc aggccgaacc ccatttctcc tcctcttagg 180
tcattttcag caaacttgaa tatctagacc tctcttccaa tgaaaccctc cagtctatta 240
tagtcacata gataatggtg ccacgtgttt tctgatttgg tgagctcaga cttggtgctt 300
ccctctccac aacccccacc ccttgttttt caagatacta ttattatatt ttcacagact 360
tttgaagcac aaatttattg gcatttaata ttggacatct gggcccttgg aagtacaaat 420
ctaaggaaaa accaacccac tgtgtaagtg actcatcttc ctgttgttcc aattctgtgg 480
gtttttgatt caacggtgct ataaccaggg tcctgggtga cagggcgctc actgagcacc 540
atgtgtcatc acagaca 557

<210> 578
<211> 546
<212> ADN
<213> humano

<400> 578
caggaaatag tcactcatcc cactccacat aaggggttta gtaagagaag tctgtctgtc 60
tgatgatgga taggggggcaa atctttttcc cctttctgtt aatagtcatc acatttctat 120
gccaaacagg aacgatccat aactttagtc ttaatgtaca cattgcattt tgataaaatt 180
aattttgttg tttcctttga ggttgatcgt tgtgttgttt tgctgcactt tttacttttt 240
tgcgtgtgga gctgtattcc cgagacaacg aagcgttggg atacttcatt aaatgtagcg 300
actgtcaaca gcgtgcaggt tttctgtttc tgtgttgtgg ggtcaaccgt acaatggtgt 360
gggaatgacg atgatgtgaa tatttagaat gtaccatatt ttttgtaaat tatttatgtt 420
tttctaaaca aatttatcgt ataggttgat gaaacgtcat gtgttttgcc aaagactgta 480
aatatttatt tatgtgttca catggtcaaa atttcaccac tgaaaccctg cacttagcta 540
gaacct 546

<210> 579
<211> 361
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (75)..(75)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 579
cccacctgga gctgaatcac atgacctagc tgcaccccag cgcctgggcc cgccccacgc 60
tctgtccaca cccangcgcc ccgggagcgg ggccatgcct ccagcccccc agctcgcccg 120
acccatcctg ttcgtgaata ggtctcaggg gttgggggag ggactgccag atttggacac 180
tatatttttt tctaaattca acttgaagat gtgtatttcc cctgaccttc aaaaaatgtt 240
ccaaggtaag cctcgtaaag gtcatcccac catcaccaaa gcctccgttt ttaacaacct 300
ccaacacgat ccatttagag gccaaatgtc attctgcagg tgccttcccg atggattaaa 360
g 361

<210> 580
<211> 549
<212> ADN
<213> humano

<400> 580
ctggaggaca gcacctgtga cttcggcaac ctcaagcgct atgcatgcac ctctcatacc 60
cagggcctga gcccaggctg ctatgacacc tacaatgcgg acatcgactg ccagtggatc 120
gacataaccg acgtgcagcc tgggaactac atcctcaagg tgcacgtgaa cccaaagtat 180
attgttttgg agtctgactt caccaacaac gtggtgagat gcaacattca ctacacaggt 240
cgctacgttt ctgcaacaaa ctgcaaaatt gtccaatcct gatctccggg agggacagat 300
ggccaatctc tccccttcca aagcaggccc tgctccccgg gcagcctccc gccgaggggc 360
ccagccccca acccacaggc agggaggggc atccctccct gccggcctca gggagcgaac 420
gtggatgaaa accacaggga ttccggatgc cagaccccat tttatacttc acttttctct 480
acagtgttgt tttgttgttg ttggttttta ttttttatac tttggccata ccacagagct 540
agattgccc 549

<210> 581
<211> 539
<212> ADN
<213> humano

<400> 581
tgccagcgac tgtctcagac tgggcaggga ggctttggca tgacttaaga ggaagggcag 60
tcttgggacc cgctatgcag gtcctggcaa acctggctgc cctgtctcat ccctgtccct 120
cagggtagca ccatggcagg actgggggaa ctggagtgtc cttgctgtat ccctgttgtg 180
aggttccttc caggggctgg cactgaagca agggtgctgg ggccccatgg ccttcagccc 240
tggctgagca actgggctgt agggcagggc cacttcctga ggtcaggtct tggtaggtgc 300
ctgcatctgt ctgccttctg gctgacaatc ctggaaatct gttctccaga atccaggcca 360
aaaagttcac agtcaaatgg ggaggggtat tcttcatgca ggagacccca ggccctggag 420
gctgcaacat acctcaatcc tgtcccaggc cggatcctcc tgaagccctt ttcgcagcac 480
tgctatcctc caaagccatt gtaaatgtgt gtacagtgtg tataaacctt cttcttctt 539

<210> 582
<211> 512
<212> ADN
<213> humano

<400> 582
gagtacaggt gccagacaaa cctctccacc ctcagtgacc cggtgcagct agaagtccat 60
atcggctggc tgttgctcca ggcccctcgg tgggtgttca aggaggaaga ccctattcac 120
ctgaggtgtc acagctggaa gaacactgct ctgcataagg tcacatattt acagaatggc 180
aaagacagga agtattttca tcataattct gacttccaca ttccaaaagc cacactcaaa 240
gatagcggct cctacttctg caggggggctt gttgggagta aaaatgtgtc ttcagagact 300
gtgaacatca ccatcactca aggtttggca gtgtcaacca tctcatcatt ctctccacct 360
gggtaccaag tctctttctg cttggtgatg gtactccttt ttgcagtgga cacaggacta 420
tatttctctg tgaagacaaa catttgaagc tcaacaagag actggaagga ccataaactt 480
aaatggagaa aggaccctca agacaaatga cc 512

<210> 583
<211> 291
<212> ADN
<213> humano

<400> 583
aaccagccag tcccaagaag aacattaaaa ctaggagtgc ccagaagaga acaaacccga 60
aaagagtgtg agctaactag tttccaaagc ggagacttcc gacttcctta caggatgagg 120
ctgggcattg cctgggacag cctatgtaag gccatgtgcc ccttgcccta acaactcact 180
gcagtgctct tcatagacac atcttgcagc atttttctta aggctatgct tcagtttttc 240
tttgtaagcc atcacaagcc atagtggtag gtttgccctt tggtacagaa g 291

<210> 584
<211> 507
<212> ADN
<213> humano

<400> 584
gaaaatgtac cttggtgcca ccaacccatt ttgtgccaca tgcaagtttt gaataaggat 60
gtatggaaaa caacgctgca tatacaggta ccatttagga aataccgatg cctttgtggg 120
ggcagaatca cagacaaaag ctttgaaaat cataaagata taagttggtg tggctaagat 180
ggaaacaggg ctgattcttg attcccaatt ctcaactctc cttttcctat ttgaatttct 240

ttggtgctgt agaaaacaaa aaaagaaaaa tatatattca taaaaaatat ggtgctcatt 300
ctcatccatc caggatgtac taaaacagtg tgtttaataa attgtaatta ttttgtgtac 360
agttctatac tgttatctgt gtccatttcc aaaacttgca cgtgtccctg aattccgctg 420
actctaattt atgaggatgc cgaactctga tggcaataat atatgtatta tgaaaatgaa 480
gttatgattt ccgatgaccc taagtcc 507

<210> 585
<211> 386
<212> ADN
<213> humano

<400> 585

gaagaactgt ctattttctc agtcattttt aacctctaga gtcactgata cacagaatat 60
aatcttattt atacctcagt ttgcatattt ttttactatt tagaatgtag ccctttttgt 120
actgatataa tttagttcca caaatggtgg gtacaaaaag tcaagtttgt ggcttatgga 180
ttcatatagg ccagagttgc aaagatcttt tccagagtat gcaactctga cgttgatccc 240
agagagcagc ttcagtgaca aacatatcct ttcaagacag aaagagacag gagacatgag 300
tctttgccgg aggaaaagca gctcaagaac acatgtgcag tcactggtgt caccctggat 360
aggcaaggga taactcttct aacaca 386

<210> 586
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<400> 586
tgccgtgctc ccaaaacatt ttaaatgaaa gtattggcat tcaaaaagac agcagacaaa 60
atgaaagaaa atgagagcag aaagtaagca tttccagcct atctaatttc tttagttttc 120
tatttgcctc cagtgcagtc catttcctaa tgtataccag cctactgtac tatttaaaat 180
gctcaatttc agcaccgatg gccatgtaaa taagatgatt taatgttgat tttaatcctg 240
tatataaaat aaaaagtcac aatgagtttg ggcatattta atgatgatta tggagcctta 300
gaggtcttta atcattggtt cggctgcttt tatgtagttt aggctggaaa tggtttcact 360
tgctctttga ctgtcagcaa gactgaagat ggcttttcct ggacagctag aaaacacaaa 420
atcttgtagg tcattgcacc tatctcagcc ataggtgcag tttgcttcta catgatgcta 480
aaggctgcga atgggatcct gatggaacta aggactccaa tgtcgaactc ttctttgctg 540
c 541

<210> 587
<211> 524
<212> ADN
<213> humano

<400> 587
ggggaactga gggcaagggg atatagtgat ggggctcaga tggactggga ggaggggggag 60
ggtgatgcat taattaatgg cttcgttaat taatgtcatg ttgcttgtcg ctttctcagt 120
gtgtgtgtgt ggtccatgcc cactgctggt gccagggtgg gtgtccatgt gcacccggcc 180
tggatgccag ctgtgtcctt cgggggcgtg cgtgtaactg tagtgtagtc aggtgctcaa 240
tggagaatat aaacatatac agaaaaatat atattttaag tttaaaaaac agaaaaacag 300
acaaaacaat ccccatcagg tagctgtcta acccccagct gggtctaatc cttctcatta 360
cccacccgac ctggctgccc ctcaccttgg gctgggggac tgggggccca tttccttttc 420
tctgcccttt ttttgttgtt ctattttgta cagacaagtt ggaaaaacaa cagcgacaaa 480
aaagtcaaga aactttgtaa aatatcgtgt gtgtgattcc ttgt 524

<210> 588
<211> 502
<212> ADN
<213> humano

<400> 588
cccgaccggt gggcatttgt gaggcccatg gttgagaaat gaataatttc ccaattagga 60
agtgtaagca gctgaggtct cttgagggag cttagccaat gtgggagcag cggtttgggg 120
agcagagaca ctaacgactt cagggcaggg ctctgatatt ccatgaatgt atcaggaaat 180
atatatgtgt gtgtatgttt gcacacttgt tgtgtgggct gtgagtgtaa gtgtgagtaa 240
gagctggtgt ctgattgtta agtctaaata tttccttaaa ctgtgtggac tgtgatgcca 300
cacagagtgg tctttctgga gaggttatag gtcactcctg gggcctcttg ggtcccccac 360
gtgacagtgc ctgggaatgt acttattctg cagcatgacc tgtgaccagc actgtctcag 420
tttcactttc acatagatgt ccctttcttg gccagttatc ccttcctttt agcctagttc 480

atccaatcct cactgggtgg gg 502

<210> 589
<211> 555
<212> ADN
<213> humano

<400> 589

caccacctac ctatgatgcc gtggtacaga tggagtacct tgacatggtg gtgaatgaaa 60
cactcagatt attcccagtt gctattagac ttgagaggac ttgcaagaaa gatgttgaaa 120
tcaatggggt attcattccc aaagggtcaa tggtggtgat tccaacttat gctcttcacc 180
atgacccaaa gtactggaca gagcctgagg agttccgccc tgaaaggttc agtaagaaga 240
aggacagcat agatccttac atatacacac cctttggaac tggacccaga aactgcattg 300
gcatgaggtt tgctctcatg aacatgaaac ttgctctaat cagagtcctt cagaacttct 360
ccttcaaacc ttgtaaagaa acacagatcc ccttgaaatt agacacgcaa ggacttcttc 420
aaccagaaaa acccattgtt ctaaaggtgg attcaagaga tggaacccta agtggagaat 480
gagttattct aaggacttct actttggtct tcaagaaagc tgtgccccag aacaccagag 540
atttcaactt agtca 555

<210> 590
<211> 540
<212> ADN
<213> humano

<400> 590
gaaaatcgat gcagccattt ctgataagga aaagaacaaa acatatttct ttgtagagga 60
caaatactgg agatttgatg agaagagaaa ttccatggag ccaggctttc ccaagcaaat 120
agctgaagac tttccaggga ttgactcaaa gattgatgct gtttttgaag aatttgggtt 180
cttttatttc tttactggat cttcacagtt ggagtttgac ccaaatgcaa agaaagtgac 240
acacactttg aagagtaaca gctggcttaa ttgttgaaag agatatgtag aaggcacaat 300
atgggcactt taaatgaagc taataattct tcacctaagt ctctgtgaat tgaaatgttc 360
gttttctcct gcctgtgctg tgactcgagt cacactcaag ggaacttgag cgtgaatctg 420
tatcttgccg gtcattttta tgttattaca gggcattcaa atgggctgct gcttagcttg 480
caccttgtca catagagtga tctttcccaa gagaagggga agcactcgtg tgcaacagac 540

<210> 591
<211> 511
<212> ADN
<213> humano

<400> 591
tccacacacg gccaggcctg tttatctaca ctgctgccca ctcctctctc cagctccaca 60
tgctgtacct ggatcattct gaagcaaatt ccgagcatta catcattttg tccataaata 120
tttctaacat ccttaaatat acaatcggaa ttcaagcatc tcccattgtc ccacaaatgt 180
ttggctgttt ttgtagttgg attgtttgta ttaggattca agcaaggccc atatattgca 240
tttatttgaa atgtctgtaa gtctctttcc atctacagag tttagcacat ttgaacgttg 300
ctggttgaaa tcccgaggtg tcatttgaca tggttctctg aacttatctt tcctataaaa 360
tggtagttag atctggaggt ctgattttgt ggcaaaaata cttcctaggt ggtgctgggt 420
acttcttgtt gcatcctgtc aggaggcaga taatgctggt gcctctctat tggtaatgtt 480
aagactgctg ggtgggtttg gagttcttgg c 511

<210> 592
<211> 428
<212> ADN
<213> humano

<400> 592
gaacatccaa gtctttcttc ttttttaagt tgtcaaagaa gcttccacaa aattagaaag 60
gacaacagtt ctgagctgta atttcgcctt aaactctgga cactctatat gtagtgcatt 120
tttaaacttg aaatatataa tattcagcca gcttaaaccc atacaatgta tgtacaatac 180
aatgtacaat tatgtctctt gagcatcaat cttgttactg ctgattcttg taaatctttt 240
tgcttctact ttcatcttaa actaatacgt gccagatata actgtcttgt ttcagtgaga 300
gacgccctat ttctatgtca tttttaatgt atctatttgt acaattttaa agttcttatt 360
ttagtataca tataaatatc agtattctga catgtaagaa aatgttacgg catcacactt 420
atatttta 428

<210> 593
<211> 541
<212> ADN
<213> humano

<400> 593

aatctcttct agagcacctg ctatccccaa cttctagacc tgctccaaac tagtgactag 60
gatagaattt gatcccctaa ctcactgtct gcggtgctca ttgctgctaa cagcattgcc 120
tgtgctctcc tctcaggggc agcatgctaa cggggcgacg tcctaatcca actgggagaa 180
gcctcagtgg tggaattcca ggcactgtga ctgtcaagct ggcaagggcc aggattgggg 240
gaatggagct ggggcttagc tgggaggtgg tctgaagcag acagggaatg ggagaggagg 300
atgggaagta gacagtggct ggtatggctc tgaggctccc tggggcctgc tcaagctcct 360
cctgctcctt gctgttttct gatgatttgg gggcttggga gtccctttgt cctcatctga 420
gactgaaatg tggggatcca ggatggcttc cttcctctta cccttcctcc ctcagcctgc 480
aacctctatc ctggaacctg tcctcccttt ctccccaact atgcatctgt tgtctgctcc 540
t 541

<210> 594
<211> 502
<212> ADN
<213> humano

<400> 594
aagaagctaa gcctgatctc ctgtaaaaac atcatttccc tgatggacac cagcggcaat 60
gggaagctgg agtttgatga attcaaagtg ttctgggaca agctgaagca gtggattaac 120
cttttccttc ggtttgatgc tgacaagtcc ggcaccatgt ctacctatga actacggact 180
gcactgaaag ctgcaggctt tcagctgagc agccacctcc tgcagctgat tgtgctcagg 240
tatgcggatg aggagctcca gctggacttc gatgacttcc tcaactgcct ggtccggctg 300
gagaatgcga gccgggtgtt ccaggctctc agtacaaaga acaaggagtt cattcatctc 360
aatataaatg agttcatcca tttgacaatg aacatctgag gctgccttgt agagatgcag 420
cctgcccagc tgaatcttgg cttctggacc ttgaccttca gaacttctct tggtgtggaa 480
ccattacgcc cagggttcac tc 502

<210> 595
<211> 542
<212> ADN
<213> humano

<400> 595
actcccaaga gcaaatccac attcctcttg agttctgcag cttctgtgta aatagggcag 60
ctgtcgtcta tgccgtagaa tcacatgatc tgaggaccat tcatggaagc tgctaaatag 120
cctagtctgg ggagtcttcc ataaagtttt gcatggagca aacaaacagg attaaactag 180
gtttggttcc ttcagccctc taaaagcata gggcttagcc tgcaggcttc cttgggcttt 240
ctctgtgtgt gtagttttgt aaacactata gcatctgtta agatccagtg tccatggaaa 300
cattcccaca tgccgtgact ctggactata tcagtttttg gaaagcaggg ttcctctgcc 360
tgctaacaag cccacgtgga ccagtctgaa tgtctttcct ttacacctat gtttttaagt 420
agtcaaactt caagaaacaa tctaaacaag tttctgttgc atatgtgttt gtgaacttgt 480
atttgtattt agtaggcttc tatattgcat ttaacttgtt tttgtaactc ctgattcttc 540
ct 542

<210> 596
<211> 473
<212> ADN
<213> humano

<400> 596
gaagcctcaa gttccagtgc agagatccta cttctctgag tcagctgacc ccctccccgc 60
aatccctcaa accttgagga gaagtgggga ccccacccct catcaggagt tccagtgctg 120
catgcgatta tctacccacg tccacgcggc cacctcaccc tctccgcaca cctctggctg 180
tctttttgta ctttttgttc cagagctgct tctgtctggt ttatttaggt tttatccttc 240
cttttctttg agagttcgtg aagagggaag ccaggattgg ggacctgatg gagagtgaga 300
gcatgtgagg ggtagtggga tggtggggta ccagccactg gaggggtcat ccttgcccat 360
cgggaccaga aacctgggag agacttggat gaggagtggt tgggctgtgc ctgggcctag 420
cacggacatg gtctgtcctg acagcactcc tcggcaggca tggctggtgc ctg 473

<210> 597
<211> 477
<212> ADN
<213> humano

<400> 597

aaagcagcgc tagtggaggg ttggagaagg aggtaaggat gagggttcat catccctccc 60
tgcctaagga agctaaaagc atggccctgc tgcccctccc tgcctccacc cacagtggag 120
agggctacaa aggaggacaa gaccctctca ggctgtccca agctcccaag agcttccaga 180
gctctgaccc acagcctcca agtcaggtgg ggtggagtcc cagagctgca cagggtttgg 240
cccaagtttc taagggaggc acttcctccc ctcgcccatc agtgccagcc cctgctggct 300
ggtgcctgag cccctcagac agccccctgc cccgcaggcc tgccttctca gggacttctg 360
cggggcctga ggcaagccat ggagtgagac ccaggagccg gacacttctc aggaaatggc 420
ttttcccaac ccccagcccc cacccggtgg ttcttcctgt tctgtgactg tgtatag 477

<210> 598
<211> 432
<212> ADN
<213> humano

<400> 598
ttcagccagt cgccaagaat catgaaagtc gccagtggca gcaccgccac cgccgccgcg 60
ggccccacgt gcgcgctgaa ggccggcaag acagcgagcg gtgcgggcga ggtggtgcgc 120
tgtctgtctg agcagagcgt ggccatctcg cgctgccggg gcgccggggc gcgcctgcct 180
gccctgctgg acgagcagca ggtaaacgtg ctgctctacg acatgaacgg ctgttactca 240
cgcctcaagg agctggtgcc caccctgccc cagaaccgca aggtgagcaa ggtggagatt 300
ctccagcacg tcatcgacta catcagggac cttcagttgg agctgaactc ggaatccgaa 360
gttggaaccc ccgggggccg agggctgccg gtccgggctc cgctcagcac cctcaacggc 420
gagatcagcg cc 432

<210> 599
<211> 382
<212> ADN
<213> humano

<400> 599
gattccctgc atcaactaag aaaagcctgt tttctttatt tcaaacttgg tggcgaatgt 60
gttgcgggtc ctgttgggct gctttctgta ttgtctccta accctctagt tttaattgga 120
cacttctttg ctgttgcaat ctatgccgtg tatttttgct ttaagtcaga accttggatt 180
acaaaacctc gagcccttct cagtagtggt gctgtattgt acaaagcgtg ttctgtaata 240
tttcctctaa tttactcaga aatgaagtat atggttcatt aagcttaaag gggaaccatt 300
tgtgaatgaa tatttggaac ttaccaagtc ctaagagact tttggaagag gatatatata 360
gcatagtacc ataccactta ta 382

<210> 600
<211> 269
<212> ADN
<213> humano

<400> 600
gctgtgggga tagtgaggca tcgcaatgta agactcggga ttagtacaca cttgttgatg 60
attaatggaa atgtttacag atccccaagc ctggcaaggg aatttcttca actccctgcc 120
ccctagccct ccttatcaaa ggacaccatt ttggcaagct ctatcaccaa ggagccaaac 180
atcctacaag acacagtgac catactaatt atacccccctg caaagccagc ttgaaacctt 240
cacttaggaa cgtaatcgtg tcccctatc 269

<210> 601
<211> 473
<212> ADN
<213> humano

<400> 601
tcaccaatgc catcaaggat gcactcgctg caacgtagcc ctctgttctg cacacagcac 60
gggggccaag gatgccccgt ccccctctgg ctccagctgg ccgggagcct gatcacctgc 120
cctgctgagt cccaggctga gcctcagtct ccctcccttg gggcctatgc agaggtccac 180
aacacacaga tttgagctca gccctggtgg gcagagaggt agggatgggg ctgtggggat 240
agtgaggcat cgcaatgtaa gactcgggat tagtacacac ttgttgatga ttaatggaaa 300
tgtttacaga tccccaagcc tggcaaggga atttcttcaa ctccctgccc cctagccctc 360
cttatcaaag gacaccattt tggcaagctc tatcaccaag gagccaaaca tcctacaaga 420
cacagtgacc atactaatta tacccccctgc aaagccagct tgaaaccttc act 473

<210> 602
<211> 329

<212> ADN
<213> humano

<400> 602
tccaacctcc ttcaaattca gtcaccactg ttatattacc ttctccagga accctccagt 60
ggggaaggct gcgatattag atttccttgt atgcaaagtt tttgttgaaa gctgtgctca 120
gaggaggtga gaggagagga aggagaaaac tgcatcataa ctttacagaa ttgaatctag 180
agtcttcccc gaaaagccca gaaacttctc tgcagtatct ggcttgtcca tctggtctaa 240
ggtggctgct tcttccccag ccatgagtca gtttgtgccc atgaataata cacgacctgt 300
tatttccatg actgctttac tgtattttt 329

<210> 603
<211> 529
<212> ADN
<213> humano

<400> 603
gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt ctgattggga 60
cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg ctgaaaccca 120
cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagctaat gatgagagca atgagcattc 180
cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca gccatgaatt 240
tcacagccat gaagatatgc tggttgtaga ccccaaaagt aaggaagaag ataaacacct 300
gaaatttcgt atttctcatg aattagatag tgcatcttct gaggtcaatt aaaaggagaa 360
aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata gcaaaatgaa 420
agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta tttgagtctg 480
gaaataactg atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcatggaa 529

<210> 604
<211> 536
<212> ADN
<213> humano

<400> 604
acagctttcc aaggtgacaa actcctctat gcagtgtatc gaaagctggg tgtttatgaa 60
gttgaagacc agattacagc tgtcagaaaa ttcatagaaa tgggtttcat tgatgaaaaa 120
agaatagcca tatggggctg gtcctatgga ggatacgttt catcactggc ccttgcatct 180
ggaactggtc ttttcaaatg tggtatagca gtggctccag tctccagctg ggaatattac 240
gcgtctgtct acacagagag attcatgggt ctcccaacaa aggatgataa tcttgagcac 300
tataagaatt caactgtgat ggcaagagca gaatatttca gaaatgtaga ctatcttctc 360
atccacggaa cagcagatga taatgtgcac tttcagaact cagcacagat tgctaaagct 420
ctggttaatg cacaagtgga tttccaggca atgtggtact ctgaccagaa ccacggctta 480
tccggcctgt ccacgaacca cttatacacc cacatgaccc acttcctaaa gcagtg 536

<210> 605
<211> 470
<212> ADN
<213> humano

<400> 605
tcttttgtcc tccttagcac aatgtaaaaa agaatagtaa tatcagaaca ggaaggagga 60
atggcttgct ggggagccca tccaggacac tgggagcaca tagagattca cccatgtttg 120
ttgaacttag agtcattctc atgcttttct ttataattca cacatatatg cagagaagat 180
atgttcttgt taacattgta tacaacatag ccccaaatat agtaagatct atactagata 240
atcctagatg aaatgttaga gatgctatat gatacaactg tggccatgac tgaggaaagg 300
agctcacgcc cagagactgg gctgctctcc cggaggccaa acccaagaag gtctggcaaa 360
gtcaggctca gggagactct gccctgctgc agacctcggt gtggacacac gctgcataga 420
gctctccttg aaaacagagg ggtctcaaga cattctgcct acctattagc 470

<210> 606
<211> 441
<212> ADN
<213> humano

<400> 606
aaaggagcag tcgcacagac ctttcctcat gctgcaggcc cggcagtctg aagaccaccc 60
tcatcgccgg cgtcggcggg gcttggagtg tgatggcaag gtcaacatct gctgtaagaa 120

acagttcttt gtcagtttca aggacatcgg ctggaatgac tggatcattg ctccctctgg 180
ctatcatgcc aactactgcg agggtgagtg cccgagccat atagcaggca cgtccgggtc 240
ctcactgtcc ttccactcaa cagtcatcaa ccactaccgc atgcggggcc atagcccctt 300
tgccaacctc aaatcgtgct gtgtgcccac caagctgaga cccatgtcca tgttgtacta 360
tgatgatggt caaaacatca tcaaaaagga cattcagaac atgatcgtgg aggagtgtgg 420
gtgctcatag agttgcccag c 441

<210> 607
<211> 561
<212> ADN
<213> humano

<400> 607
acaagcatcc tgtctcacga agaacaaatg tttgttaatc gtgtgggcca tgattatcag 60
tggataggcc tcaatgacaa gatgtttgag catgacttcc gttggactga tggcagcaca 120
ctgcaatacg agaattggag acccaaccag ccagacagct tcttttctgc tggagaagac 180
tgtgttgtaa tcatttggca tgagaatggc cagtggaatg atgttccctg caattaccat 240
ctcacctata cgtgcaagaa aggaacagtt gcttgcggcc agccccctgt tgtagaaaat 300
gccaagacct ttggaaagat gaaacctcgt tatgaaatca actccctgat tagataccac 360
tgcaaagatg gtttcattca acgtcacctt ccaactatcc ggtgcttagg aaatggaaga 420
tgggctatac ctaaaattac ctgcatgaac ccatctgcat accaaaggac ttattctatg 480
aaatacttta aaaattcctc atcagcaaag gacaattcaa taaatacatc caaacatgat 540
catcgttgga gccggaggtg g 561

<210> 608
<211> 557
<212> ADN
<213> humano

<400> 608
tggtgatgtc tgctactatg ccagccggaa cgacaagtcc tactggctct ctaccactgc 60
gccgctgccc atgatgcccg tggccgagga cgagatcaag ccctacatca gccgctgttc 120
tgtgtgtgag gccccggcca tcgccatcgc ggtccacagt caggatgtct ccatcccaca 180
ctgcccagct gggtggcgga gtttgtggat cggatattcc ttcctcatgc acacggcggc 240
gggagacgaa ggcggtggcc aatcactggt gtcaccgggc agctgtctag aggacttccg 300
cgccacacca ttcatcgaat gcaatggagg ccgcggcacc tgccactact acgccaacaa 360
gtacagcttc tggctgacca ccattcccga gcagagcttc cagggctcgc cctccgccga 420
cacgctcaag gccggcctca tccgcacaca catcagccgc tgccaggtgt gcatgaagaa 480
cctgtgagcc ggcgcgtgcc aggaagggcc attttggtgc ttattcttaa cttattacct 540
caggtgccaa cccaaaa 557

<210> 609
<211> 436
<212> ADN
<213> humano

<400> 609
gaaagactgt gctgtccttt aacataggtt tttaaagact aggatattga atgtgaaaca 60
tccgttttca ttgttcactt ctaaaccaaa aattatgtgt tgccaaaacc aaacccaggt 120
tcatgaatat ggtgtctatt atagtgaaac atgtactttg agcttattgt ttttattctg 180
tattaaatat tttcagggtt ttaaacacta atcacaaact gaatgacttg acttcaaaag 240
caacaacctt aaaggccgtc atttcattag tattcctcat tctgcatcct ggcttgaaaa 300
acagctctgt tgaatcacag tatcagtatt ttcacacgta agcacattcg ggccatttcc 360
gtggtttctc atgagctgtg ttcacagacc tcagcagggc atcgcatgga ccgcaggagg 420
gcagattcgg accact 436

<210> 610
<211> 429
<212> ADN
<213> humano

<400> 610
tcggctactc ttttgtgatg cacaccagcg ctggtgcaga aggctctggc caagccctgg 60
cgtcccccgg ctcctgcctg gaggagttta gaagtgcgcc attcatcgag tgtcacggcc 120
gtgggacctg caattactac gcaaacgctt acagcttttg gctcgccacc atagagagga 180
gcgagatgtt caagaagcct acgccgtcca ccttgaaggc aggggagctg cgcacgcacg 240
tcagccgctg ccaagtctgt atgagaagaa cataatgaag cctgactcag ctaatgtcac 300

aacatggtgc tacttcttct tctttttgtt aacagcaacg aaccctagaa atatatcctg 360
tgtacctcac tgtccaatat gaaaaccgta aagtgcctta taggaatttg cgtaactaac 420
acaccctgc 429

<210> 611
<211> 517
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (181)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 611
ggaaaacacc tcatttgacc ttgccagctg accttcaaac cctgcatttg aaccgaccaa 60
cattaagtcc agagagtaaa cttgaatgga ataacgacat tccagaagtt aatcatttga 120
attctgaaca ctggagaaaa accgaaaaat ggacggggca tgaagagact aatcatctgg 180
naaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagagc tcgggcccag ccccaggctg 240
cagcccattc gcaggcaccc gaaagaactt ccccagtatg gtggtcctgg aaaggacatt 300
tttgaagatc aactatatct tcctgtgcat tccgatggaa tttcagttca tcagatgttc 360
accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagcatag cggggaagat gttgaccaag 420
gtggagaaga atcacgaaaa ggagaagtca cagcacctag aaggcagcgc ctcctcttca 480
ctctcctctg attagatgaa actgttacct tacccta 517

<210> 612
<211> 397
<212> ADN
<213> humano

<400> 612
aatatccttg ttgtgtatta ggtttttaaa taccagctaa aggattacct cactgagtca 60
tcagtaccct cctattcagc tccccaagat gatgtgtttt tgcttaccct aagagaggtt 120
ttcttcttat ttttagataa ttcaagtgct tagataaatt atgttttctt taagtgttta 180
tggtaaactc ttttaaagaa aatttaatat gttatagctg aatctttttg gtaactttaa 240
atctttatca tagactctgt acatatgttc aaattagctg cttgcctgat gtgtgtatca 300
tcggtgggat gacagaacaa acatatttat gatcatgaat aatgtgcttt gtaaaaagat 360
ttcaagttat taggaagcat actctgtttt ttaatca 397

<210> 613
<211> 518
<212> ADN
<213> humano

<400> 613
gtgtgcacac ggagactcat cgttataatt tactatctgc caagagtaga aagaaaggct 60
ggggatattt gggttggctt ggttttgatt ttttgcttgt ttgtttgttt tgtactaaaa 120
cagtattatc ttttgaatat cgtagggaca taagtatata catgttatcc aatcaagatg 180
gctagaatgg tgcctttctg agtgtctaaa acttgacacc cctggtaaat ctttcaacac 240
acttccactg cctgcgtaat gaagttttga ttcattttta accactggaa tttttcaatg 300
ccgtcatttt cagttagatg attttgcact ttgagattaa aatgccatgt ctatttgatt 360
agtcttattt ttttatttttt acaggcttat cagtctcact gttggctgtc attgtgacaa 420
agtcaaataa acccccaagg acgacacaca gtatggatca catattgttt gacattaagc 480
ttttgccaga aaatgttgca tgtgttttac ctcgactt 518

<210> 614
<211> 523
<212> ADN
<213> humano

<400> 614
gaaaggcgat ctcttcactg tgaaaagttg cccgggtgca gcgccttttc cttctaccat 60
gggaaatgca ggctgggccc ttggggtgag cctgcggggc tctggtgctg tccccgaccc 120
ccaccaccac cagaatgcag ttccagctta ggaagccaca aacaagccac ccaggaggaa 180
caaaacaccg ccagcgtgga ttttccaaat ttccctggaa agtaagtctc gctcttgcca 240
aagaaaagtc tggcttggag agtctctgga gcccaggatg ccagcatgtg ccaatgactg 300

tcaccttcat ctcttcaaaa gaaaagccat agccgaggac tgtcccgcga cccccgtgga 360
ctgcgtctag gtcatgtgat tctgttttca tttctcatcc catccaattt gtccttttct 420
cctgtcattt tcttcctctg tggtcccttc aaagttgtta taatttgtac tgaacttcaa 480
aatgtgtccc gttctcccca gaccactcta gccacagtat att 523

<210> 615
<211> 542
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (56)..(56)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (63)..(63)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (102)..(102)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 615
attgaaaagc aggtaccagt gccccttttc agacagtttt tgattcgctc tagacntttt 60
ttnttttttta atagggaggg aaaaaatttg ataattttct tntttctaca tgcacttaag 120
actaaaacac aggtttggat taattttatt tgcttccttt ttccgctttt cttcccgcag 180
agcctgatgg gagaatgtcc agggcaggga aaccacattt tttgtaggtg ataactcaat 240
gaaaattggt gcttattttt tacacttctc tcttgtggct ctcttgtggt gctatctgtt 300
ttaaggtctc cttgaaggcg cactggggtc cctggccatg cctcgttctc cctgctttct 360
ttatcctgtt attgcctcca cagtctgttg ccaaggactc taagatcaat gcacgtcact 420
ttcctttcca ctgggcagga tagccaagca cactccctcc tgcgctctcc cgccccggtg 480
cgtccactcc cgagggctgt tatgaggact gggttgtgcc tacttgattt gaaaacacac 540
ac 542

<210> 616
<211> 559
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (36)..(36)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (51)..(51)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (56)..(56)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 616
acttctcagc aaataaatct cccttaagta ggaaanctag atttcatatt ngcttncttt 60
gaattaacag caactttcca caggtaaatc tgttcttgca aagatgtgag cagaatagtt 120
aaaaataata tttttatgtt tcatggttct aaatggaagc cataaatgca gtaaatacta 180
tctgttgttt aactacttta atcgtcattt tttacatttt caagtttatt aggttaagaa 240
aaacagggca gccttggaag gcagctacta cagaaaactg cagttttgcg ttaaagataa 300
agtagtattt tcagctccct gaaaaaccat tcctgctgaa actgctgtag aaattgtgaa 360
gctgcatgag tggagagtat tgaatctgtg gttatagtag ttttctcagg tttgtttatc 420
ttgatgtttg atgcactgtg ttttatagtt attaaaattg agtaatatta tttctatgca 480
gtgttatgtg tcattggcct tttgtgaatg tgcatgtttt aaactgcaaa ttttaaacat 540

tttgtcctct aattgttat 559

<210> 617
<211> 462
<212> ADN
<213> humano

<400> 617
gaatgagtat tcctatacga cccagataga ctacaacccc aaggaccgcc tgctctatgc 60
ctgggacaat ggccaccagg tcacttacca tgtcatcttt gcctactgac acccttgtcc 120
ccacaagcag aagcacagag gggtcactag caccttgtgt gtatgtgtgt gcgcgcacgt 180
gtgtgtaggt gggtatgtgt tgtttaaaaa tatatattat tttgtataat attgcaaatg 240
taaaatgaca atttgggtct attttttttat atggattgta gatcaatcca tacgtgtatg 300
tgctggtctc atcctcccca gtttatattt ttgtgcaaat gaacttctcc ttttgaccag 360
taaccacctt ccttcaagcc ttcagcccct ccagctccaa gtctcagatc tcgaccattg 420
aaaaggtttc ttcatctggg tcttgcagga ggcaggcaac ac 462

<210> 618
<211> 503
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (419)..(419)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 618
gtgctcggcc tgatggagac tgtgtgcagc cccttcacgg ccgccagacg tctgcgggac 60
caggaggcag ccgtggcgga gctgcaggcc gccctggagc gacaggctct ccagaagcaa 120
gccctgcagg agaaaggcaa gcagcaggac acggtcctcg gcggccgggc cctgtccaac 180
cggcagcacg cctcctagga actgtgggag accagcggag tgggagggag acgcagtaga 240
cagagacaga ccgagaagga agggagagac agagggggcg cgcgcacagg agcctgactc 300
cgctgggaga gtgcaggagc acgtgctgtt ttttatttgg acttaacttc agagaaaccg 360
ctgacatcta gaactgacct accacaagca tccaccaaag gagtttggga ttgagtttnt 420
gctgctgtgc agcactgcat tgtcatgaca tttccaacac tgtgtgaatt atctaaatgc 480
gtctaccatt ttgcactagg gag 503

<210> 619
<211> 568
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (82)..(82)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (251)..(251)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (393)..(393)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (407)..(407)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (412)..(412)

<223> n es a, c, g, o t

<400> 619
cacagcctcc aagtcaggtg gggtggagtc ccagagctgc acagggtttg gcccaagttt 60
ctaagggagg cacttcctcc cntcgcccat cagtgccagc ccctgctggc tggtgcctga 120
gcccctcaga cagccccctg ccccgcaggc ctgccttctc agggacttct gcggggcctg 180
aggcaagcca tggagtgaga cccaggagcc ggacacttct caggaaatgg cttttcccaa 240
cccccagccc nccacccggt ggttcttcct gttctgtgac tgtgtatagt gccaccacag 300
cttatggcat ctcattgagg acaaagaaaa ctgcacaata aaaccaagcc tctggaatct 360
gtcctcgtgt ccacctggcc ttcgctcctc cancagtgcc tgcctgnccc cncttcgctg 420
gggtctccac gggtgaggct ggggaacgcc acctcttcct cttccctgac ttctccccaa 480
ccacttagta gcaacgctac cccaggggct aatgactgca cactgggctt cttttcagaa 540
tgaccctaac gagacacatt tgcccaaa 568

<210> 620
<211> 248
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (45)..(45)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 620
cacaaaaccc cagggacagc ggtctcccca gcctgccctg ctcangcctt gcccccaaac 60
ctgtactgtc ccggaggagg ttgggaggtg gaggcccagc atcccgcgca gatgacaccg 120
gttttcctag aagcccctca cccccactgg cccactggtg gctaggtctc cccttatcct 180
tctggtccag cgcaaggagg ggctgcttct gaggtcggtg gctgtctttc cattaaagaa 240
acaccgtg 248

<210> 621
<211> 261
<212> ADN
<213> humano

<400> 621
gaatgaagaa aagtcgcctc aacgacaaac aaaagcaccg actagatttc cttcagctga 60
tgattgactc ccagaattcg aaagaaactg agtcccacaa agctctgtct gatctggagc 120
tcgcagccca gtcaataatc ttcatttttg ctggctatga aaccaccagc agtgttcttt 180
ccttcacttt atatgaactg gccactcacc ctgatgtcca gcagaaactg caaaaggaga 240
ttgatgcagt tttgcccaat a 261

<210> 622
<211> 245
<212> ADN
<213> humano

<400> 622
ggtgagggga tgacccctgg agatgaaggg aagaggtgaa gccttagcaa aaatgcctcc 60
tcaccactcc ccaggagaat ttttataaaa agcataatca ctgattcctt cactgacata 120
atgtaggaag cctctgagga gaaaaacaaa gggagaaaca tagagaacgg ttgctactgg 180
cagaagcata agatctttgt acaatattgc tggccctggt tcacctgttt actgttatca 240
caata 245

<210> 623
<211> 273
<212> ADN
<213> humano

<400> 623
acttaggtaa ttgtagggcg aggattataa atgaaatttg caaaatcact tagcagcaac 60
tgaagacaat tatcaaccac gtggagaaaa tcaaaccgag cagggctgtg tgaaacatgg 120
ttgtaatatg cgactgcgaa cactgaactc tacgccactc cacaaatgat gttttcaggt 180
gtcatggact gttgccacca tgtattcatc cagagttctt aaagtttaaa gttgcacatg 240
attgtataag catgctttct ttgagtttta aat 273

<210> 624

<211> 212
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (43)..(43)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (121)..(121)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 624
tctcacctat acgtgcaaga aaggaacagt tgcttgcggc cancccctgt tgtagaaaat 60
gccaagacct ttggaaagat gaaacctcgt tatgaaatca actccctgat tagataccac 120
ntgcaaagat ggtttcattc aacgtcacct tccaactatc cggtgcttag gaaatggaag 180
atgggctata cctaaaatta cctgcatgaa cc 212

<210> 625
<211> 157
<212> ADN
<213> humano

<400> 625
agggcctaag ggtgacagag gtgatgctgg tcccaaaggt gctgatggct ctcctggcaa 60
agatggcgtc cgtggtctga ccggccccat tggtcctcct ggccctgctg gtgcccctgg 120
tgacaagggg gaccccattc ccgaggagct ttatgag 157

<210> 626
<211> 481
<212> ADN
<213> humano

<400> 626
aacattgtaa tggccatcgc tggaaacaag tgcgacctct cagatattag ggaggttccc 60
ctgaaggatg ctaaggaata cgctgaatcc ataggtgcca tcgtggttga gacaagtgca 120
aaaaatgcta ttaatatcga agagctcttt caaggaatca gccgccagat cccacccttg 180
gaccccatg aaaatggaaa caatggaaca atcaaagttg agaagccaac catgcaagcc 240
agccgccggt gctgttgacc caagggcgtg gtccacggta cttgaagaag ccagagccca 300
catcctgtgc actgctgaag gaccctacgc tcggtggcct ggcacctcac tttgagaaga 360
gtgagcacac tggctttgca tcctggaagg cctgcagggg gcggggcagg aaatgtacct 420
gaaaaggatt ttagaaaacc ctgggaaacc caccacacca ccacaaaatg gcctttagtg 480
t 481

<210> 627
<211> 399
<212> ADN
<213> humano

<400> 627
gccacacctt cgcgaaacct gtggtggccc accagtccta acgggacagg acagagagac 60
agagcagccc tgcactgttt tccctccacc acagccatcc tgtccctcat tggctctgtg 120
ctttccacta tacacagtca ccgtcccaat gagaaacaag aaggagcacc ctccacatgg 180
actcccacct gcaagtggac agcgacattc agtcctgcac tgctcacctg ggtttactga 240
tgactcctgg ctgccccacc atcctctctg atctgtgaga aacagctaag ctgctgtgac 300
ttccctttag gacaatgttg tgtaaatctt tgaaggacac accgaagacc tttatactgt 360
gatcttttac ccctttcact cttggctttc ttatgttgc 399

<210> 628
<211> 548
<212> ADN
<213> humano

<400> 628

ctgccccgag ctcgaagaag aggctgagtg cgtccctgat aactgcgtct aagaccagag 60
ccccgcagcc cctggggccc ccggagccat ggggtgtcgg gggctcctgt gcaggctcat 120
gctgcaggcg gccgaggcac agggggtttc gcgctgctcc tgaccgcggt gaggccgcgc 180

cgaccatctc tgcactgaag ggccctctgg tggccggcac gggcattggg aaacagcctc 240
ctcctttccc aaccttgctt cttaggggcc cccgtgtccc gtctgctctc agcctcctcc 300
tcctgcagga taaagtcatc cccaaggctc cagctactct aaattatggt ctccttataa 360
gttattgctg ctccaggaga ttgtccttca tcgtccaggg gcctggctcc cacgtggttg 420
cagatacctc agacctggtg ctctaggctg tgctgagccc actctcccga gggcgcatcc 480
aagcgggggc cacttgagaa gtgaataaat ggggcggttt cggaagcgtc agtgtttcca 540
tgttatgg 548

<210> 629
<211> 524
<212> ADN
<213> humano

<400> 629
gaagttgcaa cattcgtttg ataggaattc cagaaaagga gagttatgag aatagggcag 60
aggacataat taaagaaata attgatgaaa actttgcaga actaaagaaa ggttcaagtc 120
ttgagattgt cagtgcttgt cgagtaccta gtaaaattga tgaaaagaga ctgactccta 180
gacacatctt ggtgaaattt tggaattcta gtgataaaga gaaaataata agggcttcta 240
gagagagaag agaaattacc taccaaggaa caagaatcag gttgacagca gacttatcac 300
tggacacact ggatgctaga agtaaatgga gcaatgtctt caaagttctg ctggaaaaag 360
gctttaatcc tagaatccta tatccagcca aaatggcatt tgattttagg ggcaaaacaa 420
aggtatttct tagtattgaa gaatttagag attatgtttt gcatatgccc accttgagag 480
aattactggg gaataatata ccttagcacg ccagggtgac taca 524

<210> 630
<211> 488
<212> ADN
<213> humano

<400> 630
gagtggttca tccatactct cattccctcg cctccccttg tggacggggg tcttgccttt 60
tcaattcctg tgttttggtg tcttccctta tctgctaccc tgaatcacct gtcctggtct 120
tgctgtgtga tgggaacatg cttgtaaact gcgtaacaaa tctactttgt gtatgtgtct 180
gtttatgggg gtggtttatt atttttgctg gtccctagac cactttgtat gaccgtttgc 240
agtctgagca ggccaggggc tgacagctaa tgtcaggacc ctcagcggtg gagcctgctg 300
gggggaccca gctgctcttg gacaagtggc tgagctccta tctggcctcc tctttttttt 360
ttttttcaag taatttgtgt gtatttctaa ctgattgtat tgaaaaaatt cctagtattt 420
cagtaaaaat gcctgttgtg agatgaacct cctgtaactt ctatctgttc ttttttgagg 480
ctcaggga 488

<210> 631
<211> 460
<212> ADN
<213> humano

<400> 631
tggaattaga ccatttggcc tttgaacttt cataggaaaa atgacccaac atttcttagc 60
atgagctacc tcatctctag aagctgggat ggacttacta ttcttgttta tattttagat 120
actgaaaggt gctatgcttc tgttattatt ccaagactgg agataggcag ggctaaaaag 180
gtattattat ttttccttta atgatggtgc taaaattctt cctataaaat tccttaaaaa 240
taaagatggt ttaatcacta ccattgtgaa aacataactg ttagacttcc cgtttctgaa 300
agaaagagca tcgttccaat gcttgttcac tgttcctctg tcatactgta tctggaatgc 360
tttgtaatac ttgcatgctt cttagaccag aacatgtagg tccccttgtg tctcaatact 420
tttttttctt taattgcatt tgttggctct attttaattt 460

<210> 632
<211> 446
<212> ADN
<213> humano

<400> 632

tagattccgg tatatcgttc ttcaagacac ttgctctaag cggaatggaa atgtgggcaa 60
gactgtcttt gaatatagaa cacagaatgt ggcacgcttg cccatcatag atcttgctcc 120
tgtggatgtt ggcggcacag accaggaatt cggcgttgaa attgggccag tttgttttgt 180
gtaaagtaag ccaagacaca tcgacaatga gcaccaccat caatgaccac cgccattcac 240
aagaactttg actgtttgaa gttgatcctg agactcttga agtaatggct gatcctgcat 300
cagcattgta tatatggtct taagtgcctg gcctccttat ccttcagaat atttatttta 360

cttacaatcc tcaagtttta attgatttta aatatttttc aatacaacag tttaggttta 420
agatgaccaa tgacaatgac cacctt 446

<210> 633
<211> 552
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (63)..(63)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (72)..(72)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (74)..(74)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (85)..(85)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (138)..(138)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 633
tttcagcacc gatggccatg taaataagat gatttaatgt tgattttaat cctgtatata 60
aantaaaaag tncncaatga gtttngggca tatttaatga tgattatgga gccttagagg 120
tctttaatca ttggttcngg ctgcttttat gtagtttagg ctggaaatgg tttcacttgc 180
tctttgactg tcagcaagac tgaagatggc ttttcctgga cagctagaaa acacaaaatc 240
ttgtaggtca ttgcacctat ctcagccata ggtgcagttt gcttctacat gatgctaaag 300
gctgcgaatg ggatcctgat ggaactaagg actccaatgt cgaactcttc tttgctgcat 360
tccttttttct tcacttacaa gaaaggcctg aatggaggac ttttctgtaa ccaggaacat 420
tttttagggg tcaaagtgct aataattaac tcaaccaggt ctacttttta atggctttca 480
taacactaac tcataaggtt accgatcaat gcatttcata cggatataga cctagggctc 540
tggagggtgg gg 552

<210> 634
<211> 440
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (165)..(165)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 634

ctggcctacg tgttcaattt tctatgaaca aaggctttag tccttgaccc agggctaaag 60
tggtctgtcc aagctgttgt tggtagaggg agtatgataa aatgtttaaa tctcatttgg 120
ttaccttgag tcctggaaca cgcagtaact gtcatgctat agtcntcatc tgtatttggc 180
tgggaataca aatgaagatt gtggtgtatt caagcagtag ggtttttgct tttgtttttg 240
ttttagtgcc aacaaaactt ttttttgtct gactacatta aagataagac tgactatatt 300
tatacaacag aaactttgta atagattttt tcagctttgt gaaatcgaat ttttttcat 360
cagggctggt tggatttcct ttttaccctg taatccaagc gttaatagtt tgttagaaga 420
tgggttattg catgtcactt 440

<210> 635
<211> 360
<212> ADN
<213> humano

<400> 635
gaagatcaag gatgttctca acagtctaga gtacagtccc tctcctataa gcaagaagct 60
ctcgtgtgct agtgtcaaaa gccaaggcag accgtcctcc tgccctgctg ggatggctgt 120
cactggctgt gcttgtggct atggctgtgg ttcgtgggat gttcagctgg aaaccacctg 180
ccactgccag tgcagtgtgg tggactggac cactgcccgc tgctgccacc tgacctgaca 240
gggaggaggc tgagaactca gttttgtgac catgacagta atgaaaccag ggtcccaacc 300
aagaaatcta actcaaacgt cccacttcat ttgttccatt cctgattctt gggtaataaa 360

<210> 636
<211> 490
<212> ADN
<213> humano

<400> 636
ggagctcaga gatctaagct gctttccatc ttttctccca gccccaggac actgactctg 60
tacaggatgg ggccgtcctc ttgcctcctt ctcatcctaa tccccccttct ccagctgatc 120
aacccgggga gtactcagtg ttccttagac tccgttatgg ataagaagat caaggatgtt 180
ctcaacagtc tagagtacag tccctctcct ataagcaaga agctctcgtg tgctagtgtc 240
aaaagccaag gcagaccgtc ctcctgccct gctgggatgg ctgtcactgg ctgtgcttgt 300
ggctatggct gtggttcgtg ggatgttcag ctggaaacca cctgccactg ccagtgcagt 360
gtggtggact ggaccactgc ccgctgctgc cacctgacct gacagggagg aggctgagaa 420
ctcagttttg tgaccatgac agtaatgaaa ccagggtccc aaccaagaaa tctaactcaa 480
acgtcccact 490

<210> 637
<211> 577
<212> ADN
<213> humano

<400> 637
gcctgagaaa gcaagcacgc actctcagtc aacatgacag attctggagg ataaccagca 60
ggagcagaga taacttcagg aagtccattt ttgcccctgc ttttgctttg gattatacct 120
caccagctgc acaaaatgca ttttttcgta tcaaaaagtc accactaacc ctccccccaga 180
agctcacaaa ggaaaacgga gagagcgagc gagagagatt tccttggaaa tttctcccaa 240
gggcgaaagt cattggaatt tttaaatcat aggggaaaag cagtcctgtt ctaaatcctc 300
ttattctttt ggtttgtcac aaagaaggaa ctaagaagca ggacagaggc aacgtggaga 360
ggctgaaaac agtgcagaga cgtttgacaa tgagtcagta gcacaaaaga gatgacattt 420
acctagcact ataaaccctg gttgcctctg aagaaactgc cttcattgta tatatgtgac 480
tatttacatg taatcaacat gggaactttt aggggaacct aataagaaat cccaattttc 540
aggagtggtg gtgtcaataa acgctctgtg gccagtg 577

<210> 638
<211> 351
<212> ADN
<213> humano

<400> 638
ggaacccaga gctgctgtgt atttcgagcg ggcagtttat cttttgctat acttattttc 60
aattcaatta caccacgatt caaataattc ccctcctaaa accaaaaagg agggaaacgt 120
caactccatt gcaattactt atcttcctct tctatctctg ttatacgccg gggcatagaa 180
tgctcgtata catctcttta acaaccacaa accttaagcc atgtagatga agttagtgca 240
tcaacgggat acagttccat attgccttaa acctccttgt tttagacaca ctaacattta 300
taccaaattg cagattattc tgcagagagg gaattgcatg tttgtgttgt a 351

<210> 639

<211> 506
<212> ADN
<213> humano

<400> 639
aattaatatt catcgcactt cttctgtgga aggactttgt gaaggaattg gtgctggatt 60
agtggatgtt gctatctggg ttggcacttg ttcagattac ccaaaaggag atgcttctac 120
tggatggaat tcagtttctc gcatcattat tgaagaacta ccaaaataaa tgctttaatt 180
ttcatttgct acctcttttt ttattatgcc ttggaatggt tcacttaaat gacattttaa 240
ataagtttat gtatacatct gaatgaaaag caaagctaaa tatgtttaca gaccaaagtg 300

tgatttcaca ctgtttttaa atctagcatt attcattttg cttcaatcaa aagtggtttc 360
aatatttttt ttagttggtt agaatacttt cttcatagtc acattctctc aacctataat 420
ttggaatatt gttgtggtct tttgtttttt ctcttagtat agcatttta aaaaaatata 480
aaagctacca atctttgtac aatttg 506

<210> 640
<211> 360
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (128)..(128)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (190)..(190)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (206)..(206)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 640
aaatgactgg atggtcgctg ctttttaagt ttcaaattga cattccagac aagcggtgcc 60
tgagcccgtg cctgtcttca gatcttcaca gcacagttcc tgggaaggtg gagccaccag 120
cctctccntg aataactggg agatgaaaca ggaagctcta tgacacactt gatcgaatat 180
gacagacacn gaaaatcacg actcancccc ctccagcacc tctacctgtt gcccgccgat 240
cacagccgga atgcagctga aagattccct ggggcctggt tccaaccgcc cactgtggac 300
tctgaggcct ctgcatttgc gggtggtctg cctgtgatat tttggtcatg ggctggtctg 360

<210> 641
<211> 427
<212> ADN
<213> humano

<400> 641
gaagaggagc aacatctatg ccaaatactg tgcattctac aatggtgcta atctcagacc 60
taaatgatac tccatttaat ttaaaaaaga gttttaaata attatctatg tgcctgtatt 120
tccctttga gtgctgcaca acatgttaac atattagtgt aaaagcagat gaaacaacca 180
cgtgttctaa agtctaggga ttgtgctata atccctattt agttcaaaat taaccagaat 240
tcttccatgt gaaatggacc aaactcatat tattgttatg taaatacaga gttttaatgc 300
agtatgacat cccacagggg aaaagaatgt ctgtagtggg tgactgttat caaatatttt 360
atagaataca atgaacggtg aacagactgg taacttgttt gagttcccat gacagatttg 420
agacttg 427

<210> 642
<211> 574
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (83)..(83)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (94)..(94)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (103)..(103)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (134)..(138)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (140)..(141)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (143)..(143)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (145)..(146)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (169)..(169)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (171)..(172)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (174)..(177)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (179)..(179)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (181)..(181)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (183)..(184)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (186)..(193)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (196)..(196)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (198)..(203)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (206)..(207)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 642
tgaaagtggg catctctgca ggcacctgta ctgccatcct gctcaccgtc ttgacctgct 60
acttttggaa aaagaatcaa aanctagagt acangtactc cangctggtg atgaatgcta 120
ctctcaagga ctgnnnnntn ncngnngctg acagctgcgc catcatggna nncnnnnang 180
nanngnnnnn nnncancnnn nnncanntgc gccatcatgg aaggcgagga tgtagaggac 240
gacctcatct ttaccagcaa gaagtcactc tttgggaaga tcaaatcatt tacctccaag 300
aggactcctg atggatttga ctcagtgccg ctgaagacat cctcaggagg cccagacatg 360
gacctgtgag aggcactgcc tgcctcacct gcctcctcac cttgcatagc acctttgcaa 420

gcctgcggcg atttgggtgc cagcatcctg caacacccac tgctggaaat ctcttcattg 480
tggccttatc agatgtttga atttcagatc ttttttttata gagtacccaa accctccttt 540
ctgcttgcct caaacctgcc aaatataccc acac 574

<210> 643
<211> 485
<212> ADN
<213> humano

<400> 643
aaacgacgca aatctctgag ctggggacca cttggagaac cggcttagta acagtcctga 60
tcttcgcaag ccagcttctt ctgcatctga ggggctcctg gcgcccagag gaggcagaca 120
gatgtcttct agctgagttt ctaaccgcat gatgagactc agaccttccg ctgcactaga 180
aaatctgcaa cagtgtccct gagtcacttc tccttagtgg gcagactcgt gttagatttg 240
tggaacccag ctctctgatt tactcctttt ggaaaaccca tggaatttca tgtataaggc 300
tttcatttgt attttaaggt ttttctgttt gttttgagta tatacatggt gctcaatagc 360
aacatcttag cagatgaagc agtttatgat tccactccct cctgtatgac aggtagccac 420
tatactgaat caaggtgctg aactcaaatc acaaaattct ggcttaccga tacaacaacc 480
aatac 485

<210> 644
<211> 487
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (296)..(296)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 644
tataaggtaa ctctttagtc ctccatttag cacattttaa atcctccaaa gaataagtat 60
catgtgatta ttttagcttt acaaaaaaaa agttgaatgg cgttttattt tcatggccta 120
taagcaggta ccttagtagg gcagatatag gaaaaacaaa ttagagcaaa acaaatcctc 180
tacaaatcca aggcaggaaa agtggtggca gagtgactca ttctcctgtc cctcccatca 240
ggtcaaatca ggaggctgca gtgaatgcct gttctttgaa tgtgtagcag ttgttncctg 300
taactcttta aaacttggct ataggctgtt tagcacagta cagattaaag atacagttac 360
gtaaacagca aagtaatttt atagtgcttc atccatttat catgctttgg tttgctaatt 420
ttttcacata ccttttttcta tcacagtctg ttgcttttgt acacatttct catattgggg 480
ttcgaca 487

<210> 645
<211> 520

<212> ADN
<213> humano

<400> 645
ggtgccagga aggtcacaga tggacactgg ccattctggt catctcagtc tggaactcag 60
tcccacttct tggcctggac aatgaacagg attcagtttt gctgttaact ttgcttctct 120
actttttttt gtttgtttgt aatagcacat cccagagaca tcagaaacca gcaactgatt 180
cagtgtgatt tccagacttt ttaggcatga aattcggaca cttcagtatt tccaggaata 240
gcatatgcac gctgttcttg cttcatggaa tgctacatgc tttctgtttt tctcattttg 300
gatttctcca aaactaactg aatttaagct tcaggtccct ttgtatgcag tagaaaggaa 360
ttattaaaaa caccaccaaa gaaaataaat atatcctact tgaaatttac tctatggact 420
tacccactgc tagaataaat gtatcaaatc ttatttgtaa attctcaatt ttgatatata 480
tatgtatata tgcatataca tatccacact tgtctgcaag 520

<210> 646
<211> 516
<212> ADN
<213> humano

<400> 646
ttaccctcta tttaaatgct ttgaaaaaca gtgcattgac aatgggttga tatttttctt 60
taaaagaaaa atataattat gaaagccaag ataatctgaa gcctgtttta ttttaaaact 120
ttttatgttc tgtggttgat gttgtttgtt tgtttgtttc tattttgttg gtttttact 180

ttgtttttg ttttgttttg ttttgttttg catactacat gcagttcttt aaccaatgtc 240
tgtttggcta atgtaattaa agttgttaat ttatatgagt gcatttcaac tatgtcaatg 300
gtttcttaat atttattgtg tagaagtact ggtaattttt ttatttacaa tatgtttaaa 360
gagataacag tttgatatgt tttcatgtgt ttatagcaga agttatttat ttctatggca 420
ttccagcgga tattttggtg tttgcgaggc atgcagtcaa tattttgtac agttagtgga 480
cagtattcag caacgcctga tagcttcttt ggcctt 516

<210> 647
<211> 390
<212> ADN
<213> humano

<400> 647
ccacacacca ggcactaatc acctggtgag gatttggcat atccaccaaa aaatgcatcc 60
gatttaacca acatctccac cagcgctacg gactcctccc aattctgaca tctcttgcag 120
acaatactat gctctctaca cactgtttag aaatggaaag gtgatctgca ctgtatcttg 180
ggtttgttgg ctatgcttcc tttgatgaca tatattatac agtatatata tacatatatt 240
ttttttgtta gagttctagc cattttattt ctccgcaggg tcctttctca gacattactg 300
catgctgtat atggcgttag ctgtgtgttg atcttctaaa agatgataga gtttactggt 360
aattgtgtaa tcagctcctg ccttttttatt 390

<210> 648
<211> 505
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (39) .. (39)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 648
caggaaactc ttctctgact tggggagttc ctacgcgana caactgggct tccgggacag 60
ctgggtcttc ataggagcca aagacctcag gggtaaaagc ccctttgagc agttcttaaa 120
gaacagccca gacacaaaca aatacgaggg atggccagag ctgctggaga tggagggctg 180
catgcccccg aagccatttt agggtggctg tggctcttcc tcagccaggg gcctgaagaa 240
gctcctgcct gacttaggag tcagagcccg gcaggggctg aggaggagga gcaggggtg 300
ctgcgtggaa ggtgctgcag gtccttgcac gctgtgtcgc gcctctcctc ctcggaaaca 360
gaaccctccc acagcacatc ctacccggaa gaccagcctc agagggtcct tctggaacca 420
gctgtctgtg gagagaatgg ggtgctttcg tcagggactg ctgacggctg gtcctgagga 480
aggacaaact gcccagactt gagcc 505

<210> 649
<211> 331

<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (73)..(74)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (76)..(76)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 649
cacttgatag actgtaagca cctgcttaac tttgtgtccc aaatatttag tgtgtatata 60
tatatatata tanncncaca cacacacata tatattcaac aaataaagca aaatataaca 120
tgcatttcac attttgtctt tccctgttac gattttaata gcagaactgt atgacaagtt 180
taggtgatcc tagcatatgt taaattcaaa ttaatgtaaa acagattaac aacaacaaag 240
aaactgtcta tttgagtgaa gtcatgcttt ctattataat aacttggctt cggttatcca 300
tcaaatgcac acttatactg ttatctgatt g 331

<210> 650
<211> 582
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (179)..(180)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (218)..(218)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (226)..(227)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 650
gccaaaaggc ctggcttctg ataggaaact ggtaagaaac tcttcatgaa aacacatcac 60
taatattcgc tattactctc ctggtctgaa gtcagctttt ctgaaccatt aaggtatttc 120
atcacaagtt atattttata atatcagttt aagaggcttt tattcatgtg aacaccagnn 180
ccctttcagg ggcatggtct ttttgaaaaa aaaaaaanaa aaaaannaac agttttagcc 240
acatatcaga tatttctata tctaattatc ctttatggct aacattctgc ctccattgtt 300
aaggtataat tgttcctgaa tttaaaggtg gtttggcctc taatttaatt ctgattcaga 360
ctctcctgtc aggactcaag aaaatttaat taattaccaa ggattaagtc ttctggttaa 420
ggtttctggg aaaaaaaaat agcaaagatg ttgatttctt ggaatccttt tacaggttca 480
taacagaaaa atcttcattc cctgtaggca tttaattaaa cctagttgag aagtgtgtgg 540
gattcctcaa ttatgaacaa aacacgtata ttggctttct tt 582

<210> 651
<211> 433
<212> ADN
<213> humano

<400> 651
gacatgattg tctataatct cgctagcctt gtactgtgtg tgcatagcaa ttacagggaa 60
gtaatctagc tcctgactat tatgttgaac tatgtcgctg ctttttacaa acttgtcttg 120
atccaaagca gtcacaatga taaccctgca tatctgggaa tcataagtca actatgtatc 180
tctgtgtgtg tatatatatg tatgtatgta tctattttca aactgtgatt taatatttaa 240
atattcctac tgccattttt gtgactgaaa aactacacat gaggaaacgt cttagaattt 300
tccaatagag gaaaaataac acttgggcaa tctgtcatgt ttcacaacag ttctcatttt 360
tctcatgatt tgtgtagcgt ggaatgtgtt tgctcaatgt gaagggtttt cattgctcaa 420
tttctctgtg taa 433

<210> 652
<211> 361
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (71)..(71)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (295)..(304)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 652
ggttccggct aacacatttt ctaagtcgcc agtgctgctt acagtttgaa tacatgaaaa 60
tcctgtttct nagatgtttg cgcacgtgct tattaggaaa tgagtctgta tggaaatctc 120
accacagata atggttaacg aaccgggtcg acatcacaaa ggagggtgga gactcttttt 180
actaacttga atgagacaaa agcagtggtg tcagtttata atcctgatgc atttcagtaa 240

taatgtagaa aaacattatt ttaaaaaagt tccaacacac agccatgagg agccnnnnnn 300
nnnntcagtt ttgaaagagg tgcataataa aactactaac cagaggagtc tatgccattt 360
t 361

<210> 653
<211> 415
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (42)..(42)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (95)..(95)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (353)..(353)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 653
gagtttcaac tttaaatgtt cactatgtca tttagtgtcc anctttacgg ataggttgac 60
tatctaaata ggcattttta gtcattaaaa aaaantctag tcaccaggag gatccctata 120
actcaaaata acttgtttgt aaaagaaaat ttgtttactt acccattagt aagttcctgc 180
atattcatta taagatggca aatcaaactt ttctaggatg aagacagctt atttttaagt 240
tgtatagtct tagttggttt agggtctcaa ttttaattaa taaaatactt ggtttttatt 300
tgcttgtcct tttgaattcc tgttttaata attttaaaat gagcacaaag aangttgaag 360
ttcagattaa tctcttctga atgatgtttt tttcctctgt gatgagttgt ttctg 415

<210> 654
<211> 364
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (282)..(282)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea

<222> (294)..(294)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (336)..(337)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 654
tgctgtagtc actggtgttc ctcacccacc agctgtaact cagtttgtgt gaggtacagc 60
cacagaagat gtcatgtact gtatattacc tggtgatagt tgcttttcac cccccgagtt 120
cagtttctag gagccaatga aacttcccct cacctcctca tctttccaag ttgttctttg 180
aattgaggag tttgaaggca taaacagtta cttggggatt tgcgaaaatc ctacttagtt 240
actgcgttta cagttctttg gcccagtctc tgacccttcc cnagtatttg tgcnatgatt 300
gtgtttactg ctggattttt gaaggttttt tttttnnaag aaagtgccat ttcattattt 360
gatt 364

<210> 655
<211> 436
<212> ADN
<213> humano

<400> 655
gggatcactg ggagaagcca tggcattatc ttcaggcaat ttagtctgtc ccaaataaaa 60
taaatccttg catgtaaatc attcaagggt tatagtaata tttcatatac tgaaaagtgt 120
ctcataggag tcctcttgca catctaaaaa ggctgaacat ttaagtatcc cgaattttct 180
tgaattgctt tccctataga ttaattacaa ttggatttca tcatttaaaa accatacttg 240
tatatgtagt tataatatgt aaggaataca ttgtttataa ccagtatgta cttcaaaaat 300
gtgtattgtc aaacatacct aactttcttg caataaatgc aaaagaaact ggaacttgac 360
aattataaat agtaatagtg aagaaaaaat agaaaggttg caattatata ggccatgggt 420
ggctcaaaac tttgaa 436

<210> 656
<211> 427
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (45)..(51)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (402)..(402)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 656
gattcctgga ttgatgtctt atctacaggc ttctttttaa aaatnnnnnn ngattggctg 60
tgagtttacc aggattatag ttgaggctaa aggacagctc ctcaggaaag cccctgttct 120
acatctacgg tcacatgctg gaccttgagt tgtcactcag agaaaagagt gccatctacc 180
gaaactccac agtttccatt gtgaatggct tctttggtgc agagttccaa aaattatgta 240
gcccagctct ttaattttgt aacatctaat gatatcaccg ccttgaagtg attaaagtag 300
attgcttaaa gaattaaagc tttaaagatg aaagatgtta ttgcttttgc tggacatgag 360
gaacagttgt aaagtttcca ggtctacaat aactttctgg ancctctca gtgaactgtt 420
tcttgta 427

<210> 657
<211> 559
<212> ADN
<213> humano

<400> 657

gaagtccatc ctttggtcca aagcatctgg aagaggaaga agagaggaat gagaaagaag 60
gaagtgatgc aaaacatctc caaagaagtc ttttggaaca ggaaaatcat tcaccactca 120
cagggtcaaa tatgaaatac aaaaccacga accaatcaac agaattttta tccttccaag 180
atgccagctc attgtacaga aacattttag aaaaagaaag ggaacttcag caactgggaa 240
tcacagaata cctaaggaaa aacattgctc agctccagcc tgatatggag gcacattatc 300
ctggagccca cgaagagctg aagttaatgg aaacattaat gtactcacgt ccaaggaagg 360
tattagtgga acagacaaaa aatgagtatt ttgaacttaa agctaattta catgctgaac 420
ctgactattt agaagtcctg gagcagcaaa catagatgga gagtttgagg gctttcgcag 480
aaatgctgtg attctgtttt aagtccatac cttgtaaata agtgccttac gtgagtgtgt 540
catcaatcag aacctaagc 559

<210> 658
<211> 368
<212> ADN
<213> humano

<400> 658
gctgctcaag cgcctgcaga acaacgacac gtgcagcatg ccaggcctca cgtgcttcac 60
ccacgacaac cagcactggc agacggcgcc tttctggaca ctggggcctt tctgtgcctg 120
caccagcgcc aacaataaca cgtactggtg catgaggacc atcaatgaga ctcacaattt 180
cctcttctgt gaatttgcaa ctggcttcct agagtacttt gatctcaaca cagaccccta 240
ccagctgatg aatgcagtga acacactgga cagggatgtc ctcaaccagc tacacgtaca 300
gctcatggag ctgaggagct gcaagggtta caagcagtgt aacccccgga ctcgaaacat 360
ggacctgg 368

<210> 659
<211> 436
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (300)..(300)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 659
acaatcggct aaccttgaca tttcttttta ccttcatatg ccactatctc ggtagttcaa 60
aaaaatttag ttcttgataa attgccttga agtttacctt gtgctggaga gccttatgat 120
aactccaaag actttcttac ggtataatac atgttgttta ggattgtgtt tcttagtcac 180
tgaagataat aaatattaaa atggatgttt tcatcagaaa attttcatgt tttcctttaa 240
ggtaacataa ttgtaagaat tgtttaataa aatactcagg aaattctaaa ggtttctccn 300
aatacctaaa catttctgaa catcagtatt gcagttgtgg aagagcagaa ggaggataca 360
tttgtttgtg ttgctcccca aaattccacc ttgcatttgc atcacaaact tccctcaatt 420
gaggcagttt tctttg 436

<210> 660
<211> 431
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (311)..(311)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (391)..(391)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 660

cagtgctgct gtgaactaaa gtatgtcatt tatgctcaaa gtttaattct tcttcttggg 60
atattttaaa aatgctactg agattctgct gtaaatatga ctagagaata tattgggttt 120
gctttatttc ataggcttaa ttctttgtaa atctgaatga ccataataga aatacatttc 180
ttgtggcaag taattcacag ttgtaaagta aataggaaaa attattttat ttttattgat 240
gtacattgat agatgccata aatcagtagc aaaaggcact tctaaaggta agtggtttaa 300
gttgcctcaa nagagggaca atgtagcttt attttacaag aaggcatagt tagatttcta 360
tgaaatattt attctgtaca gttttatata nttttggttc acaaaagtaa ttattcttgg 420
gtgcctttca a 431

<210> 661
<211> 322
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (37)..(38)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 661
aaagtatatt gtgctagctt gtctaagaat aaacttnnat actgttgggg gagggctgca 60
cctgtcaaga taacctgtca atgtagtagg aaaacaggag gggacagtaa cagaaaagca 120
cgggaaaaga tggcaaggtt agttaaaata gaaaagtgct cagttcctca tacctgtaat 180
cccagcagtt taggggggcca aggaaggtgg gtcacttgag cccaagagtt caaggccatc 240
ctgggcaatg tggcgaaagt gtctacaaaa aaatacaaaa agaggaagaa atgatatttc 300
acaagtttgt atcatttgtc at 322

<210> 662
<211> 282
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (43)..(43)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (50)..(50)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (99) .. (99)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (115)..(115)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 662
cagtccaaaa tccatagaca cagacagtag aaaggtggtt atncaagggn ctggtaggag 60
agggagttag tatttagtgg tatagagttt tagtgtttnc cgggtaaaaa tgttnctaga 120
gatctgttgc aaccatgtga atatacttaa cactaccgta ctgtacactg aaaaaatggt 180
taagaggata aatttaaatg gttaagagga aaaatggtta agaggataat gttgttttgt 240
taccacagta gtaactttta aaaaccctca tgtatgttct tt 282

<210> 663
<211> 398
<212> ADN
<213> humano

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (80)..(80)

<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (82)..(83)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (85)..(85)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (87)..(87)
<223> n es a, c, g, o t

<220>
<221> característica miscelánea
<222> (97)..(97)
<223> n es a, c, g, o t

<400> 663
caacccattt tgtgccacat gcaagttttg aataaggatg gtatagaaaa caacgctgca 60
tatacaggta ccatttaggn annancngat gcctttntgg gggcagaatc acatggcaaa 120
agctttgaaa atcataaaga tataagttgg tgtggctaag atggaaacag ggctgattct 180
tgattcccaa ttctcaactc tccttttcct atttgaattt ctttggtgct gtagaaaaca 240
aaaaaagaaa aatatatatt cataaaaaat atggtgctca ttctcatcca tccaggatgt 300
actaaaacag tgtgtttaat aaattgtaat tattttgtgt acagttctat actgttatct 360
gtgtccattt ccaaaacttg cacgtgtccc tgaattcc 398

<210> 664
<211> 22
<212> ADN
<213> sintético

<400> 664
tcgtttttcg cgtttagttg tc 22

<210> 665
<211> 17
<212> ADN
<213> sintético

<400> 665
gcgcaccgaa aaaaccg 17

<210> 666
<211> 24
<212> ADN
<213> sintético

<400> 666
cggttacggt tagtattcgg tttc 24

<210> 667
<211> 23
<212> ADN
<213> sintético

<400> 667
aaaatacgac gataaaaaac gcg 23

<210> 668
<211> 23
<212> ADN

<213> sintético

<400> 668
cgagggtttt ttagcgattt gtc 23

<210> 669
<211> 17
<212> ADN
<213> sintético

<400> 669
aaacgaaccg ctccccg 17

<210> 670
<211> 21
<212> ADN
<213> sintético

<400> 670
ttcggcgttt tcgtttttta c 21

<210> 671
<211> 21
<212> ADN
<213> sintético

<400> 671
ccccttaaca acataatcgc g 21

<210> 672
<211> 23
<212> ADN
<213> sintético

<400> 672
gatggtgcgt tcggtattta tgt 23

<210> 673
<211> 19
<212> ADN
<213> sintético

<400> 673
gcttacaccc gcccgacta 19

<210> 674
<211> 28
<212> ADN
<213> sintético

<400> 674
gttttgtgat tggttaggtt attaaagt 28

<210> 675
<211> 25
<212> ADN
<213> sintético

<400> 675
ccrtcacctt ctacaccaaa aaata 25

<210> 676
<211> 30
<212> ADN
<213> sintético

<400> 676
tgtggattta tttttataag gatattgaat 30

<210> 677
<211> 32
<212> ADN
<213> sintético

<400> 677
ataactcatt aaaaactcac atctaaacac ta 32

<210> 678
<211> 28
<212> ADN
<213> sintético

<400> 678
ttaagaaaga gagtaaggag gaagagtt 28

<210> 679
<211> 24
<212> ADN
<213> sintético

<400> 679
aaaatcccaa ttaaaaaaca acca 24

<210> 680
<211> 33
<212> ADN
<213> sintético

<400> 680
caaaataata aatccctcta ctactattat caa 33

<210> 681
<211> 30
<212> ADN
<213> sintético

<400> 681
ggaggaaagg aattagttta gaagttagtt 30

REIVINDICACIONES

1. Un método para detectar el inicio o la predisposición a la aparición de una neoplasia de intestino grueso o controlar el progreso de una neoplasia de intestino grueso en un individuo, comprendiendo dicho método evaluar el nivel de expresión de uno o más genes o transcritos seleccionados de:

(i) el gen, genes o transcripciones detectadas por el conjunto de sondas Affymetrix ID:

218559_s_at; y/o

(ii) MAFB

en una muestra biológica de dicho individuo en la que un nivel más bajo de expresión de los genes o transcritos del grupo (i) y/o grupo (ii) en relación con los niveles de control es indicativo de una célula neoplásica del intestino grueso o una célula predispuesta a la aparición de un estado neoplásico.

2. El método según la reivindicación 1, en el que dicho nivel de control es un nivel no neoplásico.

3. El método según la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en el que dicha célula es una célula colorrectal.

4. El método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en el que dicha muestra biológica es una muestra fecal, lavado con enema, resección quirúrgica, biopsia de tejido o muestra de sangre.

5. El método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en el que dicho nivel de expresión se evalúa mediante selección para detectar cambios en la expresión de ARNm, expresión de proteína o cambios en la metilación del ADN genómico.

6. El método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en el que dicho individuo es un ser humano.

FIGURA 1

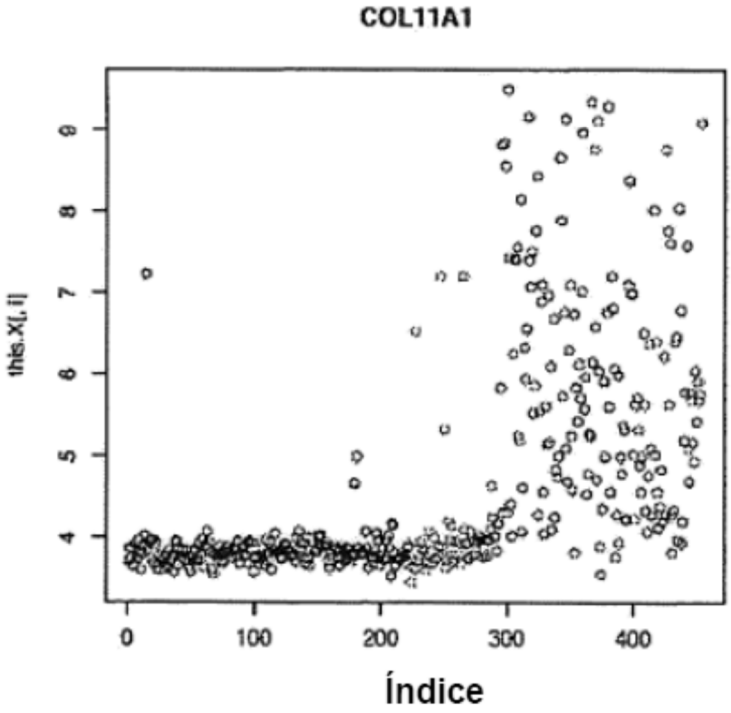
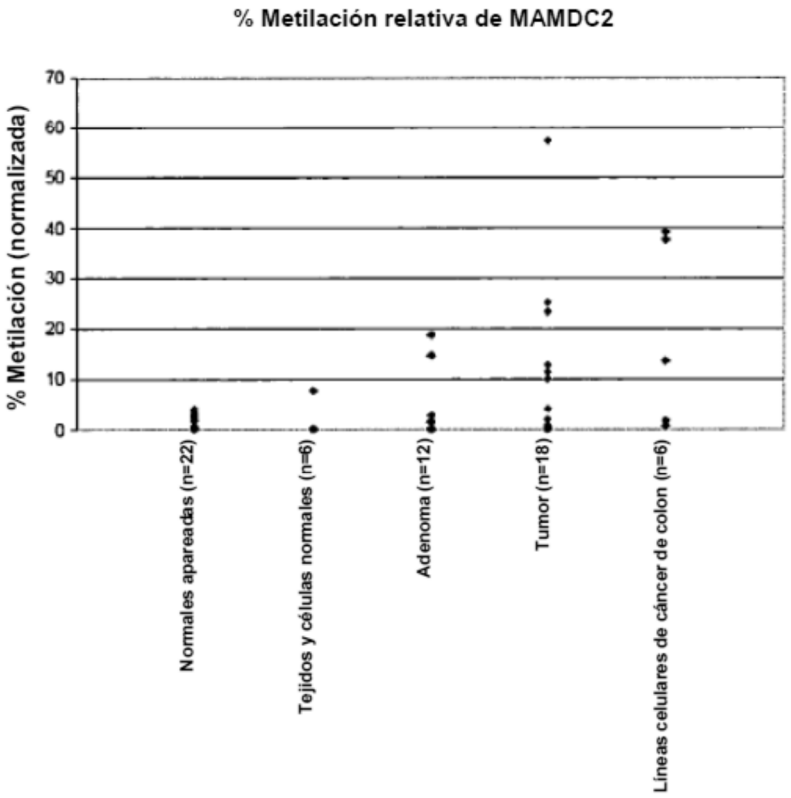


FIGURA 2

Panel A



Panel B

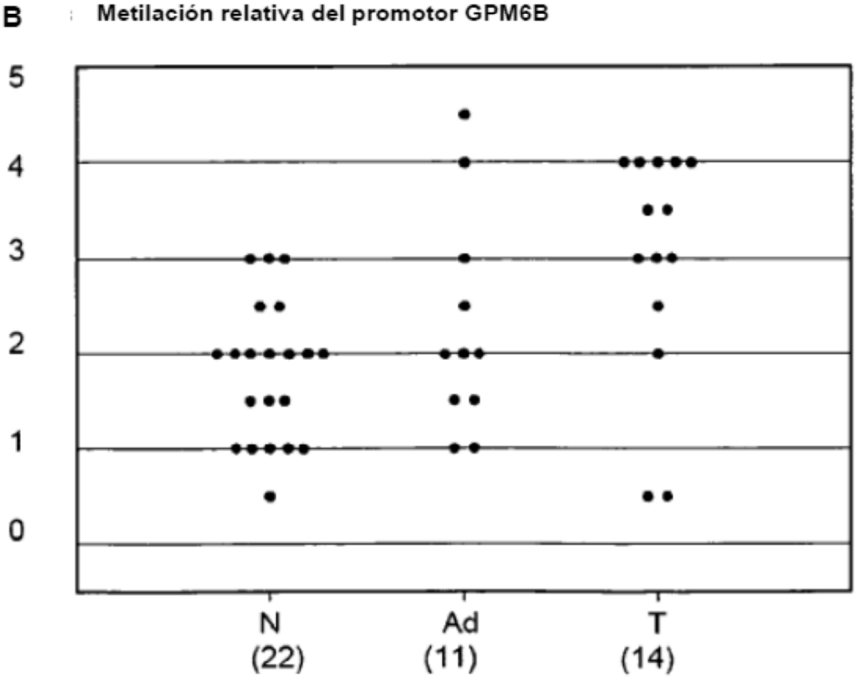


FIGURA 3

Región del mapa del cromosoma 16 humano 8579310-8562303, cadena menos (NT_010498.15)

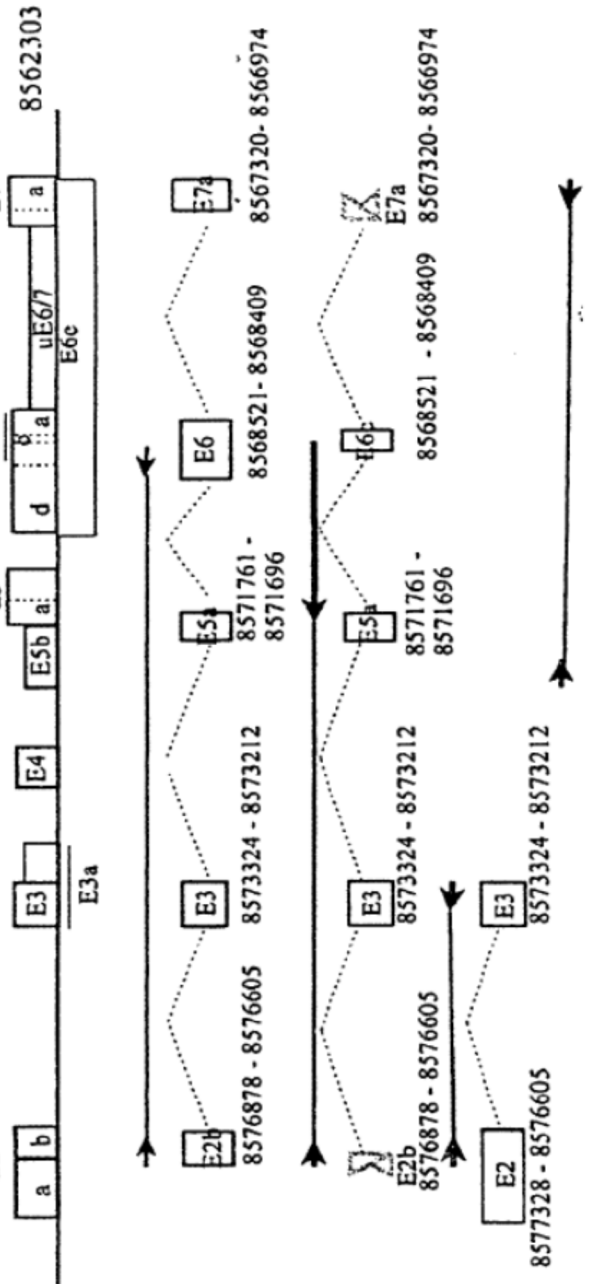


FIGURA 3 (continuación)

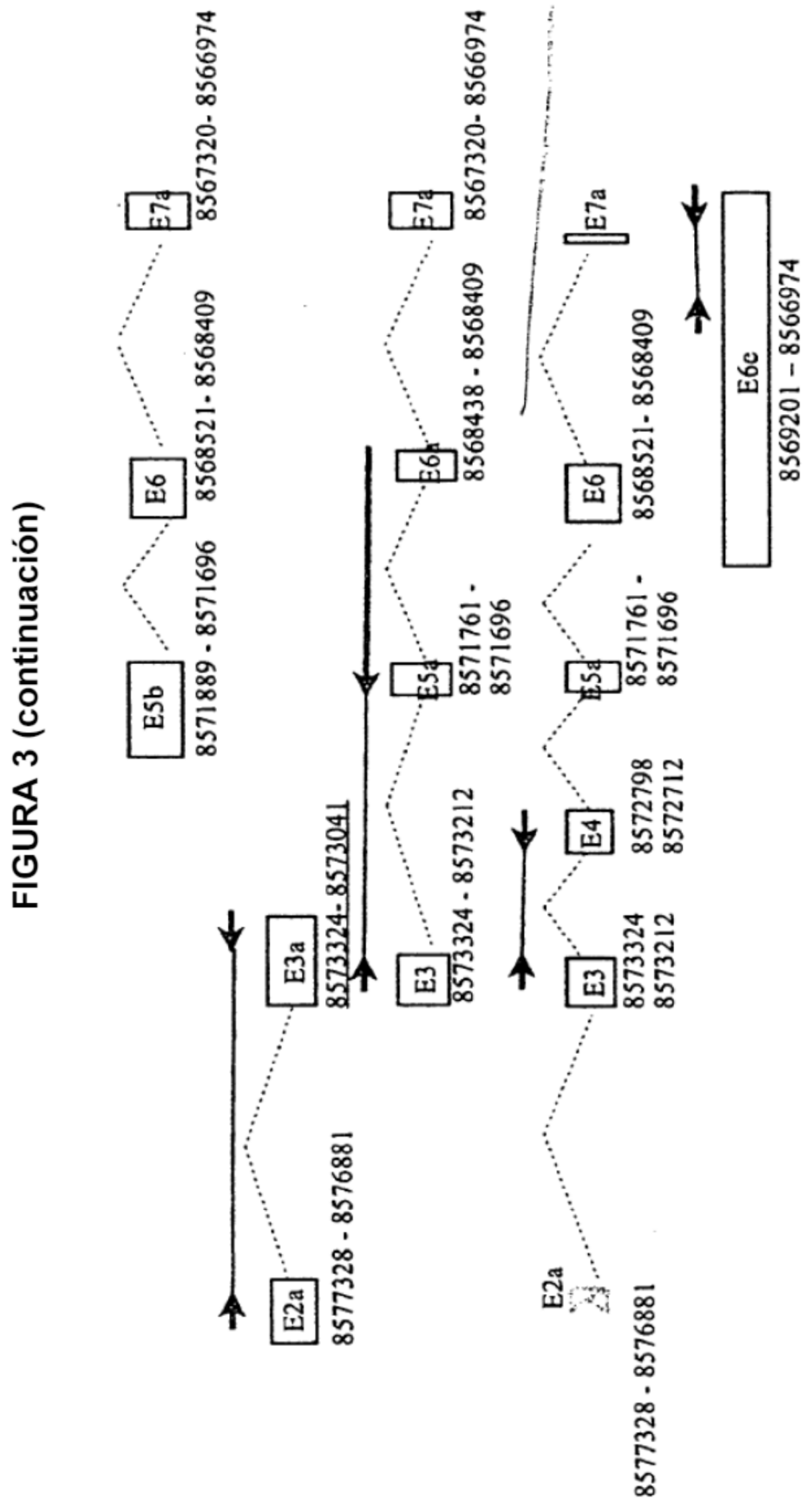


FIGURA 3 (continuación)