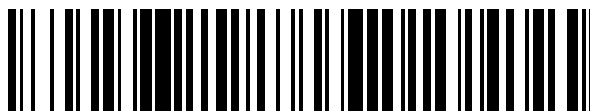


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 741 379**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/6886 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **07.01.2011** **E 17153152 (8)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **15.05.2019** **EP 3178944**

54 Título: **Método de uso de la expresión génica para determinar la probabilidad de resultado clínico de cáncer renal**

30 Prioridad:

11.01.2010 US 294038 P

19.05.2010 US 346230 P

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

10.02.2020

73 Titular/es:

GENOMIC HEALTH, INC. (100.0%)

301 Penobscot Drive

Redwood City, CA 94063, US

72 Inventor/es:

SHAK, STEVEN;

GODDARD, AUDREY;

KNEZEVIC, DEJAN;

BAKER, JOFFRE;

KIEFER, MICHAEL C.;

MADDALA, TARA;

BAEHNER, FREDERICK L. y

COWENS, WAYNE

74 Agente/Representante:

ISERN JARA, Jorge

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 741 379 T3

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

Método de uso de la expresión génica para determinar la probabilidad de resultado clínico de cáncer renal

5 **CAMPO TÉCNICO**

La presente invención se refiere a ensayos de diagnóstico molecular que proporcionan información relacionada con el pronóstico en pacientes de cáncer renal.

10 **INTRODUCCIÓN**

Cada año se producen en los Estados Unidos de América aproximadamente 51.000 casos de carcinoma de células renales (cáncer renal) y cáncer del tracto urinario superior, dando como resultado más de 12.900 muertes. Estos tumores suponen aproximadamente un 3 % de los tumores malignos en adultos. El carcinoma de células renales (RCC) representa aproximadamente un 3 por ciento de todos los cánceres en los Estados Unidos de América. Las predicciones en los Estados Unidos de América para el año 2007 fueron que se diagnosticarían 40.000 nuevos pacientes con RCC y que morirían 13.000 de esta enfermedad.

El resultado clínico para un paciente con carcinoma de células renales depende en gran medida de la agresividad de su cáncer particular. La resección quirúrgica es el tratamiento más habitual para esta enfermedad dado que la terapia sistémica solo ha demostrado una eficacia limitada. Sin embargo, aproximadamente el 30 % de los pacientes con tumores localizados experimentará una recaída después de la cirugía, y solo un 40 % de todos los pacientes con carcinoma de células renales sobrevivirán 5 años.

En los Estados Unidos de América, el número de decisiones de tratamiento adyuvantes que realizaron los pacientes con carcinoma de células renales en estadio temprano en 2005 excedieron de 25.000. Se espera que las cantidades en la Unión Europea sean similares. Los médicos requieren información de pronóstico que les ayude a tomar decisiones de tratamiento informadas para pacientes con carcinoma de células renales y reclutar pacientes apropiados de alto riesgo para ensayos clínicos. Los cirujanos deben decidir la cantidad de riñón y de tejido circundante que retiran basándose, en parte, en la predicción de la agresividad de un tumor en particular. En la actualidad, los tumores cancerígenos se clasifican por lo general según las características clínicas y patológicas, tales como estadio, grado, y presencia de necrosis. Estas designaciones se realizan aplicando criterios estandarizados, cuya subjetividad se ha demostrado por la falta de concordancia entre laboratorios de patología.

Ximing J. Yang *et al.* (2005) "A molecular Classification of Papillary Renal Cell Carcinoma", Cancer Research, 65:(13) 5628-5637 desvela un estudio de perfiles de expresión génica de 34 casos de carcinoma de células renales papilares (PRCC) que identificó dos subclases moleculares de PRCC con correlación morfológica. El documento de solicitud de Patente de Estados Unidos US2007/0224596 desvela composiciones y métodos para identificar agentes candidatos capaces de alterar la actividad biológica de un polipéptido codificado por un polinucleótido implicado en tumorigénesis relacionada con hipoxia. El documento de solicitud de Patente de Estados Unidos US2006/0088823 desvela una caracterización de expresión génica de micromatriz en células de carcinoma de células renales con células claras.

45 **SUMARIO**

La presente divulgación proporciona biomarcadores, cuya expresión tiene valor pronóstico en cáncer renal. El método de la invención se define en las reivindicaciones anexas. El método comprende (a) medir, en una muestra biológica obtenida de un paciente de cáncer con un carcinoma de células renales con células claras, un nivel de expresión de al menos un transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1; (b) normalizar el nivel de expresión para obtener un nivel de expresión normalizado; y (c)(i) determinar una probabilidad de recidiva de cáncer para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado de al menos un transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que los niveles de expresión normalizados de LMNB1 se correlacionan positivamente con un mayor riesgo de recidiva de cáncer; o (ii) determinar una probabilidad de un estadio tumoral aumentado para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado de al menos un transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que el nivel de expresión normalizado de LMNB1 se correlaciona positivamente con un estadio aumentado del tumor; o (iii) determinar una probabilidad de grado tumoral aumentado para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado del transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que el nivel de expresión normalizado de LMNB1 se correlaciona positivamente con el grado tumoral aumentado; o (iv) determinar la presencia de necrosis para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado del transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que el nivel de expresión normalizado de LMNB1 se correlaciona positivamente con la presencia de necrosis.

BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS DIBUJOS

Figuras 1a-1c: Consistencia entre los Estadios I y III para genes a modo de ejemplo asociada a RFI
Figura 2: Resultados consistentes a través de puntos finales (OS y RFI) para genes a modo de ejemplo

Figura 3: Curva de Kaplan-Meier: Intervalo sin recidiva (RFI) de necrosis histológica de Cleveland Clinic Foundation (CCF)

Figura 4: Rendimiento de la herramienta de pronóstico de Mayo aplicada a datos de CCF

Figura 5: Ejemplo de uso de un gen para mejorar la estimación: EMCN además de los Criterios de Mayo

Figura 6: Ejemplo de uso de un gen para mejorar la estimación: AQP1 además de los Criterios de Mayo

Figura 7: Ejemplo de uso de un gen para mejorar la estimación: PPAP2B además de los Criterios de Mayo.

DESCRIPCIÓN DETALLADA

DEFINICIONES

A menos que se definan de otro modo, los términos técnicos y científicos usados en el presente documento tienen el mismo significado que entiende habitualmente el experto habitual en la materia a la que pertenece la presente invención. Singleton *et al.*, Dictionary of Microbiology and Molecular Biology 2nd ed., J. Wiley & Sons (Nueva York, NY 1994), y March, Advanced Organic Chemistry Reactions, Mechanisms and Structure, 4ª ed., John Wiley & Sons (Nueva York, NY 1992), proporcionan al experto en la materia una guía general de muchos de los términos usados en la presente solicitud.

Para los fines de la presente invención, a continuación se definen los siguientes términos.

El término "tumor" se usa en el presente documento para referirse a todo crecimiento y proliferación celular neoplásico, y todas las células y tejidos precancerígenos y cancerígenos. La expresión "tumor primario" se usa en el presente documento para referirse a un tumor que está en el sitio original en el que surgió por primera vez. Por ejemplo, un tumor de carcinoma de células renales primario es el que surgió en el riñón. La expresión "tumor metastásico" se usa en el presente documento para referirse a un tumor que se desarrolla lejos del sitio de origen. Por ejemplo, una metástasis de carcinoma de células renales afecta de la forma más habitual a la columna vertebral, costillas, pelvis, y huesos largos proximales.

Los términos "cáncer" y "carcinoma" se refieren a o describen la afección fisiológica de los mamíferos que se caracteriza por lo general por crecimiento celular sin regular. La patología del cáncer incluye, por ejemplo, crecimiento celular anómalo o incontrolable, metástasis, interferencia con el funcionamiento normal de las células vecinas, liberación de citoquinas u otros productos secretores a niveles anómalos, supresión o agravación de la respuesta inflamatoria o inmunológica, neoplasia, premalignidad, malignidad, invasión de tejidos u órganos circundantes o distantes, tales como ganglios linfáticos, vasos sanguíneos, etc.

Como se usa en el presente documento, las expresiones "cáncer renal" o "carcinoma de células renales" se refieren a cáncer que ha surgido en el riñón.

Las expresiones "cáncer de células renales" o "carcinoma de células renales" (RCC), como se usan en el presente documento, se refieren a cáncer que se origina en el revestimiento del túbulo contorneado proximal. Más específicamente, RCC abarca diversos subtipos histológicos relativamente comunes: carcinoma de células renales con células claras, papilar (cromófilo), cromóforo, carcinoma del conducto colector y carcinoma medular. Se puede encontrar información adicional acerca del carcinoma de células renales en Y. Thyaviahally, *et al.*, Int Semin Surg Oncol 2:18 (2005). El carcinoma de células renales con células claras (ccRCC) es el subtipo más común de RCC. La incidencia de ccRCC está aumentando, ya que comprende el 80 % de las enfermedades localizadas y más del 90 % de las enfermedades metastásicas.

El sistema de estadificación para el carcinoma de células renales se basa en el grado de extensión del tumor más allá del riñón. De acuerdo con el sistema de estadificación de tumor, ganglio, metástasis (TNM) del American Joint Committee on Cancer (AJCC) (Greene, *et al.*, AJCC Cancer Staging Manual, págs. 323-325 (6ª ed. 2002), a continuación se proporcionan los diversos estadios del carcinoma de células renales. "Estadio aumentado", como se usa en el presente documento, se refiere a la clasificación de un tumor en un estadio que es más avanzado, por ejemplo, el Estadio 4 es un estadio aumentado con respecto a los Estadios 1, 2 y 3.

Descripción de Estadios de RCC

Estadios para carcinoma de células renales

Estadio 1: T1, N0, M0

Estadio 2: T2, N0, M0

Estadio 3: T1-T2, N1, M0; T3, N0-1, M0; T3a, N0-1, M0; T3b, N0-1, M0; y T3c, N0-1, M0

Estadio 4: T4, N0-1, M0; Cualquier T, N2, M0; y Cualquier T, cualquier N, M1

(continuación)

<u>Tumor primario (T)</u>	
TX:	El tumor primario no se puede evaluar
T0:	Ninguna evidencia de tumor primario
T1:	Tumor de 7 cm o menos en su mayor dimensión y limitado al riñón
T1a:	Tumor de 4 cm o menos en su mayor dimensión y limitado al riñón
T1b:	Tumor mayor de 4 cm pero de 7 cm o menos en su mayor dimensión y limitado al riñón
T2:	Tumor mayor de 7 cm en su mayor dimensión y limitado al riñón
T3:	El tumor se extiende a las venas principales o invade las glándulas suprarrenales o los tejidos perinéricos pero no más allá de la fascia de Gerota
T3a:	El tumor invade directamente la glándula suprarrenal o la grasa del seno perirrenal y/o renal pero no más allá de la fascia de Gerota
T3b:	El tumor se extiende en gran medida a la vena renal o sus ramas segmentarias (es decir, que contienen músculos), o se extiende a la vena cava por debajo del diafragma
T3c:	El tumor se extiende en gran medida a la vena cava por encima del diafragma o invade la pared de la vena cava
T4:	El tumor invade más allá de la fascia de Gerota
<u>Ganglios linfáticos regionales (N)</u>	
NX:	No se pueden evaluar los ganglios linfáticos regionales
N0:	Ninguna metástasis en ganglios linfáticos regionales
N1:	Metástasis en un solo ganglio linfático regional
N2:	Metástasis en más de un ganglio linfático regional
<u>Metástasis distantes (M)</u>	
MX:	No se pueden evaluar las metástasis distantes
M0:	Ninguna metástasis distante
M1:	Metástasis distante

La expresión "cáncer renal en estadio temprano", como se usa en el presente documento, se refiere a los Estadios 1-3, como se define en el Manual de Estadificación de Cáncer del American Joint Committee on Cancer (AJCC), pág. 323-325 (6ª Ed. 2002).

La referencia al "grado" tumoral para carcinoma de células renales, como se usa en el presente documento, se refiere a un sistema de gradación basado en el aspecto microscópico de las células tumorales. De acuerdo con el sistema de estadificación TNM de la AJCC, los diversos grados de carcinoma de células renales son:

GX (no se puede evaluar el grado de diferenciación);
 G1 (bien diferenciado);
 G2 (moderadamente diferenciado); y
 G3-G4 (mal diferenciado/indiferenciado).

"Grado aumentado", como se usa en el presente documento, se refiere a la clasificación de un tumor en un grado que está más avanzado, por ejemplo, el Grado 4 (G4) es un grado aumentado con respecto a los Grados 1, 2, y 3. La gradación tumoral es un factor pronóstico importante en el carcinoma de células renales H. Rauschmeier, *et al.*, World J Urol 2:103-108 (1984).

El término "necrosis" o la expresión "necrosis histológica", como se usa en el presente documento, se refiere a la muerte de células o tejidos vivos. La presencia de necrosis puede ser un factor pronóstico de cáncer. Por ejemplo, la necrosis se observa habitualmente en el carcinoma de células renales (RCC) y se ha mostrado que es un factor pronóstico adverso en ciertos subtipos de RCC. V. Foria, *et al.*, J Clin Pathol 58(1):39-43 (2005).

Las expresiones "invasión ganglionar" o "ganglio positivo (N+)", como se usan en el presente documento, se refieren a la presencia de células cancerígenas en uno o más ganglios linfáticos asociados al órgano (por ejemplo, que drenan el órgano) que contiene un tumor primario. La invasión ganglionar es parte de la estadificación de tumores para la mayoría de los cánceres, incluyendo el carcinoma de células renales.

La expresión "gen pronóstico", cuando se usa en singular o plural, se refiere a un gen, cuya expresión se correlaciona con un buen o mal pronóstico para un paciente con cáncer. Un gen puede ser un gen tanto pronóstico como predictivo, dependiendo de la asociación del nivel de expresión génica al punto final correspondiente.

Los términos "correlacionado" y "asociado" se usan de forma intercambiable en el presente documento para referirse a la fortaleza de una asociación entre dos mediciones (o entidades medidas). La divulgación proporciona genes y subconjunto de genes, cuyo nivel de expresión está asociado a una medida de resultado particular, tal como entre el nivel de expresión de un gen y la probabilidad de un suceso de recidiva o recaída. Por ejemplo, el nivel de expresión aumentada de un gen se puede correlacionar positivamente (asociarse positivamente) con una probabilidad aumentada de resultado clínico bueno para el paciente, tal como una probabilidad disminuida de recidiva de cáncer. Tal correlación positiva se puede demostrar estadísticamente de diversas formas, por ejemplo mediante un índice de riesgo de menos de 1,0. En otro ejemplo, el nivel de expresión aumentada de un gen se puede correlacionar negativamente (asociarse negativamente) con una probabilidad aumentada de resultado clínico bueno para el paciente. En este caso, por ejemplo, un paciente con un nivel de expresión alto de un gen puede tener una probabilidad aumentada de recidiva del cáncer. Tal correlación negativa podría indicar que el paciente con un alto nivel de expresión de un gen tiene probablemente un mal pronóstico, o podría responder mal a una quimioterapia, y esto se puede demostrar estadísticamente de diversas formas, por ejemplo, mediante un índice de riesgo mayor de 1,0.

"Coexpresión" se usa en el presente documento para referirse a la fortaleza de la asociación entre los niveles de expresión de dos genes diferentes que son biológicamente similares, de un modo tal que el nivel de expresión de un primer gen puede sustituirse con un nivel de expresión de un segundo gen en un análisis dado en vista de su correlación de expresión. Tales genes coexpresados (o de expresión correlacionada) indican que estos dos genes son sustituibles en un algoritmo de expresión, por ejemplo, si un primer gen se correlaciona altamente, positivamente o negativamente, con probabilidad aumentada de un buen resultado clínico para carcinoma de células renales, entonces el segundo gen coexpresado también se correlaciona, en la misma dirección que el primer gen, con el mismo resultado. La coexpresión por pares se puede calcular mediante diversos métodos conocidos en la técnica, por ejemplo mediante cálculo de los coeficientes de correlación de Pearson o los coeficientes de correlación de Spearman o mediante métodos de conglomerados. Los métodos descritos en el presente documento pueden incorporar uno o más genes que coexpresan, con un coeficiente de correlación de Pearson de al menos 0,5. Los grupos de genes coexpresados también se pueden identificar usando una teoría de grafos. Se puede calcular un análisis de coexpresión usando datos de expresión normalizados o estandarizados y normalizados.

El término "pronóstico" y la expresión "resultado clínico" se usan de forma intercambiable en el presente documento para referirse a una estimación de la probabilidad de muerte o evolución atribuible al cáncer, incluyendo recidiva, y extensión metastásica de una enfermedad neoplásica, tal como carcinoma de células renales. Las expresiones "buen pronóstico" o "resultado clínico positivo" significan un resultado clínico deseado. Por ejemplo, en el contexto del carcinoma de células renales, un buen pronóstico puede ser una expectativa de ninguna recidiva o metástasis local en dos, tres, cuatro, cinco o más años del diagnóstico inicial del carcinoma de células renales. Las expresiones "mal pronóstico" o "resultado clínico negativo" se usan de forma intercambiable en el presente documento para indicar un resultado clínico indeseado. Por ejemplo, en el contexto del carcinoma de células renales, un mal pronóstico puede ser una expectativa de una recidiva o metástasis local en dos, tres, cuatro, cinco o más años del diagnóstico inicial del carcinoma de células renales.

La expresión "gen predictivo" se usa en el presente documento para referirse a un gen, cuya expresión se correlaciona, positiva o negativamente, con probabilidad de respuesta beneficiosa a tratamiento.

Un "resultado clínico" se puede evaluar usando cualquier punto final, que incluye, sin limitación, (1) agresividad del crecimiento tumoral (por ejemplo, movimiento a un estadio superior); (2) metástasis; (3) recidiva local; (4) aumento en la duración de la supervivencia después de tratamiento; y/o (5) mortalidad disminuida en un punto temporal dado después de tratamiento. La respuesta clínica también se puede expresar en términos de diversas medidas del resultado clínico. El resultado clínico también se puede considerar en el contexto de un resultado del individuo con respecto a un resultado de una población de pacientes que tiene un diagnóstico clínico comparable, y se puede evaluar usando diversos puntos finales tales como un aumento en la duración del intervalo sin recidiva (RFI), un aumento en la duración de la supervivencia global (OS) en una población, un aumento en la duración de la supervivencia sin enfermedad (DFS), un aumento en la duración del intervalo sin recidiva distante (DRFI), y similar.

El término "tratamiento", como se usa en el presente documento, se refiere a compuestos terapéuticos administrados a pacientes para cesar o reducir la proliferación de células cancerígenas, encoger el tumor, evitar la evolución y la metástasis, o causar la regresión del tumor primario o la metástasis. Algunos ejemplos de tratamiento incluyen, por ejemplo, terapia de citoquinas, agentes progestacionales, terapia antiangiogénica, terapia hormonal, y quimioterapia (incluyendo moléculas pequeñas y compuestos biológicos).

El término "cirugía" o la expresión "resección quirúrgica" se usa en el presente documento para referirse a la extirpación quirúrgica de cierta cantidad o la totalidad de un tumor, y habitualmente cierta cantidad del tejido

circundante. Algunos ejemplos de técnicas quirúrgicas incluyen procedimientos laparoscópicos, biopsia o ablación del tumor, tal como crioterapia, ablación por radiofrecuencia y ultrasonido de alta intensidad. En los pacientes con cáncer, la extensión del tejido extirpado durante la cirugía depende del estado del tumor que observa el cirujano. Por ejemplo, una nefrectomía parcial indica que se extirpa parte de un riñón; una nefrectomía simple implica la extirpación de la totalidad de un riñón; una nefrectomía radical, la extirpación de la totalidad de un riñón y tejido adyacente (por ejemplo, glándula suprarrenal, ganglios linfáticos); y nefrectomía bilateral, la extirpación de ambos riñones.

Los términos "recidiva" y "recaída" se usan en el presente documento, en el contexto de resultados clínicos potenciales de cáncer, para referirse a una metástasis local o distante. La identificación de una recidiva se podría realizar, por ejemplo, mediante formación de imágenes por CT, ultrasonidos, arteriograma, o rayos X, biopsia, ensayo uterino sanguíneo, examen físico, o registro tumoral de un centro de investigación.

La expresión "intervalo sin recidiva", como se usa en el presente documento, se refiere al tiempo desde una cirugía a la primera recidiva o la muerte debida a recidiva de cáncer renal. Las pérdidas de seguimiento, los segundos cánceres primarios, otros cánceres primarios, y las muertes antes de la recidiva se consideran sucesos censurables.

La expresión "supervivencia global" se define como el tiempo desde la cirugía a la muerte por cualquier causa. Las pérdidas de seguimiento se consideran sucesos censurables. Las recidivas se ignoran para los fines del cálculo de la supervivencia global (OS).

La expresión "supervivencia sin enfermedad" se define como el tiempo desde la cirugía hasta la primera recidiva o la muerte por cualquier causa, lo que suceda en primer lugar. Las pérdidas de seguimiento se consideran sucesos censurables.

La expresión "Índice de riesgo (HR)", como se usa en el presente documento, se refiere al efecto de una variable explicativa del peligro o riesgo de un suceso (es decir, recidiva o muerte). En los modelos de regresión de riesgo proporcionales, HR es el índice de riesgo predicho para dos grupos (por ejemplo, pacientes con o sin necrosis) o para un cambio unitario en una variable continua (por ejemplo, el cambio de una desviación estándar en la expresión génica).

La expresión "Razón de probabilidades (OR)", como se usa en el presente documento, se refiere al efecto de una variable explicativa de las probabilidades de un suceso (por ejemplo, presencia de necrosis). En modelos de regresión logística, OR es la relación de las probabilidades predichas para un cambio unitario en una variable continua (por ejemplo, el cambio de una desviación estándar en la expresión génica).

La expresión "covariable clínica y/o patológica de pronóstico", como se usa en el presente documento, se refiere a covariables que están asociadas significativamente ($p \leq 0,05$) con el resultado clínico. Por ejemplo, las covariables clínicas y patológicas de pronóstico en el carcinoma de células renales incluyen el estadio del tumor (por ejemplo, tamaño, invasión ganglionar, etc.), y el grado tumoral (por ejemplo, grado de Fuhrman), necrosis histológica, y género.

La expresión "gen *proxy*" se refiere a un gen, cuya expresión se correlaciona (positiva o negativamente) con una o más covariables clínicas y/o patológicas de pronóstico. El nivel o niveles de expresión de uno o más genes *proxy* se puede usar en lugar, o además, de la clasificación de un tumor por examen físico o mecánico en un laboratorio de patología.

El término "micromatriz" se refiere a una disposición ordenada de elementos de matriz hibridables, preferentemente sondas de polinucleótidos, sobre un sustrato.

El término "polinucleótido", cuando se usa en singular o plural, se refiere por lo general a cualquier polirribonucleótido o polidesoxirribonucleótido, que puede ser ARN o ADN sin modificar o ARN o ADN modificado. De ese modo, por ejemplo, los polinucleótidos que se definen en el presente documento incluyen, sin limitación, ADN mono y bicatenario, ADN que incluye regiones mono y bicatenarias, ARN mono y bicatenario, y ARN que incluye regiones mono y bicatenarias, moléculas híbridas que comprenden ADN y ARN que pueden ser monocatenarias o, más habitualmente, bicatenarias o incluyen regiones mono y bicatenarias. Además, el término "polinucleótido", como se usa en el presente documento, se refiere a regiones tricatenarias que comprenden ARN o ADN o tanto ARN como ADN. Las cadenas en tales regiones pueden ser de la misma molécula o de moléculas diferentes. Las regiones pueden incluir la totalidad de una o más de las moléculas, pero más habitualmente implican solo una región de algunas de las moléculas. Una de las moléculas de una región de triple hélice es a menudo un oligonucleótido. El término "polinucleótido" incluye específicamente ADN (por ejemplo, ADNc) y ARN que contienen una o más bases modificadas. De ese modo, los ADN o ARN con cadenas principales modificadas por estabilidad o por otras razones son "polinucleótidos" como se pretende en el término en el presente documento. Además, los ADN o ARN que comprenden bases no habituales, tales como inosina, o bases modificadas, tales como bases tritadas, se incluyen dentro del término "polinucleótidos" que se define en el presente documento. En general, el término "polinucleótido" incluye todas las formas química, enzimática y/o metabólicamente modificadas de polinucleótidos sin

modificar, así como las formas químicas de ADN y ARN características de virus y células, incluyendo células simples y complejas.

El término "oligonucleótido" se refiere a un polinucleótido relativamente corto que incluye, sin limitación, desoxirribonucleótidos monocatenarios, ribonucleótidos monocatenarios o bicatenarios, híbridos de ARN:ADN y ADN bicatenarios. Los oligonucleótidos, tales como los oligonucleótidos de sonda de ADN monocatenaria, se sintetizan a menudo mediante métodos químicos, por ejemplo utilizando sintetizadores de oligonucleótidos automatizados que están disponibles comercialmente. Sin embargo, los oligonucleótidos se pueden preparar mediante una diversidad de otros métodos, que incluyen técnicas mediadas por ADN recombinante *in vitro* y por expresión de ADN en células y organismos.

La expresión "nivel de expresión", aplicada a un gen, se refiere al nivel normalizado de un producto génico.

Las expresiones "producto génico" o "producto de expresión" se usan de forma intercambiable en el presente documento para referirse a los productos de transcripción de ARN (transcrito de ARN) de un gen, incluyendo ARNm, y al producto de traducción polipeptídico de tales transcritos de ARN. Un producto génico puede ser, por ejemplo, un ARN sin corte y empalme, un ARNm, un ARNm variante de corte y empalme, un microARN, un ARN fragmentado, un polipéptido, un polipéptido modificado postraduccionalmente, un polipéptido variante de corte y empalme, etc.

La "rigurosidad" de las reacciones de hibridación se determina con facilidad por parte del experto habitual en la materia, y es generalmente un cálculo empírico que depende de la longitud de la sonda, la temperatura de lavado, y la concentración salina. En general, las sondas más largas requieren temperaturas mayores para una hibridación apropiada, mientras que las sondas más cortas necesitan temperaturas inferiores. Por lo general, la hibridación depende de la capacidad del ADN desnaturalizado para hibridarse cuando están presentes cadenas complementarias en un entorno por debajo de su temperatura de fusión. Cuanto mayor es el grado de homología deseado entre la sonda y la secuencia hibridable, mayor es la temperatura relativa que se puede usar. Como resultado, se deduce que las temperaturas relativas más altas tenderían a hacer las condiciones de reacción más rigurosas, mientras que a temperaturas inferiores lo serían menos. Para detalles adicionales y una explicación de la rigurosidad de las reacciones de hibridación, véase Ausubel *et al.*, Current Protocols in Molecular Biology (Wiley Interscience, 1995).

Las "condiciones rigurosas" o "condiciones de alta rigurosidad", como se definen en el presente documento, por lo general: (1) emplean soluciones de baja fuerza iónica y alta temperatura para el lavado, por ejemplo, cloruro sódico 0,015 M/citrato sódico 0,0015 M/dodecilsulfato sódico al 0,1 % a 50 °C; (2) emplean durante la hibridación un agente de desnaturalización, tal como formamida, por ejemplo, formamida al 50 % (v/v) con albúmina de suero bovino al 0,1 %/Ficoll al 0,1 %/polivinilpirrolidona al 0,1 %/fosfato sódico 50 mM a pH 6,5 con cloruro sódico 750 mM, citrato sódico 75 mM a 42 °C; o (3) emplean formamida al 50 %, 5 x SSC (NaCl 0,75 M, citrato sódico 0,075 M), fosfato sódico 50 mM (pH 6,8), pirofosfato sódico al 0,1 %, 5 x solución de Denhardt, ADN de esperma de salmón tratado con ultrasonidos (50 mg/ml), SDS al 0,1 % y sulfato de dextrano al 10 % a 42 °C, con lavados a 42 °C en 0,2 x SSC (cloruro sódico/citrato sódico) y formamida al 50 % a 55 °C, seguido de lavado de alta rigurosidad que consiste en 0,1 x SSC que contiene EDTA a 55 °C.

Las "condiciones moderadamente rigurosas" pueden identificarse como se describe en Sambrook *et al.*, Molecular Cloning: A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Press, 1989), e incluyen el uso de soluciones de lavado y condiciones de hibridación (por ejemplo, temperatura, fuerza iónica y % de SDS) menos rigurosas que las descritas anteriormente. Un ejemplo de condiciones moderadamente rigurosas es la incubación durante una noche a 37 °C en una solución que comprende: formamida al 20 %, 5 x SSC (NaCl 150 mM, citrato trisódico 15 mM), fosfato sódico 50 mM (pH 7,6), 5 solución de Denhardt, sulfato de dextrano al 10 % y 20 mg/ml de ADN de esperma de salmón cortado desnaturalizado, seguido de lavado de los filtros en 1 x SSC a aproximadamente 37-50 °C. El experto en la materia reconocerá la forma de ajustar la temperatura, fuerza iónica, etc. según sea necesario para adaptarse a factores tales como la longitud de la sonda y similares.

En el contexto de la presente invención, la referencia a "al menos uno", "al menos dos", "al menos cinco", etc. de los genes enumerados en un conjunto de genes particular significa uno cualquiera o todas y cada una de las combinaciones de los genes enumerados.

Las expresiones "corte y empalme" y "corte y empalme de ARN" se usan de forma intercambiable y se refieren al procesamiento del ARN que retira los intrones y une los exones para producir ARNm maduro con una secuencia codificante continua que se traslada al citoplasma de una célula eucariota.

En teoría, el término "exón" se refiere a cualquier segmento de un gen interrumpido que está representado en un producto de ARN maduro (B. Lewin, *Genes IV* (Cell Press, 1990)). En teoría, el término "intrón" se refiere a cualquier segmento de ADN que se transcribe pero se retira del transcrito mediante corte y empalme de los exones a cada lado del mismo. De forma operativa, las secuencias de exones aparecen en la secuencia de ARNm de un gen según se define mediante los números SEQ ID de referencia. De forma operativa, las secuencias de intrones son las secuencias intermedias dentro del ADN genómico de un gen, separadas por las secuencias de exones y que tienen

habitualmente secuencias de consenso de corte y empalme GT y AG en sus límites 5' y 3'.

Un "sistema basado en computadora" se refiere a un sistema de *hardware*, *software* y medios de almacenamiento de datos utilizado para analizar información. El *hardware* mínimo de un sistema basado en computadora de un paciente comprende una unidad central de procesamiento (CPU) y *hardware* para la entrada de datos, la salida de datos (por ejemplo, la pantalla) y el almacenamiento de datos. El experto en la materia puede entender con facilidad que cualquier sistema y/o componente basado en computadora disponible en la actualidad es adecuado para su uso en relación con los métodos de la presente divulgación. El medio de almacenamiento de datos puede comprender cualquier producto manufacturado que comprenda una grabación de la presente información que como ha descrito anteriormente, o un dispositivo de acceso a memoria que pueda acceder a dicho producto manufacturado.

"Grabar" datos, programación u otra información en un medio legible por computadora se refiere a un proceso para almacenar información, usando cualquier método tal como los conocidos en la técnica. Se puede elegir cualquier estructura de almacenamiento de datos conveniente, basándose en los medios utilizados para acceder a la información almacenada. Se pueden usar una diversidad de programas y formatos de procesamiento de datos para el almacenamiento, por ejemplo, archivo de procesamiento de texto *word*, formato de base de datos, etc.

Un "procesador" o "medios de computación" se refiere a cualquier combinación de hardware y/o software que lleva a cabo las funciones requeridas para los mismos. Por ejemplo, un procesador adecuado puede ser un microprocesador digital programable tal como los disponibles en forma de un controlador electrónico, computadora central, servidor o computadora personal (de sobremesa o portátil). Cuando el procesador es programable, se puede comunicar la programación adecuada desde una ubicación remota al procesador, o guardarse previamente en un producto de programa de computadora (tal como un medio de almacenamiento legible por computadora portátil o fijo, ya sea un dispositivo de base magnética, óptica o en estado sólido). Por ejemplo, un medio magnético o un disco óptico puede portar la programación, y se puede leer con un lector adecuado que se comunica con cada procesador en su estación correspondiente.

La presente divulgación proporciona métodos para evaluar el riesgo de un paciente de recidiva de cáncer, métodos que comprenden someter a ensayo un nivel de expresión de al menos un gen, o su producto génico, en una muestra biológica obtenida del paciente. En algunas realizaciones, la muestra biológica puede ser una muestra tumoral obtenida del riñón, o los tejidos circundantes, del paciente. En otros aspectos, la muestra biológica se obtiene de un fluido corporal, tal como sangre u orina.

La presente divulgación proporciona genes útiles en los métodos desvelados en el presente documento. Los genes se enumeran en las Tablas 3a y 3b, en las que la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 3a está asociada significativamente a un riesgo inferior de recidiva de cáncer, y la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 3b está asociada significativamente a un mayor riesgo de recidiva de cáncer. En algunos aspectos, se puede usar un gen coexpresado junto con, o sustituido por, un gen enumerado en las Tablas 3a o 3b con el que se coexpresa.

La presente divulgación proporciona además genes asociados significativamente, positiva o negativamente, a recidiva de cáncer renal después de ajustar las covariables clínicas/patológicas (estadio, grado tumoral, tamaño del tumor, estado ganglionar, y presencia de necrosis). Por ejemplo, la Tabla 8a enumera genes en los que la expresión aumentada está asociada significativamente a un riesgo menor de recidiva de cáncer renal después de ajustar las covariables clínicas/patológicas, y la Tabla 8b enumera genes en los que la expresión aumentada está asociada significativamente a un mayor riesgo de recidiva de cáncer renal después de ajustar las covariables clínicas/patológicas. De los genes enumerados en las Tablas 8a y 8b, en la Tabla 9 se enumeran 16 genes con asociación significativa, positiva o negativamente, a buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas/patológicas y controlar la tasa de falsos descubrimientos a un 10 %. Uno o más de esos genes se pueden usar por separado, o además de, al menos uno de los genes enumerados en las Tablas 3a y 3b, para proporcionar información concerniente al pronóstico del paciente.

La presente divulgación también proporciona genes *proxy* que son útiles para evaluar el estado de las covariables clínicas y/o patológicas para un paciente con cáncer. Los genes *proxy* para un estadio tumoral se enumeran en las Tablas 4a y 4b, en las que la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 4a está asociada significativamente a un estadio tumoral mayor, y la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 4b está asociada significativamente a un estadio tumoral inferior. Los genes *proxy* para el grado tumoral se enumeran en las Tablas 5a y 5b en las que la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 5a está asociada significativamente a un grado tumoral mayor, y la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 5b está asociada significativamente a un grado tumoral inferior. Los genes *proxy* para la presencia de necrosis se enumeran en las Tablas 6a y 6b, en las que la expresión de los genes enumerados en la Tabla 6a está asociada significativamente a la presencia de necrosis, y la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 6b está asociada significativamente a la ausencia de necrosis. Los genes *proxy* para la implicación ganglionar se enumeran en las Tablas 7a y 7b en las que la expresión mayor de los genes enumerados en la Tabla 7a está asociada significativamente a la presencia de invasión ganglionar, y la expresión aumentada de los genes enumerados en la Tabla 7b está asociada significativamente a la ausencia de invasión ganglionar. Uno o más genes

proxy se pueden usar por separado, o además de, al menos uno de los genes enumerados en las Tablas 3a y 3b, para proporcionar información concerniente al pronóstico del paciente. En algunos aspectos, se usan al menos dos de los siguientes genes *proxy* para proporcionar información concerniente al pronóstico del paciente: TSPAN7, TEK, LDB2, TIMP3, SHANK3, RGS5, KDR, SDPR, EPAS1, ID1, TGFBR2, FLT4, SDPR, ENDRB, JAG1, DLC1, y KL. En algunos aspectos, un gen con expresado puede ser útil junto con, o sustituido por, un gen *proxy* con el que se coexpresa.

La presente divulgación también proporciona conjuntos de genes en rutas biológicas que son útiles para evaluar la probabilidad de que sea probable que un paciente con cáncer tenga un resultado clínico positivo, conjuntos de genes que se denominan en el presente documento "subconjuntos de genes". Los subconjuntos de genes incluyen angiogénesis, respuesta inmune, transporte, adhesión celular/matriz extracelular, ciclo celular, y apoptosis. En algunos aspectos, el subconjunto de genes de angiogénesis incluye ADD1, ANGPTL3, APOLD1, CEACAM1, EDNRB, EMCN, ENG, EPAS1, FLT1, JAG1, KDR, KL, LDB2, NOS3, NUDT6, PPAP2B, PRKCH, PTPRB, RGS5, SHANK3, SNRK, TEK, ICAM2, y VCAM1; el subconjunto de genes de respuesta inmune incluye CCL5, CCR7, CD8A, CX3CL1, CXCL10, CXCL9, HLA-DPB1, IL6, IL8, y SPP1, y; el subconjunto de genes de transporte incluye AQP1 y SGK1; el subconjunto de genes de adhesión celular/matriz extracelular incluye ITGB1, A2M, ITGB5, LAMB1, LOX, MMP14, TGFBR2, TIMP3, y TSPAN7; el subconjunto de genes del ciclo celular incluye BUB1, C13orf15, CCNB1, PTTG1, TPX2, LMNB1, y TUBB2A; el subconjunto de genes de apoptosis incluye CASP10; el subconjunto de genes de respuesta temprana incluye EGR1 y CYR61; el subconjunto de genes de señalización metabólica incluye CA12, ENO2, UGCG, y SDPR; el subconjunto de genes de señalización incluye ID1 y MAP2K3.

La presente divulgación también proporciona genes en rutas biológicas fijados como diana por quimioterapia que se correlacionan, positiva o negativamente, con el riesgo de recidiva de cáncer. Estos genes incluyen KIT, PDGFA, PDGFB, PDGFC, PDGFD, PDGFRb, KRAS, RAF1, MTOR, HIF1AN, VEGFA, VEGFB, y FLT4. En algunos aspectos, la quimioterapia es terapia de citoquinas y/o terapia antiangiogénica. En otros aspectos, la quimioterapia es sunitinib, sorafenib, temsirolimus, bevacizumab, everolimus, y/o pazopanib.

En algunos aspectos, se puede usar un gen coexpresado junto con, o sustituido por, un gen con el que se coexpresa.

En el método inventado, el cáncer es carcinoma de células renales con células claras (ccRCC).

En la presente memoria descriptiva se exponen diversos enfoques tecnológicos para la determinación de niveles de expresión de los genes desvelados que incluyen, sin limitación, reacción en cadena de polimerasa tras transcripción inversa (RT-PCR), micromatrices, secuenciación de alto rendimiento, análisis en serie de la expresión génica (SAGE), y expresión génica digital (DGE), que se discutirán posteriormente con detalle. En aspectos particulares, el nivel de expresión de cada gen se puede determinar con respecto a diversas características de los productos de expresión del gen, incluyendo exones, intrones, epítomos de proteínas, y actividad de proteínas.

Los niveles de expresión de los genes identificados en el presente documento se pueden medir en un tejido tumoral. Por ejemplo, el tejido tumoral se puede obtener tras resección quirúrgica del tumor, o mediante biopsia del tumor. El nivel de expresión de los genes identificados también se puede medir en células tumorales recuperadas de sitios distantes del tumor, incluyendo células tumorales circulantes o fluidos corporales (por ejemplo, orina, sangre, fracción sanguínea, etc.).

El producto de expresión que se somete a ensayo puede ser, por ejemplo, ARN o un polipéptido. El producto de expresión puede estar fragmentado. Por ejemplo, el ensayo puede usar cebadores que son complementarios a las secuencias diana de un producto de expresión y de ese modo podrían medir los transcritos completos así como los productos de expresión fragmentados que contienen la secuencia diana. Se proporciona información adicional en las Tablas A y B, que proporcionan ejemplos de secuencias de cebadores directos, cebadores inversos, sondas y amplicones generados mediante el uso de los cebadores.

El producto de expresión de ARN se puede someter a ensayo directamente o por detección de un producto de ADN resultante de un método de amplificación basado en PCR, por ejemplo reacción en cadena de la polimerasa tras transcripción inversa cuantitativa (qRT-PCR) (véase, por ejemplo, el documento de Publicación de Estados Unidos n.º US2006-0008809A1). El producto de expresión polipeptídico se puede someter a ensayo usando inmunohistoquímica (IHC). Además, los productos de expresión tanto de ARN como polipeptídicos también se pueden someter a ensayo usando micromatrices.

UTILIDAD CLÍNICA

En la actualidad, el resultado clínico esperado para los pacientes de RCC se basa en determinaciones subjetivas de las características clínicas y patológicas de un tumor. Por ejemplo, los médicos toman decisiones sobre los procedimientos quirúrgicos apropiados y la terapia adyuvante basándose en el estadio, grado, y la presencia de necrosis del tumor renal. Aunque existen medidas estandarizadas para guiar a los patólogos en la toma de estas decisiones, el nivel de concordancia entre los laboratorios de patología es bajo (véase Al-Ayanti M *et al.* (2003) Arch

Pathol Lab Med 127, 593-596). Sería útil tener un ensayo molecular reproducible para determinar y/o confirmar estas características tumorales.

Además, los criterios clínicos estándar, por sí mismos, tienen una capacidad limitada para estimar de forma precisa el pronóstico de un paciente. Sería útil tener un ensayo molecular reproducible para evaluar el pronóstico de un paciente basándose en la biología de su tumor. Tal información se podría usar con fines de asesoramiento del paciente, selección de pacientes para ensayos clínicos (por ejemplo, ensayos adyuvantes) y comprensión de la biología del carcinoma de células renales. Además, tal ensayo ayudaría a los médicos a realizar recomendaciones quirúrgicas y de tratamiento basándose en la biología del tumor de cada paciente. Por ejemplo, un ensayo genómico podría estratificar pacientes de RCC basándose en el riesgo de recidiva y/o la probabilidad de supervivencia a largo plazo sin recidiva (recaída, metástasis, etc.). Existen varios ensayos clínicos en curso y planeados para terapias de RCC, incluyendo radiación adyuvante y quimioterapias. Sería útil disponer de un ensayo genómico capaz de identificar pacientes de alto riesgo de forma más precisa que los criterios clínicos estándar, para de ese modo enriquecer aún más una población de RCC adyuvante para estudio. Esto reduciría el número de pacientes necesarios para un ensayo adyuvante y el tiempo necesario para someter a ensayo definitivo estos nuevos agentes en el escenario adyuvante.

Finalmente, sería útil disponer de un ensayo molecular que pueda predecir la probabilidad del paciente a responder a un tratamiento, tal como quimioterapia. De nuevo, esto facilitaría las decisiones de tratamiento individuales y de reclutamiento de pacientes para ensayos clínicos, y aumentaría la confianza del médico y el paciente en la toma de decisiones de atención sanitaria después de haberse diagnosticado cáncer.

RESULTADOS INFORMADOS

Los métodos de la presente divulgación son adecuados para la preparación de informes que resumen el resultado clínico esperado resultante de los métodos de la presente divulgación. Un "informe", como se describe en el presente documento, es un documento electrónico o tangible que incluye elementos de informe que proporcionan información de interés relativa a la evaluación de probabilidad y su resultado. Un informe de un sujeto incluye al menos una evaluación de probabilidad, por ejemplo, una indicación del riesgo de recidiva para un sujeto con carcinoma de células renales. Un informe de un sujeto se puede generar completa o parcialmente de forma electrónica, por ejemplo, presentado en un dispositivo de visualización electrónico (por ejemplo, el monitor de una computadora). Un informe puede incluir además uno o más de: 1) información concerniente a la instalación de pruebas; 2) información del proveedor de servicios; 3) datos del paciente; 4) datos de la muestra; 5) un informe interpretativo, que puede incluir diversas informaciones que incluyen: a) indicación; b) datos del ensayo, donde los datos del ensayo pueden incluir un nivel normalizado de uno o más genes de interés, y 6) otras características.

La presente divulgación proporciona de ese modo métodos para crear informes y los informes resultantes de los mismos. El informe puede incluir un resumen de los niveles de expresión de los transcritos de ARN, o los productos de expresión de tales transcritos de ARN, para ciertos genes en las células obtenidas del tumor del paciente. El informe puede incluir información relativa a las covariables de pronóstico del paciente. El informe puede incluir una estimación de que el paciente tiene un riesgo aumentado de recidiva. Esa estimación puede estar en forma de una puntuación o un esquema de estratificación del paciente (por ejemplo, riesgo bajo, intermedio o alto de recidiva). El informe puede incluir información pertinente para ayudar en las decisiones sobre la cirugía apropiada (por ejemplo, nefrectomía parcial o total) o el tratamiento para el paciente.

De ese modo, en algunas realizaciones, los métodos de la presente divulgación incluyen además generar un informe que incluye información concerniente al resultado clínico probable del paciente, por ejemplo, riesgo de recidiva. Por ejemplo, los métodos desvelados en el presente documento pueden incluir además una etapa de generación o producción de un informe que proporciona los resultados de una evaluación de riesgo de un sujeto, informe que se puede proporcionar en forma de un medio electrónico (por ejemplo, un dispositivo de visualización electrónico en un monitor de computadora), o en forma de un medio tangible (por ejemplo, un informe impreso en papel u otro medio tangible).

Se proporciona a un usuario un informe que incluye información concerniente al pronóstico probable del paciente (por ejemplo, la probabilidad de que un paciente que tiene un carcinoma de células renales tendrá un buen pronóstico o un resultado clínico positivo en respuesta a cirugía y/o tratamiento). Una evaluación de la probabilidad se denomina en lo sucesivo "informe de riesgo" o, simplemente, "puntuación de riesgo". La persona o entidad que prepara un informe ("generador del informe") también puede llevar a cabo la evaluación de la probabilidad. El generador del informe también puede llevar a cabo una o más de la recogida de muestras, el procesamiento de muestras, y la generación de datos, por ejemplo, el generador del informe también puede llevar a cabo una o más de: a) recogida de muestras; b) procesamiento de muestras; c) medición de un nivel de un gen de riesgo; d) medición de un nivel de un gen de referencia; y e) determinación de un nivel normalizado de un gen de riesgo. Alternativamente, una entidad distinta del generador del informe puede llevar a cabo una o más de la recogida de muestras, el procesamiento de muestras, y la generación de datos.

Por claridad, se ha de indicar que el término "usuario", que se usa de forma intercambiable con "cliente", pretende

referirse a una persona o entidad a la que se transmite el informe, y puede ser la misma persona o entidad que hace una o más de las siguientes: a) recoge una muestra; b) procesa una muestra; c) proporciona una muestra o una muestra procesada; y d) genera datos (por ejemplo, nivel de un gen de riesgo; nivel de un producto o productos génicos de referencia; nivel normalizado de un gen de riesgo para su uso en la evaluación de probabilidad). En algunos casos, la persona o personas o la entidad o entidades que proporcionan la recogida de muestras y/o el procesamiento de muestras y/o la generación de datos, y la persona que recibe los resultados y/o el informe pueden ser personas diferentes, pero ambas se denominan "usuarios" o "clientes" en el presente documento para evitar confusiones. En ciertos aspectos, por ejemplo, cuando los métodos se ejecutan completamente en una única computadora, el usuario o cliente proporciona la entrada de datos y la revisión de la salida de datos. Un "usuario" puede ser un profesional de atención sanitaria (por ejemplo, un médico clínico, un técnico de laboratorio, un médico (por ejemplo, un oncólogo, cirujano, patólogo), etc.).

En realizaciones en las que el usuario solo ejecuta una parte del método, el individuo que, después del procesamiento de los datos computarizados de acuerdo con los métodos de la presente divulgación, revisa la salida de datos (por ejemplo, los resultados antes de publicar o proporcionar un informe completo, un informe, o revisa un informe "incompleto" y proporciona intervención manual y compleción de un informe interpretativo) se denomina en el presente documento "revisor". El revisor puede estar situado en una ubicación remota al usuario (por ejemplo, en un servicio provisto separado de una instalación de atención sanitaria donde puede estar situado un usuario).

Cuando se aplican reglamentaciones gubernamentales u otras restricciones (por ejemplo, requisitos de salud, mala praxis o seguro de responsabilidad civil), todos los resultados, ya sean generados total o parcialmente de forma electrónica, se someten a una rutina de control de calidad antes de facilitarlos al usuario.

MÉTODOS PARA SOMETER A ENSAYO LOS NIVELES DE EXPRESIÓN DE UN PRODUCTO GÉNICO

Se conocen en la técnica numerosos métodos de ensayo para medir un nivel de expresión de un producto génico, incluyendo métodos de ensayo para medir un nivel de expresión de un producto génico de ácido nucleico (por ejemplo, un ARNm), y métodos de ensayo para medir un nivel de expresión de un producto génico polipeptídico.

Medición de un nivel de un producto génico de ácido nucleico

En general, los métodos para medir un nivel de un producto génico de ácido nucleico (por ejemplo, un ARNm) incluyen métodos que implican análisis de hibridación de polinucleótidos, y métodos que implican amplificación de polinucleótidos. Los métodos usados habitualmente conocidos en la técnica para la cuantificación de la expresión de ARNm en una muestra incluyen transferencia de Northern e hibridación *in situ* (véase, por ejemplo, Parker & Barnes, *Methods in Molecular Biology* 106: 247-283 (1999)); ensayos de protección de ARNasa (Hod, *Biotechniques* 13: 852-854 (1992)); y reacción en cadena de polimerasa tras transcripción inversa (RT-PCR) (Weis *et al.*, *Trends in Genetics* 8: 263-264 (1992)). Alternativamente, se pueden emplear anticuerpos que pueden reconocer dúplex específicos, incluyendo dúplex de ADN, dúplex de ARN, y dúplex híbridos de ADN-ARN o dúplex de ADN-proteína. Los métodos representativos para el análisis de la expresión génica basados en secuenciación incluyen análisis en serie de la expresión génica (SAGE) y análisis de la expresión génica mediante la secuenciación masiva de firmas paralelas (MPSS).

Métodos de expresión basados en hibridación

El nivel de un ácido nucleico diana se puede medir usando una sonda que hibrida el ácido nucleico diana. El ácido nucleico diana podría ser, por ejemplo, un producto de expresión de ARN de un gen indicador de respuesta asociado a la respuesta a un inhibidor de VEGF/VEGFR, o un producto de expresión de ARN de un gen de referencia. En algunos aspectos, el ácido nucleico diana se amplifica en primer lugar, usando por ejemplo un método de reacción en cadena de polimerasa (PCR).

Están disponibles una diversidad de métodos para analizar en mezclas de ácidos nucleicos la presencia y/o el nivel de un ácido nucleico específico. El ARNm se puede someter a ensayo directamente o se puede realizar la transcripción inversa en ADNc para su análisis.

En algunos aspectos, el método implica poner en contacto una muestra (por ejemplo, una muestra obtenida a partir de una célula cancerígena) en condiciones de hibridación rigurosas con una sonda de ácido nucleico y detectar la unión, si la hubiera, de la sonda a un ácido nucleico de la muestra. Los expertos en la materia conocen bien una diversidad de métodos de hibridación de ácidos nucleicos, y se puede usar cualquier método conocido. En algunos aspectos, la sonda de ácido nucleico se marcará de forma detectable.

Métodos de expresión basados en amplificación de la diana

Por lo general, los métodos para amplificar (por ejemplo, mediante PCR) ácidos nucleicos, los métodos para llevar a cabo extensión de cebadores, y los métodos para evaluar ácidos nucleicos se conocen bien en la técnica (véanse, por ejemplo, Ausubel, *et al.*, *Short Protocols in Molecular Biology*, 3ª ed., Wiley & Sons, 1995 y Sambrook, *et al.*,

Molecular Cloning: A Laboratory Manual, tercera edición, (2001) Cold Spring Harbor, N.Y.).

Un ARNm diana se puede amplificar mediante transcripción inversa del ARNm en ADNc, y a continuación llevando a cabo PCR (transcripción inversa-PCR o RT-PCR). Alternativamente, se puede usar una única enzima para ambas etapas como se describe en el documento de Patente de Estados Unidos n.º 5.322.770.

El ensayo fluorogénico de 5' nucleasa, conocido como ensayo TaqMan® (Roche Molecular Systems, Inc.), es un sistema de detección basado en PCR potente y versátil para dianas de ácido nucleico. Para una descripción detallada del ensayo TaqMan, los reactivos y las condiciones para el uso del mismo, véanse, por ejemplo, Holland *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A. (1991) 88:7276-7280; documentos de Patente de Estados Unidos con números 5.538.848, 5.723.591, y 5.876.930. Por lo tanto, los cebadores y las sondas obtenidos de las regiones de un ácido nucleico diana como se describe en el presente documento se pueden usar en el análisis TaqMan para detectar un nivel de ARNm diana en una muestra biológica. El análisis se lleva a cabo junto con termociclado mediante la monitorización de la generación de señales de fluorescencia (TaqMan es una marca comercial registrada de Roche Molecular Systems).

El ensayo fluorogénico de 5' nucleasa se lleva a cabo convenientemente usando, por ejemplo, ADN polimerasa AmpliTaq Gold®, que tiene actividad de 5' nucleasa endógena, para digerir una sonda de oligonucleótido interna marcada con un colorante informador fluorescente y un desactivador de fluorescencia (véanse Holland *et al.*, Proc Nat Acad Sci USA (1991) 88:7276-7280; y Lee *et al.*, Nucl. Acids Res. (1993) 21:3761-3766). Los resultados del ensayo se detectan por medición de los cambios en la fluorescencia que se producen durante el ciclo de amplificación a medida que se digiere la sonda fluorescente, desacoplando las etiquetas de colorante y desactivador y causando un aumento en la señal de fluorescencia que es proporcional a la amplificación del ácido nucleico diana (AmpliTaq Gold es una marca comercial registrada de Roche Molecular Systems).

Los productos de amplificación se pueden detectar en solución o utilizando soportes sólidos. En este método, la sonda TaqMan está diseñada para hibridar una secuencia diana en el producto de PCR deseado. El extremo 5' de la sonda TaqMan contiene un colorante informador fluorescente. El extremo 3' de la sonda está bloqueado para evitar la extensión de la sonda y contiene un colorante que desactivará la fluorescencia del fluoróforo en 5'. Durante la amplificación posterior, la marca fluorescente en 5' se retira por escisión si en la reacción está presente una polimerasa con actividad de 5' exonucleasa. La escisión del fluoróforo en 5' produce un aumento de la fluorescencia que se puede detectar.

El primer paso para el análisis de la expresión génica es el aislamiento del ARNm de una muestra diana. El material de partida es por lo general ARN total aislado de tumores o líneas celulares tumorales humanos, y tejidos o líneas celulares normales correspondientes, respectivamente. De ese modo, el ARN se puede aislar de una diversidad de tumores primarios, que incluyen tumores, o líneas celulares tumorales, de mama, pulmón, colon, próstata, cerebro, hígado, riñón, páncreas, bazo, timo, testículo, ovario, útero, cabeza y cuello, etc., con ADN combinado de donantes sanos. Si la fuente del ARNm es un tumor primario, se puede extraer el ARNm, por ejemplo, de muestras de tejido incluidas en parafina y fijadas (por ejemplo, fijadas con formalina) congeladas o archivadas.

Los métodos generales para la extracción de ARNm se conocen bien en la técnica y se desvelan en libros de texto de biología molecular de referencia, incluyendo Ausubel *et al.*, Current Protocols of Molecular Biology (Wiley & Sons, 1997). Se desvelan métodos para la extracción de ARN de tejidos incluidos en parafina, por ejemplo, en M. Cronin, Am J. Pathol 164 (1): 35-42 (2004). En particular, el aislamiento de ARN se puede llevar a cabo usando kits y reactivos de fabricantes comerciales de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Por ejemplo, el ARN total de las células en cultivo se puede aislar utilizando minicolumnas RNeasy® (Qiagen GmbH Corp.). Otros kits de aislamiento de ARN disponibles en el mercado incluyen el Kit de purificación de ADN y ARN completo MasterPure™ (EPICENTRE® Biotechnologies, Madison, WI), mirVana (Applied Biosystems, Inc.), y el Kit de aislamiento de ARN Paraffin Block (Ambion, Inc.). El ARN total de muestras de tejido se puede aislar usando ARN STAT-60™ (IsoTex Diagnostics, Inc., Friendswood TX). El ARN preparado a partir de un tumor se puede aislar, por ejemplo, mediante centrifugación en gradiente de densidad de cloruro de cesio (RNeasy es una marca comercial registrada de Qiagen GmbH Corp.; MasterPure es una marca comercial registrada de EPICENTER Biotechnologies; ARN STAT-60 es una marca comercial registrada de Tel-Test Inc.).

Dado que el ARN no puede servir como plantilla para PCR, la primera etapa en la caracterización de la expresión génica mediante RT-PCR es la transcripción inversa de la plantilla de ARN a ADNc, seguido de su amplificación exponencial en una reacción de PCR. Las dos enzimas transcriptasa inversa usadas de forma más habitual son la transcriptasa inversa del virus de la mieloblastosis aviar (AMV-RT) y la transcriptasa inversa del virus de la leucemia murina Moloney (MMLV-RT). La etapa de transcripción inversa se inicia por lo general usando cebadores específicos, hexámeros aleatorios, o cebadores de oligo-dT, dependiendo de las circunstancias y el objetivo de la caracterización de la expresión. Por ejemplo, se puede realizar la transcripción inversa del ARN extraído usando un kit de PCR ARN GeneAmp® (Applied Biosystems Inc., Foster City, CA) de acuerdo con las instrucciones del fabricante. El ADNc obtenido se puede usar a continuación como plantilla en una reacción de PCR posterior (GeneAmp es una marca comercial registrada de Applied Biosystems Inc.).

Aunque la etapa de PCR puede usar una diversidad de ADN polimerasas termoestables dependientes de ADN, por lo general emplea la ADN polimerasa Taq, que tiene actividad de 5'-3' nucleasa pero carece de actividad de 3'-5' endonucleasa correctora de pruebas. De ese modo, la PCR TaqMan utiliza por lo general la actividad de 5' nucleasa de polimerasa Taq o Tth para hidrolizar una sonda de hibridación unida a su amplicón diana, pero se puede usar cualquier enzima con actividad de 5' nucleasa equivalente. Se usan dos cebadores de oligonucleótido para generar un amplicón. Se diseña un tercer oligonucleótido, o sonda, para detectar la secuencia de nucleótidos situada entre los dos cebadores de PCR. La sonda no es extensible por parte de la enzima ADN polimerasa Taq, y se marca con un colorante fluorescente informador y un colorante fluorescente desactivador. Cualquier emisión inducida por láser del colorante informador se desactiva por el colorante desactivador cuando los dos colorantes están situados próximos como lo están en la sonda. Durante la reacción de amplificación, la enzima ADN polimerasa Taq escinde la sonda de forma dependiente de la plantilla. Los fragmentos de la sonda resultante se disocian en solución, y la señal del colorante informador liberada está exenta del efecto desactivador del segundo fluoróforo. Se libera una molécula de colorante informador por cada nueva molécula sintetizada, y la detección del colorante informador sin desactivar proporciona la base de la interpretación cuantitativa de los datos (TaqMan es una marca comercial registrada de Applied Biosystems).

La RT-PCR TaqMan se puede llevar a cabo usando equipo disponible en el mercado tal como, por ejemplo, el Sistema de detección de secuencia ABI PRISM 7700® (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), o el equipo Lightcycler® (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Alemania). En un aspecto preferente, el procedimiento de 5' nucleasa se procesa en un dispositivo de PCR cuantitativa en tiempo real tal como el PRISM 7900™ Sequence Detection System™. El sistema consiste en una termocicladora, un láser, un dispositivo de carga acoplada (CCD), una cámara y una computadora. El sistema amplifica las muestras en formato de 96 pocillos en una termocicladora. Durante la amplificación, la señal fluorescente inducida por láser se recoge en tiempo real a través de cables de fibra óptica para cada uno de los 96 pocillos, y se detecta en el CCD. El sistema incluye software para ejecutar el instrumento y analizar los datos (PRISM 7700 es una marca comercial registrada de Applied Biosystems; Lightcycler es una marca comercial registrada de Diagnostics GmbH LLC.).

Los datos del ensayo de 5' nucleasa se expresan inicialmente como C_t , o el ciclo umbral. Como se ha discutido anteriormente, los valores de fluorescencia se registran durante cada ciclo y representan la cantidad de producto amplificado en ese punto de la reacción de amplificación. El punto en el que la señal fluorescente se registra por primera vez como estadísticamente significativa es el ciclo umbral (C_t).

Para minimizar el efecto de la variación de muestra a muestra, la RT-PCR cuantitativa se lleva a cabo habitualmente usando un estándar interno, o uno o más genes de referencia. El estándar interno ideal se expresa a un nivel constante entre los diferentes tejidos, y no se ve afectado por el tratamiento experimental. Los ARN que se pueden usar para patrones de normalización de expresión génica incluyen, por ejemplo, los ARN de los genes de referencia de gliceraldehído-3-fosfato-deshidrogenasa (GAPDH) y β -actina.

Una variación más reciente de la técnica RT-PCR es la PCR cuantitativa en tiempo real, que mide la acumulación de producto de PCR a través de una sonda fluorogénica doblemente marcada (es decir, la sonda TaqMan®). La PCR en tiempo real es compatible tanto con PCR competitiva cuantitativa, donde se usa un competidor interno para cada secuencia diana para la normalización, como con PCR comparativa cuantitativa que usa un gen de normalización contenido en la muestra, o un gen de referencia para RT-PCR. Para detalles adicionales, véase, por ejemplo, Held *et al.*, *Genome Research* 6:986-994 (1996).

Los factores considerados en el diseño de cebadores de PCR incluyen longitud del cebador, temperatura de fusión (T_m), y contenido G/C, especificidad, secuencias de cebadores complementarias, y secuencia 3' terminal. En general, los cebadores de PCR óptimos tienen generalmente 17-30 bases de longitud, y contienen aproximadamente un 20-80 %, tal como, por ejemplo, aproximadamente un 50-60 % de bases G + C. Se pueden usar T_m entre 50 y 80 °C, por ejemplo, aproximadamente de 50 a 70 °C.

Para directrices adicionales para el diseño de cebadores y sondas de PCR véase, por ejemplo, Dieffenbach, C.W. *et al.*, "General Concepts for PCR Primer Design" en: *PCR Primer, A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Nueva York, 1995, pág. 133-155; Innis y Gelfand, "Optimization of PCRs" en: *PCR Protocols, A Guide to Methods and Applications*, CRC Press, Londres, 1994, pág. 5-11; y Plasterer, T.N. *Primer Select: Primer and probe design. Methods Mol. Biol.* 70:520-527 (1997).

Otros métodos adecuados para evaluar el nivel de un producto génico de ácido nucleico incluyen, por ejemplo, micromatrices; análisis en serie de la expresión génica (SAGE); análisis MassARRAY®; expresión génica digital (DGE) (J. Marion, *Genome Research* 18(9):1509-1517 (2008), expresión génica mediante secuenciación masiva de firmas en paralelo (véase, por ejemplo, Ding y Cantor, *Proc. Nat'l Acad Sci* 100:3059-3064 (2003); presentación diferencial (Liang y Pardee, *Science* 257:967-971 (1992)); polimorfismo de longitud de fragmento amplificado (iAFLP) (Kawamoto *et al.*, *Genome Res.* 12:1305-1312 (1999)); tecnología BeadArray™ (Illumina, San Diego, CA; Oliphant *et al.*, *Discovery of Markers for Disease (Supplement to Biotechniques)*, junio de 2002; Ferguson *et al.*, *Analytical Chemistry* 72:5618 (2000)); BeadsArray para detección de la expresión génica (BADGE), que usa el sistema disponible en el mercado LabMAP Luminex100 y múltiples microesferas con codificación de color (Luminex Corp.,

Austin, TX) en un ensayo rápido para expresión génica (Yang *et al.*, Genome Res. 11:1888-1898 (2001)); y análisis de caracterización de expresión de alta cobertura (HiCEP) (Fukumura *et al.*, Nucl. Acids. Res. 31(16) e94 (2003)).

Intrones

Los ensayos para medir la cantidad de un producto de expresión génica de ARN se pueden fijar como diana a secuencias de intrón o secuencias de exón del transcrito primario. La cantidad de un intrón cortado y empalmado que se mide en las muestras de tejido humano es generalmente indicativa de la cantidad de un exón correspondiente (es decir, un exón del mismo gen) presente en las muestras. Se pueden usar polinucleótidos que consisten en o son complementarios a secuencias de intrón, por ejemplo, en métodos de hibridación o métodos de amplificación para someter a ensayo el nivel de expresión de genes indicadores de respuesta.

Medición de niveles de un producto génico polipeptídico

Los métodos de medición del nivel de producto génico polipeptídico se conocen en la técnica e incluyen métodos basados en anticuerpos tales como ensayo por inmunoabsorción asociado a enzimas (ELISA), radioinmunoensayo (RIA), análisis de transferencia de proteínas, análisis inmunohistoquímicos y similares. La medida de un producto génico polipeptídico también se puede medir *in vivo* en el sujeto usando un anticuerpo que se une específicamente a un polipéptido diana, acoplado a una marca paramagnética u otra marca usada para formación de imágenes *in vivo*, y visualizando la distribución del anticuerpo marcado en el sujeto usando un método de formación de imágenes *in vivo* apropiado, tal como formación de imágenes por resonancia magnética. Tales métodos incluyen métodos proteómicos tales como métodos espectrométricos de masas, que se conocen en la técnica.

Métodos de aislamiento de ARN de fluidos corporales

Se han descrito métodos de aislamiento de ARN para análisis de expresión a partir de sangre, plasma y suero (véase, por ejemplo, Tsui NB *et al.* (2002) 48,1647-53 y las referencias citadas en el mismo) y a partir de orina (véase, por ejemplo, Boom R *et al.* (1990) J Clin Microbiol. 28, 495-503 y las referencias citadas en el mismo).

Métodos de aislamiento de ARN de tejido incluido en parafina

Las etapas de un protocolo representativo para caracterizar la expresión génica usando tejidos incluidos en parafina y fijados como fuente de ARN, incluyendo aislamiento de ARNm, purificación de cebadores, extensión y amplificación, se proporcionan en diversos artículos publicados (véanse, por ejemplo, T.E. Godfrey *et al.*, J. Molec. Diagnostics 2: 84-91 (2000); K. Specht *et al.*, Am. J. Pathol. 158: 419-29 (2001), M. Cronin, *et al.*, Am J Pathol 164:35-42 (2004)).

MÉTODOS Y PRODUCTOS MANUALES Y ASISTIDOS POR COMPUTADORA

Los métodos y sistemas descritos en el presente documento se pueden implementar de numerosas formas. En un aspecto de particular interés, los métodos implican el uso de una infraestructura de comunicaciones, por ejemplo, Internet. A continuación, se discuten varios aspectos. También se ha de entender que la presente divulgación se puede implementar en diversas formas de *hardware*, *software*, *firmware*, procesadores, o una combinación de los mismos. Los métodos y sistemas descritos en el presente documento se pueden implementar como una combinación de *hardware* y *software*. El software se puede implementar como un programa de aplicación realizado de forma tangible en un dispositivo de almacenamiento de programas, o en diferentes partes del software implementado en el entorno informático del usuario (por ejemplo, como un *applet*) y en el entorno informático del revisor, donde el revisor puede estar ubicado en un sitio remoto asociado (por ejemplo, en las instalaciones de un proveedor de servicios).

Por ejemplo, durante o después de la entrada de datos por parte del usuario, partes del procesamiento de datos se pueden llevar a cabo en el entorno informático del lado del usuario. Por ejemplo, el entorno informático del lado del usuario se puede programar para proporcionar códigos de ensayo definidos que indiquen una "puntuación de riesgo" de probabilidad, donde la puntuación se transmite como respuestas procesadas o parcialmente procesadas al entorno informático del revisor en forma de código de ensayo para posterior ejecución de uno o más algoritmos para proporcionar resultados y/o generar un informe en el entorno informático del revisor. La puntuación de riesgo puede ser una puntuación numérica (representativa de un valor numérico) o una puntuación no numérica representativa de un valor numérico o intervalo de valores numéricos (por ejemplo, bajo, intermedio o alto).

El programa de aplicación para ejecutar los algoritmos descritos en el presente documento se puede cargar en, y ejecutarse por, una máquina que comprenda cualquier arquitectura adecuada. En general, la máquina implica una plataforma informática que tiene *hardware* tal como una o más unidades centrales de procesamiento (CPU), una memoria de acceso aleatorio (RAM) e interfaces de entrada/salida (I/O). La plataforma informática también incluye un sistema operativo y código de microinstrucciones. Los diversos procesos y funciones descritos en el presente documento pueden ser parte del código de microinstrucciones o parte del programa de aplicación (o una combinación de los mismos) que se ejecuta mediante el sistema operativo. Además, se pueden conectar otros

dispositivos periféricos diversos a la plataforma informática tales como un dispositivo de almacenamiento de datos adicional y un dispositivo de impresión.

5 Como sistema informático, el sistema incluye generalmente una unidad procesadora. La unidad procesadora opera para recibir información, que puede incluir datos de ensayo (por ejemplo, nivel de un gen de riesgo, nivel de un producto o productos génicos de referencia; nivel normalizado de un gen; y también puede incluir otros datos tales como datos del paciente). La información recibida se puede almacenar al menos temporalmente en una base de datos, y los datos se pueden almacenar para generar un informe como se ha descrito anteriormente.

10 Una parte o la totalidad de los datos de entrada y salida también se pueden enviar electrónicamente; ciertos datos de salida (por ejemplo, informes) se pueden enviar electrónica o telefónicamente (por ejemplo, por fax, por ejemplo, utilizando dispositivos tales como respuesta automática por fax). Algunos dispositivos de recepción de salida a modo de ejemplo pueden incluir un elemento de visualización, una impresora, un dispositivo de fax y similares. Las formas electrónicas de transmisión y/o visualización pueden incluir correo electrónico, televisión interactiva y similares. En
15 un aspecto de particular interés, la totalidad o una parte de los datos de entrada y/o la totalidad o una parte de los datos de salida (por ejemplo, habitualmente al menos el informe final) se mantienen en un servidor *web* para acceso, preferentemente acceso confidencial, con navegadores habituales. Los datos pueden ser accedidos o enviados a profesionales de la salud según se desee. Los datos de entrada y salida, incluidos la totalidad o una parte del informe final, se pueden usar para completar el registro médico de un paciente que puede existir en una base de
20 datos confidencial en la instalación de atención sanitaria.

Un sistema para su uso en los métodos descritos en el presente documento incluye generalmente al menos un procesador de computadora (por ejemplo, cuando el método se lleva a cabo en su totalidad en un único sitio) o al menos dos procesadores de computadora en red (por ejemplo, cuando los datos se han de introducir por un usuario
25 (también denominado en el presente documento "cliente") y transmitir a un sitio remoto a un segundo procesador de computadora para su análisis, donde el primer y segundo procesadores de computadora están conectados por una red, por ejemplo, a través de una *intranet* o de Internet). El sistema también puede incluir un componente o componentes de usuario para la entrada; y un componente o componentes de revisor para la revisión de datos, informes generados, e intervención manual. Los componentes adicionales del sistema pueden incluir un componente o componentes de servidor; y una base o bases de datos para almacenar datos (por ejemplo, como en una base de datos de elementos de informe, por ejemplo, elementos de informe interpretativos, o una base de datos relacional (RDB) que puede incluir la entrada de datos por parte del usuario y la salida de datos. Los procesadores de computadora pueden ser procesadores que se encuentran habitualmente en computadoras de sobremesa personales (por ejemplo, IBM, Dell, Macintosh), computadoras portátiles, computadoras centrales, minicomputadoras
30 u otros dispositivos informáticos.

La arquitectura cliente/servidor en red se puede seleccionar según se desee y, por ejemplo, puede ser un modelo clásico de servidor de cliente de dos o tres niveles. Un sistema de gestión de bases de datos relacionales (RDMS), ya sea como parte de un componente del servidor de aplicaciones o como un componente separado (máquina RDB) proporciona la interfaz a la base de datos.
40

En un ejemplo, la arquitectura se proporciona como una arquitectura cliente/servidor centrada en base de datos, en la que la aplicación cliente generalmente solicita servicios al servidor de aplicaciones que realiza solicitudes a la base de datos (o al servidor de la base de datos) para completar el informe con los diversos elementos del informe, según sea necesario, en particular los elementos del informe interpretativo, en especial el texto de interpretación y las alertas. El servidor o servidores (es decir, ya sea como parte de la máquina del servidor de aplicaciones o una máquina de RDB/base de datos relacional separada) responde a las solicitudes del cliente.
45

Los componentes del cliente de entrada pueden ser computadoras personales completas e independientes que ofrecen una amplia gama de potencia y características para ejecutar aplicaciones. El componente cliente opera habitualmente bajo cualquier sistema operativo deseado e incluye un elemento de comunicación (por ejemplo, un módem u otro *hardware* para conectarse a una red), uno o más dispositivos de entrada (por ejemplo, un teclado, ratón, teclado numérico u otro dispositivo usado para transferir información o comandos), un elemento de almacenamiento (por ejemplo, un disco duro u otro medio de almacenamiento escribible por computadora y legible por computadora), y un elemento de visualización (por ejemplo, un monitor, televisor, LCD, LED u otro dispositivo de visualización que transmita información al usuario). El usuario introduce los comandos de entrada en el procesador de la computadora a través de un dispositivo de entrada. En general, la interfaz de usuario es una interfaz gráfica de usuario (GUI) escrita para aplicaciones de navegador *web*.
50

El componente o componentes del servidor pueden ser una computadora personal, una minicomputadora o una computadora central, y ofrecen gestión de datos, intercambio de información entre clientes, administración de redes y seguridad. La aplicación y cualquier base de datos utilizadas pueden estar en servidores iguales o diferentes.
60

Se contemplan otras disposiciones informáticas para el cliente y el servidor, incluyendo el procesamiento en una sola máquina tal como una computadora central, una colección de máquinas u otra configuración adecuada. En general, las máquinas cliente y servidor trabajan conjuntamente para conseguir el procesamiento de la presente divulgación.
65

5 Cuando se usan, la base o bases de datos están conectadas habitualmente al componente del servidor de base de datos y pueden ser cualquier dispositivo que contenga datos. Por ejemplo, la base de datos puede ser un dispositivo de almacenamiento óptico u magnético para una computadora (por ejemplo, CDROM, disco duro interno, unidad de cinta). La base de datos se puede situar de forma remota al componente del servidor (con acceso a través de una red, módem, etc.) o localmente al componente del servidor.

10 Cuando se usa en el sistema y los métodos, la base de datos puede ser una base de datos relacional que se organiza y accede de acuerdo con las relaciones entre los elementos de datos. La base de datos relacional se compone generalmente de una pluralidad de tablas (entidades). Las filas de una tabla representan registros (recopilaciones de información sobre distintos artículos) y las columnas representan campos (atributos particulares de un registro). En su concepción más simple, la base de datos relacional es una colección de entradas de datos que están "relacionadas" entre sí a través de al menos un campo común.

15 Se pueden usar estaciones de trabajo adicionales equipadas con computadoras e impresoras en el punto de servicio para introducir datos y, en algunos aspectos, generar informes apropiados, si se desea. La computadora o computadoras pueden tener un acceso directo (por ejemplo, en el escritorio) para iniciar la aplicación para facilitar el inicio de la entrada de datos, transmisión, análisis, recepción de informes, etc., según se desee.

20 **Medios de almacenamiento legibles por computadora**

25 La presente divulgación también contempla un medio de almacenamiento legible por computadora (por ejemplo, CD-ROM, llave de memoria, tarjeta de memoria *flash*, disquete, etc.) que tiene almacenado en el mismo un programa que, cuando se ejecuta en un entorno informático, proporciona la implementación de algoritmos para llevar a cabo la totalidad o una parte de los resultados de una evaluación de probabilidad de respuesta como se describe en el presente documento. Cuando el medio legible por computadora contiene un programa completo para llevar a cabo los métodos descritos en el presente documento, el programa incluye instrucciones del programa para recopilar, analizar y generar resultados, e incluye generalmente dispositivos de código legibles por computadora para interactuar con un usuario como se describe en el presente documento, procesar esos datos junto con la información analítica, y generar medios impresos o electrónicos únicos para ese usuario.

35 Cuando el medio de almacenamiento proporciona un programa que proporciona la implementación de una parte de los métodos descritos en el presente documento (por ejemplo, el aspecto del lado del usuario de los métodos (por ejemplo, entrada de datos, capacidades de recepción de informes, etc.)), el programa proporciona la transmisión de los datos introducidos por el usuario (por ejemplo, a través de Internet, a través de una *intranet*, etc.) a un entorno informático en un sitio remoto. El procesamiento o la compleción del procesamiento de datos se lleva a cabo en el sitio remoto para generar un informe. Después de la revisión del informe y la compleción de cualquier intervención manual necesaria para proporcionar un informe completo, el informe completo se transmite a continuación al usuario en forma de un documento electrónico o impreso (por ejemplo, un informe por fax o en papel enviado por correo). El medio de almacenamiento que contiene un programa de acuerdo con la presente divulgación se puede empaquetar con instrucciones (por ejemplo, para la instalación, uso, etc. de programas) grabadas en un sustrato adecuado o una dirección *web* donde se puedan obtener tales instrucciones. El medio de almacenamiento legible por computadora también se puede proporcionar en combinación con uno o más reactivos para llevar a cabo la evaluación de la probabilidad de respuesta (por ejemplo, cebadores, sondas, matrices, u otros componentes similares del kit).

45 **MÉTODOS DE ANÁLISIS DE DATOS**

Normalización de referencia

50 Con el fin de minimizar las variaciones en las mediciones de expresión debidas a variaciones no biológicas en las muestras, por ejemplo, la cantidad y calidad del producto de expresión que se mide, los datos en bruto del nivel de expresión medidos para un producto génico (por ejemplo, las mediciones del umbral de ciclo (C_t) obtenidas por qRT-PCR) se pueden normalizar con respecto a los datos del nivel de expresión medio obtenido para uno o más genes de referencia. En un enfoque de la normalización, se usa un pequeño número de genes como genes de referencia; los genes elegidos para ser genes de referencia muestran por lo general una cantidad mínima de variación en la expresión de muestra a muestra y el nivel de expresión de otros genes se compara con la expresión relativamente estable de los genes de referencia. En el enfoque de normalización global, el nivel de expresión de cada gen en una muestra se compara con un nivel de expresión promedio en la muestra de todos los genes con el fin de comparar la expresión de un gen particular con respecto a la cantidad total de material.

60 Los datos sin procesar de qRT-PCR se expresan como umbral de ciclo (C_t), el número de ciclos de amplificación requerido para que la señal detectable exceda un umbral definido. Un valor elevado de C_t es indicativo de baja expresión dado que se requieren más ciclos para detectar el producto de amplificación. La normalización se puede llevar a cabo de un modo tal que un aumento de una unidad en el nivel de expresión normalizado de un producto génico refleje generalmente un aumento de 2 veces en la cantidad del producto de expresión presente en la muestra. Para información adicional de las técnicas de normalización aplicables a los datos de qRT-PCR de tejido

tumoral véase, por ejemplo, Silva S *et al.* (2006) BMC Cancer 6, 200; de Kok J *et al.* (2005) Laboratory Investigation 85, 154-159. La expresión génica se puede estandarizar a continuación dividiendo la expresión génica normalizada por la desviación estándar de la expresión para todos los pacientes para ese gen particular. Mediante la estandarización de la expresión génica normalizada, los índices de riesgo para los genes son comparables y reflejan el riesgo relativo para cada desviación estándar de la expresión génica.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

El experto en la materia reconocerá que se encuentran disponibles una diversidad de métodos estadísticos que son adecuados para comparar el nivel de expresión de un gen (u otra variable) en dos grupos y determinar la significación estadística de las diferencias de nivel de expresión que se encuentran (véanse, por ejemplo, H. Motulsky, *Intuitive Biostatistics* (Oxford University Press, 1995); D. Freedman, *Statistics* (WW Norton & Co, 4ª edición, 2007)). Por ejemplo, se puede ajustar un modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox a un punto final clínico particular de tiempo a suceso (por ejemplo, RFI, OS). Una suposición del modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox es la suposición de riesgos proporcionales, es decir, la suposición de que los efectos del modelo multiplican el peligro subyacente. Se pueden llevar a cabo evaluaciones de la idoneidad del modelo que incluyen, pero no se limitan a, examen de la suma acumulativa de residuos de martingala. El experto en la materia reconocerá que existen numerosos métodos estadísticos que se pueden usar (por ejemplo, Royston y Parmar (2002), suavizado de *splines*, etc.) para ajustarse a un modelo paramétrico flexible utilizando la escala de riesgo y la distribución de Weibull con suavizado por *splines* natural del logaritmo de la función de riesgo acumulado, permitiéndose que los efectos dependan del tiempo (véase, P. Royston, M. Parmar, *Statistics in Medicine* 21 (15:2175-2197 (2002)). La relación entre el riesgo de recidiva y (1) los grupos de riesgo de recidiva; y (2) las covariables clínicas/patológicas (por ejemplo, estadio tumoral, grado tumoral, presencia de necrosis, invasión linfática o vascular, etc.) también se puede someter a ensayo para su significación. Algunos ejemplos adicionales de modelos incluyen modelos de regresión logística o logística ordinal en los que se puede evaluar la asociación entre la expresión génica y los puntos finales clínicos dicotómicos (para logística) u ordinales (para logística ordinal) (es decir, estadio, necrosis, grado) (véase, por ejemplo, D. Hosmer y S. Lemeshow, *Applied Logistic Regression* (John Wiley & Sons, 1989)).

En aspectos a modo de ejemplo, los resultados se ajustaron para múltiples ensayos de hipótesis, y permitieron una tasa de descubrimiento falso (FDR) de un 10 %, utilizando el procedimiento de Storey, y utilizando TDRAS con clases separadas (M. Crager, Gene identification using true discovery rate degree of association sets and estimates corrected for regression to the mean, *Statistics in Medicine* (publicado en línea en diciembre de 2009). En otro aspecto, los genes con asociación significativa con RFI se identificaron mediante técnicas de validación cruzada en las que se empleó regresión PH de Cox gradual directa usando un subconjunto de factores identificados a través del Análisis de componentes principales (PCA).

Los métodos para calcular coeficientes de correlación, en particular el coeficiente de correlación producto-momento de Pearson se conocen en la técnica (véase, por ejemplo, J. Rodgers y W. Nicewander, *The American Statistician*, 42, 59-66 (1988); H. Motulsky, H., *Intuitive Biostatistics* (Oxford University Press, 1995)). Para llevar a cabo procesos biológicos particulares, los genes trabajan a menudo conjuntamente de manera concertada, es decir, se coexpresan. Los grupos de genes coexpresados identificados para un proceso de enfermedad como el cáncer pueden servir como biomarcadores para la evolución de la enfermedad y la respuesta al tratamiento. Tales genes coexpresados se pueden analizar en lugar de, o además de, someter a ensayo el gen pronóstico y/o predictivo con el que se coexpresan.

Los métodos de análisis de coexpresión pueden incorporar, por ejemplo, coeficientes de correlación, análisis de red de coexpresión, análisis de grupos, etc. y se pueden basar en datos de expresión de RT-PCR, micromatrices, secuenciación, y otras tecnologías similares. Por ejemplo, las agrupaciones de expresión génica se pueden identificar mediante el análisis por pares de la correlación basada en los coeficientes de correlación de Pearson o Spearman (véanse, por ejemplo, Pearson K. y Lee A., *Biometrika* 2, 357 (1902); C. Spearman, *Amer. J. Psychol* 15:72-101 (1904); J. Myers, A. Well, *Research Design and Statistical Analysis*, pág. 508 (2ª Ed., 2003)). En general, un coeficiente de correlación mayor o igual que 0,3 se considera estadísticamente significativo en un tamaño de muestra de al menos 20 (véase, por ejemplo, G. Norman, D. Streiner, *Biostatistics: The Bare Essentials*, 137-138 (3ª Ed. 2007)).

Todos los aspectos de la presente divulgación también se pueden poner en práctica de un modo tal que un número limitado de genes adicionales que se coexpresan con los genes desvelados, por ejemplo, como evidencian coeficientes de correlación de Pearson elevados, se incluyan en un ensayo pronóstico o predictivo además de y/o en lugar de los genes desvelados.

Habiendo descrito la invención, la misma se entenderá con mayor facilidad por referencia a los siguientes Ejemplos, que se proporcionan a modo de ilustración, y no se pretende que limiten la invención en modo alguno.

EJEMPLOS

Se llevaron a cabo dos estudios para demostrar la viabilidad de la caracterización de la expresión génica a partir de tumores renales obtenidos de pacientes con carcinoma de células renales (véase el resumen de M. Zhou, *et al.*, Optimized RNA extraction and RT-PCR assays provide successful molecular analysis on a wide variety of archival fixed tissues, AACR Annual Meeting (2007)).

Diseño del estudio

Se obtuvo tejido de tumor renal de aproximadamente 1200 pacientes de la base de datos de la Cleveland Clinic Foundation (CCF). Esta base de datos consiste en pacientes que se diagnosticaron con carcinoma renal, de tipo de células claras, en estadio I, II y III entre los años 1985 y 2003, que tenían disponibles bloques de tumor incluido en parafina (PET) y seguimiento clínico adecuado, y que no se trataron con terapia sistémica adyuvante/neoadyuvante. Los pacientes con enfermedad de VHL heredada o tumores bilaterales también se excluyeron. Los tumores se graduaron usando (1) el sistema de graduación de Fuhrman como se indica en la Clasificación de tumores de la Organización Mundial de la Salud: Patología y genética: Tumores del sistema urinario y los órganos genitales masculinos; y (2) el sistema de graduación de Fuhrman modificado (Tabla 1). En general, si no se espera ni observa ninguna implicación ganglionar para los pacientes, la inspección de la implicación ganglionar no se lleva a cabo y se indica Nx. En este estudio Nx se trató como N0 con fines de clasificación de estadio. Se evaluó cuantitativamente la expresión de 732 genes para cada muestra de tejido de paciente.

Tabla 1: Sistema de graduación de Fuhrman

	Grado Fuhrman (Modificado)	Grado Fuhrman (OMS)
1	Núcleos pequeños como linfocitos con cromatina condensada	Núcleos pequeños, redondos, uniformes (~10 µm); nucleolos ausentes o discretos (a 400x)
2	Núcleos pequeños como linfocitos con cromatina condensada y otros núcleos que demuestran cromatina engrosada, abierta	Núcleos más grandes (~15 µm) con contorno irregular; nucleolos pequeños presentes (a 400x)
3	Todos los núcleos con cromatina abierta	Núcleos más grandes (aproximándose a 20 µm) con contorno más irregular; nucleolos prominentes presentes (a 100x)
4	Núcleos extraños grandes	Características de grado 3 con núcleos pleomórficos o multilobulados, con o sin células del huso mitótico

Criterios de inclusión

- (1) Pacientes que se sometieron a nefrectomía en CCF y que tienen un mínimo de 6 meses de seguimiento clínico o tienen RCC recurrente, documentados en el cuadro clínico, la base de datos o el registro.
- (2) Diagnosticados con RCC, de tipo de células claras, estadios I, II o III.
- (3) Bloques renales fijados en formalina, líquido de Hollander o fijador Zenkers.

Criterios de exclusión

- (1) No hay ningún bloque tumoral disponible desde el diagnóstico inicial en el archivo de la Clínica Cleveland.
- (2) No hay tumor o muy poco tumoral (<5 % del área de las células cancerígenas invasivas) en el bloque según se evalúa mediante examen del portaobjetos teñido con Hollander y/o hematoxilina y eosina (H & E).
- (3) Valores de umbral de ciclo (Ct) altos de los genes de referencia. Todas las muestras independientemente de su cantidad de ARN se someterán a ensayo mediante RT-qPCR, pero solo se analizarán las placas en las que el Ct promedio de los genes de referencia sea inferior a 35.
- (4) Pacientes con enfermedad de VHL hereditaria y/o tumores bilaterales
- (5) Pacientes que recibieron terapia sistémica neoadyuvante o adyuvante.

Concordancia para factores clínicos y patológicos

Dos laboratorios de patología distintos llevaron a cabo análisis de varios factores clínicos y patológicos utilizando las mismas medidas estandarizadas. El nivel de concordancia, mediante covariable, se proporciona a continuación en la Tabla 2. Para los fines del análisis estadístico, se usó la determinación de uno solo de los laboratorios centrales.

Tabla 2: Concordancia entre dos laboratorios centrales para covariables clínicas/patológicas

Covariable	Método de análisis	Concordancia
Presencia de necrosis	Técnica microscópica de Leibovich BC <i>et al.</i> (2003) Cancer 97(3), 1663-1671.	47 %

(continuación)

Covariable	Método de análisis	Concordancia
Grado tumoral	Fuhrman	65 %

Panel génico de perfil de expresión

5 El ARN de muestras de tejido incluido en parafina (PET) de 942 pacientes que cumplieron todos los criterios de inclusión/exclusión se extrajo usando protocolos optimizados para tejido renal fijado y se llevaron a cabo ensayos moleculares de expresión génica cuantitativa usando RT-PCR TaqMan®. RT-PCR se llevó a cabo con una entrada de ARN de 1,0 ng por 5 µl de volumen de reacción usando dos placas de 384 pocillos.

10 El análisis por RT-PCR de las muestras de PET se llevó a cabo usando 732 genes. Estos genes se evaluaron para asociación con los puntos finales primario y secundario, intervalo sin recidiva (RFI), supervivencia sin enfermedad (DFS) y supervivencia global (OS).

15 Todos los análisis primarios y secundarios se llevaron a cabo con niveles de expresión génica normalizados de referencia usando la media de los genes de referencia para la normalización. Se sometieron a ensayo tres esquemas de normalización usando AAMP, ARF1, ATP5E, EEF1A1, GPX1, RPS23, SDHA, UBB, y RPLP1. Algunos o todos los demás genes en el panel de ensayo se usaron en análisis de esquemas de normalización alternativos.

20 De los 732 genes, 647 se consideraron evaluables para consideración adicional. Los análisis de resultados de los 647 genes evaluables se ajustaron para múltiples ensayos de hipótesis, permitiendo una tasa de descubrimiento falso (FDR) de un 10 %, usando el procedimiento de Storey y usando el Grado de descubrimiento verdadero de conjuntos de asociación (TDRDAS) con clases separadas (M. Crager, Gene identification using true discovery rate degree of association sets and estimates corrected for regression to the mean, Statistics in Medicine 29:33-45 (2009)). Sin ajustar para covariables de línea de base y sin controlar el FDR, se identificó un subconjunto de 448 genes (69 %) asociados significativamente con RFI ($p \leq 0,05$). Se llevó a cabo un análisis adicional usando un análisis supervisado de componentes principales (PCA) en un subconjunto de 188 genes que tienen una unión inferior máxima (MLB) $> 1,2$ usando el análisis TDRDAS, controlando el FDR pero sin tener en cuenta las clases separadas. Los 10 factores principales se modificaron manteniendo los genes con altas cargas de factor (carga/carga máxima $> 0,7$). Los 10 factores principales modificados se pusieron en una validación cruzada de 5 veces para evaluar el rendimiento de los grupos de genes e identificar los factores que aparecían con mayor frecuencia.

35 Los genes que tuvieron una asociación significativa ($p \leq 0,05$) a riesgo de recidiva se enumeran en las Tablas 3a y 3b, en las que los genes que están asociados positivamente a un buen pronóstico (es decir, la expresión aumentada indica un menor riesgo de recidiva) se enumeran en la Tabla 3a. Los genes que están asociados negativamente a un buen pronóstico (es decir, la expresión aumentada indica un mayor riesgo de recidiva) se enumeran en la Tabla 3b. Los genes que están asociados, positiva o negativamente, a un buen pronóstico, pero no asociados a las covariables clínicas/patológicas son BBC3, CCR7, CCR4 y VCAN. Además, los genes asociados positivamente a un buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas y patológicas (estadio, grado tumoral, tamaño tumoral, estado ganglionar, y presencia de necrosis) se enumeran en la Tabla 8a. Los genes asociados negativamente a un buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas/patológicas se enumeran en la Tabla 8b. De los genes enumerados en las Tablas 8a y 8b, los 16 genes con asociación significativa, positiva o negativa, a un buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas y patológicas y controlar la tasa de descubrimiento falso al 10 %, se enumeran en la Tabla 9.

45 Para la mayoría de estos genes asociados significativamente a RFI ($p \leq 0,05$) (82 %), la expresión aumentada está asociada a un buen pronóstico. La mayoría de los genes asociados significativamente a RFI mostraron consistencia entre (1) los estadios (I-III); (2) los puntos finales primario y secundario (RFI y OS). Véanse, por ejemplo, las Figuras 1 y 2, respectivamente.

50 A partir de este análisis, ciertos subconjuntos de genes surgieron como asociados significativamente a recidiva y supervivencia global. Por ejemplo, la expresión aumentada de genes de angiogénesis (por ejemplo, EMCN, PPAP2B, NOS3, NUDT6, PTPRB, SNRK, APOLD1, PRKCH, y CEACAM1), genes de adhesión celular/matriz extracelular (por ejemplo, ITGB5, ITGB1, A2M, TIMP3), genes de respuesta inmune (por ejemplo, CCL5, CCXL9, CCR7, IL8, IL6, y CX3CL1), y genes de ciclo celular (por ejemplo, BUB1, TPX2), apoptosis (por ejemplo, CASP10), y transporte (AQP1), se asoció fuertemente, positiva o negativamente, a RFI.

60 Además, se identificó que ciertos genes que están asociados a rutas fijadas como diana por fármacos para cáncer renal (sunitinib, sorafenib, temsirolimus, bevacizumab, everolimus, pazopanib) tenían una asociación significativa con el resultado, incluyendo: KIT, PDGFA, PDGFB, PDGFC, PDGFD, PDGFRb, KRAS, RAF1, MTOR, HIF1AN, VEGFA, VEGFB, y FLT4.

Se determinó que la presencia de necrosis en estos tumores estaba asociada a un mayor riesgo de recidiva, al menos en los primeros 4 años después de la cirugía. Véase la Figura 3. Sin embargo, el efecto pronóstico de la necrosis después del año 4 fue insignificante.

5 También se determinó que la expresión de ciertos genes se correlacionaba, positiva o negativamente, con factores patológicos y/o clínicos ("genes *proxy*"). Por ejemplo, la expresión aumentada de los genes *proxy* enumerados en las Tablas 4a-7b correlaciona, positiva o negativamente, con el estadio tumoral, el grado tumoral, la presencia de necrosis, y la invasión ganglionar, respectivamente. En las Tablas 4a-7b, la expresión génica se normalizó y a
10 continuación se estandarizó de un modo tal que la razón de probabilidades (OR) refleja un cambio de una desviación estándar en la expresión génica.

A partir de estos, se identificaron genes clave como buenos *proxy* para covariables de línea basal (estadio, grado, necrosis), incluyendo TSPAN7, TEK, LDB2, TIMP3, SHANK3, RGS5, KDR, SDPR, EPAS1, ID1, TGFB2, FLT4, SDPR, ENDRB, JAG1, DLC1, y KL. Varios de estos genes se encuentran en la ruta inducida por hipoxia: SHANK3,
15 RGS5, EPAS1, KDR, JAG1, TGFB2, FLT4, SDPR, DLC1, EDNRB.

Las Figuras 4-7 proporcionan una comparación de la estratificación de pacientes (riesgo bajo, intermedio, o alto) obtenida aplicando la herramienta de pronóstico de Mayo (descrita en Leibovich *et al.* "prediction of progression after radical nephrectomy for patients with clear cell renal cell carcinoma" (2003) Cancer 97:1663-1671) de datos de
20 expresión de CCF. Como se muestra en la Figura 4, la herramienta de pronóstico de Mayo sola proporciona la estratificación en tres poblaciones de riesgo bajo (93 % sin recidiva en 5 años), riesgo intermedio (79 % sin recidiva en 5 años), y riesgo alto (36 % sin recidiva en 5 años). Por el contrario, el uso de datos de expresión de un solo gen (como se muestra a modo de ejemplo con EMCN (Figura 5.), AQP1 (Figura 6), o PPAP2B (Figura 7)) permitió una
25 estratificación más detallada de pacientes de acuerdo con el riesgo.

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
YB-1.2	YBX1	<0,0001	0,75	IGF1R.3	IGF1R	<0,0001	0,58
XIAP.1	XIAP	0,0009	0,81	IFI27.1	IFI27	0,0205	0,85
WWOX.5	WWOX	<0,0001	0,71	ID3.1	ID3	<0,0001	0,69
VWF.1	VWF	<0,0001	0,61	ID2.4	ID2	<0,0001	0,75
VEGF.1	VEGFA	<0,0001	0,75	ID1.1	ID1	<0,0001	0,55
VCAM1.1	VCAM1	<0,0001	0,66	ICAM2.1	ICAM2	<0,0001	0,64
USP34.1	USP34	0,0003	0,79	HYAL2.1	HYAL2	<0,0001	0,60
UMOD.1	UMOD	<0,0001	0,68	HYAL1.1	HYAL1	<0,0001	0,58
UGCG.1	UGCG	<0,0001	0,71	HSPG2.1	HSPG2	<0,0001	0,60
UBB.1	UBB	<0,0001	0,62	HSD11B2.1	HSD11B2	<0,0001	0,63
UBE1C.1	UBA3	0,0003	0,79	Hepsina.1	HPN	0,0001	0,76
TS.1	TYMS	0,0056	0,83	HPCAL1.1	HPCAL1	0,0031	0,82
tusc4.2	TUSC4	<0,0001	0,76	HMGB1.1	HMGB1	<0,0001	0,67
TSPAN7.2	TSPAN7	<0,0001	0,52	HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	<0,0001	0,70
TSC2.1	TSC2	0,0043	0,82	HIF1AN.1	HIF1AN	<0,0001	0,77
TSC1.1	TSC1	<0,0001	0,71	HDAC1.1	HDAC1	0,0003	0,78
P53.2	TP53	0,0008	0,81	HAVCR1.1	HAVCR1	0,0003	0,79
TOP2B.2	TOP2B	0,0001	0,80	HADH.1	HADH	<0,0001	0,68
TNFSF12.1	TNFSF12	<0,0001	0,68	GZMA.1	GZMA	0,0125	0,84
TRAIL. 1	TNFSF10	0,0065	0,83	GSTp.3	GSTP1	<0,0001	0,76
TNFRSF11 B.1	TNFRSF11B	0,0002	0,78	GSTM3.2	GSTM3	<0,0001	0,70
TNFRSF10D.1	TNFRSF10D	<0,0001	0,76	GSTM1.1	GSTM1	<0,0001	0,72
DR5.2	TNFRSF10B	<0,0001	0,75	GRB7.2	GRB7	<0,0001	0,74

(continuación)

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
TNFAIP6.1	TNFAIP6	0,0005	0,79	GPX3.1	GPX3	<0,0001	0,75
TMEM47.1	TMEM47	<0,0001	0,57	GJA1.1	GJA1	0,0049	0,84
TMEM27.1	TMEM27	<0,0001	0,58	GFRA1.1	GFRA1	0,0003	0,77
TLR3.1	TLR3	<0,0001	0,72	GCLC.3	GCLC	<0,0001	0,68
TIMP3.3	TIMP3	<0,0001	0,50	GBP2.2	GBP2	0,0156	0,85
TIMP2.1	TIMP2	<0,0001	0,73	GATM.1	GATM	<0,0001	0,66
THBS1.1	THBS1	0,0002	0,79	GATA3.3	GATA3	0,0001	0,75
TGFBR2.3	TGFBR2	<0,0001	0,54	FOS.1	FOS	<0,0001	0,74
TGFBR1.1	TGFBR1	<0,0001	0,71	FOLR1.1	FOLR1	0,0003	0,79
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,65	FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,54
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,70	FLT3LG.1	FLT3LG	0,0001	0,73
TEK.1	TEK	<0,0001	0,47	FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,59
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,62	FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,72
TAP1.1	TAP1	0,0024	0,82	FIGF.1	FIGF	0,0014	0,76
TAGLN.1	TAGLN	<0,0001	0,70	FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,68
TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,72	FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,73
SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,72	FH.1	FH	<0,0001	0,73
STK11.1	STK11	<0,0001	0,76	FGFR2 Isoforma 1.1	FGFR2	<0,0001	0,70
STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,71	FGFR1.3	FGFR1	0,0001	0,77
STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,72	FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,73
STAT3.1	STAT3	0,0016	0,80	FGF1.1	FGF1	0,0015	0,78
SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,68	FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,69
SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,71	FBXW7.1	FBXW7	0,0001	0,75

(continuación)

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
SPARC. 1	SPARC	0,0009	0,80	fas.1	FAS	<0,0001	0,73
SOD1.1	SOD1	0,0114	0,84	FABP1.1	FABP1	0,0455	0,86
SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,54	ESRRG.3	ESRRG	0,0008	0,79
SNAI1.1	SNAI1	0,0055	0,82	ERG.1	ERG	<0,0001	0,60
MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,60	ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,78
MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,64	ErbB3.1	ERBB3	0,0001	0,77
SLC34A1.1	SLC34A1	0,0004	0,76	HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,65
SLC22A6.1	SLC22A6	0,0003	0,77	EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,64
SKIL.1	SKIL	0,0004	0,79	EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,58
SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,53	EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,55
SGK.1	SGK1	<0,0001	0,67	ENPP2.1	ENPP2	0,0090	0,84
FRP1.3	SFRP1	0,0355	0,86	ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,74
SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,67	CD105.1	ENG	<0,0001	0,60
SELENBP1.1	SELENBP1	0,0016	0,81	EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,71
SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,51	EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,43
SDHA.1	SDHA	0,0003	0,77	ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,76
SCNN1A.2	SCNN1A	0,0134	0,83	EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,67
SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,68	EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,72
KIAA1303 raptor. 1	RPTOR	<0,0001	0,77	EGLN3.1	EGLN3	0,0002	0,80
RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,73	EGFR.2	EGFR	0,0005	0,80
RPS6KAI.1	RPS6KAI	0,0291	0,86	EFNB2.1	EFNB2	<0,0001	0,64
RPS23.1	RPS23	<0,0001	0,73	EFNB1.2	EFNB1	<0,0001	0,68
ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,66	EEF1A1.1	EEF1A1	<0,0001	0,64

(continuación)

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,58	EDNRB.1	EDNRB	<0,0001	0,56
RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,64	EDN2.1	EDN2	0,0005	0,77
rhoC.1	RHOC	0,0213	0,86	EDN1 endotelina. 1	EDN1	<0,0001	0,62
RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,63	EBAG9.1	EBAG9	0,0041	0,82
ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,64	DUSP1.1	DUSP1	0,0029	0,82
RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,52	DPYS.1	DPYS	0,0112	0,84
FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,51	DPEP1.1	DPEP1	<0,0001	0,64
NFKBp65.3	RE LA	0,0027	0,82	DLL4.1	DLL4	<0,0001	0,76
RB1.1	RB1	<0,0001	0,73	DLC1.1	DLC1	<0,0001	0,55
RASSF1.1	RASSF1	0,0040	0,83	DKFZP564O082 3.1	DKFZP564 O0823	<0,0001	0,62
RARB.2	RARB	<0,0001	0,57	DICER1.2	DICER1	<0,0001	0,71
RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,73	DIAPH1.1	DIAPH1	0,0009	0,80
RAF 1.3	RAF1	0,0008	0,81	DIABLO.1	DIABLO	0,0134	0,84
PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,57	DHPS.3	DHPS	<0,0001	0,70
PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,51	DET1.1	DET1	<0,0001	0,74
PTN.1	PTN	<0,0001	0,71	DEFB1.1	DEFB1	0,0025	0,81
PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,61	DDC.1	DDC	<0,0001	0,68
PTHR1.1	PTHR1R	<0,0001	0,55	DCXR.1	DCXR	0,0081	0,83
PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,74	DAPK1.3	DAPK1	<0,0001	0,60
PSMB9.1	PSMB9	0,0025	0,82	CYR61.1	CYR61	<0,0001	0,70
PSMB8.1	PSMB8	0,0239	0,85	CYP3A4.2	CYP3A4	0,0380	0,86
PRSS8.1	PRSS8	<0,0001	0,71	CXCL9.1	CXCL9	0,0362	0,87
PRPS2.1	PRPS2	0,0156	0,85	CXCL12.1	CXCL12	<0,0001	0,69

(continuación)

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,63	CX3CR1.1	CX3CR1	<0,0001	0,72
PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,77	CX3CL1.1	CX3CL1	<0,0001	0,58
PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,59	CUL1.1	CUL1	0,0003	0,80
PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,50	CUBN.1	CUBN	<0,0001	0,61
PLG.1	PLG	<0,0001	0,70	CTSS.1	CTSS	0,0016	0,82
PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,64	CTSH.2	CTSH	<0,0001	0,78
PLA2G4C.1	PLA2G4C	<0,0001	0,67	B-Catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,74
PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,75	A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,77
PI3K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,56	CTGF.1	CTGF	0,0004	0,79
PFKP.1	PFKP	0,0067	0,84	CSF1R.2	CSF1R	0,0015	0,82
CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,60	CSF1.1	CSF1	0,0016	0,81
PDZK3.1	PDZK3	0,0005	0,77	CRADD.1	CRADD	0,0021	0,81
PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,69	COL4A2.1	COL4A2	0,0016	0,80
PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,74	COL18A1.1	COL18A1	0,0007	0,79
PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,58	CLU.3	CLU	0,0151	0,85
PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,66	CLDN7.2	CLDN7	0,0023	0,81
PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,63	CLDN10.1	CLDN10	<0,0001	0,69
PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,75	CLCNKB.1	CLCNKB	0,0002	0,74
PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,65	CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,65
PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,66	CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,59
PARD6A.1	PARD6A	0,0001	0,76	p27.3	CDKN1B	0,0018	0,83
Pak1.2	PAK1	0,0011	0,81	p21.3	CDKN1A	0,0027	0,81
PAH.1	PAH	0,0296	0,86	CDH6.1	CDH6	<0,0001	0,75

(continuación)

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor $p \leq 0,05$)						
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR
OGG1.1	OGG1	0,0051	0,84	CDH5.1	CDH5	<0,0001
BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,54	CDH16.1	CDH16	<0,0001
NRG1.3	NRG1	0,0049	0,81	CDH13.1	CDH13	<0,0001
NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,73	CD4.1	CD4	0,0009
NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,73	CD36.1	CD36	<0,0001
NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,70	CD34.1	CD34	<0,0001
NOTCH2.1	NOTCH2	0,0040	0,84	CCR7.1	CCR7	0,0271
NOTCH 1.1	NOTCH 1	<0,0001	0,64	CCR4.2	CCR4	0,0106
NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,55	CCND1.3	CCND1	<0,0001
NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,66	CCL4.2	CCL4	0,0012
NOL3.1	NOL3	0,0132	0,85	MCP1.1	CCL2	<0,0001
NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,67	CAT.1	CAT	<0,0001
NFKBp50.3	NFKB1	0,0001	0,77	CASP6.1	CASP6	0,0369
NFATC2.1	NFATC2	0,0003	0,78	CASP10.1	CASP10	<0,0001
NFAT5.1	NFAT5	0,0010	0,82	CALD1.2	CALD1	<0,0001
MYRIP.2	MYRIP	0,0002	0,75	CA9.3	CA9	0,0035
MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,61	CA2.1	CA2	0,0006
cMYC.3	MYC	0,0002	0,79	C7.1	C7	0,0030
MVP.1	MVP	0,0052	0,83	ECRG4.1	C2orf40	<0,0001
MUC1.2	MUC1	0,0405	0,87	C13orf15.1	C13orf15	<0,0001
FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,75	BUB3.1	BUB3	0,0002
MSH3.2	MSH3	<0,0001	0,75	BTRC.1	BTRC	0,0006
MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,71	CIAP1.2	BIRC2	0,0030

(continuación)

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor p ≤0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
GBL.1	MLST8	0,0246	0,87	BIN1.3	BIN1	0,0005	0,80
MIF.2	MIF	0,0012	0,80	BGN.1	BGN	<0,0001	0,76
MICA.1	MICA	<0,0001	0,71	BCL2L12.1	BCL2L12	0,0322	0,86
MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,68	Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,74
MCM3.3	MCM3	0,0188	0,85	Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,57
MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,71	BBC3.2	BBC3	0,0449	0,87
MARCKS.1	MARCKS	0,0301	0,87	BAG 1.2	BAG1	<0,0001	0,64
ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,65	BAD.1	BAD	0,0076	0,85
ERK2.3	MAPK1	0,0005	0,79	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	0,0001	0,71
MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,65	ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,75
MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,69	ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,62
MAP2K1.1	MAP2K1	0,0046	0,83	ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,66
MAL2.1	MAL2	0,0001	0,76	AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,50
MAL.1	MAL	<0,0001	0,66	APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,57
LYZ.1	LYZ	0,0458	0,88	APC.4	APC	<0,0001	0,73
LTF.1	LTF	0,0005	0,76	ANXA4.1	ANXA4	0,0018	0,81
LRP2.1	LRP2	<0,0001	0,67	ANXA1.2	ANXA1	0,0009	0,80
LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,74	ANTXR1.1	ANTXR1	0,0043	0,82
LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,52	ANGPTL4.1	ANGPTL4	0,0033	0,84
LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,71	ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0003	0,75
LAMA4.1	LAMA4	0,0279	0,86	ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,57
KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,68	ALDOB.1	ALDOB	<0,0001	0,62
K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,72	ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,63

(continuación)

Tabla 3a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR				
KL.1	KL	<0,0001	0,55	ALDH4.2	ALDH4A1	0,0172	0,85
Klting.4	KITLG	<0,0001	0,67	AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,57
c-kit.2	KIT	<0,0001	0,72	AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,75
KDR.6	KDR	<0,0001	0,54	AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,71
KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,63	AIF1.1	AIF1	0,0349	0,87
HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,64	AHR.1	AHR	<0,0001	0,74
G-Catenina. 1	JUP	<0,0001	0,64	AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,57
AP-1 (JUN oficial).2	JUN	0,0001	0,76	ADH1B.1	ADH1B	0,0002	0,77
JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,55	ADFP.1	ADFP	0,0332	0,88
ITGB1.1	ITGB1	0,0085	0,83	ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,58
ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,66	ADAMTS5.1	ADAMTS5	0,0010	0,78
ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,63	ADAMTS1.1	ADAMTS1	0,0056	0,83
ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,74	ACE2.1	ACE2	<0,0001	0,62
ITGA3.2	ITGA3	0,0002	0,79	ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,71
IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,69	BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,58
INSR.1	INSR	<0,0001	0,67	MRP4.2	ABCC4	<0,0001	0,74
IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,69	MRP3.1	ABCC3	0,0107	0,85
IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,66	MRP1.1	ABCC1	<0,0001	0,75
IL15.1	IL15	<0,0001	0,70	ABCB1.5	ABCB1	0,0093	0,84
IGFBP6.1	IGFBP6	0,0004	0,79	NPD009 (ABAT oficial).3	ABAT	0,0001	0,76
IGFBP3.1	IGFBP3	0,0394	0,87	AAMP.1	AAMP	0,0008	0,80
IGFBP2.1	IGFBP2	0,0134	0,84	A2M.1	A2M	<0,0001	0,56

Tabla 3b: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo superior de recidiva de cáncer (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
WT1.1	WT1	0,0002	1,25	LGALS1.1	LGALS1	0,0017	1,25
VTN.1	VTN	0,0097	1,17	LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,34
VDR.2	VDR	0,0031	1,22	LAMB1.1	LAMB1	0,0014	1,25
VCAN.1	VCAN	0,0036	1,22	L1CAM.1	L1CAM	0,0199	1,16
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	1,38	IL-8.1	IL8	<0,0001	1,53
C20 orf1.1	TPX2	<0,0001	1,76	IL6.3	IL6	<0,0001	1,41
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	1,39	ICAM1.1	ICAM1	0,0013	1,23
TK1.2	TK1	0,0018	1,22	HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0066	1,21
TIMP1.1	TIMP1	0,0259	1,16	FN1.1	FN1	0,0105	1,19
TGFBI.1	TGFBI	0,0004	1,26	F3.1	F3	<0,0001	1,31
SQSTM1.1	SQSTM1	0,0089	1,20	F2.1	F2	<0,0001	1,30
OPN, osteopontina .3	SPP1	<0,0001	1,43	ESPL1.3	ESPL1	0,0155	1,17
SPHK1.1	SPHK1	0,0025	1,22	EPHB2.1	EPHB2	0,0456	1,14
SLC7A5.2	SLC7A5	<0,0001	1,38	EPHB1.3	EPHB1	0,0007	1,22
SLC2A1.1	SLC2A1	0,0010	1,26	ENO2.1	ENO2	<0,0001	1,38
SLC16A3.1	SLC16A3	<0,0001	1,38	EIF4EBP1.1	EIF4EBP1	0,0098	1,19
SLC13A3.1	SLC13A3	0,0192	1,16	CXCR4.3	CXCR4	0,0066	1,21
SHC1.1	SHC1	0,0086	1,19	GRO1.2	CXCL1	<0,0001	1,30
SFN.1	SFN	0,0001	1,26	CTSB.1	CTSB	0,0233	1,17
SERPINA5.1	SERPINA5	0,0462	1,13	CRP.1	CRP	0,0314	1,13
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	1,45	CP.1	CP	0,0002	1,32
SAA2.2	SAA2	<0,0001	1,59	COL7A1.1	COL7A1	0,0003	1,24
S100A1.1	S100A1	0,0348	1,16	COL1A1.1	COL1A1	0,0029	1,23
RRM2.1	RRM2	0,0002	1,27	Chk1.2	CHEK1	0,0002	1,26
RPLP1.1	RPLP1	0,0049	1,22	CENPF.1	CENPF	<0,0001	1,36
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	1,45	CD82.3	CD82	0,0009	1,25
COX2.1	PTGS2	0,0013	1,22	CD44s.1	CD44_s	0,0065	1,21
PLAUR.3	PLAUR	<0,0001	1,33	CCNE1.1	CCNE1	0,0098	1,17
PF4.1	PF4	0,0034	1,20	CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	1,42
PCSK6.1	PCSK6	0,0269	1,17	CCL20.1	CCL20	0,0029	1,22
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,33	CA12.1	CA12	<0,0001	1,48
MT1X.1	MT1X	0,0070	1,20	C3.1	C3	0,0176	1,18
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,54	BUB1.1	BUB1	<0,0001	1,59

(continuación)

Tabla 3b: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo superior de recidiva de cáncer (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox de variable única (sin ajuste por covariables) con RFI	
		Valor p para HR	HR			Valor p para HR	HR
MMP7.1	MMP7	0,0312	1,15	SURV.2	BIRC5	<0,0001	1,37
MMP14.1	MMP14	<0,0001	1,47	ciAP2.2	BIRC3	0,0484	1,15
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,33	BCL2A1.1	BCL2A1	0,0483	1,11
mGST1.2	MGST1	<0,0001	1,38	STK15.2	AURKA	0,0002	1,28
MDK.1	MDK	0,0001	1,31	ANXA2.2	ANXA2	0,0315	1,16
LOX.1	LOX	<0,0001	1,42	ALOX5.1	ALOX5	0,0473	1,14
LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	1,40	ADAM8.1	ADAM8	0,0002	1,29
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	1,43	MRP2.3	ABCC2	0,0004	1,28

Tabla 4a: Genes proxy para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral superior (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR			Valor p	OR
WT1.1	WT1	<0,0001	1,41	LAMA3.1	LAMA3	0,0121	1,22
VTN.1	VTN	0,0007	1,29	L1CAM.1	L1CAM	0,0091	1,22
VDR.2	VDR	0,0065	1,25	ISG20.1	ISG20	0,0006	1,34
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	1,61	IL-8.1	IL8	<0,0001	1,89
TSPAN8.1	TSPAN8	0,0072	1,23	IL6.3	IL6	<0,0001	1,68
C20 orf1.1	TPX2	<0,0001	1,89	IGF1.2	IGF1	0,0214	1,20
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	1,55	ICAM1.1	ICAM1	<0,0001	1,42
TK1.2	TK1	0,0001	1,34	HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0005	1,33
TIMP1.1	TIMP1	0,0021	1,29	GPX2.2	GPX2	0,0129	1,22
TGFBI.1	TGFBI	0,0001	1,39	FN1.1	FN1	0,0002	1,36
OPN, osteopontina .3	SPP1	0,0001	1,38	FAP.1	FAP	0,0455	1,18
SLC7A5.2	SLC7A5	<0,0001	1,51	F3.1	F3	<0,0001	1,52
SLC2A1.1	SLC2A1	0,0081	1,24	F2.1	F2	<0,0001	1,79
SLC16A3.1	SLC16A3	<0,0001	1,46	ESPL1.3	ESPL1	0,0001	1,35
SFN.1	SFN	0,0001	1,36	EPB41 L3.1	EPB41L3	0,0067	1,24
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	1,42	ENO2.1	ENO2	0,0016	1,31
SELL.1	SELL	0,0313	1,19	EIF4EBP1.1	EIF4EBP1	0,0036	1,27

(continuación)

Tabla 4a: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral superior (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1			Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR				Valor p	OR
SAA2.2	SAA2	<0,0001	2,04		E2F1.3	E2F1	0,0017	1,27
RRM2.1	RRM2	<0,0001	1,47		DCN.1	DCN	0,0152	1,22
RPLP1.1	RPLP1	0,0007	1,33		CXCR6.1	CXCR6	0,0013	1,30
RAD51.1	RAD51	0,0010	1,31		BLR1.1	CXCR5	0,0232	1,19
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	1,61		CXCR4.3	CXCR4	0,0003	1,35
COX2.1	PTGS2	0,0011	1,29		GRO1.2	CXCL1	0,0005	1,31
PTGIS.1	PTGIS	0,0034	1,27		CTSB.1	CTSB	0,0110	1,24
PLAUR.3	PLAUR	<0,0001	1,51		CRP.1	CRP	0,0002	1,31
PF4.1	PF4	0,0027	1,26		CP.1	CP	0,0008	1,34
PDGFRa.2	PDGFRA	0,0480	1,17		COL7A1.1	COL7A1	0,0010	1,28
PCSK6.1	PCSK6	0,0041	1,27		COL1A1.1	COL1A1	0,0001	1,40
NNMT.1	NNMT	0,0003	1,34		Chk2.3	CHEK2	0,0050	1,27
NME2.1	NME2	0,0028	1,28		Chk1.2	CHEK1	<0,0001	1,43
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,50		CENPF.1	CENPF	<0,0001	1,55
MT1X.1	MT1X	0,0192	1,21		CD82.3	CD82	0,0001	1,38
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,79		CD44s.1	CD44_s	0,0060	1,25
MMP7.1	MMP7	0,0252	1,20		CCNE2.2	CCNE2_2	0,0229	1,19
MMP14.1	MMP14	<0,0001	1,88		CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	1,60
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,48		CCL20.1	CCL20	0,0010	1,30
mGST1.2	MGST1	0,0004	1,37		CA12.1	CA12	<0,0001	1,66
MDK.1	MDK	<0,0001	1,42		C3.1	C3	0,0009	1,32
MDH2.1	MDH2	0,0321	1,19		BUB1.1	BUB1	<0,0001	1,82
LRRC2.1	LRRC2	0,0259	1,19		SURV.2	BIRC5	<0,0001	1,46
LOX.1	LOX	<0,0001	1,78		BCL2A1.1	BCL2A1	<0,0001	1,44
LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	1,82		STK15.2	AURKA	0,0002	1,36
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	1,46		APOL1.1	APOL1	0,0028	1,27
LAPTM5.1	LAPTM5	0,0102	1,23		ANXA2.2	ANXA2	0,0174	1,21
LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,53		ADAM8.1	ADAM8	<0,0001	1,58
LAMB1.1	LAMB1	0,0452	1,18		MRP2.3	ABCC2	<0,0001	1,45

Tabla 4b: Genes proxy para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR			Valor p	OR
YB-1.2	YBX1	<0,0001	0,63	IL-7.1	IL7	0,0444	0,85
XIAP.1	XIAP	<0,0001	0,62	IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,50
WWOX.5	WWOX	0,0042	0,79	IL15.1	IL15	<0,0001	0,67
WISP1.1	WISP1	0,0096	0,81	IGFBP6.1	IGFBP6	0,0001	0,73
VWF.1	VWF	<0,0001	0,46	IGFBP3.1	IGFBP3	0,0191	0,83
VEGF.1	VEGFA	<0,0001	0,63	IGF1R.3	IGF1R	<0,0001	0,48
VCAM1.1	VCAM1	<0,0001	0,55	ID3.1	ID3	<0,0001	0,54
USP34.1	USP34	0,0001	0,72	ID2.4	ID2	0,0008	0,77
UMOD.1	UMOD	<0,0001	0,47	ID1.1	ID1	<0,0001	0,34
UGCG.1	UGCG	<0,0001	0,68	ICAM2.1	ICAM2	<0,0001	0,58
UBB.1	UBB	<0,0001	0,54	HYAL2.1	HYAL2	<0,0001	0,41
UBE1C.1	UBA3	<0,0001	0,62	HYAL1.1	HYAL1	<0,0001	0,44
TS.1	TYMS	0,0010	0,76	HSPG2.1	HSPG2	<0,0001	0,44
tusc4.2	TUSC4	<0,0001	0,57	HSD11B2.1	HSD11B2	<0,0001	0,47
TUSC2.1	TUSC2	0,0295	0,83	Hepsina.1	HPN	0,0031	0,79
TSPAN7.2	TSPAN7	<0,0001	0,35	HPCAL1.1	HPCAL1	0,0004	0,75
TSC2.1	TSC2	<0,0001	0,66	HNRNPAB.3	HNRNPAB	0,0039	0,78
TSC1.1	TSC1	<0,0001	0,56	HMGB1.1	HMGB1	<0,0001	0,46
P53.2	TP53	<0,0001	0,67	HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	<0,0001	0,55
TOP2B.2	TOP2B	<0,0001	0,69	HIF1AN.1	HIF1AN	<0,0001	0,57
TNIP2.1	TNIP2	0,0359	0,85	HIF1A.3	HIF1A	0,0076	0,80
TNFSF12.1	TNFSF12	<0,0001	0,50	HGF.4	HGF	0,0067	0,80
TRAIL.1	TNFSF10	0,0011	0,77	HDAC1.1	HDAC1	<0,0001	0,61
TNFRSF11B. 1	TNFRSF11 B	<0,0001	0,63	HAVCR1.1	HAVCR1	0,0001	0,73
TNFRSF10D. 1	TNFRSF10D	<0,0001	0,57	HADH.1	HADH	<0,0001	0,62
DR5.2	TNFRSF10B	<0,0001	0,64	GSTT1.3	GSTT1	0,0112	0,82
TNFAIP6.1	TNFAIP6	0,0001	0,74	GSTp.3	GSTP1	<0,0001	0,64
TNF.1	TNF	0,0138	0,80	GSTM3.2	GSTM3	<0,0001	0,57
TMEM47.1	TMEM47	<0,0001	0,41	GSTM1.1	GSTM1	<0,0001	0,55
TMEM27.1	TMEM27	<0,0001	0,53	GRB7.2	GRB7	<0,0001	0,66
TLR3.1	TLR3	<0,0001	0,68	GRB14.1	GRB14	0,0123	0,81
TIMP3.3	TIMP3	<0,0001	0,39	GPX3.1	GPX3	0,0120	0,82
TIMP2.1	TIMP2	<0,0001	0,68	GNAS.1	GNAS	0,0003	0,74
THBS1.1	THBS1	<0,0001	0,65	GJA1.1	GJA1	0,0034	0,79
TGFBR2.3	TGFBR2	<0,0001	0,41	GFRA1.1	GFRA1	0,0164	0,82
TGFBR1.1	TGFBR1	<0,0001	0,59	GCLM.2	GCLM	0,0056	0,80

(continuación)

Tabla 4b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral inferior (valor p $\leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR			Valor p	OR
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,50	GCLC.3	GCLC	<0,0001	0,49
TGFB1.1	TGFB1	<0,0001	0,67	GBP2.2	GBP2	0,0388	0,84
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,63	GATM.1	GATM	<0,0001	0,59
TEK.1	TEK	<0,0001	0,34	GATA3.3	GATA3	0,0002	0,72
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,47	FOS.1	FOS	<0,0001	0,65
TAP1.1	TAP1	0,0017	0,77	FOLR1.1	FOLR1	<0,0001	0,65
TAGLN.1	TAGLN	0,0001	0,72	FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,37
TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,58	FLT3LG.1	FLT3LG	<0,0001	0,61
SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,56	FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,40
STK11.1	STK11	<0,0001	0,58	FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,47
STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,50	FIGF.1	FIGF	<0,0001	0,53
STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,60	FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,52
STAT3.1	STAT3	0,0001	0,72	FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,54
STAT1.3	STAT1	0,0344	0,84	FH.1	FH	<0,0001	0,67
SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,57	FGFR2 isoforma 1.1	FGFR2	<0,0001	0,62
SPAST.1	SPAST	0,0142	0,82	FGFR1.3	FGFR1	<0,0001	0,63
SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,59	FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,58
SPARC.1	SPARC	<0,0001	0,69	FGF1.1	FGF1	<0,0001	0,66
SOD1.1	SOD1	0,0245	0,83	FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,47
SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,35	FBXW7.1	FBXW7	<0,0001	0,66
SNAI1.1	SNAI1	<0,0001	0,70	fas.1	FAS	<0,0001	0,66
MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,47	ESRRG.3	ESRRG	0,0001	0,72
MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,50	ERG.1	ERG	<0,0001	0,44
SLC9A1.1	SLC9A1	0,0207	0,82	ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,60
SLC34A1.1	SLC34A1	<0,0001	0,63	ERBB4.3	ERBB4	0,0018	0,74
SLC22A6.1	SLC22A6	0,0010	0,76	ErbB3.1	ERBB3	0,0031	0,79
SKIL.1	SKIL	<0,0001	0,64	HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,53
PTPNS1.1	SIRPA	0,0075	0,81	EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,51
SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,37	EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,40
SGK.1	SGK1	<0,0001	0,55	EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,38
FRP1.3	SFRP1	0,0156	0,82	ENPP2.1	ENPP2	0,0001	0,72
SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,50	ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,65
SELPLG.1	SELPLG	0,0022	0,78	CD105.1	ENG	<0,0001	0,38
SELENBP1.1	SELENBP1	0,0003	0,75	EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,64
SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,42	EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,27

(continuación)

Tabla 4b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1			Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR				Valor p	OR
SDHA.1	SDHA	<0,0001	0,65		ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,67
SCNN1A.2	SCNN1A	0,0024	0,77		EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,51
SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,50		EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,59
S100A2.1	S100A2	0,0008	0,75		EGLN3.1	EGLN3	0,0002	0,75
KIAA1303 raptor.1	RPTOR	<0,0001	0,60		EGFR.2	EGFR	0,0072	0,81
RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,60			EGF.3	EGF	0,0051
RPS6KA1.1	RPS6KA1	0,0002	0,71	EFNB2.1		EFNB2	<0,0001	0,45
RPS23.1	RPS23	0,0002	0,73	EFNB1.2		EFNB1	<0,0001	0,55
ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,52	EEF1A1.1		EEF1A1	<0,0001	0,55
ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,37	EDNRB.1		EDNRB	<0,0001	0,44
RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,55	EDN2.1		EDN2	0,0012	0,74
rhoC.1	RHOC	<0,0001	0,66	EDN1 endotelina.1		EDN1	<0,0001	0,53
RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,57	EBAG9.1		EBAG9	0,0240	0,83
ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,50	DUSP1.1		DUSP1	0,0130	0,82
RHEB.2	RHEB	<0,0001	0,61	DPYS.1		DPYS	0,0355	0,85
RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,37	DPEP1.1		DPEP1	<0,0001	0,66
FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,33	DLL4.1		DLL4	<0,0001	0,66
RB1.1	RB1	<0,0001	0,61	DLC1.1		DLC1	<0,0001	0,42
RASSF1.1	RASSF1	0,0002	0,75	DKFZP564O08 23.1		DKFZP564O 0823	<0,0001	0,51
RARB.2	RARB	<0,0001	0,37	DICER1.2		DICER1	<0,0001	0,50
RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,43	DIAPH1.1		DIAPH1	0,0219	0,83
RAF1.3	RAF1	<0,0001	0,59	DIABLO.1		DIABLO	0,0022	0,78
RAC1.3	RAC1	0,0356	0,84	DHPS.3		DHPS	<0,0001	0,55
PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,35	DET1.1		DET1	0,0005	0,74
PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,31	DEFB1.1		DEFB1	0,0002	0,73
PTN.1	PTN	<0,0001	0,56	DDC.1		DDC	<0,0001	0,72
PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,45	DAPK1.3		DAPK1	<0,0001	0,42
PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,45	CYR61.1		CYR61	<0,0001	0,59
PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,51	CXCL12.1		CXCL12	<0,0001	0,62
PSMB9.1	PSMB9	0,0139	0,82	CX3CR1.1		CX3CR1	<0,0001	0,46
PSMB8.1	PSMB8	0,0243	0,83	CX3CL1.1		CX3CL1	<0,0001	0,47
PSMA7.1	PSMA7	0,0101	0,81	CUL1.1		CUL1	<0,0001	0,64
PRSS8.1	PRSS8	0,0025	0,78	CUBN.1		CUBN	<0,0001	0,55
PRPS2.1	PRPS2	0,0190	0,82	CTSS.1	CTSS	0,0007	0,76	

(continuación)

Tabla 4b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR			Valor p	OR
PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,48	CTSH.2	CTSH	<0,0001	0,64
PRKCD.2	PRKCD	0,0001	0,72	B-Catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,54
PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,58	A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,65
PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,40	CTGF.1	CTGF	<0,0001	0,71
PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,31	CSF2RA.2	CSF2RA	0,0037	0,78
PLG.1	PLG	<0,0001	0,53	CSF1R.2	CSF1R	<0,0001	0,67
PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,54	CSF1.1	CSF1	<0,0001	0,65
PLA2G4C.1	PLA2G4C	<0,0001	0,65	CRADD.1	CRADD	0,0032	0,79
PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,53	COL4A2.1	COL4A2	<0,0001	0,65
PI3K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,40	COL4A1.1	COL4A1	0,0067	0,80
PFKP.1	PFKP	0,0124	0,82	COL18A1.1	COL18A1	0,0001	0,72
CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,42	CLU.3	CLU	0,0004	0,75
PDZK3.1	PDZK3	0,0003	0,72	CLDN10.1	CLDN10	<0,0001	0,65
PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,58	CLCNKB.1	CLCNKB	<0,0001	0,52
PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,62	CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,60
PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,43	CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,55
PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,51	p21.3	CDKN1A	0,0002	0,73
PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,40	CDH6.1	CDH6	<0,0001	0,72
PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,57	CDH5.1	CDH5	<0,0001	0,44
PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,60	CDH2.1	CDH2	0,0392	0,85
PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,58	CDH16.1	CDH16	<0,0001	0,70
PARD6A.1	PARD6A	0,0042	0,79	CDH13.1	CDH13	<0,0001	0,53
Pak1.2	PAK1	<0,0001	0,69	CDC25B.1	CDC25B	0,0037	0,79
PAH.1	PAH	0,0309	0,84	CD4.1	CD4	<0,0001	0,72
OGG1.1	OGG1	0,0024	0,78	CD36.1	CD36	<0,0001	0,51
BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,46	CD34.1	CD34	<0,0001	0,48
NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,58	CD24.1	CD24	0,0206	0,83
NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,65	CD14.1	CD14	0,0152	0,82
NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,58	CCND1.3	CCND1	<0,0001	0,51
NOTCH2.1	NOTCH2	<0,0001	0,64	CCL4.2	CCL4	0,0017	0,77
NOTCH1.1	NOTCH1	<0,0001	0,44	MCP1.1	CCL2	<0,0001	0,66
NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,44	CAT.1	CAT	<0,0001	0,53
NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,49	CASP10.1	CASP10	0,0001	0,72
NOL3.1	NOL3	0,0003	0,76	CALD1.2	CALD1	<0,0001	0,55
NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,50	CACNA2D1.1	CACNA2D1	0,0352	0,84

(continuación)

Tabla 4b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral inferior (valor p $\leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR			Valor p	OR
NFKBp50.3	NFKB1	<0,0001	0,59	CA9.3	CA9	0,0299	0,84
NFATC2.1	NFATC2	<0,0001	0,64	CA2.1	CA2	<0,0001	0,58
NFAT5.1	NFAT5	<0,0001	0,65	C3AR1.1	C3AR1	0,0010	0,77
MYRIP.2	MYRIP	0,0004	0,72	ECRG4.1	C2orf40	<0,0001	0,47
MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,50	C1QA.1	C1QA	0,0119	0,82
cMYC.3	MYC	<0,0001	0,70	C13orf15.1	C13orf15	<0,0001	0,37
MX1.1	MX1	0,0103	0,81	BUB3.1	BUB3	<0,0001	0,67
MVP.1	MVP	0,0002	0,74	BTRC.1	BTRC	<0,0001	0,65
MUC1.2	MUC1	0,0005	0,75	CIAP1.2	BIRC2	<0,0001	0,64
FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,61	BIN1.3	BIN1	0,0001	0,73
MSH3.2	MSH3	<0,0001	0,60	BGN.1	BGN	<0,0001	0,63
MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,53	Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,58
STMY3.3	MMP11	0,0034	0,79	Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,37
GBL.1	MLST8	0,0011	0,77	Bax.1	BAX	0,0035	0,78
MIF.2	MIF	0,0008	0,76	Bak.2	BAK1	0,0215	0,83
MICA.1	MICA	<0,0001	0,70	BAG1.2	BAG1	<0,0001	0,40
MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,60	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	<0,0001	0,54
MCM3.3	MCM3	<0,0001	0,68	ATP1A1.1	ATP1A1	0,0037	0,78
MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,52	ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,60
MARCKS.1	MARCKS	0,0001	0,73	ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,45
ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,48	ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,50
ERK2.3	MAPK1	0,0221	0,83	AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,40
MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,63	APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,54
MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,59	APC.4	APC	<0,0001	0,57
MAP2K1.1	MAP2K1	0,0002	0,74	ANXA4.1	ANXA4	0,0003	0,74
MAL2.1	MAL2	<0,0001	0,64	ANXA1.2	ANXA1	0,0001	0,73
MAL.1	MAL	<0,0001	0,49	ANTXR1.1	ANTXR1	0,0051	0,80
LYZ.1	LYZ	0,0318	0,84	ANGPTL4.1	ANGPTL4	0,0041	0,80
LTF.1	LTF	0,0131	0,80	ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0258	0,82
LRP2.1	LRP2	<0,0001	0,63	ANGPTL2.1	ANGPTL2	0,0015	0,77
LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,56	ANGPT2.1	ANGPT2	<0,0001	0,72
LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,41	ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,45
LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,54	ALDOB.1	ALDOB	<0,0001	0,60
LAMA4.1	LAMA4	0,0004	0,75	ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,55
KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,60	ALDH4.2	ALDH4A1	0,0124	0,82

(continuación)

Tabla 4b: Genes proxy para los que la expresión aumentada está asociada a estadio tumoral inferior (valor p $\leq$ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 frente a 1	
		Valor p	OR			Valor p	OR
K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,68	AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,43
KL.1	KL	<0,0001	0,49	AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,64
Kitlng.4	KITLG	<0,0001	0,43	AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,58
c-kit.2	KIT	<0,0001	0,60	AIF1.1	AIF1	0,0002	0,74
KDR.6	KDR	<0,0001	0,36	AHR.1	AHR	<0,0001	0,59
KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,54	AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,36
HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,40	ADH1B.1	ADH1B	0,0015	0,77
G-Catenina.1	JUP	<0,0001	0,42	ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,40
AP-1 (JUN oficial).2	JUN	0,0001	0,73	ADAMTS5.1	ADAMTS5	0,0006	0,73
JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,42	ADAM17.1	ADAM17	<0,0001	0,72
ITGB5.1	ITGB5	0,0115	0,81	ACE2.1	ACE2	<0,0001	0,61
ITGB1.1	ITGB1	<0,0001	0,64	ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,54
ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,54	BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,41
ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,51	MRP4.2	ABCC4	<0,0001	0,65
ITGA5.1	ITGA5	0,0325	0,84	MRP3.1	ABCC3	0,0005	0,76
ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,54	MRP1.1	ABCC1	0,0017	0,78
ITGA3.2	ITGA3	<0,0001	0,61	ABCB1.5	ABCB1	0,0003	0,75
IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,63	NPD009 (ABAT oficial).3	ABAT	<0,0001	0,70
INSR.1	INSR	<0,0001	0,59	AAMP.1	AAMP	0,0292	0,84
IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,54	A2M.1	A2M	<0,0001	0,36

Tabla 5a: Genes proxy para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral superior (valor p $\leq$ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
WT1.1	WT1	<0,0001	1,39	HPD.1	HPD	0,0054	1,20
VTN.1	VTN	0,0359	1,16	HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0248	1,16
VDR.2	VDR	0,0001	1,29	HGD.1	HGD	<0,0001	1,41
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	1,81	GZMA.1	GZMA	0,0006	1,26
TP.3	TYMP	<0,0001	1,35	GPX2.2	GPX2	0,0182	1,18
C20 orf1.1	TPX2	<0,0001	2,14	GPX1.2	GPX1	0,0008	1,25
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	2,07	FCGR3A.1	FCGR3A	0,0003	1,27
TNFSF13B.1	TNFSF13B	0,0062	1,20	fasl.2	FASLG	0,0045	1,21
TK1.2	TK1	<0,0001	1,66	FABP1.1	FABP1	<0,0001	1,32

(continuación)

Tabla 5a: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral superior (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF			Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR				Valor p	OR
TGFBI.1	TGFBI	0,0452	1,14		F2.1	F2	<0,0001	1,77
STAT1.3	STAT1	<0,0001	1,31		ESPL1.3	ESPL1	<0,0001	1,60
SQSTM1.1	SQSTM1	0,0003	1,27		E2F1.3	E2F1	<0,0001	1,36
OPN, osteopontina. 3	SPP1	0,0002	1,29		CXCR6.1	CXCR6	<0,0001	1,50
SLC7A5.2	SLC7A5	0,0002	1,28		BLR1.1	CXCR5	0,0338	1,15
SLC16A3.1	SLC16A3	0,0052	1,21		CXCL9.1	CXCL9	0,0001	1,29
SLC13A3.1	SLC13A3	0,0003	1,27		CXCL10.1	CXCL10	0,0078	1,19
SFN.1	SFN	0,0066	1,20		GRO1.2	CXCL1	<0,0001	1,39
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	1,32		CTSD.2	CTSD	0,0183	1,17
SAA2.2	SAA2	<0,0001	2,13		CTSB.1	CTSB	0,0006	1,26
S100A1.1	S100A1	<0,0001	1,40		CRP.1	CRP	0,0342	1,15
RRM2.1	RRM2	<0,0001	1,71		CP.1	CP	<0,0001	1,37
RPLP1.1	RPLP1	0,0007	1,25		Chk2.3	CHEK2	<0,0001	1,37
RAD51.1	RAD51	<0,0001	1,53		Chk1.2	CHEK1	<0,0001	1,37
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	1,89		CENPF.1	CENPF	<0,0001	1,78
PSMB9.1	PSMB9	0,0010	1,25		CD8A.1	CD8A	<0,0001	1,35
PSMB8.1	PSMB8	0,0181	1,17		CD82.3	CD82	<0,0001	1,50
PRKCB1.1	PRKCB	0,0218	1,16		TNFSF7.1	CD70	<0,0001	1,43
PDCD1.1	PDCD1	<0,0001	1,43		CCNE1.1	CCNE1	0,0002	1,29
PCSK6.1	PCSK6	0,0009	1,25		CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	1,75
PCNA.2	PCNA	0,0041	1,21		CCL5.2	CCL5	<0,0001	1,63
NME2.1	NME2	0,0106	1,19		CCL20.1	CCL20	0,0082	1,19
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,70		CAV2.1	CAV2	0,0210	1,17
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,46		CA12.1	CA12	<0,0001	1,41
MMP14.1	MMP14	0,0003	1,28		C3.1	C3	<0,0001	1,34
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,70		C1QB.1	C1QB	0,0201	1,17
mGST1.2	MGST1	<0,0001	2,13		BUB1.1	BUB1	<0,0001	2,16
cMet.2	MET	<0,0001	1,57		BRCA1.2	BRCA1	0,0004	1,26
MDK.1	MDK	<0,0001	1,55		SURV.2	BIRC5	<0,0001	1,93

(continuación)

Tabla 5a: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral superior (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF			Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR				Valor p	OR
MDH2.1	MDH2	<0,0001	1,35		ciAP2.2	BIRC3	<0,0001	1,44
MCM2.2	MCM2	<0,0001	1,33		STK15.2	AURKA	<0,0001	1,38
LOX.1	LOX	<0,0001	1,35		ATP5E.1	ATP5E	<0,0001	1,45
LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	1,76		APOL1.1	APOL1	<0,0001	1,47
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	1,43		APOE.1	APOE	<0,0001	1,40
LAPTM5.1	LAPTM5	0,0044	1,21		APOC1.3	APOC1	<0,0001	1,42
LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,49		ANXA2.2	ANXA2	0,0020	1,23
L1CAM.1	L1CAM	0,0338	1,15		ANGPTL3.3	ANGPTL3	<0,0001	1,32
KLRK1.2	KLRK1	0,0412	1,15		AMACR1.1	AMACR	0,0382	1,15
CD18.2	ITGB2	0,0069	1,21		ALOX5.1	ALOX5	0,0001	1,29
IL-8.1	IL8	0,0088	1,19		ALDH4.2	ALDH4A1	0,0002	1,28
IL6.3	IL6	0,0091	1,19		ADAM8.1	ADAM8	0,0006	1,26
ICAM1.1	ICAM1	0,0014	1,24		MRP2.3	ABCC2	<0,0001	1,97
HSPA8.1	HSPA8	<0,0001	1,39					

Tabla 5b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF			Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR				Valor p	OR
ZHX2.1	ZHX2	0,0061	0,83		ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,75
YB-1.2	YBX1	<0,0001	0,62		ITGA3.2	ITGA3	0,0128	0,85
XPNPEP2.2	XPNPEP2	0,0040	0,82		IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,68
XIAP.1	XIAP	<0,0001	0,64		INSR.1	INSR	<0,0001	0,46
WISP1.1	WISP1	<0,0001	0,58		INHBA.1	INHBA	0,0049	0,83
VWF.1	VWF	<0,0001	0,34		IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,67
VHL.1	VHL	0,0088	0,84		IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,43
VEGF.1	VEGFA	<0,0001	0,48		IL1B.1	IL1B	0,0102	0,84
VCAN.1	VCAN	0,0023	0,82		IL15.1	IL15	0,0001	0,76
VCAM1.1	VCAM1	0,0049	0,83		IL10.3	IL10	0,0239	0,86
USP34.1	USP34	<0,0001	0,62		IGFBP6.1	IGFBP6	<0,0001	0,75
UMOD.1	UMOD	<0,0001	0,69		IGFBP5.1	IGFBP5	<0,0001	0,74
UGCG.1	UGCG	<0,0001	0,58		IGFBP2.1	IGFBP2	<0,0001	0,76
UBB.1	UBB	<0,0001	0,62		IGF2.2	IGF2	<0,0001	0,69
UBE1C.1	UBA3	<0,0001	0,67		IGF1R.3	IGF1R	<0,0001	0,43

(continuación)

Tabla 5b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
tusc4.2	TUSC4	<0,0001	0,61	ID3.1	ID3	<0,0001	0,48
TUSC2.1	TUSC2	0,0481	0,88	ID2.4	ID2	<0,0001	0,64
TSPAN7.2	TSPAN7	<0,0001	0,29	ID1.1	ID1	<0,0001	0,37
TSC2.1	TSC2	<0,0001	0,60	ICAM2.1	ICAM2	<0,0001	0,42
TSC1.1	TSC1	<0,0001	0,52	HYAL2.1	HYAL2	<0,0001	0,32
P53.2	TP53	<0,0001	0,66	HYAL1.1	HYAL1	<0,0001	0,52
TOP2B.2	TOP2B	<0,0001	0,68	HSPG2.1	HSPG2	<0,0001	0,33
TNIP2.1	TNIP2	0,0001	0,76	HSPA1A.1	HSPA1A	0,0022	0,81
TNFSF12.1	TNFSF12	<0,0001	0,54	HSP90AB1.1	HSP90AB1	<0,0001	0,68
TNFRSF11B. 1	TNFRSF11B	<0,0001	0,73	HSD11B2.1	HSD11B2	<0,0001	0,43
TNFRSF10D. 1	TNFRSF10D	<0,0001	0,51	HPCAL1.1	HPCAL1	<0,0001	0,69
TNFRSF10C. 3	TNFRSF10C	0,0003	0,78	HNRNPAB.3	HNRNPAB	0,0432	0,87
DR5.2	TNFRSF10B	<0,0001	0,69	HMGB1.1	HMGB1	<0,0001	0,47
TNFAIP6.1	TNFAIP6	0,0338	0,87	HIF1AN.1	HIF1AN	<0,0001	0,64
TNFAIP3.1	TNFAIP3	0,0083	0,84	HIF1A.3	HIF1A	<0,0001	0,55
TNF.1	TNF	0,0392	0,87	HGF.4	HGF	0,0022	0,81
TMEM47.1	TMEM47	<0,0001	0,33	HDAC1.1	HDAC1	<0,0001	0,48
TMEM27.1	TMEM27	<0,0001	0,73	HADH.1	HADH	<0,0001	0,63
TIMP3.3	TIMP3	<0,0001	0,29	GSTp.3	GSTP1	<0,0001	0,66
TIMP2.1	TIMP2	<0,0001	0,54	GSTM3.2	GSTM3	<0,0001	0,53
THBS1.1	THBS1	<0,0001	0,58	GSTM1.1	GSTM1	<0,0001	0,61
THBD.1	THBD	<0,0001	0,66	GRB7.2	GRB7	<0,0001	0,73
TGFBR2.3	TGFBR2	<0,0001	0,32	GRB14.1	GRB14	0,0001	0,76
TGFBR1.1	TGFBR1	<0,0001	0,59	GPC3.1	GPC3	0,0012	0,80
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,54	GNAS.1	GNAS	<0,0001	0,70
TGFB1.1	TGFB1	<0,0001	0,66	GMNN.1	GMNN	0,0006	0,80
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,68	GJA1.1	GJA1	<0,0001	0,66
TEK.1	TEK	<0,0001	0,34	GCLM.2	GCLM	0,0319	0,87
cripto (TDGF1 oficial).1	TDGF1	0,0328	0,86	GCLC.3	GCLC	<0,0001	0,57
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,33	GATM.1	GATM	0,0006	0,79
TAGLN.1	TAGLN	<0,0001	0,58	GATA3.3	GATA3	0,0029	0,82
TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,61	GAS2.1	GAS2	0,0136	0,84
SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,76	GADD45B.1	GADD45B	<0,0001	0,54
STK11.1	STK11	<0,0001	0,53	FST.1	FST	0,0197	0,85

(continuación)

Tabla 5b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF			Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR				Valor p	OR
STC2.1	STC2	0,0085	0,84		FOS.1	FOS	<0,0001	0,44
STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,40		FOLR1.1	FOLR1	<0,0001	0,75
STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,60		FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,34
STAT3.1	STAT3	<0,0001	0,48		FLT3LG.1	FLT3LG	<0,0001	0,73
SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,40		FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,29
SPAST.1	SPAST	0,0002	0,78		FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,47
SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,41		FIGF.1	FIGF	<0,0001	0,70
SPARC.1	SPARC	<0,0001	0,50		FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,54
SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,29		FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,72
SNAI1.1	SNAI1	<0,0001	0,54		FH.1	FH	0,0203	0,86
MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,39		FGFR2 isoforma 1.1	FGFR2	<0,0001	0,62
MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,40		FGFR1.3	FGFR1	<0,0001	0,48
SLC9A1.1	SLC9A1	<0,0001	0,75		FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,62
SLC34A1.1	SLC34A1	0,0001	0,76		FGF1.1	FGF1	<0,0001	0,61
SKIL.1	SKIL	<0,0001	0,52		FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,52
SHC1.1	SHC1	0,0063	0,83		FBXW7.1	FBXW7	<0,0001	0,57
SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,27		FAP.1	FAP	0,0440	0,87
SGK.1	SGK1	<0,0001	0,60		ESRRG.3	ESRRG	0,0340	0,87
FRP1.3	SFRP1	0,0003	0,78		ERG.1	ERG	<0,0001	0,36
PAI1.3	SERPINE1	0,0115	0,85		ERCC4.1	ERCC4	0,0337	0,87
SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,45	ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,59	
SELENBP1.1	SELENBP1	<0,0001	0,63	ERBB4.3	ERBB4	<0,0001	0,66	
SELE.1	SELE	<0,0001	0,74	HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,57	
SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,35	EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,43	
SDHA.1	SDHA	<0,0001	0,69	EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,44	
SCNN1A.2	SCNN1A	0,0011	0,80	EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,26	
SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,47	ENPP2.1	ENPP2	<0,0001	0,62	
S100A2.1	S100A2	<0,0001	0,72	ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,75	
RUNX1.1	RUNX1	0,0001	0,77	ENO2.1	ENO2	0,0449	0,88	
RRM1.2	RRM1	0,0438	0,87	CD105.1	ENG	<0,0001	0,30	
KIAA1303 raptor.1	RPTOR	<0,0001	0,53	EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,42	
RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,49	EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,31	
RPS23.1	RPS23	<0,0001	0,59	ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,59	

(continuación)

Tabla 5b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral inferior (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,42	EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,63
ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,31	EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,50
RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,50	EGLN3.1	EGLN3	<0,0001	0,69
rhoC.1	RHOC	<0,0001	0,70	EGF.3	EGF	0,0200	0,85
RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,36	EFNB2.1	EFNB2	<0,0001	0,36
ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,34	EFNB1.2	EFNB1	<0,0001	0,46
RHEB.2	RHEB	<0,0001	0,72	EEF1A1.1	EEF1A1	<0,0001	0,39
RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,30	EDNRB.1	EDNRB	<0,0001	0,33
FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,42	EDN2.1	EDN2	<0,0001	0,67
NFKBp65.3	RELA	<0,0001	0,69	EDN1 endotelina.1	EDN1	<0,0001	0,41
RB1.1	RB1	<0,0001	0,74	EBAG9.1	EBAG9	0,0057	0,83
RASSF1.1	RASSF1	<0,0001	0,60	DUSP1.1	DUSP1	<0,0001	0,54
RARB.2	RARB	<0,0001	0,41	DPEP1.1	DPEP1	0,0001	0,76
RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,47	DLL4.1	DLL4	<0,0001	0,49
RAF1.3	RAF1	<0,0001	0,48	DLC1.1	DLC1	<0,0001	0,33
RAC1.3	RAC1	<0,0001	0,75	DKFZP564O0823.1	DKFZP564O0823	<0,0001	0,46
PXDN.1	PXDN	<0,0001	0,74	DICER1.2	DICER1	<0,0001	0,41
PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,29	DIAPH1.1	DIAPH1	0,0022	0,81
PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,27	DIABLO.1	DIABLO	<0,0001	0,73
PTN.1	PTN	<0,0001	0,58	DHPS.3	DHPS	<0,0001	0,41
PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,36	DET1.1	DET1	<0,0001	0,63
PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,50	DEFB1.1	DEFB1	0,0001	0,77
PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,40	DAPK1.3	DAPK1	<0,0001	0,48
PSMA7.1	PSMA7	0,0002	0,78	DAG1.1	DAG1	0,0150	0,85
PRPS2.1	PRPS2	0,0012	0,80	CYR61.1	CYR61	<0,0001	0,49
PROM2.1	PROM2	0,0326	0,87	CXCL12.1	CXCL12	<0,0001	0,64
PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,45	CX3CR1.1	CX3CR1	0,0008	0,80
PRKCD.2	PRKCD	<0,0001	0,76	CX3CL1.1	CX3CL1	<0,0001	0,55
PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,68	CUL1.1	CUL1	<0,0001	0,62
PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,42	CUBN.1	CUBN	0,0081	0,84
PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,32	CTSL.2	CTSL1	0,0328	0,87
PMP22.1	PMP22	<0,0001	0,61	B-Catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,36
PLG.1	PLG	<0,0001	0,75	A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,73

(continuación)

Tabla 5b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,42	CTGF.1	CTGF	<0,0001	0,61
PLA2G4C.1	PLA2G4C	0,0002	0,78	CSF1.1	CSF1	<0,0001	0,66
PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,48	CRADD.1	CRADD	0,0151	0,85
PI3K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,53	COL5A2.2	COL5A2	0,0155	0,85
PGF.1	PGF	<0,0001	0,74	COL4A2.1	COL4A2	<0,0001	0,51
PFKP.1	PFKP	0,0008	0,80	COL4A1.1	COL4A1	<0,0001	0,59
CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,32	COL1A2.1	COL1A2	0,0005	0,79
PDZK3.1	PDZK3	<0,0001	0,72	COL18A1.1	COL18A1	<0,0001	0,53
PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,76	CLDN10.1	CLDN10	0,0351	0,87
PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,42	CLCNKB.1	CLCNKB	<0,0001	0,73
PDGFRa.2	PDGFRA	0,0022	0,82	CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,45
PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,39	CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,64
PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,57	p27.3	CDKN1B	<0,0001	0,65
PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,33	p21.3	CDKN1A	<0,0001	0,52
PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,42	CDK4.1	CDK4	0,0200	0,86
PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,71	CDH5.1	CDH5	<0,0001	0,31
PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,75	CDH16.1	CDH16	0,0005	0,79
PARD6A.1	PARD6A	0,0088	0,84	CDH13.1	CDH13	<0,0001	0,40
Pak1.2	PAK1	0,0014	0,81	CD99.1	CD99	0,0001	0,77
PAH.1	PAH	0,0160	0,85	CD44.1	CD44_1	0,0216	0,86
OGG1.1	OGG1	0,0139	0,85	CD36.1	CD36	<0,0001	0,42
BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,63	CD34.1	CD34	<0,0001	0,39
NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,42	CD14.1	CD14	0,0021	0,81
NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,61	CCND1.3	CCND1	<0,0001	0,63
NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,40	MCP1.1	CCL2	<0,0001	0,69
NOTCH2.1	NOTCH2	<0,0001	0,58	CAT.1	CAT	0,0014	0,81
NOTCH1.1	NOTCH1	<0,0001	0,38	CASP10.1	CASP10	<0,0001	0,65
NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,42	CALD1.2	CALD1	<0,0001	0,44
NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,56	CACNA2D1.1	CACNA2D1	0,0003	0,78
NOL3.1	NOL3	<0,0001	0,61	CA9.3	CA9	0,0269	0,86
NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,53	CA2.1	CA2	0,0001	0,77
NFKBp50.3	NFKB1	<0,0001	0,59	C7.1	C7	<0,0001	0,71
NFATC2.1	NFATC2	<0,0001	0,73	C3AR1.1	C3AR1	0,0032	0,82
NFAT5.1	NFAT5	<0,0001	0,58	ECRG4.1	C2orf40	<0,0001	0,50
MYRIP.2	MYRIP	<0,0001	0,63	C13orf15.1	C13orf15	<0,0001	0,37

(continuación)

Tabla 5b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral inferior (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,48	BUB3.1	BUB3	<0,0001	0,65
cMYC.3	MYC	<0,0001	0,68	BTRC.1	BTRC	<0,0001	0,61
MX1.1	MX1	0,0087	0,84	BNIP3.1	BNIP3	0,0018	0,81
MVP.1	MVP	0,0291	0,87	CIAP1.2	BIRC2	<0,0001	0,61
MUC1.2	MUC1	0,0043	0,83	BGN.1	BGN	<0,0001	0,43
FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,61	Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,76
MT1X.1	MT1X	0,0276	0,86	Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,45
MSH3.2	MSH3	0,0001	0,76	BAG1.2	BAG1	<0,0001	0,47
MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,60	AXL.1	AXL	<0,0001	0,74
MMP2.2	MMP2	<0,0001	0,74	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	<0,0001	0,65
STMY3.3	MMP11	<0,0001	0,70	ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,67
MIF.2	MIF	0,0004	0,79	ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,49
MICA.1	MICA	<0,0001	0,60	ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,50
MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,57	ARF1.1	ARF1	<0,0001	0,69
MCM3.3	MCM3	<0,0001	0,73	AREG.2	AREG	0,0007	0,80
MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,42	AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,49
MARCKS.1	MARCKS	<0,0001	0,63	APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,40
ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,35	APC.4	APC	<0,0001	0,62
ERK2.3	MAPK1	<0,0001	0,71	APAF1.2	APAF1	<0,0001	0,76
MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,58	ANXA1.2	ANXA1	<0,0001	0,65
MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,60	ANTXR1.1	ANTXR1	<0,0001	0,61
MAP2K1.1	MAP2K1	<0,0001	0,62	ANGPTL4.1	ANGPTL4	<0,0001	0,75
MAL.1	MAL	<0,0001	0,63	ANGPTL2.1	ANGPTL2	<0,0001	0,60
LRP2.1	LRP2	0,0275	0,86	ANGPT2.1	ANGPT2	<0,0001	0,61
LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,68	ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,33
LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,28	ALDOB.1	ALDOB	0,0348	0,87
LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,52	ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,61
LAMB1.1	LAMB1	<0,0001	0,73	AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,30
LAMA4.1	LAMA4	<0,0001	0,55	AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,65
KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,61	AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,50
K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,54	AHR.1	AHR	<0,0001	0,55
KL.1	KL	<0,0001	0,62	AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,44
Kitlng.4	KITLG	<0,0001	0,46	ADH1B.1	ADH1B	<0,0001	0,70
c-kit.2	KIT	<0,0001	0,48	ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,40
KDR.6	KDR	<0,0001	0,33	ADAMTS9.1	ADAMTS9	<0,0001	0,64

(continuación)

Tabla 5b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a grado tumoral inferior (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,67	ADAMTS5.1	ADAMTS5	<0,0001	0,56
HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,33	ADAMTS4.1	ADAMTS4	<0,0001	0,66
G-Catenina.1	JUP	<0,0001	0,39	ADAMTS2.1	ADAMTS2	<0,0001	0,69
AP-1 (JUN oficial).2	JUN	<0,0001	0,54	ADAMTS1.1	ADAMTS1	<0,0001	0,51
JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,28	ADAM17.1	ADAM17	<0,0001	0,67
ITGB5.1	ITGB5	<0,0001	0,60	ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,63
ITGB3.1	ITGB3	<0,0001	0,68	BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,43
ITGB1.1	ITGB1	<0,0001	0,46	MRP4.2	ABCC4	0,0337	0,87
ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,40	AAMP.1	AAMP	<0,0001	0,71
ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,51	A2M.1	A2M	<0,0001	0,29
ITGA5.1	ITGA5	<0,0001	0,62				

Tabla 6a: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la presencia de necrosis (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
WT1.1	WT1	<0,0001	1,57	KRT19.3	KRT19	0,0001	1,43
VTN.1	VTN	<0,0001	1,38	ITGB4.2	ITGB4	0,0492	1,19
VDR.2	VDR	0,0013	1,34	ISG20.1	ISG20	0,0006	1,38
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	2,08	IL-8.1	IL8	<0,0001	2,40
TP.3	TYMP	0,0008	1,37	IL6.3	IL6	<0,0001	2,02
TSPAN8.1	TSPAN8	0,0016	1,29	ICAM1.1	ICAM1	<0,0001	1,75
C20 orf1.1	TPX2	<0,0001	2,64	HSPA8.1	HSPA8	0,0004	1,38
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	2,02	HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0017	1,33
TNFSF13B.1	TNFSF13B	0,0002	1,38	GPX1.2	GPX1	<0,0001	1,46
TK1.2	TK1	<0,0001	1,71	FZD2.2	FZD2	0,0031	1,27
TIMP1.1	TIMP1	0,0076	1,27	FN1.1	FN1	<0,0001	1,45
TGFBI.1	TGFBI	<0,0001	1,69	FCGR3A.1	FCGR3A	0,0001	1,43
OPN, osteopontina .3	SPP1	<0,0001	1,81	FCER1G.2	FCER1G	<0,0001	1,50
SPHK1.1	SPHK1	<0,0001	1,44	FAP.1	FAP	0,0395	1,20
SLC7A5.2	SLC7A5	<0,0001	2,12	F3.1	F3	<0,0001	1,62
SLC2A1.1	SLC2A1	<0,0001	1,46	F2.1	F2	<0,0001	1,76
SLC16A3.1	SLC16A3	0,0001	1,48	ESPL1.3	ESPL1	0,0008	1,33
SLC13A3.1	SLC13A3	0,0019	1,29	EPHB2.1	EPHB2	0,0037	1,28

(continuación)

Tabla 6a: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la presencia de necrosis (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF			Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR				Valor p	OR
SHC1.1	SHC1	0,0156	1,24		EPHB1.3	EPHB1	0,0041	1,25
SFN.1	SFN	<0,0001	1,57		EPB41L3.1	EPB41L3	0,0410	1,19
PAI1.3	SERPINE1	0,0164	1,25		ENO2.1	ENO2	0,0001	1,46
SERPINA5.1	SERPINA5	0,0016	1,27		EIF4EBP1.1	EIF4EBP1	<0,0001	1,60
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	2,14		E2F1.3	E2F1	<0,0001	1,65
SELL.1	SELL	0,0096	1,26		CXCR6.1	CXCR6	<0,0001	1,48
SAA2.2	SAA2	<0,0001	2,50		CXCR4.3	CXCR4	0,0118	1,26
RRM2.1	RRM2	<0,0001	1,86		GRO1.2	CXCL1	<0,0001	1,83
RPLP1.1	RPLP1	0,0025	1,32		CTSB.1	CTSB	<0,0001	1,70
RND3.1	RND3	0,0002	1,41		CRP.1	CRP	0,0494	1,16
RAD51.1	RAD51	<0,0001	1,51		CP.1	CP	<0,0001	1,98
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	2,52		COL7A1.1	COL7A1	<0,0001	1,47
COX2.1	PTGS2	0,0002	1,36		COL1A1.1	COL1A1	0,0059	1,28
PRKCB1.1	PRKCB	0,0188	1,23		Chk2.3	CHEK2	0,0010	1,33
PRKCA.1	PRKCA	0,0339	1,21		Chk1.2	CHEK1	<0,0001	1,49
PLAUR.3	PLAUR	<0,0001	1,60		CENPF.1	CENPF	<0,0001	2,08
upa.3	PLAU	0,0002	1,41		CD82.3	CD82	<0,0001	2,09
PF4.1	PF4	0,0003	1,34		CD68.2	CD68	0,0163	1,24
PDCD1.1	PDCD1	<0,0001	1,40		CD44s.1	CD44_s	<0,0001	1,66
PCSK6.1	PCSK6	0,0297	1,22		CCNE2.2	CCNE2_2	<0,0001	1,50
PCNA.2	PCNA	0,0025	1,33		CCNE1.1	CCNE1	<0,0001	1,44
NNMT.1	NNMT	0,0206	1,22		CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	2,28
NME2.1	NME2	0,0124	1,25		CCL5.2	CCL5	<0,0001	1,45
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,90		CCL20.1	CCL20	0,0121	1,24
MT1X.1	MT1X	0,0003	1,39	CAV2.1	CAV2	0,0003	1,35	
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,96	CA12.1	CA12	<0,0001	2,11	
MMP7.1	MMP7	<0,0001	1,50	C3.1	C3	<0,0001	1,58	
MMP14.1	MMP14	<0,0001	1,50	C1QB.1	C1QB	0,0032	1,31	
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,96		BUB1.1	BUB1	<0,0001	2,25
mGST1.2	MGST1	<0,0001	1,63		BRCA1.2	BRCA1	0,0006	1,35
cMet.2	MET	0,0357	1,22		SURV.2	BIRC5	<0,0001	2,11
MDK.1	MDK	<0,0001	1,78		clAP2.2	BIRC3	<0,0001	1,47
MCM2.2	MCM2	0,0003	1,40		BCL2A1.1	BCL2A1	0,0004	1,34
LRRC2.1	LRRC2	0,0114	1,22		STK15.2	AURKA	<0,0001	1,61
LOX.1	LOX	<0,0001	1,99		PRO2000.3	ATAD2	0,0166	1,24

(continuación)

LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	2,04	APOL1.1	APOL1	<0,0001	1,54
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	2,51	APOC1.3	APOC1	0,0026	1,30
LGALS9.1	LGALS9	0,0136	1,25	ANXA2.2	ANXA2	<0,0001	1,71
LGALS1.1	LGALS1	<0,0001	1,46	ALOX5.1	ALOX5	0,0004	1,38
LAPTM5.1	LAPTM5	<0,0001	1,47	ADAM8.1	ADAM8	<0,0001	1,89
LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,96	MRP2.3	ABCC2	0,0002	1,39
L1CAM.1	L1CAM	<0,0001	1,43				

Tabla 6b: Genes proxy para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de necrosis (valor p $\leq$ 0,05)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
YB-1.2	YBX1	0,0010	0,74	IGF2.2	IGF2	0,0117	0,79
XIAP.1	XIAP	<0,0001	0,68	IGF1R.3	IGF1R	<0,0001	0,38
WWOX.5	WWOX	<0,0001	0,63	ID3.1	ID3	<0,0001	0,44
WISP1.1	WISP1	0,0002	0,71	ID2.4	ID2	<0,0001	0,68
VWF.1	VWF	<0,0001	0,35	ID1.1	ID1	<0,0001	0,32
VHL.1	VHL	0,0086	0,78	ICAM2.1	ICAM2	<0,0001	0,47
VEGF.1	VEGFA	<0,0001	0,50	HYAL2.1	HYAL2	<0,0001	0,28
VCAM1.1	VCAM1	<0,0001	0,55	HYAL1.1	HYAL1	<0,0001	0,39
USP34.1	USP34	<0,0001	0,64	HSPG2.1	HSPG2	<0,0001	0,33
UMOD.1	UMOD	<0,0001	0,36	HSP90AB1.1	HSP90AB1	0,0004	0,73
UGCG.1	UGCG	<0,0001	0,54	HSD11B2.1	HSD11B2	<0,0001	0,32
UBB.1	UBB	<0,0001	0,48	Hepsina.1	HPN	<0,0001	0,59
UBE1C.1	UBA3	<0,0001	0,59	HPCAL1.1	HPCAL1	<0,0001	0,68
TS.1	TYMS	<0,0001	0,70	HMGB1.1	HMGB1	<0,0001	0,42
tusc4.2	TUSC4	<0,0001	0,68	HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	0,0002	0,72
TUSC2.1	TUSC2	0,0462	0,83	HIF1AN.1	HIF1AN	<0,0001	0,54
TSPAN7.2	TSPAN7	<0,0001	0,25	HDAC1.1	HDAC1	<0,0001	0,55
TSC2.1	TSC2	<0,0001	0,45	HAVCR1.1	HAVCR1	0,0012	0,76
TSC1.1	TSC1	<0,0001	0,45	HADH.1	HADH	<0,0001	0,49
P53.2	TP53	<0,0001	0,61	GSTT1.3	GSTT1	0,0067	0,80
TOP2B.2	TOP2B	<0,0001	0,69	GSTp.3	GSTP1	<0,0001	0,55
TNFSF12.1	TNFSF12	<0,0001	0,51	GSTM3.2	GSTM3	<0,0001	0,48
TRAIL.1	TNFSF10	<0,0001	0,68	GSTM1.1	GSTM1	<0,0001	0,54
TNFRSF11B. 1	TNFRSF11B	<0,0001	0,59	GRB7.2	GRB7	<0,0001	0,49
TNFRSF10D. 1	TNFRSF10D	<0,0001	0,58	GPX3.1	GPX3	<0,0001	0,59
DR5.2	TNFRSF10B	0,0001	0,71	GPC3.1	GPC3	0,0287	0,81
TNFAIP6.1	TNFAIP6	<0,0001	0,67	GJA1.1	GJA1	0,0004	0,74

(continuación)

Tabla 6b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de necrosis (valor p $\leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
TMEM47.1	TMEM47	<0,0001	0,29	GFRA1.1	GFRA1	0,0011	0,74
TMEM27.1	TMEM27	<0,0001	0,40	GCLC.3	GCLC	<0,0001	0,50
TLR3.1	TLR3	<0,0001	0,64	GATM.1	GATM	<0,0001	0,45
TIMP3.3	TIMP3	<0,0001	0,23	GATA3.3	GATA3	0,0159	0,79
TIMP2.1	TIMP2	<0,0001	0,52	GADD45B.1	GADD45B	<0,0001	0,67
THBS1.1	THBS1	<0,0001	0,62	FOS.1	FOS	<0,0001	0,56
TGFBR2.3	TGFBR2	<0,0001	0,34	FOLR1.1	FOLR1	<0,0001	0,59
TGFBR1.1	TGFBR1	<0,0001	0,63	FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,27
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,55	FLT3LG.1	FLT3LG	<0,0001	0,62
TGFB1.1	TGFB1	0,0036	0,76	FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,32
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,56	FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,42
TEK.1	TEK	<0,0001	0,23	FIGF.1	FIGF	0,0001	0,62
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,36	FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,36
TAGLN.1	TAGLN	<0,0001	0,50	FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,63
TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,64	FH.1	FH	<0,0001	0,65
SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,50	FGFR2 isoforma 1.1	FGFR2	<0,0001	0,51
STK11.1	STK11	<0,0001	0,48	FGFR1.3	FGFR1	<0,0001	0,55
STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,36	FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,61
STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,56	FGF1.1	FGF1	<0,0001	0,49
STAT3.1	STAT3	<0,0001	0,63	FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,43
SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,42	FBXW7.1	FBXW7	<0,0001	0,60
SPAST.1	SPAST	0,0004	0,74	fas.1	FAS	0,0054	0,79
SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,48	ESRRG.3	ESRRG	<0,0001	0,68
SPARC.1	SPARC	<0,0001	0,54	ERG.1	ERG	<0,0001	0,34
SOD1.1	SOD1	<0,0001	0,67	ERCC4.1	ERCC4	0,0197	0,81
SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,25	ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,60
SNAI1.1	SNAI1	0,0004	0,71	ERBB4.3	ERBB4	0,0037	0,72
MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,33	ErbB3.1	ERBB3	<0,0001	0,59
MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,40	HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,40
SLC34A1.1	SLC34A1	<0,0001	0,47	EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,44
SLC22A6.1	SLC22A6	<0,0001	0,52	EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,36
SKIL.1	SKIL	<0,0001	0,59	EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,29
SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,25	ENPP2.1	ENPP2	<0,0001	0,50
SGK.1	SGK1	<0,0001	0,54	ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,56

(continuación)

Tabla 6b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de necrosis (valor p $\leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
FRP1.3	SFRP1	0,0053	0,77	CD105.1	ENG	<0,0001	0,31
SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,43	EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,49
SELENBP1.1	SELENBP1	<0,0001	0,62	EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,23
SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,28	ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,59
SDHA.1	SDHA	<0,0001	0,47	EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,52
SCNN1A.2	SCNN1A	0,0013	0,73	EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,54
SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,35	EGLN3.1	EGLN3	<0,0001	0,69
S100A2.1	S100A2	0,0355	0,82	EGFR.2	EGFR	<0,0001	0,70
KIAA1303 raptor.1	RPTOR	<0,0001	0,49	EFNB2.1	EFNB2	<0,0001	0,34
RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,55	EFNB1.2	EFNB1	<0,0001	0,41
RPS6KA1.1	RPS6KA1	0,0002	0,68	EEF1A1.1	EEF1A1	<0,0001	0,32
RPS23.1	RPS23	<0,0001	0,47	EDNRB.1	EDNRB	<0,0001	0,31
ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,39	EDN2.1	EDN2	<0,0001	0,51
ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,35	EDN1 endotelina.1	EDN1	<0,0001	0,41
RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,45	EBAG9.1	EBAG9	0,0007	0,74
rhoC.1	RHOC	0,0001	0,70	DUSP1.1	DUSP1	<0,0001	0,65
RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,41	DPYS.1	DPYS	<0,0001	0,66
ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,45	DPEP1.1	DPEP1	<0,0001	0,34
RHEB.2	RHEB	0,0002	0,69	DLL4.1	DLL4	<0,0001	0,49
RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,26	DLC1.1	DLC1	<0,0001	0,36
FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,26	DKFZP564O08 23.1	DKFZP564O 0823	<0,0001	0,35
NFKBp65.3	RELA	<0,0001	0,71	DICER1.2	DICER1	<0,0001	0,46
RB1.1	RB1	<0,0001	0,54	DIAPH1.1	DIAPH1	<0,0001	0,63
RASSF1.1	RASSF1	<0,0001	0,63	DIABLO.1	DIABLO	0,0002	0,72
RARB.2	RARB	<0,0001	0,28	DHPS.3	DHPS	<0,0001	0,46
RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,52	DET1.1	DET1	<0,0001	0,61
RAF1.3	RAF1	<0,0001	0,58	DEFB1.1	DEFB1	<0,0001	0,69
RAC1.3	RAC1	0,0118	0,80	DDC.1	DDC	<0,0001	0,51
PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,27	DCXR.1	DCXR	0,0061	0,78
PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,22	DAPK1.3	DAPK1	<0,0001	0,47
PTN.1	PTN	<0,0001	0,41	CYR61.1	CYR61	<0,0001	0,52
PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,33	CYP3A4.2	CYP3A4	0,0398	0,82
PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,32	CYP2C8v2.1	CYP2C8_21	0,0001	0,67

(continuación)

Tabla 6b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de necrosis (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,44	CXCL12.1	CXCL12	<0,0001	0,53
PSMA7.1	PSMA7	0,0173	0,81	CX3CR1.1	CX3CR1	<0,0001	0,60
PRSS8.1	PRSS8	<0,0001	0,62	CX3CL1.1	CX3CL1	<0,0001	0,34
PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,43	CUL1.1	CUL1	<0,0001	0,62
PRKCD.2	PRKCD	<0,0001	0,68	CUBN.1	CUBN	<0,0001	0,39
PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,53	CTSH.2	CTSH	0,0018	0,77
PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,37	B-Catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,38
PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,27	A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,58
PMP22.1	PMP22	0,0155	0,81	CTGF.1	CTGF	<0,0001	0,64
PLG.1	PLG	<0,0001	0,38	CSF1R.2	CSF1R	0,0308	0,83
PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,42	CSF1.1	CSF1	0,0002	0,73
PLA2G4C.1	PLA2G4C	<0,0001	0,48	CRADD.1	CRADD	<0,0001	0,60
PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,47	COL4A2.1	COL4A2	<0,0001	0,51
PI3K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,42	COL4A1.1	COL4A1	<0,0001	0,66
PGF.1	PGF	0,0153	0,80	COL18A1.1	COL18A1	<0,0001	0,50
PFKP.1	PFKP	<0,0001	0,70	CLU.3	CLU	0,0091	0,80
CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,34	CLDN7.2	CLDN7	0,0029	0,76
PDZK3.1	PDZK3	<0,0001	0,49	CLDN10.1	CLDN10	<0,0001	0,48
PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,45	CLCNKB.1	CLCNKB	0,0001	0,61
PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,45	CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,47
PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,33	CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,43
PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,53	p27.3	CDKN1B	0,0002	0,73
PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,33	p21.3	CDKN1A	<0,0001	0,65
PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,43	CDH6.1	CDH6	<0,0001	0,67
PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,44	CDH5.1	CDH5	<0,0001	0,33
PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,47	CDH2.1	CDH2	0,0003	0,75
PARD6A.1	PARD6A	0,0045	0,77	CDH16.1	CDH16	<0,0001	0,51
Pak1.2	PAK1	0,0003	0,74	CDH13.1	CDH13	<0,0001	0,39
PAH.1	PAH	<0,0001	0,62	CD36.1	CD36	<0,0001	0,41
OGG1.1	OGG1	<0,0001	0,62	CD34.1	CD34	<0,0001	0,34
BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,45	CD24.1	CD24	0,0148	0,81
NRG1.3	NRG1	0,0004	0,69	CCND1.3	CCND1	<0,0001	0,51
NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,36	MCP1.1	CCL2	<0,0001	0,68
NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,55	CAT.1	CAT	<0,0001	0,48

(continuación)

Tabla 6b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de necrosis (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,40	CASP10.1	CASP10	<0,0001	0,62
NOTCH2.1	NOTCH2	<0,0001	0,68	CALD1.2	CALD1	<0,0001	0,42
NOTCH1.1	NOTCH1	<0,0001	0,38	CACNA2D1.1	CACNA2D1	0,0006	0,74
NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,37	CA2.1	CA2	<0,0001	0,60
NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,42	C7.1	C7	<0,0001	0,65
NOL3.1	NOL3	<0,0001	0,67	ECRG4.1	C2orf40	<0,0001	0,32
NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,43	C13orf15.1	C13orf15	<0,0001	0,31
NFKBp50.3	NFKB1	<0,0001	0,56	BUB3.1	BUB3	<0,0001	0,65
NFATC2.1	NFATC2	<0,0001	0,67	BTRC.1	BTRC	<0,0001	0,63
NFAT5.1	NFAT5	<0,0001	0,55	BNIP3.1	BNIP3	0,0021	0,77
MYRIP.2	MYRIP	<0,0001	0,36	CIAP1.2	BIRC2	<0,0001	0,56
MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,35	BIN1.3	BIN1	<0,0001	0,67
cMYC.3	MYC	<0,0001	0,68	BGN.1	BGN	<0,0001	0,47
MVP.1	MVP	<0,0001	0,66	BCL2L12.1	BCL2L12	0,0374	0,82
FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,56	Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,60
MSH3.2	MSH3	<0,0001	0,47	Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,31
MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,51	BAG1.2	BAG1	<0,0001	0,42
MMP2.2	MMP2	0,0229	0,82	BAD.1	BAD	0,0187	0,82
STMY3.3	MMP11	<0,0001	0,66	AXL.1	AXL	0,0077	0,79
GBL.1	MLST8	0,0193	0,82	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	<0,0001	0,52
MIF.2	MIF	<0,0001	0,69	ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,61
MICA.1	MICA	<0,0001	0,52	ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,48
MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,50	ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,48
MCM3.3	MCM3	0,0105	0,78	ARF1.1	ARF1	0,0021	0,75
MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,41	AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,28
MARCKS.1	MARCKS	0,0259	0,82	APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,35
ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,35	APC.4	APC	<0,0001	0,55
ERK2.3	MAPK1	<0,0001	0,61	APAF1.2	APAF1	0,0264	0,82
MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,54	ANXA4.1	ANXA4	0,0012	0,76
MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,52	ANXA1.2	ANXA1	0,0201	0,81
MAP2K1.1	MAP2K1	0,0172	0,81	ANTXR1.1	ANTXR1	<0,0001	0,58
MAL2.1	MAL2	0,0267	0,82	ANGPTL4.1	ANGPTL4	<0,0001	0,71
MAL.1	MAL	<0,0001	0,46	ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0104	0,77
LTF.1	LTF	0,0038	0,74	ANGPTL2.1	ANGPTL2	<0,0001	0,63

(continuación)

Tabla 6b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de necrosis (valor p ≤ 0,05)							
Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis CCF	
		Valor p	OR			Valor p	OR
LRP2.1	LRP2	<0,0001	0,52	ANGPT2.1	ANGPT2	<0,0001	0,65
LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,60	ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,30
LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,26	AMACR1.1	AMACR	0,0080	0,79
LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,52	ALDOB.1	ALDOB	<0,0001	0,40
LAMA4.1	LAMA4	<0,0001	0,67	ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,38
KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,56	ALDH4.2	ALDH4A1	0,0001	0,71
K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,48	AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,30
KL.1	KL	<0,0001	0,34	AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,53
Kitlng.4	KITLG	<0,0001	0,46	AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,47
c-kit.2	KIT	<0,0001	0,41	AHR.1	AHR	<0,0001	0,60
KDR.6	KDR	<0,0001	0,28	AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,33
KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,43	AGT.1	AGT	0,0032	0,77
HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,27	ADH6.1	ADH6	0,0011	0,71
G-Catenina.1	JUP	<0,0001	0,32	ADH1B.1	ADH1B	<0,0001	0,69
AP-1 (JUN oficial).2	JUN	<0,0001	0,64	ADFP.1	ADFP	0,0001	0,73
JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,23	ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,33
ITGB5.1	ITGB5	<0,0001	0,64	ADAMTS9.1	ADAMTS9	<0,0001	0,69
ITGB3.1	ITGB3	0,0468	0,84	ADAMTS5.1	ADAMTS5	<0,0001	0,55
ITGB1.1	ITGB1	<0,0001	0,59	ADAMTS1.1	ADAMTS1	<0,0001	0,56
ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,38	ADAM17.1	ADAM17	0,0009	0,76
ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,40	ACE2.1	ACE2	<0,0001	0,45
ITGA5.1	ITGA5	0,0298	0,83	ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,46
ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,61	BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,27
ITGA3.2	ITGA3	0,0018	0,76	MRP4.2	ABCC4	<0,0001	0,61
IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,52	MRP3.1	ABCC3	0,0011	0,76
INSR.1	INSR	<0,0001	0,38	MRP1.1	ABCC1	0,0008	0,75
IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,53	ABCB1.5	ABCB1	<0,0001	0,59
IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,36	NPD009 (ABAT oficial).3	ABAT	0,0001	0,70
IL15.1	IL15	<0,0001	0,67	AAMP.1	AAMP	<0,0001	0,62
IGFBP6.1	IGFBP6	<0,0001	0,66	A2M.1	A2M	<0,0001	0,28

Tabla 7a: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la presencia de invasión ganglionar (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar		Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar	
		Valor p	OR			Valor p	OR
TUBB.1	TUBB2A	0,0242	2,56	IL-8.1	IL8	0,0019	3,18
C20 orf1.1	TPX2	0,0333	2,61	IL6.3	IL6	0,0333	2,31
TK1.2	TK1	0,0361	1,75	HSPA1A.1	HSPA1A	0,0498	2,11
SPHK1.1	SPHK1	0,0038	3,43	GSTp.3	GSTP1	0,0272	3,46
SLC7A5.2	SLC7A5	0,0053	4,85	GRB14.1	GRB14	0,0287	2,32
SILV.1	SILV	0,0470	1,54	GMNN.1	GMNN	0,0282	3,00
SELE.1	SELE	0,0311	1,93	ENO2.1	ENO2	0,0190	3,43
upa.3	PLAU	0,0450	2,78	CCNB1.2	CCNB1	0,0387	1,87
MMP9.1	MMP9	0,0110	2,65	BUB1.1	BUB1	0,0429	2,21
MMP7.1	MMP7	0,0491	2,34	BAG2.1	BAG2	0,0346	2,54
MMP14.1	MMP14	0,0155	3,21	ADAMTS1.1	ADAMTS1	0,0193	3,31
LAMB1.1	LAMB1	0,0247	3,04				

Tabla 7b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de invasión ganglionar (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar		Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar	
		Valor p	OR			Valor p	OR
VWF.1	VWF	0,0221	0,42	HMGB1.1	HMGB1	0,0385	0,45
VCAM1.1	VCAM1	0,0212	0,42	HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	0,0398	0,43
UBE1C.1	UBA3	0,0082	0,32	HADH.1	HADH	0,0093	0,33
tusc4.2	TUSC4	0,0050	0,28	GSTM1.1	GSTM1	0,0018	0,18
TSPAN7.2	TSPAN7	0,0407	0,43	GPX2.2	GPX2	0,0211	0,07
TSC1.1	TSC1	0,0372	0,38	GJA1.1	GJA1	0,0451	0,46
TMSB10.1	TMSB10	0,0202	0,43	GATM.1	GATM	0,0038	0,25
TMEM47.1	TMEM47	0,0077	0,32	GATA3.3	GATA3	0,0188	0,06
TMEM27.1	TMEM27	0,0431	0,41	FOLR1.1	FOLR1	0,0152	0,32
TLR3.1	TLR3	0,0041	0,32	FLT4.1	FLT4	0,0125	0,22
TIMP3.3	TIMP3	0,0309	0,40	FLT1.1	FLT1	0,0046	0,35
TGFB2.3	TGFB2	0,0296	0,35	FHL1.1	FHL1	0,0435	0,47
TGFB2.2	TGFB2	0,0371	0,30	FHIT.1	FHIT	0,0061	0,29
TGFA.2	TGFA	0,0025	0,32	fas.1	FAS	0,0163	0,39
TEK.1	TEK	0,0018	0,09	ErbB3.1	ERBB3	0,0145	0,33
TCF4.1	TCF4	0,0088	0,38	EPHA2.1	EPHA2	0,0392	0,37
STAT5A.1	STAT5A	0,0129	0,49	EPAS1.1	EPAS1	0,0020	0,28
SPRY1.1	SPRY1	0,0188	0,43	ENPEP.1	ENPEP	0,0002	0,34
SPARCL1.1	SPARCL1	0,0417	0,50	CD105.1	ENG	0,0112	0,38

(continuación)

Tabla 7b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de invasión ganglionar (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar			Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar
		Valor p	OR				Valor p OR
SOD1.1	SOD1	0,0014	0,23		EMCN.1	EMCN	0,0022 0,19
SNRK.1	SNRK	0,0226	0,43		EIF2C1.1	EIF2C1	0,0207 0,33
MADH2.1	SMAD2	0,0098	0,37		EGLN3.1	EGLN3	0,0167 0,52
SLC22A6.1	SLC22A6	0,0051	0,00		EFNB2.1	EFNB2	0,0192 0,30
PTPNS1.1	SIRPA	0,0206	0,43		EFNB1.2	EFNB1	0,0110 0,37
SHANK3.1	SHANK3	0,0024	0,30		EDNRB.1	EDNRB	0,0106 0,36
SGK.1	SGK1	0,0087	0,35		EDN1 endotelina.1	EDN1	0,0440 0,42
SELENBP1.1	SELENBP1	0,0016	0,29		DPYS.1	DPYS	0,0454 0,43
SCN4B.1	SCN4B	0,0081	0,08		DKFZP564O08 23.1	DKFZP564O 0823	0,0131 0,31
ROCK1.1	ROCK1	0,0058	0,41		DHPS.3	DHPS	0,0423 0,48
RhoB.1	RHOB	0,0333	0,43		DAPK1.3	DAPK1	0,0048 0,39
RGS5.1	RGS5	0,0021	0,31		CYP2C8v2.1	CYP2C8_21	0,0003 0,01
FLJ22655.1	RERGL	0,0009	0,01		CYP2C8.2	CYP2C8_2	0,0269 0,07
RB1.1	RB1	0,0281	0,48		CX3CR1.1	CX3CR1	0,0224 0,13
RASSF1.1	RASSF1	0,0004	0,23		CUBN.1	CUBN	0,0010 0,04
PTPRB.1	PTPRB	0,0154	0,40		CRADD.1	CRADD	0,0193 0,40
PTK2.1	PTK2	0,0158	0,38		CLDN10.1	CLDN10	0,0005 0,21
PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,01		CFLAR.1	CFLAR	0,0426 0,49
PRSS8.1	PRSS8	0,0023	0,10		CEACAM1.1	CEACAM1	0,0083 0,23
PRKCH.1	PRKCH	0,0475	0,48		CDKN2A.2	CDKN2A	0,0026 0,13
PPAP2B.1	PPAP2B	0,0110	0,40		p27.3	CDKN1B	0,0393 0,60
PLA2G4C.1	PLA2G4C	0,0002	0,03		CDH5.1	CDH5	0,0038 0,33
PI3K.2	PIK3C2B	0,0138	0,13		CDH13.1	CDH13	0,0203 0,39
PFKP.1	PFKP	0,0040	0,41		CD99.1	CD99	0,0173 0,38
CD31.3	PECAM1	0,0077	0,38		CD36.1	CD36	0,0015 0,29
PDGFD.2	PDGFD	0,0169	0,35		CD34.1	CD34	0,0250 0,38
PDGFC.3	PDGFC	0,0053	0,36		CD3z.1	CD247	0,0419 0,33
PDGFB.3	PDGFB	0,0359	0,47		CCND1.3	CCND1	0,0381 0,50
PCSK6.1	PCSK6	0,0103	0,34		CAT.1	CAT	0,0044 0,42
PCK1.1	PCK1	0,0003	0,02		CASP6.1	CASP6	0,0136 0,36
PCCA.1	PCCA	0,0074	0,12		CALD1.2	CALD1	0,0042 0,31
PARD6A.1	PARD6A	0,0243	0,21		CA9.3	CA9	0,0077 0,48
BFGF.3	NUDT6	0,0082	0,15		C13orf15.1	C13orf15	0,0152 0,39
NRG1.3	NRG1	0,0393	0,19		BUB3.1	BUB3	0,0157 0,26

(continuación)

Tabla 7b: Genes <i>proxy</i> para los que la expresión aumentada está asociada a la ausencia de invasión ganglionar (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar			Gen	Símbolo oficial	Invasión ganglionar
		Valor p	OR				Valor p OR
NOS3.1	NOS3	0,0232	0,34		BIN1.3	BIN1	0,0224 0,38
NOS2A.3	NOS2	0,0086	0,11		Bclx.2	BCL2L1	0,0225 0,52
NFX1.1	NFX1	0,0065	0,35		Bc12.2	BCL2	0,0442 0,45
MYH11.1	MYH11	0,0149	0,36		AXL.1	AXL	0,0451 0,44
cMYC.3	MYC	0,0472	0,46		ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	0,0257 0,03
MUC1.2	MUC1	0,0202	0,26		ARRB1.1	ARRB1	0,0337 0,43
MIF.2	MIF	0,0145	0,39		ARHGDIB.1	ARHGDIB	0,0051 0,32
MICA.1	MICA	0,0015	0,15		AQP1.1	AQP1	0,0022 0,31
MGMT.1	MGMT	0,0414	0,50		APOLD1.1	APOLD1	0,0222 0,42
MAP2K1.1	MAP2K1	0,0075	0,40		APC.4	APC	0,0165 0,47
LMO2.1	LMO2	0,0127	0,07		ANXA5.1	ANXA5	0,0143 0,37
LDB2.1	LDB2	0,0048	0,33		ANXA4.1	ANXA4	0,0019 0,30
Kitlng.4	KITLG	0,0146	0,18		ANXA1.2	ANXA1	0,0497 0,39
KDR.6	KDR	0,0106	0,34		ANGPTL7.1	ANGPTL7	0,0444 0,16
ITGB1.1	ITGB1	0,0469	0,36		ANGPTL4.1	ANGPTL4	0,0197 0,55
ITGA7.1	ITGA7	0,0290	0,38		ANGPT1.1	ANGPT1	0,0055 0,15
ITGA6.2	ITGA6	0,0010	0,17		ALDOB.1	ALDOB	0,0128 0,02
ITGA4.2	ITGA4	0,0089	0,44		ALDH4.2	ALDH4A1	0,0304 0,33
INSR.1	INSR	0,0057	0,32		AGTR1.1	AGTR1	0,0142 0,11
IMP3.1	IMP3	0,0086	0,43		ADH6.1	ADH6	0,0042 0,03
IL6ST.3	IL6ST	0,0484	0,46		ADFP.1	ADFP	0,0223 0,47
IL15.1	IL15	0,0009	0,08		ADD1.1	ADD1	0,0135 0,42
IFI27.1	IFI27	0,0013	0,22		BCRP.1	ABCG2	0,0098 0,19
HYAL2.1	HYAL2	0,0099	0,36		MRP3.1	ABCC3	0,0247 0,44
HYAL1.1	HYAL1	0,0001	0,08		MRP1.1	ABCC1	0,0022 0,32
Hepsina.1	HPN	0,0024	0,14		NPD009 (ABAT oficial).3	ABAT	0,0110 0,19
HPCAL1.1	HPCAL1	0,0024	0,38		A2M.1	A2M	0,0012 0,29

Tabla 8a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer después de ajuste de covariables clínicas/patológicas (valor $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Valor p	HR		Gen	Símbolo oficial	Valor p HR
ACE2.1	ACE2	0,0261	0,85		ID1.1	ID1	0,0154 0,83
ADD1.1	ADD1	0,0339	0,85		IGF1R.3	IGF1R	0,0281 0,85
ALDOB.1	ALDOB	0,0328	0,84		IL15.1	IL15	0,0059 0,83

(continuación)

Tabla 8a: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo inferior de recidiva de cáncer después de ajuste de covariables clínicas/patológicas (valor p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Valor p	HR		Gen	Símbolo oficial	Valor p	HR
ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0035	0,79		IQGAP2.1	IQGAP2	0,0497	0,88
APOLD1.1	APOLD1	0,0015	0,78		KL1	KL	0,0231	0,86
AQP1.1	AQP1	0,0014	0,79		KLRK1.2	KLRK1	0-0378	0,87
8FGF.3	NUDT6	0,0010	0,77		LDB2.1	LDB2	0,0092	0,82
CASP10.1	CASP10	0,0024	0,82		LRP2.1	LRP2	0,0193	0,86
CAV2.1	CAV2	0,0191	0,86		LTF.1	LTF	0,0077	0,82
CCL4.2	CCL4	0,0045	0,81		MAP4.1	MAP4	0,0219	0,84
CCL5.2	CCL5	0,0003	0,78		MRP1.1	ABCC1	0,0291	0,87
CCR2.1	CCR2	0,0390	0,87		NOS3.1	NOS3	0,0008	0,78
CCR4.2	CCR4	0,0109	0,82		PI3K.2	PIK3C2B	0,0329	0,83
CCR7.1	CCR7	0,0020	0,80		PLA2G4C.1	PLA2G4C	0,0452	0,87
CD4.1	CD4	0,0195	0,86		PPAP2B.1	PPAP2B	0,0001	0,74
CD8A.1	CD8A	0,0058	0,83		PRCC.1	PRCC	0,0333	0,88
CEACAM1.1	CEACAM1	0,0022	0,81		PRKCB1.1	PRKCB	0,0353	0,87
CFLAR.1	CFLAR	0,0308	0,87		PRKCH.1	PRKCH	0,0022	0,82
CTSS.1	CTSS	0,0462	0,87		PRSS8.1	PRSS8	0,0332	0,87
CX3CL1.1	CX3CL1	0,0021	0,81		PSMB9.1	PSMB9	0,0262	0,87
CXCL10.1	CXCL10	0,0323	0,86		PTPRB.1	PTPRB	0,0030	0,80
CXCL9.1	CXCL9	0,0006	0,79		RGS5.1	RGS5	0,0480	0,85
CXCR6.1	CXCR6	0,0469	0,88		SDPR.1	SDPR	0,0045	0,80
DAPK1.3	DAPK1	0,0050	0,83		SELE.1	SELE	0,0070	0,81
DOC.1	DDC	0,0307	0,86		SGK.1	SGK1	0,0100	0,83
DLC1.1	DLC1	0,0249	0,83		SHANK3.1	SHANK3	0,0311	0,84
ECRG4.1	C2orf40	0,0244	0,84		SNRK.1	SNRK	0,0026	0,81
EDNRB.1	EDNRB	0,0400	0,86		TEK.1	TEK	0,0059	0,78
EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,68		TGFBR2.3	TGFBR2	0,0343	0,85
EPAS1.1	EPAS1	0,0411	0,84		TIMP3.3	TIMP3	0,0165	0,83
fas.1	FAS	0,0242	0,87		TMEM27.1	TMEM27	0,0249	0,86
FH.1	FH	0,0407	0,88		TSPAN7.2	TSPAN7	0,0099	0,83
GATA3.3	GATA3	0,0172	0,83		UBB.1	UBB	0,0144	0,85
GZMA.1	GZMA	0,0108	0,84		WWOX.5	WWOX	0,0082	0,83
HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	0,0036	0,82					
HSPG2.1	HSPG2	0,0236	0,84					
ICAM2.1	ICAM2	0,0091	0,83					
ICAM3.1	ICAM3	0,0338	0,87					

Tabla 8b: Genes para los que la expresión aumentada está asociada a riesgo superior de recidiva de cáncer después de ajuste de covariables clínicas/patológicas (valor $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Valor p	HR
CIAP1.2	BIRC2	0,0425	1,14
BUB1..1	BUB1	0,0335	1,15
CCNB1.2	CCNB1	0,0296	1,14
ENO2.1	ENO2	0,0284	1,17
ITGB1.1	ITGB1	0,0402	1,16
ITGB5.1	ITGB5	0,0016	1,25
LAMB1.1	LAMB1	0,0067	1,20
MMP14.1	MMP14	0,0269	1,16
MMP9.1	MMP9	0,0085	1,19
PSMA7.1	PSMA7	0,0167	1,16
RUNX1.1	RUNX1	0,0491	1,15
SPHK1.1	SPHK1	0,0278	1,16
OPN, osteopontina.3	SPP1	0,0134	1,17
SQSTM1.1	SQSTM1	0,0347	1,13
C20 orf1.1	TPX2	0,0069	1,20
TUBB.1	TUBB2A	0,0046	1,21
VCAN.1	VCAN	0,0152	1,18

Tabla 9: 16 genes significativos después de ajustar las covariables clínicas/patológicas y permitir un FDR de un 10 %

Símbolo oficial	n	Subconjunto génico (Ruta)	HR	HR (95 % CI)	ChiSq LR	Valor p LR	Valor q
EMCN	928	Angiogénesis	0,68	(0,57, 0,80)	19,87	<0,0001	0,0042
PPAP2B	928	Angiogénesis	0,74	(0,65, 0,85)	16,15	0,0001	0,0148
CCL5	928	Respuesta inmune	0,78	(0,68, 0,89)	12,98	0,0003	0,0529
CXCL9	928	Respuesta inmune	0,79	(0,70, 0,91)	11,74	0,0006	0,0772
NOS3	928	Angiogénesis	0,78	(0,68, 0,90)	11,32	0,0008	0,0774
NUDT6	926	Angiogénesis	0,77	(0,66, 0,90)	10,77	0,0010	0,0850
AQP1	928	Transporte	0,79	(0,69, 0,91)	10,15	0,0014	0,0850
APOLD1	927	Angiogénesis	0,78	(0,68, 0,91)	10,07	0,0015	0,0850
ITGB5	928	Adhesión celular/Matriz extracelular	1,25	(1,09, 1,43)	9,92	0,0016	0,0850
CCR7	928	Respuesta inmune	0,80	(0,69, 0,92)	9,58	0,0020	0,0850
CX3CL1	926	Respuesta inmune	0,81	(0,70, 0,92)	9,44	0,0021	0,0850
CEACAM1	928	Angiogénesis	0,81	(0,70, 0,93)	9,37	0,0022	0,0850

(continuación)

Tabla 9: 16 genes significativos después de ajustar las covariables clínicas/patológicas y permitir un FDR de un 10 %							
Símbolo oficial	n	Subconjunto génico (Ruta)	HR	HR (95 % CI)	ChiSq LR	Valor p LR	Valor q
PRKCH	917	Angiogénesis	0,82	0,72, 0,93	9,36	0,0022	0,0850
CASP10	927	Apoptosis	0,82	(0,73, 0,93)	9,25	0,0024	0,0850
SNRK	928	Angiogénesis	0,81	(0,71, 0,92)	9,09	0,0026	0,0863
PTPRB	927	Angiogénesis	0,80	(0,69, 0,92)	8,83	0,0030	0,0933

Tabla A

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
A-Catenina.2	NM_001903	NM_001903.1	CTNNA1	765	CGTTCCGATCCTCT ATACTGCAT	AGGTCCCTGTTG GCCTTATAGG	ATGCCTACAGCACCC TGATGTGCGA
A2M.1	NM_000014	NM_000014.4	A2M	6456	CTCTCCCGCCTTCC TAGC	CCGTTTGCACAGA TGCAG	CGCTTGTTCCTTCTC CACTGGGAC
AAMP.1	JNM_001087	NM_01087.3	AAMP	5474	GTGTGGCAGGTGG ACACTAA	CTCCATCCACTCC AGGTCTC	CGCTTCAAAGGACCA GACCTCCTC
ABC1.5	NM_000927	NM_000927.2	ABC1	3099	AAACACCACTGGAG CATTGA	CAAGCCTGGPAC CTATAGCC	CTCGCCAAATGATGCT GCTCAAGTT
ACADSB.1	NM_001609	NM_001609.3	ACADSB	6278	TGGCGGAGAACTA GCCAT	AAGACAGCCAG TCCTCAAAAT	CCTCCTGAAGCCTG CCATCATTGT
ACE.1	NM_000789	NM_000789.2	ACE	4257	CCGCTGTACGAGC ATTTC	CCGTGTCTGTGA AGCCGT	TGCCCTCAGCAATGA AGCCTACAA
ACE2.1	NM_021804	NM_021804.1	ACE2	6108	TACAATGAGAGGCT CTGGGC	TAATGGCCTCAGC TGCTTG	CGACCTCAGATCTCC AGCTTTCCC
ADAM 17.1	NM_003183	NM_003183.3	ADAM17	2617	GAAGTGCCAGGAG GCGATTA	CGGGCACTCACT GCTATTACC	TGCTACTTGCAAAGG CGTGCTCTACTGC
ADAM8.1	NM_001109	NM_001109.2	ADAM8	3978	GTCACCTGTGTCCTA CCCA	TGATGACCTGCTT TGGTGC	TTCCCAGTTCCTGTG TACACCCGG
ADAMTS1.1	NM_006988	NM_006988.2	ADAMTS1	2639	GGACAGGTGCAAG CTCATCTG	ATCTACAACCTTG GGCTGCAA	CAAGCCAAAGGCATT GGCTACTTCTTCG
ADAMTS2.1	NM_014244	NM_014244.1	ADAMTS2	3979	GAGAAATGTCTGCC GCTGG	ATCGTGGTATTCA TCGTGGC	TACCTCCAGCAGAAG CCAGACACG
ADAMTS4.1	NM_005099	NM_005099.3	ADAMTS4	2642	TTTGACAAAGTGCA GGTGTG	AATTTCTCTGAAGC AGCCTGA	CTGCTTGCTGCAACC AGAACCCT
ADAMTS5.1	NM_007038	NM_007038.1	ADAMTS5	2641	CACTGTGGCTCAC GAAATCG	GGAACCAAAGGT CTCTTCACAGA	ATTACTTGGCCTCT CCCATGACGATTCC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
ADAMTS8.1	NM_007037	NM_007037.2	ADAMTS8	2640	GGGAGTTCAAAGT3 TTCGAG	CACAGATGGCCA GTGTTTCT	CACACAGGGTGCCA TCAATCACCT
ADAMTS9.1	NM_182920	NM_182920.1	ADAMTS9	6109	GCACAGGTTACACA ACCCAA	CGACATTGGCAG TCATCG	CCGGCTCCCGTTATA GGGACATTC
ADD1.1	NM_001119	NM_001119.3	ADD1	3980	GTCTACCCAGCAG CTCCG	TCGTTACAGGA GTCACCAT	CATGTTTAAGGCAGC CATGCCCTCC
ADFP.1	NM_001122	NM_001122.2	PLIN2	4503	AAGACCATCACCTC CGTGG	CAATTTGGGGCTC TAGCTTC	ATGACCAGTGTCTCTG CCCATCATC
ADH1B.1	NM_000668	NM_000668.4	ADH1B	6325	AAGCCAAACAAACCT TCCCTC	AAAATGCAAGAAG TCACAGGAA	TTTCCCTCAATGGCAA AGGTGACACA
ADH6.1	NM_000672	NM_000672.3	ADHS	6111	TGTTGGGGAGTAA ^a CACTGG	AAGGATTCCAGCC CCTTC	TCTGTATCCACCA TCTTGGGCC
ADM.1	NM_001124	NM_001124.1	ADM	3248	TAAGCCACAAGCAC ACGG	TGGGGGCGCTAAA TCCTAA	CGAGTGGAAAGTGT CCCCACTTTC
AGR2.1	NM_006408	NM_006408.2	AGR2	3245	AGCCAAACATGTGAC TAATTGGA	TCTGATCTCCATC TGCCTCA	CAACACGTCACGACC CTTTGCTCT
AGT.1	NM_000029	NM_000029.2	AGT	6112	GATCCAGCCTCAGT ATGCC	CCAGTTGAGGGA GTTTTGCT	TGAGACCCGCCACCT TGTCAGGT
AGTR1.1	NM_000685	NM_000685.3	AGTR1	4258	AGCATTGATCGATA CCTGGC	CTACAAGCATTGT GCGTGG	ATTGTTCAACCAATG AAGTCCCGC
AHR.1	NM_001621	NM_001621.2	AHR	3981	GCGGCATAGAGAC CGACTT	ACATCTTGTGGGA AAGGCA	CAGGCTAGCCAAAC GGTCCAACTC
AIF1.1	NM_032955	NM_032955.1	AIF1	6452	GACGTTCAAGCTACC CTGACTTT	TCAGGATCATTTT TAGGATGGC	ATCTCTTGCCCGAGCA TCATCCTGA
AKT1.3	NM_005163	NM_005163.1	AKT1	18	CGTTTCTATGGCG TGAGAT	TCCGCTGACACC ACGTTCTT	CAGCCCTGGACTAC CTGCACTCGG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Simbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
AKT2.3	NM_001626	NM_001626.2	AKT2	358	TCCTGCCACCCCTTC AAACC	GGGGTAATTCA TCATCGAA	CAGTCAAGTCCGA GGTCGACACA
AKT3.2	NM_005465	NM_005465.1	AKT3	21	TTGTCCTCGCTTG GACTATCTACA	CCAGCATTAGATT CTCCAACTTGA	TCACGGTACACAATC TTTCCGGA
ALDH4.2	NM_003748	NM_003748.3	ALDH4A1	2092	GGACAGGGTAAGA CCGTGAT	AACCGGAAGAAG TCGATGAG	CTGCAGCGTCAATCT CCGCTTG
ALDH6A1.1	NM_005589	NM_005589.2	ALDH6A1	6114	GGCTCTTCAACAG CAGTCC	GCATGCTCCACC AGCTCT	CAGCCACTTCTTGGC TTCTCCAC
ALDOA.1	NM_000034	NM_000034.2	ALDOA	3810	GGCTGTACGTGCC AGCTC	TCATCGGAGCTT GATCTCG	TGCCAGAGCCTCAA CTGTCTCTGC
ALDOB.1	NM_000035	NM_000035.2	ALDOB	6321	CCCTCTACCAGAAAG GACAGC	TAAGTTGATTCCC ACCACGA	TCCCTTTTCCTTGA GGATGTTTCTG
ALOX12.1	NM_000697	NM_000697.1	ALOX12	3861	AGTTCTCAATGG GCCAAC	AGCACTAGCCTG GAGGGC	CATCCTGTGAGAC GCTCGACCTC
ALOX5.1	NM_000698	NM_000698.2	ALOX5	4259	GAGTGCAGGACT TCGTGA	GAAGCCTGACGA CTTGCG	CCGCATGCCGTACA CGTAGACATC
AMACR1.1	NM_014324	NM_014324.4	AMACR	3930	GGACAGTCAGTTT AGGGTTGC	GACAGCCACAG ACCCAC	CAGTAACCTCGGGC CTGTTCCG
ANGPT1.1	NM_001146	NM_001146.3	ANGPT1	2654	TCTACTTGGGGTGA CAGTGC	CCTTTTAAAGCC CGACAGT	TCAGTGGCTCGAC TATAGAAAACCTCA
ANGPT2.1	NM_001147	NM_001147.1	ANGPT2	2655	CCGTGAAAGCTGCT CTGTAA	TTGCAGTGGGA GAACAGTC	AAGCTGACACAGCC CTCCCAAGTG
ANGPTL2.1	NM_012098	NM_012098.2	ANGPTL2	3982	GCCATCTGGGTCA CTCC	TAGTCTCTGCTTA TGCACCTG	TCCTCAGAACACCT CAGGCTCCT
ANGPTL3.3	NM_014495	NM_014495.2	ANGPTL3	6505	GTTGCGATTACTCG CAATGT	TGCTTTGTGATCC CAAGTAGA	CCAATGCAATCCCG GAAAACAAG
ANGPTL4.1	NM_016109	NM_016109.2		3237	ATGACCTCAGATCG AGGCTG	CCGGTTGAAGTC CACTGAG	CATCGTGGCGCCTC TGAATTACTG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
ANGPTL7.1	NM_021146	NM_021146.2	ANGPT17	6115	CTGCACAGACTCCA ACCTCA	GCCATCCAGGTG CTTATTGT	TCACCCAGGCGGTA GTACACTCCA
ANTXR1.1	NM_032203	NM_032208.1	ANTXR1	3363	CTCCAGGTGTACCT CCAAAC	GAGAAAGGCTGGG AGACTCTG	AGCCITCTCCACAG CTGCCGTACA
ANXA1.2	NM_000700	NM_000700.1	ANXA1	1907	GCCCCATCTCTACC TTCAATCC	CCTTTAACCATTA TGGCCTTATGC	TCCTCGGATGTGCT GCCT
ANXA2.2	NM_004039	NM_004039.1	ANXA2	2269	CAAGACACTAAGGG CCACTACCA	CGIGTCGGGCTT CAGTCAT	CCACACACAGGTA CAGCAGCGCT
ANXA4.1	NM_001153	NM_001153.2	ANXA4	3984	TGGGAGGGATGA1 GGAAAT	CTCATACAGGTCC TGGGCA	TGTCTCAGGAGGC ATCGTCCAGA
ANXA5.1	NM_001154	NM_001154.2	ANXA5	3785	GCTCAAGCCTGGA AGATGAC	AGAACCACCAACA TCCGCT	AGTACCCGTAAGTGT CCCCACCA
AP-1 (JUN oficial).2	NM_002223	NM_002228.2	JUN	2157	GACTGCCAAAGATC GAAACGA	TAGCCATAAGGTC CGCCTC	CTATGACGATGCCCT CAAGGCCTC
AP1M2.1	NM_005493	NM_005498.3	AP1M2	5104	ACAACGACCGCAC CATCT	CTGAGGCGGTAT GACATGAG	CTTCATCCCGCCTGA TGGTGACTT
APAF1.2	NM_181861	NM_181861.1	APAF1	4086	CACAAGGAAGAAG CTGGTGA	CATCCTGGTTTAC CTTTCAA	TGCAATTCAGCAGAA GCTCTCCAAA
APC.4	NM_000033	NM_000038.1	APC	41	GGACAGCAGGAA GTGTTTC	ACCCACTCGATT GTTCTG	CATTGGCTCCCCCGT GACCTGTA
APOC1.3	NM_001645	NM_001645.3	APOC1	6808	CCAGCCTGATAAAG GTCTG	CACCTGGAATCC TGCTGGA	AGGACAGGACCTCC CAACCAAGC
APOE.1	NM_000041	NM_000041.2	APOE	4340	GCCTCAAGAGCTG GTTCC	CCTGCACCTTCTC CACCA	ACTGGCGCTGCATG TCTTCCAC
APOL1.1	NM_003661	NM_003661.2	APO_1	6117	CGGACCAAGAAGT GTGACC	ATTGTGCTCTGGC CCCTG	AGGCATATCTCTCCT GGTGGCTGC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
APOLD1.1	NM_030817	NM_030817.1	APO_D1	6118	GAGCAGCTGGAGTCTCGG	AGAGATCTTGAGGTCGTGGC	CAGCTCTGCACCAA GTCCAGTCGT
AQP1.1	NM_198098	NM_198098.1	AQP1	5294	GCTTGCTGTATGACCCCTG	AAGGCTGACCTCTCCCCCTC	ACAGCCTTCCCTCTG CATTGACCT
AREG.2	NM_001657	NM_001657.1	AREG	87	TGTGAGTGAATGCTTCTAGTAGTGA	TTGTGGTTCTGTTATCATACTCTTCTG	CCGTCTCGGAGCCGACTATGA
ARF1.1	NM_001658	NM_001658.2	ARF1	2776	CAGTAGAGATCCCGGCAACT	ACAAGCACATGGCTATGGAA	CTTGCTCTGGGTCA CCCTGCA
ARG9.1	NM_03192C	NM_031920.2		3873	GCATGGGCTACTGCATCC	CCACATCGATTCA GCCAAG	AGCTTGCTCAGTCC GTGCACAAA
ARGHEF18.1	NM_015318	NM_015318.2	ARGHEF18	3008	ACTCTGCTTCCCAAGGGC	GAAGCTAGAGGCGCGCTC	CTGTTCACACGCTCA GCGTGTCTG
ARHA.1	NM_001664	NM_001664.1	RHOA	2981	GGTCTCCGTGGTCTTCTC	GTGCAAACTCGGAGCG	CCACGGTCTGGTCTT CAGCTACCC
ARHGD1B.1	NM_001175	NM_001175.4	ARH3D1B	3987	TGGTCCCTAGAAC.1 AGAGGC	TGATGGAGGATCAGAGGGAG	TAAACCGGGCTTTC ACCCAACT
ARRB1.1	NM_004041	NM_004041.2	ARRB1	2656	TGCAGGAACGCCTCATCA	GGTTGGAGGGA TCTCAAAGG	CTGGGCGAGCAGGC TTACCCCTTC
ASS1.1	NM_054012	NM_054012.3	ASS1	6328	CCCCAGATAAAGCTCATTTG	TGCGTACTCCATCAGGTCAT	TCTACAACCGGTTCA AGGGCG
ATP1A1.1	NM_000701	NM_000701.6	ATP1A1	6119	AGAACGCCATTATTG GAGCTG	GGCAGAAAGAGGTGGCAG	ACCTAGGACTCGTTC TCCAGGGCC
ATP5E.1	NM_006886	NM_006886.2	ATP5E	3535	CCGCTTTCGCTACA GCAT	TGGGAGTATGGATGTAGCTG	TCCAGCCTGCTCCA GTAGGCCAC
ATP6V1B1.1	NM_001692	NM_001692.3	ATP6V1B1	6293	AACCATGGGGAAC GTCTG	GGTGATGATCCGCTCGAT	CTTCTGAACCTGGC CAATGACCC
AXL.1	NM_001699	NM_001699.3	AXL	3989	TTCAGCCCTGTCTTCTCTAC	CTGCACAGAGAA GGGGAGG	TATCCGACCTCCATC CCACACAGG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
AZU1.1	NM_001700	NM_001700.3	AZU1	6120	CCGAGGCGCTGAC TTCTT	GTCCGGGTGT TGAGAA	CCATCGATCCAGTCT CGGAAGAGC
B-Catenina.3	NM_001904	NM_001904.1	CTNNB1	769	GGTCTCTTGTGCGT ¹⁴ CTGTCTT	TCAGATGACGAA GAGCACAGATG	AGGCTCAGTGTATGT CTTCCTGTCCACAG
B2M.4	NM_004048	NM_004048.1	B2M	467	GGGATCGAGACAT GTAAGCA	TGGAATTCATGCA ATCCAAAT	CGGCATCTTCAAACC TCCATGATG
BAD.1	NM_032989	NM_032989.2	BAD	7209	GGGTCAGGGGCGCT CGAGAT	CTGCTCACTCGG CTCAAACTC	TGGGCCCGAGAGCAT GTCCAGATC
BAG 1.2	NM_004323	NM_04323.2	BAG1	478	CGTTGTCAGCACT CGAATACAA	GTTCACCTCTTC CTGTGCACTGT	CCGAATTAACATGAC CCGGGAACCAT
BAG2.1	NM_004282	NM_004282.2	BAG2	2808	CTAGGGGCAAAAA GCATGA	CTAAATGCCCAAG GTGACIG	TTCCATGCCAGACAG GAAAAGCA
Bak.2	NM_001188	NM_001188.1	BAK1	82	CCATTCACCACATT CTACCT	GGGAACATAGAC CCACCAAT	ACACCCAGACGTC CTGGCCT
Bax.1	NM_004324	NM_004324.1	BAX	10	CCGCCGTGGACAC AGACT	TTGCCGTGAGAA ACATGTCA	TGCCACTCGGAAAA GACCTCTCGG
BBC3.2	NM_014417	NM_014417.1	BBC3	574	CCTGGAGGGTCTCT GTACAAT	CTAATTGGGCTCC ATCTCG	CATCATGGGACTCCT GCCCTTACG
-Bcl2.2	NM_006633	NM_006633.1	BCL2	61	CAGATGGACCTAGT ACCCACTGAGA	CCTATGATTTAAG GGCATTTTTC	TTGCACGCCGAAGG ACAGCGAT
BCL2A1.1	NM_004049	NM_004049.2	BCL2A1	6322	CCAGCCTCCATGTA TCATCA	TGAAGCTGTGTA GGCAATGT	CAGTCAAGCTCAGT GAGCATTTCTCAGC
BCL2L12.1	NM_138639	NM_138639.1	BCL2_12	3364	AAGCCACCCCTGTG TTGG	CTCAGCTGACGG GAAAGG	TCCGGGTAGCTCTC AAACTCGAGG
Bclx.2	NM_001191	NM_001191.1	BCL2L1	83	CTTTGTGGAACCTC TATGGGAACA	CAGCGTTGAAG CGTTCCT	TTCCGGCTCTGGCT GCTGCA
BCRP.1	NM_004827	NM_004827.1	ABC2	364	TGTACTGGCGAAGA ATATTGGTAAA	GCCACGTGATTCT TCCACAA	CAGGCGCATCGATCT CTACCCGTGG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
BFGF.3	NM_007083	NM_007083.1	NUDT6	345	CCAGGAAGATGCT TAAGATGTGA	TGGTATGGCAG TTGTATTTTCAG	TTGCCAGGTCATTG AGATCCATCCA
BGN.1	NM_001711	NM_001711.3	BGN	3391	GAGCTCCGCAAGG ATGAC	CTTGTTGTTCACC AGGACGA	CAAGGGTCTCCAGC ACCTCTACGC
BHLHB3.1	NM_030762	NM_030762.1	BHLHE41	6121	AGGAAGATCCCTC GCAGC	TTGAACCTCCGTC CTTCG	AGGAAGCTCCCTGA ATCCTTGCGT
BIK.1	NM_001197	NM_001197.3	BIK	2281	ATTCCTATGGCTCT GCAATTGTC	GGCAGGAGTGAA TGGCTCTC	CCGGTTAACTGTGG CCTGTGCCC
BIN1.3	NM_004305	NM_004305.1	BIN1	941	CCTGCAAAAGGGAA CAAGAG	CGTGGTTGACTCT GATCTCG	CTTCGGCTCCAGATG GCTCCC
BLR1.1	NM_001716	NM_001716.3	CXCR5	6280	GACCAAGCAGGAA GCTCAGA	AGGCTGTTTTCG GTCAGA	CCAGGGGAGCTAC CTGAACCTCAA
BNIP3.1	NM_004052	NM_004052.2	BNIP3	3937	CTGCACGGAGTAG CTCCAAG	GGTATCTTGTTGG GTCTGCG	CTCTCACTGTGACAG CCCACGCTCG
BRCA1.1	NM_007294	NM_007294.3	BRCA1	7481	TCAGGGGGCTAGA AATCTGT	GCATTCCAGTTGA TCTGTGG	CTATGGGCCCTTAC CAACATGC
BTRC.1	NM_033637	NM_033637.2	BTRC	2555	GTTGGACACAGTT GGTCTG	TGAAGCAGTCAGT TGIGCTG	CAGTCGGCCAGGA CGGTCTACT
BUB1.1	NM_004336	NM_004336.1	BUB1	1647	CCGAGGTTAATCCA GCACGTA	AAGACATGGCGC TCTCAGTTC	TGCTGGGAGCCTAC ACTTGGCCC
BUB3.1	NM_004725	NM_004725.1	BUB3	3016	CTGAAGCAGATGCT TCATCAT	GCTGATTCCTCAAG AGTCTAACC	CCTCGCTTTGTTTAA CAGCCCAGG
c-kit.2	NM_000222	NM_000222.1	KIT	50	GAGGCAACTGCTTA TGGCTTAATTA	GGCACTCGGCTT GAGCAT	TTACAGCGACAGTCA TGGCCGCAT
C13orf15.1	NM_014059	NM_014059.2	C13orf15	6122	TAGAATCTGCTGCC AGAGGG	CAAGGGCTGATTT TAAGGTGA	TGCACTCAACGTTCT ACCAGGCCA
C1QA.1	NM_01599	NM_015991.2	C1QA	6123	CGGTCATCACCAC CAGG	CGGGTACAGTTC AGACGA	AGAACCGTACCAGAA CCAGTCCGG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
C1QB.1	NM_000499	NM_000491.3	C1QB	6124	CCAGTGGCCTCAC AGGAC	CCCATGGGATCTT CATCATC	TCCAGGAGGCGTC TGACACAGTA
C20orf1.1	NM_012112	NM_012112.2	TPX2	1239	TCAGCTGTGAGCTG CGGATA	ACGGTCCCTAGGT TTGAGGTTAAGA	CAGGTCCCATTGCC GGGCG
C3.1	NM_00064	NM_000064.2	C3	6125	CGTGAAGGAGTGC AGAAAGA	ACTCGGTGTCCG GGACTT	ACATCCCACCIGCAG ACCTCAGTG
C3.1 C3AR1.1	NM_004054	NM_004054.2	C3 C3AR1	6126	AAGCGGCATCCGA GACTT	TGTTAAGTGCCCT TGCTGG	CAACCCCCAGAGATT CCGATTTCAG
C7.1	NM_000587	NM_00087.2	C7	6127	ATGCTGAGTGTGA GGCGG	AGGCCTTATGCT GGTGACAG	ATGCTCTGCCCTCTG CATCTCAGA
CA12.1	NM_001218	NM_001218.3	CA12	6128	CTCTCTGAAGGTGT CCTGGC	ACAGGAACCTGAG GGGTGCT	AGACACCAGTGCTTC TCCAGGGCT
CA2.1	NM_000067	NM_000067.1	CA2	5189	CAACGTGGAGTTT3 ATGACTCT	CTGTAAAGTGGCAT CCAGGG	CTTCCCTTGAGCACT GCTTTGTCC
CA9.3	NM_0012218	NM_001216.1	CA9	482	ATCCTAGCCCTGGT TTTTGG	CTGCCCTTCTCATC TGCACAA	TTTGCTGTCACCAGC GTCCG
CACNA2D1.1	NM_000722	NM_000722.2	CACNA2D1	6129	CAACATTAGCTGG GCCTGT	CAGCCAGTGGGT GCCTTA	CCATGGCATACACT AAGGGGCAG
CALD1.2	NM_004342	NM_004342.4	CALC1	1795	CACATAAGTTTGAG3 ACAGTTCAGAA	GCGAATTAGCCCT CTACAACTGA	AACCCAAAGCTCAAGA CGCAGGACGAG
CASP1.1	NM_033292	NM_033292.2	CASP1	6132	AGAAAGCCACAT.1 GAGAAGGA	TGTGGGATGTCT CCAAGAAA	CGCTTTCTGCTCTTC CACACCAGA
CASP10.1	NM_001230	NM_001230.4	CASP10	6133	ACCTTTCTCTTTGGC CGGAT	GTGGGGACTGTC CACTGC	TCTACTGCATCTGOC AGCCCTGAG
CASP6.1	NM_032992	NM_032992.2	CASF6	6134	CCTCACACTGGTGA ACAGGA	AATTGCACCTGGG TCITTCG	AAAGTCCACTCGGC GCTGAGAAAC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
Caspasa 3.1	NM_032991	NM_032991.2	CASP3	5963	TGAGCCTGAGCAC AGACATGA	CTTCCTGCGTG GTCCAT	TCAGCCTGTTCCATG AAGCAGAGC
CAT.1	NM_001752	NM_001752.1	CAT	2745	ATCCATTGCGATG ACCAAGGT	TCCGGTTTAAGAC CAGTTTACCA	TGGCCTCACAAAGGA CTACCCCTCATCC
CAV1.1	NM_001753	NM_001753.3	CAV1	2557	GTGGCTCAACATTG TGTTCG	CAATGGCCTCCAT TTTACAG	ATTTCAGCTGATCAG TGGGCCTCC
CAV2.1	NM_198212	NM_198212.1	CAV2	6460	CTTCCCTGGGAGG ACTTG	CTCCTGGTCACC CTTCGG	CCCGTACIGTCATGC CTCAGAGCT
CCL18.1	NM_002988	NM_002988.2	CCL18	3994	GCTCCTGTGACAAA GTGG	TGGAATCTGCCA GGAGGTA	CAACAAGAGCTCTG CTGCCTCGT
CCL19.1	NM_006274	NM_006274.2	CCL19	4107	GAACGCATCATCCA GAGACTG	CCCTCTGCACCGT CATAGGT	CGCTTCATCTTGGCT GAGGTCTCTC
CCL20.1	NM_004591	NM_004591.1	CCL20	1998	CCATGTGCTGTACG AAGAGTTTG	CGCCCCAGAGGT GGAGTA	CAGCACTGACATCAA AGCAGCCAGGA
CCL4.2	NM_002984	NM_002984.1	CCL4	4148	GGTCCAGGAGTGA CGTGTATGAC	CCCTCCCTGAAGA CTTCTGTCT	ACTGAACTGAGCTG CTCA
CCL5.2	NM_002985	NM_002985.2	CCL5	4088	AGGTTCTGACCTCT GGCTTT	ATGCTGACTTCTT TCTTGT	ACAGAGCCCTGGCA AAGCCAAG
CCNB1.2	NM_031966	NM_031966.1	CCNB1	619	TTCAGGTTGTTGCA GGAGAC	CATCTTCTTGSGG ACACAAT	TGCTCCATTATTGA TCGGTTCAIGCA
CCND1.3	NM_053056	NM_001758.1	CCND1	88	GCATGTTGTTGGC CTCTAAGA	CGGTGTAGATGC ACAGCTTCTC	AAGGAGACCATCCC CCTGACGGC
CCNE1.1	NM_001238	NM_001238.1	CCNE1	498	AAAGAAGATGATGA CCGGGTTTAC	GAGCCTCTGGAT GGTGCAAT	CAAACTCAACGTGCA AGCCTCGGA
CCNE2 variante 1.1	NM_057749	NM_057749var1	CCNE2	1650	GGTCAACCAAGAAC ATCAGTATCAA	TTCAATGATAATG CAAGGACTGATC	CCCAGATAATACAGG TGGCCAACAATTCTT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador L.	Sec. de la Sonda
CCNE2.2	NM_057749	NM_057749.1	CCNE2	502	ATGCTGTGGCTCCT TCCTAACT	ACCCAAATTGTGA TATACAAAAGGT T	TACCAAGCAACCTAC ATGTCAAGAAAGCCG
CCR1.1	NM_001295	NM_001295.2	CCR1	6135	TCCAGAGCCCAATG GGAA	TCGTAGGCTTTGG TGAGGA	ACTCACCACACCTGC AGCCTTCAC
CCR2.1	NM_000648	NM_000648.1	4109	4109	CTGGGAATCCTCA AAAC	CACTCTCACTGCC CTATGCC	TCTTCTCGTTTGGAC ACCGAAGCA
CCR4.2	NM_005508	NM_005508.4	CCR4	6502	AGACCCTGGTGG GCTAGAA	AGAGTTTCTGTGG CCTGGAT	TCCTTCAGGACTGCA CCTTTGAAAGA
CCR5.1	NM_000579	NM_000579.1	CCR5	4119	CAGACTGAATGGG GGTGG	CTGGTTTGTGTGC AGAAGGC	TGGAATAAGTACCTA AGGCGCCCCC
CCR7.1	NM_001838	NM_001838.2	CCR7	2661	GGATGACATGCACT CAGCTC	CCTGACATTTCCC TTGTCT	CTCCCATCCCAGTG GAGCCAA
CD105.1	NM_000118	NM_000118.1	ENG	486	GCAGGTGTCAGCA AGTATGATCAG	TTTTCCGGCTGTG GTGATGA	CGACAGGATATTGAC CACCGCCTCAT
CD14.1	NM_000591	NM_000591.1	CD14	4341	GTGTGCTAGCGTAC TCCCG	GCATGGTGCCGG TTATCT	CAAGGAACGTACCG TCGAGGACCT
CD18.2	NM_000211	NM_000211.1	ITGB2	49	CGTCAGGAGCCAC CATGTCT	GGTTAATTGGTGA CATCCTCAAGA	CGCGGCGGAGACAT GGCTTG
CD1A.1	NM_001763	NM_001763.1	CD1A	4166	GGAGTGGAGGAA CTGGAA	TCAITGGGGGTAT CTACGAAT	CGACCAATTCGGTC ATTTGAGG
CD24.1	NM_013230	NM_013230.1	CD24	2364	TCCAACTAATGCCA CCACCAA	GAGAGAGTCAGA CCACGAAGAGAC T	CTGTTGACTGCAGG GCACCACCA
CD274.2	NM_014143	NM_014143.3	CD274	4076	GCTGCATGATCAGG TATGCT	TGTTGATGGGG CATTGACT	CACAGTAATTGGCTT GTAGTCGGCACC
CD31.3	NM_000442	NM_000442.1	PECAM1	485	TGTATTCAAGACC TCGTGCACTT	TTAGCCTGAG3AA TTGCTGTGTT	TTTATGAACCTGCC TGTCCCA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
CD34.1	NM_001773	NM_001773.1	CD34	3814	CCACTGCACACACG TCAGA	CAGGAGTTTACCT GCCTGT	CTGTTCTTGGGGCC CTACACCTTG
CD36.1	NM_000072	NM_000072.2	CD36	6138	GTAACCCAGGACG CTGAGG	AAGGTTGGAAGAT GGCAGC	CACAGTCTCTTTCCT GCAGCCCAA
CD3z.1	NM_000734	NM_000734.1	CD247	64	AGATGAAGTGGAA GGCGCTT	TGCCTCTGTATC GGCAACTG	CACCGCGGCCATCC TGCA
CD4.1	NM_000616	NM_000616.2	CD4	4168	GTGCTGGAGTGGG GACTAAC	TCCCTGCATTCAA GAGGC	CAGGTCCCTTGTCC CAAGTTCCAC
CD44.1	NM_000610	NM_000610.3	CD44	4267	GGCACCACCTGCTTA TGAAGG	GATGCTCATGGT GAATGAGG	ACTGGAACCGAGAA GCACACCCCTC
CD44S.1	M59040	M59040.1		1090	GACGAAGACAGTC CCTGGAT	ACTGGGGTGCAG TGTTGCTT	CACCGACAGCACAG ACAGAAATCCC
CD44v6.1	AJ251595v6	AJ251595v6		1061	CTCATACCAGCCAT CCAATG	TTGGGTTGAAGAA ATCAGTCC	CACCAAGCCAGAG GACAGTTCCT
CD53.1	NM_000560	NM_000560.3	CD53	6139	CGACAGCATCCACG GTTAC	TGCAGAAATGACT GGATGGA	CACGCTGCCCTTGGT GCTATTGTCT
CD68.2	NM_001251	NM_001251.1	CD68	84	TGGTTCCAGCCCTT GTGT	CTCCTCCACCCTG GGTTGT	GTCAGGCCGAGATT CAGATTCCAGTCA
CD82.3	NM_002231	NM_002231.2	CD82	316	GTGCAGGCTCAGC TGAAGTG	GACCTCAGGGGG ATTGATGA	TCAGCTTCTACAAC GGACAGACAACGCT
CD8A.1	NM_171827	NM_171827.1	CD8A	3804	AGGGTGAGGTGCT TGAGTCT	GGGCACAGTATC CCAGGTA	CCAACGGCAAGGGA ACAACTACTTCT
CD99.1	NM_002414	NM_002414.3	CD99	6323	GTTCCTCCGGTAGC TTTCA	ACCATCACTGCCT CCTTTTC	TCCACCTGAAACGCC ATCCG
cdc25A.4	NM_001789	NM_001789.1	CD25A	90	TCTTGCTGGGTAGC CCTCTT	CTGCATTGTGGC ACAGTTCTG	TGTCCTGTTAGACG TCTCCGTCCATA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
CDC25B.1	NM_021873	NM_021874.1	CDC25B	389	AAACGAGCAGTTTG CCATCAG	GTTGGTGATGTTG CGAAGCA	CCTCACCGGCATAG ACTGGAAGCG
CDH1.3	NM_004360	NM_004360.2	CDH1	11	TGAGTGTCGCCCG GTATCTTC	CAGCGGCTTTCA GATTTTCAT	TGCCATCCCGATGA AATTGGAATTT
CDH13.1	NM_001257	NM_001257.3	CDH13	6140	GCTACTTCGCCAC GTCCCG	CCTCTCTGTGGA CCTGGCT	AGTCTGAATGCTGCC ACAAACCAGC
CDH16.1	NM_004062	NM_004062.2	CDH16	4529	GACTGTCTGAATGG CCGAG	CCAGGGGACTCA GATGGA	CAGAGGCCAAGCTC CCAGGTAGAG
CDH2.1	NM_001792	NM_001792.2	CDH2	3965	TGACCGATAAGGAT CAACCC	GATCCGCCCACT GATTCTG	ATACACCAGCCTGGA ACGCAGTGT
CDH5.1	NM_001795	NM_001795.2	CDH5	6142	ACAGGAGACGTGT CGCC	CAGCAGTGAGGT GGTACTCTGA	TATTCTCCCGGTCCA GCCTCTCAA
CDH6.1	NM_004932	NM_004932.2	CDH6	3998	ACACAGGCGACATA CAGGC	CTCGAAGGATGTA AACGGGT	TTCTTCCCTGTCCA GCCTCTTGG
CDK4.1	NM_00075	NM_00075.2	CDK4	4176	CCTTCCCATCAGCA CAGTTC	TTGGGATGCTCAA AAGCC	CCAGTCGCCTCAGT AAAGCCACCT
CDK6.1	NM_001259	NM_001259.5	CDK6	6143	AGTGCCCTGTCTCA CCCA	GCAGGTGGGAAT CCAGGT	TCCTTGGACCTTCC AGGTCTCTGG
CDKN2A.2	NM_000077	NM_000077.3	CDKN2A	4278	AGCACTCAGGCCCT AAGC	TCATGAAGTCGAC AGCTTCC	CGCAAGAAATGCC ACATGAATGT
CEACAM1.1	NM_001712	NM_001712.2	CEACAM1	2577	ACTTGCCCTGTTCAG AGCACTCA	TGGCAAATCCGAA TTAGAGTCA	TCCTTCCACCCCCCA GTCTGTCTC
CEBPA.1	NM_004364	NM_004364.2	CEBPA	2961	TTGGTTTTGCTGG ATACTTO	GCTCAGACCCTT CCCCC	AAAATGAGACTCTCC GTGGGCAGC
CENPF.1	NM_016343	NM_016343.2	CENPF	3251	CTCCCGTCAACAGC GTTC	GGGTGAGCTGG CCTTCA	ACACTGGACCAGGA GTGCATCCAG
CFLAR.1	NM_003879	NM_003879.3	CFLAR	6144	GGACTTTGTCCAAG TGACAGC	CGGCGCTTCTCT CCTACA	CTCCTCCCGTGGTC CTTGTGTCT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
CGA(CHGA oficial) 3	NM_001275	NM_001275.2	CHGA	1132	CTGAAGGAGCTCC MAGACCT	CAAAACCGCTGT GTTTCTC	TGCTGATGTGCCCTC TCCTTGC
Chk1.2	NM_001274	NM_001274.1	CHEK1	490	GATAAATTGGTACA AGGGATCAGCTT	GGGTGCCAAGTA ACTGACTATTCA	CCAGCCCACATGTC CTGATCATATGC
Chk2.3	NM_007194	NM_007194.1	CHEK2	494	ATGTGGAACCCCA CCTACTT	CAGTCCACAGCA CGGTTATACC	AGTCCCAACAGAAC AAGAACTTCAGGCG
CIAP1.2	NM_001166	NM_001166.2	BIRC2	326	TGCCTGTGGTGGC AAGCT	GGAAATGCCTC CGGTGTT	TGACATAGCATCATC CTTTGGTTCCAGTT
CIAP22	NM_001165	NM_001165.2	BIRC3	79	GGATAATTCCGTGG CTCTTATTCA	CTTCTCATCAAGG CAGAAAAATCTT	TCTCATCAAAATCCT GTAAACTCCAGAGCA
CLCNKB.1	NM_000085	NM_000085.1	CLCNKB	4308	GTGACCCCTGAAGCT GTCCC	GGTTCAACAGCTC AAAGAGGTT	AGAGACTTCCCTGCA TGAGGCACA
CLDN10.1	NM_182848	NM_182848.2	CLDN10	6145	GGTCTGTGGATGA CTGCG	GATAGTAAATGC GGTCGGC	TGAAAGAACCCAAC GGGTTACCT
CLDN7.2	NM_001307	NM_001307.3	CLDN7	2287	GGTCTGCCCTAGTC ATCCTG	GTACCCAGCCCTT GCTCTCAT	TGCACTGCTCTGCTG TTCTGTGCC
CLU.3	NM_001831	NM_001831.1	CLU	2047	CCCCAGGATAGCTA CCACTACCT	TGCGGGACITGG GAAAGA	CCCTTCAGCCCTGCC CCACCG
cMet.2	NM_000245	NM_000245.1	MET	52	GACATTTCCAGTCC TGCAGTCA	CTCCGATCGCAC ACATTGT	TGCCCTCTCGCCCA CCCTTTGT
cMYC.3	NM_002467	NM_002467.1	MYC	45	TCCCTCCACTCGGA AGGACTA	CGGTTGTTGCTG ATCTGTCTCA	TCTGACACIGTCCAA CTTGACCCCTCTT
COL18A1.1	NM_030582	NM_030582.3	COL18A1	16146	AGCTGCCATCAGG CCTAC	GTGGCTACTTGG AGGCAGTC	CGTGTCTGTCATTGA GAACAGCTTC
COL1A1.1	NM_000088	NM_000088.2	COL1A1	1726	GTGGCCATCCAGC TGACC	CAGTGGTAGGTG ATGTTCTGGGA	TCCTGGCCCTGATGT CCACCG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
COL1A2.1	NM_000089	NM_000089.2	COL1A2	1727	CAGCCAAGAACTG GTATAGGAGCT	AACTGGCTGCC AGCATTG	TCTCTAGCCAGAC GTGTTCTTGTCCTT G
COL4A1.1	NM_001845	NM_001845.4	COL4A1	6147	ACAAAGGCGCTCCCA GGAT	GAGTCCCAGGAA GACCTGCT	CTCCTTTGACACCAG GGATGCCAT
COL4A2.1	NM_001846	NM_001846.2	COL4A2	6148	CAACCCTGGTGAT3 TCTGC	CGCAGTGGTAGA GAGCCAGT	ACTATGCCAGGCCG AACGACAAGT
COL5A2.2	NM_000393	NM_000393.3	COL5A2	6653	GGTCGAGGAACCC AAGT	GCCTGGAGGTCC AACTCTG	CCAGGAAATCCTGTA GCACCAGGC
COL7A1.1	NM_000094	NM_000094.2	COL7A1	4984	GGTCACAAAGGAC CTCGG	ACCAGGCTCTCC CTTGCT	CTTGTCACCAGGGT CCCCATTGTC
COX2.1	NM_000963	NM_000963.1	PTGS2	71	TCGCGAGAGTTGGA AGCACTCTA	GCGGAGGCTTTT CTACCAGAA	CAGGATACAGCTCCA CAGCATCGATGTC
CP.1	NM_000096	NM_000096.1	CP	3244	CGTGAGTACACAGA TGCGTCC	CCAGGATGCCAA GATGCT	ICTTCAGGGCCTCTC TCCTTTCTGA
CPB2.1	NM_001872	NM_001872.3	CPB2	6294	GGCACATACGGATT CTTGCT	CAGCGGCAAAAG CTTCTCTA	CGGAGCGTTACATC AAACCCACCT
CRADD.1	NM_003805	NM_003805.3	CRADD	6149	GATGGTGCCTCCA GCAAC	GAGTGAAGTCA GGATTACGCC	CATGACTCAGGGAC ACACTCCCCA
cripto(TDGF1 oficial). 1	NM_003212	NM_003212.1	TDGF1	1096	GGGTCTGTGCCCC ATGAC	TGACCGTGCCAG CATTTACA	CCTGGCTGCCCCAAG AAGTGTTCCCT
CRP.1	NM_000567	NM_000567.2	CRP	4187	GACGTGAACCCACA GGTGT	CTCCAGATAGGG AGCTGGG	CTGTCAGAGGAGCC CATCTCCCAI
CSF1.1	NM_000757	NM_000757.3	CSF1	510	TGCAGCGGTGATT GACA	CAACTGTTCTCTGG TCTACAAACTCA	TCAGATGGAGACCT CGTGCCAAATTACA
CSF1 R.2	NM_005211	NM_005211.1	CSF1R	2289	GAGCACAAACCAAC CTACGA	CCTGCAGAGATG GGTATGAA	AGCCACTGCCCAAG CTGTGT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
CRF2.1	NM_000758	NM_000758.2	CSF2	2779	GAACCTGAAGGACT TTCTGCTTGT	CTCATCTGGC3G GTCACACT	ATCCCTTTGACTGC TGGAGGCGAG
CSF2RA.2	NM_006140	NM_006140.3	CSF2RA	4477	TACACACCCAGCA TTCCCTC	CTAGAGGCTGT GCCACGT	CGCAGATCCGATTTC TCTGGGATC
CSF3.2	NM_000759	NM_000759.1	CSF3	377	CCCAGGCCCTCTGT GICCT	GGAGGACAGGAG CTTTTCTCA	TGCATTTCTGAGTTT CATCTCCTGCCCTG
CTGF.1	NM_001901	NM_001901.1	CTGF	2153	GAGTTCAAGTGCCG TGACG	AGTTGTAATGGCA GGCACAG	AACATCATGTTCTTC TTCATGACCTCGC
CTSB.1	NM_001908	NM_001908.1	CTSB	382	GGCCGAGATCTAC AAAAACG	GCAGGAAGTCCG AATACACA	CCCCGTGGAGGGAG CTTCTC
CTSD.2	NM_001909	NM_001909.1	CTSD	385	GTACATGATCCCC GTGAGAAGGT	GGGACAGCTTGT AGCCTTTC	ACCCTGCCGGCGAT CACACTGA
CTSH.2	NM_004398	NM_004390.1	CTSH	845	GCAAGTTCCAAAC GGAAAG	CATCGCTTCCCTCG TCATAGA	TGGCTACATCCTTGA CAAGCCGA
CTSL.2	NM_001912	NM_001912.1	CTSL1	446	GGGAGGCTTATCTC ACTGAGTGA	CCATTGCAGCCTT CATTGC	TTGAGGCCCCAGAGC AGCTACCAGATTCT
CTSL2.1	NM_001333	NM_001333.2	CTSL2	1667	TGCTCCTCACTGAGCG AGCAGAA	ACCATTGCAGCC CTGATTG	CTTGAGGACGCGAA CAGTCCACCA
CTSS.1	NM_004079	NM_004079.3	CTSS	1799	TGACAACGGCTTTC CAGTACAT	TCCATGGCTTGT AGGGATAGG	TGATAACAAGGGCAT CGACTCAGACGCT
CUBN.1	NM_001081	NM_001081.2	CUBN	4110	GAGGCCGTTACTGT GGCA	GAATCTCAGCGTC AGGGC	TGCCCCATCCTATCA CATCCTTCA
CUL1.1	NM_003593	NM_003592.2	CUL1	1889	ATGCCCTGGTAATG TCTGCAT	GGACCACAAGC CTTATCAAG	CAGCCACAAGGCCA GCGTCATTGT
CUL4A.1	NM_003589	NM_003589.1	CUL4A	2780	AAGCATCTTCCCTGT TCTTGA	AATCCCATATCCC AGATGA	TATGTGCTGCAGAAC TCCACGCTG
CX3CL1.1	NM_002893	NM_002996.3	CX3CL1	6150	GACCTTGCCGCTCT ACCTG	GGAGTGTTCCCTA GCACCTGG	TAGAACCAGGCCCAT AAGAGGCC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
CX3CR1.1	NM_001337	NM_001337.3	CX3CR1	4507	TTCCCAGTTGTGAC ATGAGG	GCTAAATGCCAAC GTCTCAGT	ACTGAGGGCCAGCC TCAGATCCT
CXCL10.1	NM_001565	NM_001565.1	CXC_L10	2733	GGAGCAAAATCGAT GCAGT	TAGGGAAGTCAT GGGAGAGG	TCTGTGTGGTCCATC CTTGAAGC
CXCL12.1	NM_000609	NM_000609.3	CXC_L12	2949	GAGCTACAGATGC CCATGC	TTTGAGATCCTTG ACGTTGG	TTCTCGAAAGCCAT GTTGCCAGA
CXCL14.1	NM_004887	NM_004887.3	CXC_L14	3247	TGCGGCCCTTTCCTC TGTA	CAATGCGGCATAT ACTGGG	TACGCTTAAGAACGC CCCCGCCAC
CXCL9.1	NM_002416	NM_002416.1	CXCL9	5191	ACCAGACCATTTGTC TCAGAGC	GTTACCAGAGGC TAGCCAACA	TGCTGGC1CTTTCT GGCTACTCC
CXCR4.3	NM_003467	NM_003467.1	CXCR4	2139	TGACCGCTTCTACC CCAATG	AGGATAAGGCCA ACCATGATGT	CTGAAACTGGAACAC AACCAACCCACAAG
CXCR6.1	NM_006564	NM_006564.1	CXCR6	4002	CAGAGCCTCACGG ATGTGT	GCAGAGTGCAGA CAACACCC	CTGGTGAACCTACC CCTGGCTGAC
CYP2C8.2	NM_000770	NM_000770.2	CYP2C8	505	CCGTGTTCAAGAG GAAGCTC	AGTGGGATCACA GGGTGAAG	TTTTCTCAACTCCTC CACAAGGCA
CYP2C8v2.1	NM_030878	NM_030878.1		5423	GCTGTAGTGCACG AGATCCA	CAGTGGTCACTG CATGGG	ATACAGTGAACCTTG CCCCACCGG
CYP3A4.2	NM_017460	NM_017460.3	CYP3A4	586	AGAACAAAGQACAAC ATAGATCCTTACA AT	GCAACCTCATGC CAATGC	CACACCCCTTGGGAAG IGGACCCAGAA
CYR61.1	NM_001554	NM_001554.3	CYR61	2752	TGCTCATTTCTTGG GAGCAT	GTGGCTGCA TAT GTTGCCAT	CAGCACCCCTTGGCA GTTTGGMAAT
DAG1.1	NM_004393	NM_004393.2	DAG1	5968	GTGACTGGGCTCAT GCCT	ATCCCACTTGTGC TCCTGTC	CAAGTCAGAGTTTCC CTGGTGCCC
DAPK1.3	NM_004933	NM_004938.1	DAPK1	636	CGGTGACATCATGA ATGTTCC	TCTCTTTCACCAA CGATGIGCT	TCATATCCAAACTCG CCTCCAGCCG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
DCBLD2.1	NM_080927	NM_080927.3	DCBLD2	3821	TCACCAGGGCAGG AAGTTTA	GGTGCATACCTCA GGCCC	CATGCCTATGCTGAA CCACTCCCA
DCC.3	NM_005215	NM_005215.1	DCC	3763	AAATGTCTCTCTCTCG ACTGCT	TGAATGCCATCTT TCTTCCA	ATCACTGGAMCTCCT CGGTGGGAC
DCN.1	NM_001920	NM_001920.3	DCN	6151	GAAGGCCACTATCA TCTCTCT	GCCTCTCTGTGA AACGGTC	CTGCTTGCACAAAGTT TCTTGGGCT
DCXR.1	NM_016286	NM_016286.2	DCXR	6311	CCATAGCGTCTACT GCTCCA	AGCTCTAGGGGCC ATCACCT	TCAGCATGTCCAGG GCACCC
DDC.1	NM_000793	NM_000790.3	DDC	5411	CAGAGCCCAGACA CCATGA	CCACGTAATCCAC CATCTCC	CCTGTCTCTTGGGAAT TCACTTGCG
DEFB1.1	NM_005218	NM_005218.3	DEFB1	4124	GATGGCCTCAGGT GGTAAC	TGCTGACGCAATT GTAATGAT	CTCACAGGCGCTTGG CCACAGATCT
DET1.1	NM_017996	NM_017996.2	DET1	2643	CTTGTTGGAGATCAG CCAATCAG	CCCGCCTGGATC TGAAACT	CIATGCCCGGGACT CGGGCT
DHPS.3	NM_013407	NM_013407.1	DHPS	1722	GGGAGAACGGGAT CAATAGGAT	GCATCAGCCAGT CCTCAAACT	CTCATTGGGCACCA GCAGGTTCC
DIABLO.1	NM_019887	NM_019887.1	DIABLO	348	CACAATGGCGGC CTGAAG	ACACAAACACTGT CTGTACCTGAAGA	AAGTTACGCTGCGC GACAGCCAA
DIAPH1.1	NM_005219	NM_005219.2	DIAPH1	2705	CAAGCAGTCAAGGA GAADCA	AGTTTGTCTCGCC TCATCTT	TTCTTCTGTCTCCCG CCGCTTC
DICER1.2	NM_177433	NM_177438.1	DICER1	1898	TCCAAATCCAGCAT CACTGT	GGCAGTGAAGGC GATAAAGT	AGAAAAGCTGTTTGT CTCCCAGCA
DKFZP564C0823.1	NM_015393	NM_015393.2	PARM1	3874	CAGCTACACTGTCTG CAGTCC	ATGAGCGCTGGAG CTTGAGG	TGCTGAGCGCTCCCA CACTCATCTC
DLC1.1	NM_006094	NM_006094.3	DLC1	3018	GATTCAGACGAGG ATGAGCC	CACCTCTTGTCTGT CCCTTTG	AAAGTCCATTGGCCA CTGATGGCA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
DLL4.1	NM_019074	NM_019074.2	DLL4	5273	CACGGAGGTATA/ GGCAGGAG	AGAAGGAAGGTC CAGCCG	CTACCTGGACATCCC TGCTCAGCC
DPEP1.1	NM_004413	NM_004413.2	DPEP1	6295	GGACTCCAGATGC CAGGA	TAAGCCGAGGCG TCCTCT	CACATGCAAGGACC AGCATCTCCT
DPYS.1	NM_001385	MM_001385.1	DPYS	6152	AAAGAATGGCACCA TGCAG	AGTCGGGIGTTG AGGGGT	CACCAATGCAIGGGT CCACCTTG
DR4.2	NM_003844	NM_003844.1	TNFRSF10A	896	TGCACAGAGGGTC TGGGTTAC	TCTTCATCTGATT TACAAGCTGTACA TG	JAATGCTTCCAACAA TTTGTTTGCTTGCC
DR5.2	NM_003842	NM_003842.2	TNFRSF10B	902	CTCTGAGACAGTGC TTCGATGACT	CCATGAGGCCCA ACTTCCT	JAGACTTGGTGCCC TTTGACTCC
DUSP1.1	MM_004417	NM_004417.2	DUSP1	2662	AGACATCAGCTCCG GGTTCA	GACAAACACCCCTT CCTCCAG	JGAGGCCATTGACTT JATAGACTCCA
DUSP9.1	NM_001395	NM_001395.1	DUSP9	6324	CGTCCTAATCAACG TGCCTA	CCCGCAAGAAAA AGTAACAG	JGCTCGGAGCCTGC JCTCTC
E2F1.3	NM_005225	NM_05225.1	E2F1	1077	ACTCCCTCTACCC TGAGCA	CAGGCCCTCAGTT CCTTCAGT	JAGAAGAACAGCTCA JGGACCCCT
EBAG9.1	NM_004215	NM_004215.3	EBAG9	4151	CGCTCCTGTTTITC TCACTGT	ACCGAACTGGG TGATGG	JAGTGGGTTTGTATT JCCACCAIG
ECRG4.1	NM_032411	NM_032411.1	C2orf40	3869	GCTCCTGCTCCGT GCTG	TTTTGAAGCATCA GCTTGAGT	ATTTCACATTATGCC ACCIGGGCC
EDG2.1	NM_001401	NM_001401.3	LPAR1	4673	ACGAGTCCATTGCC TTCCTT	GCTTGCTGACTGT GTCCAT	JGAAGTGGAAAGCA TCTTGCCACA
EDN1 endotelina.1	NM_001955	NM_001955.1	EDN1	331	TGCCACCTGGACAT CATTTG	TGGACCTAGGCG TTCCAAGTC	JACTCCCGAGCAGC TTGTCCGT
EDN2.1	NM_001956	NM_001956.2	EDN2	2646	CGACAAGGAGTGC GTCTACTTCT	CAGGCGGTAAAG AGCTGCT	CCACTGGACATCAT CTGGGTGAACACTC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
EDNRA.2	NM_001957	NM_001957.1	EDNRA	3662	TTTCCTCAAATTG CCTCAAG	TTACACATCCAAC CAGTGCC	CCTTGGCCGAGGG CATCCTTTT
EDNRB.1	NM_000115	NM_000115.1	EDNRB	3185	ACTGTGAAGTGGCT GGTGC	ACCACAGCATGG GTGAGAG	TGCTACCTGCCCTT TGTGATGTG
EEF1A1.1	NM_001402	NM_001402.5	EEF1A1	5522	CGAGTGGAGACTG GTGTTCTC	CCGTTGTACGTT GACTGGA	CAAAGGTGACCACG ATACGGGGT
EFNB1.2	NM_004429	NM_004429.3	EFNB1	3299	GGAGCCCGTATCC TGGAG	GGATAGATCAACA AGCCCTTC	CCGTCAACCCCAAGT TCCTGAGTG
EFNB2.1	NM_004093	NM_004093.2	EFNB2	2597	TGACATTATCATCC CGCTAAGGA	GTAGTCCCGCT GACCTTCTC	CGACAGCGTCTTC TGCCCTCACT
EGF.3	NM_001963	NM_001963.2	EGF	158	CTTGCCCTTGCTCT GTCACAGT	AAATACCTGACAG CCTTATGACAAAT	AGAGTTTAACAGCCC TGCTCTGGCTGAGTT
EGFR.2	NM_005228	NM_005228.1	EGFR	19	TGTCGATGGACTTC CAGAAC	ATTGGGACAGCTT GGATCA	CACCTGGGACAGCTG CCAA
EGLN3.1	NM_022073	NM_022073.2	EGLN3	2970	GCTGGTCCCTCTACT GCGG	CCACCATTTGCCCT AGACCIC	CCGGCTGGGCAAAAT ACTACGTCAA
EGR1.1	NM_001964	NM_001964.2	EGR1	2615	GTCCCGCGCTGCAG ATCTCT	CTCCAGCTTAGG GTAGTTGTCCAT	CGGATCCTTTCCTCA CTGGGCCA
EIF2C1.1	NM_012199	NM_012199.2	EIF2C1	6454	CCCTCACGGACTCT CAGC	TGGGTGACTCC ACCTTCA	CGTTGCTTCACCAA GGAGATCAA
EIF4EBP1.1	NM_004095	NM_004095.2	EIF4EBP1	4275	GGGGTGGAAGAGT CACAGT	TTGGTAGTGTCTCG ACACGAT	TGAGATGGACATTTA AAGCACCAGCC
ELTD1.1	NM_022159	NM_022159.3	ELTD1	6154	AGGTCTTGTCAG AGGAGC	AACCCCAAGATC CAGGTG	CTCGCTCTTCTGTTC CTTCTGGG
EMCN.1	NM_016242	NM_016242.2	EMCN	3875	AGGCACTGAGGGT GGAAA	CACCGGCAAAATA ATACTGGA	AATGCAAGCATTCA GCAACCAGC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
EMP1.1	NM_001423	NM_001423.1	EMP1	986	CCTAGTACTTTGAT GCTCCCTTGAT	GAACAGCTGGAG GCCAAGTC	CCAGAGAGCCTCCC TGCAGCGA
ENO2.1	NM_001975	NM_001975.2	ENO2	6155	TCCTTGGCTTACCT GAGCTC	AACCCCAATGAGT AGGGCA	CTGCTCTGCTCGCC CTCCTTTC
EMPEP.1	NM_001977	NM_001977.3	ENPEP	6156	CACCTACACGGGAC ACGGAC	CCTGGCATC GTT GGTTCA	TCAAGAGCATAGTG GCCACCGATC
ENPP2.1	NM_006209	NM_006209.3	ENPP2	6174	CTCCTGCGCACTFA TACCTTC	TCCCTGGATAATT GGGICIG	TAACTTCCCTCTGGCA TGGTTGGCC
EPAS1.1	NM_001430	NM_001430.3	EPAS1	2754	AAGCCTTGGAGGG TTTCATTG	TGCTGATGTTTTC TGACAGAAAGAT	TGTCGCCATCTTGG GTCACACG
EPB41L3.1	NM_012307	NM_012307.2	EPB41L3	4554	TCAGTGCCATAGCC TCTCAC	CTTGGGCTCCAG GTAGCA	CTCTCCTTCCCTCTG GCTCTGIGC
EPHA2.1	NM_004431	NM_004431.2	EPHA2	2297	CGCCTGTTACCPA GATTGAC	TGCGCGTGCTC GAAGTC	TGCGCGCGATGAGA TCACCG
EPHB1.3	NM_004441	NM_004441.3	EPH81	6508	CCTTGGGAGGGAA GATCC	GAAGTGAACCTGC GGTAGGC	ATGGCCCTCTGGAGC TGTCATCTC
EPHB2.1	NM_004442	NM_004442.4	EPHB2	2967	CAACCAGGCAGCT CCATC	GTAATGCTGICCA CGGTGC	CACCTGATGCATGAT GGACACTGC
EPHB4.1	NM_004444	NM_004444.3	EPHB4	2620	TGAACGGGGIATC CTCCTTA	AGGTACCTCTCG GTCAGTGG	CGTCCCATTGAGCC TGTCATGT
EPO.1	NM_000799	NM_000799.2	EPO	5992	CAGTGCCAGCAAT GACATCT	CAAGTTGGCCCT GTGACAT	CTCTCTGGACAGTTC CICIGGCC
ErbB3.1	NM_001982	NM_001982.1	ERBB3	93	CGGTATGTCATGC CAGATACAC	GAAGTGAGACC ACTGAAGAAAGG	CCTCAAAGGTACTCC CTCCTCCCGG
ERBB4.3	NM_005235	NM_005235.1	ERB34	407	TGGCTCTTAATCAG TTTGTGTTAAGT	CAAGGCATATCGA TCCATATAAGT	TGTCACCAAGATAAT GCGTAAATCTCCAG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
ERCC1.2	NM_001983	NM_001983.1	EACC1	869	GTCCAGGTGGATG TGAAAGA	CGCCAGGATAC ACAICTTA	CAGCAGGCCCTCAA GGAGCTG
ERCC4.1	NM_005236	NM_005236.1	ERCC4	5238	CTGCTGGAGTACG AGCGAC	GGGCGCACACTA CTAGCC	CTGGTGCTGGAAC GCTGACACI
EREG.1	NM_001432	NM_001432.1	EREG	309	ATAACAAAGTGTAG CTCTGACATGAATG	CACACCTGCAGTA GTTTGACATCA	TTGTTTGCATGGACA GTGCATCIATCTGGT
ERG.1	NM_004449	NM_004449.3	ERG	3884	CCACACTAGGCTC CCCA	CCTCCGCCAGGT CTTIAGT	AGCCATATGCCCTTCT CATCIGGGC
ERK1.3	NM_002746	Z11696.1	MAPK3	548	ACGGATCACAGTG GAGGAAG	CTCATCCGTCGG GTCATAGT	CGCTGGCTCACCCC TACCTG
ERK2.3	NM_002745	NM_002745.1	MAPK1	557	AGTCTTTGACCCCT GGTCCT	AAAGGGCTCAAA GAGTCAA	TCTCCAGCCCCGTCTT GGCTT
ESPL1.3	NM_012291	NM_012291.1	ESPL1	2053	ACCCCCAGACCGC ATCAG	TGTAGGGCAGAC TTCTCAACA	CTGGCCCTCATGTC CCCTTCACG
ESRRG.3	NM_001438	NM_001438.1	ESRRG	2225	CCAGCACCAATTGT GAAGAT	AGTCTCTTGGGC ATCGAGTT	CCCCAGACCAAGTG TGAATACATGCT
F2.1	NM_0005106	NM_000506.2	F2	2877	GCTGCATGTCCTGGA AGGTAACIG	CCTGACCCGGTG ATGTTAC	CCTCGGTAGTTCGTA CCCAGACCCCTCAG
F3.1	NM_001993	NM_001993.2	F3	2871	GTGAAGGATGTGAA GCAGACGTA	AACCGGTGCTGT CCACATTC	TGGCACGGGTCTTC TCCTACC
SFABP1.1	NM_001443	NM_001443.1	FABF1	6175	GGGTCCAAAGTGAT CCAAA	CCCTGTAATTTG TCCAGC	ACATTCCTCCCAAC CGTGAATTC
FABP7.1	NM_001446	NM_001446.3	FABF7	4048	GGAGACAAAGTGC TCATCAGG	CTCTTCTCCACG TGGAAACT	TCTCAGCACATTCAA GAACACGGAGA
FAP.1	NM_004460	NM_004460.2	FAP	3403	CTGACCAGAACCCAC GGCT	GGAGTGGGCA TGTGGG	CGGCCGTGCCACGA ACCACTTATA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Simbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
fas.1	NM_000043	NM_000043.1	FAS	42	GGATTGCTCAACA CCATGCT	GGCATTAACTT TTGGACGATAA	TCTGACCGCTCTAC CTCTGGTTCTTACGT
fasl.2	NM_000639	NM_000639.1	FASLG	94	GCACITTTGGGATT TTTCCATTAT	GCAIGTAAGAAGA CCCTCACTGAA	ACAACATTCTGGTG CCGTGAACAAAGAA
PBXW7.1	NM_033632	NM_033632.1	FBXW7	2644	CCCGAGTTTCAACG AGACTT	GTTCGAGGAATGA AAGCACA	TCATTGCTCCCTAAA GAGTTGGCACATC
FCER1G.2	NM_004106	NM_004106.1	FCER1G	4073	TGCCATCCTGTTTC TGTATGGA	TGCCTTTCCGACT TGGATCT	TTGTCCCTCAACCCTCC TCTACTGTGACTG
FCGR3A.1	NM_000569	NM_000569.4	FCGR3A	3080	GTCTCCAGTGGAA GGGAAA	AGGAATGCAGCT ACTCACTGG	CCCATGATCTTCAAG CAGGGAAGC
FDPS. 1	NM_002004	NM_002004.1	FDPS	516	GGATGATTACCTTG ACCTCTTTGG	TGCATTGTTGTC CTGGAITGC	CAGTGTGACCGGCA AAATTGGCAG
FEN1.1	NM_004111	NM_004111.4	FEN1	3938	GTGGAGAAAGGGTA CGCCAG	CTCATGGCAACCA GTCCC	CGCTGAGAGACTCT GTTCTCCCTGG
FGF1.1	NM_000800	NM_000800.2	FGF1	4561	OACCCGACGGG TTTTA	CAGCCTTTCCAG GAACAAC	ACGGCTCACAGACA CCAAATGAGG
FGF2.2	NM_002006	NM_002006.2	FGF2	681	AGATGCAGGAGAG AGGAAGC	GTITTCAGCCCTT ACCCAAT	CCTGCAGACTGCTTT TTGCCCAAT
FGF9.1	NM_002010	NM_002010.1	FGF9	6177	CACAGCTGCCATAC TTGGAC	AAGTAAGACTGCA CGCTGCG	AGGCCACCAGGCCAG AATCCTGATA
FGFR1.3	NM_023109	NM_023109.1		353	CACGGGACATTGAC CACATC	GGGTGCCATCCA CTTCACA	ATAAAGAGACAACA ACGGCCGACTGC
FGFR2 isoforma 1.1	NM_000141	NM_000141.2	FGF82	2632	GAGGGACTGTTGG CATGCA	GAGTGAGAAATTC GATCCAAGTCTC	TCCAGAGACCAAC GTTCAAGCAGTTG
FH.1	NM_000143	NM_000143.2	FH	4938	ATGGTTGACGCC AGTC	CAAAATGTCCATT GCTGCC	ACAGTGACAGCAACA TGGTTCCCC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
FHIT.1	NM_002012	NM_002012.1	FHIT	871	CCAGTGGAGGCG TCCAT	CTCTCTGGGTGG TCTCAACAA	TGGGCGACTTCATCA GGAGCGAG
FHL1.1	NM_001449	NM_001449.3	FHL1	4005	ATCCAGCCCTTGGC GAATA	CCCTTGTAGCTGG AGGGACC	TCCATCTGCCACAC ATCCAGCGT
FIGF.1	NM_004469	NM_004469.2	FIGF	3160	GGTCCAGCTTTCT GTAGCTG	GGCGCAGGTTCT AGTTGCT	ATGGTGGCCACAC CAGCTTCCTA
FIGF.1 FILIP1.1	NM_015687	NM_015687.2	FILIP1	3160 4510	ACACGGGTCACAA GTGAT	CTGGGATGACCC ATCTTG	CCTGACACTGACTG GGTTCCTGGA
FKBP1A.1	NM_00080	NM_000801.2	FKBP1A	6330	CTCCCTGACTGA TGTGT	TACGAGGAGAAA GGGGAAGA	TCACTCAGCTTGTCT TCCGACACC
FLJ22655.1	NM_024730	NM_024730.2	RERGL	3870	CTCCTTCACACAG ACCTTCA	AGGCAAACTGG ATCGCT	CACACTCACCTTAAC CTAGTGGCGG
FLT1.1	NM_002019	NM_002019.3	FLT1	6062	GGCTCCTGAATCT TCCTTG	TCCCACAGCAATA CTCCGTA	CTACAGCACCAAGA GGGACGTGTG
FLT3LG.1	NM_001453	NM_001459.2	FLT3LG	6178	TGGGTCCAAGATG CAAGG	GAAAGGCACATT GGTGACA	AGTGTATCTCGGTGT TCAGCGGCT
FLT4.1	NM_002020	NM_002020.1	FLT	2782	ACCAAGAAGCTGAG GACCTG	CCTGGAAGCTGT AGCAGACA	AGCCCGCTGACCAT GGAAGATCT
FN1.1	NM_002026	NM_002026.2	FN1	4528	GGAAGTGACAGAC GTGAAGT	ACACGGTAGCCG GTCACT	ACTCTCAGGCGGTG TCCACATGAT
FOLR1.1	NM_016730	NM_016730.1	FOLR1	859	GACGCCAAGCAC CACAAG	CCAGGGTCGACA CTGCTCAT	AAGCCAGGCCCGCA GGACAAGTT
FOS.1	NM_005252	NM_05252.2	FOS	2418	CGAGCCCTTTGATG ACTTCCT	GGAGCGGGCTGT CTCAGA	TCCCAGCATCATCCA GGCCCGAG
FRAP1.1	NM_004958	NM_004958.2	MTCR	3095	AGCGCTAGAGAC GTGACC	ATGATCCGGGAG GGATGAT	CCTGACGGAGTCCC TGGATTTCAG
FRP1.3	NM_003012	NM_003012.2	SFRP1	648	TTGGTACCTGTGG GTTAGCA	CACATCCAAATGG AAACTGG	TCCCCAGGCTAGAA TTCAATCAGAGC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
FST.1	NM_006350	NM_006350.2	FST	2306	GTAAGTCGGATGA GCCGTGTGT	CAGCTTCCTTCAT GGCACACT	CCAGTGACAATGCCA CTTATGCCAGC
FZD2.2	NM_001466	NM_001466.2	FZC2	3760	TGGATCCTCACCTG GTGG	GGCTGCGATGTC TACCAA	TGGCTTCACCTTC TTCACCTGTC
G-Catenina.1	NM_002230	NM_002230.1	JUP	770	TCAGCAGCAAGGG CATCAT	GGTGGTTTCTTG AGCGGTAC	GGCCCGCAGGCCTC ATGCT
GADD45B.1	NM_015675	NM_015675.1	GADD45B	2481	ACCTCGACAAG/C CACACT	TGGGAGTTTCATG GGTACAGA	AACTTCAGCCCCAGC TCCCAAGTC
GAS2.1	NM_005253	NM_005256.2	GAS2	6451	AACATGTCATGGTC CGTGTG	GGGGTCGTGTTT CAACAAAT	CCTGCAAAAGTTTCC CAGCCCTCCT
GATA3.3	NM_002051	NM_002051.1	GATA3	1	CAAAGGAGCTCACT GTGGTGTCT	GAGTCAGAA GG CTTATTCACAGAT G	TGTTCCAAACCACCTGA ATCTGGACC
GATM.1	NM_001482	NM_001482.2	GATM	6296	GATCTGGCTTGGA CGAAC	GTACCTGCCCTGG GTGCTCT	AAAGTTGGCTGCACC CATCCTGTC
GBL1	NM_022372	NM_022372.3	MLST8	6302	GCTGTCAATAGCAC CGGAA	GGTCACCTCGTC ACCAATG	CCCCCGTCAGATTTC CAGACATAGC
GBP2.2	NM_004129	NM_004120.2	GBP2	2060	GCATGGGAACCA CAACCA	TGAGGAGTTTGC CTTGATTCCG	CCATGGACCAACTTC ACTATGTGACAGAGC
GCLC.3	NM_001498	NM_001498.1	GCLC	330	CTGTTGCAGGAAC GCATTGA	GTCAGTGGGTC CTAATAAGAGAT GAG	CATCTCCTGGGCCA GCATGTT
GCLM.2	NM_002061	NM_002061.1	GCLM	704	TGTAGATCAAACT CTTCATCATCAAC AG	CACAGAATCCAGC TGTGCAACT	TGCAGTTGACATGG CCTGTTGAGTCC
GFRA1.1	NM_005264	NM_005264.3	GFRA1	6179	TCCGGGTTAAGAAC AAGCC	GTGGCAAAACAT GAGTGGG	TTTCATTCTCAGACC CTGCTGGCC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Simbolo oficial	ID de version del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
GJA1.1	NM_000165	NM_000165.2	GJA1	2600	GTTCACCTGGGG GTATGG	AAATACCAACATG CACCTCTCTT	ATCCCTCCCTGTCG ACCCATCTA
GLYAT.1	NM_201648	NM_201648.2	GLYAT	6180	TACCATTCGAAGGT GCCC	GGATGCTGGGAG GCTCTT	AGGATTTCTCCAGCA TCTGCAGCA
GMNN.1	NM_015895	NM_015895.3	GMNN	3880	GTTCGCTACGAGG ATTGAGC	TGCGTACCCACTT CCTGC	CCTCTTGCCCACTTA CTGGGTGGA
GNAS.1	NM_000516	NM_000516.3	GNAS	2665	GAACGTGCCCTGACT TTGACTT	ACCTCTTCATCCT CCCACAG	TCTCTTCCCACTTAT GAGCATGCC
GPC3.1	NM_004484	NM_004484.2	GPC3	659	TGATGCGCCTGGG AACAGT	CGAGGTTGTGAA AGGTGCTTATC	AGCAGGCAACTCCG AAGGACAACG
GPX1.2	NM_00058	NM_000581.2	GPX1	2955	GCTTAIGACCGAGC CCAA	AAAGTTCAGGCA ACATCGT	CTCATCACCTGGTCT COGGTGTGT
GPX2.2	NM_002083	NM_002083.1	GPX2	890	CACACAGATCTCGT ACTCCATCCA	GGTCCAGCAGTG TCTCCIGAA	CATGCTGCATCCTAA GGCTCCTCAGG
GPX3.1	NM_002084	NM_002084.3	GPX3	6271	GCTCTAGGTCCAAT TGTTCTGC	TGGAGGCAG GG GAGATG	ACTGATACCTCAACG TTGGGGCCA
GRB14.1	NM_004490	NM_004490.1	GRB4	2784	TCCCACTGAAGCCC TTTCAG	AGTGCCCAAGCG TAAACATC	CTCCAAAGCGGAGTC CTTCTTCAACCG
GRB7.2	NM_005310	NM_005310.1	GRB7	20	CCATCTGCATCCAAT CTTGIT	GGCCACCAGGGT ATTATCTG	CTCCCAACCCCTTGA GAAGTGGT
GRO1.2	NM_00511	NM_001511.1	CXCL1	86	CGAAAGATGCTGA ACAGTGACA	TCAGCAACACCC ACCAGTGA	CTTCTCCTCCCTTC TGGTCAGTTGGAT
GSTM1.1	NM_000561	NM_000561.1	GSTM1	727	AAGCTATGAGGAAA AGAAATACACCAT	GGCCAGCTTGA ATTTTGA	TCAGCCACTGGCTTC TGTCATAATCAGGAG
GSTM3.2	NM_000849	NM_000849.3	GSTM3	731	CAATGCCATCTTGTC GCTACAT	GTCCACTCGAATC TTTTCTTCTCA	CTCGCAAGCACAACA TGTGTGGTGAGA
GSTp.3	NM_000852	NM_000852.2	GSTP1	66	GAGACCTCTCTGT CCCAGAA	GGTTCTAGTCAG CGAAGGAGATC	TCCCAATGAAGGT CTTGCTCCCT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
GSTT1.3	NM_000853	NM_000853.1	GSTT1	813	CACCATCCCAACCC TGCT	GGCCTCAGTGIG CATCATCT	CACAGCCGCTGAA AGCCACAAT
GZMA.1	NM_006144	NM_006144.2	GZMA	4111	GAAGAGTTTCCC ATCCATGC	TGCTTTTCCGTC AGCTGTAA	AGCCACACGCGAAG GTGACCTTAA
HADH.1	NM_005327	NM_005327.2	HADH	6181	CCACCAGACAAGAC CGATTG	CCACAAGTTTCAT GACAGGC	CTGGCCTCCATTCT TCAACCCAG
HAVCR1.1	NM_012206	NM_012206.2	HAVCR1	6284	CCACCCCAAGGTCA GACTAC	GAACAGTGTGTC TCGTGG	TCACAAGTGTCCAA CCGTCAACA
HDAC1.1	NM_004964	NM_004964.2	HDAC1	2602	CAAGTACCACAGCG ATGACTACATTAA	GCCTGCTGTACTC CGACATGTT	TTCTTGGGCTCCATC CGTCCAGA
Hepsina.1	NM_002151	NM_002151.1	HPN	814	AGGCTGCTGGAGC TCATCTC	CTTCCTGCGGGC ACAGTCT	CCAGAGGCCGTTTC TTGGCCG
HER2.3	NM_004448	NM_004448.1	ERBE2	13	CGGTGTGAGAAGT GCAGCAA	CCCTCCGCAAT GCCTCCAT	CCAGACCATAGCACA CTCGGGCAC
HGD.1	NM_000187	NM_000187.2	HGD	6303	CTCAGGTCTGCC CTACAT	TTATTGGTGTCTC GTGGAC	CTGAGCAGCTCTCA GGATCGGCTT
HGF.4	M29145	M29145.1		457	CCGAAATCCAGATG ATGATG	CCCAAGGAATCA GTGGATT	CTCATGGACCCCTGG TGCTACACG
HGFAC.1	NM_001528	NM_001528.2	HGFAC	2704	CAGGACACAAGTG CCAGATT	GCAGGGAGCTGG AGTAGC	CGCTCAGGTTCTCAT CCAAAGTGG
HIF1A.3	NM_00153C	NM_001530.1	HIF1A	399	TGAACATAAAGTCT GCAACATGGA	TGAGGTTGGTTAC TGTTGGIATCAT TA	TTGCACCTGCACAGG GCACATTAC
HIF1AN.1	NM_017902	NM_017902.2	HIF1AN	7211	TGTTGGCCAGGTCT CACTG	GCATCATAGGGC CTGGAG	CTCAGCCAGTTAGG CTCGGGCAG
HIST1H1D.1	NM_005320	NM_05320.2	HIST1H1D	4013	AAAAGGCGAAGAA GGCAG	GCTCAGATACTG GGGGTCC	AAGTGTGGGAAAG GCAAAGCATC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
HLA-B.1	NM_005514	NM_005514.6	HLA-B	6334	CTTGTGAGGGACT GAGATGC	TGCAGAAAGAGAT GCCAGAG	TCTTACGGCTCCCG TTTGTA
HLA-DPA1.1	NM_033554	NM_033554.2	HLA-DPA1	6314	CGCCCTGAAGACA GAATGT	TGGGAGACTCAG CAGGAAA	TGATCTTGAGAGCCG TCTCCTTGGC
HLA-DPB1.1	NM_002121	NM_002121.4	HLA-DPB1	1740	TCCATGATGGTTCT GCAGGTT	TGAGCAGCACCA TCAGTAACG	CCCGGACAGTGCG TCTGACG
HLA-DQB1.1	NM_002123	NM_002123.3	HLA-DQB1	6304	GGTCTGCTCGGTG ACAGATT	CTCCTGATCATTC CGAAACC	TATCCAGGCCAGATC AAAGTCCGG
HLADQA1.2	NM_002122	NM_002122.3	HLA-DQA1	4071	CATCTTCTCCTC TGGTCA	GCTGGTCTCAGA AACACCTTC	TGTGACTGACTGCC CATTGCTCAG
HMGB1.1	NM_002128	NM_002128.3	HMGB1	2162	TGGCCTGTCCTTGG GTGAT	GCTTGTCTCTGCG AGCAGTGT	TTCACATCTCTCCG AGTTCTTCGCAA
HNRNPAB.1	NM_004499	NM_004499.3	HNRNPAB	6051	AGCAGGAGCGACC AACTGA	GTTTGCCAAAGTTA AATTGGTACAIA AT	CTCATATCCAAACA AAGCATGTGTGCG
HPCAL1.1	NM_002149	NM_002149.2	HPCAL1	6182	CAGGCAGATGGAC ACCAA	GTCGCTCTTGGC ACCTCT	TCTTCCAAGGACAGT TTGCCGTCA
HPD.1	NM_00215C	NM_002150.2	HPD	6183	AGCTGAAGACGGC CAAGAT	CGTCGTAGTCCA CCAGGATT	AGCTCCTCCAGGGC ATCAATGTTT
HSD11B2.1	NM_000196	NM_000196.3	HSD11B2	6185	CCAACTGCTCAAA GAGC	GGAATGCCCAT GCAAGT	CTGAGGGCTACGG CAAGGACTAC
HSP90AB1.1	NM_007355	NM_007355.2	HSP90AB1	5456	GCATTGTGACCAGC ACCTAC	GAAGTGCTGGG CTTTCAT	ATCCGCTCCATATTG GCTGTCCAG
HSPA1A.1	NM_005345	NM_005345.4	HSPA1A	2412	CTGCTGCGACAGT CCACTA	CAGGTTGCTCT GGGAAG	AGAGTGACTCCCGTT GTCCCAAGG
HSPA8.1	NM_006597	NM_006597.3	HSPA8	2563	CCTCCCTCTGGTG GTGCTT	GCTACATCTAC TTGGTTGGCTTAA	CTCAGGGCCCAACA TTGAAGAGGTTG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
HSPB1.1	NM_001540	NM_001540.2	HSPB1	2416	CCGACTGGAGGAG CATAAA	ATGCTGGCTCAG TGTGCTC	CGCACTTTCTGAGC AGACGTCCA
HSPG2.1	NM_005529	NM_005529.2	HSPG2	1783	GAGTACGTGTGCC GAGTGT	CTCAATGGTGACC AGGACA	CAGTCCGTGCCTC TAGAGGCGT
HTATIP.1	NM_006388	NM_006388.2	KAT5	3893	TGGAATTGTTTGGG CACTG	GGGTGGTCTGA CGGTAT	TGAGGACTCCCAGG ACAGCTCTGA
HYAL1.1	NM_153281	NM_153281.1	HYAL1	4524	TGGCTGTGGAGTT CAAAATGT	CCAATCACCACAT GCTCTTC	CGATGCTACCCTGG CTGGCAG
HYAL2.1	NM_033158	NM_033158.2	HYAL2	5192	CAACCATGCACTC CAGTC	ACTAAGCCCGGT GAGCCT	TCCTCACACGACCGA CCTACAGCC
HYAL3.1	NM_003549	NM_003549.2	HYAL3	6298	TATGTCCGCCCTCAC ACACC	CAATGGACTGCA CAAGGTCA	TGGGACAGGAACCT CCCAGATCTC
ICAM1.1	NM_000201	NM_000201.1	ICAM1	1761	GCAGACAGTGACC ATCTACAGCTT	CTTCTGAGACCTC TGGCTTCGT	CCGGCGCCCAACGT GATTC
ICAM2.1	NM_000873	NM_000873.2	ICAM2	2472	GGTCATCCTGACAC TGCAAC	TGCACTCAATGCT GAAGGAC	TGCCCCACACGCCAC CAAAAGTG
ICAM3.1	NM_002162	NM_002163.3	ICAM.3	7219	GCCTTCAATCTCAG CAACG	GAGAGCCATTGC AGTACAC	CAGAGGATCCGACT GTTGCCAGTG
ID1.1	NM_002165	NM_002165.1	ID1	354	AGAACCGCAAGGT GAGCAA	TCCAAGTGAAGGT CCCTGATG	TGGAGATTCTCCAGC ACGTCATCCAC
ID2.4	NM_002166	NM_002166.1	ID2	37	AACGACTGCTACTC CAAGCTCAA	GGATTTCATGCT GCTCACCTT	TGCCCAGCATCCCC CAGAACAA
ID3.1	NM_002167	NM_002167.3	ID3	6052	CTTCACCAAAATCCC TTCCTG	CTCTGGCTCTTCA GGCCACA	TCACAGTCCCTCGCT CCTGAGCAC
IFI27.1	NM_005532	NM_005532.2	IFI27	2770	CTCTCCGGATTGAC CAAGTT	TAGAACCCTCGCAA TGACAGC	CAGACCCAAATGGAG CCCAGGAT
IGF1.2	NM_000618	NM_000618.1	IGF	60	TCCGGAGCTGTGAT CTAAGGA	CGGACAGAGCGA GCTGACTT	TGTATTGCGCACCCC TCAAGCCTG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
IGF1R.3	NM_000875	NM_000875.2	IGFR	413	GCATGGTAGCGGA AGATTTC	TTCCGGTAATAG TCTGCTCAAGA TATC	CCGCTCATACCAAA TCTCCGATTTTGA
IGF2.2	NM_000612	NM_000612.2	IGF2	166	CCGTGCTTCCGGA CAACTT	TGGACTGCTTCCA GGTGTC	TACCCCGTGGGCA GTTCTTCCAA
IGFBP2.1	NM_000597	NM_000597.1	IGFBP2	373	GTGGACAGCACCA TGAACA	CCATCATACCCGA CTTGAGG	CTTCGGCCAGCAC TGCCTC
IGFBP3.1	NM_000598	NM_000598.4	IGFBP3	6657	ACATCCCAACGGAT GCTC	CCACGCCCTTGTT TCAGA	ACACCACAGAAGGC TGTGAGCTCC
IGFBP5.1	NM_000599	NM_000599.1	IGFBP5	594	TGACAAAGTACGG GATGAAGCT	CGAAGGTGTGGC ACTGAAAGT	CCCGTCAACGTACTC CATGCCTGG
IGFBP6.1	NM_002178	NM_002178.1	IGFBP6	836	TGAACCGCAGAGA CCAACAG	GTCITGGACACC CGCAGAA	ATCCAGGCACCTCTA CCACGCCCTC
IL-7.1	NM_000880	NM_000880.2	IL7	2084	GGGTGATTCCGA AATTGG	CTCICCTGGGCA CGTGCTT	CTCTGGTCTCTAACC AGGTGGC
IL-8.1	NM_000584	NM_000584.2	IL8	2087	AAGGAACCATCTCA CTGTGTGTAAC	ATCAGGAAGGCT GCCAAGAG	TGACTTCCAAGCTGG CCGTGGC
IL10.3	NM_000572	NM_000572.1	IL10	909	GGCGCTGTCATCG ATTCTT	TGGAGCTTAATA AGGCATTCTCA	GTGCTCCACGGGCT TGCCTTG
IL11.2	NM_000641	NM_000641.2	IL11	2166	TGGAAGGTTCCACA AGTCAC	TCTTGACCTTGCA GCTTGT	CCTGTGATCAACAGT ACCCGTATGGG
IL15.1	NM_000585	NM_000585.2	IL15	6187	GGCTGGGTACCA TGCTG	TGAGAGCCAGTA GTCAGTGGT	CAGCTATGCTGGTA GGCTCCTGCC
IL1B.1	NM_000576	NM_000576.2	IL1B	2755	AGCTGAGGAAGA GCTGGT	GGAAGAAGGIG CTCAGGTC	TGCCACAGACCTTC CAGGAGAT
IL6.3	NM_000600	NM_000600.1	IL6	324	CCTGAACCTTCCAA AGATGG	ACCAGGCAAGTC TCCTCATT	CCAGATTGGAAGCAT CCATCTTTTCA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
IL6ST.3	NM_002184	NM_002184.2	IL6ST	2317	GGCCTAATGTTCCA GATCCT	AAATTTGTGCCTT GGAGGAG	CATATTGCCAGTGC TCACCTCACA
ILT-2.2	NM_006669	NM_006669.1	LILP.B1	583	AGCCATCACTCTCA GTGCAG	ACTGCAGAGTCA GGGTCTCC	CAGTGCTATCGTG GCCCTGA
IMP3.1	NM_018285	NM_018285.2	IMP3	4751	GTGGACTCGTCCAA GATCAA	GGCTTCCAGATC GAAGTCAT	CTCATTGTACTCTAG CAGGTGCCGC
INDO.1	NM_002164	NM_002164.3	IDO1	5124	CGCCTTGCACGTCT AGTTG	ATCTCCATGACCT TTGGCC	ACATATGCCATGGTG ATGCATCCC
INHBA.1	NM_002192	NM_002192.1	INHBA	2635	GTGCCCGAGCCA ATAGCA	CGGTAGTGGTTG ATGACIGTTCA	ACGTCCGGGTCCTC ACTGTCTCTCC
INHBB.1	NM_002193	NM_002193.1	INHBB	2636	AGCTCCAGGATAC CAGCAA	TCTCCGACTGACA GGCATTG	AGCTAAGCTGCCATT TGTCACCG
INSR.1	NM_001079817	NM_001079817.1	INSR	6455	CAGTCTCCGAGAG CGGATT	GTGATGGCAGGT GAAGCC	AGTTCCTCAATGAGG CCTCGGTCA
IQGAP2.1	NM_006633	NM_006633.2	IQGAP2	6453	AGAGACACCAGCAA CTGCG	ATCATTGCACGGC TCACC	CCGTGGCATGGTCT AGCTCCTGTT
ISG20.1	NM_002201	NM_002201.4	ISG2	6189	GTGTGACACTGAAG CCCCAT	GTGTGTGTCCAA AAAGCC	AAAGCCTCTAGTCCC TGCGGAACG
ITGA3.2	NM_002204	NM_002204.1	ITGA3	840	CGATGATCCTCAGT CTGCTG	GAAGCTTTGTAGC CGGTGAT	CACTCCAGACCTCG CTTAGCATGG
ITGA4.2	NM_000885	NM_000885.2	ITGA4	2867	CAAGGCTTCAGTGA TCAATCC	GTCTGGCCGGGA TTCTTT	CGATCCTGCATCTGT AAATCGGCC
ITGA5.1	NM_002205	NM_002205.1	ITGA5	2668	AGGCCAGGCCCTAG ATTATCA	GTCTTCTCCACAG TCCAGCA	TCTGAGCCTTGTCTT CTATCGGCC
ITGA6.2	NM_00210	NM_00210.1	ITGA6	2791	CAGTGACAAACAGC CCTTCC	GTTAGCCTCATG GGCGTC	TGCCATCTTTTGTG GGATTCTT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
ITGA7.1	NM_002206	NM_002206.1	ITGA7	259	GATATGATTGGTCG CTGCTTTG	AGAAGTTCCATTG CCCACCAT	CAGCCAGGACCTGG CCATCCG
ITGAV.1	NM_002210	NM_002210.2	ITGAV	2671	ACTCGGACTGCACA AGCTATT	TGCCATCACCATT GAATCT	CCGACAGCCACAGA ATAACCCAAA
ITGB1.1	NM_00221	NM_002211.2	ITGB1	2669	TCAGAAATTGGAATT GGTCA	CCTGAGCTTAGCT GGTGTG	IGCTAATGTAAGGCA TCACAGTCITTTCCA
ITGB3.1	NM_000212	NM_000212.2	ITGB3	6056	ACCGGGGAGCCC ACATGA	CCTTAAGCTCTTT CACTGACTCAATC T	AAATACCTGCAACCG TTACTGCCGTGAC
ITGB4.2	NM_000213	NM_000213.2	ITGB4	2793	CAAGGTGCCCTCA GTGGA	GCGACACGCTTC ATCTCAT	CACCAACCTGTACCC GTATTGCGA
ITGB5.1	NM_000213	NM_000213.3	ITGB5	2670	TCGTGAAAGATGAC CAGGAG	GGTGAACATCATG ACGCAGT	TGCTATGTTTTCTACA AAACCGCCAAAGG
JAG1.1	NM_000214	NM_000214.1	JAG1	4190	TGGCTTACACTGGC AATGG	GCATAGCTGTGA GATCGGG	ACTCGATTCCCGAGC CAACACAG
K-ras.10	NM_033360	NM_033360.2	KRAS	3090	GTCAAAATGGGGA GGGACTA	CAGGACCACCCAC AGAGTGAG	TGTATCTTGTGTGAGC TATCCAAAGTGCCC
KCNJ15.1	NM_002248	NM_002243.3	KCN.15	6299	GGACGTCTACCTG CCTTGA	AGGCTCTGGAAA CACTGGTC	TCACCTCCGCAGGTC AGGTGTCTTC
KDR.6	NM_002253	NM_002253.1	KDR	463	GAGGACGAAGGCG TCTACAC	AAAAATGCCTCCA CTTTTCG	CAGGCATGCAGTGT TCTTGGCTGT
Ki-67.2	NM_002417	NM_002417.1	MKI67	145	CGGACTTTGGGTG CGACTT	TTACAACTCTTCC ACTGGGACGAT	CCACTTGTGGAACCA CCGGTGGT
KIAA1303 raptor. 1	NM_020761	NM_020761.2	RPTOR	6300	ACTACAGCGGGAG CAGGAG	GGCATCTGAGCA AGAGGGT	TGGAGGTAGCTGCA ATCAACCCAA
KIF1A.1	NM_004321	NM_004321.4	KIF1A	4015	CTCCTACTGTGTCG ACACC	TCCCGGTACACCT GCTTC	CCTGAGGACATCAAC TACCGGTGCG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
Kiting.	NM_000899	NM_000899.1	KITLG	68	GTCCCGGGATGG ATGTT	GATCAGTCAAGCT GTCTGACAATTG	CATCTCGTTATCCA ACAATGACTTGGCA
KL.1	NM_004795	NM_004795.2	KL	6191	GAGGTCTGTGCTAA ACCCTGTG	CTATGTGCAAG CCCTCAA	CCTGAGGGATCTGT CTCACTGGCA
KLK3.1	NM_001648	NM_001648.2	KLK3	4172	CCAAGCTTACCACG TGCAC	AGGGTGAGGAAG ACAACCG	ACCCACATGGTGACA CAGCTCTCC
KLRK1.2	NM_007360	NM_007360.1	KLRK1	3805	TCAGAGCCAGGGT TCTTGTA	ATCCTGGTCTCTCT TTGCTGT	TGCTCAAAATGCCA GGCTTCTGAA
KRT19.3	NM_002276	NM_002276.1	KRT19	521	TGAGCGGCAGAAAT CAGGAGTA	TGGGGTAGGTGG CAATCTC	CTCATGGACATCAAG TCGCGGCTG
KRT5.3	NM_000424	NM_000424.2	KRT5	58	TCAGTGGAGAGG AGTTGGA	TGCCATATCCAGA GGAACA	CCAGTCAACATCTCT GTTGTCAACAAGA
KRT7.1	NM_005556	NM_005556.3	KRT7	4016	TTCAGAGATGAACG GGGC	ACTTGGCACGCT GGTCT	ATGTTGTCGATCTCA GGCTGCAGC
L1CAM.1	NM_000425	NM_000425.2	L1CAM	4096	CTTGCTGGCCAAATG CCIA	TGATTGTCCGCA GTCAGG	ATCTACGTTGTCCAG CTGCCAGCC
LAMA3.1	NM_000227	NM_000227.2	LAMA3	2529	CAGATGAGGCACAT GGAGAC	TGAAATGGCAGA ACGGTAG	CTGATTCTCAGGTC CTTGGGCTG
LAMA4.1	NM_00229C	NM_002290.3	LAMA4	5990	GATGCACATGCGGT AGCAG	CAGAGGATACGC TCAGCAAC	CTCTCCATCGAGGAA GGCAATCC
LAMB 1.1	NM_002291	NM_002291.1	LAMB1	3894	CAAGGAGACTGGC AGGTGTC	CGGCAGAACTGA CAGTGTC	CAAGTGCCTGTACCA CACGGAAGG
LAMB3.1	NM_000226	NM_000228.1	LAMB3	2530	ACTGACCAAGCCT3 AGACCT	GTCACACTTGCAG CATTCA	CCACTGCCCATACTG GGTGCAGT
LAMC2.2	NM_005562	NM_005562.1	LAMC2	997	ACTCAAGCGGAAT TGAAGCA	ACTCCCTGAACG CGAGACT	AGGTCTTATCAGCAC AGTCTCGGCTCC
LAPTM5.1	NM_006762	NM_06762.1	LAPTM5	4017	TGCTGGACTTCTG3 CTGAG	TGAGATAGGTGG GCACITCC	TCCTGACCCCTCTGCA GCTCCTACA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
LDB1.2	NM_003893	NM_003893.4	LDB1	6720	AACACCCAGTTTGA CGCAG	CCAGTGCAGGGG AGTTGT	AAAGCTGTCCTCGTC GTCAATGCC
LDB2.1	NM_00129C	NM_001290.2	LDB2	3871	ATCACGGTGGACT GGCAG	TACCTTGGTAAC ATGGGCTTC	AGTGACCATGGTCA CCCAGCAGG
LDHA.2	NM_00556C	NM_005566.1	LDHA	3935	AGGCTACACATCCT GGGCTA	CCCGCCTAACAT CTTCAT	TCTGCCAAATCTGCT ACAGAGAGTCCA
LGALS1.1	NM_002305	NM_002305.3	LGALS1	6305	GGGTGGAGTCTTC TGACAGC	AGACCACAAGCC ATGATTGA	CCCGGGAACATCCT CCTGGAC
LGALS3.1	NM_002306	NM_002306.1	LGALS3	2371	AGCGGAAATGGC AGACAAT	CTTGAGGGTTTG GGTTTCCA	ACCCAGATAAGGCAT CATGGAGCGA
LGALS9.1	NM_009587	NM_009587.2	LGALS9	5458	AGTACTTCCACGGC GTGC	GACAGCTGCACA GAGCCAT	CTTCCACCGTGTGG ACACCATCTC
LIMK1.1	NM_016735	NM_016735.1		3888	GCTTCAGGTGTGT GACTGC	AAGAGCTGCCCA TCCTTCTC	TGCCTCCCTGTGGC ACCAGTACTA
LMNB1.1	NM_005573	NM_005573.1	LMNB1	1708	TGCAACGGCTGGT GTCACA	CCCCACCACTTCT GGTTCTTC	CAGCCCCCACAAGT ACCTCATC
LMO2.1	NM_005574	NM_005574.2	LMO2	5346	GGCTGCCAGCAGA ACATC	CTCAGGCAGTGC TCGTGC	CGCTACTTCTCTAAG GCCATCGAC
LOX.1	NM_002317	NM_002317.3	LOX	3394	CCAATGGGAGAACA ACGG	CGCTGAGGCTGG TACTGTG	CAGGCTCAGCAAGC TGAACACCTG
LRP2.1	NM_004525	NM_004525.1	LRP2	4112	GGCTGTAGACTGC GTTCCA	GAGACAAAGAGG CCATCCAG	CGGGCATCCAAACA GTAGAGCTTT
LRRC2.1	NM_024512	NM_024512.2	LRRC2	6315	CCAGTGTCCCAATC TGTTGC	GGTCAGGTTATTG CTGCTGA	CCACTGCCAAATTGGA CATCCGC
LTF.1	NM_002343	NM_002343.2	LTF	6269	AACGGAAGCCTGT GACTGA	AGACACCACCCG ATGATTC	CTAGAAGCTGCCATC TTGCCATGG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
LYZ.1	NM_000239	NM_000239.1	LYZ	6268	TGCTGGAAGATA CATCGC	ACCATGCTCTAA TGCCTTG	CACGGACAACCCCTCT TTGCACAAG
MADH2.1	NM_005901	NM_005901.2	SMAD2	2672	GCTGCCTTTGGTAA GAACATGTC	ATCCAGACAGTCT CTTCACAAC	TCCATCTTGCCATTG ACGCGGC
MADH4.1	NM_005359	NM_005359.3	SMAD4	2565	GCACATTACTGGCC TGTTTACA	ACCAATACTCAGG AGCAGGATGA	TGCATTCCAGCCCTCC CATTTCCA
MALI	NM_002371	NM_002371.2	MAL	6194	GTTGGGAGCTTGC TGTGTC	CACAACAGGAG GTGACCT	ACCTCCAACTGCTGT GCTGTCTGC
MAL2.1	NM_052888	NM_052886.1	MAL2	5113	CCTTCGTCTGCTG GAGAT	GGAACATTGGAG GAGGCAA	CAAAATCCAGACAAG ACCCCGAA
MAP2K1.1	NM_002755	NM_002755.2	MAP2K1	2674	GCCTTCTTACCCN GAAGCAGAA	CAGCCCCAGCT CACTGAT	TCTCAAAGTGGTCAT CCTCAGTTCTCCCA
MAP2K3.1	NM_002756	NM_002756.2	MAP2K3	4372	GCCTCCAAATGTCC TTATCA	GTAGCCACTCAT GCCAAAGTC	GACATCTTCACATGG CCCTCCTTG
MAP4.1	NM_002375	NM_002375.2	MAP4	2066	GCCGGTCAGGCAC ACAAG	GCAGCATACACAC AACAAATGG	ACCAACCCAGTCCAC GCTCCAAGGG
MARCKS.1	NM_002356	NM_002356.4	MARCKS	4021	CCCTCTTTGGATCT GTTGAG	CGGTCTTGGAGA ACTGGG	CCCATGCTGGCTTCT TCAACAAAG
Maspina.2	NM_002639	NM_002639.1	SEPINB5	362	CAAGATGGGACCTTT GAGAACATT	GGCAGCATTAAC CACAAGGATT	AGCTGACAAACAGTGT GAACGACCAGACC
MCAM.1	NM_006500	NM_006500.2	MCAM	3972	CGAGTTCCAGTGG CTGAGA	TGCAACTGAAGCA CAGGC	CTTTCAGCACCTGG CCTGTCTCT
MCM2.2	NM_004526	NM_004526.1	MCM2	580	GACTTTTGGCCGCT ACCTTTC	GCCACTAACT3CT TCAGTATGAAGAG	ACAGCTCATTGTTGT CAGGCCGGA
MCM3.3	NM_002388	NM_002388.2	MCM3	524	GGAGAACAATCCCC TTGAGA	ATCTCCTGGATG GTGATGGT	TGGCCTTTCTGTCTA CAAGGATCACCA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
MCM6.3	NM_005915	NM_005915.2	MCM6	614	TGATCGTCTCTATG GTCACATTCA	TGGACAGGAAA CACACCAA	CAGGTTTCATACCAA CACAGGCTTCAGCA C
MCP1.1	NM_002982	NM_002982.1	CCL2	700	CGCTCAGCCAGAT GCAATC	GCACTGAGATCT CCTATTGGTGAA	TTGCCCCAGTCACCT GCTGTTA
MDH2.1	NM_005916	NM_005918.2	MDH2	2849	CCACACCTTTGT GCAGAG	CAATGACAGGGA CGTTGACT	CGAGCTGGATCCAA ACCTTCAG
MDK.1	NM_002391	NM_002391.2	MDK	3231	GGAGCCGACTGCA AGTACA	GACTTTGGTGCC GTGCC	TATCACACGCACCCCA GTTCTCAA
MDM2.1	NM_002392	NM_002392.1	MDM2	359	CTACAGGGAGGCC ATCGAA	ATCCAACCAATCA CCTGAATGTT	CTTACACCAGCATCA AGATCCGG
MGMT.1	NM_002412	NM_002412.1	MGMT	689	GTGAATGAACGG ACCACA	GACCTGCTCAC AACCAGAC	CAGCCCTTTGGGGA AGCTGG
mGST1.2	NM_020300	NM_020300.2	MGST1	806	ACGGATCTACCACA CCATTGC	TCCATATCCAA AAAAAATCAAG	TTTGACACCCCTTCC CCAGCCA
MICA.1	NM_000247	NM_000247.1	MICA	5449	ATGGTGAATGTCA CCGC	AAGCCAGAAEC CTGCAT	CGAGCCCTCAGAGG GCAACATTAC
MIF.2	NM_002415	NM_002415.1	MIF	3907	CCGGACAGGGTCT ACATCA	GCTGGAGTTGTT CCAGCC	CTATTACGACATGAA CGCGGCCAA
MMP1.1	NM_002421	NM_002421.2	MMP1	2167	GGGAGATCATCGC GACAACTC	GGGCTGGTGA AAAGCAT	AGCAAGATTTCCTCC AGTCCATCAAAAGG
MMP10.1	NM_002425	NM_002425.1	MMP10	4920	TGTACCCACTCTAC AACTCAATTCACA	TGAATGCCATTCA CATCATCTTG	AGCTCGCCAGTTTC CGCCTTC
MMP14.1	NM_004995	NM_004995.2	MMP14	4022	GCTGTGGAGCTCT CAGGAA	AGCAAGGACAGG GACCAA	CCTGAGGAAGGCAC AGTTGCTCCT
MMP2.2	NM_004530	NM_004530.1	MMP2	672	CCATGATGGAGAG GCAGACA	GGAGTCCGTCTCT TACCGTCAA	CTGGGAGCATGGCG ATGGATACCC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
MM7.1	NM_002423	NM_002423.2	MM7	2647	GGATGGTAGCAGT CTAGGGATTAAT	GGATGTCCATA CCCAAGAA	CCTGTATGCTGCAAC TCATGAACCTTGGC
MM9.1	NM_004994	NM_004994.1	MM9	304	GAGAACCAATCTCA CCGACA	CACCCGAGTGTA ACCATAGC	ACAGGTATTCCTCTG CCAGCTGCC
MRP1.1	NM_004996	NM_004996.2	ABCC1	15	TCATGGTGCCCGIC AATG	CGATTGCTTTGG TCTTCATGTG	ACCTGATACGTCCTG GTCTTCATCGCGAT
MRP2.3	NM_000392	NM_000392.1	ABCC2	55	AGGGGATGACTTG GACACAT	AAACTGCATGCC TTTGTA	CTGCCATTGGACATG ACTGCAATTT
MRP3.1	NM_003786	NM_003786.2	ABCC3	8	TCATCCTCGGGATC TACTTCCT	CCGTTGAGTGGG ATCAGCAA	TCGTCTCTGGCTGG AGTCGCTTTCAT
MRP4.2	NM_005845	NM_005845.3	ABCC4	6057	AGGCGCTGGAATCT ACAAT	AGAGCCCTCGGA GAGAAGAT	CGGAGTCCAGTGTCT TCCCACCTA
MSH2.3	NM_000251	NM_000251.1	MSH2	2127	GATGCAGAAATTGA GCAGAC	TCTTGGCAAGTC GGTTAAGA	CAAGAAGATTACTTT CGTCGATTCCCGA
MSH3.2	NM_002439	NM_002439.1	MSH3	2132	TGATTACCATCATG GCTCAGA	CTTGTGAAAATGG CATCCAC	TCCCAATTGTGCGCTT CTTCTGCAG
MSH6.3	NM_000179	NM_000179.1	MSH6	2136	TCTATTGGGGGATT GGTAGG	CAATTCCGAGTG GTGAAAT	CCGTTACCAGCTGG AAATTCCTGAGA
MT1B.1	NM_005947	NM_005947.1	MT1B	5355	GTGGGCTGTGCCA AGTGT	ACAGCAGCGGCA CTTCTC	ATGAGCCTTTGCAGA CACAGCCCT
MT1G.1	NM_005950	NM_005950.1	MT1G	6333	GTGCACCCACTGC CTCTT	AGCAGTTGGGGT CCATTG	CCCGAGGCGGAGACT AGAGTTCCG
MT1H.1	NM_005951	NM_005951.2	MT1H	6332	CGTGTCCCACTGCC TCTTC	AGCAGTTGGGGT CCATTG	CCGAGGTGAGACTG GAGTTCCCA
MT1X.1	NM_005952	NM_005952.2	MT1X	3897	CTCTGCAAAATGCA AAGAGTG	ACTTGGCAGAGC CCACAG	CACCTCTGCAAGAA GAGCTGCTG
MUC1.2	NM_002456	NM_002456.1	MUC1	335	GGCCAGGATCTGT GGTGGTA	CTCCACGTCGTG GACATTGA	CTCTGGCTTCCGA GAAGGTAGC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
MVP.1	NM_017458	NM_017458.1	MVP	30	ACGAGAACGAGGG CATCTAIGT	GCATGTAGGTGC TTCCATCAC	CGACCTTTCCGGT CTTGACATCCT
MX1.1	NM_002462	NM_002462.2	MX1	2706	GAAGCAATGGGA TCAGTCATGA	GCATGTAGGTGC TTCCATCAC GTCTATTAGATC AGATCCGGGACA T	CGACCTTTCCGGT CTTGACATCCT TCACCTGGAGATCA GCTCCCGA
MYBL2.1	NM_002466	NM_002466.1	MYBL2	1137	GCCGAGATGGCA AGATG	CTTTTCATGGTAG AGTCCAGTGATT C	CAGGATTGCTGTCC TCCCTGGCA
MYH11.1	NM_002474	NM_002474.1	MYH11	1734	CGGTACTTCTCAGG GCTATATATACG	CCGAGTAGATGG GCAGGTGT	CCTCTGCGGTGGT GGTCAACCCCTA
MYRIP.2	NM_015460	NM_015460.1	MYRIP	1704	CGTTCACTTCTCTG GTCAAC	AGCAGCTCTTGC GACATTG	ATTGCAATCTCCAC ACTGGCGCT
NBN.1	NM_002485	NM_002485.4	NBN	4121	GCACTACTTTGCCA GAACCAA	TCCCTTGCAGCT GGAGTT	CTTCCAAAGTTCTGGC TGCTTGCAG
NCF1.1	NM_000265	NM_000265.2	NCF1	4676	GACACCTTCATCCG TCACAT	ATAGTGTGCTGCT GGGTACG	AAGCGTTCTCAAAG CCCAGCAG
NFAT5.1	NM_006599	NM_006599.2	NFAT5	3071	CTGAACCCCTCTCTC TGGTC	AGGAAACGATGG CGAGGT	CGAGAATCAGTCCC CGTGGAGTTC
NFATC2.1	NM_17309	NM_173091.2	NFATC2	5123	CAGTCAAGGTCAGA GGCTGAG	CTTTGGCTCCTG GCATTC	CGGTTCTCTACCCC ACAGTCATTC
NFKBp50.3	NM_003998	NM_003998.1	NFKB1	3439	CAGACCAAGGAGAT GGACCT	AGCTGCCAGTGG TATCCG	AAGCTGTAAACAAGA GCCGCCACCA
NFKBp65.3	NM_021975	NM_021975.1	RE LA	39	CTGCCGGGATGGC TTCTAT	CCAGGTTCTGGA AACTGTGGAT	CTGAGCTCTGCGG GACCGCT
NFX1.1	NM_002504	NM_002504.3	NFX1	4025	CCCTGCCATACCAC CTCA	CGTCCACATTCAC ACTGTAGC	CCTGCCCTGTGACT GCTTGTAAGC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
NME2.1	NM_002512	NM_002512.2	NME2	3899	ATGCTTGGGGAGA CCAATC	CTGAATGCAGAA GTCCCCAC	AGCAGATTCAAAGCC AGGCACCAT
NNMT.1	NM_006169	NM_006169.2	NNM-	5101	CCTAGGGCAGGGA TGGAG	CTAGTCCAGCCAA ACATCCC	CCCTCTCCTCATGCC CAGACTCTC
NOL3.1	NM_003946	NM_003946.3	NOL3	6307	CAGCCTTGGGAAG TGAGACT	ATGATGTGTGTG GGCTTTGT	CTCAAGGTCCCTTTC TGCTCCCT
NOS2A.3	NM_000625	NM_000625.3	NOS2	6509	GGGTCCATTATGAC TCCAA	GCTCATCTGGAG GGGTAGG	TGTCCTGGGTCTT CTGGTCAAAC
NOS3.1	NM_000603	NM_000603.2	NOS3	2624	ATCTCGGCCCTCGCT CATG	TGGAGGCCATAG AGGATTGTC	TTCACTCGCTTGGCC ATCACCG
NOTCH 1.1	NM_017617	NM_017617.2	NOTCH1	2403	CGGGTCCACCAGT TTGAATG	GTTGTATTGGTTG GGCAACAT	CCGCTCTGCAGCCG GGACA
NOTCH2.1	NM_024408	NM_024408.2	NOTCH2	2406	CACITCCCTGCTG3 GATTAT	AGTTGTCAAACAG GCACTCG	CCGTGTTGCACAGC TCATCACACT
NOTCH3.1	NM_000435	NM_000435.2	NOTCH3	6464	TGTGGACGAGTGT GCTGG	ACTCCCTGCCAG GTTGGT	ACCCTGTGGCCCTC ATGGTATCTG
NP009 (ABAT oficial)	NM_020686	NM_020686.2	ABAT	1707	GGCTGTGGCTGAC GCTGTAG	GGAGCATTCGAG GTCAAATCA	TCCCAGAGTGCTC ACCTCCAGCAGAG
NPM1.2	NM_002520	NM_002520.2	NPM1	2328	AATGTTGTCCAGGT TCTATTGC	CAAGCAAAGGGT GGAGTTC	AACAGGCATTITGGA CAACACATTCTTG
NPPB.1	NM_002521	NM_002521.2	NPPB	6196	GACACCTGCTTCTG ATTCCAC	TGAGTCACTTCAA AGGCGG	AGGGGCTTTTTCCTC AACCTGTG
NPR1.1	NM_000906	NM_000906.2	NPR1	6197	ACATCTGCAGCTCC CCTG	CACACAAGCCAG CTTCCA	CCTCAGAAACCCTCA TGCTCCTGG
NPY1R.1	NM_000909	NM_000909.4	NPY1R	4513	GGATCTTCCCACAT CTGCT	TGTCTTTTTCGC TCTCG	CCTTCCATTCCCACG CTGCTTCT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
NRG1.3	NM_013957	NM_013957.1	NRG1	410	CGAGACTCTCCTCA TAGTGAAGGTAT	CTTGGCGTGGG AAATCTACAG	ATGACCAACCCGGC TCGTATGTCA
NUDT1.1	NM_002452	NM_002452.3	NUDT1	4564	ACTGGTTTCCACTC CTGCTT	GTCAGGATGGT GTCCTGA	CCACGGGTACTTCA GTTCCAGGG
OGG1.1	NM_002542	NM_002542.4	OGG	6198	ACCAAGGTGGCTG ACTGC	ATATGGACATCCA CGGGC	TCTGCCTGATGGCC CTAGACAAGC
OPN, osteopontina.3	NM_000582	NM_000582.1	SPP	764	CAACCGAAGTTTTC ACTCCAGTT	OCTCAGTCCATAA ACCACACTATCA	TCCCCACAGTAGACA CATATGATGGCCG
p21.3	NM_000389	NM_000389.1	CDKN1A	33	TGGAGACTCTCAG GGTCGAAA	GGCGTTTGGAGT GGTAGAAATC	CGGCGGCAGACCCAG CATGAC
p27.3	NM_004064	NM_004064.1	CDKN1B	38	CGGTGGACCCAGCA AGAGTTAA	GGCTGCCTCTTT CCATGTC	CCGGGACTTGGAGA AGCACTGCA
P53.2	NM_000546	NM_000546.2	TP53	59	CTTTGAACCCCTTGC TTGCAA	CCCGGGACAAAG CAAATG	AAGTCTGGGTGCTT CTGACGCACA
PAH.1	NM_000277	NM_000277.1	PAH	6199	TGGCTGATTCCATT AACAGTGA	CACATTCTGTCCA TGGCTTTAC	ATCCTTTGCAGTGCC CTCCAGAAAA
PAH.3	NM_000602	NM_000602.1	SERPINE1	36	CCGCAACGTGGTTT TCTCA	TGCTGGGTTTCTC CTCCTGTT	CTCGGTGTTGGCCA TGCTCCAG
Pak1.2	NM_002576	NM_002576.3	PAK1	3421	GAGCTGTGGGTTG TTATGGA	CCATGCAAGTTTC TGTCACC	ACATCTGTCAAGGAG CCTCCAGCC
PARD6A.1	NM_016948	NM_016948.2	PARD6A	4514	GATCCTCGAGGTCA ATGGC	ACCATCATGTCCG TCACTTG	TCCAAGGTCTTCCCG GCTACTTCA
PBOV1.1	NM_021635	NM_021635.1	PBOV1	3936	GCAAAGCCCTTCCA GAAAAA	GGCTGGGCTTAA ACAGTCAT	TGGTAGCAGAAATTGC CTTTCAACCA
PCCA.1	NM_000282	NM_000282.2	PCCA	6250	GGTGAATCTGTGC ACTGTCA	ATTCCAGCTCCAC GAGCA	TCCCTTCTCCAAC GTGTCTCCA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
PCK1.1	NM_002591	NM_002591.2	PCK1	6251	CTTAGCATGGCCCA GCAC	CTTCGGGAACCA GTTGACA	CAGCCAAACTGCCC AAGATCTTCC
PCNA.2	NM_002592	NM_002592.1	PCNA	148	GAAGGTGTGGAG GCACTCAAG	GGTTACACCGCT GGAGCTAA	ATCCAGCAGGCCT CGTTGATGAG
PCSK6.1	NM_002570	NM_002570.3	PCSK6	6282	ACCTTGAGTAGCA AGGCC	GTTGCTGGAGCC ATTTCAC	CACACGTTCCCTCAGA ATGGACCCC
PDCD1.1	NM_005018	NM_005018.2	PDCD1	6286	GACAACGCCACCTT CACC	GGCTCATGCGGT ACCACT	TCTCCAACACATCGG AGAGCTTCG
PDE4DIP.1	NM_014644	NM_014644.4	PDE4DIP	6417	GCTTCGCTTGGCT TGAGAG	AGCTTCATTG3AG GAGAGGA	TGCGGCAGTCTCTCT AAGTCATGATCTC
PDGFA.3	NM_002607	NM_002607.2	PDGFA	56	TGTTGGTGTGCC TGGTG	TGGGTTCTGTCCA AACACTGG	TGGTGGCGGTCACT CCCTCTGC
PDGFB.3	NM_002608	NM_002608.1	PDGFB	67	ACTGAAGGAGAAC CTTGGAG	TAAATAACCCCTGC CCACACA	TCTCCTGCCGATGC CCCTAGG
PDGFC.3	NM_016205	NM_016205.1	PDGFC	29	AGTTACTAAAAAT ACCACGAGGTCCTT	GTCGGTGAGTGA TTTGTGCAA	CCCTGACACCGGTC TTTGGTCTCAACT
PDGFD.2	NM_025208	NM_025208.2	PDGFD	31	TATCGAGGCAGGT CATACCA	TAACGCTTGGCA CATCAT	TTCAGGTCAACTTT GACTTCCGGT
PDGFRa.2	NM_006206	NM_006206.2	PDGFRa	24	GGGAGTTTCCAAGA GATGA	CTTCAACCCACTT CCCCAAC	CCCAAGACCCGAAC AAGCACTAG
PDGFRb.3	NM_002609	NM_002609.2	PDGFRb	464	CCAGCTCTCCTTCC AGCTAC	GGGTGGCTCTCA CTTAGCTC	ATCAATGTCCCTGTC CGAGTGCTG
PZK1.1	NM_00261	NM_002614.3	PZK1	6319	AATGACCTCCACCT TCAACC	CGCAGGAAGAAG CCATAGTT	TGCCCTTCTTGCTTG GACAGTTTACA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
PDZK3.1	NM_015022	NM_015022.2		3885	GAGCTGAGAGCCT TGAGCAT	CTGGCCCTGCT GAGTAA	CTGCTGCAGAGCT TGTCAGGTC
PF4.1	NM_002619	NM_002619.1	PF4	6326	GCAGTGCCTGTGT GTGAAG	GGCCTTGATCAC CTCCAG	TCCGTCCCAGGCAC ATCACC
PFKP.1	NM_002627	NM_002627.3	PFKP	6252	AGCTGATGCCGCAT ACATT	GGTGCTCCAGGT TGGACT	CAGATCCCTGATGTC GAAGGGCTC
PFN2.1	NM_053024	NM_053024.1	PFN2	3426	TCTATACGTGGATG GTGACTCG	GCCGACAGCCAC ATTGTAT	CTCCCCACCTTGACT CTTTGTCCG
PGF.1	NM_002632	NM_002632.4	PGF	4026	GTGGTTTCCCTCG GAGC	AGCAAGGGAACA GCCTCAT	ATCTTCTCAGAGGTC CCGAGCCAG
PI3K.2	NM_002646	NM_002646.2	PIK3C2B	368	TGCTACCTGGACA3 CCCG	AGGCCGTCTTTC AGTAACCA	TCCTCTGAAACGAG CTGTGCTGACTT
PI3KC2A.1	NM_002645	NM_002645.2	PIK3C2A	6064	ATACCAATCACCCG ACAAACC	CACACTAGCATTT TCTCCGCATA	TGTGCTGTGACTGG ACTTAACAAATAGCC T
PIK3CA.1	NM_006218	NM_006218.1	PIK3CA	2962	GTGATTGAAGAGCA TGCCAA	GTCTGCGTGGG AATAGC	TCCTGCTTCTGGGA TACAGACCA
PLA2G4C.1	NM_003706	NM_003706.1	PLA2G4C	6249	CCCTTCCCCAAGT AGAAGAG	AGGATGTAGCAG CTGGCG	CCTTGGACCACAAAT CCAGCTCAG
PLAT.1	NM_033011	NM_033011.2	PLAT	6459	GATTGCTGGGAA3 TGCTGT	TAGCTGATGCCCT GGTCC	TAGATACCAGGCC ACGTGCTACG
PLAUR.3	NM_002659	NM_002659.1	PLAUR	708	CCCATGGATGCTCC TCTGAA	CCGGTGGCTACC AGACATTG	CATTGACTGCCGAG GCCCCATG
PLG.1	NM_000301	NM_000301.1	PLG	6310	GGCAAAATTTCCAA GACCAT	ATGATCCCATGAG CGTGTGG	TGCCAGGCCTGGGA CTCTCA
PLN.1	NM_002667	NM_002667.2	PLN	3886	TGATGCTTCTCTGA AGTCTGCG	CCTGTCTGCATG GGATGAC	AGATCTGCAGCTTGC CACATCAGC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
PLOD2.1	NM_000935	NM_000935.2	PLOD2	3820	CAGGGAGGTGGTT GCAAAAT	TCCTCCAGGATG CATGAAG	TCCAGCCTTTTCGTG GTGACTCAA
PLP1.1	NM_000533	NM_000533.3	PLP1	4027	AGAACAGACTGGC CTGAGGA	CAGAGGGCCATC TCAGGTT	CACCATTAGCCACCA GCAACTGCT
PMP22.1	NM_000304	NM_000304.2	PMP22	6254	CCATCTACACGGTG AGGCA	TGTAGGCGAAAC CGTAGGA	AATCCGAGTTGAGAT GCCACTCCG
PPAP2B.1	NM_003713	NM_003713.3	PPAF2B	6457	ACAAGCACCATCCG AGTGA	CACGAAGAAAAC ATGCAGCAG	ACCAGGGCTCCTTG AGCAAATCCT
PPARG.3	NM_005037	NM_005037.3	PPARG	1086	TGACTTTATGGAGC CGAAGTT	GCCAAGTCGCTG TCATCTAA	TTCCAGTGCATTGAA CTTCACAGCA
PPP1R3C.1	NM_005398	NM_005398.4	PPP1R3C	6320	ITCCTTCCCTCTCA ATCCAC	CACAGCTTTCAT CACCATC	CTTCCTCAACITTT CCTTGCCCA
PPP2CA.1	NM_002715	NM_002715.2	PPP2CA	3879	GCAATCATGGAAC TGACGA	ATGTGGTCCGC TCTACG	TTTCTTGAGTTTGA CCACAGCACC
PRCC.1	NM_005973	NM_005973.4	PRCC	6002	GAGGAAGAGGAGG CGGTG	CAGGGAGAGAAG CGAACAA	CTACATCTGGGCC GCITTAGGG
PRKCA.1	NM_002737	NM_002737.1	PRKCA	2626	CAAGCAATGCGTCA TCAATGT	GTAATCCGGCC CCTCTCT	CAGCCTCTGCGGAA TGGATCACACT
PRKCB1.1	NM_002738	NM_002738.5	PRKCB	3739	GACCCAGCTCCACT CCTG	CCCATTCACGTAC TCCATCA	CCAGACCATGGACC GGCTGTACTT
PRKCD.2	NM_006254	NM_006254.1	PRKCD	626	CTGACACTTGCCGC AGAGAA	AGGTGGTCCCTG GTCTGGAA	CCCTTCTCACCCAC CTCATCTGCAC
PRKCH.1	NM_006255	NM_006255.3	PRKCH	4370	CTCCACCIATGAGC GTCTGTC	CACACTTCCCTC CTTTTGG	TCCTGTTAACATCCC AAGCCCACA
PRO2000.3	NM_014109	NM_014109.2	ATAD2	1666	ATTGGAAAAACCTC GTCACC	TCGGTATCTTGT CTTGACG	CCCAACATATTTAT AGTGGCCGAC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
PROM1.1	NM_006017	NM_006017.1	PRCM1	4516	CTATGACAGGCATG CCACC	CTCCAACCATGAG GAAGACG	ACCCGAGGCTGTGT CTCCAACAC
PROM2.1	NM_144707	NM_144707.1	PRCM2	5108	CTTCAGCGCATCCA CTACC	CCATGCTGTCTTT CACCAC	CTTCCTCGTTCAGAT CCAGAGGCC
PRPS2.1	NM_001039091	NM_001039091.1	PRPS2	4694	CACTGCACCAAGAT TCAGGT	ATTGTGTGTCTTT CGGATTG	TTGACATTTCATGA TCCTGGCCG
PRSS8.1	NM_002773	NM_002773.2	PRSS8	4742	GTACAGTCTGGCCT CCAGCTA	CCACACGAGGCT GGAGTT	TCCTGGATCCAAAGC AAGGTGACA
PSMA7.1	NM_002792	NM_002792.2	PSMA7	6255	GCCAACTGCAGG ATGAAG	AGGCCATGCAGA CGTTGT	CCAAAGCACAGATCT TCGGCACATG
PSMB8.1	NM_148919	NM_148919.3	PSMB8	6461	CAGTGGCTATCGG CCTAATC	TAAGCAATAGCCC TGCGG	CAAGGTCATAGGCC TCCTCAGGGC
PSMB9.1	NM_148954	NM_148954.2	PSMB9	6462	GGGGTGTCTATCTAC CTGGTC	CATTGCCCAAGAT GACTCG	TGGTCCACACCGGC AGCIGTAATA
PTEN.2	NM_000314	NM_000314.1	PTEN	54	TGGCTAAGTGAAGA TGACAATCATG	TGCACATATCATT ACACCAGTTCGT	CCTTCCAGCTTTAC AGTGAATTGCTGCA
PTGIS.1	NM_000961	NM_000961.3	PTGIS	5429	CCACACTGGCATCT CCCT	GCCCATGGGATG AGAAACT	CCTTCTCCAGGGAC AGAAGCAGGA
PTHR1.1	NM_000316	NM_000316.1	PTHR1	2375	CGAGGTACAAGCT GAGATCAAGAA	GCGTGGCTTTTCG CTTGAA	CCAGTGCCAGTGTC CAGCGGCT
PTK2.1	NM_005607	NM_005607.3	PTK2	2678	GACCGGTGGAATG ATAAGGT	CTGGACATCTCGA TGACAGC	ACCAGGCCCGTCAC ATTCTCGTAC
PTK2B.1	NM_004103	NM_004103.3	PTK2B	2883	CAAGCCAGCCGGA CCTAAG	GAACCTGGAACCT GCAGCTTTG	CTCCGCAAGCAACCC TCCTGGCT
PTN.1	NM_002825	NM_002825.5	PTN	3964	CCCTCCAGTCCAAA AATCCC	CCCCTCTCTCCAG TTTGGAT	TTCTCTGCTCTGGG GGTCTCTTG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
PTPNS1.1	NM_080792	NM_080792.1	SIRPA	2896	CTCCAGCTAGCACI AAGCAACATC	TTTCAAGATTGCA CGTTTCACAT	TCTCAGTAATTAGA GGCGTCCACAG
PTPRB.1	NM_002837	NM_002837.2	PTPRB	3881	GATATGCGGTGAG GAACAGC	CTGGCCACACCG TATAGTGA	ATGCACACAGACTCA TCCGCCACT
PTPRC.1	NM_080921	NM_080921.2	PTPRC	6450	TGGCCGTCATGAG AAGAG	GGACATCTTTTGT GCTGGTTG	CAACATCTCCAAAAG CCCGAGTGC
PTPRG.1	NM_002841	NM_002841.2	PTPRG	2682	GGACAGCGACAAA GACTTGA	GGACTCGGAACA GGTAAAGG	CACATTAGCCATGT CTCACCGGA
PTTG1.2	NM_004219	NM_004219.2	PTTG1	1724	GGCTACTCTGATCT ATGTTGATAAGGAA	GCTTCAGCCCATC CTTAGCA	CACACGGGTGGCTG GTTCTCCA
PVALB.1	NM_002854	NM_002854.2	PVALB	4316	AAACCAAGATGCTG ATGGCT	CAGCCACACAG TGGAGAA	TTTTGCCGTCCCAT CTTGTGCTC
PXDN.1	NM_012293	NM_012293.1	PXDN	6257	GCTGCTCAAGCTGA ACCC	ACCCACGATCTTC CTGGTC	ACTGGGACGGCGAC ACCATCTACT
RAC1.3	NM_006908	NM_006908.3	RAC1	2698	TGTTGTAAATGTCT CAGCCCC	TTGAGCAAAGCGT ACAAAGG	OGTTCTTGGTCTGT CCCTTGGGA
RAD51.1	NM_002875	NM_002875.2	RAD51	3976	AGACTACTCGGGTCT GAGGTG	AGCATCCGCAGA AACCTG	CTTTCAGCCAGGCA GATGCACTTG
RAF 1.3	NM_002880	NM_002880.1	RAF1	2130	CGTCGTATCGGAG AGTCTGT	TGAAGGCGTGAG GTGTAGAA	TCCAGGATGCCGTGT AGTTCTCAGCA
RALBP1.1	NM_006788	NM_006788.2	RALBP1	2105	GGTGTACAGATATA ATGTGCAATGC	TTGATATTGCCA GCAGCTATAAA	TGCTGTCTGTCTGG TCTCAGTACGTTCA
RARB.2	NM_016152	NM_016152.2	RARB	687	TGCCTGGACATCCCT GATTCT	AAGGCGGTCTGA GAAAGTCA	TGCACCAGGTATACC CCAGAACAAAGA
RASSF1.1	NM_007182	NM_007182.4	RASSF1	6658	AGGCACGTGAAG TCATTG	AAAGAGTGCAAC TTGCGG	CACCACCAAGAACTT TGGCAGCAG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
RB1.1	NM_000321	NM_000321.1	RB1	956	CGAAGCCCTTACAA GTTCC	GGACTCTTCAGG GGTGAAT	CCCTTACGGATTCTT GGAGGGAAC
RBM35A.1	NM_P17697	NM_017697.2	ESRP1	5109	TGGTTTGAATCAC CAGGG	CTCTGTCCGCAG ACTTCATCT	CGCCCATCAGGAGA TGCCTTTATC
REG4.1	NM_032044	NM_032044.2	REG4	3226	TGCTAACTCCTGCA CAGCC	TGCTAGGTTTCCC CTCTGAA	TCTCTCTCTTCTG CTAGCCTGGC
RET.1	NM_020630	NM_020630.3	RET	5001	GCCTGTGCAGTTCT TGTGC	GGAAGGGCAGAC CCTCAC	AACATCAGCGTGGC CTACAGGCTC
RGS1.1	NM_002922	NM_02922.3	RGS1	6258	TGCCCTGTAAAGCA GAAGAGAT	CTCGAGTGGGA AGTCAATA	AGCAGCATCTGAATG CACAAATGCT
RGS5.1	NM_003617	NM_003617.1	RGS5	2004	TTCAAACGGAGGCT CCTAAAGAG	GAAGGTTCCACC AGGTTCTTCA	AATATTGACCACCTC ACTAAGGACATCACA
RHEB2	NM_005614	NM_005614.3	RHEB	6609	GATGATTGAGAACA GCCTTGC	GCTCCCAAGACT CTGACACA	TGTCACCTGCTCTAGA ACACCCTGGAGTT
RhoB.1	NM_004040	NM_004040.2	RHOB	2951	AAGCATGAACAGGA CTTGACC	CCTCCCAAGTCA GTTGC	CTTCCCAACCCCTGG GGAAGACAT
rhoC.1	NM_175744	NM_175744.1	RHOC	773	CCCGTTCGGTCTGA GGAA	GAGCACTCAAAGG TAGCCAAAGG	TCCGGTTCCGCCATGT CCCG
RIPK1.1	NM_003804	NM_003804.3	RIPK1	6259	AGTACCTTCAAGCC GGTCAA	AAGTCCCTGGGA ACTGTGC	CAGCCACAGAACAG CCTGGTTTAC
RND3.1	NM_005168	NM_005168.3	RND3	5381	TGGGAATTGGACT GGGAG	CTGGTTACTCCCC TCCAACA	TTTTAAGCCTGACTC CTCAGCGCG
ROCK1.1	NM_005406	NM_005406.1	ROCK1	2959	TGTGCACATAGGA TGAGCTTC	GTTTAGCAGCAA TTGCTCA	TCACTCTCTTTGCTG GCCAACTGC
ROCK2.1	NM_004850	NM_004850.3	ROCK2	2992	GATCCGAGACCCT CGCTC	AGGACCAAGGAA TTTAAGCCA	CCCATCAACGTGGA GAGCTTGCT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
RPLP1.1	NM_213725	NM_213725.1	RPLP1	5478	CAAGGTGCTCGGT CCTTC	GTCGCCGGATGA AGTGAG	CCTCACCACACGC AGCCTTAGCT
RPS23.1	NM_001025	NM_001025.1	RPS23	3320	GTTCTGGTTGCTGG ATTGG	CCTTAAAGCGGA CTCCAGG	ATCACCAACAGCATG ACCTTTGGG
RPS27A.1	NM_002954	NM_002954.3	RPS27A	6329	CTTACGGGGAAGA CCATCAC	TCTGGATCTGG CCTTTAC	TGCTATCCGAGGGTT CAACCTCG
RPS6KA1.1	NM_002953	NM_002953.3	RPS6KA1	3865	GCTCATGGAGCTA GTGCCTC	CGGCTGAAGTCC AGCTTCT	ACCCGGAGAAATGGA CAGACCTCAG
RPS6KB1.3	NM_003161	NM_003161.1	RPS6KB1	928	GCTCATTATGAAA ACATCCCAAC	AAGAAACAGAAAGT TGCTGGCTTTCT	CACACCAACCAATAA TTTGGCATT
RRM1.2	NM_001033	NM_001033.1	RRM1	1000	GGGCTACTGGCAG CTACATT	CTCTCAGCATCG GTACAAGG	CATTGGAATTGCCAT TAGTCCCAGC
RRM2.1	NM_001034	NM_001034.1	RRM2	2546	CAGCGGGATTAAAC AGTCCT	ATCTGCGTTGAAG CAGTGAG	CCAGACAGCCAGT TAAAAGATGCA
RUNX1.1	NM_001754	NM_001754.3	RUNX1	6067	AACAGAGACATTGC CAACCA	GTGATTTGCCCA GGAAAGTTT	TTGGATCTGCTTGCT GTCCAAACC
S100A1.1	NM_006271	NM_006271.1	S100A1	2851	TGGACAAGGTGAT CAAGGAG	AGCACACATACT CCTGGAA	CCTCCCGTCTCCAT TCTGGICTA
S100A10.1	NM_002966	NM_002966.1	S100A10	3579	ACACCAAAATGCCA TCTCAA	TTTATCCCAGCG AATTGT	CAGGCCAIGGAAC CATGATGTTT
S100A2.1	NM_005978	NM_005978.2	S100A2	2369	TGGCTGTGCTGGT CACTACCT	TCCCCCTTACTCA GCTTGAAC	CACAAGTACTCCTGC CAAGAGGGCGAC
SAA2.2	NM_030754	NM_030754.2	SAA2	6655	CTACAGCACAGATC AGCACCA	TGCTGACACTCAG GACCAAG	AGCTTCTCAGCGGC CTGGTTTTCT
SCN4B.1	NM_174934	NM_174934.3	SCN4B	7223	GCCTTCCTGGAGTA CCCG	GTGGCCCAATTC CCCAAGT	TGCTCCCTATGCCCT TCCAAGCAT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
SCNN1A.2	NM_001038	NM_001038.4	SCNN1A	3263	ATCAACATCCTGTC GAGGCT	GAAGTTGCCAG CGTGC	AGAGACTCTGCCATC CCTGGAGGA
SDHA.1	NM_004168	NM_004168.1	SDHA	5443	GCAGAACTGAAGAT GGGAAGAT	CCCTTTCCAAACT TGAGGC	CTGTCCACCAAATGC ACGCTGATA
SDPR.1	NM_004657	NM_004657.4	SDPR	3877	ACCAGCACAAAGATG GAGCA	GGICATCTG3AT GCCCTT	CGGAGCCCTCCAAA CTGATCTGTC
SELE.1	NM_000450	NM_000450.1	SELE	5383	ACACTGGTCTGGC CTGCTAC	AAAGTCCAGCTAC CAAGGGA	CCTGTGAAGCTCC ACTGAGTCCA
SELENBP1.1	NM_003944	NM_003944.2	SELENBP1	6200	GGTACCAGCCCTCG ACACAA	CCATCTCGTAAGA CAITGGGA	TGCCCACTCAGTGCT GATCATGAC
SELL.1	NM_000655	NM_000655.3	SELL	5483	TGCAACTGTGATG GGGG	CCTCCAAAGGCT CACACTG	CACAAACTGACACTG GGGCCATA
SEPLG.1	NM_003006	NM_003006.3	SELP_G	6316	TGGCCACTATCTTC TTCTGTTG	GTATTACGCAAG GGGTACA	CACTGTGGTGTGG CGGTCC
SEMA3B.1	NM_004636	NM_004636.1	SEMA3B	1013	GCTCCAGGATGTGT TTCTGTTG	ACGTGGAGAAGA CGGCATAGA	TGCGGGACCCCG GACC
SEMA3C.1	NM_006379	NM_006379.2	SEMA3C	5409	ATGGCCATTCCCTG TCCAG	GTCTCACATCTTG TCTTCGGC	CCTCCGTTTCCAGT TGGGTAGAA
SEMA3F.3	NM_004186	NM_004186.1	SEMA3F	1008	CGCGAGCCCTCTCA TTATACA	CACTCGCGGTTG ACATCCT	CTCCCCACACGCGA TCGAGGAA
SEMA5B.1	NM_001031702	NM_001031702.2	SEMA5B	5003	CTCGAGGACAGCT CCAACAT	TCACATTCCGCAC AGGAC	AGCCTCTGGACCCA GAACATCACC
SERPINA5.1	NM_000624	NM_000624.3	SERPINA5	6201	CAGCATGGTAGTC GCAAAGA	CTTTGTGGGACTG AGCTGG	AGGTCCAGAGTCCT GGCCCTTGAT
SFN.1	NM_006142	NM_006142.3	SFN	3580	GAGAGAGCCAGTC TGATCCA	AGGCTGCCATGT CCTCATA	CTGCTCTGCCAGCTT GGCCTTC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
SGK.1	NM_005627	NM_005627.2	SGK	2960	TCCGCAAGACACCT CCTG	TGAAGTCATCCTT GGCCC	TGTCCTGTCCTTCIG CAGGAGGC
SHANK3.1	XM_037493	XM_037493.5		3887	CTGTGCCCTCTACA ACCAGG	GGACATCCCTGTT AGTCCA	AGCTGTGCTCGTGT CCTGCTCTTC
SHC1.1	NM_003029	NM_003029.3	SHC1	2342	CCAAACACCTTCTTG GCTTCT	CTGTTATCCCAAC CCAAACC	CCTGTGTTCTTGCTG AGCACCCCTC
SILV.1	NM_006928	NM_006928.3	SILV	4113	CCGCATCTTCTGCT CTTGT	ACTCAGACCTGCT GCCCA	TTGGTGAGAAATAGCC CCCTCCCTCA
SKIL.1	NM_005414	NM_005414.2	SKIL	5272	AGAGGCTGAATATG CAGGACA	CTATCGGCTCA GCATGG	CCAATCTCTGCCTCA GTTCTGCCA
SLC13A3.1	NM_022829	NM_022829.4	SLC13A3	6202	CTTGCCCTCCAACA AGGTC	AGCCCACTGAGG AAGAGGA	CCCCCAGTACTTCCT CGACACCAA
SLC16A3.1	NM_004207	NM_004207.1	SLC16A3	4569	ATCGGACCCACGT CTACAT	AATCAGGGAGGA GGTGAGC	CCCCGCCAGGATGA ACACGTAC
SLC22A3.1	NM_021977	NM_021977.2	SLC22A3	6506	ATCGTCAGCGAGTT TGACCT	CAGGATGGCTTG GGTGAG	CAGCATCCACGCATT GACACAGAC
SLC22A6.1	NM_153277	NM_153277.1	SLC22A6	6463	TCCGCCACGCTCTC CTCT	GACCAGCCCAT GTATGCAAAAG	CTCTCCATGCTGTGG TTTGCCACT
SLC2A1.1	NM_006516	NM_006516.1	SLC2A1	2966	GCCTGAGTCTCCTG TGCC	AGTCTCCACCCCTC AGGCAT	ACATCCCAGGCTTCA CCCTGAATG
SLC34A1.1	NM_003052	NM_003052.3	SLC34A1	6203	GCTGAGACCCACT GACCTG	AGCCTCTCTCCGT AGGACAA	TCCTGGGCACCCAC TATGAGGTCT
SLC7A5.2	NM_003486	NM_003486.4	SLC7A5	3268	GCGCAGAGGCCAG TTAAA	AGCTGAGCTGTG GGTTGC	AGATCACCTCCTCGA ACCCACTCC
SLC9A1.1	NM_003047	NM_003047.2	SLC9A1	5385	CTTCGAGATCTCC TCTGGA	AGTGGGGATCAC ATGGAAAC	CCTTCTGGCCTGCT CATGAAGAT

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
SLIT2.2	NM_004787	NM_004787.1	SLIT2	3708	TTTACCGGATGCACCGTGCC	ATGCAGGCATGAATTGGG	CACAGTCCTGCCCCTTGAACCAT
SNAI1.1	NM_005985	NM_005985.2	SNAI1	2205	CCCAATCGGAAGCCTAACTA	GTAGGGCTGCTGGAAGTAA	TCTGGATTAGAGTCCGTCAGCTCGC
SNRK.1	NM_017719	NM_017719.4	SNRK	6710	GAGGAAAAGTCAGGGCCG	GCCGGCTTTCAGAAATCATC	CCAGCTGCAGTAGTTCCGAGACCA
SOD1.1	NM_000454	NM_000454.3	SOD1	2742	TGAAGAGAGGCATGTTGGAG	AATAGACACATCGGCCACAG	TTTGTCCAGCAGTCACATTGCCCAA
SP3.1	NM_001017371	NM_001017371.3	SP3	5430	TCAAGAGTCTCAGCAGCCAA	CCATGGATTGTCTGTGGTGT	CAGTCAAGCCCAAAATGTGCAAGG
SPARC. 1	NM_003118	NM_003118.1	SPARC	2378	TCTTCCCTGTACAGTGGCAGTTC	AGTCGGGTGTGGGAGAGGTA	TGGACCAGCACCCCCATTGACGG
SPARCL1.1	NM_004684	NM_004684.2	SPARCL1	3904	GCCACAGTGCAAGTGATGA	GATTGAGCTCTCTCGGCCT	ACTTCATCCCAAGCCAGGCCTTC
SPAST.1	NM_014946	NM_014946.3	SPAST	4033	CCTGAGTTGTTTCAAGGGC	ATCCCCAGGTGGACCAAAG	TAACAGCCCCCTCTGGCAGGAGCTCT
SPHK1.1	NM_021972	NM_021972.2	SPHK1	4178	GGCAGCTTCCCTTGAACCAT	GCAGTTGGTCAGGAGGTCTT	TGGTGACCTGCTCATAGCCAGCAT
SPRY1.1	AK026960	AK026960.1		1051	CAGACCAGTCCCTGGTCATAGG	CCTTCAAGTCATCCACAATCAGTT	CTGGTCCGGATTGCCCTTTCAG
SOSTM1.1	NM_003900	NM_003900.3	SQSTM1	4662	GGACCCGCTCTACAGGTGAAC	GGGTCCAGAGAGCTTGGC	CAGTCCCTACAGATGCCAGAATCCG
STAT1.3	NM_007315	NM_007315.1	STAT1	530	GGGCTCAGCTTTCAAAAGTG	ACATGTTTCAGCTGTGCCACA	TGGCAGTTTTCTTCTGTACCAAAA
STAT3.1	NM_003150	NM_003150.1	STAT3	537	TCACATGCCACTTTGGTGTT	CTTGCAGGAAGCGGCTATAC	TCCTGGGAGAGATTGACCAGCA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Simbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
STAT5A.1	NM_003152	NM_003152.1	STAT5A	403	GAGGCGCTCAACA TGAAATTC	GCAGGAAACAG AGTTCTC	CGTTGCTCTGCACT TCGGCCT
STAT5B.2	NM_012448	NM_012448.1	STAT5B	857	CCAGTGTGGTGA TCGTTCA	GCAAAGCATTGT CCAGAGA	CAGCCAGGACAACA ATGGAGCG
STC2.1	NM_003714	NM_003714.2	STC2	6507	AAGGAGGCCATCA CCAC	AGATGGAGCACA GGCTTCC	TTCTGCTCACACTGA ACCTGCACG
STK11.1	NM_000455	NM_000455.3	STK11	3383	GGACTCGGAGACC CTGTG	GGATCCCTTCGC AAGTTCT	TTCTTGAGGATCTTG ACGGCCCTC
STK15.2	NM_003600	NM_003600.1	AURKA	341	CATCTCCAGGAGG ACCAC	TCGGACCTTCAAT CATTTCA	CTCTGTGGCACCCCT GGACTAOCCTG
STK4.1	NM_006282	NM_006282.2	STK4	5424	GAGCCATCTTCCCTG CAACTT	CTGAGGTGCAAC CCAGTCA	ACCTCTTCCCTCAG ATGGGGAGC
STMY3.3	NM_005940	NM_005940.2	MMP11	741	CCTGGAGGCTGCA ACATACC	TACAAATGGCTTTG GAGGATAGCA	ATCCTCCTGAAGCCC TTTTCCGAGC
SUCLG1.1	NM_003849	NM_003849.2	SUCLG1	6205	CCAGCCGTAGTG TCCTTCA	CGGCATGACCCA TTCTTC	CCAGGAGGAGCAG TTAAACCAGC
SULT1C2.1	NM_01056	NM_001056.3	SULT1C2	6206	GGACCCAAAGCA TGAAAT	AGCACGTGTTTCAT CCACCTTC	TTCCCATGAACCTGCA TCACCTTCC
SURV.2	NM_001168	NM_001168.1	BIRC5	81	TGTTTGTATCCCG GGCTTA	CAAAGCTGTCAG CTCTAGCAAAAG	TGCCCTTCTTCCCTCC TCACCTTCTCACCT
TACSTD2.1	NM_002353	NM_002353.2	TACSTD2	6335	ATCACCAACCGGAG AAAGTC	AAGCTCGGTTCCCT TTCTCAA	CCCCAGTTCCCTTGA TCTCCACC
TAGLN.1	NM_003186	NM_003186.3 86.3	TAGLN	6073	GATGGAGCAGGTG GCTCAGT	AGTCTGGAACATG TCAGTCTTGATG	CCCATAGTCTCAGC CGCCTTCAG
TAP1.1	NM_000593	NM_000593.5	TAP1	3966	GTATGCTGCTGAA4 GTGGAA	GTATGCTGCTGAA4 AGCCC	CACCAGCTGCCAC CAATGTAGAG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
TCF4.1	NM_003199	NM_003199.1	TCF4	4097	CACACCCTGGAAT3 GGAG	ATGTGGCAACTTG GACCCT	CGCATCGAATCACAT GGGACAGAT
TCOF1.2	NM_001008656	NM_001008656.1	TCOF1	6719	AGCGAGGATGAGG ACGTG	CACCACATTGGTT CTGATGC	TCCCGCTACACAGT GCTTGACTC
TEK.1	NM_000459	NM_000459.1	TEK	2345	ACTCGGTGCTACT TAACAACCTTACATC	CCTGGGCCCTTGG TGTTGAC	AGCTCGGACCACGT ACTGCTCCCTG
TERT.1	NM_003219	NM_003219.1		992	GACATGGAGAACAA GCTGTTTGC	GAGGIGTCACCA ACAAGAAATCAT	ACCAAACGCAGGAG CAGCCCG
TFAP2B.1	NM_003221	NM_003221.3	TFAP2B	6207	CGTGTGACGTGCG AGAGA	CCACACGCTCTCA GGACC	ATGGACGGCCTTG CTCTTACTGT
TFAP2C.1	NM_003222	NM_003222.3	TFAP2C	4663	CATGCCTCACCAGA TGGA	CTGTCTGATCGTG CAGCAAC	CTGGTCGTGACATT CTGCACCTC
TFPI.1	NM_006287	NM_006287.4	TFPI	6270	CCGAATGGTTTCCA GGTG	TTGGGAGTCAAG GGAGTTA	ATGGAACCCAGCTCA ATGCTGTGA
TGFA.2	NM_003236	NM_003236.1	TGFA	161	GGTGTGCCACAGA CCTTCCCT	ACGGAGTCTTGA CAGAGTTTGA	TTGGCCTGTAATCAC CTGTGCAGCCTT
TGFM.1	NM_000660	NM_000660.3	TGFB1	4041	CTGTATTTAAGGAC ACCGGTGC	TGACACAGACATC CGCAGTC	TCTCTCCATCTTTAA TGGGGCCCCC
TGFB2.2	NM_003238	NM_003238.1	TGFB2	2017	ACCAGTCCCCCAGA AGACTA	CCTGGTGCTGTT GTAGATGG	TCCTGAGCCCCGAGG AAGTCCC
TGFB1.1	NM_000358	NM_000358.1	TGFB1	3768	GCTACGAGTGCTGT CCTGG	AGTGGTAGGGCT GCTGGAC	CCTTCTCCCCAGGG ACCTTTTCAT
TGPBR1.1	NM_004612	NM_004612.1	TGFB1	3385	GTCATCACCTGGCC TTGG	GCAGACGAAGCA CACTGGT	AGCAATGACAGCTG CCAGTTCCAC
TGFB2.3	NM_003242	NM_003242.2	TGFB2	864	AACACCAATGGGTT CCATCT	CCTCTTCATCAGG CCAAACT	TTCCTGGGCTCCTGAT TGCTCAAGC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
THBD.1	NM_00036	NM_000361.2	THBD	4050	AGATCTGCGACGC ACTGC	GGAATGAGATC GGCAGC	CACCTAATGACAGTG CGCTCCTCG
THBS1.1	NM_003246	NM_003246.1	THBS1	2348	CATCCGCAAAGTG CTGAAGAG	GTAATGAAGTCCG TTGTGATAGCATA G	CCAATGAGCTGAGG CGGCCTCC
TIMP1.1	NM_003254	NM_003254.2	TIMP1	6075	TCCCTGCGGTCCC AGATAG	GTGGAAACAGG TGGACACT	ATCTGCCCCGAGT GGAAGCTGAAGC
TIMP2.1	NM_003255	NM_003255.2	TIMP2	606	TCACCTCTGTGAC TTCATCGT	TGTGGTTACAGC TCTTCTTCTG	CCCTGGGACACCT GAGCACCA
TIMP3.3	NM_000362	NM_000362.2	TIMP3	593	CTACCTGCCTTGCT TTGTGA	ACCGAAATTGGA GAGCATGT	CCAAGAACGAGTGT CTCTGGACCG
TK1.2	NM_003258	NM_003258.1	TK1	264	GCCGGGAAGACCG TAATTGT	CAGCGGCACAG GTTGAG	CAAATGGCTTCTCT GGAAGGTCCCA
TLR3.1 NM 003265	NM_003265	NM_003265.2	TLR3	6289	GGTTGGGCCACCT AGAAGT	CCATTCTGECCT GTGAG	CTTGCCCAATTTCAT TAAGGCCA
TMEM27.1	NM_020665	NM_020665.2	TMEI27	3878	CCCTGAAAGAATGT TGTGGC	TCTGCACCTGGTT GACAGAG	TCTGGTGAATGCCAT TCATGCTGA
TMEM47.1	NM_031442	NM_031442.3	TMEM47	6713	GGATTCACCTGTTA GAGCCCTT	GCAAATAACCAAC AGCCAATG	CGCCTGCTTATCCT ACCCAATGA
TMSB1	NM_02103	NM_021103.3	TMSB10	6076	GAAATCGCCAGCTT CGATAA	GTCGGCAGGGTG TTCCTCT	CGTCTCGTTTCTT CAGCTTGGC
TNF.1	NM_00059L	NM_000594.1	TNF	2852	GGAGAAGGGTGAC CGACTCA	TGCCCAGAGCTCG GCAAAAG	CGCTGAGATCAATC GGCCCGACTA
TNFAIP3.1	NM_006290	NM_006290.2	TNFAIP3	6290	ATCGTCTTGCTGA GAAAGG	GTGGAATGGCTC TGGCTTC	CAACCCACGGGACTT GTGTGTCTT
TNFAIP6.1	NM_007115	NM_007115.2	TNFAIP6	6291	AGGAGTGAAAGAT GGGATGC	CTGTAAGACGC CACCACAC	ATTGCTACAACCCAC ACGCAAAGG

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
TNFRSF10C.3	NM_003841	NM_003841.2	TNFSF10C	6652	GGAGTTTGACCAGA GATGCAA	CTCTGTCCCCAGA GTCCC	AACGGTAGGAAGCG CTCCTTCACC
TNFRSF10D.1	NM_003840	NM_003840.3	TNFRSF10D	4406	CCCTGGGCTTCTG-3 TGGTC	GCTCAGGAATCTC TGCCCTA	AGGCATCCCAGGGA CTCAGTTTAC
TNFRSF11 B.1	NM_002546	NM_002546.2	TNFRSF11B	4675	TGGCGACCAAGAC ACCTT	GGGAAAGTGGTA CGTCTTTGAG	AGGGCCTAATGCAC GCACTAAAGC
TNFRSF1A.1	NM_001065	NM_001065.2	TNFRSF1A	4943	ACTGCCCTGAGCC CAAAT	GTCAGGCACGGT GGAGAG	TGCCAGACAGCTAT GGCCTCTCAC
TNFSF12.1	NM_003809	NM_003809.2	TNFSF12	2987	TAGGCCAGGAGTT CCCAA	CACAGGGAA TCT CAAGGGA	TTGCTTTGTTCTCG CCCCTCACA
TNFSF13B.1	NM_006573	NM_006573.3	TNFSF13B	4944	CCTACGCCATGGG ACATC	TGAAACAAAGTC ACCAGACTC	TCCCCAAAGACATGG ACCTTCTTCC
TNFSF7.1	NM_001252	NM_001252.2	CD70	4101	CCAACTCACTGC GACACTT	ACCCACTGCACTC CAAAGAA	TGCCTTCCCGAAACA CTGATGAGA
TNIP2.1	NM_024309	NM_024309.2	TNIP2	3872	CATGTCAGAAAGC GCCGA	CCGACCTTTTCTT CCAGTT	AATCCTACTTTGAGC CCGTTCCCG
TOP2A.4	NM_001067	NM_001067.1	TOP2A	74	AATCCAAGGGGGG GAGTGAT	GTACAGATTTTGG CCGAGGA	CATATGGACTTTGAC TCAGCTGTGGC
TOP2B.2	NM_001068	NM_001068.1	TOP2B	75	TGTGGACATCTTC-3 CCTCAGA	CTAGCCCCGACCG GTTCTG	TTCCTACTGAGCCA CCTTCTCTG
TP.3	NM_001953	NM_001953.2	TYMP	91	CTATATGCAGCCAA-3 AGATGTGACA	CCACGAGTTTCTT ACTGAGAATCG	ACAGCCTGCCACTCA TCACAGCC
TRAIL. 1	NM_003810	NM_003810.1	TNFSF10	298	CTTCACAGTGCTCC TGCAGTCT	CATCTGCTTCAGC TCGTTGGT	AAGTACACGTAAGTT ACAGCCACACA
TS.1	NM_001071	NM_001071.1	TYMS	76	GCCTCGGTGTGCC TTTCA	CGTGATGTGGC AATCATG	CATGCCAGCTACG CCCTGCTC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
TSC1.1	NM_000368	NM_000368.3	TSC	6292	TCACCAAAATCTCAG CCCG	GTGTCAGCATAAG GGCTGGT	TTCTCATCGTTCA GCCGATGTC
TSC2.1	NM_000548	NM_000548	TSC2	5132	CACAGTGGCCTCTT TCTCCT	CAGGAACGGCTC CTGTGC	TACCAGTCCAGCTG CCAAGGACAG
TSPAN7.2	NM_004615	NM_004615.3	TSPAN7	6721	ATCACTGGGGTGT CCTGC	GGGAGATATAGG TGCCACAGAG	AAGTTTGCCCCAGAC TCCAACAGC
TSPAN8.1	NM_004616	NM_004616.2	TSPAN8	6317	CAGAAATCTCTGCA GGCAAGT	AATCCAGATGCC GTGAATTT	TGCTCCAGAGCATAT TGCAGGACA
TUBB.1	NM_001069	NM_001069.1	TUBB2A	2094	CGAGGACGAGGC TAAAAAC	ACCATGCTTEAG GACAACAG	TCTCAGATCAATCGT GCATCCTTAGTGAA
TUSC2.1	NM_007275	NM_007275.1	TUSC2	6208	CACCAAGAACGGG CAGAA	CGATGCCCTGAG GAATCA	TCTTATGCACTGGCC TCAGCTTGG
tusc4.2	NM_006545	NM_006545.4	TUSC4	3764	GGAGGAGCTAAAT GCCTCAG	CCTTCAAGTGGAT GGTGTG	ACTCATCAATGGCA GAGTGCACC
TXLNA.1	NM_1175852	NM_1175852.3	TXLNA	6209	GCCAGAACGGCTC AGTCT	ATGTCTTCCAGTT GGCGG	TCCTCAGAGACATCA CGAAGGGCC
UBB.1	NM_018955	NM_018955.1	UBB	3303	GAGTCGACCCTGC ACCTG	GCGAATGCCATG ACTGAA	AATTAACAGCCACCC CTCAGGCG
UBE1C.1	NM_003968	NM_003968.3	UBA3	2575	GAATGCACGCTGG AACTTTA	CTGGTAGCCTGG GCATAGA	AATTTCCCATGTGC ACCATTGCA
UBE2C.1	NM_007019	NM_007019.2	UBE2C	2550	TGTCGGCGGATAAA GGGATT	ATGGTCCCTACCC ATTGAA	TCGCTTCCCTGAA TCAGACAACC
UBE2T.1	NM_014176	NM_014176.1	UBE2T	3882	TGTTCTCAAATTGC CACCAA	AGAGGTCAACACA GTTGCGA	AGGTGCTTGGAGAC CATCCCTCAA
UGCG.1	NM_003358	NM_003358.1	UGCG	6210	GGCAACTGACAAAC AGCCTT	AGGATCTACCCCT TTCAGTGG	CAAGTCCAGGCTG TCTCTCTTCTGA

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
UMOD.1	NM_003361	NM_003361.2	UMCD	6211	GGGTGGACCTGGA TGAGT	TTACGCAGCTGCT GTTGG	CCATTCTGGAGCTC ACAACTGCT
upa.3	NM_002658	NM_002658.1	PLAU	89	GTGGATGTGCC GAAGGA	CTGGGGATCCAG GGTAAGAA	AAGCCAGGGGTCTA CACGAGAGTCTCAC
USP34.1	NM_014709	NM_014709.2	USP34	4040	AAGCTGTGATGGC CAAGC	GGAAATGGCCACA ACTGAGA	TCCAGGACCCTGA GGTTGCTTTA
VCAM1.1	NM_001078	NM_001078.2	VCAM1	1220	TGGCTTCAGGAGCT GAATACC	TGCTGTCTGTGAT GAGAAAATAGTG	CAGGCACACACAGG TGGACACAAAAT
VCAN.1	NM_004385	NM_004385.2	VCAN	5979	CCTGCTACACAGCC AACAAG	AGAAAGCGCCTG AGGTCC	CCCACCTGTGGAAGA CAAAGAGGCC
VDR.2	NM_000376	NM_000376.1	VDR	971	GCCCTGGATTTCAG AAAGAG	AGTTACAAGCCAG GGAAGGA	CAAGTCTGGATCTG GGACCCCTTCC
VEGF.1	NM_003376	NM_003376.3	VEGFA	7	CTGCTGTCTTGGGT GCATTG	GCAGCCTGGGAC CACTTG	TGCTTGTCTGCTGT ACCTCCACCA
VEGFB.1	NM_003377	NM_003377.2	VEGFB	964	TGACGATGGCCTG GAGTGT	GGTACCGGATCA TGAGGATCTG	CTGGGCAGCACCAA GTCCGGGA
VHL.1	NM_000551	NM_000551.2	VHL	4102	CGGTGGTGACTT GTCTGC	AAGACTTGTCCGT GCCTCAC	ATGCCCTCAGTCTCC CAAAGCAGG
VIM.3	NM_003380	NM_003380.1	VIM	339	TGCCCTTAAAGGAA CCAATGA	GCTTCAACGGCA AAGTTCTCTT	ATTTCACGCATCTGG CGTTCCA
VTCN1.1	NM_024626	NM_024626.2	VTCN1	4754	ACAGTGGTCTGGG CATCC	GCTCAAAGCTGG TATTGGAGAC	CGAGAAGTTGGCTC CCTGGTCAAC
VTN.1	NM_000638	NM_000638.2	VTN	4502	AGTCAATCTTCGCA CACGG	GTAAGTGGAGGAT GGAGCGT	TGGACACTGTGGAC CCTCCCTACC
VWF.1	NM_000552	NM_000552.3	VWF	6212	TGAAGCACAGTGC CCTCTC	CCAGTCTCCCAAT CACCGT	CTCCATGTCACTGTG CAGCTCGAC

(continuación)

Gen	Num. de acceso	Secuencia de ID	Símbolo oficial	ID de versión del gen	Sec. del Cebador D.	Sec. del Cebador I.	Sec. de la Sonda
WIF.1	NM_007191	NM_007191.3	WIF1	6077	AACAAGCTGAGTGC CCAGG	CACCTGCAGATG CGCTTT	TACAAAGCCTCCAT TTCGGCACC
WISP1.1	NM_003882	NM_003882.2	WISP1	603	AGAGGCATCCATGA ACTTCACA	CAAACTCCACAGT ACTTGGGTTGA	CGGGTGCATCAGC ACACGC
WT1.1	NM_000378	NM_000378.3	WT1	6458	TGTACGGTCGGCAT CTGAG	TTATTGCAGCCTG GGTAAGC	CAGTGAGAAACGCC CCTTCATGTG
WVOX.5	NM_016373	NM_016373.1	WVOX	974	ATCGCAGCTGGTG GGTGAC	AGCTCCCTGTTG CATGGACTT	CTGCTGTTTACCTG GGCAGGCGCTTC
XDH.1	NM_000379	NM_000379.3	XDH	5089	TGTGGGAGACAT CCCTT	GCCACACATGTC CCAGTCTT	TGAAGCCAACCTTGT ATCTGGCCA
XIAP.1	NM_001167	NM_001167.1	XIAP	80	GCAGTTGGAAGAC ACAGGAAAGT	TGCGTGGCACTA TTTTCAAGA	TCCCAAATTGCAGA TTTATCAACGGC
XPNPEP2.2	NM_003399	NM_003399.5	XPNPEP2	6503	CACCTGCACCTGAA CATACC	AAGGAGGATGAA TGCAAAGG	CCTGCTGGCCCATT GCCTAGAA
YB-1.2	NM_004559	NM_004559.1	YBX1	395	AGACTGTGGAGTT GATGTTGTTGA	GGAAACACCACCA GGACCTGTAA	TTGCTGCCTCCGCA CCCTTTTCT
ZHX2.1	NM_014943	NM_014943.3	ZHX2	6215	GAGTACGACCAGTT AGCGGC	TCTCCTTGAACCA ACGCAC	ATCTCAGTTCCGACC AGGCCAGTC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
A-Catenina.2	78	CGTTCCGATCCCTCTATACATGATCCAGGCATGCCTACAGCACCTGATGTGCAGCCTATAAGGCCAA CAGGGACCT
A2M.1	66	CTCTCCCGCCTTCTAGCTGTCCAGTGGAGAAGGAACAAGCGCCTCACTGCATCTGTGCAACGG ACGG
AAMP.1	66	GTGTGGCAGGTGGACACTAAGGAGGAGGTCTCGTCTTTGAAGCGGGAGACCTGGAGTGGATGGAG
ABC1.5	77	AAACACCACTGGAGCATTGACTACCAGGCTCGCCAATGATGC*GCTCAAGTTAAAGGGGCTATAGTTTC CAGGCTTG
ACADSB.1	68	TGGCGGAGAACTAGCCATCAGCCTCCTGAAGCCTGCCATCATTTGTTAATTTGAGGACTGGGCTGTCTT
ACE.1	67	CCGCTGTACGAGGATTCACCTGCCCCCTCAGCAATGAAGCCTACAGCAGGACGGCTTCACAGACACGG
ACE2.1	66	TACAATGAGAGGCTCTGGGCTTGGGAAAGCTGGAGATCTGAGGTCGGCAAGCAGCTGAGGCCATTA
ADAM 17.1	73	GAAGTGCCAGGAGGCGGATTAAATGCTACTTGCAAAGGCGTGTC*TAAGTGCACAGGTAATAGCAGTGAGTG CCCC
AD AM 8.1	67	GTCACCTGTGTCCAGCCCCACCTTCCCAGTTCCTGTCTACACCCGGCAGGCAAGCACCAGGTCATCA
ADAMTS1.1	73	GGACAGGTGCAAGCTCATCTGCCAAGCCAAAGGCAATTGGCTA*TTCTTCGTTTTGCAGCCCCAAGGTTGT AGAT
ADAMTS2.1	66	GAGAAATGTCTGCCGCTGGCCCTACCTCCAGCAGAAGCCAGACACGGGCCACGATGAATACCAGGAT
ADAMTS4.1	71	TTTGACAAGTGCAATGGTGTGGGAGGGGACGGTTCTGGTTGCAGCAAGCAGTCAGGCTCCTTCAGGAA ATT
ADAMTS5.1	79	CACGTGTGGCTCAGGAAA*CGGACATTTACTTGGCCCTCCCATGACGATTCCAAATTTCTGTGAAGAGACC TTTGGTTCC
ADAMTS8.1	72	GCGAGTTCAAAGTGTTCGAGGCGCAAGGTGATTGATGGCACCCCTGTGTGGGCCAGAAACACTGGCCATCT GTG
ADAMTS9.1	66	GCACAGGTTACACAACCCCAACAGAATGTCCTATAACGGGAGCGCGCGGATGACTGCCAATGTCC
ADD1.1	74	GTCTACCCAGCAGCTCCGCAAGGAGGGATGGCTGCCCTTAAACATGAGTCTTGGTATGGTACTCCGTG AACGA
ADFP.1	67	AAGACCATCACCTCCGTGGCCATGACCAGTGCTCTGCCCATCATCCAGAAGCTAGAGCCGCAAAATTG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
ADH1B.1	84	AAGCCAAACAACCTTCCTCTTAACCAATCTACTGTGTCAACCTTTGCCATTGAGGAAAAATAATCCTGTGA CTTCTTGCAATTT
ADH6.1	68	TGTTGGGAGTAACACTTGGACCTTGATCCACCATCTTGGGCCATGAGGGCTGGAATCGTT
ADM.1	75	TAAGCCACAAGCACACGGGGCTCCAGCCCCCCCCGAGTGGAAGTGCTCCCCACCTTCTTTAGGATTTAGG CGCCCA
AGR2.1	70	AGCCAAACATGTGACTAATTGGAAGAAGAGCAAGGGTGGTGACGTGTGATGAGGCAGATGGAGATCAG A
AGT.1	73	GATCCAGCCTCACTATGCCTCTGACCTGGACAAGGTGGAGGGTCTCACTTTCCAGCAAAACTCCCTCAA CTGG
AGTR1.1	67	AGCATTGATCGATACTGGCTATTGTTACCCCAATGAAGTCCCGCTTCGACGCCACAATGCTTGTAG
AHR.1	69	GCGGCATAGAGACCGACTTAATACAGAGTTCCGTTTGGCTGCGCCTTCCCACAAGATG
AIF1.1	71	GACGTTCAAGCTAGCCCTGACTTTCTCAGGATGATGCTGGCAAGAGATCTGCCATCCTAAAAATGATCCCTG A
AKT1.3	71	CGCTTCTATGGCGCTGAGATTGTGTACGCCCTGGACTACCTGCACTCGGAGAAGAACGTGGTGTACCG GGA
AKT2.3	71	TCCGTGCCACCCCTCAAACCTCAGGTACGTCCGAGGTCGACACAAAGGTACTTCGATGATGAATTTACCG CC
AKT3.2	75	TGTCTCTGCTTGGACTATCTACATTCCGGAAGATTGTGTACCGTGATCTCAAGTTGGAGAATCTAAT GCTGG
ALDH4.2	68	GGACAGGGTAAGACCGTGATCCAAGCGGAGATTGACGCTGCAGCGGAACATCATCGACTTCTTCCGGTT
ALDH6A1.1	66	GGCTCTTTCAACAGCAGTCCTTGTGGGAGAAGCCCAAGAGTGGCTGCCAGAGCTGGTGAGCATGC
ALDOA.1	69	GCCTGTACGTGCCAGCTCCCCGACTGCCAGAGCCTCAACTGTCTCTGCTTCGAGATCAAGCTCCGATGA

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
ALDOB.1	80	CCCTCTACCAAGAGGACAGCCAGGGAAGCTGTTTCAGAAACATCCTCAAGGAAAGGGATCGTGGTGG GAATCAAGTTA
ALOX12.1	67	AGTTCTCTCAATGGTGCCAAACCCCATGCTGTTGAGACGCTCGACCTCTCTGCCCTCCAGGCTAGTGCT
ALOX5.1	66	GAGCTGCAGGACTTCGTGAACGATGCTACGTGTACGGCATGCGGGGCCGCAAGTCCTCAGGCTTC
AMACR1.1	71	GGACAGTCAGTTTAGGGTTGCCCTGTATCCAGTAACCTCGGGCCCTGTTTCCCGTGGGTCCTCTGGGCTG TC
ANGPT1.1	71	TCTACTTGGGGTGACAGTCTCAGCTG3CTCGACTATAGAAA ^A CTCCACTGACTGTGCGGCTTTAAAAAG G
ANGPT2.1	69	CCGTGAAAGCTGCTCTGTAAAGCTGACACAGCCCTCCCAAGTGAGCAGGACTGTTCTCCCACTGCAA
ANGPTL2.1	66	GCCATCTGCAACTTCCAAGGAGCCTGAGGTGCTTCTGGAGAACCGTGATAGCAGGAGCTA
ANGPTL3.3	78	GTGGGATTACTGGCAATGTCCCAATGCAATCCCGGAAACAAAGATTGGTGTTTCTACTGGGATC ACAAAGCA
ANGPTL4.1	66	ATGACCTCAGATGGAGGCTGGACAGTAATTCAGAGGGGCCACGATGGCTCAGTGGACTTCAACCGG
ANGPTL7.1	67	CTGCACAGACTCCAACCTCAATGGAGTGACTACCGCCTGGGTGAGCACAATAAGCACCTGGATGGC
ANTXR1.1	67	CTCCAGGTGTACCTCCAACCCCTAGCCTTCTCCACACAGCTACAACAGAGTCTCCACGCTTCTC
ANXA1.2	67	GCCCCATCCTACCTTCAATCCATCCTCGGATGTGCCCTTGCATAAGGCCCATATGGTTAAAGG
ANXA2.2	71	CAAGACACTAAGGGCGGACTACCAGMAGCGCTGCTGTACCTGTGTGGGAGATGACTGAAGCCCGAC ACG
ANXA4.1	67	TGGAGGGATGAAGGAAATTATCTGGACGATGCTCTCGTGAGACAGGATGCCCCAGGACCTGTATGAG
ANXA5.1	67	GCTCAAGCCTGGAAGATGACGTGGTGGGGGACACTTCAAGGTACTACCAGGGGATGTTGGTGTCT
AP.1(JUN official).2	81	GACTGCAAGATGGAACGACCTTCTATGACGATGCCCTCAACGCCCTCGTTCTCCGTCGAGAGCGG ACCTTATGGCTA
AP1M2.1	67	ACAAGACCGCACCATCTCCTTCATCCCGCCTGATGGTGACTTTGAGCTCATGTACATCCCGCTCAG
APAF1.2	66	CACAAGGAAGAGCTGGTGAATGCAATTCAGCAGAAGCTCTCCAAATTGAAAGGTGAACCAAGGATG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
APC.4	69	GGACAGCAGGAATGTGTTTCTCCATACAGGTACGGGAGCCAATGGTTTCAGAAACAATCGAGTGGGT
APOC1.3	70	CCAGCCTGATAAAGGTCTCTCGGGCAGGACAGGACCTCCCAACCAAGCCCTCCAGCAAGGATTCAGAGTg
APOE.1	75	GGCTCAAGAGCTGGTTCCAGCCCTGGTGGGAAGACATGACAGCGCCAGTGGGCCGGGCTGGTGGAGAA
APOL1.1	73	CGGACCAAGAACTGTGACCAACAGGGCAGGGCAGGCCACCAGGAGAGATATGCCTGGCAGGGGCCAGGA
APOLD1.1	66	CAAAAT
AQP1.1	66	GAGCAGCTGGAGTCTCGGGTTCAGCTCTGCACCAAGTCCAGTCTGTGGCCACTCAAGATCTCT
AREG.2	82	GCTTTGCTGATGACCCCTGGCCACAGCCCTCCCTCTGCATTGACCTGGAGGGGAGAGGTCAGCCCT
ARF1.1	64	ITGTGAGTGAATGCCCTTCTAGTAGTGAACCGTCTCTCGGGAGCCGACTATGACTACTCAGAAACAGTATCAT
ARG99.1	67	AACGAACCAAA
ARGHEF18.1	71	CAGTAGAGATCCCCGAACTCGCTTGTCTTGGGTACCCCTGCATTCCATAGCCATGTGCTTGT
ARHA.1	73	GCATGGGCTACTGCATCCTTTTGTGACCGGACTGAGCAAGCTCTGCACCTTGGCTGAATCGATGTGG
ARHGD1B.1	66	ACTGTGCTTCCCAAGGGCAACCGTTGCTGTTCCACACGCTCAGGCTGCTGCTTTCAGCTACCCGGCTTCGTCCTCGAGTTTG
ARRB1.1	69	CGAC
ASS1.1	85	TGGTCCCTAGAACAGAGGCTTAAACCCGGGCTTACCCCAACCTGCTCCCTCTGATCCTCCATCA
ATP1A1.1	67	TGCAGGAACGCCCTCATCAAGAAGCTGGGGAGCAGCCTTACCCCTTTCACCTTTGAGATCCCTCCAAACC
ATP5E.1	66	CCCCAGATAAAGGTCAITGCTCCCTGGAGGATGCCCTGAATTTCTACAACCCGTTCAAGGGCCGCAATGA
ATP6V1B1.1	67	CCTGATGGAGTAGGCA
AXL.1	66	AGAAGCCCTATTGGAGCTGGGGGGCCCTCGGAGAAGAGTCTAGGTTTCTGCCACCTCTTTCTGCC
		CCGCTTTTCGCTACAGCATGGTGGCCCTACTGGAGACAGGCTGGAGCTAGCTACATCCGATACCTCCCA
		AACCATGGGAACGTCTGCCTCTTCTGAACTTGGCCAATGACCCCAACGATC GAGCGGATCATCACC
		TTGCAGCCCTGTCTTCTTACCTATCCCAACCTCCATCCAGACAGGTCCTCCCTTCTCTGTGCAG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
AZU1.1	74	CCGAGGCCCTGACTTCTTCACCCGAGTGGCGCTCTTCCGAGACTGGATCGATG3TGTCTCAACAACCC GGGAC
B-Catenina.3	80	GGGTCGAGACATGTAAGCAGCATCATGGAGGTTGAAGATGCCGCATTGGATTGGATGAATCCCA TCGTCATCTGA
B2M.4	67	GGGTCAGGGGCCCTCGAGATCGGGCTTGGGCCAGAGCATGTTCCAGATCCAGAGTTTGAGCCGAGTG AGCAG
BAD.1	73	CGTTGTCAGCACTTGGGAATACAAGATGGTTGCCGGGTCTATGT AATTGGGAAAAAGAACAGTCCACAGG AAGAGGTTGAAC
BAG 1.2	81	CTAGGGGCAAAAAGCATGACTGCTTTTTCCTGTCTGGCATGGAATCAGCAGTCACCTTGGGCATTTAG CCATTCCCACCATCTACCTGAGGCCAGGACGCTCGGGGTGTGGGATTGGTGGGTCTATGTTCCC
BAG2.1	69	CCGCGGTGGACACAGACTCCGCCGAGAGGTCCTTTTCCGAGTGGCAGCTGACATGTTTTCTGACGGCA A
Bak.2	66	CCTGGAGGTCCTGTACAATCTCATCATGGGACTCCTGCCCT ACCCAGGGGCCACAGAGCCCCCGAG ATGGAGCCCAATTAG
Bax.1	70	CAGATGGACCTAGTACCCACTGAGATTCCAGGCCGGAAGGACAGCGATGGGAAAAATGCCCTTAAATCA TAGG
BBC3.2	83	CCAGCCTCCATGTATCATCATGTGTCATACTCACTCAGTCAAGCTCAGTGAGCATTTCTCAGCACATTGCCTCA ACAGCTTCA
Bcl2.2	73	AACCCACCCCTGTCTTTGGAGCTCCGGGTAGCTCTCAAACTCGAGGCTGGCAGCCCCCTTTCCCGTCAAGC TGAG
BCL2A1.1	79	CTTTTGTGGAACCTCTATGGGAACAATGCAGCAGCCGAGAGCCGAAAGGGCCAGGACGCTTCAACCGCT G
BCL2L12.1	73	
Bclx.2	70	

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
BCRP.1	74	TGTAAGGCGAAGAATA : TTGGTAAAGCAGGGCATCGATCTCTCACCCCTGGGGCTTGTTGGAAGAAATCACGTGGC
BFGF.3	77	CCAGGAAGAATGCTTAAGATGTGAGTGGATGGATCTCAATGACCTGGCGAAGACTGAAATACAACTCCCATCACCA
BGN.1	66	GAGCTCCGCAAGGATGACTTCAAGGGTCTCCAGCACCTCTACGCCCTCGTCCTGGTGAACAACAAG
BHLHB3.1	68	AGGAAGATCCCTCGCAGCCAGGAAGAAAGCTCCCTGAATCCTTGGCTCCCGAAGGACGGAGGTTCAA
BIK.1	70	ATTCTATGGCTCTGCAATTGTCAACCGGTTAACTGTGGCCTGTGCCAGGAAGAGCCATTCACTCCTGC
BIN1.3	76	CCGTGCAAAAGGGGAACAAGAGCCCTTCGGCTCCAGATGGCTCCCTGCGGCCACCCCCGAGATCAGAGTCAACCCACG
BLR1.1	67	GACCAAGCAGGAAGCTCAGACTGGTTGAGTTCAGGTAGCTGCCCTGGCTCTGACCGAAACAGCGCT
BNIP3.1	68	CTGGACGGAGTAGCTCCAAGAGCTCTCACTGTGACAGCCCCACCTCGCTCGCAGACACCAAGATACC
BRCA1.1	65	TCAGGGGCTAGAAATCTGTTGCTATGGGCCCTTCAACCAACATGCCACAGATCAACTGGAATGG
BTRC.1	63	GTTGGACACAGTTGGTCTGCAGTCGGCCCCAGGACGGTCTACTCAGCACAACTGACTGCTTCA
BUB1.1	68	CCGAGGTTAATCCAGCACGTATGGGGCCCAAGTGTAGGCTCCAGCAGGAAGTGAAGGCGCCATGTCTT
BUB3.1	73	CTGAAGCAGATGGTTTCATCATTTCTCTGGGCTGTTAAACAAAGCGAGGTTAAGGTTAGACICTTTGGGAATCAGC
c-kit.2	75	GAGGCAACTGCTTAAGGCTTAATTAAAGTCAGATGCGGGCCATGACTGTGCTGTAAAGATGCTCAAGCCGAGTGCC
C13orf15.1	84	TAGAATCTGCTGGCAGAGGGGAGAAAGACGTGCACTCAACCTTCTACAGGCCACTCTCAGGCTCACCTTAAATCAGCCCTTG
C1QA.1	66	CGGTCAACCAACAGGAAGAACCGTACCAGAACCACTCCGGCCGATTGGTCTGCACGTGTACCCG
C1QB.1	70	CCAGTGGCCTCACAGGACACCAGCTTCCAGGAGGGGCTGTGACACAGTATGATGATGAAGATCCCATGGG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
C20orf1.1	65	TCAGCTGTGAGCTGCGGATACCGCCCGGCAATGGGACCTGCTCTTAACCTCAAACCTAGGACCGT
C3.1	67	CGTGAAGGAGTGCAGAAAGAGGACATCCACCTGCAGACCTCAGTGACCAAGTCCCGGACACCGAGT
C3AR1.1	66	AAGCCGCATCCAGACTTGCTGAATCGGAATCTCTGGGGTGGGACCCAGCAAGGGCAGCTTAACA
C7.1	69	ATGCTGAGTGTGAGGC3GGCGCTCTGAGATGCAGAGGGCAGAGCATCTCTGTCAACCAGCATAAAGGCC T
CA12.1	66	CTCTCTGAAGGTGTCCTGGCCAGCCCTGGAGAAGCACTGGTGTCTGCAGCACCCCTCAGTTCCTGT
CA2.1	69	CAACGTGGAGTTTGATGACTCTCAGGACAAAGCAGTGCTCAAGGGAGGACCCCTGGATGGCACTTACAG
CA9.3	72	ATCCTAGCCCTGGTTTTTGGCCCTCCTTTTGTGCTGCACCAGCCCTGGCTTCTGTCAGATGAGAAGG CAG
CACNA2D1.1	68	CAAACATTAGCTGGGCCTGTTCCATGGCATAACACTAAGGGCAGACTCCTAAGGCACCCACTGGCTG
CALD1.2	78	CACATAAGGTTTGAGACAGTTCAGAAAGAACCCCAAGCTCAAGAGGAGGAGGAGCTCAGTTGTAGAGGG CTAATTGCG
CASP1.1	77	AGAAAGCCACATAGAGAGGATTTTATGGCTTTCTGCTCTCCACACAGATAATGTTTCTTGGAGACAT CCCACA
CASP10.1	66	ACCTTTCTCTTGGCCGGATGCTCCTCAGGGCTGGCAGATGCAGTAGACTGCAGTGGACAGTCCCCAC
CASP6.1	67	CCTCACACTGGTGAACAGGAAAGTTTCTCAGCGCCGAGTGGACTTTTGCAAAGACCCCAAGTGCAATT
Caspasa 3.1	66	TGAGCCTGAGCAGAGACATGACTCAGCCTGTTCCATGAAGGCAGAGCCATGGACCACGCAGGAAGG
CAT.1	78	ATCCATTGATCTCACCAGGTTTGGCCCTCACAAAGGACTACCCCTCTCATCCAGTTGGTAAACTGGTCTT AAACCGGA
CAV1.1	74	GTGGCTCAACCATTTGTGTTCCATTTCAGCTGATCAGTGGGCCCTCCAAAGGAGGGCTGTAAAAATGGAGGC CATTG
CAV2.1	66	CTTCCCTGGGACGACTTGCCAGCTCTGAGGCTGACAGTACGGGGCCCCCAGAAAGGGTGACCAAGGAG
CCL18.1	68	GCTCCTGTGCACAAGTTGGTACCACAAAGAGCTCTGCTGCCTCGTCTATACCT CCTGGCAGATTCCA

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
CCL19.1	78	GAACGCATCATCCAGAGACTGCAGAGGACCTCAGCGAAGATGAAGGCCGAGCAGTTAACCTATGACC GTGCAGAGG
CCL20.1	69	CCATGTGCTGTACCAAGAGTTTGCTCCTGGCTTGCTTTGATGTGCTGCTACTCCACCTCTGCGGGG
CCL4.2	70	GGGTCCAGGAGTACGTGTATGACCTGGAACCTGAACCTGAGCTGCTCAGAGACAGAAAGTCTTCAGGGAA GG
CCL5.2	66	AGTTCTGAGCTCTGGCTTTCCTTGGCTTGGCAGGGCTCTGTACCAGGAAGGAGTCAGCAT
CCNB1.2	84	ITCAGGTGTTGCAGGAGACCATGTACATGACTGTCTCCATTATTGATCGGTTTCATGCAGATAATTGTG TGCCCAAGAAGATG
CCND1.3	69	GCATGTTGCTGGCCTCTAAGATGAAGGAGACCAATCCCCCTGACGGCCGAGAGCTGTGCATCTACACCG
CCNE1.1	71	AAAGAAGATGATGACCGGGTTTACCCAAACTCAACGTGCAAGCCTCGGATTATTGCACCATCCAGAGGC TC
CCNE2 variante 1.1	85	GGTCACCAAGAAACATCAGTATGAAATTAGGAATTGTTGGCCACCTGTATTACTGGGGGATCAGTCCT TGCAATTATCATTGAA
CCNE2.2	82	ATGCTGTGGCTCCTTCCTAACCTGGGGCTTCTTGACATGTAGGTTGCTTGGTAATAACCTTTTGTATATC ACAATTTGGGT
CCR1.1	66	TCCAAGACCCAATGGGAATTCACCTCACCACTGACAGCCTTCACCTTCCTCAGAAAGCCTACGA
CCR2.1	67	CTCGGGAATCCTGAAAACCTGCTTGGGTGTCGAAACGAGAAGAAGAGGCATAGGGCAGTGAGAGTC
CCR4.2	82	AGACCCCTGGTGGAGCTAGAAGTCCCTTCAGGACTGCACGTTTGAAAGATACTTGGACTATGCCATCCAGG CCACAGAACTCT
CCR5.1	67	CAGACTGAATGGGGGTGGGGGGGGCCCTTAGGTACTTATTCAGATGCCCTTCTCCAGACAAACCCAG
CCR7.1	64	GGATGACATGCACCTCAGCTCTTGGCTCCACTGGGATGGGAGGAGGACAAAGGAAATGTCAGG
CD105.1	75	GCAGGTGTCAGCAAGTATGATCAGCAATGAGGCGGTGGTCAATATCCTGTCTGAGCTCATCCACACAGCG GAAAAA
CD14.1	66	GTGTGCTAGCGTACTCCCGCCTCAAGGAACTGACGCTCGAGGACCTAAAGATAACCGGCACCATGC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
CD18.2	81	CGTCAGGACCCACCAATGCTGTGCCCCATCACGGCGCGGAGACATGGCTTGGCCACAGCTCTTGAGGATGTCACCAATTAACG
CD1A.1	78	GGAGTGAAGGAAGTGAACCATTTCCGTATACGCACCATTCGGTCATTTGAGGGAATTCGTAGATACGCCATGA
CD24.1	77	TCCAACTAATGCCACCAAGGGGGCTGGTGGTGGCCCTGCACTCAACAGGCCAGTCTCTTCGTGGTCTCTC
CD274.2	69	GCTGCATGATCAGCTATGGTGGTGGCGACTACAAGCGAATTACTGTGAAAGTCAATGCCCCATACAACA
CD31.3	75	TGTATTTCAAGACCTCTGTGCAGTTTATGAACCTGGCCCTGCTCCACAGAACACAGCAAATTCCTCAGGCTAA
CD34.1	67	CCACTGCACACACCTCAGAGGCTGTCTTGGGGCCCTACACCTTGAGGAGGGGAGGTAACTCCTG
CD36.1	67	GTAA CCCAGGACGCTGAGGACAACACAGTCTCTTCTGCGAGCCCAATGGTGCCATCTTCGAACCTT
CD3z.1	65	AGATGAAGTGAAGGGCTTTTACCGCGGCCATCTGCGAGGCACAGTTGCCGATTACAGAGGCA
CD4.1	67	GTGCTGGAGTCGGGACTAACCCAGGTCCCTTGTCCCAAGTTCACACTGCTGCCTCTTGAATGCAGGGA
CD44.1	67	GGCACCCTGCTTATGAAGGAACTGGAACCCAGAACACACACCCCTCCCTCATTCCACCATGAGCATC
CD44S.1	78	GACGAAGACAGTCCCTGGATCACCGACAGCACAGACAGATCCCTGCTACCAGAGACCAAGACACATTCCACCCAGT
CD44v6.1	78	CTCATACAGCCATCCAATGCAAGGAAGGACAAACCAAGCCAGAGGACAGTTCCCTGACTGATTTCTTCAACCCAA
CD53.1	72	CGACAGCATCCACCGTTACCACTCAGACAAATAGCACCAAGGCAGCGTGGGACTCCATCCAGTCATTCTGCA
CD68.2	74	TGGTTCACAGCCCTGTGTCCACCTCCAAGCCAGATTACAGATCGAGTCAITGTACACAACCCAGGGTGGAGGAG
CD82.3	84	GTGCAGGCTCAGGTGAAGTGTGCGGGCTGGGTGAGCTTCTACAACTGGACAGACAACCGCTGAGCTCATGAATCGCCCTGAGGTC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
CD8A.1	68	AGGGTGAGGTGCTTGAGTCTCCACGGCAAGGAACAAGTACTTCTTGATACCTGGGATACTGTGCC
CD99.1	77	GTTCTCCGGTAGCTTTTCAGATGCTGAOCCTTGGGATGGCGTTTCAGGTGGAGAAAGGAGGCA GTGATGGT
cdc25A.4	71	TCTTGCTGCTACGCCCTCTCTGTCCTGTTAGACGCTCCGTCCTATACAGAACTGTGCCACAATGCA G
CDK25B.1	85	AAACGAGCAGTTTGCCATCAGACGCTTCCAGTCTATGCCGGTGAGGCTGCTGGGCCACAGCCCGGTGC TTCGGAACATCACCAAC
CDH1.3	81	TGAGTGTCCCGCGGTATCTTCCCGGCGCTGCCAATGCCGATG4AATTGGAAATTTTATTGATGAAAATCT GAAAGCGGCTG
CDH13.1	67	GCTACTTCTCCACTGTCCTCGTTCAGTCTGAATGCTGCCACACAGCCAGGCGGTCCACAGAGAGG
CDH16.1	67	GACTGTCTGAATGGCCAGGCGGCTAGCTGGGAGCTTGGCCTCTGGCTCCATCTGAGTCCCTGG
CDH2.1	66	TGACCGATAAGGATCAACCCCATACACAGCCTGGAACGAGTGTACAGAAATCAGTGGCGGAGATC
CDH5.1	67	ACAGGAGACGTTCGCCATTGAGAGGCTGGACCGGGAGAAATATCTCAGAGTACCACCTCACTGCTG
CDH6.1	66	ACACAGGGGACATACAGGCCACCAAGAGGCTGGACAGGGAAGAAACCCGTTTACATCCTTCGAG
CDK4.1	66	CCTCCCGACACAGTTCTGAGGTGGCTTTACTGAGCGGACTGGAGGCTTTTGGCATCCCAA
CDK6.1	67	AGTGCCCTGTCTCAGCCATCTCCAGGACCTGGAAAGGTGCAAGAAACCTGGATTCCGACCTGC
CDKN2A.2	79	AGCAGTCAGGCGCCTAAGCGCACATTCTATGTGGGCTTTCTTGGAGCCTCGCAGCCTCCGGAAGCTGTC GACTTCATGA
CEACAM1.1	71	ACTTGCTGTTTCAGAGCACTCATCTCTCCACCCCCAGTCTCTCTATCACTCTAAITCGGATTGCGC A
CEBPA. 1	66	TTGGTTTGTCTGGATACCTTGCCAAAATGAGACTCTCCGTCGGCAGCTGGGGGAAGGTTCTGAGAC
CENPF.1	68	CTCCCGTCAACAGCGTTCTTTCCAAACACTGGACCCAGGAGTGCATCCAGATGAAGGCCAGACTCACCC
CFLAR.1	66	GGACTTTTGTCCAGTGACAGCTGAGACAACAAGGACCCAGGAGGAGGTGTAGGAGAGAAGCGCGG
CGA(CHGA official).3	76	CTGAAGGAGCTCCAAAGACCTCGCTCTCCAAAGGGCGCCAAAGGAGAGGGGCACATCAGCAGAAACACAG CGGTTTGTG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
Chk1.2	82	GATAAATTGGTACAAGGGATCAGCTTTCCAGCCACATGCTCTGATCATATGCTTTTGAATAGTCAGTTACTTGGCACCC
Chk2.3	78	ATGTGGAACCCCCACCCCTACTTGGGGCCTGAAGTCTTTGTTTCIGTTGGACTGCTGGGTATAACCCGTGCTGTGGACTG
CIAP1.2	72	TGCCTGTGTGGGAAGCTCAGTAACITGGGAACCAAGGATGATGCTATGTCAGAACACCCGGAGGCATTTTC
CIAP2.2	86	GGATATTTCCGTGGCTCTTATTCAAACCTCCATCAAATCCTGTAACTCCAGAGCAAAATCAAGATTTTTC
CLCNKB.1	67	GTGACCCCTGAAGCTGTCCCCAGAGACTTCCCTGCATGAGGCACACACACCTCTTTGAGCTGTTGAACC
CLDN10.1	66	GGTCTGCCCTAGTCATCCTGGGAGGTAACTGGGTCTTTCCATTGCCGACCGCATTTTACTATC
CLDN7.2	74	GGTCTGCCCTAGTCATCCTGGGAGGTGCACCTGCTCTCCTGTTCTGTCTGTGGGAATGAGAGCAAGGCTGGTAC
CLU.3	76	CCCCAGGATACCTACCCTACCTGCCCCTTTCAGCCTGCCCAAGAGGGTCAAATTTGGACAGTGTCAGAGTCTTGAGACA
cMet.2	86	GACATTTCCAGTCCCTGCAGTCAATGCCTCTCTGCCCCACCCCTTGTTCAGTGTGGCTGGTGCCACGACA
cMYC.3	84	TCCCTCCACTCGGAAGGACTATCCTGCTGCCAAGAGGGTCAAATTTGGACAGTGTCAGAGTCTTGAGACA
COL18A1.1	67	AGCTGCATCACGCCCTACATCGTGTCTGCTGCTGATTGAGGAACAGCTCAGACTGCCCTCCAAGTAGCCAC
COL1A1.1	68	GTGGCCATCCAGCTGACCTTCCCTGCGCCTGATGTCCACCGAGGCCCTCCAGAACATCACCTACCACTG
COL1A2.1	80	CAGCCAAAGAACTGGTATAGGAGCTCCAAGGACAAGAAACACGTCGTGGCTAGGAGAACTATCAATGCTGGCAGCCAGTTT
COL4A1.1	66	ACAAAGGCCTCCAGGATTGGATGGCATCCCTGGTGTCAAAGGAGAAGCAGGCTTCTCTGGGACTC
COL4A2.1	67	CAACCCTGGTGTGCTGCTACTATGCCAGCCCGGAACGACAGTCTCTACTGGCTCTCTACCACTGCG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
COL5A2.2	72	GGTCGAGGAACCCCAAGGTCGGCTGGTGCTACAGGATTTCTCTGGTCGGGCAGAGTTGGACCTCCAGGC
COL7A1.1	66	GGTGACAAAGGACCTCGGGGAGACAATGGGGGACCCTGGTGACAAGGGCAGCAAGGAGAGCCTGGT
COX2.1	79	TCTGCAGAGTTGGAAGCACCTCTATGGTGACATCGATGCTGTGGAGCTGTATCCTGCCCCCTTCTGGTAGAAAGCCTCGGC
CPB2.1	67	GGCACATACGGATTCTTGCTGCCGGAGCGTTACATCAACCCACCTGTAGAGAAAGCTTTTGCCGCTG
CRADD.1	69	GATGTGGCTCCAGCAACCGCTGGGAGTGTGTCCTGAGTCATGTGGCTGAATCCTGACTTTCACTC
cripto(TDGF1 oficial). 1	65	GGGTCTGTGCCCATGACACCTGGCTGCCCAAGAGTGTCCCTGTGTAATGCTGGCACGGTCA
CRP.1	66	GACGTGAACCAACAGGGTGTCTGTGAGAGAGCCCATCTCCCATCTCCCCAGCTCCCTATCTGGAG
CSF1.1	74	TGCAGCGGCTGATTGACAGTCAGATGGAGACCTCGTGCCAAATTACATTTGAGTTTGTAGACCAGGAACAGTTG
CSF1 R.2	80	GAGCACAAACCAACCTACGAGTGCAGGGGCCCAACACAGCGTGGGAGTGGCTCCTGGGCCTTCATACCATCTCTGCAGG
CSF2.1	76	GAACTGAAGGACTTTC-GCTTGTGTCATCCCTTTGACTGCTGCGAGCCAGTCCAGGAGTGAGACCGGCCAGATGAG
CSF2RA.2	67	TACCACACCCAGCATTCTCTGATCCAGAGAAATCGGATCTGCGAACAGTGGCACCGCCTCTAG
CSF3.2	79	CCAGGCGCTCTGTGTCTCTCCCTGCATTTCTGAGTTTCATTTCTCTGCTGCTGCTGAGAGTGAAGAAAAGCTCTGTCTCTCC
CTGF.1	76	GAGTTCAAGTGCCCTGACGGCGAGGTGTCATGAAGAAGAACAATGATGTTTCATCAAGACCTGTGCTGCCATTACAACT
CTSB.1	62	GGCCGAGATCTACAAAAACGGCCCCGTGGAGGGAGCTTTCTCTGTGTTTCGGACTTCCTGCG
CTSD.2	80	GTACATGATCCCCCTGTGAGAAGGTGTCCACCCTGCCCGGATCACACTGAAGCTGGGAGGCAAGGCTACAAGCTGTCCC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
CTSH.2	77	GCAAGTTCCAAACCTGGAAAGGCCATCGGCTTTGTCAAGGATG AGCCAAATCACAATCTATGAGGAGG AAGCGATG
CTSL.2	74	GGGAGGCTTATCTCACTGAGTGAGCAGAACTCTGGTAGACTGC CTGGGCTCAAGGCAATGAAGGCTGC AATGG
CTSL.1	67	TGCTCACTGAGCGAGCAGAACTCTGGTGGACTGTTCCGGTCCCTCAAGGCAATCAGGGCTGCAATGGT
CTSS.1	76	TGACAAAGGCTTTCCAGTACATCATTGATAACAAGGGCATCGACTCAGACGCTTCCTATCCCTACAAAGC CATGGA
CUBN.1	71	GAGGCCGTTACTGTGGCACCAGACATGCCCCATCTCTATCAGATCTTTCAGCAGCCCTGACGCTGAGAT TC
CUL1.1	71	ATGCCCTGGTAATGTCTGCATTCAACAAATGACGCTGGCTTTGTGGCTGCTCTTGATAAGGCTTGTGGTGC C
CUL4A.1	75	AAGCATCTTCCTGTTCTTGGACCGCACCTATGTGCTGCAGAACTCCACGCTGCCCTCCATCTGGGATAT GGGATT
CX3CL1.1	66	GACCTTGCCGCTACCTGAGGGGCCCTCTATGGGCTGGGTTCTACCCAGGTGCTAGGAACACTCC
CX3CR1.1	68	TTCCAGTTGTGACATGAGGAAGGAGGATCTGAGGCTGGCCCTCAGTGTGACTGAGACGGTTGCATTTAGC
CXCL10.1	68	GGAGCAAAATCGATGCAGTGTCTCCAAAGGATGGACCACACAGAGGCTGCCCTCTCCCATCCTCCCTA
CXCL12.1	67	GAGCTACAGATGCCCATGCCGATTCTCGAAAGCCATGTTGCCAGAGCCAAACGTCAGCATCTCAAA
CXCL14.1	74	TGGGCCCTTTCCCTCTGTACATATACCCCTTAAGAACGCCCCCTCCACACACTGCCCCCCAGTATATGCCGC ATTG
CXCL9.1	70	ACCAGACCATGTCTCAGAGCAGGTGCTGGCTCTTTCCCTGGCTACTCCATGTTGGCTAGCCTCTGGTAA C
CXCR4.3	72	TGACCGCTTCTACCCCAATGACTTGTGGGTGTTGTGTTCCAG TTTTCAGCACATCATGGTTGGCCTTATC CT
CXCR6.1	67	GAGAGCCTGACGGATGTCTCCTGGTGAACCTACCCCTGGCTGACCTGGTGTGTTGTGCACTCTGC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
CYP2C8.2	73	CCGTGTTCAAGAGGAAGCTCACTGCCCTTGTGGAGGAGTTGAG.AAAACCAAGGCTTCACCCCTGTGATCC CACT
CYP2C8v2.1	70	GCTGTAGTGCACGAGATCCAGAGATACAGTGACCTTGTCCTCCACCGGTGTGCCCATGCAGTGACCACT G
CYP3A4.2	79	AGAACAAGGACAACATAGATCCTTACATATACACACCCTTTGGAAGTGACCCAGAAACTGCATTGGCAT GAGGTTTGC
CYP61.1	76	TGCTCATTTCTTGAGGAGCATTAAAGGTATTTGAAACTGCCAAGGGTGTGGTGGGATGGACACTAATG CAGCCAC
DAG1.1	67	GTGACTGGGCTCATGCCTCCAAGTCAGAGTTTCCCTGGTGGCCCCAGAGACAGGAGCACAAGTGGGAT
DAPK1.3	77	CGTGACATCATGAATGTTCCCTCGACCGGCTGGAGGCGAGIT GGATATGACAAAGACACATCGTTGCT GAAAGAGA
DCBLD2.1	69	TCACCAGGGCAGGAAGTTTATCATGCTATGCTGAACCACTCCCAATTACGGGGCCTGAGTATGCAACC
DCC.3	75	AAATGTCTCTCGACTGCTCCGGGGAGTCGACCGAGGAGTCCAGTGATCAAGTGGAAGAAAGATGG CATTCA
DCN.1	67	GAAGGCCACTATCATCTCTCTGCTTGACAAAGTTTCCTGGGCTGGACCGTTTCAACAGAGAGGC
DCXR.1	66	CCATAGCGTCTACTGCTCCACCAAGGGTGCCCTGGAGATGCTGACCAAGGTGATGGCCCTAGAGCT
DDC.1	67	CAGAGCCCAGACACCATGAACGCAAGTGAATTCGGAAGGAGAGGGAAGGAGATGGTGGATTACGTGG
DEFB1.1	68	GATGGCCTCAGGTGGTAACTTCTCACAGGCCCTTGGCCACAGATCTGATCATTAACAATTGCGTCAGCA
DET1.1	70	CTTGTGAGATCACCCCAATCAGGTTCATGCCCGGGAGCTCGG3CCTGCTCAAGTTTGAGATCCAGGGCG G
DHPS.3	78	GGGAGAACGGGATCAATAGGATCGGAAACCTGCTGGTGCCCAATGAGAAATTAC GCAAGTTTGAGGACT GGCTGATGC
DIABLO.1	73	CACAAATGGCGGCTCTGAAGAGTTGGCTGTCGGCGCAGCGTAACCTTCACTTCAGGTACAGACAGTGT GTGT

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
	62	CAAGCAGTCAAGGAGAACCAAGCGGGGAGACAGAGAAAGATGAGCGAGCAAAACT
DIAPH1.1 DICER1.2	68	TCCAATCCAGCATCACTGTGGAGAAAAGCTGTTGTCTCCCCAGCATACTTTATCGCCTTCACTGCC
DKFZP564O0823.1	66	CAGCTACACTGTGCGAGTCCGCTGAGCCTCCACACATCATRCCCTCAAGCTCCAGCCTCAT
DLC1.1	68	GATTCAGACGAGGATGAGCCTTGTGCCATCAGTGGCAATGGACTTCCAAAGGACAGAGAGGTG
	67	CACGGAGGTATAAGGCAGGAGCCTACCTGGACATCCCTGCTCAGCCCCGGCTGGACCTTCCTTCT
DPEP1.1	72	GGACTCCAGATGCCAGGAGCCCCCTGCTGCCCCACATGCAAGGACCAAGCATCTCCTGAGAGGACGCCCTGGGCTTA
DPYS.1	70	AAAGAATGGCAACCATGCAGCCCCACCATGTCATGGGTCCACCTTGGCAGCAGACCCCTCAACACCCGAC
DR4.2	83	TGCACAGAGGGGTGGGTACACCAATGCTTCCAAACAATTTGTTGCTTGCTTCCCATGTACAGCTTGTAATCAGATGAAGA
DR5.2	84	CTCTGAGACAGTGCCTTCGATGACTTTGCAGACTTGGTGCCCTTTGACTCCTGGGAGCCGCTCATGAGGAAGTGGCCCTCATGG
DUSP1.1	76	AGACATCAGCTCCTGGTCAACGAGGCCATTGACTTCATAGACTCCATCAAGAACTGCTGGAGGAAGGGTGTGTGTC
DUSP9.1	77	CGTCCTAATCAACGTGCCATATGGCGGGACACAGCTCGGAGCCTGCCCTCTTCTGCGACTGTTACTTTTCTTTGCGGG
E2F1.3	75	ACTCCCTCTACCCCTTGAGCAAGGCGAGGGGTCCTGAGCTGTCTTCTGCCCCATACTGAAGGAAGTGAAGGCTG
EBAG9.1	66	CGCTCCTGTTTTTCTCATCTGTGCAGTGGGTTTTGATTCACCATGGCCATCACCCAGTTTCGGT
ECRG4.1	66	GCTCCTGCTCCTGTGCTGGGGCCAGGTGGCATAAGTGGAAATAAACTCAAGCTGATGCTTCAAAA
EDG2.1	72	ACGAGTCCATTGCCCTTCTTTTATAACCGAAGTGGAAAGCATCTGCCACAGAAATGGAACACAGTCAGCAA
EDN1 endotelina.1	73	TGCCACCTGGACATCATTTGGGTCAACACTCCCGAGCAGCTTGTTCGGTATGGACTTGGAGGCCCTAGGTCCA

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
EDN2.1	79	CGACAAGAGTGCGTCTACTTCTGCCACTTGGACATCATCTGGGTGAACACTCCTCTGAACAGACAGCTCC TTACGGCCTG
EDNRA.2	76	TTTCTCAAATTTGCCTCAAGATGGAACCCCTTTGGCTCAGGGCATCCTTTTGGCTGGCACTGGTTGGAT GTGTAA
EDNRB.1	72	ACTGTGAACCTGCCCTGGTGCAGTGTCCACATGACAAAGGGGCAGGTAGCACCCCTCTCTCACCCCATGCTGT GGT
EEF1A1.1	67	CGAGTGGAGACTGGTGTCTCAAAACCCGGTATGGTGGTGGTCACCTTTGCTCCAGTCAACGTTACAACGG
EFNB1.2	66	GGAGCCCGTATCCTGGAGCTCCCTCAACCCCAAGTTCCCTGAGTGGGAAGGGCTTGGTTACAACGG
EFNB2.1	73	TGACATTATCATCCCGCTAAGGACTGCGGACAGCGTCTTCTGCCCTCACTACGAGAAGGTACAGCGGGGA CTAC
EGF.3	84	CTTTGCCCTTGGCTCTGCACAGTGAAGTCAGCCAGAGCAGGGGCTGTAACTCTGTGAAATTTGTCAATAG GGTGTCAAGTATTT
EGFR.2	62	TGTCGATGGACTTCCAGAACCACCTGGGACAGTGCCTCAAAAGTGTGATCCAAGCTGTCCCAAT
EGLN3.1	68	GCTGGTCTCTACTGCGGGAGCCGGCTGGGCAATACTCGTCAAGGAGAGGCTTAAGGCAATGGTGG
EGR1.1	76	GTCCCGGCTGCAGATCTGTGACCCGTTCCGGATCCTTTCTCTCACTCGCCCACTCACTGGACAACCTACCCCTAA GCTGGAG
EIF2C1.1	67	CCCTCACGGACTCTCAGCCGCTTCCCTTCCACCAAGGAGATCAAGGGCCTGAAGGTGGAAGTCAACCCA
EIF4EBP1.1	66	GGCGGTGAAGAGTCACAGTTTGAGATGGACATTTAAAGCACCCAGCCATCGTGTGGAGCACTCCAA
ELTD1.1	66	AGGTCTTGTGCAAGAGCCCTCGCTCTTCTGTCTTCTTCTCGGCACACCTGGATCTTTGGGGTT
EMCN.1	73	AGGCACCTGAGGGTGGAAAAAATGCAAGCACTTCAGCAACCCAGCCGGTCTTATTCAGTATTATTTGCCG GTG
EMP1.1	75	GCTAGTACTTTGATGCTCCCTTGATGGGGTCCAGAGAGCCCTCCCTGCAGCCACCAGACTTGGCCTCCAG CTGTTT
ENO2.1	67	TCCTTGGCTTACCTGACCTCTTGGTGTCTGTCTGCTGCGCCCTCCTTTCTGTGCCCCCTACTCATTTGGGGTT

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
ENPEP.1	67	CACCTACACGGAGAACGGACAGTCAAGAGCATAGTGCCACCAGCATGAACCCACAGATGCCAGG
ENPP2.1	67	CTCCTGGCACAATACTACCTTCAGGCCAACCATGCCAGAGGAAGTTACCAGACCCAAATTATCCAGGGA
EPAS1.1	72	AAGCCTTGGAGGGTTTCATTGCGGTGGTGACCCCAAGATGGGACATGATCTTTCTGTGAGAAAACATCA GCA
EPB41L3.1	66	TCAGTGCCATACGCTCTCACTCTCTCTCTCCCTCTGGCTCTGTGCCTCTGCTACCTGGAGCCCAAG
EPHA2.1	72	CGCCTGTTCAACCAAGATGACACCATTCGGCCCGATGAGATCAACGTCAGCAGCGACTTCGAGGCAACGG CAC
EPHB1.3	67	CCTTGGAGGGAAGATCCCTGTGAGATGGACAGCTCCAGAGGCCATCGCCTACCGCAAGTTCACCTTC
EPHB4.1	77	TGAACGGGGTATCCTCCTTAGCCACGGGGCCGTCCTCATTTGAGCCTGTCAATGTCACCACTGACCGGAG AGGTACCT
EPO.1	84	CAGTCCAGCAATGACATCTCAGGGGCCAGAGGAAGTGTCCAGAGAGCAACTCTGAGATCTAAGGATGT CACAGGGCCAACTTG
ErbB3.1	81	CGGTTATGTCATGCCAGATACACACCTCAAGGTACTCCCTCCGCCGGAAGGCACCCCTTTCTTCAGT GGGTCTCAGTTC
ERBB4.3	86	TGGCTCTTAATCAGTTTCGTTACCTGCCTCTGGAGAAATTTACGCAATTATTCGTGGACAAAACCTTTATGAG GATCGATATGCCTTG
ERCC1.2	67	GTCCAGGTGGATGTGAAGATCCCCAGCAGGCCCTCAAGGAGCTGGCTAAGATGTGTATCCTGGCCCG
ERCC4.1	67	CTGCTGGAGTACGAGCGACAGCTGGTGTCTGGAACCTGCTCGAGACTGACGGGCTAGTAGTGTGCGCCCC
EREG.1	91	ATAACAAAGTGTAGCTCTGACATGAATGGCTATTGTTTGCATGACAGTGCATCTATCTGGTGGACATGA GTCAAACTACTGCAGGTGTG
ERG.1	70	CCAACTAGGCTCCCCACCAGCCATATGCCCTTCTCATCTGCGGCACTTACTACTAAAGACCTGGCGGAG G
ERK1.3	67	ACGGATCACAGTGGAGGAAGCGCTGGCTCACCCCTACCTGGAGCAGTACTATGACCCGACGGATGAG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
ERK2.3	68	AGTTCTTGACCCCTGGTCTCTCCAGCCCGTCTTGGCTTATCCACTTTGACTCCTTTGAGCCGTTT
ESPL1.3	70	ACCCCCAGACCGGATCAGGCAAGCTGGCCCTCATGTCCCTTCACGGTCTTTGAGGAAGTCTGCCCTAC A
ESRRG.3	67	CCAGCACCATTGTTGAAGATCCCCAGACCAAGTGTGAATACATGCTCAACTCGATGCCCAAGAGACT
F2.1	77	GCTGCATGTCTGGAAGGTAAGTGTGCTGAGGGTCTGGGTACCACTACCGAGGGCATGTGAACATCACCC CGGTCAGG
F3.1	73	GTGAAGGATGTGAAGCAGACGTACTTGGCAGGGTCTTCTCCTACCCGGCAGGGAATGTGGAGAGCAC CGGTT
FABP1.1	66	GGGTCCAAAGTGATCCAAACGAATTCACGGTGGGGAGGAATGTGAGCTGGAGACAATGACAGGG
FABP7.1	72	GGAGACAAAGTGGTGCATCAGGACTCTCAGCACAACTCAAGAAACACGAGATTAAGTTTCCAGCTGGAGAA GAG
FAP.1	66	CTGACCAGAACCCAGGCTTATCCGGCCTGTCCACGAACCACTTATACACCCACATGACCCACTTCC
fas.1	91	GGATTGCTCAACAACCATGCTGGGCATCTGGACCTCTTACCTTGTGTTTACGTCTGTTGCTAGATTA TCGTCCAAAGTGTAAATGCC
fasl2	80	GCACTTTGGGATCTTCCATTATGATTCCTTTGTACAGGCCACCGAGAATGTTGTATTCAAGTGAGGGTCTT CTTACATGC
FBXW7.1	73	CCCCAGTTTCAACGAGACTTCATTTTCATTGCTCCCTAACAGAGTTGGCACTCTATGTGCTTTCATTCCTGGA AC
FCER1G.2	73	TGCCATCCTGTTTCTGTATGGAATGTCTCCTCACCTCTCTACGTGCGACTGAAGATCCAAAGTCCGAAAG GCA
FCGR3A.1	67	GTCTCCAGTGAAGGGAAAGCCCATGATCTTCAAGCAGGGGAAGCCCCAGTGAGTAGCTGCATTCCT
FDPS.1	77	GGATGATTACCTTGACCTCTTTGGGGACCCAGGTGACCCGGCAAAATTTGGCACTGACATCCAGGACAA CAAAATGCA
FEN1.1	66	GTGGAGAAGGGTACGCCAGGGTCTGAGAGACTGTTCTCCCTGGAGGGGACTGGTTGCCATGAG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
FGF1.1	66	GACACCGACGGGCTTTTATACGGCTCACAGACACCAATGAGGAATGTTTGTTCCTGGAAGGCTG
FGF2.2	76	AGATGCAGGAGAGAGGAAGCCTTGCAAAACCTGCAGACTGCTTTTGGCCCAATATAGATTGGGTAAGGCT GCAAAAC
FGF9.1	67	CACAGCTGCCATACCTCGACTTATCAGGATTCTGGCTGGTGGCCTGCGCGAGGGTGCAGTCTTACTT
FGFR1.3	74	CACGGGACATTACCCACATCGACTACTATAAAAGACAACCAACGCGCGACTGCCTGTGAAGTGGATGG CACCC
FGFR2 isoforma 1.1	80	GAGGGACTGTTGGCATCCAGTGCCTCCAGAGACCAACGTTCAAGCAGTTGGTAGAAGACTTGGATCG AATTCTCACTC
FH.1	67	ATGTTGCAGCCCAAGTCATGGGGAACCATGTTGCTGTCACTGTGCGAGGCAGCAATGGACATTTTG
FHIT.1	67	CCAGTGGAGCGCTTCCOATGACCTGCGTCTGATGAAGTGCGCGATTGTTTTCGACGCCACAGAGAG
FHL1.1	66	ATCCAGCCTTTGCCGAATACATCCTATCTGCCACACATCCAGCGTGAGGTCCCTCCAGCTACAAGG
FIGF.1	72	GGTTCCAGCTTCTGTAGCTGTAAAGCATTGGTGGCCACACCCACCTCCTTACAAAGCAACTAGAACCTGGG GC
FILIP1.1	66	ACACCGGTCAACAACGTCATCTGCTCGAGGAACCCAGTCAGTGTCAAGGACAAGACGGGTCATCCAG
FKBP1A.1	76	CTGCCCTGACTGAATGTGTTCTGTCACTCAGCTTTGCTTCGGACACCTCTGTTTCCCTCTCCGCCCTTCG CTCGTA
FLJ22655.1	82	CTCCTTCACACAGAAACCCTTCATTATTGTACAACATCACAACCTACCCCTAACCTACTGGCGGACAGCGATC CCAGTTTGCT
FLT1.1	75	GGCTCCTGAATCTATCTTTGACAAAATCTACAGCACCAAGAGCGACGTGGTCTTACGGAGTATTGCTG TGGGA
FLT3LG.1	71	TGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGTGTGAGCGCGTGAACACGGAGATACACTTTGTCAACCAAAATGIGCCCT TC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
FLT4.1	69	ACCAAGAAGCTGAGGACCTGTGGCTGAGCCCGCTGACCTGGAAGATCTTGTCTGTACAGCTTCCAGG
FN1.1	69	GGAAGTGACAGACGTGAAGGTCAACCATCATGTGTGACACCCGCTGAGAGTGCAGTGACCGGCTACCGTG T
FOLR1.1	67	GAAGCCCAAGCACCAAGAAAGCCAGGCCCGAGGACAAAGTTGCATGAGCAGTGTGACCCCTGG
FOS.1	67	CGAGCCCTTTGATGACTTCCTGTTCCAGCATCATCCAGGCCAGTGGCTCTGAGACAGCCCCGCTCC
FRAP1.1	66	AGCGCTAGAGACTGTGACCCGCTGACGGAGTCCCTGGATTTCACTGACTATGCCTCCCGGATCAT
FRP1.3	75	TTGGTACCTGTGGGTTAGCATCAAGTTCTCCCGAGGGTAGAATCAATCAGAGCTCCAGTTTGCATTTGG ATGTG
FST.1	72	GTAAGTCGGATGAGCCTGTCTGTGCCAGTGACAATGCCACTTATGCCAGCGAGTGTGCCATGAAGGAAG CTG
FZD2.2	78	TGGATCCTCACCTGGTCGGTGTCTGTCTGGCTTCCACCTTCTTCACCTGTCCACACGTACTTGGTAGAC ATGCAGCGC
G-Catenina.1	68	TCAGCAGCAAGGGCATCATGGAGGAGGATGAGGCCTGCGGGCGCCAGTACACGCTCAAGAAAAACCAACC
GADD45B.1	70	ACCCTCGACAAGAACACACTTTGGGACTTGGGAGCTGGGGCTGAAGTTGCTCTGTACCCCATGAACCTCC A
GAS2.1	68	AACATGTCATGGTCCGTGTGGGAGGAGGCTGGGAAACTTTTGCAGGGTATTTGTTGAAACACGACCCCC
GATA3.3	75	CAAAGGAGCTCACTGTGGTGTCTGTGTTCCAAACCACCTGAATCTGGACCCCATCTCTGAATAAGCCATTCT GACTC
GATM.1	67	GATCTCGCTTGGACGAACCTTGACAGGATGGGTGCAGCGAACTTTCCAGAGCACCCAGCAGCTAC
GBL.1	66	GCTGTCAATAGGACCCGAAACTGCTATGTCTGGAATCTGACGGGGGGCATTTGGTGACGAGGTGACC
GBP2.2	83	GCATGGGAACCATCAACCCAGCAGGCCCATGGACCAACTTCACATAGTGACAGAGCTGACAGATCGAATCA AGGCAAACTCCTCA
GCLC.3	71	CTGTTGCAGGAAGGCATTGATCATCTCCTGGCCAGCATGTTGCTCATCTCTTATTAGAGACCCACTGA C

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
GCLM.2	85	TGTAGAAATCAAACTCTTTCATCATCAACTAGAAAGTGCAGTTGACATGGCCTGTTTACAGTCCTTGGAGTTGCA CAGCTGGATTCTGTG
GFRA1.1	69	TCCGGTTAAGAACAAAGCCCTGGGGCCAGCAGGGTCTGAGAAATGAAAATCCCACACTCATGTTTTGGCCAC
GJA1.1	68	GTTCACTGGGGGTATGGGGTAGATGGGTGAGAGGGAGGGGATAAGAGAGGTGCATGTTGGTATTT
GLYAT.1	68	TACCATTGCAAGGTGCCCAGATGCTGCAGATGCTGGAGAAATCCTTGAGGAAGAGCCCTCCCAGCATCC
GMN1.1	67	GTTGCTACGAGGATTGAGCGTCTCCACCCAGTAAGTGGGCAAGAGGGCGGCAAGGAAGTGGGTACGCA
GNAS.1	72	GAACGTGCCTGACTTTGACTTCCCTCCCGAATTCATGAGCATGCCAAGGCTCTGTGGGAGGATGAAGG AGT
GPC3.1	68	TGATGCGCTGGAACAGTCAGCAGGCAACTCCGAAGGACACAGAGATAAGCACCTTTTCAACAACCTCG
GPX1.2	67	GCTTATGACCGACCCCAAGCTCATCACCTGGTCTCCGGTGTGCGAACGATGTTGCCTGGAACTTT
GPX2.2	75	CACACAGATCTCCTACTCCATCCAGTCTGAGGAGCCCTTAGGATGCAGCATGCCCTTCAGGAGACACTGC TGGACC
GPX3.1	69	GCTCTAGGTCCAAATTGTTCTGCTCTAACTGATACCTCAACCTTGGGGCCAGCATCTCCCACCTGCCTCCA
GRB14.1	76	TCCCACGTGAAGCCCTTTCAGTTGCGGTTGAAGAAGGACTCGCTTGAGAGGAAAAAGGATGTTTACGCGCT GGGCACT
GRB7.2	67	CCATCTGCATCCATCTTGTGGGCTCCCCACCCCTTGAGAAGTGCCTCAGATAATACCCCTGGTGGCC
GRO1.2	73	CGAAAAGATGCTGAACAGTGACAAAATCCAACTGACCAGAAGGGAGGAGGAAAGCTCACTGGTGGCTGTT CTGA
GSTM1.1	86	AAGCTATGAGGAAAAAGTACACGATGGGGACGCTCCTGATTATGACAGAAGCCAGTGGCTGAATGA AAATTCAAGCTGGGCC
GSTM3.2	76	CAATGCCATCTTGGCTACATCGCTGCGCAAGCACAACATGTGTGGTGAGACTGAAGAAGAAAAGATTCTG AGTGGAC
GSTp.3	76	GAGACCCCTGCTGTCCCAGAACCCAGGGAGGCAAGACCCTTCATTGTGGGAGACCAGATCTCCTTCGCTGAC TACAACC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
GSTT1.3	66	CACCATCCCCACCCCTGCTTCCACAGCCGCCTGAAAGCCACAAATGAGAATGATGCACATGAGGCC
GSTT1.3 GZMA.1	79	GAAAGAGTTTCCCTATCCATGCTATGACCCAGCCACACGCGAAGGTGACCTTAAACCTTTTACAGCTGACG GAAAAAGCA
HADH.1	66	CCACCAGACAAGACCGATTGCTGGCCTCCATTCTTCAACCCAGTGCCTGTCATGAAACTTGTGG
HAVCR1.1	76	CCACCCCAAGGTACCGACTACTCCAAATTGTCACAACACTGTTCCAAACCGTCAACGACTGTTGGAACGAGCAACCA CTGTTC
HDAC1.1	74	CAAGTACCACAGCGGATGACTACATTAAATTTCTTGGCGTCCATCCGTCCAGATAACATGTCGGAGTACAGC AAGC
Hepsina.1	84	AGGCTGCTGGAGGTCACTCCGTGTGTGATTGCCCCAGAGGCCGTTTCTTGGCCGCCATCTGCCAAGA CTGTGGCCGCGAGGAAG
HER2.3	70	CGGTGTGAGAAGTGCAGCAAGCCCTGTGCCCGAGTGTGCTATGCTGTGGGCATGGAGCACCTTGGCGAGA GG
HGD.1	76	CTCAGGTCTGCCCCCTACAATCTCTATGCTGAGCAGCTCTCAGGATCGGCTTTCACCTTGTCCACGGAGCA CCAATAA
HGF.4	65	CCGAAATCCAGATGATGCTCATGGACCCTGGTGTACACGGGAAATCCACTCATTCCTTGGG
HGFAC.1	72	CAGGACACAAGTGCCAGATTGGGGGCTGGGGCCACTTGGATGAGAACGTGAGCGGCTACTCCAGCTCC CTGC
HIF1A.3	82	TGAACATAAAGTCTGCAACATGGAAGGTATTGCACTGCACAGGCCACATTACAGTATATGATACCAACAG TAACCAACCTCA
HIF1AN.1	66	TGTTGGCCAGGTCTCACTGCAGCCTGCCCGAGGCTAACTGGCTAGAGCCTCCAGGCCCTATGATGC
HIST1H1D.1	67	AAAAAGCGGAAGAAGGCGGCAACTGCTGGGAAACGCAAGCATCCGGACCCCCAGTATCTGAGC
HLA-B.1	78	CTTGTGAGGGGACTGAGATGCAGGATTTCTTCAAGCCCTCCCTTGTGACTTCAAGAGCCCTCTGGCATCT CTTCTGCA
HLA-DPA1.1	78	CGCCCTGAAGACAGAAATGTTCCATATCAGAGCTGTGATCTTGAGAGCCCTCTCCTTGGCTTTCCTGCTGA GTCTCCGA

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
HLA-DPB1.1	73	TCCATGATGGTTCTGCAGGTTTCTGCGGCCCCCGGACAGTGCTCTGACGGCGTTACTGATGGTGCTGCTCA
HLA-DQB1.1	67	GGTCTGCTCGGTGACAGATTCTATCCAGGCCAGATCAAAAGTCCGGTGGTTTCGGAATGATCAGGAG
HLADQA1.2	76	CATCTTTCCTCCTGTTGGTCAACATCACATGGCTGAGCAA TGGGCAGTCAGTCACAGAAGGTGTTTCTGA GACCAGC
HMB1.1	71	TGGCCTGTCATTGGTGAIGTTGCGAAGAAAAC TGGGAGAGAGATGTTGGAA TAAACAC TGC TGCAGATGACAA
HNRPA1.1	84	AGCAGGAGCGACCAACTGATCGCACACATGCTTTGTTGGATATGGAGTGAACACAA TTTATGTACCAAAAT TTAAC TTGGCAAC
HPCAL1.1	70	CAGGCAGATGGACACCAACAATGACGGCAAACTGTCTCTTGGAAAGATTTCATCAGAGGTGCCAAGAGCGA C
HPD.1	78	AGCTGAAGACGGCCAAAGATCAAGGTGAAGGAGAAACATTGATGCCCTGGAGGAGCTGAAAAATCCTGGTG GACTACGACG
HSD11B2.1	69	CCAACTGCCTCAAGAGCTGCTGCAGGCCCTACGGCAAGGACTACATCGAGCACTTGCCATGGGCAGTTCC
HSP90AB1.1	66	GCATTGTGACCAGCACCTACGGCTGGACAGCCAATATGGAGCGATCATGAAAGCCCCAGGCAGTTC
HSPA1A.1	70	CTGCTGCGACAGTCCACTACCTTTTTCGAGAGTGACTCCCGT GTCCCAAGGCTTCCCAGAGCGGAACCT G
HSPA8.1	73	CTCCCTCTGGTGGTGCTTCTCCTCAGGGCCACCATTGAAGAGGTTGATTAAAGCCAACCAAGTGTAGATG TAGC
HSPB1.1	84	CCGACTGGAGGAGCATAAAGCGCAGCCGAGCCAGCCAGCCGCCCTCCAC TTTCTGAGCAGACGTTCCAGAG CAGAGTCAGCCAGCAT
HSPG2.1	66	GAGTACGTGTGCCGAGTGTGGGCAGCTCCGTGCCTCTAGAGGCCCTGTGTCTGCTCACCATTGAG
HTATIP.1	66	TGGAATGTTTGGGCACTGAGGACTCCACACACAGCTCTGATGGAATACCGTTCAGCACCACGCG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
HYAL1.1	78	TGGCTGTGGAGTTCAAATGTCGATGCTACCCCTGGCTGGCAGGCACCGTGGTGTGAGCGGAAGAGCATG TGGTGATTGG
HYAL2.1	67	CAACCATGCACCTCCAGTCTACGTCTTCACACGACCCACCTACAGCCGAGGCTCACGGGGCTTAGT
HYAL3.1	67	TATGTCCGCCTCACACACCGGAGATCTGGGAGGTTCTGTCCCAGGATGACCTTGTGCAGTCCATTG
ICAM1.1	68	GCAGACAGTGACCATCTACAGCTTCCGGCGCCCAACGTGATTCTGACGAAGCCAGAGGTCTCAGAAG
ICAM2.1	62	GGTCATCCTGACACTGCAACCCACTTTGGTGGCTGTGGGCAAGTCCCTCACCATTGAGTGCA
ICAM3.1	67	GCCTTCAATCTCAGCAACGTGACTGGGAACAGTCGGATCCTCTGCTCAGTGTACTGCAATGGCTCTC
ID1.1	70	AGAACCGCAAGGTGAGCAAGTGGAGATTCTCCAGCACGTCTATCGACTACATCAGGGACCTTCAGTTGG A
ID2.4	76	AACGACTGCTACTOCAAAGCTCAAGGAGCTGGTGGCCAGCATCCCCAGAACAAAGAGGTGAGCAAGATG GAAATCC
ID3.1	80	CTTCACCAAAATCCCTTCTCTGGAGACTAAACCTGGTGTCTCAGGAGCGAAGGACTGTGAACCTTGTGGCCTG AAGAGCCAGAG
IFI27.1	71	CTCTCCGGATTGACCAAGTTTCATCCTGGGCTCCATTGGGTCTGCCATTGGCGGCTGTCAATTGCGAGGTTT TA
IGF1.2	76	TCCGGAGCTGTGATCTAAGGAGGCTGGAGATGTATTGGCGCACCCCTCAAGCCTGCCAAGTCAGCTCGCT CTGTCCG
IGF1R.3	83	GCATGGTAGCCGAAGATTTCACAGTCAAAATCGGAGATTTTGGTATGACGCGGACATATCTATGAGACAGA CTATTACCGGAAA
IGF2.2	72	CCGTGCTTCCGGACAACCTTCCCCAGATACCCCCGTGGGCAAGTTCTTCCAAATATACACCTTGGGAAGCAGT CCA
IGFBP2.1	73	GTGGACAGCACCATGAACATGTTGGCGGGGGAGGAGCAGTGTGGCCGGAAGCCCTCAAGTCGGGTA TGAAGG
IGFBP3.1	66	ACATCCCAACGCATGCTCCTGGAGCTCACAGCCTTCTGTGGTGTCAATTTCTGAAACAAGGGCGTGG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
IGFBP5.1	69	TGGACAAGTACGGGATGAAGCTGCCAGGCATGGAGTACGTTGACGGGGACTTTCAGTGCCACACCTTC G
IGFBP6.1	77	TGAACCGGAGAGACCAACAGAGGAATCCAGGCACCTCTACCACGCCCTCCAGGCCCAATTCTGCGGGT GTCCAAGAC
IL-7.1	71	GCGGTGATTGCGGAAATTCGGAATTCCTCTGTCTCATCCAGGTGCGGGGAAGCAGGTGCCACGGA GAG
IL-8.1	70	AAGGAACCATCTCACTGTGTGTAACATGACTTCCAAGCTGGCCGTGGCTCTCTTGGCAGCCTTCCTGAT
IL10.3	79	GGCGCTGTCATCGATTCTTCCCTGTGAAAACAAGAGCAAGGCCGTGGAGCAGGTGAAGAATGCGCTTTA ATAAGCTCCA
IL11.2	66	TGGAAGGTTCCACAAGTCACCCGTGTATCAACAGTACCCGTATGGACAAAGCTGCAAGGTCAAGA
IL15.1	79	GGCTGGGTACCAATGCTGCAGGTCAACAGCTATGCTGGTAGCCTCCTGCCAGTGTGGAACCACTGACTA CTGGCTCTCA
IL1B.1	67	AGCTGAGGAAGATGCTGGTTCCCTGCCACAGACCTTCCAGGAGAATGACCTGAGCACCTTCTTTCC
IL6.3	72	CCTGAACCTTCCAAAGATGGCTGAAAAGATGGATGCTTCCCACTGTGGATTCAAAGAGAGACTTGCCTG GT
IL6ST.3	74	GGCCTAATGTTCCAGATCCTTCAAAGAGTCATATTGCCCAGTGGTCAACCTCACACTCCTCCAAGGCACAA TTTT
ILT-2.2	63	AGCCATCACTCTCAGTGCAGCCAGGTCCTATCTGTGGCCCTGAGGAGACCCCTGACTCTGCAGT
IMP3.1	72	GTGGACTCGTCCAAGATCAAGCGGCACGTGCTAGAGTACAATGAGGAGCGCGATGACTTCGATCTGGAA GCC
INDO.1	66	CGCCTTGACCGTCTAGTTCTGGGATGCATCACCATGGCATATGTGTGGGGCAAAGGTGATGGAGAT
INHBA.1	72	GTGCCCCGAGCCATATAGCAGGCAAGTCGGGGTCCCTCAGTGTCTTCCACTCAACAGTCAATCAACCACTA CCG
INHBB.1	72	AGCCTCCAGGATACCAGCAAATGGATGCGGTGACAAATGGCACTTAGCTACAPATGCCTGTGCTCAGTCGG AGA

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
INSR.1	67	CAGTCTCCGAGAGCGGATTGAGTTCCTCAATGAGGCCCTCGGTCAATGAAGGGCTTACCTGCCATCAC
IQGAP2.1	66	AGAGACACCAGCAACTGCGCAACAGAGGTAGACCATGCCACGGACATGGTGAGCCGTGCAATGAT
ISG20.1	70	GTGTCAGACTGAAGCCCCATCCAGCCCGTTCCGGCAGGGACTA3AGGGCTTTCCGGCTTTTGGGACAGCAA C
ITGA3.2	77	CCATGATCCCTCACTCTGCTGGTGGACTATACACTCCAGACCTCGCTTAGCATGGTAAATCACCGGCTACA AAGCTTC
ITGA4.2	66	CAACGCTTCAGTGATCAATCCCGGGCGGATTTACAGATGCAGGATCGGAAGAATCCCGGCCAGAC
ITGA5.1	75	AGGCCAGCCCTACATTTATCAGAGCAAGAGCCGGATAGAGGACAAAGGCTCAGATCTTGCTGGACTGTGGA GAAGAC
ITGA6.2	69	CAGTGACAAACAGCCCTTCCAAACCCAAAGGAATCCACAAAAGATGGCGATGACGCCCATGAGGCTAAAC
ITGA7.1	79	GATATGATTGGTGGCTGCTTTGTGCTCAGCCAGGACCTGGCCATCCGGGATGAGTTGGATGGTGGGA ATGGAAGTTCT
ITGAV.1	79	ACTCGGACTGCACAAGCTATTTTGTGATGACAGCTATTTGGGTATTCTGIGGGTGTGGGAGATTTCATG GTGATGGCA
ITGB1.1	74	TCAGAAATTGGATTGGCTCATTTGGGAAAGACTGTGATGCCCTACATTAGCACAAACACAGCTAAGCT CAGG
ITGB3.1	78	ACCGGGGAGCCCTACATGACGAAAAATACCTGCAACCCGTTACT3CCGTGACGAGATTGAGTCAGTGAAAG AGCTTAAGG
ITGB4.2	66	CAAGGTGCCCTCAGTGGAGCTACCAACCTGTACCCGTATTGCGACTATGAGATGAAGGTGTGCGC
ITGB5.1	71	TCGTGAAAGATGACCAGGAGGCTGTGCTATGTTTCTACAAAACCGCCCAAGGACTGCGTCATGATGTICA CC
JAG1.1	69	TGGCTTACACTGGCAATGGTAGTTTCTGTGGTTGGCTGGGAAATCGAGTGCCGCATCTCACAGCTATGC
K-ras.10	71	GTCAAATGGGGAGGAGCTAGGGCAGTTTGGATAGCTCAACAAGATACAATCTCACTCTGTGGTGGTCC TG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
KCNJ15.1	67	GGA CGTTCTACCTGCCCTTGAAGAAGACACCTGACCTGCGGAGTGAGTGACCAGTGTTCAGAGCCCT
KDR.6	68	GAGGACGAAGGCCCTCTACACCTGCCAGGCATGCAGTGTCTTGGCTGTGCAAAAGTGAGGCAATTTT
KI-67.2	80	CGGACTTTGGGTGCGACTTGACGAGCGGTGGTTGACAAAGTGGCCTTGCGGGCGGATCGTCCACGTG GAAGAGTTGTAA
KIAA1303 raptor. 1	66	ACTACAGCGGGAGCAGGAGCTGGAGGTAGCTGCAATCAACCCAAATCACCTCTTTGCTCAGATGCC
KIF1A.1	66	CTCCTACTGGTCGCACACCTCACCTGAGGACATCAACTACGCGTCGCAGAAAGCAGGTGTACCGGGA
Kifling.4	79	GTCCCGGGGATGGATGTTTTGCCAAGTCATTTGTTGGATAAGCGAGATGGTAGTACAAATTGTCAGACAGC TTGACTGATC
KL.1	72	GAGGTCTGTCTAAACCCCTGTGCCCTGAGGGATCTGTCTCACTGGCATCTTTGTTGAGGGCCTTGACACA TAG
KLK3.1	66	CCAAAGCTTACCACCTGCACCCGGGAGAGCTGTGTACCATGTGGTGCCGGTCTTCCTCACCCCT
KLK1.2	70	TGAGAGCCAGGCTTCTTGTATGTCTCAAAATGCCAGCCTTCTCAAAGTATACAGCAAAAGAGGACCAGGAT
KRT19.3	77	TGAGCGGCGAGAAATCAGGAGTACCAGCGGCTCATGGACATCAAGTCGCGGCTGGAGCAGGAGATTGCCA CCTACCGCA
KRT5.3	69	TCAGTGGAGAAGGAGTTGGACCAGTCAACATCTCTGTGTGTCAGAAGCAGTGTTCCTCTGGATATGGCA
KRT7.1	71	TTGAGAGATGAACCGGGCCATCCAGAGGCTGCAGGCTGAGA CGACAACATCAAGAACCAGCGTGCCAA GT
L1CAM.1	66	CTTGCTGGCCAATGCCCTACAT CTACGTTGTCCAGCTGCCAGCCAAGATCCTGACTGCGGACAATCA
LAMA3.1	73	CAGATGAGGCACATGGAGACCCAGGCCAAGGACCTGAGGAATCAGTTGCTCAACTACCGTTCTGCCAATT TCAA
LAMA4.1	67	GATGCACTGCGGTTAGCAGCGCTCTCCATCGAGGAAGGCAATCCGGGGTGTGAGCGTATCCTCTG
LAMB 1.1	66	CAAGGAGACTGGGAGGTGTCTCAAGTGCCTGTACCACACGGGGAAACACTGTCAGTTCTTCTGCCG
LAMB3.1	67	ACTGACCAAGCCTGAGACCTACTGCACCCAGTATGGCGAGTCGCAAGTGTGAC
LAMC2.2	80	ACTAAGCGGGAATTTGAAGCAGATAGGTCTTATCAGCACAGTCTCCGCCCTCCTGGATTGATGTCCTGG CTTCAGGGAGT

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
LAPTM5.1	66	TGCTGGAGTTCTGCCTGATCCTGACCCCTCTGCAGCTCCTACATGGAAGTGCCCACTATCTCA
LDB1.2	67	AACACCCAGTTTGACGCGACCCAAACGGCATTGACGACGAGGACAGCTTTAACAACTCCCTGCACTGG
LDB2.1	66	ATCACGGTGGACTGCGACCCAGTGATCCATCGTCACCCAGAGGGAAGCCAAAGGTA
LDHA.2	74	AGGCTACACATCCTGGGCTATTGGACTCTCTGTAGCAGATTTGGCAGAGAGTATAATGAAGAATCTTAGG CGGG
LGALS1.1	72	GGGTGGAGTCTTCTGACAGCTGGTGGGCTGCGCGGGAACATCCTCCTGGACTCAATCATGGCTTGTG GTCT
LGALS3.1	69	AGCGGAAAATGGCAGACAAATTTTCGCTCCATGATCGGTTATCTGGGCTGGAACCCCAACCCCTCAAG
LGALS9.1	67	AGTACTTCCACCGCGTCCCTTCCACCGTGTGGACACCATCTCCGTCATATGGCTCTGTCAGCTGTC
LIMK1.1	67	GCTTCAGGTGTTGTGACTGCGAGTGCCTCCCTGTGCGCACCAGTACTATGAGAAGGATGGGCAGCTCTT
LMNB1.1	66	TGCAACCGTGGTGTACAGCCAGCCCCCACTGACCTCATCTGGAAGAACCAGAACTCGTGGGG
LMO2.1	74	GGCTGCCAGCAGAACATCGGGGACCGCTACTTCTGAAAGGCCATCGACCAGTACTGGCACGAGGACTG CCTGAG
LOX.1	66	CCAATGGGAGAACAAACGGGCAGGTGTTGAGCTTGTGAGCCTGGGCTCACAGTACCAGCCTCAGCG
LRP2.1	66	GGCTGTAGACTGGGTTTCCAGAAAGCTCTACTGGTTGGATGCCGCCCTGGATGGCCTCTTTGTCTC
LRR2.1	71	CCAGTGTCCCAATCTGTGTCCTGCGGATGTGGAATTGTCAGTGGTTGGATATCAGCAGCAATAACCTGA CC
LTF.1	68	AACGGAAGCCTGTGACTGAGGCTAGAAGCTGCCATCTTGCCATGGCCCCGAAATCATGCCGTGGTGTCT
LYZ.1	80	TTGCTGCAAGATAACATCGCTGATGCCTGAGCTTGTGCAAGAGGGTGTCCGTTGATCCACAAGGCATT GAGCATGGGT
MADH2.1	70	GCTGCCCTTTGGTAAGAAATGTGTGTCCTTGTGCCATTTCAGCCGCCAGTTGTGAAGAGACTGCTGGGA T
MADH4.1	76	GGACATTACTGGCCTGTTCACAATGAGCTTGCATTCCAGCCTCCCATTTCCAAATCATCCTGCTCCTGAGT ATTGGT
MAL.1	66	GTTGGGAGCTTGCTGTGTCAACCTCCAACTGCTGTGTGCTGTGCTAGGGTCAACCTGTTTGTG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
MAL2.1	67	CCTTCGCTGCCTGGAGATTCTGTTCGGGGTCTTGTCTGGATTTTGGTTGCCTCCTCCAATGTTCC
MAP2K1.1	76	GCCTTTCTTACCCAGAACGAGGTTGGAGAACTGAAGGATACAGACTTTGAGAAAGATCAGTGAGCTG GGGGCTG
MAP2K3.1	67	GCCCTCCAATGTCTTATAACAAGGAGGGCCCATGTGAAGATGTGTGACTTTGGCATCAGTGGCTAC
MAP4.1	72	GCGGTTCAGGCACACAAGGGGCCCTTGGAGCGTGGACTGGTTGGTTTGGCCATTTTGTGTGTATGC TGC
MARCKS.1	67	CCCCCTTGGATCTGTGAGTTCTTTTGTGAAGAAGCCAGCATGGGTGCCACCTTCTCCAAGCCG
Maspina.2	77	CAGATGGCCACTTTGAGAACATTTTAGCTGACAACAGTGTGAACGACGACGACCAAAATCCTTGTGGTTAA TGCTGCC
MCAM.1	66	CGAGTCCAGTGGCTGAGAGAAGACAGGCCAGGTGCTGGAAAGGGGCCTGTGCTTCAGTTGCA
MCM2.2	75	GACTTTGGCCGCTACCTTTCATTCCGGCGTGAACAACATGAGCTGTTGCTCTTCATCTGAAGCAGTTA GTGGC
MCM3.3	75	GGAGAACAAATCCCCTTGAGACAGAATATGGCCTTCTGTCTACAAGGATCACCAGACCATCACCATCCAG GAGAT
MCM6.3	82	TGATGGTCCTATGTGTCACATTCATCACAGGTTTCATACCAACACAGGCTTCAGCACTTCCTTTGGTGTG TTTCCTGTCCCA
MCP1.1	71	CGCTCAGCCAGATGCAATCAATGCCCCAGTCACTGCTGTTAATACTTCAACCAATAGGAAGATCTCAGTG C
MDH2.1	63	CCAACACCTTTGTCAGAGCTGAAGGGTTTGGATCCAGCTCGAGTCAACGTCCCTGTCATTG
MDK.1	66	GGAGCCGACTGCAAGTACAAGTTTGAGAACTGGGGTCCGTGTGATGGGGGCACAGGCCAACAAAGTC
MDM2.1	68	CTACAGGGACGCCATCGAATCCGGATCTTGATGCTGGTGTAAAGTGAACATTCAGGTGATTGGTTGGAT
MGMT.1	69	GTGAATGAAACGACACACTGGACAGCCCTTTGGGGGAAGCTGGAGCTGCTGTTGTGAGCAGGGT C
mGST1.2	79	ACGGATCTACCACACCATTCGATATTTGACACCCCTTCCCCAGCCAAATAGAGCTTTGAGTTTTTTTGTG GATATGGA

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
MICA.1	68	ATGGTGAATGTCACCCGACAGCGCCCTCAGAGGGCAACATTACCGTGACATGCAGGGCTTCTGGCTT
MIF.2	66	CCGGACAGGGTCTACATCACTATTACGACATGAACGCGCCAATGTGGGCTGGAACAACCTCCACC
MMP1.1	72	GGGAGATCATCGGACAACTCTCCTTTTGATGGACCTGGAGCAAAATCTTGCTCATGCTTTTCAACCAGG CC
MMP10.1	66	TGGAGGTACAGGGAAGCTAGACACTGACACTCTGGAGGTGATGCGCAAGCCAGGTGGAGTTC
MMP14.1	66	GCTGTGGAGCTCTCAGGAAGGGCCCTGAGGAAGGCACACTTGCTCCTGTTGGTCCCTGCTCCTTGCT
MMP2.2	86	CCATGATGGAGAGGCAGACATCATGATCAACTTTGGCCGCTGGGAGCATGGCGATGGGATACCCCTTTGA CGGTAAGGACGGACTCC
MMP7.1	79	GGATGGTAGCAGTCTAGGGATTAACTTCCTGTATGCTGCAACCATGAACCTGGCCATTCTTTGGGTAIG GGACATTCC
MMP9.1	67	GAGAACCAATCTCACCGACAGCGAGCTGGCAGAGGAATACTGTACCGCTATGGTTACACTCGGGTG
MRP1.1	79	TCAATGGTGCCCGTCAATGCTGTGATGGCGATGAAGACCAAGACGTATCAGGTGGCCACATGAAGAGCA AAGACAATCG
MRP2.3	65	AGGGGATGACT TGGA CACATCTGCCATTGACATGACTGCAATTTTGACAAAGCCATGCAGTTTT
MRP3.1	91	TCACTCTGGCGATCTACTTCCCTCTGGCAGAACCTAGGTCCCTCTGTCTGGCTGGAGTCGCTTTTCATGG TCTTGCTGATTCCCACTCAACGG
MRP4.2	66	AGCGCCTGGAATCTACAACTCGGAGTCCAGTGTTCCTCCACTTGTCTCATCTTCTCTCCAGGGGTCT
MSH2.3	73	GATGCAGAAATTGAGGCAGACTTTACAAGAAGATTACTTCGTGATTCCCAAGATCTTAACCGACTTGCCA AGA
MSH3.2	82	TGATTACCATCATGCTCAGATTGGCTCCTATGTTCCCTGCAGAGAAGCGACAATTGGGATTGTGGATGG CATTTTCACAAAG
MSH6.3	68	TCTATTGGGGGATTGGTAGAACCGTTACCAGCTGGAAATTCCTGAGAAATTCACCACTCGAATTTG
MT1B.1	66	GTGGGCTGTGCCAATGTGCCAGGGTGTGTCTGCAAGGCTCATCAGAGAAGTCCGCTGCTGT

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
MT1G.1	74	GTGCACCCACTGCCTCTTCCCTTCTCGCTTGGGAACCTAGTCTCGCCTCGGGTTGCAATGGACCCCAA CTGCT
MT1H.1	74	CGTGTTCCACTGCCCTCTTCTCTCTCGCTTGGGAACCTCCAGTCTCACCTCGGCTTGAATGGACCCCAAC TGCT
MT1X.1	80	CTCCTGCAAAATGCAAGAGTGCAAAATGCACCTCCTGCAAGAAGAGCTGCTGCTGCTGCCCTGTGGG CTGTGCCAAGT
MUC1.2	71	GGCCAGGATCTGTGGTGGTACAATTGACTCTGGCCCTCCGACAAGGTACCATCAATGTCCACGACGTGG AG
MVP.1	75	ACGAGAACGAGGGCATCTATGTGCAGGATGTCAAGACCGGAAGGTGGCGCTGTGATTGGAAGCACC TACATGC
MX1.1	78	GAAGGAATGGGAATCAGTCATGAGCTAATCACCCCTGGAGATCAGTCCCGAGATGTCCCGGATCTGACT CTAATAGAC
MYBL2.1	74	GCCGAGATCGCCAAGATGTTGCCAGGGAGGACAGACAATGC GTGAAGAATCACTGGAACCTTACCATC AAAAG
MYH11.1	85	CGGTACTTCTCAGGGCTAATATATACGTACTCTGGCCTCTTCTGGTGGTGGTCAACCCCTATAAACACC TGCCCATCTACTCGG
MYRIP.2	69	CCTTCACCTTCTCGTCAACACCAAGCGCCAGTGTGGAGATTGCAAAATTCATGTCTGCAAGAGCTGCT
NBN.1	76	GCATCTACTTGCCAGAACCAAAATTAACCTTACTTCCAAGTTCTGGCTGCTTGCAAGTGGAACTCCAGCTGC AARRGA
NCF1.1	66	GACACCTTCATGCGTCACATGGCGCTGGTGGGCTTTGAGAAGCGTTCTGTAACCCAGCCAGCACTAT
NFAT5.1	70	CTGAACCCCTCTCCTGGTCACCGAGAATCAGTCCCGGTGGAGTCCCCCTCCACCTCGCCATCGTTTCC T
NFATC2.1	72	CAGTCAAGGTCAGAGGCTGAGCCCGGGTTCTTACCCACAGTCATTGAGCAGCAGAATGCCACGAGCC AAAG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
NFKBp50.3	73	CAGACCAAGGAGATGGACCTCAGCGTGGTGGGCTCATGTTTACAGCTTTTCTCCGGATAGCACTGGCAGCT
NFKBp65.3	68	CTGCCGGGATGGCTTCTATGAGGCTGAGCTCTGCCCGGACCGCTGCATCCACAGTTTCCAGAACCTGG
NFX1.1	74	CCCTGCCATACCAGCTCACCCTGCCCTGTGACTGCTTGTAAAGCTAAGGTAGACCTACAGTGTGAATGTGGACG
NME2.1	66	ATGCTTGGGAGACCAATCCAGGAGATTCAAAGCCAGGCACCATTCGTGGGACTTGGATTTCAG
NNMT.1	67	CCTAGGCGAGGGATGGAGAGAGAGTCTGGGCATGAGGAGAGGGTCTCGGGATGTTTGGCTGGACTA
NOL3.1	72	CAGCCTTGGGAAGTGAGACTAGAAGAGGGGAGCAGAAAGGGACCCTTGAGTAGACAAAGGCCACACACATCAT
NOS2A.3	67	GGGTCCATTATGACTCCCAAAAGTTTGACCAGAGAGACCCAGGGACAAAGCCCTCCAGATGAGC
NOS3.1	68	ATCTCCGCTCGCTCATGGGCACGGTGATGGCGAAGCGAGTGAAGGCGACAACTGTATGGCTCCGA
NOTCH 1.1	76	CGGGTCCACCAGTTTGAATGGTCAATGCGAGTGGCTGTCCCGGCTGCAGAGCGGCGCATGGTGCCGAACGAAATACAAC
NOTCH 1.2	75	CACCTCCCTGCTGGGATTATATCAACAACCAGTGTGATGAGCTGTGCAACACGCTCGAGTGCCTGTTTGACAACT
NOTCH3.1	67	CGGGTCCACCAGTTTGAATGGTCAATGCGAGTGGCTGTCCCGGCTGCAGAGCGGCGCATGGTGCCGAACGAAATACAAC CACCTCCCTGCTGGGATTATATCAACAACCAGTGTGATGAGCTGTGCAACACGCTCGAGTGCCTGTTTGACAACT TGTGGACGAGTGTGCTGGCCCCCGCACCCCTGTGGCCCTCATGATCTGTCACCAACCTGGCAGGGAGTGGCTGTGGCTGAGGCTGTAGCATCTCTGCTGGAGGTGAGACACTCTGGGAACGTGATTTGACCTCGAATGCTCC AATGTTGTCCAGGTTCTATTGCCAAGAAATGTGTTGTCCAAATGCCTGTTTAGTTTTAAAGATGGAACTCACCCCTTGCTTG
NPD09(ABAT oficial).3	73	GGCTGTGGCTGAGGCTGTAGCATCTCTGCTGGAGGTGAGACACTCTGGGAACGTGATTTGACCTCGAATGCTCC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
NPM1.2	84	AATGTTGTCCAGGTTCTATTGCCAAGAATGTGTGTCCAAAATGCCTGTTAGTTTAAAGATGGAATC CACCTTTGCTTG
NPPB.1	66	GACACCTGCTCTGATTCCACAAGGGGCTTTTTCCTCAACCCTGTGGCCGCTTTGAAGTGACTCA
NPPR.1	66	ACATCTGCAGCTCCCTGATGCCCTCAGAAAGCCTCATGCTCCTGGCCCTGGAAGCTGGCTTGTGTG
NPY1R.1	70	GGATCTTCCCCACTCTGGTCCCTTCCATTCCACGCCCTCCTTCTTTATAGC
NRH1.3	83	CGAGACTCTCCTCATAGTGAAAGGTATGTGTCAGCCATGAOCACCCCGGCTCG ⁻ ATGTCACCTGTAGATT TCCACACGCCAAG
NUDT1.1	77	ACTGGTTTCCACTCCTGCTTCAGAAGAAGAAATTCACGGGTACTTCAAGTTCACGGGTACAGGACACCAT CCTGGAC
OGG1.1	71	ACCAAGGTGGCTGACTGCATCTGCCTGATGGCCCTAGACAAGCCCGAGGCTGTCCCGTGGATGTCCA TAT
OPN, osteopontina.3	80	CAACCGAAGTTTCACTCCAGTTGTCCCCACAGTAGACACATAIGATGGCCGAGGIGATAGTGGTTTA TGGACTGAGG
p21.3	65	TGGAGACTCTCAGGGTCGAAACGGCGGACAGACCAGCATGACAGATTCTACCACCTCCAAACGCC
p27.3	66	CGGTGGACCACGAAGAGTTAACCCGGGACTTGGAGAAAGCACTGCAGAGACATGGAAGAGGCGAGCC
P53.2	68	CTTTGAACCCCTGCTTGCAATAGGTGCGTCAGAAGCACCCAGGACTTCCATTTGCTTTGTCCCGGG
PAH.1	80	TGGCTGATTCCATTAAACAGTGAAATTGGAATCCTTTGCAGTGCCTCCAGAAAAATAAAGTAAAGCCATGG ACAGAATGTG
PAH.3	81	CCGCAACGTGGTTTTCTCACCCCTATGGGGTGGCCTCGGTGTTGGCCATGCTCCAGLIGALAAACAGAG GAGAAACCCAGCA
Pak1.2	70	GAGCTGTGGTGTATGGAATACCTTGGCTGGAGGCTCCTTGCAGATGTGGTGACAGAACTTGCATG
PAR6A.1	66	GATCCTCGAGGTCAATGGCATTGAAGTAGCCGGGAAGACCTTGGACCAAGTGACGGACATGATGGT
PBOV1.1	72	GCAAAGCCCTTCCAGAAAAATAAAAAATGGTTGAAAAGGCAATTCTGCTACCAATGACTGTTTAAGCCAG CC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
PCCA.1	68	GGTGAATCTGTGCACTGTCAAGCTGGAGACACAGATTGGAGAAGGGGATCTGCTCGTGAGCTGGAAT
PCK1.1	66	CTTAGCATGGCCAGCACCCAGCAGCCAAACTGCCCAAGATCTTCCATGTCAACTTCCGGAAG
PCNA.2	71	GAAGGTGTTGGAGGCACTCAAGGACCTCATCAACGAGGCGCTGCTGGGATATTACCTCCAGCGGTGTAAAC
PCSK6.1	67	ACCTTGAGTAGCAGAGGCCCTCACACCTTCTCAGAAATGGACCCCCAGGTGAAATGGCTCCAGCAAC
PDCD1.1	73	GACAACGCCACCTTCACCTGCAGCTTCTCCAACACACATCGGAGAGCTTCGTGCTAACTGGTACCGCATGAGCC
PDE4DIP.1	73	GCTTCGTCTTGTGTGAGAGCGAGATCATGACTTAGAGAGACTGCGGATGTCTCTCTCCAATGAAGCT
PDGFA.3	67	TTGTTGGTGTCCCTGGTGGCGGTGGTGGTCACTCCCTCTGCTGCCAGTGTGTTGGACAGAACCCA
PDGFB.3	62	ACTGAAGGAGACCCCTTGAGGCCCTAGGGGCATCGGCAGGAGAGTGTGTGGGCAGGGTTATTTA
PDGFC.3	79	AGTTACTAAAAAATACCACGAGGTCTTCAGTTGAGACCAAGACCGGTGTGAGGGGATTGCACAAATCACTCACCCGAC
PDGFD.2	74	TATCGAGGCAGGTACATACCATGACCCGGAAGTCAAAAGTTGACCTGGATAGGCTCAATGATGATGCCAAGCGTTA
PDGFRa.2	72	GGGAGTTTCCAAGAGATGGACTAGTGTCTGGTGGGTCTTGCGGTCTGGAGCGTTTGGAAAGGTGGTTGAAG
PDGFRb.3	66	CCAGCTCTCCTCCAGCTACAGATCAATGTCCCTGTCCGAGTGTGAGCTAAGTGAGAGCCAGCC
PDZK1.1	75	AATGACCTCCACCTTCAACCCCGGAGAAATGTAAACTGTCCAAAGCAAGAGGGCAAAACTATGGCTTCTTCTGCG
PDZK3.1	68	GAGCTGAGAGCCCTTGAGCATGCCTGACCTTGACAAGCTCTGCAGCGAGGATTACTGAGGGCCGAG
PF4.1	73	GCAGTGCCTGTGTGTGAAGACCACCTCCAGGTCCGTCCAGGCACATCACCAAGCTGGAGGTGATCAAGGCC
PFKP.1	68	AGCTGATGCCGCATACATTTTCGAAGAGGCCCTTCGACATCAGGGATCTGCAGTCCCAACGTGGAGCACCC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
PFN2.1	82	TCATAGTCGATGGTGACTGCACAATGGACATCCGGACAAAAGAGTCAAGGTGGGGAGCCAAACATACAA TGTGGCTGTCGGC
PGF.1	71	GTGGTTTCCCTCGGAGCCCCCTGGCTCGGGACGCTCTGAGATGATCCCGGTCATGAGGCTGTTCCCTT GCT
PI3K.2	98	IGCTACCTGGACAGCCCCGTTGGTGCGCTTCCTCCTGAAACGAGCTGTGTCTGACTTGAGAGTGACTCAC TACTTCTCTGGTTACTGAAGGACGGCCT
PI3KC2A.1	83	ATACCAATCACCGCACAAACCCAGGCTATTGTTAAGTCCAGTCACAGCACAAAGAAACATATGCGGAGA AAATGCTAGTGTG
PIK3CA.1	67	GTGATTGAAGAGCATGCCATTGGTCTGTATCCCGAGAAGCGGATTAGCTATTCCCACGCAGGAC
PLA2G4C.1	68	CCCTTTCCCCAAGTAGAAGAGGCTGAGCTGGATTGTGGTCCAAGGCCCCCGCCAGCTGCTACATCCT
PLAT.1	67	GATTGCTGGGAAGTGTGTGAATAGATACCAGGGCCACGCTGCTACGAGGACCAGGCGCATCAGCTA
PLAUR.3	76	CCCATGGATGCTCCTCTGAAGAGACTTTCCTCATTTGACTGCCGAGGCCCCCATGAATCAATGTCTGGTAG CCACCGG
PLG.1	77	GGCAAAA TTTCCAAGACCATGTCTGGACTGGAATGCCAGGCTGGGACTCTCAGAGCCCACACGCTCAT GGATACAT
PLN.1	84	TGATGCTTCTCTGAAGTCTGCTACAACTCTAGATCTGCAGCTTGCCACATCAGCTTAAATCTGTCTATC CCATGCAGACAGG
PLOD2.1	84	CAGGAGGTGGTTGCAAAATTTCTAAGGTACAAITGCTCTATTGAGTCACCACGAAAAGGCTGGAGCTTCA TGCATCCTGGGAGA
PLP1.1	66	AGAACAGACTGGCCTGAGGAGCAGCAGTTGCTGGTGCTAATGGTGTAACTGAGATGGCCCTCTG
PMP22.1	66	CCCGGTGAGGCACCCGGAGTGGCATCTCAACTCGGATTACTCCTACGGTTTCGGCCTACA
PPAP2B.1	77	ACAAGCACCATCCAGTGATGTTCTGGCAGGATTGCTCAAGGAGCCCCCTGGTGGCCTGCTGCATAGTTT TCTTCGTG
PPARG.3	72	TGACTTTATGGAGCCCAAGTTTGAGTTTGCTGTGAAGTTCAATGCACGTGAATTAGATGACAGCGACTTG GC
PPP1R3C.1	82	TTCCCTTCCCTCTCAATCCACTAGCTTTCATGTTGGGCAAGGAAAAGTTGAGGAAGGATGGCTGATGGTGA TGGAAGCTGTG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
PPP2CA.1	78	GCAATCATGGAACCTTGACGATACCTCTAAATACTCTTCTTGCACTTTGACCCAGCACCTCGTAGAGGCG AGCCACAT
PRCC.1	67	GAGGAAGAGGAGGCGGTGGCTCTACATCTGGGCCCGCTTAGGGGGCTTGTTCGCTTCTCTCCCTG
PRKA.1	70	CAAGCAATGGTTCATCAATGTCCCCAGCCTCTGCGGAATGATCACACTGAGAGGAGGGGCGGATTTA C
PRKB1.1	67	GACCCAGCTCCACTCCTGCTTCCAGACCATTGGACCGCCTGTAGTTTGTGATGGAGTACGTGAFFGG
PRKD.2	68	CTGACACTTGCCGCAGAGAATCCCTTTCTACCCACCTCATCTGCACCTTCCAGACCAAGGACCACCT
PRKH.1	68	CTCCACCTATGAGCGTCTGTCTGTGGGCTTGGGATGTTAACAGGAGGCCAAAAGGAGGGAAAGTGTG
PRO2000.3	79	ATTGGAAAAACCTCGTCAACCAGAGAAAGCCCAACATAATTTATAGTGGCCACGCTTCTCCTGCAAGACCA AGATACCGA
PROM1.1	74	CTATGACAGGCATGCCACCCCGACCCCGAGGCTGTGCTCCAAACCCGAGGCGTCTCCTCATGGT TGGAG
PROM2.1	67	CTTCAGCGCATCCACTACCCCGACTTCTCGTTCAGATCCAGAGGCCCGTGGTGAAGACCAGCATGG
PRPS2.1	69	CACTGCACCAAGATTGAGGTGATTGACATTTCCATGATCTTGGCCGAAGCAATCCGAAGGACACACAAT
PRSS8.1	68	GTACACTCTGGCCTCCAGCTATGCCCTCGTGGATCCAAAGCAAGGTGACAGAACTCCAGCCCTCGTGTGG
PSMA7.1	67	GCCAAACTGCAGGATGAAAGAACAGTGCAGGAAGATCTGTGCTTTGGATGACAACGCTGCAATGGCCT
PSMB8.1	66	CAGTGGCTATCGGCCATATCTTAGCCCTGAAGAGGCCCTATGACCTTGGCCGACGGGCTATTGCTTA
PSMB9.1	66	GGGGTGTATCTACCTGGTCACTATTACAGCTGCCGGTGTGGACCATCGAGTCATCTTGGGCAATG
PTEN.2	81	TGGCTAAGTGAAGATGACAAATCATGTTGGCAGCAATTCACCTGTAAGCTGGAAAGGGACGAACTGGTGTA TGATATGTGCA
PTGIS.1	66	CCACACTGGCATCTCCCTGACCTTCTCCAGGGACAGAGCAGGAGTAAGTTTCTCATCCCATGGGC
PTHR1.1	73	CGAGGTACAAGCTGAGATCAAGAAATCTTGGAGCCGCTGGACACTGGCACTGGCACTTCAAGCGAAAGGC ACGC
PTK2.1	68	GACCGGTCGAATGATAAGGTGTACGAGAATGTACGGGCCCTGGTGAAGCTGTCAATCGAGATGTCCAG

[illegible]

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
RHEB.2	78	GATGATTGAGAAACAGCCCTTGCTGTCACTGTCTCTAGAACACCCCTGGAGTTTAGTGTCTGTGTGTCAGAGTCTTGGGAGC
RhoB.1	67	AAGCATGAACAGGACTTGACCATCTTTCCAACCCCTGGGAAGACATTTGCAACTGACTTGGGGAGG
rhoC.1	68	CCCGTTCCGTTCTGAGGAAGCCGGGACATGGCGAACCGGATCAGTGCCCTTTGGCTACCTTGAGTGCTC
RIPK1.1	67	AGTACCTTCAAGCCGGTCAAAATTGAGCCACAGAACAGCCCTGGTTCACTGCACAGTCCCAGGGACTT
RND3.1	66	TCGGAATTGGACTTGGGAGCGCGGTGAGGAGTCAGGCTTAAACCTTGTGGAGGGGAGTAACCCAG
ROCK1.1	73	TGTGCACATAGGAATGAGCTTCAGATGCAGTTGGCCAGCAAGAGAGTGATATTGAGCAATTGCGTGCTAAAC
ROCK2.1	66	GATCCGAGACCCCTCGCTCCCCCATCAAGGTGGAGAGCTTGCTGGATGGCTTAAATTCCTTGGTCCT
RPLP1.1	68	CAAGGTGCTCGGTCTCCGAGGAAGCTAAGGCTGCGTTGGGTGAGGCCCTCACTTCATCCGGCGAC
RPS23.1	67	GTTCTGGTTGCTGATTTGGTGGCAAGGTCATGCTGTTGGTGATATTCCTGGAGTCCGCTTTAAGG
RPS27A.1	74	CTTACGGGGAAGACCAACACCCCTCGAGGTTGAACCCCTCGGAACGATAGAAAATGTAAAGGCCAAGATCCAGGA
RPS6K1.1	70	GCTCATGGAGCTAGTGCCTCTGGACCCGGAGAAATGGACAGACCTCAGGGGAAGAGCTGGACTTCAGC
RPS6KB1.3	81	GCTCATTATGAAAAACATCCCAAACCTTAAATGCGAAATTATGGTTGGTGTGAAGAAAGCCAGACAACTTCTGTTTCTT
RRM1.2	66	GGGCTACTGGCAGCTACATTGCTGGGACTAATGGCAATCCAATGGCCTTGACCGATGCTGAGAG
RRM2.1	71	CAGCGGGATTAAACAGTCCCTTAAACCCAGCACAGCCAGTTAAAGATGCAGCCTCACTGCTTCAACGCAGAT
RUNX1.1	70	AACAGAGACATTGCCAACCATATTGGATCTGCTTGCTGTCCAAACCAGCAAACTTTCCTGGGCAAAATCAC
S100A1.1	70	TGGACAAGGTGATGAAGGAGCTAGACGAGAAATGGAGACGGGGAGGTGGACTTCAGGAGTATGTGGTGCT

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
S100A10.1	77	ACACCAAAATGCCATCTCAAAATGGAACACGCCATGGAACCA GATGTTTACATTTACAAAATTCGCTGG GGATAAA
S100A2.1	73	TGGCTGTGCTGGTCACTACCTTCCACAAGTACTCCTGCCAAGAGGGGGACAAGTTCAAGCTGAGTAAGG GGGA
SAA2.2	72	CTACAGCACAGATCAGCACCATGAAGCTTCTACGGGCGCTGCTTTTCTGCTCCTTGGTCTGAGTGICA GCA
SCN4B.1	67	GCCTTCTCTGGAGTACCCGAGTGCTCCCTATGCCCTTCCAAAGCATTTCTACTTGGGGAATTGGGCCAC
SCNN1A.2	66	ATCAACATCCTGTGAGGCTGCCAGAGACTCTGCCATCCCTGGAGACACGCTGGGCAACTTC
SDHA.1	67	GCAGAACTGAAGATGGGAAGATTTATCAGCGTGCAATTTGGTGACAGAGCCCTCAAGTTTGAAAGGG
SDPR.1	66	ACCAGCACAAAGATGGAGCAGCGACAGATCAGTTTGGAGGGCTCCGTGAAGGGCATCCAGAATGACC
SELE.1	71	ACACTGGTCTGGCCTGCTACCTACCTGTGAAGCTCCCACTGA3TCCAACATTCCTTTGGTAGCTGGACT TT
SELENBP1.1	67	GGTACCAGCCTCGACACAATGTCATGATCAGCACTGAGTGGCAGCTCCCAATGCTTTACGAGATGG
SELL.1	67	TGCAACTGTGATGTGGGTACTATGGGCCCCCAGTGTCAGTTTGTGATTCAGTGTGAGCCCTTTGGAGG
SELPLG.1	83	TGGCCACTATCTTCTTCGIGTGCACTGTGGTGCTGGCGGTCCGCCCTCTCCCGCAAGGGCCACATGTACC CCGTGCGTAATTAC
SEMA3B.1	71	GCTCCAGGATGTGTTTCTGTTGTCTCTGGGGACACCGGACCCCGCTGCTCTATGCCGTCTTCTCCAC GT
SEMA3C.1	66	ATGGCCATTCTGTGTTCCAGATTCTACCCAACTGGGAAACGGAGGAGGCGGAAGACAAGATGTGAGAC
SEMA3F.3	86	CGCGAGCCCCCTCATTATACACTGGGCAGCCTCCCCACAGCGCATCGAGGAATGCGTCTCTCAGGCAA GGATGTCAACGGCGAGTG
SEMA5B.1	67	CTCAGGACAGCTCCAACATGAGCCTCTGGACCCAGAACATCACCGCCTGTCTGTGCGGAATGTGA
SERPINA5.1	66	CAGCATGGTAGTGGCAAAAGAGAGGTCCAGAGTCTCTGGCCCTTGATGCCCAGCTCAGTGCCACAAAAG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
SFN.1	70	GAGAGAGCCAGTCTGATCCAGAAGGCCAAGCTGGCAGAGCA3GCCGAACGCTATGAGGACATGGCAGCCT
SGK.1	73	TCCGCAAGACACCTCCTGGAGGGCCTCCTGCAGAAAGGACAGGACAAAGGGCTCGGGGCCAAGGATGACITCA
SHANK3.1	68	CTGTGCCCTCTACAACCAGGAGAGCTGTGCTCGTGTCTCTCTCCGTGGAGCTAACAGGGATGTCC
SHC1.1	71	CCAACACCTTCTTGGCTTCTGGGACCTGTGTTCTTGTCTGAGCACCTCTCCGGTTGGGTTGGGATAACAG
SILV.1	66	CCGCATCTTCTGCTCTTGTCCTTGGTGAGAAATAGCCCCCTCTCAGTGGGCAGCAGGTCTGAGT
SKIL.1	66	AGAGGCTGAATATGCAGGACAGTTGGCAGAACTGAGGCAGAGATTGGACCATGCTGAGGCCGATAG
SLC13A3.1	66	CTTGCCCTCCAACAAGGTCTGCCCCAGTACTTCTCTCGACACCAACTTCTCTTCTCAGTGGGCT
SLC16A3.1	68	ATGCGACCCACGCTACATGTACGTGTTTCATCTCGGGGGGCCGAGGTGCTCAGCTCCTCCCTGATT
SLC22A3.1	66	ATCGTCAGCGAGTTGACCTTGCTGTGTCAATGCGTGGATGCTGGACCTCACCAAGCCATCCTG
SLC22A6.1	68	TCCGCCA CCTCTTCTGCTCTCCATGCTGTGTTGCCACTAGCTTTCATCTACTATGCGGCTGGTC
SLC2A1.1	67	GCCTGAGTCTGTGCCACATCCACAGGCTTACCCCTGAATGGTTCCATGCCTGAGGGTGGAGACT
SLC34A1.1	66	GCTGAGACCCACTGACCTGCAGACCTCATAGTGGGTGCCAGAGTGTGTCTACGGAGAGAGGCT
SLC7A5.2	70	GCGCAGAGGCCAGTTAAAGTAGATCACCTCCTCGAACCCCACTCCGGTTCCCGCAACCCACAGCTCAGCT
SLC9A1.1	67	CTTCGAGATCTCCCTCTGGATCCTTCTGGCCTGCCTCATGAAGATAGGTTTCCATGTGATCCCCACT
SLIT2.2	67	TTTA CCGATGCACCTGTCCATATGGTTTCAAGGGGCGAGGACTGTGATGTCCCAATTCATGCCTGCAT
SNAI1.1	69	CCCAATCGGAAGCCTAACACAGCGAGCTGCAGGACTCTAATCCAGAGTTTACCTTCCAGCAGCCCTAC
SNRK.1	71	GAGGAAAGTCAAGGCCGGGGCTCCAGTGCAGTAGTTCCGAGAGCCAGTGATGATGATTTCTGAAAGCCGGC
SOD1.1	70	TGAAGAGAGGCATGTTGGAGACTTGGGCAATGTGACTGCTGACAAAGATGGTGTGGCCGATGTGTCTATIT

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
SP3.1	69	TCAAGAGTCTCAGCAGCCAAACCAGTCAAGCCCAAATTGTGCAAGGTATTACACCACAGACAATCCATGG
SPARC.1	73	TCCTCCCTGTACACTGGCAGTTCGGCCAGCTGGACCAGCACCCCAATTGACGGGTACCTCTCCACACCG AGCT
SPARCL1.1	67	GGCACAGTGCAAGTGATGACTACTTCATCCCAAGCCAGGCCCTTCTGGAGGCCGAGAGCTCAATC
SPAST.1	66	CCTGAGTTGTTACAGGGCTTAGAGCTCCTGCCAGAGGGCTGTTACTCTTTGGTCCACCTGGGAAT
SPHK1.1	67	GGCAGCTTCTTGAACCAATTATGCTGGCTATGAGCAGGTCACCAATGAAGACCTCCTGACCAACTGC
SPRY1.1	77	CAGACCAGTCCCTGGTCATAGGTCTGAAAGGGGCAATCCGGACCCAGCCCAAGCAACTGATTGTGGATGA CTTGAAGG
SQSTM1.1	69	GGACCCGCTACAGGTGAACCTCCAGTCCCTACAGATGCCAGAATCCGAAGGGCCAAGCTCTCTGGACCC
STAT1.3	81	GGGCTCAGCTTTCAGAAGTGTGAGTTGGCAGTTTCTCTGTGTCACCAAAAGAGGTCTCAATGTGGACCA GCTGAACATGT
STAT3.1	70	TCACATGCCACTTTGGTGTTCATAATCTCCTGGGAGAGATTGACCAGCAGTATAGCCGCTTCTCTGCAAG
STAT5A.1	77	GAGGCGCTCAACATGAAATTCAAGGCCGGAAGTGCAGAGCAACCGGGCCCTGACCAAGGAGAACCTCGT GTTCTCTGGC
STAT5B.2	74	GAGGCGCTCAACATGAAATTCAAGGCCGGAAGTGCAGAGCAACCGGGCCCTGACCAAGGAGAACCTCGT GTTCTCTGGC CCAGTGTGGTGATCG TCATGGCAGCCAGGACAAACAATGCGACGGCCACTGTTCTCTGGGACAATGCT TTTGC
STC2.1	67	AAGGAGGCCATCACCCACAGCGTGCAGGTTCAAGTGTGAGCAGAACTGGGGAAGCCTGTGCTCCATCT
STK11.1	66	GGACTCGGAGACGCTGTGCAGGAGGGCCGTCAGATCCTCAAGAAGAAGAACTTGCGAAGGATCCC
STK15.2	69	CATCTTCCAGGAGGACCACTCTCTGTGGCACCCCTGGACTAGGTGCCCCCTGAAATGATTGAAGGTCGGA
STK4.1	66	GAGCCATCTTCTGCAACTTTACCTCTTTCCCTCAGATGGGGAGGCCATGACTGGGTTGCACCTCAG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
STMY3.3	90	CC TGGAGGCTGCAACATACCTCAATCCTGTCCAGGCCGGATCCTCCTGAAGCCCTTTTCGACGCACTGCTATCCTCCAAAGCCATTGTA
SUCLG1.1	66	CCAAGCCTGTAGTGCTCTTCATTGCTGGTTAACTGCTCCTCTGGGAGAAGAATGGGTCATGCCG
SULT1C2.1	67	GGGACCCAAAGCATGAATTCGGAAGGTGATGCAGTTCATGGAAAGAAGGTGATGAACACAGTGCT
SURV.2	80	TGTTTGGATTCCCGGCTTACCAGGTGAGAAAGTGAGGGAGGAAGAAGGCAGTGTCCTTTTGTAGAGCTGACAGCTTG
TACSTD2.1	80	ATCACCAACCGGAGAGAAAGTCGGGGAAGTACAAGAAGGTGGAGATCAAGGAAC TGGGGGAGTTGAGAAA GGAACCGAGCTT
TAGLN.1	73	GATGGAGCAGGTGGCTCAGTTCTCTGAAGCGGGCTGAGGACTATGGGGTCATCAAGACTGACATGTTCCAGACT
TAP1.1	72	GATGCTGCTGAAAGTGGGAATCCTCTACATTGGTGGGCAGCTGGTGACCAGTGGGGCTGTAAGCAGTGGGA
TCF4.1	67	CACACCCTGGAATGGGAGACGCATCGAATCACATGGGACAGATGTAAAGGGTCCAAGTTGCCACAT
TCOF1.2	66	AGCGAGGATGAGGACGTGATCCCGCTACACAGTGCTTGACTCCTGGCATCAGAACCAATGTGGTG
TEK.1	76	ACTTCGGTGCTACTTTAAACAACTTACATCCAGGGAGCAGTACGTGGTCCGAGCTAGAGTCAACACCCAAGGCCAGG
TERT.1	85	GACATGGAGAACAAAGCTGTTTGGGGGATTGGGGGGACGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCCTC
TFAP2B.1	67	CGTCTGACGTGCGAGAGACGCGATGGACGCGCCTTGCTCTTACTGTGCAGGTCCTGAGAGCGGTGCG
TFAP2C.1	68	CATGCCTCACCAGATGGACGAGGTGCAGAAATGTCGACGACCAACCTGTTGCTGCACGATCAGACAG
TFPI.1	69	CCGAATGGTTTCCAGGTGGATAATATGGAACCCAGCTCAATGCTGTGAATAACTCCCTGACTCCGCCAA
TGFA.2	83	GGTGTGCCACAGACCTTCCTAGTTGGCCCTGTAACTACCTGAGGCTTTTGGGGGCTTCAAAAGCTCTGTC AAGAAGCTCCGT

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón	(continuación)
TGFM.1	80	CTGTATTTAAGGACACCCGTCGCCCAAGCCACCTGGGGCCCATTAAGATGGAGAGAGGAC TGUGG ATCTCTGTGTCA	
TGFB2.2	75	ACCAGTCCCCCAGAGACTATCCTGAGCCCGAGGAAGTCCCCCGGAGG TGA T TCCATCTACACAGG ACCAGG	
TGFB1.1	67	GCTACGAGTGCTGCTCGGATATGAAAAGGTCCTGGGGAGAAGGCTGTCCAGCAGCCCTACCACT	
TGFB1.1	67	GTCATCACCTGGCCTTGCTCTGTGGAAGTGGCAGCTGTCTTGCTGGACCAAGTGTCTTCGTCTGC	
TGFB2.3	66	AACACCAATGGGTTCCATCTTTCTGGGCTCCTGATTGCTCAAGCACAGTTTGGCCTGATGAAGAGG	
THBD.1	68	AGATCTGCGACGGACTGCGGGGCCACCTAATGACAGTGCGCTCCTCGGTGGCTGCCGATGTCAATTCC	
THBS1.1	85	CATCCGCAAGTGACTGAAGAGAGACAAAGAGTTGGCCAATGAGCTGAGCGGGCCTCCCTATGCTATCA CAACGGAGTTCAGTAC	
TIMP1.1	76	TCCCTGCGGTCCCAGATAGCCTGAATCCTGCCCGGAGTGAAGCTGAAGCCTGCACAGTGTCCACCT GTTCCAC	
TIMP2.1	69	TCACCCCTCTGTGACTTCATCGTGCCCTGGGACACCCCTGAGCACCCACCCAGAGAAGAGCCCTGAACCACA	
TIMP3.3	67	CTACCTGCCTTGCTTTGTGACTTCCAAGAACGAGTGCTCTCTGGACCGACATGCTCTCCAATTCGGT	
TK1.2	84	GCCGGGAAGACCGTAATTGTTGGCTGCACTGGATGGGACCTTCCAGAGGAAGCCATTGGGGCCATCCT GAACCTGTTGCCGCTG	
TLR3.1	71	GGTTGGGCCACCTAGAAGTACTTGACCTGGGCTTAATGAAATTGGGCAAGAACTCACAGGCCAGGAAT GG	
TMEM27.1	75	CCCTGAAAGAATGTTGTGGCTGCTCTTTTCTGGTGACTGCCATTATGCTGAACTCTGTCAACCAGGT GCAGA	
TMEM47.1	71	GGATTCCACTGTTAGAGCCCTTACCGCCTGCTTATCCTACCC.AATGACTACATTGGCTGTTGGTTATTG C	
TMSB10.1	68	GAAATCGCCAGCTTCGATAAGGCCAAGCTGAAGAAAACGGAGACGCGAGAGAAGAACACCCCTGCCGAC	
TNF.1	69	GGAGAAGGGTGACCGACTCAGCGCTGAGATCAATCGGCCCGGACTATCTCGACTTTGCGCGAGTCTGGGC A	

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
TNFAIP3.1	68	ATCGTCTTGGCTGAGAAAGGGAAGACACACAAAGTCGCGTGGTTGGAGAGCCAGAGCCATTCCAC
TNFAIP6.1	67	AGGAGTGAAGATGGGATGCCTATTGCTACAACCCACACGCAAGAGAGTGTGGTGGCGTCTTTACAG
TNFRSF10C.3	67	GGAGTTTGACCAGAGATGCAAGGGGTGAAGGAGCGCTTCCCTACCGTTAGGGAACCTCTGGGACAGAG
TNFRSF10D.1	66	CTCTCGCTTCTGGTGTGTGAAGTGAAGTCCCTGGGATGCCCTTTTAGGGCAGAGATTCCCTGAGC
TNFRSF11B.1	67	TGGCGACCAAGACACACCTTGAAGGGCCCTAATGCACGCACCTAAAGCACCTCAAGACGTAACCACTTTCC
TNFRSF1A.1	71	ACTGCCCTGAGCCCAATGGGGGAGTGAGAGGCCATAGCTGCTGGCATGGGCTCTCCACCGTGCCT GAC
TNFSF12.1	68	TAGGCCAGGAGTTCCCAATGTGAGGGGGGAGAAACAAAGACAAGCTCCTCCCTTGAGAAATCCCTGTG
TNFSF13B.1	80	CCTACGCCATGGGACATCTAATTCAGAGGAAGAGGTCCTATCTCTTTGGGGATTAATTGAGTCTGGTGA CTTTGTTTCGA
TNFSF7.1	67	CCAACTCACTGGGACATTTTGCCTTCCGGAACACTGATGAGACCTTCTTTGGAGTGCAGTGGGT
TNIP2.1	66	CATGTCAGAAAGGGCCGATCGGGGAACGGCTCAAAGTAGGATTCAAGAACTGGAGGAAAGGTGCG
TOP2A.4	72	AATCCAAGGGGGAGAGTGTGACTTCCATATGGACTTTGACTCAGCTGTGGCTCTCGGGCAAAATCTG TAC
TOP2B.2	66	TGTGGACATCTTCCCTCAGACTTCCCTACTGAGCCACCTTCTCTGCCACGAACCGGTGGGGCTAG
TP.3	82	CTATATGCAGCCAGAGATGTGACAGCCACCGTGGACAGGCTGCCACTCATCACAGGCTCCATTCTCAGT AAGAACTCGTGG
TRAIL.1	73	CTTCACAGTGTCTCCTGCAGTCTCTCTGTGTGGCTGTAACTTACGTGTACTTTACCAACGAGCTGAAGCAG ATG
TS.1	65	GCCTCGGTGTGCCCTTCAACATCGCCAGCTGCCCTGCTCAGTACATGATTGGCCACATCAGC
TSC1.1	66	TCACCAAAATCTCAGCCCGCTTCTCCTCATCGTTTCAGCCGATGTACACCCAGCCCTTATGCTGACAC
TSC2.1	69	CACAGTGGCCTCTTCTCCTCCTGTACCAGTCCAGTGGCCAGGACAGCTGCACAGGAGCGTTTCCTG
TSPAN7.2	67	ATCACTGGGGTGATCCTGCTGGCTGTTGGAGTCTGGGGCAAACTTACTCTGGGCACCTATATCTCCC

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
TSPAN8.1	83	CAGAAATCTCTGCAGGCAAGTTGCTCCAGAGCATATTGCAGGACAAGCCTGTAAAGTAATGTTAAATTCA CGGCATCTGGATT
TUBB.1	73	CGAGGACGAGGCTTAAAAACTTCTCAGATCAATCGTGCATCCTTAGTGAACCTTCTGTGTCTCAAGCAT GGT
TUSC2.1	68	CACCAAGAACGGGCAGAGCGGGCAAGCTGAGGCGAGTGCATAAGAATCTGATTCCTCAGGGCATCG
tusc4.2	68	GGAGGAGCTAAATGCCCTCAGGCCGGTGCACTCTGCCCATTTGATGAGTCCAACACCATCCACTTGAAGG
TXLNA.1	68	GCCAGAACGGCTCAGTCTGGGGCCCTTCGTGATGTCTCTGAGGAGCTGAGCCGCCAACTGGAAGACAT
UBB.1	522	GAGTCGACCCCTGCACCTGGTCTCGTCTGAGAGGTGGTAT3CAGATCTTGGTGAAGACCCCTGACCCGG CAAGACCATCACCTTGAAGTGGAGCCAGTGACACCATCGAAATGTGAAGCCCAAGATCCAGGATAA AGAAGGCATCCCTCCGACCCAGCAGAGGCTCATCTTTGCAGGCAAGCAGCTGGAAGATGGCCGCACTC TTTCTGACTACAACATCCAGAGGAGTGCACCTGCACCTGGTCTCGCTCTGAGAGGTGGTATGCAGA TCTTGTGTAAGACCCCTGACCGGCAAGACCATCACTCTGAGTGGAGCCCAAGTGACACCATCGAAAATG TGAAGGCCAAGATCCAAGATAAAGAAAGGCATCCCTCCGACCAAGCAGAGGCTCATCTTGCAGGCAAGC AGCTGGAAGATGGCCGCACTCTTCTGACTACAACATCCAGAAAGGAGTCGACCCCTGCACCTGGTCTCTGC GCCTGAGGGGTGGCTGTTAATCTTCAGTCATGGCATTCGC
UBE1C.1	76	GAATGCACGCTGGAACCTTATCCACCACAGGTAAATTTTCCCATGTGCACCATTCATCTATGCCACGGC TACCAG
UBE2C.1	67	TGCTGGCGATAAAGGGATTCTGCCTTCCCTGAATCAGACAACCTTTTCAAATGGGTAGGGACCAT
UBE2T.1	67	TGTTCTCAAATTGCCACCACAAAGGTGCTTGGAGACCATCCCTCAACATCGCAACTGTGTGACCTCT
UGCG.1	73	GGCAACTGACAAACAGCCTTATAGCAAGCTCCAGGTGCTCTCTTCTGAAACCACTGAAAGGGGTAGAT CCT
UMOD.1	66	GCGTGGACCTGGATGAGTGCGCCATTCTCTGGAGCTCACAACCTGCTCCGCCAACAGCAGCTGCGTAA
upa.3	70	GTGGATGTGCCCTGAAGGACAAGCCAGGCGTCTACACGAGAGTCTCACACTTCTTACCCTGGATCCGCA TG

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
USP34.1	70	GTGGATGTGCCCTGAAGGACAAGCCAGGCGTCTACAGGAGTCTCACACTTCTTACCCTGGATCCGCA G AAGCTGTGATGGCCAAAGCTTTGCCCTCCAGGACCCCTGAGGTTGCTTTATCTC CAGTTGTGGCCATTCC C TGGCTTCAGGAGCTGAATACCCCTCCAGGACACACAGGTTGGACACAAATAAGGGTTTGGAAACCACCT ATTTCTCATCAGCAGCA
VCAM1.1	89	TGGCTTCAGGAGCTGAATACCCCTCCAGGACACACAGGTTGGACACAAATAAGGGTTTGGAAACCACCT ATTTCTCATCAGCAGCA
VCAN.1	69	CCTGCTACACAGCCCAAGACACCCACTGTGGAAGACAAAGAGGCCCTTTGGACCTCAGGCGCTTTCT
VDR.2	67	GCCCTGGATTCAGAAAGAGCCAAAGTCTGGATCTGGGACCCCTTCCCTCCCTGGCTTGTAACCT
VEGF.1	71	CTGCTGTCTTTGGGTGCAATTGGAGCCTTGCCCTTGCTGCTCTACCTCCACCATGCCAAGTGGTCCCAGGCT GC
VEGFB.1	71	TGACGATGGCCCTGGAGTGTGTGCCCACTGGGCAGCACCAAGTCCGGATGCAGATCCTCATGATCCGGT ACC
VHL.1	67	CGGTTGGTGACTTGTCTGCCCTCCGCTTTGGGAAGACTGAGGCATCCGTGAGGCAGGACAAAGTCTT
VIM.3	72	TGCCCTTAAAGGAACCAATGAGTCCCTGGAAACGCCAGATCGGTGAAATGGAAGAGAACTTTGCCGTTGA AGC
VTCN1.1	70	ACAGTGGTCTGGGCAATCCCAAGTTGACCAGGGAGCCAACTTCTCGGAAGTCTCCAATACCAGCTTTGAG C
VTN.1	67	AGTCAATCTTCGCACACGGCGAGTGGACACTGTGGACCCCTCCCTACCCACGCTCCATCGCTCAGTAC
VWF.1	66	TGAAGCACAGTGCCCTCTCCGTCGAGCTGCAAGTGACATGGAGGTGACGGTGAATGGGAGACTGG
WIF.1	67	AACAAGCTGAGTGCCCGAGGCGTCCGAAATGGAGGCTTTTGTATGAAAGACGCATCTGCGAGTG
WISP1.1	75	AGAGGCATCCATGAACCTTCACACTTGGGGGCTGCATCAGCACACGCTCCTATCAACCCCAAGTACTGTGG AGTTTG
WT1.1	66	TGTACGGTGGCATCTGAGACCAGTGAGAAACGCCCTTTCATGTGTGCTTACCCAGGCTGCAATAA
WVIX.5	74	ATCGCAGCTGGTGGGTGTACACACTGCTGTTTACCTTGGCGAGGCCCTTTCACCAAGTCCATGCAACAGG GAGCT

(continuación)

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
XDH.1	66	TGGTGGCAGACATCCCTTCCTGGCCAGATACAAGGTTGGCTTCATGAAGACTGGGACAGTTGTGGC
XIAP.1	77	GCAGTTGGAAGACACAGGAAAGTATCCCCAAATTGCAGATTTATCAACGGCTTTTATCTTGAAAAATAGTG CCACGCA
XPNPEP2.2	72	CACCCCTGCACCTGAACATACCCCAAGAGGCCCTGCTGGCCCAATTGCCTAGAAACCTTTGCATTTCATCCTCC :TT
YB-1.2	76	AGACTGTGGAGTTTGATGTTGTTGAAGGAGAAAGGGTCCGGAGGCCAGCAATGTTACAGGTCCTGGTG GTGTTCC
ZHX2.1	67	GAGTACGACCAGTTAGCGGGCCAAGACTGGCCTGGTCCGAACTGAGATTGTGCGTTGGTTCAAGGAGA

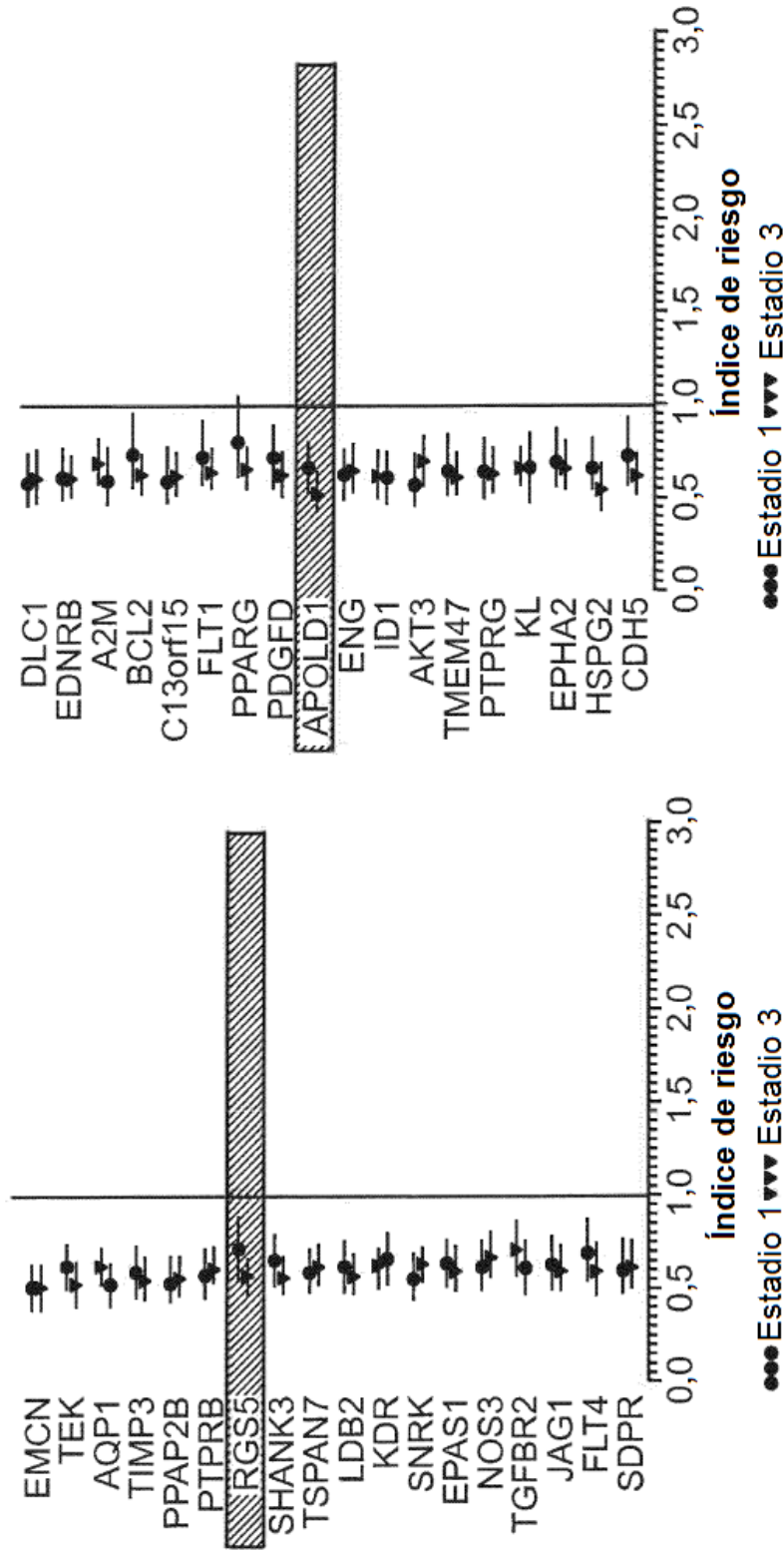
REIVINDICACIONES

1. Un método que comprende:

- 5 (a) medir, en una muestra biológica obtenida de un paciente de cáncer con carcinoma de células renales con células claras, un nivel de expresión de al menos un transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1; (b) normalizar el nivel de expresión para obtener un nivel de expresión normalizado; y (c)
- 10 (i) determinar una probabilidad de recidiva de cáncer para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado de al menos un transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que los niveles de expresión normalizados de LMNB1 se correlacionan positivamente con un mayor riesgo de recidiva de cáncer; o
- 15 (ii) determinar una probabilidad de un estadio tumoral aumentado para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado de al menos un transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que el nivel de expresión normalizado de LMNB1 se correlaciona positivamente con estadio aumentado del tumor; o
- 20 (iii) determinar una probabilidad de un grado tumoral aumentado para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado del transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que el nivel de expresión normalizado de LMNB1 se correlaciona positivamente con grado tumoral aumentado; o
- (iv) determinar la presencia de necrosis para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado del transcrito de ARN, o su producto de expresión, de LMNB1, en el que el nivel de expresión normalizado de LMNB1 se correlaciona positivamente con la presencia de necrosis.
- 25 2. Un método como se reivindica en la reivindicación 1c)i), que comprende además llevar a cabo una evaluación del riesgo de recidiva y generar un informe basándose en una puntuación de riesgo.
3. Un método como se reivindica en la reivindicación 1, donde la muestra biológica se obtuvo de un tumor.
- 30 4. Un método como se reivindica en la reivindicación 1, en el que la muestra biológica es una muestra de tejido fijado, incluido en parafina.
5. Un método como se reivindica en la reivindicación 1c)i), en el que se miden los niveles de expresión de al menos dos genes.
- 35 6. Un método como se reivindica en cualquier reivindicación precedente, en el que el nivel de expresión del transcrito de ARN se mide usando un método basado en PCR.

Consistencia entre Estado I y III para genes a modo de ejemplo asociados a RFI

Comparación de índices de riesgo para genes basándose en el Estado



* análisis sin ajustar

- Los genes sombreados tienen interacción significativa con el estado
- 195 genes tienen interacciones significativas con el estado $p < 0,10$

FIG. 1a

Consistencia entre Estado I y III para genes a modo de ejemplo asociados a RFI

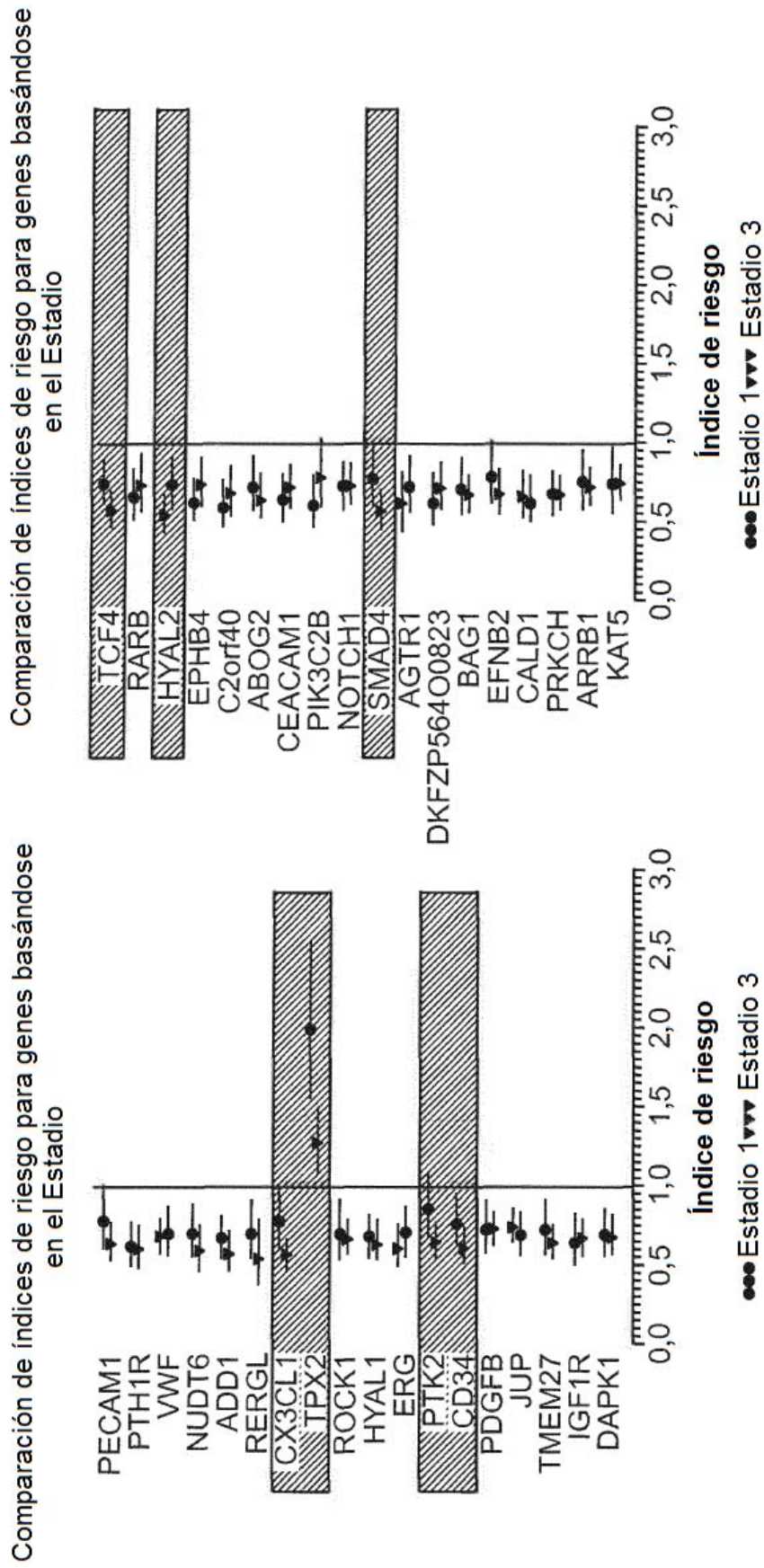
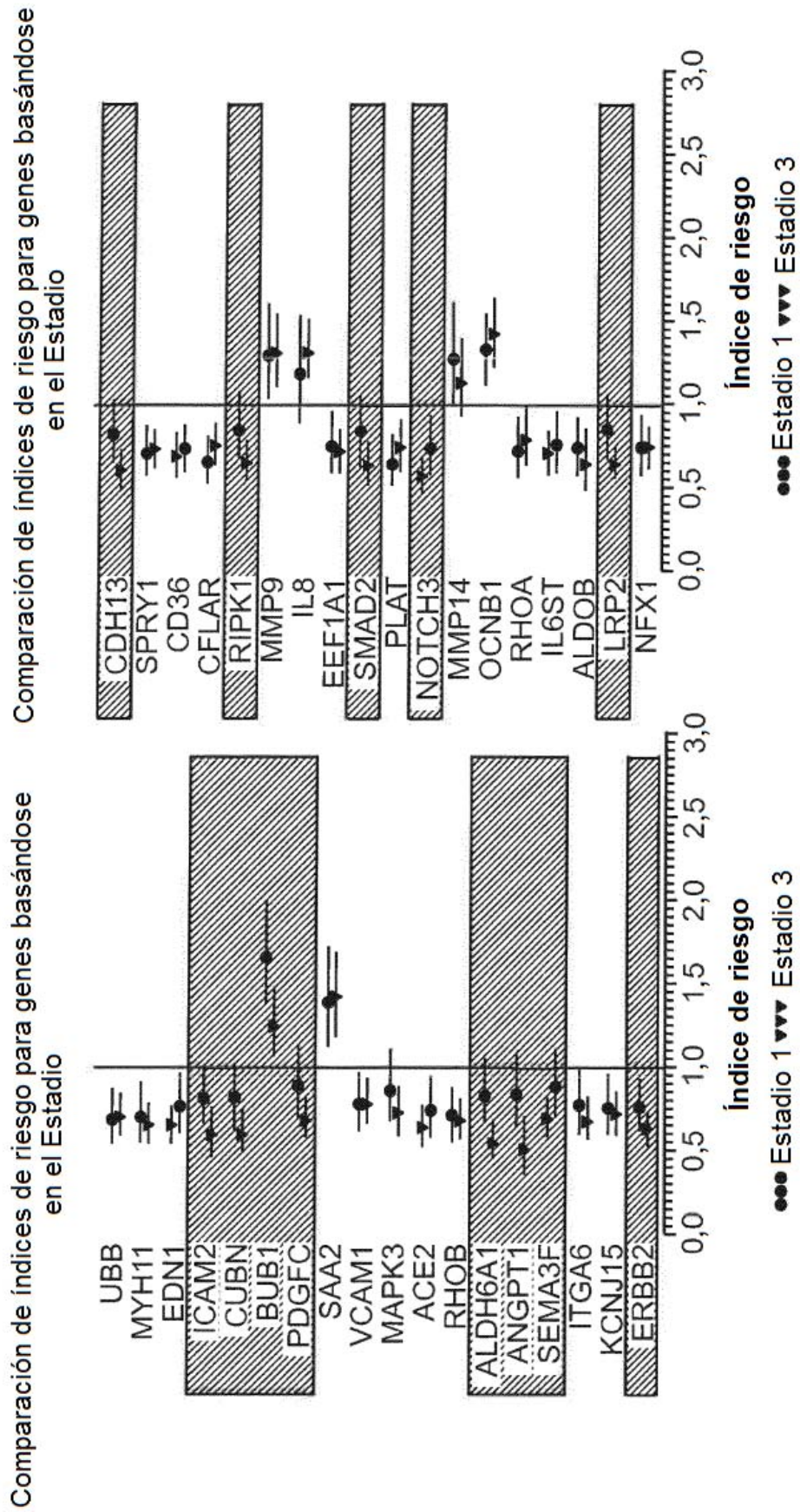


FIG. 1b

Consistencia entre Estado I y III para genes a modo de ejemplo asociados a RFI



* análisis sin ajustar

Los genes sombreados tienen interacción significativa con el estado

FIG. 1c

Resultado consistente a través de puntos finales (RFI y OS) para genes a modo de ejemplo

Comparación de índices de riesgo para genes basándose en el Resultado

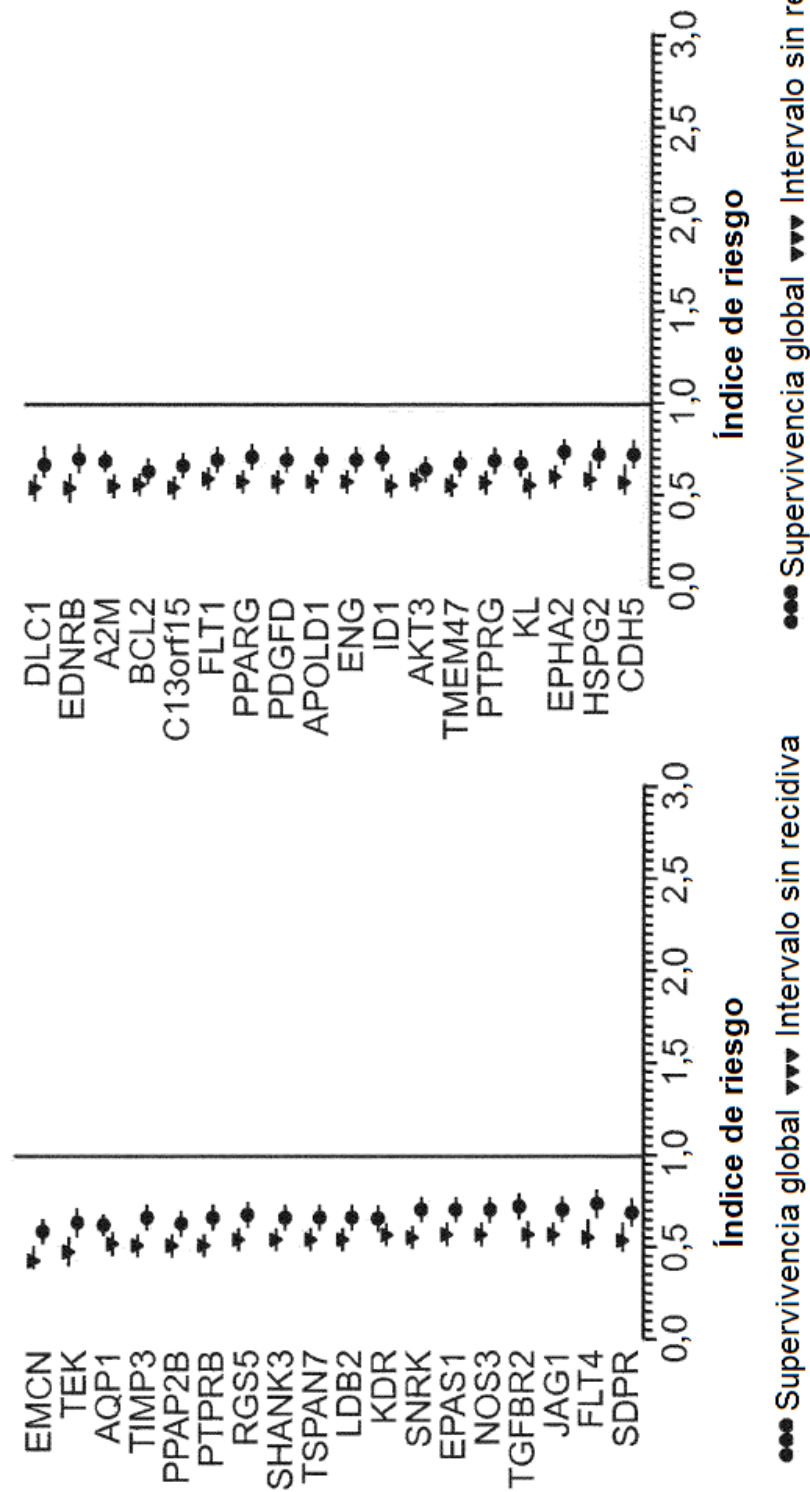


FIG. 2

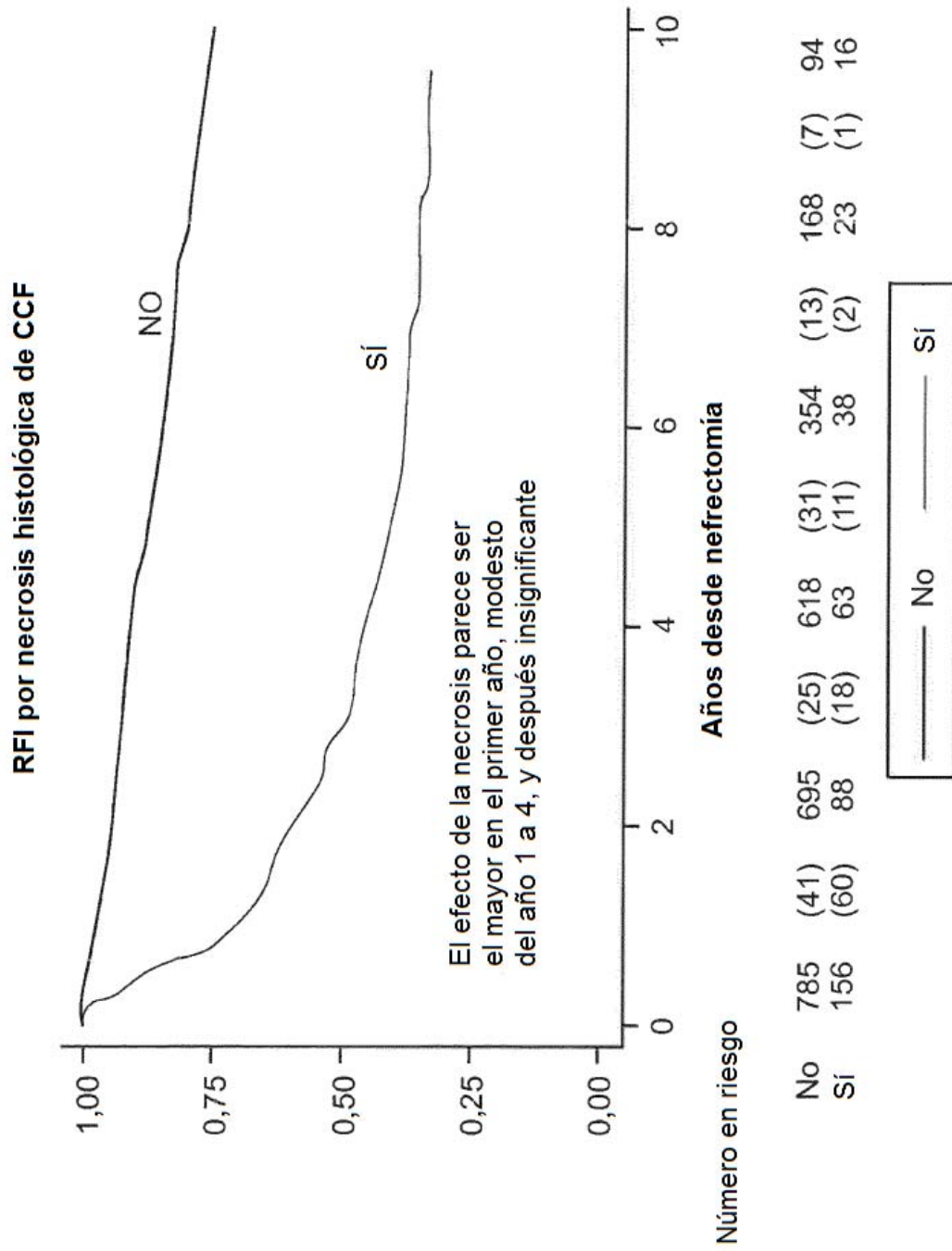
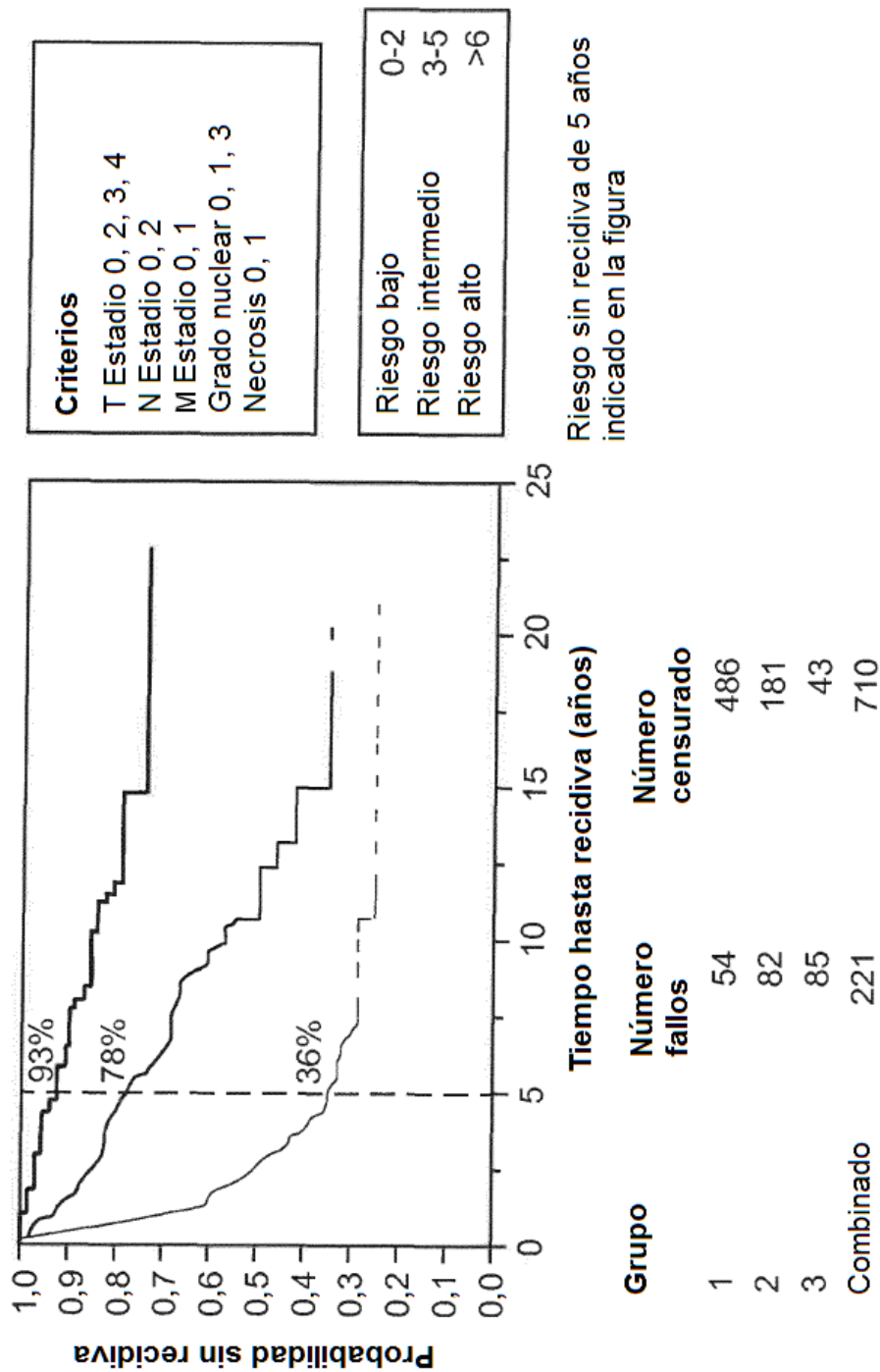


FIG. 3

Rendimiento de herramienta de pronóstico de Mayo¹ aplicada a datos de CCF

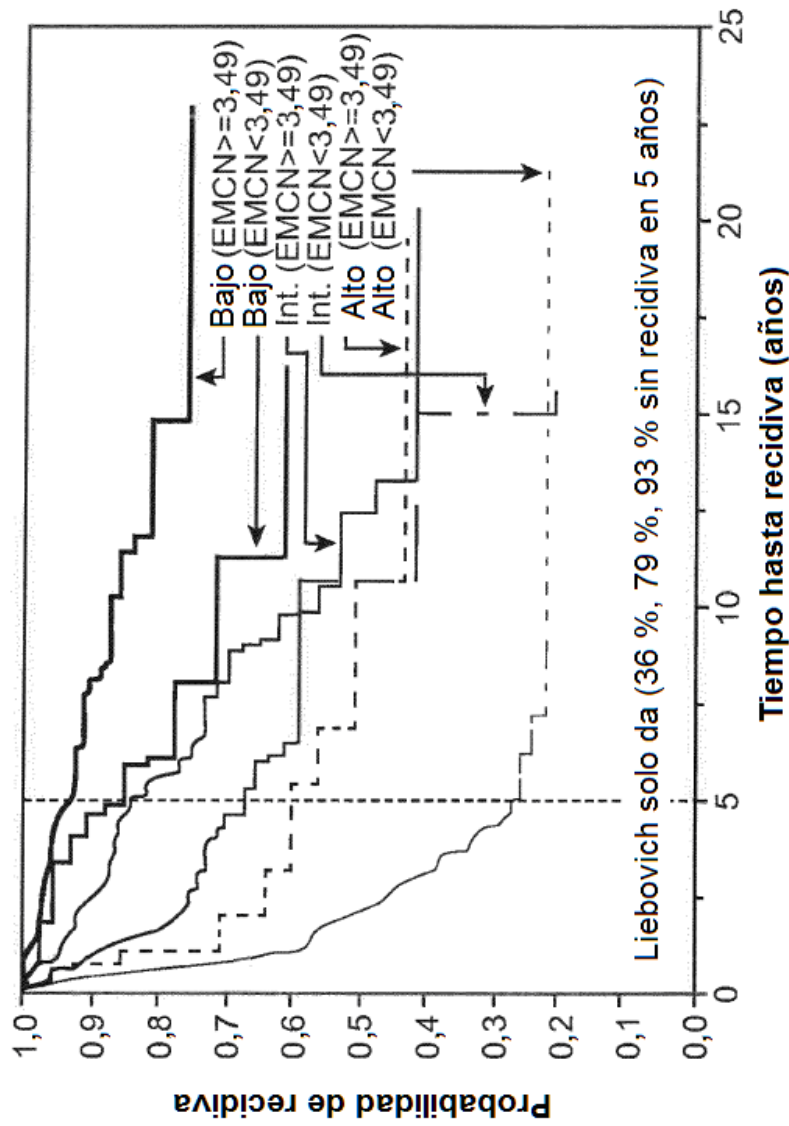


1. Leibovich BC, Blute ML, Cheville JC, et al. Prediction of progression after radical nephrectomy for patients with clear cell renal cell carcinoma. Cancer 2003;97:1663-1671

"Riesgo sin recidiva de 5 años" significa proporción sin recidiva en 5 años

FIG. 4

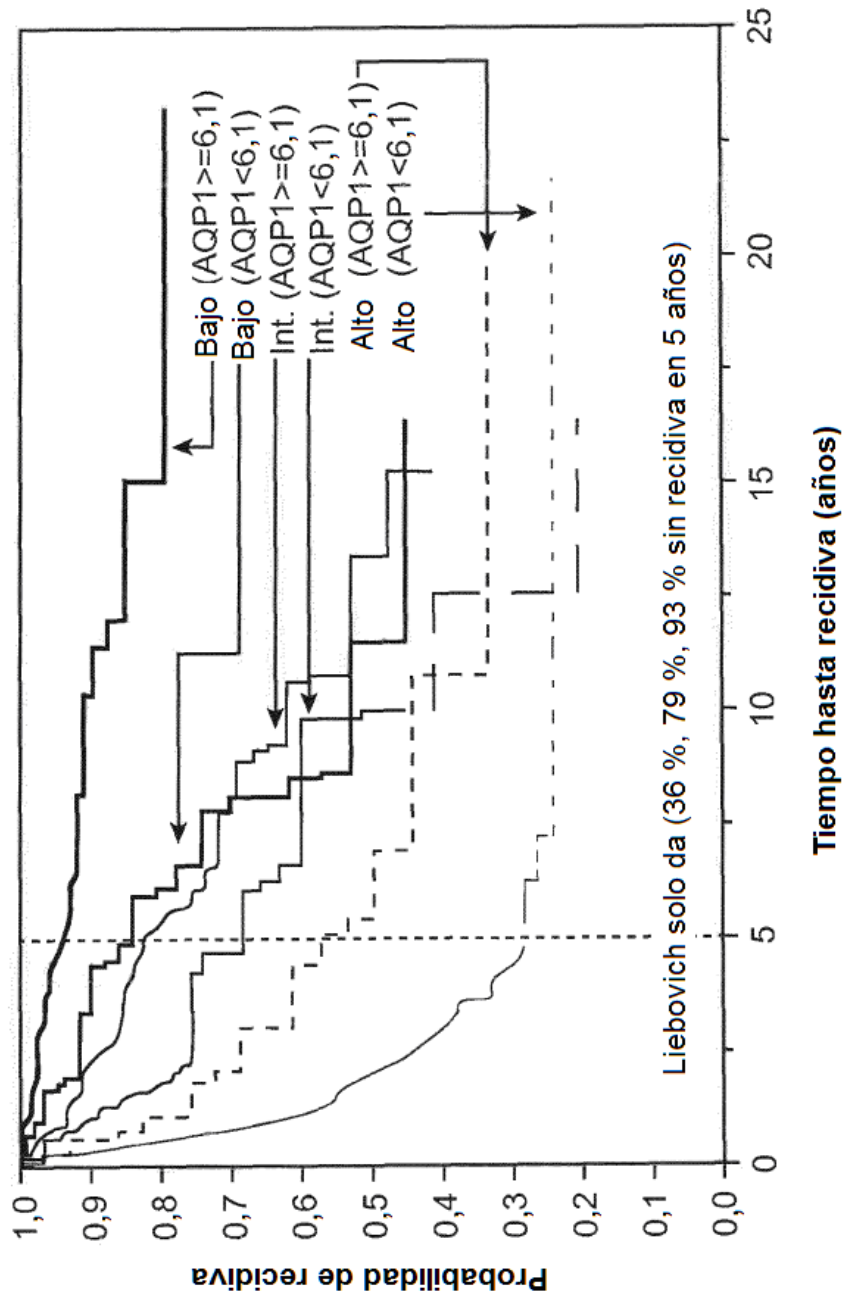
Ejemplo de uso de 1 gen para mejorar la predicción: EMCN además de los criterios de Mayo (Leibovich *et al.*)



- Punto de corte para EMCN obtenido examinando los cuartiles de la expresión de EMCN y sus curvas KM para RFI
- EMCN da buena separación más allá de las covariables clínicas/patológicas
- Resultados similares con otros genes clave nombrados anteriormente

FIG. 5

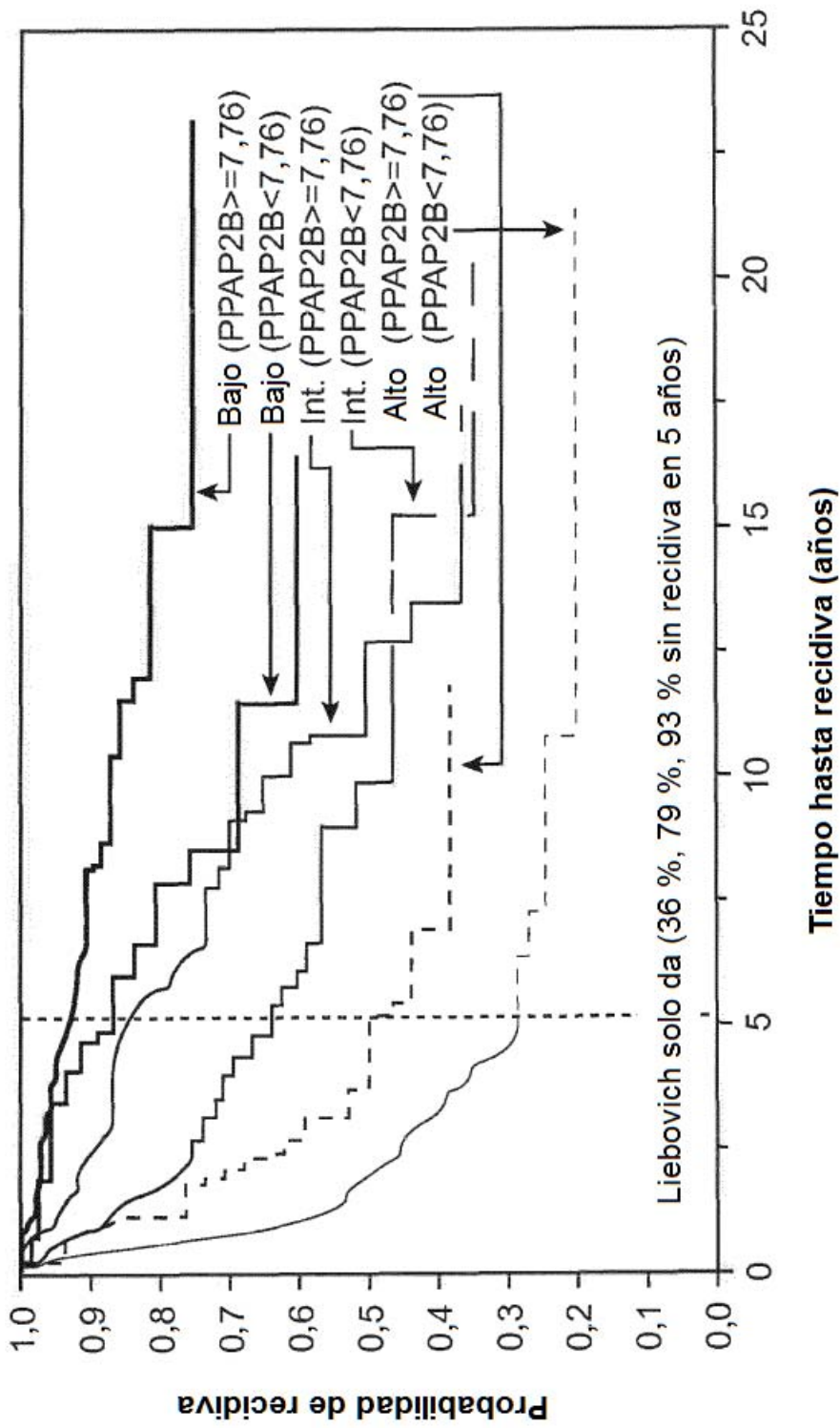
Ejemplo de uso de 1 gen para mejorar la predicción: AQP1 además de los criterios de Mayo (Leibovich et al.)



Punto de corte para AQP1 obtenido examinando los cuartiles de la expresión de AQP1 y sus curvas KM para RFI

FIG. 6

Ejemplo de uso de 1 gen para mejorar la predicción: PPAP2B además de los criterios de Mayo (Leibovich et al.)



Punto de corte para PPAP2B obtenido examinando los cuartiles de la expresión de PPAP2B y sus curvas KM para RFI

FIG. 7