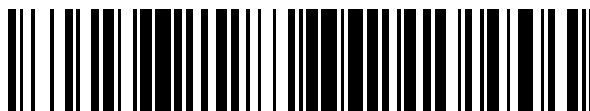


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 735 993**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/68

(2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **19.11.2010 PCT/US2010/057490**

87 Fecha y número de publicación internacional: **26.05.2011 WO11063274**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **19.11.2010 E 10832289 (2)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **05.06.2019 EP 2504451**

54 Título: **Métodos para predecir el resultado clínico del cáncer**

30 Prioridad:

23.11.2009 US 263763 P

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

23.12.2019

73 Titular/es:

**GENOMIC HEALTH, INC. (100.0%)
301 Penobscot Drive
Redwood City, CA 94063, US**

72 Inventor/es:

**BAKER, JOFFRE B.;
CRONIN, MAUREEN T.;
COLLIN, FRANCOIS y
LIU, MEI-LAN**

74 Agente/Representante:

ISERN JARA, Jorge

ES 2 735 993 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

Métodos para predecir el resultado clínico del cáncer

5 INTRODUCCIÓN

Los oncólogos disponen de varias opciones de tratamiento, incluidas diferentes combinaciones de regímenes terapéuticos calificados como "tratamiento de referencia". El beneficio absoluto del tratamiento adyuvante es mayor en aquellos pacientes que presentan un mal pronóstico, y esto ha dado como resultado la política de seleccionar únicamente a los llamados pacientes "de alto riesgo" para la quimioterapia adyuvante. Véase, por ejemplo, S. Paik, et al., J Clin Oncol. 24(23):3726-34 (2006). Por consiguiente, la mayor probabilidad de obtener un buen resultado con el tratamiento requiere que se asigne a los pacientes el mejor tratamiento para el cáncer disponible, y que esta asignación se realice lo más rápido posible después del diagnóstico.

En el sistema de salud actual abundan las ineficiencias y el desperdicio de dinero. Un ejemplo de esto es que la tasa de eficacia de muchas terapias oncológicas funciona solamente aproximadamente el 25% de las veces. Muchos de los pacientes que padecen cáncer experimentan efectos secundarios tóxicos a causa de terapias costosas que pueden no funcionar. Este desequilibrio entre los altos costes del tratamiento y la baja eficacia terapéutica a menudo es consecuencia de tratar un diagnóstico específico de una única forma en una población de pacientes diversa. Esto está comenzando a cambiar con la llegada de las herramientas de perfiles genéticos, prueba genómica y diagnóstico avanzado.

En particular, una vez que se diagnostica cáncer de mama a la paciente, existe una gran necesidad de contar con métodos que permitan al médico predecir el transcurso esperado de la enfermedad, incluida la probabilidad de recidiva del cáncer, la supervivencia a largo plazo de la paciente, y similares, así como de seleccionar la opción de tratamiento más adecuada. Los factores pronóstico y de predicción aceptados en el cáncer de mama incluyen la edad, el tamaño del tumor, el estado de los ganglios linfáticos axilares, el tipo histológico del tumor, el grado patológico y el estado del receptor de hormonas. No obstante, se ha demostrado que con el diagnóstico molecular se identifican más pacientes con un riesgo bajo de cáncer de mama de las que se identificaban con los indicadores pronóstico estándar. S. Paik, The Oncologist 12(6):631-635 (2007).

A pesar de los últimos avances, el reto del tratamiento del cáncer de mama sigue dirigiéndose a regímenes de tratamiento específicos para tipos de tumores patógenamente diferentes y, en última instancia, la personalización del tratamiento del tumor para maximizar el resultado. La predicción precisa del pronóstico y el resultado clínico permitiría al oncólogo adaptar la administración de la quimioterapia adyuvante de forma que las mujeres con un riesgo más alto de recidiva o con un mal pronóstico reciban un tratamiento más agresivo. Asimismo, la estadificación precisa de pacientes basándose en el riesgo adelantaría enormemente la comprensión del beneficio absoluto esperado del tratamiento, lo que aumenta las tasas de éxito de los ensayos clínicos para nuevas terapias contra el cáncer de mama.

Actualmente, la mayoría de las pruebas de diagnóstico utilizadas en la práctica clínica no son cuantitativas, y se basan en la inmunohistoquímica (IHC). Este método habitualmente proporciona diferentes resultados en diferentes laboratorios, en parte debido a que los reactivos no están estandarizados, y en parte debido a que las interpretaciones son subjetivas y no pueden cuantificarse fácilmente. Otros diagnósticos moleculares basados en el ARN requieren tejidos recién congelados, lo que presenta múltiples desafíos, incluidas las incompatibilidades con las prácticas clínicas actuales y las regulaciones del transporte de muestras. El tejido fijado incorporado en parafina se encuentra más fácilmente disponible y se han establecido métodos para detectar el ARN en el tejido fijado. No obstante, estos métodos típicamente no permiten el estudio de una gran cantidad de genes (ADN o ARN) a partir de pequeñas cantidades de material. Por tanto, el tejido tradicionalmente fijado rara vez ha sido utilizado más que para la detección IHC de las proteínas.

Karczewska et al., Cancer, v 88, n.º 9, pág. 2061-2071, 2000, investigan la expresión de IL6, IL6R e IL6ST en cáncer de mama.

55 RESUMEN

La presente invención se define en las reivindicaciones.

La presente invención proporciona un gen, IL6ST, cuyo nivel de expresión se asocian con un buen pronóstico en el cáncer de mama. El buen pronóstico asume que el paciente recibe el tratamiento de referencia. El resultado clínico puede definirse por criterios de valoración clínicos, tal como la supervivencia libre de enfermedad o recidiva, la supervivencia libre de metástasis, la supervivencia global, etc.

La presente invención comprende el uso de material de biopsia incorporado en parafina archivado para el ensayo del gen y, por lo tanto, es compatible con el tipo de material de biopsia más ampliamente disponible. Asimismo, es compatible con varios métodos diferentes de cosecha de tejido tumoral, por ejemplo, mediante la biopsia del núcleo

o la aspiración con aguja fina. La muestra tisular puede comprender células cancerosas.

En un aspecto, la presente divulgación comprende un método para predecir el resultado clínico de un paciente que padece cáncer, que comprende (a) obtener un nivel de expresión de un producto de expresión (por ejemplo, una transcripción de ARN) de al menos un gen pronóstico enumerado en las Tablas 1-12 a partir de una muestra de tejido obtenida de un tumor del paciente; (b) normalizar el nivel de expresión del producto de expresión de al menos un gen pronóstico, para obtener un nivel de expresión normalizado; y (c) calcular una puntuación del riesgo basado en el valor de expresión normalizado, en el que el aumento en la expresión de los genes pronóstico en las Tablas 1, 3, 5 y 7 tiene una correlación positiva con un buen pronóstico, y en el que el aumento en la expresión de los genes pronóstico en las Tablas 2, 4, 6 y 8 se asocia de forma negativa con un buen pronóstico. En algunas formas de realización, el tumor es positivo a receptor de estrógenos. En otras formas de realización, el tumor es negativo a receptor de estrógenos.

En un aspecto, la presente divulgación proporciona un método para predecir el resultado clínico de un paciente que padece cáncer, que comprende (a) obtener un nivel de expresión de un producto de expresión (por ejemplo, una transcripción de ARN) de al menos un gen pronóstico de una muestra de tejido obtenida de un tumor del paciente, donde al menos un gen pronóstico se selecciona de GSTM2, IL6ST, GSTM3, C8orf4, TNFRSF11B, NAT1, RUNX1, CSF1, ACTR2, LMNB1, TFRC, LAPTM4B, ENO1, CDC20, e IDH2; (b) normalizar el nivel de expresión del producto de expresión de al menos un gen pronóstico, para obtener un nivel de expresión normalizado; y (c) calcular una puntuación de riesgo basada en el valor de expresión normalizado, en el que el aumento en la expresión del gen pronóstico seleccionado de GSTM2, IL6ST, GSTM3, C8orf4, TNFRSF11B, NAT1, RUNX1, y CSF1 tiene una correlación positiva con un buen pronóstico, y en el que el aumento en la expresión del gen pronóstico seleccionado de ACTR2, LMNB1, TFRC, LAPTM4B, ENO1, CDC20, e IDH2 se asocia de forma negativa con un buen pronóstico. En algunas formas de realización, el tumor es positivo a receptor de estrógenos. En otras formas de realización, el tumor es negativo a receptor de estrógenos.

En varias formas de realización, se determina el nivel de expresión normalizado de al menos 2, o al menos 5, o al menos 10, o al menos 15, o al menos 20, o al menos 25 genes pronóstico (como se determina mediante el ensayo de un nivel de un producto de expresión del gen). En formas de realización alternativas, se obtienen los niveles de expresión normalizados de al menos uno de los genes que se coexpresan con los genes pronóstico en las Tablas 16-18.

En otra forma de realización, la puntuación de riesgo se determina mediante el uso de niveles de expresión normalizados de al menos un gen del grupo de receptor estromal o de transferrina, o un gen que se coexpresa con un gen del grupo de receptor estromal o de transferrina.

En otra forma de realización, el cáncer es cáncer de mama. En otra forma de realización, el paciente es un paciente humano.

En aún otra forma de realización, el cáncer es cáncer de mama ER positivo.

En aún otra forma de realización, el cáncer es cáncer de mama ER negativo.

En una forma de realización adicional, el producto de expresión comprende ARN. Por ejemplo, el ARN puede ser ARN exónico, ARN intrónico o ARN corto (por ejemplo, microARN, ARNsi, ARN pequeño asociado a promotor, ARNsh, etc.). En diversas formas de realización, el ARN es ARN fragmentado.

En un aspecto diferente, la invención se refiere a una matriz que comprende polinucleótidos que se hibridan con una transcripción de ARN de al menos uno de los genes pronóstico enumerados en las Tablas 1-12.

En aún un aspecto adicional, la invención se refiere a un método para preparar un perfil genómico personalizado para un paciente, que comprende (a) obtener un nivel de expresión de un producto de expresión (por ejemplo, una transcripción de ARN) de al menos un gen pronóstico enumerado en las Tablas 1-12 a partir de una muestra de tejido obtenida de un tumor del paciente; (b) normalizar el nivel de expresión del producto de expresión de al menos un gen pronóstico, para obtener un nivel de expresión normalizado; y (c) calcular una puntuación del riesgo basado en el valor de expresión normalizado, en el que el aumento en la expresión de los genes pronóstico en las Tablas 1, 3, 5 y 7 tiene una correlación positiva con un buen pronóstico, y en el que el aumento en la expresión de los genes pronóstico en las Tablas 2, 4, 6 y 8 se asocia de forma negativa con un buen pronóstico. En algunas formas de realización, el tumor es positivo al receptor de estrógenos, y en otras formas de realización el tumor es negativo al receptor de estrógenos.

En diversas formas de realización, el método objeto puede incluir además proporcionar un informe. El informe puede incluir la predicción de la probabilidad de riesgo de que el paciente tenga un resultado clínico particular.

La invención proporciona además un método implementado por ordenador para clasificar a un paciente de cáncer basándose en el riesgo de recidiva del cáncer, que comprende (a) clasificar, en un ordenador, dicho paciente según

tenga un buen pronóstico o un mal pronóstico basándose en un perfil de expresión que comprende mediciones de los niveles de expresión de los productos de expresión de una pluralidad de genes pronóstico en una muestra tisular de tumor extraída del paciente, comprendiendo dicha pluralidad de genes al menos tres genes pronóstico diferentes enumerados en cualquiera de las Tablas 1-12, en el que un buen pronóstico predice que no habrá recidiva ni metástasis en un periodo predeterminado después del diagnóstico inicial, y en el que un mal pronóstico predice que habrá recidiva o metástasis en el periodo predeterminado después del diagnóstico inicial; y (b) calcular una puntuación de riesgo basándose en dichos niveles de expresión.

DESCRIPCIÓN DETALLADA

DEFINICIONES

A menos que se defina de otro modo, los términos técnicos y científicos usados en el presente documento tienen el mismo significado que el entendido comúnmente por un experto en la técnica a la que pertenece esta invención. Singleton et al., Dictionary of Microbiology and Molecular Biology 2ª ed., J. Wiley & Sons (New York, NY 1994), y March, Advanced Organic Chemistry Reactions, Mechanisms and Structure 4ª ed., John Wiley & Sons (Nueva York, NY 1992), proporcionan a un experto en la técnica orientación general para muchos de los términos usados en la presente solicitud.

Un experto en la técnica reconocerá muchos métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en el presente documento, que podrían usarse en la práctica de la presente invención. De hecho, la presente invención no está limitada de ninguna manera a los métodos y materiales descritos. Para fines de la presente invención, a continuación, se definen los siguientes términos.

"Factores pronósticos" son las variables relacionadas con los antecedentes naturales del cáncer, que tienen influencia en las tasas de recidiva y en el resultado de los pacientes una vez que han desarrollado cáncer. Los parámetros clínicos que se han asociado con un peor pronóstico incluyen, por ejemplo, la implicación de ganglios linfáticos y los tumores de alto grado. Los factores pronósticos se utilizan frecuentemente para clasificar los pacientes en subgrupos con diferentes riesgos de recidiva de los valores de referencia.

El término "pronóstico" se utiliza en el presente documento para referirse a la predicción de la probabilidad de muerte o progresión atribuible al cáncer, incluida la recidiva, la metástasis y la resistencia a fármacos, de una enfermedad neoplásica, tal como cáncer de mama. El término "buen pronóstico" significa un resultado clínico deseado o "positivo". Por ejemplo, en el contexto del cáncer de mama, un buen pronóstico puede ser la expectativa de ninguna recidiva o metástasis dentro de los dos, tres, cuatro, cinco o más años a partir del diagnóstico inicial de cáncer de mama. El término "mal pronóstico" se utiliza en el presente documento para referirse a un resultado clínico no deseado. Por ejemplo, en el contexto del cáncer de mama, un mal pronóstico puede ser la expectativa de recidiva o metástasis dentro de los dos, tres, cuatro, cinco o más años a partir del diagnóstico inicial de cáncer de mama.

El término "gen pronóstico" se utiliza en el presente documento para referirse a un gen, cuya expresión tiene una correlación positiva o negativa con un buen pronóstico para un paciente que padece cáncer tratado con un tratamiento de referencia. Un gen puede ser un tanto un gen pronóstico como predictivo, dependiendo de la correlación del nivel de expresión genética con el criterio de valoración correspondiente. Por ejemplo, mediante el uso de un modelo de riesgo proporcional de Cox, si un gen es únicamente pronóstico, su tasa de riesgo (HR) no cambia cuando se mide en pacientes tratados con el tratamiento de referencia o en pacientes tratados con una nueva intervención.

El término "gen predictivo" se utiliza en el presente documento para referirse a un gen, cuya expresión tiene una correlación positiva o negativa con respuesta a una respuesta beneficiosa al tratamiento. Por ejemplo, el tratamiento puede incluir quimioterapia.

Los términos "puntuación de riesgo" o "clasificación de riesgo" se utilizan de forma intercambiable en el presente documento para describir un nivel de riesgo (o probabilidad) de que un paciente experimente un resultado clínico particular. Un paciente puede clasificarse en un grupo de riesgo o clasificarse en un nivel de riesgo basándose en los métodos de la presente divulgación, por ejemplo, riesgo alto, medio o bajo. Un "grupo de riesgo" es un grupo de sujetos o individuos con un nivel similar de riesgo para un resultado clínico particular.

Un resultado clínico puede definirse mediante el uso de diferentes criterios de valoración. El término supervivencia "a largo plazo" se utiliza en el presente documento para referirse a la supervivencia durante un determinado periodo de tiempo, por ejemplo, durante al menos 3 años, más preferiblemente durante al menos 5 años. El término "supervivencia sin recidiva" (RFS) se utiliza en el presente documento para referirse a la supervivencia durante un periodo de tiempo (habitualmente en años) desde la aleatorización hasta una primera recidiva del cáncer o la muerte debido a la recidiva del cáncer. El término "supervivencia global" (OS) se utiliza en la presente para referirse al tiempo (en años) desde la aleatorización hasta la muerte por cualquier causa. El término "supervivencia sin enfermedad" (DFS) se utiliza en la presente para referirse a la supervivencia durante un periodo de tiempo (habitualmente en años) desde la aleatorización hasta una primera recidiva del cáncer o la muerte por cualquier

causa.

El cálculo de las mediciones enumeradas anteriormente en la práctica puede variar de un estudio a otro en función de la definición de los eventos que se censurarán o que no se considerarán.

El término "biomarcador" como se utiliza en el presente documento, se refiere a un gen cuyo nivel de expresión se mide mediante el uso de un producto génico.

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

Como se utiliza en el presente documento, el término "nivel de expresión normalizado" aplicado a un gen se refiere al nivel normalizado de un producto génico, por ejemplo, el valor normalizado determinado para el nivel de expresión de ARN de un gen o para el nivel de expresión del polipéptido de un gen.

El término "C_t" como se utiliza en el presente documento, se refiere al ciclo umbral, el número de ciclo en la reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa (qPCR) en la que la fluorescencia generada dentro de un pocillo de reacción excede el umbral definido, es decir, el punto durante la reacción en el que se acumuló un número suficiente de amplicones para alcanzar el umbral definido.

Los términos "producto génico" o "producto de expresión" se utilizan en el presente documento para referirse a los productos de transcripción de ARN (transcritos) del gen, incluido ARNm, y los productos de traducción del polipéptido de dichos transcritos de ARN. Un producto génico puede ser, por ejemplo, un ARN sin corte y empalme, un ARNm, un ARNm de variante de corte y empalme, un microARN, un ARN fragmentado, un polipéptido, un polipéptido modificado postraduccionalmente, un polipéptido con variante de corte y empalme, etc.

El término "transcripción de ARN" como se utiliza en el presente documento, se refiere a los productos de transcripción de ARN de un gen, incluido, por ejemplo, ARNm, ARN sin corte y empalme, ARNm con variante de corte y empalme, un microARN y un ARN fragmentado. "ARN fragmentado" como se utiliza en el presente documento, se refiere a ARN, una mezcla de ARN intacto y ARN que se ha degradado como resultado del procesamiento de la muestra (por ejemplo, fijación, bloques tisulares de corte y empalme, etc.).

A menos que se indique otra cosa, cada nombre de gen utilizado en el presente documento corresponde al símbolo oficial asignado al gen y proporcionado por Entrez Gene (URL: www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez) desde la fecha de presentación de esta solicitud.

Los términos "correlacionado" y "asociado" se utilizan de forma intercambiable en el presente documento para referirse a una fuerza de asociación entre dos mediciones (o entidades medidas). La divulgación proporciona genes y subconjuntos de genes cuyos niveles de expresión se asocian con una medición de resultado particular. Por ejemplo, el aumento en el nivel de expresión de un gen puede correlacionarse positivamente (asociarse positivamente) con un aumento en la probabilidad de un resultado clínico bueno para el paciente, tal como un aumento de la probabilidad de supervivencia a largo plazo sin recidiva del cáncer y/o supervivencia sin metástasis. Tal correlación positiva puede demostrarse estadísticamente de diversas formas, por ejemplo, mediante una tasa de riesgo baja (por ejemplo, HR <1,0). En otro ejemplo, el aumento en el nivel de expresión de un gen puede correlacionarse negativamente (asociarse negativamente) con un aumento en la probabilidad de un resultado clínico bueno para el paciente. En ese caso, por ejemplo, el paciente puede presentar una disminución en la probabilidad de supervivencia a largo plazo sin recidiva del cáncer y/o metástasis del cáncer y similares. Tal correlación negativa indica que el paciente probablemente tiene un mal pronóstico, por ejemplo, una tasa de riesgo alta (por ejemplo, HR >1,0). "Correlacionado" se utiliza también en el presente documento para referirse a la fuerza de asociación entre los niveles de expresión de dos genes diferentes, de forma que el nivel de expresión de un primer gen puede sustituirse con un nivel de expresión de un segundo gen en un algoritmo dado en vista de su correlación de expresión. Dicha "expresión correlacionada" de dos genes que son sustituibles en un algoritmo, habitualmente niveles de expresión génica que se correlacionan positivamente entre sí, por ejemplo, si el aumento en la expresión de un primer gen se correlaciona positivamente con un resultado (por ejemplo, aumento de la probabilidad de un resultado clínico bueno), entonces el segundo gen que se coexpresa y presenta una expresión correlacionada con el primer gen, se relaciona también positivamente con el mismo resultado.

El término "recidiva", como se utiliza en el presente documento, se refiere a la recidiva local o distante (metástasis) del cáncer. Por ejemplo, el cáncer de mama puede volver como una recidiva local (en el seno tratado o cerca del sitio quirúrgico del tumor) o como una recidiva distante en el cuerpo. Los sitios más comunes de recidiva de cáncer de mama son los ganglios linfáticos, los huesos, el hígado y los pulmones.

El término "polinucleótido", cuando se usa en el singular o plural, se refiere generalmente a cualquier polirribonucleótido o polidesoxirribonucleótido, que puede ser ARN o ADN no modificado o ARN o ADN modificado. Por lo tanto, por ejemplo, los polinucleótidos como 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 monocatenarios o, más típicamente, bicatenarios 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 típicamente implican solo una región de algunas de las moléculas. Con frecuencia, una de las moléculas de una región de triple hélice es un oligonucleótido. El término "polinucleótido" incluye específicamente ADNc. El término incluye ADN (incluyendo ADNc) y ARN que contienen una o más bases modificadas. Por lo tanto, los ADN o ARN con esqueletos modificados por estabilidad o por otros motivos, son "polinucleótidos" como está previsto ese término en el presente documento. Además, dentro del término "polinucleótidos" como se define en el presente documento, se incluyen ADN o ARN que comprenden bases no habituales, tales como inosina, o bases modificadas, tales como bases tritadas. En general, el término "polinucleótido" abarca todas las formas, química, enzimática y/o metabólicamente modificadas de polinucleótidos no modificados; así como las formas químicas de ADN y ARN característicos de virus y células, incluyendo células simples y complejas.

El término "oligonucleótido" se refiere a un polinucleótido relativamente corto, incluyendo, sin limitación, desoxirribonucleótidos monocatenarios, ribonucleótidos mono o bicatenarios, híbridos ARN:ADN y ADN bicatenarios. Con frecuencia los oligonucleótidos, tales como oligonucleótidos de sondas de ADN monocatenarios, se sintetizan mediante métodos químicos, por ejemplo, usando sintetizadores de oligonucleótidos automatizados que están disponibles en el mercado. Sin embargo, pueden prepararse oligonucleótidos mediante una diversidad de métodos diferentes, incluyendo técnicas mediadas por ADN recombinante *in vitro* y mediante la expresión de ADN en células y organismos.

La expresión "amplificación" se refiere a un proceso mediante el cual se forman múltiples copias de un gen o transcrito de ARN en una muestra o línea celular particular. Con frecuencia la región duplicada (un tramo de ADN amplificado) se denomina "amplicón". Habitualmente, la cantidad del ARN mensajero (ARNm) producido, es decir, el nivel de expresión génica, también aumenta en la proporción del número de copias realizadas del gen particular expresado.

El término "receptor de estrógeno (ER)" designa el estado del receptor de estrógeno de un paciente que padece cáncer. Un tumor es ER positivo si hay un número significativo de receptores de estrógeno en las células cancerosas, mientras que ER negativo indica que las células no tienen un número significativo de receptores. La definición de "significativo" varía de un sitio y método de prueba a otro (por ejemplo, inmunohistoquímica, PCR). El estado de ER de un paciente de cáncer puede evaluarse a través de diversos medios conocidos. Por ejemplo, el nivel de ER de cáncer de mama se determina mediante la medición de un nivel de expresión de un gen que codifica el receptor de estrógeno en una muestra de tumor de mama obtenida de un paciente.

El término "tumor", como se usa en el presente documento, se refiere a todo crecimiento y proliferación de células neoplásicas, ya sean malignas o benignas, y todas las células y tejidos precancerosos y cancerosos.

Los términos "cáncer" y "canceroso" se refieren a o describen la afección fisiológica en mamíferos que se caracteriza típicamente por un crecimiento celular no regulado. Los ejemplos de cáncer incluyen, pero sin limitación, cáncer de mama, cáncer de ovario, cáncer de colon, cáncer de pulmón, cáncer de próstata, cáncer hepatocelular, cáncer gástrico, cáncer de páncreas, cáncer de cuello del útero, cáncer de hígado, cáncer de vejiga, cáncer de las vías urinarias, cáncer de tiroides, cáncer renal, carcinoma, melanoma y cáncer de cerebro.

El subgrupo de genes identificado en el presente documento como el "grupo estromal" incluye genes que se sintetizan predominantemente mediante células estromales y se encuentran implicados en la respuesta estromal y genes que se coexpresan con genes del grupo estromal. Las "células estromales" se definen en el presente documento como las células de tejido conjuntivo que forman la estructura de soporte de los tejidos biológicos. Las células estromales incluyen fibroblastos, células inmunitarias, pericitos, células endoteliales y células inflamatorias.

"Respuesta estromal" se refiere a la respuesta desmoplásica de los tejidos huésped en el sitio de un tumor primario o invasión. Véase, por ejemplo, E. Rubin, J. Farber, Pathology, 985-986 (2ª Ed. 1994). El grupo estromal incluye, por ejemplo, CDH11, TAGLN, ITGA4, INHBA, COLIA1, COLIA2, FN1, CXCL14, TNFRSF1, CXCL12, C10ORF116, RUNX1, GSTM2, TGFB3, CAV1, DLC1, TNFRSF10, F3, y DICER1, y genes coexpresados identificados en las Tablas 16-18.

El subconjunto de genes identificado en el presente documento como el "grupo metabólico" incluye genes que se asocian con el metabolismo celular, incluidos genes asociados con las proteínas transportadoras para transferir el hierro, la ruta de homeostasis celular del hierro y las rutas metabólicas bioquímicas homeostáticas, y los genes que se coexpresan con los genes del grupo metabólico. El grupo metabólico incluye, por ejemplo, TFRC, ENO1, IDH2, ARF1, CLDN4, PRDX1, y GBP1, y los genes coexpresados identificados en las Tablas 16-18.

El subconjunto de genes identificado en el presente documento como el "grupo inmune" incluye genes que están implicados en las funciones celulares inmunorreguladoras, tales como el tráfico de linfocitos T y B, marcadores de

linfocitos o asociados a linfocitos, y genes de regulación de interferón y genes que se coexpresan con los genes del grupo inmune. El grupo inmune incluye, por ejemplo, CCL19 e IRF1, y los genes coexpresados identificados en las Tablas 16-18.

El subconjunto de genes identificado en el presente documento como el "grupo de proliferación" incluye genes que se asocian con el desarrollo y la división celular, el ciclo celular y la regulación mitótica, la angiogénesis, la replicación celular, el transporte/estabilidad nuclear, la señalización de wnt, la apoptosis, y los genes que se coexpresan con los genes del grupo de proliferación. El grupo de proliferación incluye, por ejemplo, PGF, SPC25, AURKA, BIRC5, BUB1, CCNB1, CENPA, KPNA, LMNB1, MCM2, MELK, NDC80, TPX2M, y WISP1, y los genes coexpresados identificados en las Tablas 16-18.

El término "coexpresado", como se utiliza en el presente documento, se refiere a la correlación estadística entre el nivel de expresión de un gen y el nivel de expresión de otro gen. La coexpresión en pares puede calcularse a través de diversos métodos conocidos en la técnica, por ejemplo, mediante el cálculo de los coeficientes de correlación de Pearson o los coeficientes de correlación de Spearman. Los grupos de genes coexpresados también pueden identificarse mediante el uso de una teoría gráfica.

Como se utilizan en el presente documento, los términos "grupo de genes" y "grupo" se refieren a una subgráfica de una gráfica en la que todos los vértices se conectan por una arista a todos los demás vértices de la subgráfica.

Como se utiliza en el presente documento, un "grupo máximo" es un grupo donde no puede añadirse ningún otro vértice y aún es un grupo.

La "patología" de cáncer incluye todos los fenómenos que comprometen el bienestar del paciente. Esto incluye, sin limitación, crecimiento celular anormal o incontrolable, metástasis, interferencia con el funcionamiento normal de las células adyacentes, liberación de citocinas u otros productos secretorios a niveles anormales, supresión o agravamiento de respuesta inflamatoria o inmunológica, neoplasia, premalignidad, malignidad, invasión de tejidos u órganos circundantes o distantes, tal como ganglios linfáticos, etc.

Un "sistema informático" se refiere a un sistema de hardware, software y medio de almacenamiento de datos utilizado para analizar información. El hardware mínimo de un sistema informático de un paciente comprende una unidad central de procesamiento (CPU) y un hardware para la entrada de datos, la salida de datos (por ejemplo, pantalla) y el almacenamiento de datos. El experto en la técnica podrá apreciar fácilmente que cualquier sistema informático disponible en la actualidad y/o sus componentes son adecuados para su uso en relación con los métodos de la presente divulgación. El medio de almacenamiento de datos puede comprender cualquier producto que comprenda un registro de la presente información como se describe anteriormente, o un dispositivo de acceso de memoria que pueda acceder al producto.

"Registrar" datos, programas u otra información en un medio legible por ordenador se refiere a un proceso para almacenar información usando cualquier método conocido en la técnica. Puede elegirse cualquier estructura de almacenamiento de datos conveniente, basándose en los medios utilizados para acceder a la información almacenada. Puede utilizarse una diversidad de programas y formatos de procesamiento de datos para el almacenamiento, por ejemplo, archivo de texto de procesamiento de palabras, formato de base de datos, etc.

Un "procesador" o "medio informático" hace referencia a cualquier combinación de hardware y/o software que realizará las funciones requeridas. Por ejemplo, un procesador adecuado puede ser un microprocesador digital programable tal como los que se encuentran disponibles en forma de controlador electrónico, unidad central, servidor u ordenador personal (de escritorio o portátil). Cuando el procesador es programable, la programación adecuada puede comunicarse desde una ubicación remota al procesador o guardarse previamente en un producto de programa informático (tal como un medio de almacenamiento legible por ordenador portátil o fijo, basado en un dispositivo magnético, óptico o en estado sólido). Por ejemplo, un medio magnético o disco óptico puede llevar a cabo la programación y puede leerse mediante un lector adecuado que se comunica con cada procesador en su estación correspondiente.

Como se utiliza en el presente documento, "teoría gráfica" se refiere a un campo de estudio de la informática y las matemáticas en el que las situaciones se representan por un diagrama que contiene un grupo de puntos y líneas que conectan algunos de esos puntos. El diagrama se denomina "gráfica" y los puntos y líneas se denominan "vértices" y "aristas" de la gráfica. En términos de análisis de coexpresión génica, un gen (o su identificador equivalente, por ejemplo, una sonda de ensayo) puede representarse como un nodo o vértice en la gráfica. Si las medidas de similitud (por ejemplo, coeficiente de correlación, información mutua y expectativas condicionales alternativas) entre dos genes son mayores que un umbral significativo, se dice que los dos genes se coexpresan y se dibujará una arista en la gráfica. Una vez dibujadas las aristas coexpresadas para todos los pares de genes posibles para un determinado estudio, se computan todos los grupos máximos. El grupo máximo resultante se define como un grupo de genes. Un grupo de genes es un grupo de genes coexpresados computado que cumple con los criterios predefinidos.

La "rigurosidad" de las reacciones de hibridación puede determinarse fácilmente por un experto en la técnica, y generalmente es un cálculo empírico dependiendo de la longitud de la sonda, la temperatura de lavado, y la concentración de sal. En general, las sondas más largas necesitan temperaturas mayores para una hibridación apropiada, mientras que las sondas más cortas necesitan temperaturas inferiores.

La hibridación depende generalmente de la capacidad del ADN desnaturalizado para rehibridarse cuando están presentes cadenas complementarias en un entorno por debajo de su temperatura de fusión. Cuanto mayor sea el grado de homología deseada entre la sonda y la secuencia hibridable, mayor será la temperatura relativa que puede usarse. Como resultado, se deduce que las temperaturas relativas mayores tenderán a hacer que las condiciones de reacción sean más rigurosas, mientras que sean menos rigurosas a menores temperaturas. Para obtener detalles adicionales y explicaciones de la rigurosidad de las reacciones de hibridación, véase Ausubel et al., *Current Protocols in Molecular Biology*, Wiley Interscience Publishers, (1995).

"Condiciones rigurosas" o "condiciones de alta rigurosidad", como se definen en el presente documento, típicamente: (1) emplean 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 desnaturalizante, tal como formamida, por ejemplo, formamida al 50% (v/v) con albúmina sérica bovina al 0,1%/Ficoll al 0,1%/polivinilpirrolidona al 0,1%/tampón de 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 sonicado (50 µg/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 un 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 por Sambrook et al., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Nueva York: Cold Spring Harbor Press, 1989, e incluyen el uso de una solución 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 una 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), solución 5 x de Denhardt, sulfato de dextrano al 10%, y 20 mg/ml de ADN de esperma de salmón cizallado desnaturalizado, seguido de un lavado de los filtros en 1 x SSC a aproximadamente 37-50°C. Los expertos en la técnica sabrán cómo ajustar la temperatura, la fuerza iónica, etc. como sea necesario para incluir factores tales como la longitud de 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 cualquier conjunto de genes particular significa uno cualquiera o todas y cada una de las combinaciones de los genes enumerados.

El término cáncer "de ganglios negativos", tal como cáncer de mama "de ganglios negativos", se usa en el presente documento para hacer referencia a cáncer que no se ha propagado a los ganglios linfáticos.

Los términos "corte y empalme" y "corte y empalme de ARN" se usan de manera intercambiable y se refieren a procesamiento de ARN que elimina intrones y une exones para producir ARNm maduro con secuencia codificante continua que se mueve hacia el citoplasma de una célula eucariota.

En teoría, el término "exón" se refiere a cualquier segmento de un gen interrumpido que está representado en el producto de ARN maduro (B. Lewin. *Genes* IV Cell Press, Cambridge Mass. 1990). En teoría el término "intrón" se refiere a cualquier segmento de ADN que se transcribe, pero se elimina del interior del transcrito mediante corte y empalme junto con los exones a ambos lados del mismo.

Operativamente, se producen secuencias de exones en la secuencia de ARNm de un gen como se define por los números de SEQ ID de referencia. Operativamente, las secuencias de intrones son las secuencias intermedias dentro del ADN genómico de un gen, intercaladas entre secuencias de exones y que tienen secuencias consenso de corte y empalme GT y AG en sus límites 5' y 3'.

ENSAYO DE EXPRESIÓN GÉNICA

La presente divulgación proporciona métodos que emplean, a menos que se indique otra cosa, técnicas convencionales de biología molecular (incluyendo técnicas recombinantes), microbiología, biología celular, y bioquímica, que están dentro de las habilidades de la técnica. Dichas técnicas se ilustran completamente en la bibliografía, tal como, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", 2ª edición (Sambrook et al., 1989); "Oligonucleotide Synthesis" (M.J. Gait, ed., 1984); "Animal Cell Culture" (R.I. Freshney, ed., 1987); "Methods in Enzymology" (Academic Press, Inc.); "Handbook of Experimental Immunology", 4ª edición (D.M. Weir & C.C. Blackwell, eds., Blackwell Science Inc., 1987); "Gene Transfer Vectors for Mammalian Cells" (J.M. Miller & M.P. Calos, eds., 1987); "Current Protocols in Molecular Biology" (F.M. Ausubel et al., eds., 1987); y "PCR: The Polymerase Chain Reaction", (Mullis et al., eds., 1994).

1. Obtención del perfil de la expresión génica

Los métodos de obtención del perfil de expresión génica incluyen métodos basados en análisis de hibridación de polinucleótidos, métodos basados en secuenciación de polinucleótidos y métodos basados en proteómica. Los métodos más comúnmente usados conocidos en la técnica para la cuantificación de la expresión de ARNm en una muestra incluyen transferencia de tipo Northern e hibridación *in situ* (Parker & Barnes, *Methods in Molecular Biology* 106:247-283 (1999)); ensayos de protección de ARNs (Hod, *Biotechniques* 13:852-854 (1992)); y métodos basados en PCR, tal como reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) (Weis et al., *Trends in Genetics* 8:263-264 (1992)). Como alternativa, pueden emplearse anticuerpos que pueden reconocer dúplex específicos, incluyendo dúplex de ADN, dúplex de ARN y dúplex híbridos de ADN-ARN o dúplex de ADN-proteína.

2. Métodos de obtención del perfil de expresión génica basados en PCR

a. PCR de transcriptasa inversa (RT-PCR)

De las técnicas enumeradas anteriormente, el método cuantitativo más sensible y más flexible es la RT-PCR, que puede usarse para comparar niveles de ARNm en diferentes poblaciones de muestras, en tejidos normales y tumorales, con o sin tratamiento farmacológico, para caracterizar patrones de expresión génica, para distinguir entre ARNm estrechamente relacionados y para analizar la estructura del ARN.

La primera etapa es el aislamiento de ARNm de una muestra diana. El material de partida es típicamente ARN total aislado de tumores o líneas celulares tumorales humanos, y tejidos o líneas celulares normales correspondientes, respectivamente. Por lo tanto, puede aislarse ARN de una diversidad de tumores primarios, incluyendo tumor, o líneas celulares tumorales de mama, pulmón, colon, próstata, cerebro, hígado, riñón, páncreas, bazo, timo, testículos, ovario, útero, etc., con ADN combinado de donantes sanos. Si la fuente de ARNm es un tumor primario, puede extraerse ARNm, por ejemplo, de muestras de tejido incluidas en parafina congeladas o archivadas, y fijadas (por ejemplo, fijadas en formalina).

Los métodos generales para la extracción de ARNm se conocen bien en la técnica y se describen en libros de texto estándar de biología molecular, incluyendo Ausubel et al., *Current Protocols of Molecular Biology*, John Wiley and Sons (1997). Los métodos para la extracción de ARN a partir de tejidos incluidos en parafina se describen, por ejemplo, en Rupp y Locker, *Lab Invest.* 56:A67 (1987), u De Andres et al, *BioTechniques* 18:42044 (1995). En particular, el aislamiento de ARN puede realizarse usando un kit de purificación, un conjunto de tampón, y proteasa de fabricantes comerciales, tal como Qiagen, de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Por ejemplo, puede aislarse ARN total a partir de células en cultivo usando mini-columnas RNeasy de Qiagen. Otros kits de aislamiento de ARN disponibles en el mercado incluyen el kit de purificación de ADN y ARN completo MasterPure™ (EPICENTRE®, Madison, WI) y el kit de aislamiento de ARN de bloque de parafina (Ambion, Inc.). Puede aislarse el ARN total de muestras de tejido usando RNA Stat-60 (Tel-Test). El ARN preparado a partir del tumor se puede aislar, por ejemplo, mediante centrifugación en gradiente de densidad de cloruro de cesio.

En algunos casos, puede ser adecuado amplificar el ARN antes de iniciar la obtención del perfil de expresión. A menudo sucede que solamente cantidades muy limitadas de especímenes clínicos valiosos se encuentran disponibles para el análisis molecular. Esto puede deberse a que los tejidos ya fueron utilizados para otros análisis de laboratorio o a que el espécimen original es muy pequeño, como en el caso de la biopsia con aguja o tumores primarios muy pequeños. Cuando el tejido se limita en cantidad generalmente también se da el caso de que solamente pueden recuperarse pequeñas cantidades del ARN total del espécimen y como resultado solo puede analizarse un número limitado de marcadores genómicos en el espécimen. La amplificación del ARN compensa esta limitación mediante la reproducción fiel de la muestra de ARN original como una cantidad mucho mayor de ARN de la misma composición relativa. Mediante el uso de esta copia amplificada del espécimen de ARN original, puede llevarse a cabo un análisis genómico ilimitado para descubrir biomarcadores asociados con las características clínicas de la muestra biológica original. Esto inmortaliza de forma eficaz los especímenes de estudio clínico para el análisis genómico y el descubrimiento de biomarcadores.

Dado que el ARN no puede servir como plantilla para la PCR, la primera etapa en la obtención del perfil de expresión génica mediante RT-PCR en tiempo real (RT-PCR) es la transcripción inversa de la plantilla de ARN en ADNc, seguido de su amplificación exponencial en una reacción de PCR. Las dos transcriptasas inversas usada más comúnmente son la transcriptasa inversa del virus de mieloblastosis aviar (AMV-RT) y la transcriptasa inversa del virus de leucemia murina de Moloney (MMLV-RT). La etapa de transcripción inversa se realiza típicamente usando cebadores específicos, hexámeros aleatorios, o cebadores oligo-dT, dependiendo de las circunstancias y el resultado del perfilado de la expresión. Por ejemplo, el ARN extraído puede transcribirse inversamente usando un kit de PCR de ARN GeneAmp (Perkin Elmer, CA, Estados Unidos), siguiendo las instrucciones del fabricante. El ADNc derivado puede usarse entonces como una plantilla en la posterior reacción por PCR. Para más detalles, véase, por ejemplo, Held et al, *Genome Research* 6:986-994 (1996).

Aunque la etapa de PCR puede usar una diversidad de ADN polimerasas dependientes de ADN termoestables, típicamente emplea la Taq ADN polimerasa, que tiene una actividad de 5'-3' nucleasa aunque carece de una

- actividad de 3'-5' endonucleasa de corrección. Por lo tanto, la PCR TaqMan® utiliza normalmente la actividad nucleasa en 5' de polimerasa de Taq o Tth para hidrolizar una sonda de hibridación unida a su amplicón diana, pero puede usarse cualquier enzima con actividad nucleasa en 5' equivalente. Se usan dos cebadores de oligonucleótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Un tercer oligonucleótido, o sonda, se diseña para detectar la secuencia de nucleótidos situada entre los dos cebadores de PCR. La sonda no es extensible por la enzima Taq ADN polimerasa, y está marcada con un tinte fluorescente indicador y un tinte fluorescente inactivador. Cualquier emisión inducida por láser desde el tinte indicador se inactiva por el tinte inactivador cuando los dos tintes están situados cerca ya que están en la sonda. Durante la reacción de amplificación, la enzima Taq ADN polimerasa escinde la sonda de una manera dependiente de la plantilla. Los fragmentos de sonda resultantes se disocian en solución, y la señal procedente del tinte indicador liberado está libre del efecto de inactivación del segundo fluoróforo. Una molécula de tinte indicador se libera por cada nueva molécula sintetizada, y la detección del tinte indicador no inactivado proporciona la base para la interpretación cuantitativa de los datos.
- La RT-PCR TaqMan® puede realizarse usando un equipo disponible en el mercado, tal como, por ejemplo, ABI PRISM 7900® Sequence Detection System™ (Perkin- Elmer- Applied Biosystems, Foster City, CA, EE.UU.), o un sistema de PCR en tiempo real LightCycler® 480 (Roche Diagnostics, GmbH, Penzberg, Alemania). En una forma de realización preferida, el procedimiento de nucleasa en 5' se realiza en un dispositivo de PCR cuantitativa en tiempo real tal como el ABI PRISM 7900® Sequence Detection System™. El sistema consiste en un termociclador, láser, dispositivo de carga acoplada (CCD), cámara y ordenador. El sistema amplifica las muestras en un formato de 384 pocillos en un termociclador. Durante la amplificación, la señal fluorescente inducida por láser se recoge en tiempo real a través de cables de fibra óptica para los 384 pocillos, y se detecta en el CCD. El sistema incluye software para hacer funcionar el instrumento y para analizar los datos.
- Los datos del ensayo de 5' nucleasa se expresan inicialmente como Ct, o el ciclo umbral. Como se ha analizado anteriormente, los valores de fluorescencia se registran durante cada ciclo y representan la cantidad de producto amplificado en ese punto en la reacción de amplificación. El punto en el que la señal fluorescente se registra en primer lugar como estadísticamente significativa es el ciclo umbral (Ct).
- Para minimizar errores y el efecto de la variación de muestra a muestra, la RT-PCR se realiza habitualmente usando un patrón interno. El patrón interno ideal se expresa a un nivel constante entre diferentes tejidos y no se ve afectado por el tratamiento experimental. Los ARN usados con mayor frecuencia para normalizar patrones de expresión génica son ARNm para los genes de mantenimiento gliceraldehído-3-fosfato-deshidrogenasa (GAPDH) y β -actina.
- Las etapas de un protocolo representativo para perfilar la expresión génica usando tejidos fijos incluidos en parafina como la fuente de ARN, incluyendo el aislamiento, la purificación, la extensión del cebador y la amplificación del ARNm se dan en diversos artículos publicados. M. Cronin, Am J Pathol 164(l):35-42 (2004). Brevemente, un proceso representativo comienza con el corte de secciones de aproximadamente 10 μ m de espesor de muestras de tejido tumoral incluidas en parafina. Después, se extrae el ARN y se eliminan la proteína y el ADN. Después del análisis de la concentración de ARN, se pueden incluir etapas de reparación y/o amplificación de ARN, si es necesario, y el ARN se transcribe de forma inversa usando cebadores específicos de genes seguido de RT-PCR.

b. Diseño de cebadores y sondas de PCR basados en intrones

- Los cebadores y sondas de PCR pueden diseñarse sobre la base de las secuencias de exones e intrones presentes en la transcripción de ARNm del gen de interés. Antes de llevar a cabo el diseño del cebador/sonda, es necesario trazar la secuencia de genes diana al ensamblaje de genoma humano para identificar los límites intrón-exón y la estructura general de los genes. Esto puede realizarse mediante el uso de software disponible públicamente, tal como Primer3 (Whitehead Inst.) y Primer Express® (Applied Biosystems).
- Cuando sea necesario o deseable, las secuencias repetitivas de la secuencia diana pueden enmascarse para mitigar señales no específicas. Las herramientas ejemplares para llevar a cabo esto incluyen el programa Repeat Masker disponible en línea a través del Baylor College of Medicine, que criba las secuencias de ADN contra una biblioteca de elementos repetitivos y devuelve una secuencia pregunta en la que los elementos repetitivos están enmascarados. Las secuencias enmascaradas de intrón y exón pueden usarse entonces para diseñar las secuencias de cebador y sonda para los sitios diana deseados usando cualquier paquete de diseño de cebadores/sondas disponible en el mercado o públicamente de otra forma, tal como Primer Express (Applied Biosystems); ensayo por diseño MGB (Applied Biosystems); Primer3 (Steve Rozen y Helen J. Skaletsky (2000) Primer3 en WWW para usuarios generales y para programadores biólogos. En: Rrawetz S, Misener S (eds) Bioinformatics Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology. Humana Press, Totowa, NJ, págs. 365-386).

- Otros factores que pueden incluir en el diseño de cebadores de PCR incluyen longitud de cebador, temperatura de fusión (Tf), y contenido de G/C, especificidad, secuencias de cebador complementario, y secuencia final 3'. En general, los cebadores de PCR óptimos tienen generalmente 17-30 bases de longitud y contienen aproximadamente el 20-80%, tal como, por ejemplo, aproximadamente el 50-60% de bases G+C, y presentan Tm entre 50 y 80°C, por ejemplo, de aproximadamente 50 a 70°C.

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

La Tabla A proporciona información adicional con respecto de las secuencias del cebador, la sonda y el amplicón asociadas con los Ejemplos divulgados en el presente documento.

10 c. Sistema MassARRAY

En el método de obtención del perfil de expresión génica basado en MassARRAY, desarrollado por Sequenom, Inc. (San Diego, CA) tras el aislamiento de ARN y la transcripción inversa, el ADNc obtenido se enriquece con una molécula de ADN sintético (competidor), que se corresponde con la región de ADNc seleccionada como diana en todas las posiciones, excepto en una única base, y sirve como patrón interno. Se amplifica mediante PCR la mezcla de ADNc/competidor y se somete a un tratamiento con enzima fosfatasa alcalina de gamba (SAP) tras la PCR, que da como resultado la desfosforilación de los nucleótidos restantes. Tras la inactivación de la fosfatasa alcalina, los productos de PCR del competidor y el ADNc se someten a extensión por cebador, que genera señales de masa diferenciadas para los productos de PCR derivados de competidor y de ADNc. Después de la purificación, estos productos se dispensan en una matriz en chip, que está precargado con los componentes necesarios para el análisis con análisis de espectrometría de masas de tiempo de vuelo con ionización por desorción láser asistida por matriz (MALDI-TOF MS). El ADNc presente en la reacción se cuantifica entonces analizando las relaciones de las áreas de pico en el espectro de masas generado. Para detalles adicionales véase, por ejemplo, Ding y Cantor, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 100:3059-3064 (2003).

25 c. Otros métodos basados en PCR

Las técnicas basadas en PCR adicionales incluyen, por ejemplo, presentación diferencial (Liang y Pardee, Science 257:967-971 (1992)); polimorfismo de longitud de fragmentos amplificados (iAFLP) (Kawamoto et al., Genome Res. 12:1305-1312 (1999)); tecnología BeadArray™ (Illumina, San Diego, CA; Oliphant et al., Discovery of Markers for Disease (complemento de Biotechniques), junio de 2002; Ferguson et al., Analytical Chemistry 72:5618 (2000)); BeadArray para la detección de la expresión génica (BADGE), usando el sistema Luminex100 LabMAP disponible comercialmente y microesferas codificadas por múltiples colores (Luminex Corp., Austin, TX) en un ensayo rápido para determinar la expresión génica (Yang et al., Genome Res. 11:1888-1898 (2001)); y análisis de obtención de perfiles de expresión de alta cobertura (HiCEP) (Fukumura et al., Nucl. Acids. Res. 31(16) e94 (2003)).

3. Micromatrices

La expresión génica diferencial también puede identificarse o confirmarse usando la técnica de micromatriz. Por lo tanto, puede medirse el perfil de expresión génica asociados con cáncer de mama en tejido tumoral o bien reciente o bien incluido en parafina, usando tecnología de micromatrices. En este método, las secuencias de polinucleótidos de interés (incluyendo ADNc y oligonucleótidos) se colocan en placas, o se disponen en una matriz, en un sustrato de microchip. Después, las secuencias dispuestas en matriz se hibridan con sondas de ADN específicas de células o tejidos de interés. Al igual que en el método de RT-PCR, la fuente de ARNm típicamente es el ARN total aislado de tumores humanos o líneas celulares tumorales, y los tejidos normales o líneas celulares correspondiente. Por lo tanto, el ARN se puede aislar a partir de una diversidad de tumores primarios o líneas celulares tumorales. Si la fuente de ARNm es un tumor primario, puede extraerse ARNm, por ejemplo, de muestras de tejido incluidas en parafina congeladas o archivadas, y fijadas (por ejemplo, fijadas en formalina), que se preparan y se conservan de manera rutinaria en la práctica clínica diaria.

En una forma de realización específica de la técnica de micromatrices, se aplican insertos amplificados por PCR de clones de ADNc a un sustrato en una matriz densa. Preferiblemente se aplican al menos 10.000 secuencias de nucleótidos al sustrato. Los genes dispuestos en micromatriz, inmovilizados sobre el microchip a 10.000 elementos cada uno, son adecuados para su hibridación en condiciones rigurosas. Las sondas de ADNc marcadas por fluorescencia se pueden generar a través de la incorporación de nucleótidos fluorescentes mediante transcripción inversa de ARN extraído de tejidos de interés. Las sondas de ADNc marcadas aplicadas al chip hibridan con especificidad a cada punto del ADN en la matriz. Después de un lavado astringente para eliminar las sondas no específicamente unidas, el chip se explora mediante microscopía láser confocal o mediante otro método de detección, tal como una cámara CCD. La cuantificación de la hibridación de cada elemento en matriz permite la evaluación de la abundancia de ARNm correspondiente. Con fluorescencia de doble color, las sondas de ADNc marcadas por separado generadas a partir de dos fuentes de ARN se hibridan por pares con la matriz. Por lo tanto, la abundancia relativa de los transcritos de las dos fuentes correspondientes a cada gen especificado se determina simultáneamente. La escala miniaturizada de la hibridación permite una evaluación conveniente y rápida del patrón de expresión para un gran número de genes. Se ha demostrado que dichos métodos tienen la sensibilidad necesaria para detectar transcritos raros, que se expresan en unas pocas copias por célula, y para detectar de forma reproducible al menos aproximadamente el doble de las diferencias en los niveles de expresión (Schena et al., Proc.

Natl. Acad. Sci. USA 93(2): 106-149 (1996)). Pueden realizarse análisis de micromatriz mediante el equipo disponible comercialmente, siguiendo los protocolos del fabricante, tal como usando la tecnología GenChip de Affymetrix o la tecnología de micromatriz de Incyte.

- 5 El desarrollo de métodos de micromatrices para el análisis a gran escala de la expresión génica hace posible buscar sistemáticamente marcadores moleculares de clasificación del cáncer y la predicción de resultados en una diversidad de tipos de tumor.

4. Análisis de la expresión génica mediante secuenciación de ácidos nucleicos

- 10 Las tecnologías de secuenciado de ácidos nucleicos son métodos adecuados para el análisis de la expresión génica. El principio que subyace a estos métodos es que la cantidad de veces que se detecta una secuencia de ADNc en una muestra se refiere directamente a la expresión relativa del ARNm que corresponde a la secuencia. Estos métodos a veces se denominan con el término expresión génica digital (DGE) para reflejar la propiedad numérica discreta de los datos resultantes. Los primeros métodos que aplicaron este principio fueron el análisis en serie de la expresión génica (SAGE) y la secuenciación masiva de firmas en paralelo (MPSS). Véase, por ejemplo, S. Brenner, et al., Nature Biotechnology 18(6):630-634 (2000). Más recientemente, el advenimiento de tecnologías de secuenciación de "próxima generación" ha hecho que la DGE sea más sencilla y accesible, y tenga un mayor rendimiento, y sea más rentable. Como resultado, más laboratorios pueden utilizar la DGE para detectar la expresión de más genes en más muestras de pacientes individuales que previamente. Véanse, por ejemplo, J. Marioni, Genome Research 18(9):1509-1517 (2008); R. Morin, Genome Research 18(4):610-621 (2008); A. Mortazavi, Nature Methods 5(7):621-628 (2008); N. Cloonan, Nature Methods 5(7):613-619 (2008).

5. Aislamiento del ARN de los fluidos corporales

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

30 6. Inmunohistoquímica

- Los métodos inmunohistoquímicos también son adecuados para detectar los niveles de expresión del marcador de pronóstico de la presente invención. Por lo tanto, se usan anticuerpos o antisueros, preferiblemente antisueros policlonales, y mucho más preferiblemente anticuerpos monoclonales específicos para cada marcador, para detectar la expresión. Los anticuerpos pueden detectarse mediante marcado directo de los propios anticuerpos, por ejemplo, con marcadores radiactivos, marcadores fluorescentes, marcadores de hapteno, tales como biotina, o una enzima tal como peroxidasa de rábano picante o fosfatasa alcalina. Como alternativa, el anticuerpo primario no marcado se usa junto con un anticuerpo secundario marcado, que comprende antisueros, antisueros policlonales o un anticuerpo monoclonal específico para el anticuerpo primario. Los protocolos y kits de inmunohistoquímica se conocen bien en la técnica y están disponibles en el mercado.

7. Proteómica

- 45 El término "proteoma" se define como la totalidad de las proteínas presentes en una muestra (por ejemplo, tejido, organismo o cultivo celular) en un determinado punto de tiempo. La proteómica incluye, entre otras cosas, el estudio de los cambios globales en la expresión de proteínas en una muestra (también denominada "proteómica de expresión"). La proteómica incluye típicamente las siguientes etapas: (1) separación de proteínas individuales en una muestra mediante electroforesis en gel bidireccional (PAGE 2-D); (2) identificación de las proteínas individuales recuperadas del gel, por ejemplo, mediante espectrometría de masas o secuenciación N-terminal, y (3) análisis de los datos usando bioinformática. Los métodos de proteómica son complementos valiosos para otros métodos de obtención del perfil de la expresión génica, y pueden usarse, en solitario o en combinación con otros métodos, para detectar los productos de los marcadores de pronóstico de la presente invención.

8. Descripción general del aislamiento, la purificación y la amplificación de ARNm

- 55 Las etapas de un protocolo representativo para perfilar la expresión génica usando tejidos fijos incluidos en parafina como la fuente de ARN, incluyendo el aislamiento, la purificación, la extensión del cebador y la amplificación del ARNm se proporcionan en diversos artículos publicados (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]). Brevemente, un proceso representativo comienza con el corte de secciones de aproximadamente 10 µm de espesor de muestras de tejido tumoral incluidas en parafina. Después, se extrae el ARN y se eliminan la proteína y el ADN. Después del análisis de la concentración de ARN, se pueden incluir etapas de reparación y/o amplificación de ARN, si es necesario, y el ARN se transcribe de forma inversa usando cebadores específicos de genes seguido de RT-PCR. Finalmente, se analizan los datos para identificar la mejor o mejores opciones de tratamiento disponibles para el paciente basándose en el patrón de expresión génica característico identificado en la muestra tumoral examinada, dependiendo de la probabilidad predicha de recidiva de cáncer.

9. Normalización

Los datos de expresión utilizados en los métodos divulgados en el presente documento pueden normalizarse. El término normalización se refiere a un proceso para corregir (normalizar), por ejemplo, las diferencias en la cantidad de ARN ensayado y la variabilidad en la calidad del ARN utilizado, para eliminar las fuentes no deseadas de variación sistemática en las mediciones de C_t y similares. Con respecto a los experimentos de RT-PCR que implican las muestras de tejido archivadas y fijas con inclusiones de parafina, se sabe que las fuentes de variación sistemática incluyen el grado de degradación del ARN con relación a la edad de la muestra del paciente y el tipo de solución de fijación utilizada para conservar la muestra. Otras fuentes de variación sistemática se atribuyen a las condiciones de procesamiento de laboratorio.

Los ensayos pueden proporcionar la normalización mediante la incorporación de la expresión de ciertos genes normalizadores que no difieren significativamente en los niveles de expresión en las condiciones pertinentes. Los genes de normalización ejemplares incluyen los genes constitutivos tales como PGK1 y UBB. (Véase, por ejemplo, E. Eisenberg, et al., Trends in Genetics 19(7):362-365 (2003).) La normalización puede basarse en la señal media o mediana (C_t) de todos los genes sometidos a ensayo o un gran subconjunto de los mismos (enfoque de normalización global). En general, los genes de normalización, también denominados genes de referencia, deben ser genes que se sabe que no tienen una expresión significativamente diferente en el cáncer colorrectal en comparación con el tejido colorrectal no canceroso, y que no se ven afectados de forma significativa por diversas condiciones de proceso y muestra, lo que permite la normalización de los efectos extraños.

A menos que se indique otra cosa, los niveles de expresión normalizados para cada ARNm/tumor/paciente sometido a ensayo se expresarán como el porcentaje del nivel de expresión medido en el conjunto de referencia. El grupo de referencia de un número suficientemente alto de tumores (por ejemplo, 40) produce una distribución de niveles normalizados de cada especie de ARNm. El nivel medido en una muestra de tumor particular para analizarse está en algún percentil dentro de este intervalo, que puede determinarse mediante métodos bien conocidos en la técnica.

En las formas de realización ejemplares, se utilizan uno o más de los siguientes genes como referencia, mediante lo cual se normalizan los datos de expresión: AAMP, ARF1, EEF1A1, ESD, GPS1, H3F3A, HNRPC, RPL13A, RPL41, RPS23, RPS27, SDHA, TCEA1, UBB, YWHAZ, B-actina, GUS, GAPDH, RPLPO, y TFRC. Por ejemplo, las mediciones de C_T promedio ponderadas calibradas para cada uno de los genes pronóstico pueden normalizarse con respecto a la media de al menos tres genes de referencia, al menos cuatro genes de referencia, o al menos cinco genes de referencia.

Los expertos en la técnica reconocerán que la normalización puede lograrse de varias formas, y las técnicas descritas anteriormente pretenden ser únicamente ejemplares, no exhaustivas.

RESULTADOS DE LOS INFORMES

Los métodos de la presente divulgación son adecuados para la preparación de informes que resumen el resultado clínico esperado o predicho 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 relacionada con una evaluación de probabilidad o una evaluación de riesgo y sus resultados. El informe de un sujeto incluye al menos una evaluación de probabilidad o una evaluación de riesgo, por ejemplo, un indicio en cuanto al riesgo de recidiva del cáncer de mama, incluida la recidiva local y la metástasis del cáncer de mama. El informe de un sujeto puede incluir una evaluación o estimación de una o más de: supervivencia sin enfermedad, supervivencia sin recidiva, supervivencia sin metástasis y supervivencia global. El informe de un sujeto puede generarse total o parcialmente en forma electrónica, por ejemplo, presentarse en una pantalla electrónica (por ejemplo, monitor de ordenador). El informe puede incluir además uno o más de: 1) información con respecto a la instalación de pruebas; 2) información acerca del proveedor de servicios, 3) datos del paciente; 4) datos de la muestra; 5) un informe interpretativo que puede incluir diversa información, incluyendo a) indicación; b) datos de ensayo, donde los datos de ensayo pueden incluir un nivel normalizado de uno o más genes de interés, y 6) otras características.

Por lo tanto, la presente divulgación proporciona 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 dichas transcripciones de ARN, para ciertos genes en las células obtenidas del tumor del paciente. El informe puede incluir información relacionada con covariables de pronóstico del paciente. El informe puede incluir una estimación de que el paciente tiene un mayor riesgo de recidiva. La estimación puede ser en la forma de un esquema de puntuación o de estadificación pacientes (por ejemplo, riesgo de recidiva bajo, intermedio o alto). El informe puede incluir información pertinente para ayudar a decidir la cirugía (por ejemplo, mastectomía parcial o total) o el tratamiento más adecuado para el paciente.

Por consiguiente, en algunas formas de realización, los métodos de la presente divulgación incluyen además la generación de un informe que incluye información con respecto al resultado clínico probable del paciente, por ejemplo, el riesgo de recidiva. Por ejemplo, los métodos divulgados en el presente documento pueden incluir

además una etapa de generación o emisión de un informe que proporciona los resultados de la evaluación de riesgos de un sujeto, cuyo informe puede proporcionarse en forma de un medio electrónico (por ejemplo, una pantalla electrónica en un monitor de ordenador), o en forma de un medio tangible (por ejemplo, un informe impreso en papel u otro medio tangible).

Se proporciona al usuario un informe que incluye información acerca del probable pronóstico del paciente (por ejemplo, la probabilidad de que una paciente que padezca cáncer de mama tenga un buen pronóstico o resultado clínico positivo en respuesta a la cirugía y/o el tratamiento). La evaluación en cuanto a la probabilidad se denomina a continuación como "informe de riesgo" o, simplemente, "puntuación de riesgo". Una persona o entidad que prepara el informe ("generador de informe") también puede llevar a cabo una evaluación de probabilidad. El generador del informe también puede llevar a cabo una o más recolecciones de muestras, procesamiento de muestras y generación de datos, por ejemplo, el generador del informe puede también llevar a cabo uno o más de: a) recolección de muestras; b) procesamiento de muestras; c) medición del nivel de un gen de riesgo; d) medición del nivel de un gen de referencia; y e) determinación de un nivel normalizado de un gen de riesgo. Como alternativa, una entidad diferente al generador del informe puede llevar a cabo una o más recolecciones de muestras, procesamiento de muestras y generación de datos.

Para mayor claridad, debe apreciarse que el término "usuario", que se utiliza de forma intercambiable con "cliente", pretende referirse a una persona o entidad a la cual se transmite un informe, y puede ser la misma persona o entidad que hace uno o más de lo siguiente: a) recoger una muestra; b) procesar una muestra; c) proporcionar una muestra o una muestra procesada; y d) generar datos (por ejemplo, el nivel de un gen de riesgo; nivel de uno o más productos de un gen de referencia; nivel normalizado de un gen de riesgo ("gen pronóstico") para su uso en la evaluación de la probabilidad. En algunos casos, la persona o personas o entidad o entidades que realizan la recolección de las muestras y/o el procesamiento de las 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 ciertas formas de realización, por ejemplo, cuando los métodos se ejecutan completamente en un único ordenador, el usuario o cliente realiza el ingreso de datos y analiza la salida de datos. Un "usuario" puede ser un profesional de la salud (por ejemplo, un médico, un técnico de laboratorio, un físico (por ejemplo, un oncólogo, un cirujano, un patólogo, etc.).

En las formas de realización en las que el usuario solamente ejecuta una parte del método, el individuo que, después del procesamiento de datos computarizado de acuerdo con los métodos de la presente divulgación, analiza la salida de datos (por ejemplo, los resultados antes del lanzamiento para proporcionar un informe completo o que analiza un informe "incompleto" y prevé una intervención manual y finalización de un informe interpretativo) se denomina en el presente documento "analizador". El analizador puede encontrarse en una ubicación remota con respecto al usuario (por ejemplo, en un servicio proporcionado de forma separada de la institución de cuidado de la salud donde puede encontrarse el usuario).

En los casos en que corresponda aplicar regulaciones gubernamentales u otras restricciones (por ejemplo, requisitos de salud, mala praxis o seguro de responsabilidad), todos los resultados, ya sea generados completa o parcialmente de forma electrónica, se someten a un control de calidad de rutina antes de ponerse a disposición del usuario.

UTILIDAD CLÍNICA

El ensayo de expresión génica y la información proporcionada por la práctica de los métodos divulgados en el presente documento facilitan que los médicos puedan tomar decisiones más completas respecto del tratamiento, así como la personalización del tratamiento del cáncer de acuerdo con las necesidades de cada paciente, lo que maximiza el beneficio del tratamiento y minimiza la exposición de los pacientes a tratamientos innecesarios que pueden proporcionar beneficios escasos o insignificativos y que a menudo acarrearán riesgos serios debido a los efectos secundarios tóxicos.

Las pruebas de expresión génica de analitos simples o múltiples pueden utilizarse para medir el nivel de expresión de uno o más genes implicados en cada uno de los varios procesos fisiológicos o características de los componentes celulares. El nivel o niveles de expresión pueden utilizarse para calcular el valor cuantitativo y ese valor puede disponerse en subgrupos (por ejemplo, terciles) donde todos los pacientes en un intervalo dado se clasifican como pertenecientes a una categoría de riesgo (por ejemplo, bajo, intermedio o alto). La agrupación de genes puede realizarse, al menos en parte, sobre la base del conocimiento del aporte de los genes de conformidad con las funciones fisiológicas o las características de los componentes celulares, como en los grupos analizados anteriormente.

La utilidad de un marcador de genes en la predicción del cáncer puede no ser única para ese marcador. Un marcador alternativo que tiene un patrón de expresión paralelo al del gen seleccionado por el marcador puede ser sustituido por, o utilizarse de manera adicional a, un marcador de prueba. Debido a la coexpresión de tales genes, la sustitución de los valores del nivel de expresión debería tener un impacto pequeño en la utilidad de pronóstico global de la prueba. Los patrones de expresión muy similares de dos genes pueden resultar de la participación de ambos genes en el mismo proceso y/o de que se encuentren bajo un control regulatorio común en las células tumorales del

colon. Por lo tanto, la presente divulgación contempla el uso de tales genes coexpresados o grupos de genes como sustitutos para, o además de, los métodos pronósticos de la presente divulgación.

El ensayo molecular y la información asociada proporcionada por los métodos divulgados en el presente documento para predecir el resultado clínico del cáncer, por ejemplo, cáncer de mama, son de utilidad en varias áreas, incluido el desarrollo y uso adecuado de fármacos para tratar el cáncer, la estadificación de los pacientes que padecen cáncer para su inclusión en (o exclusión de) estudios clínicos, la ayuda a pacientes y médicos en la toma de decisiones de tratamiento, la generación de beneficios económicos mediante el direccionamiento del tratamiento en virtud de un perfil genómico personalizado y similares. Por ejemplo, la puntuación de recidiva puede utilizarse en muestras extraídas de pacientes en un estudio clínico y los resultados de la prueba utilizados junto con los resultados del paciente para determinar si es más o menos probable que los subgrupos de pacientes demuestren un beneficio absoluto con un nuevo fármaco en comparación con la totalidad del grupo u otros subgrupos. Además, tales métodos pueden utilizarse para identificar, a partir de datos clínicos, subgrupos de pacientes que se espera que se beneficien de la terapia adyuvante. Adicionalmente, es más probable que un paciente se incluya en un estudio clínico si los resultados de la prueba indican una mayor probabilidad de que el paciente tenga un mal resultado clínico si se le trata solo con cirugía y es menos probable que un paciente se incluya en un estudio clínico si los resultados de la prueba indican una menor probabilidad de que el paciente tenga un mal resultado clínico si se le trata solo con cirugía.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE LOS NIVELES DE EXPRESIÓN GÉNICA

Un experto en la técnica reconocerá que existen muchos métodos estadísticos que pueden utilizarse para determinar si existe una relación significativa entre un resultado de interés (por ejemplo, la probabilidad de supervivencia, la probabilidad de respuesta a la quimioterapia) y los niveles de expresión de un gen marcador como se describe aquí. Esta relación puede presentarse como una puntuación de recidiva continua (RS) o los pacientes pueden estadificarse en grupos de riesgo (por ejemplo, bajo, intermedio, alto). Por ejemplo, el modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox puede ajustarse a un criterio de valoración clínico particular (por ejemplo, RFS, DFS, OS). Una suposición del modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox es el supuesto de riesgos proporcionales, es decir, la suposición de que los parámetros de efecto multiplican el riesgo subyacente.

Análisis de coexpresión

La presente divulgación proporciona genes que se coexpresan con genes determinados pronósticos y/o predictivos que se ha identificado que tienen una correlación significativa con la recidiva y/o el beneficio del tratamiento. Para llevar a cabo procesos biológicos particulares, los genes a menudo trabajan juntos de manera coordinada, es decir, se coexpresan. Los genes coexpresados importantes se describen en los estudios de ARN amplificados anteriormente. El meta-análisis incluyó ambos modelos de efecto fijo y efecto aleatorio que se describen en detalle en L. Hedges y J. Vevea, *Psychological Methods* 3 (4): 486-504 (1998) y K. Sidik y J. Jonkman, *Statistics in Medicine* 26:1964-1981 (2006). Los resultados de la validación para todos los genes identificados por tener una asociación estadísticamente significativa con el resultado clínico del cáncer de mama se describen en la Tabla 13. En las tablas, "Est" designa un coeficiente estimado de una covariable (expresión génica); "SE" significa error estándar; "t" es la puntuación t para esa estimación (es decir, Est/SE); y "fe" es la estimación fija de efecto que surge del meta-análisis. Varias familias de genes con una asociación estadística significativa con el resultado clínico (incluidos los genes de grupos metabólicos, de proliferación, inmunes y estromales) del cáncer de mama se confirmaron mediante el uso del conjunto de datos del SIB. Por ejemplo, la Tabla 14 contiene el análisis de genes incluidos en el grupo metabólico, y la Tabla 15 del grupo estromal.

EJEMPLO 4:

Se realizó un análisis de coexpresión usando los datos de micromatriz de seis (6) conjuntos de datos de cáncer de mama. Los valores de expresión "procesados" se tomaron del sitio web de GEO, sin embargo, fue necesario un procesamiento adicional. Si los valores de expresión son RMA, se normalizan por mediana en el nivel de muestra. Si los valores de expresión son MAS5.0: (1) se cambian a 10 si son <10; (2) se transforman a base log; y (3) se normalizan por mediana en el nivel de muestra.

Pares de correlación generados: Se generó una matriz de clasificación mediante la disposición de los valores de expresión para cada muestra en orden decreciente. A continuación, se creó una matriz de correlación mediante el cálculo de los valores de correlación de Spearman para cada par de ID de sonda. Los pares de sonda que tenían un valor de Spearman $\geq 0,7$ se consideraron coexpresados. Se identificaron los pares de correlación redundantes o superpuestos en múltiples conjuntos de datos. Para cada matriz de correlación generada a partir de un conjunto de datos de matriz, se identificaron los pares de sondas significativos que ocurren en el conjunto de datos >1. Esto sirvió para filtrar los pares "insignificantes" del análisis, así como para proporcionar información adicional para pares "significativos" con su presencia en múltiples conjuntos de datos. Dependiendo del número de conjuntos de datos incluidos en cada análisis específico de tejido, se incluyeron únicamente los pares que ocurrieron en un # o % mínimo de conjuntos de datos.

Los grupos de coexpresión se generaron mediante el uso del algoritmo de Bron-Kerbosch para el resultado del grupo máximo en una gráfica no dirigida. El algoritmo genera tres grupos de nodos: *Compsub*, *candidatos* y *no*. El *Compsub* contiene un conjunto de nodos que se extienden o encogen en uno en función de su dirección de recorrido en las tres búsquedas. Los Candidatos consisten en todo lo anterior: c) un dispositivo de salida, conectado al entorno informático para proporcionar información al usuario (por ejemplo, personal médico); y d) un algoritmo ejecutado por el entorno informático central (por ejemplo, un procesador), donde el algoritmo se ejecuta basándose en los datos recibidos por el dispositivo de entrada, y en el que el algoritmo calcula el riesgo, la puntuación de riesgo o la clasificación de grupo de tratamiento, el análisis de coexpresión génica, el umbral u otras funciones descritas en el presente documento. Los métodos proporcionados por la presente invención también pueden automatizarse total o parcialmente.

Métodos y productos manuales y asistidos por ordenador

Los métodos y sistemas descritos en el presente documento pueden implementarse de numerosas formas. En una forma de realización de interés particular, los métodos implican el uso de una infraestructura de comunicaciones, por ejemplo, Internet. Varias formas de realización se analizan a continuación. También debe entenderse que la presente divulgación puede implementarse de varias formas de hardware, software, firmware, procesadores o una combinación de los mismos. Los métodos y sistemas descritos en el presente documento pueden implementarse como una combinación de hardware y software. El software puede implementarse como un programa de aplicación contenido de forma tangible en un dispositivo de almacenamiento de programas o diferentes porciones de software implementadas en el entorno informático del usuario (por ejemplo, como una miniaplicación) y en el entorno informático del analizador, donde el analizador puede ubicarse en un sitio remoto asociado (por ejemplo, en una instalación de servicios del proveedor).

Por ejemplo, durante o después de la entrada de datos, algunas porciones del procesamiento de datos pueden realizarse en el entorno informático del usuario. Por ejemplo, el entorno informático del usuario puede programarse para proporcionar códigos de prueba definidos para indicar una probabilidad de "puntuación de riesgo", donde la puntuación se transmite como respuestas procesadas o parcialmente procesadas al entorno informático del analizador en forma de código de prueba para la posterior ejecución de uno o más algoritmos para proporcionar resultados y/o generar un informe en el entorno informático del analizador. La puntuación de riesgo puede ser una puntuación numérica (representativa de un valor numérico, por ejemplo, la probabilidad de recidiva basada en la población de un estudio de validación) 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 puede cargarse a una máquina que comprende cualquier arquitectura adecuada y ejecutarse a través de ella. 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) y una interfaz o interfaces de entrada/salida (E/S). La plataforma informática también incluye un sistema operativo y un código de microinstrucción. Los diversos procesos y funciones descritos en el presente documento pueden ser parte del código de microinstrucción o parte del programa de aplicación (o una combinación de los mismos) que se ejecuta a través del sistema operativo. Además, se pueden conectar diversos dispositivos periféricos diferentes a la plataforma informática, tal como un dispositivo de almacenamiento de datos adicional y un dispositivo de impresión.

Como sistema informático, el sistema generalmente incluye una unidad de procesamiento. La unidad de procesamiento funciona para recibir información, que puede incluir datos de prueba (por ejemplo, el nivel de un gen de riesgo, el nivel de los productos de un gen de referencia, el nivel normalizado de un gen) y también puede incluir otros datos como datos del paciente. Esta información recibida se puede almacenar, al menos temporalmente, en una base de datos, y los datos se pueden analizar para generar un informe como se ha descrito anteriormente.

Todos o parte de los datos de entrada y salida pueden además enviarse electrónicamente; ciertos datos de salida (por ejemplo, informes) pueden enviarse electrónicamente o vía telefónica (por ejemplo, por facsímil, por ejemplo, mediante el uso de dispositivos como un fax). Los dispositivos receptores de salida ejemplares pueden incluir un elemento de visualización, una impresora, un dispositivo facsímil y similares. Las formas electrónicas de transmisión y/o visualización pueden incluir correo electrónico, televisión interactiva y similares. En una forma de realización de interés particular, todos o parte de los datos de entrada y/o todos o parte de los datos de salida (por ejemplo, habitualmente al menos el informe final) se mantienen en un servidor web para poder acceder a ellos, preferiblemente de modo confidencial, con navegadores típicos. Se puede acceder a los datos o enviarlos a los profesionales de la salud, según se desee. Los datos de entrada y de salida, incluidos todos o una parte del informe final, pueden utilizarse para completar la historia clínica de un paciente que puede existir en una base de datos confidencial en la institución de atención de salud.

Un sistema para su uso en los métodos descritos en el presente documento generalmente incluye al menos un procesador informático (por ejemplo, cuando el método se lleva a cabo en su totalidad en un único sitio) o al menos dos procesadores informáticos en red (por ejemplo, cuando los datos deben ser ingresados por el usuario (también denominado "cliente") y transmitidos a un sitio remoto a un segundo procesador informático para el análisis, donde el

primer y segundo procesadores informáticos están conectados por una red, por ejemplo, una intranet o Internet). El sistema puede incluir además uno o más componentes del usuario para el ingreso y uno o más componentes del analizador para el análisis de datos, informes generados e intervención manual. Los componentes adicionales del sistema pueden incluir uno o más componentes de un servidor y una o más bases de datos para almacenar información (por ejemplo, como en una base de datos de elementos de informe, por ejemplo, elementos de informe interpretativo, o una base de datos relacional (RDB) que puede incluir el ingreso de datos por el usuario y la salida de datos. Los procesadores informáticos pueden ser procesadores que se encuentran generalmente en ordenadores personales de escritorio (por ejemplo, IBM, Dell, Macintosh), ordenadores portátiles, ordenadores centrales, miniordenadores u otros dispositivos informáticos.

La arquitectura de cliente/servidor en red puede seleccionarse en la forma deseada y puede ser, por ejemplo, un modelo de servidor de cliente clásico de dos o tres niveles. Un sistema de gestión de base de datos relacional (RDMS), ya sea como parte de un componente de servidor de aplicación o como un componente separado (máquina RDB), proporciona una interfaz para la base de datos.

En un ejemplo, la arquitectura se proporciona como una arquitectura cliente/servidor centrada en una base de datos, en la que la aplicación del cliente generalmente requiere servicios del servidor de aplicación que realiza consultas a la base de datos (o al servidor de base de datos) para completar el informe con los diversos elementos de informe necesarios, particularmente los elementos de informe interpretativos, especialmente los textos y alertas de interpretación. El servidor o servidores (por ejemplo, ya sea como parte de la máquina de servidor de aplicación o una máquina de base de datos relacional/RDB separada) responden a las consultas del cliente.

Los componentes de ingreso de datos del cliente pueden ser ordenadores personales completas e independientes que ofrecen una amplia gama de potencia y características para ejecutar aplicaciones. El componente del cliente generalmente funciona en 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 ingreso de datos (por ejemplo, teclado, ratón, teclado numérico u otro dispositivo utilizado para transferir información o comandos), un elemento de almacenamiento (por ejemplo, un disco duro u otro medio de almacenamiento legible por ordenador o que puede ser escrito por ordenador) y un elemento de visualización (por ejemplo, monitor, televisión, LCD, LED u otro dispositivo de visualización que proporciona información al usuario). El usuario ingresa los comandos de entrada en el procesador informático a través de un dispositivo de entrada. Generalmente, la interfaz del usuario es una interfaz de usuario gráfica (GUI) escrita para aplicaciones de navegador web.

El componente o componentes del servidor pueden ser un ordenador personal, un miniordenador o una unidad central y ofrecen la gestión de datos, información compartida entre clientes, administración de red y seguridad. La aplicación y cualquier base de datos que se utilice pueden encontrarse en el mismo servidor o en servidores diferentes.

Se contemplan otras disposiciones informáticas para el cliente y el servidor o servidores, incluido el procesamiento en una única máquina, como una unidad central, un grupo de máquinas u otra configuración adecuada. En general, las máquinas del cliente y del servidor trabajan juntas para lograr el procesamiento de la presente divulgación.

Cuando se utilizan, las bases de datos habitualmente se encuentran conectadas al componente servidor de la base de datos y pueden ser cualquier dispositivo que contenga datos. Por ejemplo, la base de datos puede ser cualquier dispositivo de almacenamiento magnético u óptico para ordenador (por ejemplo, CDROM, disco duro interno, unidad de cinta). La base de datos puede ubicarse de forma remota al componente servidor (con acceso a través de una red, módem, etc.) o de forma local con respecto al componente servidor.

Cuando se utiliza en el sistema y los métodos, la base de datos puede ser una base de datos relacional que se encuentra organizada, y a la cual se puede acceder, de conformidad con las relaciones entre los artículos de datos. La base de datos relacional generalmente se compone de una pluralidad de tablas (entidades). Las filas de las tablas representan registros (recolecciones de información acerca de diferentes artículos) y las columnas representan campos (atributos particulares de un registro). En su concepción más sencilla, la base de datos relacional es un conjunto de entradas de datos que se "relacionan" entre sí a través de al menos un campo común.

Las estaciones de trabajo adicionales equipadas con ordenadores e impresoras pueden utilizarse en el punto de servicio para ingresar datos y, en algunas formas de realización, generar informes adecuados, si se desea. Los ordenadores pueden tener un acceso directo (por ejemplo, en el escritorio) para ejecutar la aplicación, a fin de facilitar el inicio de la entrada de datos, la transmisión, el análisis, la recepción de informes, etc., según se desee.

Medio de almacenamiento legible por ordenador

La presente divulgación contempla además un medio de almacenamiento legible por ordenador (por ejemplo, CD-ROM, tecla de memoria, tarjeta de memoria flash, disquete, etc.) en el que se almacena un programa que, al ejecutarlo en un entorno informático, permite la implementación de algoritmos para llevar a cabo todos o parte de los resultados de una evaluación de probabilidad de respuesta como se describe en el presente documento. Cuando el

medio legible por ordenador contiene un programa completo para llevar a cabo los métodos descritos en el presente documento, el programa incluye instrucciones de programa para recabar, analizar y generar salidas, y generalmente incluye dispositivos de código legibles por ordenador para interactuar con un usuario como se describe en el presente documento, el procesamiento de los datos junto con la información analítica y la generación de un medio electrónico o impreso único para el usuario.

Cuando el medio de almacenamiento proporciona un programa que permite 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, ingreso de datos, funcionalidad de recepción de informes, etc.)), el programa permite la transmisión de los datos ingresados por el usuario (por ejemplo, mediante Internet, intranet, etc.) a un entorno informático en un sitio remoto. El procesamiento o la finalización del procesamiento de los datos se lleva a cabo en el sitio remoto para generar un informe. Después del análisis del informe y la finalización de cualquier intervención manual necesaria para proporcionar un informe completo, el informe completo se vuelve a transmitir al usuario como un documento electrónico o impreso (por ejemplo, un informe en papel enviado por fax o correo electrónico). El medio de almacenamiento que contiene un programa de conformidad con la presente divulgación puede empaquetarse con instrucciones (por ejemplo, para la instalación del programa, el uso, etc.) grabadas en un sustrato adecuado o una dirección web donde pueden obtenerse las instrucciones. El medio de almacenamiento legible por ordenador puede además proporcionarse 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 del kit).

Todos los aspectos de la presente invención pueden además realizarse de forma que un número limitado de genes adicionales que se coexpresan con los genes divulgados, por ejemplo, como lo prueban los coeficientes de correlación de Pearson o Spearman estadísticamente significativos, se incluyan en una prueba de pronóstico o predictiva además de y/o en lugar de los genes divulgados.

Una vez descrita la invención, será más fácil comprenderla a través de la referencia a los siguientes Ejemplos, que se proporcionan a modo de ilustración y no pretenden limitar la invención de ningún modo.

EJEMPLO 1:

El estudio incluyó muestras de tumor de cáncer de mama obtenidas de 136 pacientes a las que se diagnosticó cáncer de mama ("Estudio de previsión"). Los estudios de modelado bioestadístico de los conjuntos de datos prototípicos demostraron que el ARN amplificado es un sustrato útil para los estudios de identificación de biomarcadores. Esto se verificó en el presente estudio mediante la inclusión de biomarcadores de cáncer de mama conocidos junto con los genes pronóstico candidatos en las muestras de tejidos. Se mostró que los biomarcadores conocidos están asociados con el resultado clínico en el ARN amplificado sobre la base de los criterios descritos en este protocolo.

Diseño del estudio

Véase el protocolo de estudio de previsión de fase II original para obtener información acerca de especímenes de biopsia. El estudio se enfocó en la asociación estadística entre el resultado clínico y los biomarcadores de 384 candidatos ensayados en muestras amplificadas derivadas de 25 ng de ARNm que se extrajo de las muestras de tejido fijas incorporadas en parafina obtenidas de 136 muestras del estudio de previsión de fase II original. El nivel de expresión de los genes candidatos se normalizó mediante el uso de genes de referencia. Se analizaron varios genes de referencia en este estudio: AAMP, ARF1, EEF1A1, ESD, GPS1, H3F3A, HNRPC, RPL13A, RPL41, RPS23, RPS27, SDHA, TCEA1, UBB, YWHAZ, B-actina, GUS, GAPDH, RPLPO, y TFRC.

Las 136 muestras se separaron en 3 placas de RT automatizadas con 2x 48 muestras y una con 40 muestras y 3 controles RT positivo y negativo. Los ensayos cuantitativos de PCR se realizaron en 384 pocillos sin replicar usando QuantiTect Probe PCR Master Mix® (Qiagen). Las placas se analizaron en el Light Cycler® 480 y, después del control de calidad de datos, todas las muestras de la placa de RT 3 se repitieron y se generaron nuevos datos de RT-PCR. Los datos se normalizaron mediante la resta del punto de cruce medio (C_p) (punto en el cual la detección se eleva por encima de la señal de fondo) para cinco genes de referencia del valor C_p para cada gen candidato individual. Esta normalización se realiza en cada muestra, lo que resulta en datos finales ajustados para las diferencias en el C_p de la muestra total. Este conjunto de datos se utilizó para el análisis final de datos.

Análisis de datos

Para cada gen se ejecutó una prueba z estándar (S. Darby, J. Reissland, Journal of the Royal Statistical Society 144(3):298-331 (1981)). Esto devuelve una puntuación z (medida de distancia en las desviaciones estándar de una muestra de la media), un valor p y residuos junto con otras estadísticas y parámetros del modelo. Si la puntuación z es negativa, la expresión se correlaciona positivamente con un buen pronóstico; si es positiva, la expresión se correlaciona negativamente con un buen pronóstico. Mediante el uso de los valores p, se creó un valor q mediante el uso de un valor q de biblioteca. Los genes poco correlacionados y expresados débilmente se excluyeron del cálculo de la distribución utilizada para los valores q. Para cada gen, se realizó la prueba del modelo de regresión de riesgos

proporcionales de Cox mediante la verificación del tiempo de supervivencia correspondiente al vector de evento contra la expresión génica. Esto devolvió una relación de riesgo (HR) que estima el efecto de la expresión de cada gen (individualmente) sobre el riesgo de un evento relacionado con cáncer. Los datos resultantes se proporcionan en las Tablas 1-6. Una HR <1 indica que la expresión de ese gen se encuentra asociada positivamente con un buen pronóstico, mientras que una HR >1 indica que la expresión de ese gen se encuentra asociada negativamente con un buen pronóstico.

EJEMPLO 2:

Diseño del estudio

Las muestras amplificadas se derivaron de 25 ng de ARNm que se extrajo de las muestras de tejido fijas incorporadas en parafina obtenidas de 78 casos evaluables de un estudio de cáncer de mama de fase II llevado a cabo en el Rush University Medical Center. Tres de las muestras no proporcionaron ARN amplificado suficiente a 25 ng, por lo que la amplificación se repitió una segunda vez con 50 ng de ARN. El estudio analizó además varios genes de referencia para su uso en la normalización: AAMP, ARF1, EEF1A1, ESD, GPS1, H3F3A, HNRPC, RPL13A, RPL41, RPS23, RPS27, SDHA, TCEA1, UBB, YWHAZ, Beta-actina, RPLPO, TFRC, GUS, y GAPDH.

Los ensayos se realizaron en 384 pocillos sin replicar mediante el uso de QuantiTect Probe PCR Master Mix. Las placas se analizaron en los instrumentos del Light Cycler 480. Este conjunto de datos se utilizó para el análisis final de datos. Los datos se normalizaron restando el punto de cruce medio (C_p) para cinco genes de referencia del valor C_p para cada gen candidato individual. Esta normalización se realizó en cada muestra, lo que dio como resultado datos finales ajustados para las diferencias en el C_p de la muestra total.

Análisis de datos

Hubo 34 muestras con valores C_p promedio por encima de 35. No obstante, ninguna de las muestras se excluyó del análisis debido a que se estimó que contenían suficiente información valiosa para permanecer en el estudio. Se utilizó el análisis de componentes principales (PCA) para determinar si hubo un efecto de placa que causó variación a lo largo de las diferentes placas de RT. El primer componente principal se correlacionó bien con los valores de expresión medianos, lo que indicó que el nivel de expresión explicaba la mayoría de las variaciones entre las muestras. Además, no hubo variaciones inesperadas entre las placas.

Datos para otras variables

Grupo - Los pacientes se dividieron en dos grupos (cáncer/sin cáncer). Hubo poca diferencia entre los dos en la expresión génica total ya que la diferencia entre los valores de C_p medianos en cada grupo fue mínima (0,7).

Edad de la muestra - Las muestras variaron ampliamente en su expresión génica total, pero hubo una tendencia hacia los valores de C_p más bajos a medida que disminuía la edad.

Instrumento - La expresión génica total de la muestra de un instrumento a otro fue uniforme. Un instrumento mostró un C_p mediano levemente más alto en comparación con los otros tres, pero se encontró dentro de la variación aceptable.

Placa de RT - La expresión génica total de la muestra entre las placas de RT también fue muy uniforme. Los C_p medianos para cada una de las 3 placas de RT (2 placas de RT automatizadas y 1 placa manual que contenía muestras repetidas) estaban dentro de 1 C_p de cada una.

Análisis univariado para genes significativamente diferentes entre los grupos de estudio

Los genes se analizaron mediante el uso de la prueba z y el modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox, como se describe en el Ejemplo 1. Los datos resultantes pueden observarse en las Tablas 7-12.

EJEMPLO 3:

Las correlaciones estadísticas entre el resultado clínico y los niveles de expresión de los genes identificados en los Ejemplos 1 y 2 se validaron en los conjuntos de datos de expresión génica de cáncer de mama archivados por el Swiss Institute of Bioinformatics (SIB). Se proporciona información adicional respecto de la base de datos del SIB, los conjuntos de datos de estudio y los métodos de procesamiento en P. Wirapati, et al., Breast Cancer Research 10(4):R65 (2008). Los análisis univariados de riesgos proporcionales de Cox se llevaron a cabo para confirmar la relación entre el resultado clínico (DFS, MFS, OS) de las pacientes que padecían cáncer de mama y los niveles de expresión de los genes identificados como significativos en los estudios de ARN amplificado descritos anteriormente. Los grupos de genes coexpresados identificados para un proceso de enfermedad como el cáncer pueden servir como biomarcadores para la progresión de la enfermedad y la respuesta al tratamiento. Dichos genes coexpresados pueden probarse en lugar de, o además de, la prueba de los genes pronóstico y/o predictivos con los cuales se

coexpresan.

Un experto en la técnica reconocerá que muchos métodos de análisis de coexpresión actualmente conocidos o desarrollados con posterioridad se encontrarán dentro del alcance de las presentes formas de realización. Estos métodos pueden incorporar, por ejemplo, coeficientes de correlación, análisis de red de coexpresión, análisis de grupos, etc., y pueden basarse en los datos de expresión de RT-PCR, micromatrices, secuenciación y otras tecnologías similares. Por ejemplo, los grupos de expresión génica pueden identificarse mediante el uso de análisis de correlación en pares basándose 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 igual o mayor de 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).) En una forma de realización divulgada en el presente documento, los genes coexpresados se identificaron mediante el uso de un valor de correlación de Spearman de al menos 0,7.

Programa informático

Los valores de los ensayos descritos anteriormente, tales como los datos de expresión, la puntuación de recidiva, la puntuación de tratamiento y/o la puntuación de beneficio, pueden calcularse y almacenarse manualmente. Como alternativa, las etapas descritas anteriormente pueden realizarse de forma total o parcial mediante un producto de programa informático. Por lo tanto, la presente invención proporciona un producto de programa informático que incluye un medio de almacenamiento legible por ordenador que tiene un programa informático almacenado en el mismo. El programa puede, cuando se lee con el ordenador, llevar a cabo cálculos pertinentes basados en los valores obtenidos del análisis de una o más muestras biológicas de un individuo (por ejemplo, niveles de expresión génica, normalización, umbral y conversión de valores de los ensayos a un valor y/o representación gráfica de la probabilidad de recidiva/respuesta a la quimioterapia, coexpresión génica o análisis de grupos y similares). El producto del programa informático tiene almacenado un programa informático para llevar a cabo el cálculo.

La presente divulgación proporciona sistemas para ejecutar el programa descrito anteriormente, el sistema generalmente incluye: a) un entorno informático central; b) un dispositivo de entrada, conectado operativamente al entorno informático, para recibir datos del paciente, en el que los datos del paciente pueden incluir, por ejemplo, el nivel de expresión u otro valor obtenido de un ensayo mediante el uso de una muestra biológica del paciente, o datos de micromatriz, como se describe en detalle nodos que se añaden a *compsub*. No contiene el conjunto de nodos que se añadió a *compsub* y que ahora se excluyen de la extensión. El algoritmo consta de cinco etapas: selección de un candidato; añadir el nodo candidato al *compsub*; crear nuevos conjuntos de *candidatos* y *no* a partir de los antiguos conjuntos mediante la eliminación de todos los puntos que no están conectados al nodo candidato; llamar recursivamente al operador de extensión acerca de los nuevos conjuntos de *candidatos* y *no*; y, tras la devolución, eliminar el nodo candidato de *compsub* y colocarlo en el antiguo conjunto de *no*.

Hubo una primera búsqueda profunda con recorte y la selección de nodos candidatos tuvo un efecto sobre el tiempo de ejecución del algoritmo. Mediante la selección de los nodos en orden decreciente de frecuencia en los pares, se optimizó el tiempo de ejecución. Además, los algoritmos recursivos generalmente no pueden implementarse en una forma con múltiples subprocesos, pero el operador de extensión del primer nivel recursivo tenía múltiples subprocesos. Debido a que los datos entre los procesos de ejecución eran independientes ya que se encontraban en el nivel superior del árbol recursivo, se ejecutaron en paralelo.

Asignación de grupos y normalización: Debido a que los miembros de los pares y grupos de coexpresión se encuentran en el nivel de sonda, es necesario asignar los ID de sonda a los genes (o Refsec) antes de analizarlos. La información del mapa de genes Affymetrix se utilizó para asignar cada ID de sonda a un nombre de gen. Las sondas pueden asignarse a múltiples genes y los genes pueden representarse mediante múltiples sondas. Los datos para cada grupo se validan mediante el cálculo manual de los valores de correlación para cada par de un único grupo.

Los resultados de este análisis de coexpresión se exponen en las Tablas 16-18.

TABLA A

| Gén | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|------------|-----------------|-----------------|-------------------------------|------------|--------------------------------|------------|----------------------------------|------------|------------------------|---|------------|
| A-Catenina | NM_001903.1 | CTNNA1 | CGTCCGAT CTCTATAC TGCAT | 1 | AGTCCCTG TTGGCCTTA TAGG | 385 | ATGGCTACAGCACCTG ATGTGCA | 769 | 78 | CGTCCGATCTCTATACCTGCAATCCAG GCATGCCCTACAGCACCTGATGTGCA GCCATAAAGCCAACAGGACCT | 1153 |
| AAMP | NM_001087.3 | AAMP | GTGGGCA GGTGGACA CTAA | 2 | CTCCATCCA CTCCAGTVC TC | 386 | CGCTTCAAGGACACAGA CTCTCTC | 770 | 66 | GTGGGCAAGTGGACATAAGGAGGAG GTCTGTCTTTTGAAGCGGAGACCTG GAGTGGATGGAG | 1154 |
| ABCB1 | NM_000927.2 | ABCB1 | AAACACCA CTGGAGCAT TGA | 3 | CAAGCCTGG AAACCTATAG CC | 387 | CTCGCCAAATGATGCTGCT CAAGTT | 771 | 77 | AAACACCACTGGAGCAATGACTACCAG GCTCGCAATGATGCTGCTCAAGTTAA AGGGCTATAGGTTCCAGGCCITG | 1155 |
| ABCC10 | NM_033450.2 | ABCC10 | ACCAATGCA G | 4 | ATAGCCTG ACCACTGCC | 388 | CCATGAGCTGTAGCCGA ATGTCCA | 772 | 68 | ACCAATGCAATGCAAGTGGTGGAC ATTGGCTACAGCTCATGGGGGGGCA GTGGTACGCCAT | 1156 |
| ABCC5 | NM_005688.1 | ABCC5 | TGCAGACTG TACCATGCT GA | 5 | GGCCAGCAC CATAACTCT AT | 389 | CTGCACACGGTTTCTAGG CTCCG | 773 | 76 | TGCAGACTGTACCATGTCTGACCATTTG CCATGCCCTGCACACGGTTTCTAGGCTCC GATAGGATTATGGTCTGGCC | 1157 |
| ABR | NM_001092.3 | ABR | ACAGTCTG TCACCATGG AA | 6 | ACTAGGGTG CTCCGAGTG AC | 390 | TCTGCTCTACAAAGCCCAT TGACCG | 774 | 67 | ACAGTCTGTACCATGTGAAAGCTCTGC TCTACAAAGCCCATTTGACCGGTCACTC GGAGCACCTAGT | 1158 |
| ACTR2 | NM_005722.2 | ACTR2 | ATCCGCATT GAAGACCC A | 7 | ATCCGCTAG AACTGCACC AC | 391 | CCCGCAGAAAGCACATG GTATTCC | 775 | 66 | ATCCGCATTGAAGACCCACCCGCGAGA AAGCACATGGTATTCTTGGGTGTGCA GTCTAGCGGAT | 1159 |
| ACVR2B | NM_001106.2 | ACVR2B | GACTGCTC GTTCCTCTG GT | 8 | TGGGCTTAG ATGCTTGAC TC | 392 | CTCTGTACCAATGTGG ACCTGCC | 776 | 74 | GACTGCTGTTTCCCTGTGTGACCTCTG TCACCAATGTGGACCTGCCCTTAAAG AGTCAAGCATCTTAAGCCA | 1160 |
| AD024 | NM_020675.3 | SPC25 | TCAAAAGT ACGGACAC CTCCT | 9 | TGCAAAATGC TTTGAATGA AT | 393 | TGTAGGTATCTTTAGTC CCGCCATCTGA | 777 | 74 | TCAAAAGTACGGACACTCTCTGTGCA TGGCGGACTAAGAGATACCTACAAAG ATTCCATCAAAAGCATTTGCA | 1161 |
| ADAM12 | NM_021641.2 | ADAM12 | GAGCATGC GTCTACTGC CT | 10 | CTGGTCAAG GTCTCCATG T | 394 | CTGACACTCATCTGAGC CTTCCCA | 778 | 66 | GAGCATGGTCTACTGCTCCTACTGACA CTCATCTGAGCCCTCCCATGACATGA GACCTGTGACCAG | 1162 |
| ADAM17 | NM_003183.3 | ADAM17 | GAAGTGCC AGGAGGCG ATTA | 11 | CGGGCACTC ACTGCTATT ACC | 395 | TGCTACTGTGCAAGGCG TGTCTACTGC | 779 | 73 | GAAGTGCCAGGAGGCGATTAAATGTAC TTGCAAAAGGCGTGTCTACTGACACAGG TAATAGCAGTGAAGTCCCG | 1163 |
| ADAM23 | NM_003812.1 | ADAM23 | CAAGGCC CATCTGAAT CA | 12 | ACCCAGAAAT CCAACAGTG CAA | 396 | CTGCGCTGGATGGACAC CTC | 780 | 62 | CAAGGCCCATCTGAAATCAGTGTCCGT GGATGGACACCGCTTGCCTGTGGA TTCTGGGT | 1164 |
| ADAMTS8 | NM_007037.2 | ADAMTS8 | GCGAGTTCA AAGTGTG AG | 13 | CACAGATGG CCAGTGT CT | 397 | CACACAGGTGCCATCA ATCACT | 781 | 72 | GCGAGTTCAAGTGTCTGAGGCCAAGG TGATGTAGGCACTCTGTGTGGGCGAG AAACACTGGCCATCTGTG | 1165 |
| ADM | NM_001124.1 | ADM | TAAGCCAC AAGCACAC GG | 14 | TGGGCGCCT AAATCTAA | 398 | CGAGTGGAAATGCTGCC CACTTTC | 782 | 75 | TAAGCCACAAGCACACGGGGTCTCAGC CCCCCGGAGTGAAGTGTCTCCACACTT CTTTAGGATTTAGCGGCCA | 1166 |

(continuación)

| Cita | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. óptima | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|------------------------|-----------------|-----------------|---|------------|---------------------------------|------------|---------------------------------|------------|-------------------------|---|------------|
| AES | NM_001130.4 | AES | ACGAGATG TCCTACGGC TTGA | 15 | GGGCACAAA TCCCGTCA G | 399 | CGATCTCAGCCTGTTGT GCATCTCGAT | 783 | 78 | ACGAGATGCTCTACGGCTTGAACATCG AGATGCACAAACAGCTTGATGCTGCA AAAGCTGAACGGGATTTGTGGCC | 1167 |
| | | | AGCCACA TGTGACTAA TTGGA | 16 | TCTGATCTC CATCTGCT CA | 400 | CAACACGTCAACACCT TTGCTCT | 784 | 70 | AGCCACAATGAGCTAATTTGGAAGAAG AGCAAAAGGGTGTGACGTGTTGATGAG GCAGATGGAGATCAGA | 1168 |
| AGR2 | NM_006408.2 | AGR2 | CTGCATGTG ATTGAATAA GAAACAAG A | 17 | TGTGGACCT GATCCCTGT ACAC | 401 | TGACCACATCAAGGCTT CCCTGG | 785 | 78 | CTGCATGTGATTGAATAAGAAAACAAGA AAGTGACCACACCAAGCCCTCCCTGGC TGGTGTACAGGGATACAGTCCACA | 1169 |
| AK055699 | NM_104317 | LYPD6 | GTGGAAC GGAGCTCTT CC | 18 | CGAGAGGGT TGAAGGCAT AG | 402 | ACCTCAGTCCAAGTGC CTGAGGC | 786 | 67 | GTGCAACCGGAGCTCTTCCCTCTGCTC AGCCACTTTGGACTGAGGTTCTATGCTT TCAACCCCTGG | 1170 |
| AKR7A3 | NM_012067.2 | AKR7A3 | TTGCTCTG CCTTGTGACT AICTACA | 19 | CGACATTAA GATTTCCA ACTTGA | 403 | TCACGGTACACAATCTTT CCGGA | 787 | 75 | TTGCTCTGCTTGGACTATCTACATCTC CGGAAAAGATGTGTACCGTGTCTCAA GTTGGAGAACTAATGCTGG | 1171 |
| AKT3 | NM_005465.1 | AKT3 | GAGGAATA TGAATCCA AGGG | 20 | GTGGCGGAG ATCAAGAGG A | 404 | CCAGTTCTGCGCTCTGC TCTTCT | 788 | 66 | GATCGAATCTGGAATCTCAAGCGGCTCA GTTCAATCTGCTCTCTCTCTGCTCTT GATCTCCGCCAC | 1172 |
| ALCAM | NM_001627.1 | ALCAM | GGACAGGG TAAGACCGT GAT | 21 | AACCGAAG AAGTCGATG AG | 405 | CTGCAGCGTCAATCTCC GCTTG | 789 | 68 | GGACAGGGTAAGACCGTGTATCCAAGCG GAGATTGACCTGCGAGCGGAATCTATC GACTCTTCCGGTT | 1173 |
| ALDH4 | NM_003748.2 | ALDH4 | CCGTGAAA GCTGCTCTG TAA | 22 | TTGCAGTGG GAAGAACAG TC | 406 | AAGCTGACACAGCCCTC CCAAGTG | 790 | 69 | CCGTGAAAGCTGCTCTGTATAAAAGCTGA CACAGCCCTCCCAAGTGAGCAGGACTG TCTTCCCACTGCAA | 1174 |
| ANGPT2 | NM_001147.1 | ANGPT2 | CAAGACAC TAAGGGCG ACTACCA | 23 | GTGTGCGG CTTGAGTCA T | 407 | CCACCACACAGGTACAG CAGCGCT | 791 | 71 | CAAGACACTAAGGCGGACTACCAGAAA GCCTGCTGTACTGTGTGGTGGAGAT GACTGAAGCCCGACAG | 1175 |
| ANXA2 | NM_004039.1 | ANXA2 | GACTGCAA AGATGGAA ACGA | 24 | TAGCCATAA GGTCCGCTC TC | 408 | CTATGACGATGCCCTCA ACCCCTC | 792 | 81 | GACTGCAAGATGGAACCAAGCACTCTTA TGACGATGCCCTCAACCCCTCTGTCTC CCGTGAGAGCGGACCTTATGGCTA | 1176 |
| AP-1 (JUN official) | NM_002228.2 | JUN | GATGAAGC CTTTGCGAA GTT | 25 | AGGTCTCCA CACAGACA AG | 409 | CTTTGGGAAGCCAGGC CCCT | 793 | 68 | GATGAAGCTTTTGCAGATCTCTGAAG GGCTTGGCTTCCGAAAGCCCTTGTG CTGTGTGGAGACCT | 1177 |
| APEX-1 | NM_001641.2 | APEX1 | GTTTATGCC ATCGGCACC | 26 | GGAAATCAC GAGGGCATA GTTC | 410 | ACTGGATCTTGGCCACC GACTATG | 794 | 67 | GTTTATGCCATCGGCACCGTACTTGGATC GGCCCAACGACTATGAACTATGCC CTCGTGATTC | 1178 |
| APOD | NM_001647.1 | APOD | CAGTAGAG ATCCCCCA ACT | 27 | ACAAGACA TGGCTATGG AA | 411 | CTTTGCTTTGGGTCAACC TGCA | 795 | 64 | CAGTAGAGATCCCGCAACTGCTGTGT CCTTGGGTGACCCTCGATTCATAGCCA TGTGCTGT | 1179 |
| ARF1 | NM_001658.2 | ARF1 | AUCAGAGA TTACCCGCT CGT | 28 | ACTTGTGCA GCAGCGTAC TT | 412 | ACACCAGCCGCTGCCGAC TACTT | 796 | 67 | ATCAGAGATTACCGCTCTGGTGTGTC GGCACCGCTGTGTGGGGAAGAAGTACG CTTCTGCACAAT | 1180 |

(continuación)

| Cen | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|-----------|-----------------|-----------------|-----------------------------------|------------|---------------------------------|------------|----------------------------------|------------|--------------------------|---|------------|
| ARNT2 | NM_014862.3 | ARNT2 | GACTGGGTG AGTGATGG CA | 29 | GGAGTGAAG CATGGACAG A | 413 | CTAGAGCCATCCTTGGC CATCTCG | 797 | 68 | GACTGGGTGAGTATGATGCAACAGGATG GCCAAGGATGGCTCTAGAACACTCTGT CCATGGTCACTCC | 1181 |
| ARSD | NM_001669.1 | ARSD | TCCCTGAGA ACGAAACC ACT | 30 | TGGTGCCAT TTTCTATG AG | 414 | CAAGAATCTTGCAGCAG CATGGCT | 798 | 79 | TCCCTGAGAACGAAACACCTTTTGCAA GAATCTTGACGACGATGGCTATGCA CCGGCTCATAGGAAATGCAACCA | 1182 |
| AURKB | NM_004217.1 | AURKB | AGTGCAG AAGAGCTG CACAT | 31 | GCATCTGCC AACTCTCC AT | 415 | TGACGACGACGGCAACAG CCACG | 799 | 67 | AGCTCAGAAAGAGCTGACATTTGACG AGCAGCAACAGCCACGATCATGGAGG AGTTGGCAGATGC | 1183 |
| B-actin | NM_001101.2 | ACTB | CAGCAGAT GTGGAATCA GCAAG | 32 | GCAATTTGCG GTGGACGAT | 416 | AGGAGTATGACGAGTCC GGCCCC | 800 | 66 | CAGCAGATGTGGATCAGCAAGAGGAG TATGACGAGTCCGGCCCTCCATCTGCC ACCGCAATGC | 1184 |
| B-Catenin | NM_001904.1 | CTNBN1 | GGCTCTGT GGCTACTGT CCTT | 33 | TCAGATGAC GAAGAGCAC AGATG | 417 | AGGCTCAGTGTGCTTTC CCTGTCAACAG | 801 | 80 | GGCTCTGTGGGTACTGTCTTGGGCT GGTGACAGGAGACATCACTGAGCCT GCCATCTGTCTCTCTCACTGA | 1185 |
| BAD | NM_032989.1 | BAD | GGGTACGG TGCCTCGAG AT | 34 | CTGCTCACT CGGCTCAA CTC | 418 | TGGGCCAGAGCATGTT CCAGATC | 802 | 73 | GGGTACGGTCCCTCGAGATCGGGCTTG GGCCAGAGCATGTCTCCAGATCCAGA GTTTGACCGAGTGAGCAG | 1186 |
| BAG1 | NM_004323.2 | BAG1 | CGTTGTGAG CACTTGGAA TACAA | 35 | GTTCAACCT CTTCTGTG GACTGT | 419 | CCCAATTAAACATGACCC GGCAACCAAT | 803 | 81 | CGTTGTGACGACTTGGAAATACAGATG GTTGCCGGTCACTGTTAATTGGGAAA AGCACTGTCACAGAAAGAGTTGGAAC | 1187 |
| BAG4 | NM_004874.2 | BAG4 | CCTACGGCC GCTACTACG | 36 | GGGCGAAGA GGATATAAG GG | 420 | AGATGTGCCGGTACACC CAACTC | 804 | 76 | ACTACGGCGCTACTACGGGCTTGGG GTGGAGATGTGCCGTACACCCACCTC CACCTTATCTCTCTCTGCC | 1188 |
| BASE | NM_173859.1 | | GACTCTCA GGCAGAGC TTTCTT | 37 | CGAAGGCAC TACTCAATG GTTTC | 421 | CCAGCCTGCAGACAACT GGCCTC | 805 | 72 | GACTCTCAGGGCAGACTTCTTCCAG CCTGCAGACAACCTGGCTCCAGAAACC ATTGAGTAGTGCCTTCG | 1189 |
| Bax | NM_004324.1 | BAX | CCGCCGTGG ACACAGAC T | 38 | TTGCCGTCA GAAACATG TCA | 422 | TGCCACTCGGAAAAAGA CCTCTCGG | 806 | 70 | CCGCCGTGGACACAGACTCCGCCGAG AGTCTTTTCCGAGTGGCAGCTGACAT GTTTCTGACGGCAA | 1190 |
| BBC3 | NM_014417.1 | BBC3 | CCTGGAGG GTCCTGTAC AAT | 39 | CTAATTGGG CTCCATCTC G | 423 | CATCATGGGACTCTCTGC CCTTACC | 807 | 83 | CCTGGAGGTCTCTGTACAATCTCATCAT GGGACTCTGCCCTTACCCAGGGCCA CAGAGCCCCCGAGATGGAGCCCAATTA G | 1191 |
| BCAR1 | NM_014567.1 | BCAR1 | ACTGACAA GACTAGCA GCAT | 40 | TCTTGGGAG GTGAACTTA GG | 424 | AGTACGACCCCTGCC TCAC | 808 | 65 | ACTGACAAAGACGACGATCCAGTCA CGACCCCTGCCCTCACCCCTTAAGTTCA CCTCCAGGA | 1192 |
| BCAR3 | NM_003567.1 | BCAR3 | TGACTTCTT AGTTCTGA CTCTCTGT | 41 | TGAGCGAGG TTCTTCACT GA | 425 | CAGCCCTGGGAACCTTGG TCTTGACC | 809 | 75 | TGACTTCTTGTCTGACTCTCTGTC AGCCCTGGGAACCTTGTCTGACTGTC AGTGGAAAGAACCTCGCTCA | 1193 |
| BCAS1 | NM_003657.1 | BCAS1 | CCCGAGA CAACGGAG ATAA | 42 | CTCGGGTTT GGCTCTTT C | 426 | CTTTCGTTGGCATCCGC AACAG | 810 | 73 | CCCGGAGACAACGGAGATAAGTGTGT TGGGATGCCAACGGAAAGAACTTGG GAAGAGGCGCAACCCGAG | 1194 |

(continuación)

| Clon | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. (nt) | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|----------|-----------------|-----------------|-----------------------------------|------------|----------------------------------|------------|-------------------------------|------------|-----------------------|---|------------|
| Bcl2 | NM_006333.1 | BCL2 | CAGATGGA CCTAGTACC CACTGAGA | 43 | CCTATGATT TAAGGGCAT TTTTC | 427 | TTCCACGCCGAAGGACA GCCGAT | 811 | 73 | CAGATGGACCTACTACTACCCACTGAGATT TCCACGCCGAAGGACAGCGATGGGAAA AATGCCCTTAAATCATAGG | 1195 |
| BCL2L12 | NM_138639.1 | BCL2L12 | AACCCACCC CTGTCTTGG | 44 | CTCAGCTGA CGGGAAAGG | 428 | TCGGGTAGCTCTCAAA CTCGAGG | 812 | 73 | AACCCACCCCTGTCTTGGAGCTCGGG TAGCTCTCAAACTCGAGGCTGCGCAC CCCTTTCCTCGCTACGCTGAG | 1196 |
| BGN | NM_001711.3 | BGN | GAGCTCCGC AAGGATGAC C | 45 | CTTGTGTTC ACACAGGACG A | 429 | CAAGGGTCTCCAGCAC TCTACCC | 813 | 66 | GAGCTCCGCAAGGATGACTTCAAGGGT CTCCAGCACCTCTACGCCCTCTGCTCTGG TGAACAACAAG | 1197 |
| BIK | NM_001197.3 | BIK | ATTCTATG GCTCTGCAA TTGTC | 46 | GGCAGGAGT GAATGGCTC TTC | 430 | CCGGTTAACTGTGGCCT GTGCC | 814 | 70 | ATTCTATGGCTCTGCAATTTGTACCGG TTAACTGTGGCTGTGCCAGGAAGAG CCATTCACTCTGAC | 1198 |
| BNIP3 | NM_004052.2 | BNIP3 | CTGGACGG AGTAGCTCC AAG | 47 | GGTATCTTG TGGTGTCTG CG | 431 | CTCTCACTGTGACAGCC ACCTCG | 815 | 68 | CTGGACGGAGTAGCTTCAAGAGCTCTC ACTGTGACAGCCACCTCTGCTCGCAGA CACCAACAATACC | 1199 |
| BSG | NM_001728.2 | BSG | AATTTATG AGGCCAC GG | 48 | GTCGCCAAG AGGTCAGAG TC | 432 | CTGTGTTGACTCAGCCT CAGGGA | 816 | 66 | AATTTATGAGGCCACCGGCTCTGTGTT CTCACTACCTCTAGGAGCAGCTCTGAC CTCTTGCCAC | 1200 |
| BTRC | NM_033637.2 | BTRC | GTGGGAC ACAGTTGAT CTG | 49 | TGAAGCAGT CAGTTGTGC TG | 433 | CAGTCGGKCCAGGACGG TCTACT | 817 | 63 | GTGGGACACAGTTGTGCTGACGTCGG CCACAGACGCTTACTCTACACAACTG ACTGCTCA | 1201 |
| BUB1 | NM_004336.1 | BUB1 | CCGAGGTTA ATCCAGCAC GTA | 50 | AAGACATGG CGCTCTCAG TTC | 434 | TGCTGGGAGCCTACACT TGCCC | 818 | 68 | CCGAGGTTAATCCAGCACGTAATGGGC CAAGTTAGGCTCCAGCAGGAAGCTGA GAGGCCATGTCTT | 1202 |
| BUB1B | NM_001211.3 | BUB1B | TCAACAGA AGGCTGAA CCACTAGA | 51 | CAACAGAGT TTGCCGAGA CACT | 435 | TACAGTCCAGCACCGA CAATTCC | 819 | 82 | TCAACAGAAAGGCTGAACCACTAGAAAG ACTACAGTCCAGCACCGCAATTCGA AGCTCGAGTGTCTCGGCAAACTCTGTT G | 1203 |
| BUB3 | NM_004735.1 | BUB3 | CTGAAGCA GATGGTTCA TCATT | 52 | GCTGATTCC CAAGAGTCT AACC | 436 | CTCTGCTTTGTTTAAACAG CCAGG | 820 | 73 | CTGAAGCAGATGGTTCTATCTTTCTGG GCTGTTAAACAAAGCGAGGTTAAGGTT AGACTCTGGGAATCAGC | 1204 |
| e-kit | NM_000222.1 | KIT | GAGCAAC TGCTTATGG CTTAAATTA | 53 | GGCACTCGG CTTGAGCAT TT | 437 | TTACAGCGACAGTCAATG GCCGCAT | 821 | 75 | GAGCAACTGCTTATGGCTTAATTAAG TCAGATGCGGCCATGACTGTGCGCTGA AAGATGCTCAAGGCCGAGTCCC | 1205 |
| C10orf16 | NM_006829.2 | C10orf16 | CAAGAGCA GAGCCACC GT | 54 | TGAGACCGT TGGATTGGA TT | 438 | CCGGAGTCTAGCCTCC CAAAATC | 822 | 67 | CAGAGCGAGGCCACCGTAGCCGGAGT CCTAGCTCCCAAAATTCGGAATTCAA TCCAAACGCTCTCA | 1206 |
| C17orf37 | NM_032339.3 | C17orf37 | GTGACTGCA CAGGACTCT GG | 55 | AGGACCAAA GGGAGAGCA A | 439 | CTGTCTCTGTTCTGGGGT CCAAAC | 823 | 67 | GTGACTGCAAGGACTCTGGGTTCTCTG CTCTGTCTCTGGGTCCAAACCTTGTCT CCCTTTGGTCTCT | 1207 |
| C20orf1 | NM_012112 | TPX2 | TCAGCTGTG AGCTGCGG ATA | 56 | ACGGTCTTA GGTTTGAGG TTAAGA | 440 | CAGGTCCCAATTGCCGGG CG | 824 | 65 | TCAGCTGTGAGCTGGGATACGCCCG GCAATGGGACCTGCTCTTAACTCAAA CCTAGGACCGT | 1208 |

(continuación)

| Cena | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. sonda | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|------------------|-----------------|-----------------|---------------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|------------------------------------|------------|------------------------|--|------------|
| C6orf66 | NM_014165.1 | NDUF4F4 | GCGGTATCA GGAATTTCA ACCT | 57 | GCGACAGAG GGCTTCATC TT | 441 | TGATTTCCCGTTCCGCTC GGTTCT | 825 | 70 | GCGGTATCAGGAATTTCAACCTAGAGA ACCGACGGGAACGGGAAATCAGCAAG ATGAAGCCCTCTGTGCG | 1209 |
| C8orf4 | NM_020130.2 | C8orf4 | CTACGATC AGCCCAATCC AT | 58 | TGCCACGG CTTCTTAC TACCA | 442 | CATGGCTACCACTTCCA CACAGCC | 826 | 67 | CTACGATCAGCCCAATCCATCCTATGCG TACCACTCTCGACACACAGCTCTCTGTAAG AAAGCCGTGGCA | 1210 |
| CACNA2D2 | NM_006030.1 | CACNA2D2 | TGATGTGTC AGAGAACT TTC | 59 | CACGATGTC TTCTCTCTTG A | 443 | AAAGCACACCGCTGGCA GGAC | 827 | 67 | TGATGTCTGAGCAAACTTCCAGAAAAGC ACACCGCTGCAGGACACATCAAGGA GGAAGACATCTGTG | 1211 |
| CAT | NM_001752.1 | CAT | ATCCATTCG ATCTACCA AGGT | 60 | TCCGGTTTA AGACCAGTT TACCA | 444 | TGGCTTCACAAGGACTA CCCTCTCAATC | 828 | 78 | ATCCATTCGATCTCACCAAGGTTTGGCC TCACAAGGACTACCTCTCTCAATCCAGTT GGTAAACTGGTCTTAAACCGGA | 1212 |
| CAV1 | NM_001753.3 | CAV1 | GTGGCTCAA CATTTGTT CC | 61 | CAATGGCT CCATTTTAC AG | 445 | ATTACGCTGATCAGTG GGCTTCC | 829 | 74 | GTGGCTCAACATTTGTGTCCCAATTTCAG CTGATCAGTGGGCTTCAAGGAGGGGC TGAAAAATGGAGCCATTTG | 1213 |
| CBX5 | NM_012117.1 | CBX5 | AGGGGATG GTCTCTGTC ATT | 62 | AAAGGGGTG GGTAGAAAG GA | 446 | CATAATACATTCACCTCC CTGGCTCTCTC | 830 | 78 | AGGGGATGGTCTGTGATTTCTCTTTG TACATAATACATTCACCTCTCTCTCTCC TCTCTTTTCTACCTCACCTCTTT | 1214 |
| CCL19 | NM_006274.2 | CCL19 | GAACGCAT CATCCAGA GACTG | 63 | CCTCTGCAC GGTCATAGG TT | 447 | CGCTTCATCTTGGCTGAG GTCTCTC | 831 | 78 | GAACGCATATTCAGAGACTGTCAGAGG ACCTCAGCCCAAGATGAAGCGCCGAGC AGTTAACCTATGACCTGTGCAAGG | 1215 |
| CCL3 | NM_002983.1 | CCL3 | AGCAGACA GTGGTCAAT CCTT | 64 | CTGCATGAT TCTGACGAG GT | 448 | CTCTGCTGACACTTCGAG CCCAAT | 832 | 77 | AGCAGACAGTGGTCACTCTCTTTTGG CTCTCTGACACTCGAGCCACATTCGG TCACCTGCTCAGAATCATGCAAG | 1216 |
| CCL5 | NM_002985.2 | CCL5 | AGGTTCCTGA GCTCTGGCT TT | 65 | ATGCTGACT TCTCTCTG GT | 449 | ACAGAGCCCTGGCAAG CCAAAG | 833 | 65 | AGGTTCCTGAGCTCTGGCTTTGGCTTGGC TTTGCCAGGGCTCTGTGACCAAGGAAGG AAGTCAGCAT | 1217 |
| CCNB1 | NM_031966.1 | CCNB1 | TTACGGTTG TTGCAGGA GAC | 66 | CATCTCTTTG GGCACAAA T | 450 | TGCTCCATTAATTGATCG GTTCATGCA | 834 | 84 | TTACGGTTGTTGCAGGAGACCATGTAC ATGACTGTCTCCATTAATTGATCGGTCA TGCAAGATAATTGTGTGCCCAAGAAGA TG | 1218 |
| CCND3 | NM_001760.2 | CCND3 | CCTCTGTGC TACAGATTA TACCTTTGC | 67 | CACTGCAGC CCCAATGCT T | 451 | TACCCGGCATCCATGATC GCCA | 835 | 76 | CCTCTGTCTACAGATTATACCTTTGCC ATGTACCCGGCATCCATGATGCCACG GGCAGCATTTGGGCTGCAATG | 1219 |
| CCNE2 variante 1 | NM_057749var1 | CCNE2 | GGTCACCA AGAAACAT CAGTATGA A | 68 | TTCAATGAT AATGCAAGG ACTGATC | 452 | CCAGATAATACAGGTG GCCAACAAATTCCT | 836 | 85 | GGTCACCAAGAAACATCAGTATGAAAT TAGGAATTTTGGCCACCTGTATATCT GGGGGATCAGTCTCTGCAATATCAAT GAA | 1220 |
| CCR5 | NM_000579.1 | CCR5 | CAGACTGA ATGGGGGT GG | 69 | CTGGTTTGT CTGGAGAAG GC | 453 | TGGAATAAGTACCTAAG GGCCCCC | 837 | 67 | CAGACTGAATGGGGTGGGGGGGGGCG CCTTAGGTACTTATTCAGATGCCCTCT CCAGACAAACCAAG | 1221 |
| CCR7 | NM_001838.2 | CCR7 | GGATGACA TGCATCAG CTC | 70 | CCTGACATT TCCCTTGTC T | 454 | CTCCCATCCAGTGGAG CCAA | 838 | 64 | GGATGACATCAGCTCAGCTCTTGGCTC CACTGGATGGAGGAGAGACAAGG GAAATGTCAGG | 1222 |

(continuación)

| Gen | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. (nt) | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|--------------|-----------------|-----------------|--------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|------------------------------------|------------|-----------------------|--|------------|
| CD1A | NM_001763.1 | CD1A | GGAGTGGG AGGAACCTG GAAA | 71 | TCAATGGGCG TAATCTACGA AT | 455 | CGCACCATTTCGGTCATT GAGG | 839 | 78 | GGAGTGGGAGGAACTGGAAACATTAATT CCGTATACGACCACTTCGGTCATTGAG GGAATTCGTAGATACGCCCATGA | 1223 |
| CD24 | NM_013230.1 | CD24 | TCCAACCTAA TGCCACCAC CAA | 72 | GAGAGAGTG AGACCACGA AGAGACT | 456 | CTGTGACTGCAGGCA CCACCA | 840 | 77 | TCCAACCTAAATGCCACCAAGCGGCG TGCTGTGCTCCCTGAGTCAACAGCCAG TCTCTTGTGGTCTCACTCTCTC | 1224 |
| CD4 | NM_000616.2 | CD4 | GTGCTGGA GTGCGGACT AAC | 73 | TCCCTGCAT TCAAGAGGC | 457 | CAGGTCCCTTGTCCCA GTCCAC | 841 | 67 | GTGCTGGAGTGGGACTAACCCAGGTC CCCTGTCCCAAGTTCACCTGCTGCTCT TGAATGCAGGA | 1225 |
| CD44E | X55150 | | ATCACCGAC AGCACAGA CA | 74 | ACCTGTGT TGGATTTGC AG | 458 | CCCTGCTACCAATATGG ACTCCAGTCA | 842 | 90 | ATCACCGACAGCACAGACAGAAATCCT GCTACCAATATGGACTCCAGTCAATAGT ACAACGCTTACGCTTACTGCAAAATCCA AACACAGGT | 1226 |
| CD44s | M59040.1 | | GACGAAGA CAGTCCCTG GAT | 75 | ACTGGGGTG GAATGTGTG TT | 459 | CACCGACAGCACAGACA GAATCCC | 843 | 78 | GACGAAGACAGTCCCTGGATCACCGAC AGCACAGACAGAAATCCTGCTACACAGA GACCAAGACACATTCACCCAGT | 1227 |
| CD44v6 | AJ251595.v6 | | CTCATACCA GCCATCCAA TG | 76 | TTGGGTTGA AGAAATCAG TCC | 460 | CACCAAGCCAGAGGAC AGTTCCT | 844 | 78 | CTCATACCAAGCCATCCAAATGCAGGAA GGACAAACCAAGCCAGAGGACAGT CCTGGACTGATTTCTTCAACCCAA | 1228 |
| CD68 | NM_001251.1 | CD68 | TGGTTCCCA GCCCTGTGT | 77 | CTCTCCAC CTTGGGTG T | 461 | CTCCAAGCCAGATTCA GATTCGAGTCA | 845 | 74 | TGGTTCCCAAGCCCTGTCTCCACCTCCAA GCCAGATTGAGTTCGAGTCAATGATAC ACAACCCAGGTGGAGGAG | 1229 |
| CD82 | NM_002231.2 | CD82 | GTGCAGGCT CAGGTGAA GTG | 78 | GACCTCAGG GCGATTCA GA | 462 | TCAGCTTCTACAACTGG ACAGACAACGCTG | 846 | 84 | GTGCAGGCTCAGGTGAAAGTCTGCGGC TGGTCAAGCTTCTACAACTGGACAGAC AACGCTGAGCTCATGTAATCGCCCTGAG GTC | 1230 |
| CDC20 | NM_001255.1 | CDC20 | TGGATTTGGA GTTCTGGGA ATG | 79 | GCCTGCAC CCACAGGTA CACA | 463 | ACTGGCCGTGGCACTGG ACAACA | 847 | 68 | TGGATTTGGAATCTGGGAAATGTACTGG CCGTGGCACTGGACAAACAGTGTACTC TGTGGAGTGCAAGC | 1231 |
| cd25A | NM_001789.1 | CDC25A | TCTTGCTGG CTACGCCCTC TT | 80 | CTGCATTGT GCGCACAGTT CTG | 464 | TGTCCTGTTAGACGTCC TCCGTCCATA | 848 | 71 | TCTTGCTGGCTAGCCCTCTTCTGTCCCT GTTAGACGCTCTCCGTCCATATACAGA CTGTGCCACAATGCAG | 1232 |
| CDC25C | NM_001790.2 | CDC25C | GGTGAGCA GAAATGGC CTAT | 81 | CTTCAGTCT GGCTGTTC A | 465 | CTCCCGTCCGATGCCAG AGAACT | 849 | 67 | GGTGAGCAAGAGTGGCTTATATCGCTC CCCTGTCCGATCCAGAGAACTTGAACAG GCCAAGACTGAAG | 1233 |
| CDC4 | NM_018315.2 | FBXW7 | GCAGTCCGC TGIGTCAA | 82 | GGATCCAC ACCTTTACC ATAA | 466 | TGCTCCACTAACAACTCT CCTGCC | 850 | 77 | GCACTCCCTGTGTCTCAATATGATGCTC AGGAGGGTGTGTAGTGGAGCAATATGAT TTTATGGTAAAGGTGTGGGATCC | 1234 |
| CDC42BP A | NM_003607.2 | CDC42BP | GAGCTGAA AGACGCAC ACTG | 83 | GCCGCTCAT TGATCTCCA T | 467 | AATTCCTGCATGCCAG TTTCTC | 851 | 67 | GAGCTGAAGACGCACACTGTACAGAGG AAACTGGCCATGCAAGAAATTCATGGAG ATCAATGAGCGGC | 1235 |
| CDC42BP4 | NM_012121.4 | CDC42BP4 | CGGAGAAG GGCACCAG TA | 84 | CCGTCTATG GCCCTCTTC | 468 | CTGCCCAAGAGCCCTGTC ATCCAG | 852 | 67 | CGGAGAAGGCACCAAGTAAGCTGCCCA AGAGCTGTCAATCCAGCCCTGTGAAGA AGGCCAATGACGG | 1236 |

(continuación)

| Ciclo | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F. | SEQ ID NO: | Sec. cebador R. | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. (bases) | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|--------------------------|-----------------|-----------------|---------------------------------|------------|---------------------------------|------------|-------------------------------|------------|--------------------------|--|------------|
| CDH11 | NM_001797.2 | CDH11 | GTGCGCAG AAGCAGGA CT | 85 | CTACTCATG GGCGGGATG | 469 | CCCTCTGCCCCATAGTGAT CAGCGA | 853 | 70 | GTGCGCAGAGCAGGACTGTGACCTTC TGCCCCATATAGTGATAGCGATGGCGGCA TCCCGCCCATGAGTAG | 1237 |
| CDH3 | NM_001793.3 | CDH3 | ACCCATGTGA CCGTCTCTG | 86 | CCGCCCTTCA GGTTCTCA | 470 | CCAAACCCAGATGAAATC GGCAACT | 854 | 71 | ACCCATGTACCGTCTCGGCCAGCCAA CCCAAGATGAATCGCAACTTTATAAT TGAGAACCTGAAGGCGG | 1238 |
| CDK4 | NM_000075.2 | CDK4 | CCCTTCCCAT CAGCACAG TTC | 87 | TTGGGATGC TCAAAAGCC | 471 | CCAGTCGCTCTCAGTAAA GGCAACT | 855 | 66 | CCCTTCCCATCAGCACAGTTCGTGAGGT GGCTTTACTAGAGGCACTGGAGGCTTT TGAGCATCCCA | 1239 |
| CDK5 | NM_004935.2 | CDK5 | AAGCCCTAT CCGATGTAC CC | 88 | CTGTGGCAC TGAGTTTGG G | 472 | CACAACATCCCTGGTGA ACGTCTGT | 856 | 67 | AAGCCCTATCCGATGTACCCGGCCACA ACATCCCTGGTGAACGTGTCGCCAAA CTCAATGCCACAG | 1240 |
| CDKN3 | NM_005192.2 | CDKN3 | TGGATCTCT ACCAAGCAA | 89 | ATGTACAGGA GTCCCTCCA TC | 473 | ATCACCCATCATCATCCA ATCGCA | 857 | 70 | TGGATCTCTACCAAGCAATGTGGAATTA TCACCCATCATCATCCAATCGCAGATG GAGGACTCTTGACAT | 1241 |
| CEACAM1 | NM_001712.2 | CEACAM1 | ACTTGCCCTG TTCAGAGCA CTCA | 90 | TGGCAATC CGAATTAGA GTGA | 474 | TCCTTCCCAACCCAGTCTC CTGTC | 858 | 71 | ACTTGCCCTGTTCAGAGCACTCATCTCT CCCACCCCAAGTCTGCTCTATCATCTCT AATTCGGATTGCGA | 1242 |
| CEBPA | NM_004364.2 | CEBPA | TTGGTTTGTG CTCGGATAC TTG | 91 | GTCTCAGAC CTCTCCCC | 475 | AAATGAGACTCTCTCGT CGGCAGC | 859 | 66 | TTGGTTTGTCTCGGATACCTTGCCAAAAT GAGACTCTCTCGTCTGCAAGCTGGGGAA GGGTCTGAGAC | 1243 |
| CEBP1 | NM_020974.1 | SCUBE2 | TGACAATCA GCACACCTG CAT | 92 | TGTGACTAC AGCCGTGAT CTTTA | 476 | CAGGCCCTCTTCCGAGC GGT | 860 | 77 | TGACAATCAGCACACTGTGATTCACCG CTCGGAAGAGGGCTGAGCTGCATGAA TAAGGATCACGGCTGTGATGACACA | 1244 |
| CENPA | NM_001809.2 | CENPA | TAAATTCAC TCGTGTGTG GGA | 93 | GCCTCTTGT AGGGCCAT AG | 477 | CTTCAATTGGCAAGCC AGGC | 861 | 63 | TAAATTCACCTCGTGTGTGAGCTTCAAT TGCAAGCCAGGCCCTATTGGCCCTA CAAGAGGC | 1245 |
| CGA (CHGA oficial) | NM_001275.2 | CHGA | CTGAAGGA GCTCCAAG ACCT | 94 | CAAAACCCG TGTGTTCTT C | 478 | TGCTGATGTGCCCTCTCC TTGG | 862 | 76 | CTGAAGGAGCTCAAGACCTGCTCTC CAAGGGCCCAAGAGAGGGCACATCA GCAGAAGAAACACAGCGGTTTG | 1246 |
| Cgalla | NM_000735.2 | CGA | CCAGAATG CACGCTACA GGAA | 95 | GCCCATGCA CTGAAGTAT TGG | 479 | ACCCATTCTTCTCCACAGC CGGG | 863 | 69 | CCAGAATGACGTACAGGAAACCCCA TTCCTTCCCAAGCCGGGTGCCCAATAC TTCAGTGCATGGGC | 1247 |
| CGB | NM_000737.2 | CGB | CCACCATAG GCAGAGGC A | 96 | AGTCGTGGA GTGCTAGGG AC | 480 | ACACCTACTCTCTGTGC CTCCAG | 864 | 80 | CCACCATAGCAGAGGAGGCTTCTCT ACACCTACTCTCTGTGCTTCCAGCTC GACTAGTCTCTAGCACTGACGACT | 1248 |
| CHAF1B | NM_005441.1 | CHAF1B | GAGGCCAG TGGTGGAA ACAG | 97 | TCCGAGGCC ACAGCAAC | 481 | AGCTGATGAGTCTGCC TACCGCCTG | 865 | 72 | GAGGCCAGTGTGGGAAACAGGTGTGGA GCTGATGAGTCTGCCCTACCGCTGGT GTTGCTGTGGCTCGGA | 1249 |
| CHFR | NM_018223.1 | CHFR | AAGGAAGT GGTCCCCTCT GTG | 98 | GACGCATC TTTCTGTCTG G | 482 | TGAAGTCTCAGCTTTGC CTCAGC | 866 | 76 | AAGGAAGTGTGCTCTGTGGCAAGTG ATGAAGTCTCAGCTTTGCTCAGCTCT CCCAGACAGAAAGACTGCGTC | 1250 |

(continuación)

| Cícto | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F. | SEQ ID NO: | Sec. cebador R. | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diseñada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|---------------|-----------------|-----------------|----------------------------------|------------|---------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|---------------------------|--|------------|
| CH3L1 | NM_001276.1 | CH3L1 | AGAAATGGG TGTGAAGG CG | 99 | TGCAGAGCA GCATGGAG | 483 | CACCAGGACCACAAAGC CTGTTTG | 867 | 66 | AGAATGGGTGTGAAGGGGTCTCAAACA GGCTTTGTGGTCTGGTGTCTCTCCAGT GCTGCTCTGA | 1251 |
| CKS2 | NM_001827.1 | CKS2 | GGCTGGAC GTGGTTTG TCT | 100 | CGCTGCAGA AAATGAAC GA | 484 | | 868 | 62 | GGCTGGACGTGGTTTGTCTGCTGGCC CGCTTTCGCTCTGCTGTTTCAATTTCT GCAGCG | 1252 |
| Claudina 4 | NM_001305.2 | CLDN4 | GGCTGCTTT GCTGCACT G | 101 | CAGAGCGGG CAGCAGAAT A | 485 | CGCACAGACAAGCCTTA CTCCGCC | 869 | 72 | GGCTGCTTGTCTGCACTGTCCACCCG CACAGACAAGCCTTACTCCGCCAAGTA TTCCTGCTCCCGCTCTG | 1253 |
| CLIC1 | NM_001288.3 | CLIC1 | CGGTACTTG AGCAATGC CTA | 102 | TGATCTCC TCATCATCT GG | 486 | CGGGAAGAATTCGCTTC CACTTG | 870 | 68 | CGGTACTTGAGCAATGCTACGCCCG GAAGAATTCGCTTCCACTGTCCAGAT GATGAGGAGATCGA | 1254 |
| CLU | NM_001831.1 | CLU | CCCCAGGAT ACTACCAC TACCT | 103 | TGCGGGACT TGGGAAAGA | 487 | CCCTTCAGCTGCCCCAC CG | 871 | 76 | CCCCAGGATACCTACCTACCTGCCCC TCAGCTGCCCCACCGAGGCCCTCACT TCTTCTTCCCAAGTCCGCA | 1255 |
| CNOT2 | NM_014515.3 | CNOT2 | AAATCGCA GCTTATCAC AAGG | 104 | TGTTGGTAC CCCTGTTGTT G | 488 | ACTCAGTTACCGAGCCA CGTACCG | 872 | 67 | AAATCGAGCTTATCACAAGGCACCTCA GTTACCGAGCCACGTACGCCAACAAAC AGGGTACCAACA | 1256 |
| COL1A1 | NM_000088.2 | COL1A1 | GTGGCCATC CAGCTGACC | 105 | CAGTGGTAG GTGATGTTC TGGGA | 489 | TCTTGGCCTGATGTCCA CCG | 873 | 68 | GTGGCCATCCAGCTGACCTTCCTGCGCC TGATGTCCACCGAGGCCCTCCAGAACA TCACCTACCCTG | 1257 |
| COL1A2 | NM_000089.2 | COL1A2 | CAGCCAAG AACTGGTAT AGGAGCT | 106 | AACTGGCT GCCAGCATT G | 490 | TCTCTAGCCAGACGTGT TCTTGTGCTTTG | 874 | 80 | CAGCCAAGACTGGTATAGGAGCTCCA AGGACAAGAAACACGTCTGCTAGGAG AAACTATCAATGCTGGCAGCCAGTTT | 1258 |
| COMT | NM_000754.2 | COMT | CCTTATCGG CTGGAACG AGTT | 107 | CTCCTTGGT GTCAACCAT GAG | 491 | CCTCAGGCCATCCACA ACCT | 875 | 67 | CTTATCGGCTGGAACGAGTTCACTCTG CAGCCATCCACAACCTGCTCATGCGT GACACCAAGGAG | 1259 |
| Códingo 51037 | NM_198477 | CXCL17 | CGACAGTIG CGATGAAA GTTCATA | 108 | GGCTGCTAG AGACCATGG ACAT | 492 | CTCTCTCTGTGTGCTGCC ACTAATGCT | 876 | 81 | CGACAGTTCGATGAAAGTTCTAAICT CTTCCCTCTCTGTGTGCTGCCACTAAT GCTGATGTCATGTTCTTAACGACC | 1260 |
| COPS3 | NM_003653.2 | COPS3 | ATGCCAGT GTTCCTGAC TT | 109 | CTCCCAT ACAAATGCT GA | 493 | CGAAAACGCTATTCTCAC AGGTTACG | 877 | 72 | ATGCCAGTGTCTGACTTCGAAACG CTATCTCACAGGTTACAGCTCTTCATCA GCATCTGTAATGGGGAG | 1261 |
| CRYAB | NM_001885.1 | CRYAB | GATGTGATT GAGGTGCA TGG | 110 | GAACCTCCT GGAGATGAA ACC | 494 | TGTTTCATCTGGCGCTCT TCAATGT | 878 | 69 | GATGTGATTGAGGTGTCATGGAAAACAT GAAGAGCGCCAGGATGAACATGGTTTC ATCTCCAGGGAGTTTC | 1262 |
| CRYZ | NM_001889.2 | CRYZ | AAGTCTTGA AATGCGAT CA | 111 | CACATGCAT GGACCTTGA TT | 495 | CCGATTCAAAAGACCA TCAGGTTCT | 879 | 78 | AAGTCTGAAATTCGATCAGATATG CAGTACCGATTCCAAAAGACCATCAGG TTCATAATCAAGTCCATGCAATG | 1263 |
| CSF1 IsoC | NM_172211.1 | CSF1 | CAGCAAGA ACTGCAAC AACA | 112 | ATCCCTCCG ACTGCCTCT | 496 | TTTGCTGAATGCTCCAGC CAAGG | 880 | 68 | CAGCAAGACTGCAACCAACAGCTTTC TGAATGCTCCAGCCCAAGGCCAATGAGAG GCAGTCCGAGGGAT | 1264 |

(continuación)

| Gco | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|-----------|-----------------|-----------------|----------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|--------------------------|--|------------|
| CSF1 | NM_000757.3 | CSF1 | TGCAGCGG CTGATTGAC A | 113 | CAACTGTTC CTGGTCTAC AAACTCA | 497 | TCAGATGGAGACCTCGT GCCAAATTACA | 881 | 74 | TGCAGCGGCTGATTGACAGTCAGATGG AGACCTCTGGCCAAATTAACAATTGAGTT TGTAGACCAGGAACAGTTG | 1265 |
| CSF1R | NM_005211.1 | CSF1R | GAGCACAA CCAAACCTA CGA | 114 | CTGTCAGAG ATGGGTATG AA | 498 | AGCCACTTCCCACGCTG TTGT | 882 | 80 | GAGCACAACTAAACTACGAGTGCAGG GCCACAAACAGCGTGGGAGTGGCTCC TGGGCTTCTATACCCATCTCTGAGG | 1266 |
| CSF2RA | NM_006140.3 | CSF2RA | TACCACACC CAGCATTC TC | 115 | CTAGAGGCT GGTGGCACT GT | 499 | CGCAGATCCGATTCTCT GGGATC | 883 | 67 | TACCACACCAGCATCTCTCTGATCC AGAGAAATCGGATCTCGGAACAGTGGC ACGAGCTCTAG | 1267 |
| CSK (SRC) | NM_004383.1 | CSK | CTGAACAT GAAGGAGC TGA | 116 | CATCACGTC TCCGAACCT C | 500 | TCCGATGGTCTGCAGC AGCT | 884 | 64 | CTGAACATGAAGAGAGCTGAAGCTGCT GCAGACCATCGGGAAGGGGAGTTCCGG AGACGTGATG | 1268 |
| CTGF | NM_001901.1 | CTGF | GAGTTCAA GTGCCCTGA CG | 117 | AGTTGTAAT GGCAGGCAC AG | 501 | AACAATCATGTTCTCTCTC ATGACCTGCG | 885 | 76 | GAGTTCAAAGTGCCTTGACGCGAGGTC ATGAAGAAGAACATGATGTTCAATCAAG ACCTGCTGCTGCCATTACAACCT | 1269 |
| CTHRC1 | NM_138455.2 | CTHRC1 | GCTACATC GGCTAAAA TGC | 118 | TCAGCTCCA TTGAATGTG AAA | 502 | ACCAACCTGCACAGCAT GCATTTC | 886 | 67 | GCTACATCTGGCTAAATGTCAGAAATG CATGCTGTCAGCTGTGGTATTTCACATT CAATGGAGCTGA | 1270 |
| CTSD | NM_001909.1 | CTSD | GTACATGAT CCCCTGTGA GAAGGT | 119 | GGGACAGCT TGTAGCCCT TGC | 503 | ACCCTGCCCGCATCAC ACTGA | 887 | 80 | GTACATGATCCCTGTGTGAGAAGGTGTC CACCCCTGCCGATCACACTGAAGCT GGGAGGCAAGGCTACAAGCTGTCCC | 1271 |
| CTSL2 | NM_001333.2 | CTSL2 | TGCTCACT GAGCGAGC AGAA | 120 | ACCATTGCA GCCCTGATT G | 504 | CTTGAGGACCGCAACAG TCCACCA | 888 | 67 | TGCTCACTGAGCGAGCAGAAATCTGGT GGACTGTTCGGCTCTCTCAAGGCAATCA GGGCTGCAATGGT | 1272 |
| CTSL2int2 | NM_001333.2int2 | | ACCAGGCA ATAACCTAA CAGC | 121 | CTGTCTCC AAGCCAAGA CA | 505 | AGGTGCAATATGGGCAT ATATCTCCATTG | 889 | 79 | ACCAGGCAATAACTAACAGCACCCAT TATAGGTGCAATATGGGCATATATCTC CATTTGCTTGGCTTGGAGAAACAG | 1273 |
| CXCL10 | NM_001565.1 | CXCL10 | GGAGCAA ATCGATGCA GT | 122 | TAGGGAAGT GATGGGAGA GG | 506 | TCTGTGTGTCTCATCCTT GGAAGC | 890 | 68 | GGAGCAAATCGATGCGAGTGTCTCCA GGATGGACCAACAGAGAGGCTGCTCTC CCATCACTTCCCTA | 1274 |
| CXCL12 | NM_000609.3 | CXCL12 | GAGCTACA GATGCCCAT GC | 123 | TTTGAGATG CTTGACGGT GG | 507 | TTCTTGGAAAGCCATGTT GCCAGA | 891 | 67 | GAGCTACAGATGCCCATGCGGATCTT CGAAGCCATGTTGCCAGAGCCAACT CAAGCATCTCAA | 1275 |
| CXCL14 | NM_004887.3 | CXCL14 | TGCGCCCTT TCTCTGTA | 124 | CAATGCGGC ATATACTGG G | 508 | TAOCCTTAAGAACGCC CTTCCAC | 892 | 74 | TGCGCCCTTCTCTCTGTACATATACTCT TAAGAAGCCCTCTCACACACTGCC CCAGTATATGCCGCAATG | 1276 |
| CXCR4 | NM_003467.1 | CXCR4 | TGACCGCT CTAACCCTAA TG | 125 | AGGATAAGG CCAAACCATG ATGT | 509 | CTGAAACTGGAACAAA CCACCCACAAG | 893 | 72 | TGACCGCTCTACCCCAATGACTGTGG GTGGTTGTTCACGATTCAGCATCA TGGTTGGCTTATCTCT | 1277 |
| CYP17A1 | NM_000102.2 | CYP17A1 | CCGGAGTG ACTCTATCA CCA | 126 | GCCAGCATT GCCATTATC T | 510 | TGGACACACTGATGCAA GCCAAGA | 894 | 76 | CCGGAGTGACTCTATCAACCAATGCT GGACACACTGATGCAAGCCAAAGATGAA CTCAGATAATGGCAATGCTGGC | 1278 |

(continuación)

| Cen | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|---------------------|-----------------|-----------------|------------------------------------|------------|---------------------------------------|------------|--------------------------------|------------|------------------------|---|------------|
| CYP19A1 | NM_000103.2 | CYP19A1 | TCCTTATAG GTACTTTCA GCCATTTG | 127 | CACCATGGC GATGTACTT TCC | 511 | CACAGCCACGGGGCCCA AA | 895 | 70 | TCCTTATAGGTACTTTTCAGCCATTGTGC TTTGGGCCCCGGTGGCTGTGTCAGGAAAG TACATGCCATGGTG | 1279 |
| CYP11B1 | NM_000104.2 | CYP11B1 | CCAGCTTTG TGCCTGTCA CTAT | 128 | GGGAATGTG GTAGCCCAA GA | 512 | CTCATGCCACCACTGOC AACACCTC | 896 | 71 | CCAGCTTTGTGCTGTGCTACTATTCTCA TCCACCCACTGCCAACACCTCTGTCTTG GGCTACCACATTCC | 1280 |
| CYP61 | NM_001554.3 | CYP61 | TGCTCATTC TTGAGGAG CAT | 129 | GTGGCTGCA TTAGTGTCC AT | 513 | CAGCACCCCTTGGCAGTTT CGAAAT | 897 | 76 | TGCTCATTTGTGAGGAGCATTAAGGTAT TTCCAAACTTGCACAGGGTCTGGTGG GATGGACACTAATGACGCCAC | 1281 |
| DAB2 | NM_001343.1 | DAB2 | TGGTGGTTC TAGGTGGTG TA | 130 | ACCAAGAT GCTGTGTTC CA | 514 | CTGTACACTCCTCTCAGG CAGGAC | 898 | 67 | CATCTCTCAGGACAGGACCATGGAACA CAGCACTTTGGT | 1282 |
| DCC | NM_005215.1 | DCC | AAATGTCT CCTCGACTG CT | 131 | TGAATGCCA TCTTTCTTC A | 515 | ATCAGTGGAACTCTCTGG GTCGGAC | 899 | 75 | AAATGTCTCTCTGACTGCTCCGGGA GTCCGACCGAGGAGTTCCAGTGATCAA GTGGAAGAAAGATGCAATCA | 1283 |
| DCC_exones 18-23 | X76132_18-23 | | GGTCACTGGT TGGTGTCTAT CA | 132 | GAGCGTGGG GTGCAAAATC GTGCAAAATC | 516 | CAGCCACGATGACCACT ACCAGCACT | 900 | 66 | GGTCACTGGTGGTGTCTATCCTAGTGAT GGTAGTGTCTATCTGGCTGTGATTGTC ACCGACGCTC | 1284 |
| DCC_exones 6-7 | X76132_6-7 | | ATGGAGAT GTGTCTAT CCTAGTG | 133 | CACCACTCC AAGTATCCG TAAG | 517 | TGCTTCTCTCCACTATCT GAAATAA | 901 | 74 | ATTTTCAGATAGTGGGAGGAAAGCACT TACGGATATTGGGGTGGTG | 1285 |
| DK | NM_000788.1 | DK | GCCGCCAC AAGACTAA GGAAAT | 134 | CGATGTCTC CTTGTATGG AG | 518 | AGCTGCCGTCTTCTCA GCCAGC | 902 | 110 | CCCGCCACAGAACTAAGGAATGGCCAC CCCGCCAAAGAAAGCTGCCCTGTCTT CTCAGCAGCTCTGAGGGACCCGCAT CAAGAAATCTCCATCGAAGGGGAACAT CG | 1286 |
| DICER1 | NM_177438.1 | DICER1 | TCCAATTC AGCATCACT GT | 135 | GGCAGTGAA GGCGATAAA GT | 519 | AGAAAAGCTGTTTGTCT CCCCAGCA | 903 | 68 | TCCAATTCAGCATCACCTGGGAGAAA AGCTGTTGTCTCCCAAGCATACTTTAT CGCTTCTACTGC | 1287 |
| DLC1 | NM_006094.3 | DLC1 | GATTCAGAC GAGGATGA GCC | 136 | CACCTCTTG CTGTCCCTTT G | 520 | AAAGTCCATTGGCCACT GATGGCA | 904 | 68 | GATTCAGACGAGGATGAGCCTTGTGCC ATCAGTGCACAAATGGACTTTCCAAAGG GACAGCAAGAGTG | 1288 |
| DLL4 | NM_019074.2 | DLL4 | CACGGAGG TATAAGGC AGGAG | 137 | AGAAGGAAG GTCCAGCCG | 521 | CTAAGTGGACATCCCTGC TCAGCC | 905 | 67 | CACGGAGGTATAAGGCAGGAGGCTACC TGGACATCTCTCTCAGCCCGCGCT GGACCTTCTTCT | 1289 |
| DR5 | NM_003842.2 | TNFRSF10 B | CTCTGAGAC AGTGTCTCG ATGACT | 138 | CCATGAGGC CCAACTTCC T | 522 | CAGACTTGGTGGCCCTTTG ACTCC | 906 | 84 | CTCTGAGACAGTGTCTCTGATGACTTGC AGACTTGGTGGCCCTTTGACTCTCTGGGA GCCGCTCATGAGGAAGTTGGGCTCAT GG | 1290 |
| DSP | NM_004415.1 | DSP | TGGCACTAC TGCATGATT GACA | 139 | CCTGCCGCA TTGTTTTCAG CTGTCCACG | 523 | CAGGGCCATGACAAATCG CCAA | 907 | 73 | TGGCACTACTGCATGATGACATAGAG AAGATCAGGGCCATGACAAATCGCCAAAG CTGAAACAAATGCGCAGG | 1291 |
| DTYMK | NM_012145.1 | DTYMK | AAATCGCTG GGAAACAAG TG | 140 | AATGCGTAT CTGTCCACG AC | 524 | CGCCCTGGCTCAACTTTT CCTTAA | 908 | 78 | AAATCGCTGGGAACAAGTGCCTGTTAAT TAAGGAAAAGTTGAGCCAGGCGTGTGAC CCTCGTGTGGACAGATACGCAIT | 1292 |

(continuación)

| Gén | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F. | SEQ ID NO. | Sec. cebador R. | SEQ ID NO. | Sec. de sonda | SEQ ID NO. | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO. |
|-------------------|-----------------|-----------------|--------------------------------|------------|----------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|--------------------------|---|------------|
| DUSP1 | NM_004417.2 | DUSP1 | AGACATCA GCTCTGGT TCA | 141 | GACAAACAC CCTCTCTC AG | 525 | CGAGGCCATTGACTTCA TAGACTCCA | 909 | 76 | AGACATCAGCTCTCTGGTTCACGAGGC CATTTGACTTCATAGACTCCATCAAGAA TGTGGAGGAAGGGTGTGTTC | 1293 |
| DUSP4 | NM_001394.4 | DUSP4 | TGCTGACG ATGGAGGA GC | 142 | CTCGTCCG GTTCAATCAG GT | 526 | TTGAGCACACTGCAGTC CATCTCC | 910 | 68 | TGGTGACGATGAGGAGCTCGGGGAGA TGGACCTCAGTGTGCTCAAAAGGCTGA TGAACCGGGACGAG | 1294 |
| E2F1 | NM_005225.1 | E2F1 | ACTCCCTCT ACCCCTTGAG CA | 143 | CAGGCTCA GTTCTTCA GT | 527 | CAGAAGAACAGCTCAGG GACCCCT | 911 | 75 | ACTCCCTTACCCCTTGAGCAAGGGCAG GGTCCCTGAGCTGTCTCTGCCCCAT ACTGAAGAACTGAGGCCCTG | 1295 |
| EBRP | AF243433.1 | | CTGCTGGAT GACCTTCTC C | 144 | CCAAACAGTA CAGCCAGTT GC | 528 | CTCACCAGAACGCCCAA CCTCAAC | 912 | 76 | CTGCTGGATGACCTCTCCAGAGTG GCTCACCAGAGGCCCAACCTCAACAC CAGCAACTGGCTGACTGTGG | 1296 |
| EDN1 endoleína | NM_001955.1 | EDN1 | TGCCACCTG GACATCAIT TG | 145 | TGGACCTAG GGCTTCAA GTC | 529 | CACTCCCGAGCACGTTG TTCCGT | 913 | 73 | TGCACCTGGACATCATTTGGGTCAAC ACTCCCGAGCACGTTGTTCCGTATGGA CTTGAAGCCCTAGGTCA | 1297 |
| EDN2 | NM_001956.2 | EDN2 | CGACAAGG AGTGGTCT ACTTCT | 146 | CAGGCCGTA AGGAGCTGT CT | 530 | CCACTTGGACATCATCTG GGTGAACACTC | 914 | 79 | CGACAAGGAGTGGCTCTACTTCTGCCA CTTGGACATCATCTGGGTGAACACTCCT GAACAGACAGCTCTTACGGCCCTG | 1298 |
| EDNRA | NM_001957.1 | EDNRA | TTTCTCAA ATTGGCTC AAG | 147 | TTACACAIC CAACAGTGC CC | 531 | CCTTTGCTCAGGGCATC CTTTT | 915 | 76 | TTTCTCAAATTTGCCCTCAAGATGAAA CCCTTGCTCAGGGCATCTTTTGGCT GGCACGTGTGATGTGTA | 1299 |
| EDNRB | NM_000115.1 | EDNRB | ACTGTGAAC TGCCTGGTG C | 148 | ACCACAGCA TGCGTGAGA G | 532 | TGCTACCTGCCCCCTTGT CATGTG | 916 | 72 | ACTGTGAACCTGGCTGGTGCAGTGTCCA CATGACAAAGGGGCAGGTAGCACCCCTC TCTCACCCATGCTGTGGT | 1300 |
| EEF1A1 | NM_001402.5 | EEF1A1 | CGAGTGGA GACTGGTGT TCTC | 149 | CCGTTGTAA CGTTGACTG GA | 533 | CAAAAGGTGACCACCATA CCGGGT | 917 | 67 | CGAGTGAGAGACTGGTGTCTCAAACCC GGTATGGTGGTCACTTTGCTCCAGTCA ACGTTACAACGG | 1301 |
| EEF1A2 | NM_001958.2 | EEF1A2 | ATGGACTCC ACAGAGCC G | 150 | GGGCTGAC TTCCTTGAC TT | 534 | CTCTGCTAGCGCTTCTC GCTGTA | 918 | 66 | ATGGACTCCACAGAGCCGGCTTACAGC GAGAAAGGCTACGACGAGATGCTCAAG GAAGTCAGGCC | 1302 |
| EFP | NM_005082.2 | TRIM25 | TTGAACAG AGCTGACC AAG | 151 | TGTTGAGAT TCCTGGCAG TT | 535 | TGATGCTTCTCCAGAAA CTCGAATCA | 919 | 74 | TTGAACAGAGCCCTGACCAAGAGGGATG AGTTGAGTTCTGGAGAAAGCATCAA AACTCGAGGAATCTCAACA | 1303 |
| EGR1 | NM_001964.2 | EGR1 | GTCCCGCT GCAGATCTC T | 152 | CTCCAGCTT AGGGTAGTT GTCCAT | 536 | CGGATCCTTCTCTCACTC GCCCA | 920 | 76 | GTCCCGCTGCAGATCTGACCCGTTTC GGATCCTTCTCACTCGCCACCATTGG ACAACCTCCCTAAAGCTGGAG | 1304 |
| EGR3 | NM_004430.2 | EGR3 | CCATGTGGA TGAATGAG GTG | 153 | TGCTGAGA AGAGGTGAG GT | 537 | ACCCAGTCTCACTTCTC CCCAAC | 921 | 78 | CCATGTGATGAATGAGGTGTCTCTTT CCATACCCAGTCTCACTTCTCCCCACC CTACTCTACCTCTCTCAAGCA | 1305 |
| EIF4EBP1 | NM_004095.2 | EIF4EBP1 | GGCGGTGA AGAGTCAC AGT | 154 | TGGTAGTGT CTCCACACG AT | 538 | TGAGATGGACATTTAAA GCACACGCC | 922 | 66 | GGCGGTGAAGAGTCAACAGTTTGAGATG GACATTTAAAGCAACAGCCATCGTGTG GAGCACTACCAA | 1306 |

(continuación)

| Ciclo | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. (bases) | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|-------|-----------------|-----------------|-----------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|--------------------------|---|------------|
| ELF3 | NM_004433.2 | ELF3 | TCGAGGCG AAGAAGAG CAA | 155 | GATGAGGAT GTCCCGGAT GA | 539 | CGCCAGAGGCACCCAC CTG | 923 | 71 | TCGAGGCGAAGAAGAGCAAGCAGCG CCAGAGCAGCCACCTGTGGGAGTTC ATCCGGACATCTCTATC | 1307 |
| EMP1 | NM_001423.1 | EMP1 | GCTAGTACT TTGATGCTC CCTTGAT | 156 | GAACAGCTG GAGGCCAAG TC | 540 | CCAGAGAGCCTCCCTGC AGCCA | 924 | 75 | GCTAGTACTTTGATGCTCCCTTATGGG GTCCAGAGAGCCTCCCTGCAGCCACCA GACTTGGCTCCAGCTGTTC | 1308 |
| ENO1 | NM_001428.2 | ENO1 | CAAGGCCG TGAACGAG AAGT | 157 | CGGTACCGG AGCCAAATCT | 541 | CTGCAACTGCCCTCTGCT CAAAATCA | 925 | 68 | CAAGGCCGTGAACGAGAAGTCTGCAA CTGCCCTCTCTCAAGTCAACAGATT GGTCCGTGACCG | 1309 |
| EP300 | NM_001429.1 | EP300 | AGCCCCAG CAACTACA GTCT | 158 | TGTTCAAAG GTGACCCAT GC | 542 | CACGTACATCATGGCTG GCCCTTG | 926 | 75 | AGCCCCAGCAACTACAGTCTGGGATGC CAAGGCCAGCATGATGTCAGTGGGCC AGCATGGTCAACCTTTGAACA | 1310 |
| EPCAM | NM_002354.1 | EPCAM | GGGCCCTCC AGAACAAAT GAT | 159 | TGCACGTCT TGGCCTTAA AGA | 543 | CCGCTCTCATCGCAGTCA GGATCAT | 927 | 75 | GGGCCCTCCAGAACAAATGATGGGCTTT ATGATCTCTGACTGCGATGAGAGCGGCG TCCTTAAAGGCCAAGCAGTGCA | 1311 |
| EPHA2 | NM_004431.2 | EPHA2 | CAACCAGG CAGCTCCAT C | 160 | GTGGCGTGC CTCGAAGTC GAC | 544 | TGCGCCGATGAGATCA CCG | 928 | 72 | CGCCCTGATGAGATCAACCTGACGAGC GACTTGGAGGACGCCAC | 1312 |
| EPHB2 | NM_004442.4 | EPHB2 | TGAACGGG GTATCTCTC TTA | 161 | GTAATGCTG TCCACGGTG C | 545 | CACCTGATGCATGATGG ACACTGC | 929 | 66 | CAACCAGGCGCTCATCGCAGTGTG CATCATGATCAGGTGAGCCGCCAGCT GGACAGCATTAAC | 1313 |
| EPHB4 | NM_004444.3 | EPHB4 | TGGTCCATC GCCAGTTAT CA | 162 | AGGTACCTC TCGGTCACT GG | 546 | CGTCCCATTTGAGCCCTGT CAATGT | 930 | 77 | TGAACGGGTATCTCTCTTACGACAGG GGCCCGTCCCATTTGAGCCTGTCAATGT CACCACGTACCGAGAGGTACCT | 1314 |
| ER2 | NM_001437.1 | ESR2 | TGGTCCATC GCCAGTTAT CA | 163 | TGTTCTAGC GATCTTGCT TCACA | 547 | ATCTGTATGGGAACCT CAAAAGAGTCCCT | 931 | 76 | TGTTCCATCGCCAGTTATCACATCTGTA TGCGGAACCTCAAAAGAGTCCCTGTGTG TGAAGCAAGATCGCTAGAACA | 1315 |
| ERBB4 | NM_005235.1 | ERBB4 | TGGTCTCTA ATCAGTTTC GTTACCT | 164 | CAAGGCATA TCGATCTTC ATAAAGT | 548 | TGTCACACGAATAATGC GTAAATCTCCAG | 932 | 86 | TGGTCTCTAATCAGTTTCTGTACCTGCC TCTGGAGAATTTACGCATTATTCTGGGG ACAAAACCTTATGAGGATCGATAATGCC TTG | 1316 |
| ERCC1 | NM_001983.1 | ERCC1 | GTCCAGGTG GATGTGAA AGA | 165 | CGGCCAGGA TACACATCT TA | 549 | CAGCAGGCCCTCAAGGA GCTG | 933 | 67 | GTCCAGGTGATGTGAAAGATCCCCAG CAGGCCCTCAAGGAGCTGGCTAAGATG TGTATCTTGGCCG | 1317 |
| ERG | NM_004449.3 | ERG | CCAACACTA GGCTCCCA G | 166 | CCTCGGCCA GGTCTTTAG T | 550 | AGCCATATGCCCTTCTCAT CTGGGC | 934 | 70 | CCAACACTAGGCTCCACCAGCCATA TGCTTCTCATCTGGGACTTACTACTA AAGACCTGGCGAGG | 1318 |
| ERRa | NM_004451.3 | ESRRA | GGCATTGA GCCCTCTTA CATCA | 167 | TTCCGAGG AACCCCTTTG G | 551 | AGAGCCGGCCAGGCCCTG ACAG | 935 | 67 | GGCATTGAAGCTCTCTACATCAAGGCA GAGCCGGCCAGCCCTGACAGTCCAAAG GGTCTCTGGAGA | 1319 |
| ESD | NM_001984.1 | ESD | GTCACCTCG CCACCGTAG | 168 | CTGTCCAAT TGCCTGATG CTT | 552 | TGCGCTAACCATTTGGTGC AAGCAA | 936 | 66 | GTCACCTCGCCAGCAAGCAAAAGCAATCA CCATTGTGTGCAAGCAAAAGCAATCA GCATTGGACAG | 1320 |

(continuación)

| Cíto | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|---------------------|-----------------|-----------------|---------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|---------------------------------|------------|------------------------|--|------------|
| ESPL1 | NM_012291.1 | ESPL1 | ACCCACAG ACCGGATC AG | 169 | TGTAGGGCA GACTTCTC AAACA | 553 | CTGGCCCTCATGTCCCT TCACG | 937 | 70 | ACCCACAGCCGATCAGGCAAGCTGG CCCTCATGTCCCTTACACGGTGTGAG GAAGTCTGCCCTACA | 1321 |
| ESRRG | NM_001438.1 | ESRRG | CCAGCAC ATTGTTGAA GAT | 170 | AGTCTCTG GGCATCGAG TT | 554 | CCCCAGACCAAGTGTGA ATACATGCT | 938 | 67 | CCAGCACCATGTGTAAGATCCCCAGA CCAAGTGTGAATACATGCTCAACTCGA TGCCCAAGAGACT | 1322 |
| ESR1 | NM_000125.1 | ESR1 | CGTGTGCC CCTCTATGA C | 171 | GGCTAGTGG GGCATGTA G | 555 | CTGGAGATGCTGGACGC CC | 939 | 68 | CGTGTGCCCTCTATGACCTGCTGCTG GAGATGCTGGACGCCACCGCTTACAT GCGCCCACTAGCC | 1323 |
| ETV5 | NM_004454.1 | ETV5 | ACCATGTAT CGAGAGGG GC | 172 | TGACCAAGGA ACTGCCACA G | 556 | TTACCAAGAGGCGAGGTT CCCTTCA | 940 | 67 | ACCATGTATCGAGAGGGGCCCTTAC CAGAGCGGAGGTTCCCTTCACTGTGTGG CAGTTCCTGGTCA | 1324 |
| EZH2 | NM_004456.3 | EZH2 | TGGAACA GCGAAGGA TACA | 173 | CACCGAACA CTCCCTAGT CC | 557 | TCCTGACTTCTGTGAGCT CAITGCG | 941 | 78 | TGGAACAAGGAAGGATACAGCCGTG CACATCTGACTTCTGTGAGCTCATGCG GCGGACTAGGGAGTGTTCGGTG | 1325 |
| F3 | NM_001993.2 | F3 | GTGAAGGA TGTGAAGC AGACGTA | 174 | AACCGGTGC TCTCCACAT TC | 558 | TGGCACGGGTCTTCTCT ACC | 942 | 73 | GTGAAGGATGTGAAGACAGCTACTTG GCACGGGTCTTCTCTACCCGGCAGGG AATGTGAGAGCACCGGTT | 1326 |
| FAP | NM_004460.2 | FAP | CTGACCAG AACCACGG CT | 175 | GGAAATGGG TCATGTGGG | 559 | CGGCCCTGTCCACGAACC ACTTATA | 943 | 66 | CTGACCAGAACACCGCTTATCCGGCC TGTCCACGAACCACTTATACACCCACA TGACCCACTTCC | 1327 |
| FASN | NM_004104.4 | FASN | GCCTCTTC TGTTCGACG | 176 | GCTTTGCC GGTAGCTCT | 560 | TGCCCCACTACGTACTG GCCTAC | 944 | 66 | GCCTCTCTGTTCGACGGCTCGCCAC CTACGTACTGGCTTACACCCAGAGCTA CCGGCCAAAGC | 1328 |
| FGFR2 isoforma 1 | NM_000141.2 | FGFR2 | GAGGACT GTTGGCATG CA | 177 | GAGTGAGAA TTCGATCCA AGTCTTC | 561 | TCCCAGAGACCAACGTT CAAGCAGTTG | 945 | 80 | GAGGACTGTGGCATGACAGTGCCCTC CCAGAGACCAACGTTCAAGCAGTGTGT AGAAGACTTGGATGAAATCTCCTC | 1329 |
| FGFR4 | NM_002011.3 | FGFR4 | CTGGCTTAA GGATGGAC AGG | 178 | ACGAGACTC CAGTGTGA TG | 562 | CCTTTCATGGGGAGAAC CGCAIT | 946 | 81 | CTGGCTTAAGGATGGACAGGCCCTTCA TGGGGAGAACCGCATTTGGAGGCATTCG GCTGCCCATCAGCACTGGAGTCTGT | 1330 |
| FHIT | NM_002012.1 | FHIT | CCAGTGA GCGCTTCCA T | 179 | CTCTCTGGG TCGTCGAA ACAA | 563 | TCGGCCACTTCATCAGG ACGCAG | 947 | 67 | CCAGTGGAGCGCTTCCATGACCTCGT CCTGATGAAGTGGCCGATTTGTTTCAG ACGACCCAGAGAG | 1331 |
| FLOT2 | NM_004475.1 | FLOT2 | GACATCTGC GCTCCATCC | 180 | CAAACTGGT CCCGGTCTT | 564 | AATCTGTCCACTGTGAG GGTCCC | 948 | 66 | GACATCTGCTCCATCTCTGGGACCTT GACAGTGGAGCAGATTTATCAGGACCG GGACCAAGTTTG | 1332 |
| FN1 | NM_002026.2 | FN1 | GGAAGTGA CAGACGTG AAGGT | 181 | ACACGGTAG CCGGTCACT | 565 | ACTCTCAGGCGGTGTCC ACATGAT | 949 | 69 | GGAAGTGAACAGACGTTGAAGGTCAACAT CATGTGACACCGCTGAGAGTGCAGT GACCGGCTACCGGT | 1333 |
| FOS | NM_005252.2 | FOS | CGAGCCCT TGATGACTT CCT | 182 | GGAGCGGGC TGTCACAGA | 566 | TCCCAGCATCATCCAGG CCACG | 950 | 67 | CGAGCCCTTGATGACTTCTCTGTCCCA GCATCATCCAGGCCAGTGTCTCTGAG ACAGCCCGCTCC | 1334 |

(continuación)

| Gcra | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|------------|-----------------|-----------------|-------------------------------------|------------|------------------------------------|------------|------------------------------------|------------|------------------------|--|------------|
| FOX2 | NM_005251.1 | FOX2 | GAGAACAA GCAGGGCT GG | 183 | CITGACGAA GCACCTCGTT GA | 567 | AGAACAGCATCCGCCAC AACCTCT | 951 | 66 | GAGAACAAAGAGGGCTGGCAGAACAG CATCCGCCAACACTCTCGCTCAACGA GTGCTTCGTCAAG | 1335 |
| FOX3A | NM_001455.1 | FOX3 | TGAAGTCA GGACGATG ATG | 184 | ACGGCTTGC TFACTGAAG GT | 568 | CTCTACAGCAGCTCAGC CAGCCTG | 952 | 83 | TGAAGTCCAGGACGATGATGGCCCTCT CTCGCCATGCTCTACAGCAGCTCAGC CAGCCTGTCACCTTCAGTAAGCAAGCC GT | 1336 |
| FOXPI | NM_035682.3 | FOXPI | CGACAGAG CTTGTGCAC CT | 185 | GGTCGTCCA TTGGAAATCC T | 569 | CAGAACAGCCCTTGGCC CAGAAAT | 953 | 70 | CGACAGAGCTTTGTGACCTAAGCTGCA GACCAAGCTTTGCCAGCAAAATTTAAGG ATTCCAATGGACGACC | 1337 |
| FOXPI | NM_014009.2 | FOXPI | CTGTTTGT GTCCGGAG G | 186 | GTGGAGGAA CTCTGGGAA TG | 570 | TGTTTCCATGGCTACCCC ACAGGT | 954 | 66 | CTGTTTGTGTCCGGAGGACCTGTGG GGTAGCATGGAAACAGCACATTCCCA GAGTTCCTCCAC | 1338 |
| FSCN1 | NM_003088.1 | FSCN1 | CCAGCTGT ACTTTGACA TCGA | 187 | GGTCACAAA CTTGCCATT GGA | 571 | TGACCGGCGCATCACAC TGAGG | 955 | 74 | CCAGCTGTACTTTTGACATCGAGTGGC GTACCGGCGCATCACACTGAGGGCGT CCAAATGGCAAGTTTGTGACC | 1339 |
| FUS | NM_004960.1 | FUS | GGATAATTC AGACAACA ACACCAATCT | 188 | TGAAGTAAT CAGCCACAG ACTCAAT | 572 | TCAATTGTAAACATTCTCA CCCAGGCTTGG | 956 | 80 | GGATAATTCAGACAACAACCAATCTT TGTGCAAGGCTTGGGTGAGAAATGTTAC AATTGAGTCTGTGGCTGATTACTTCA | 1340 |
| FYN | NM_002037.3 | FYN | GAAAGCGCA GATCATGA AGAA | 189 | CTCTCAGA CACCCTGAC AT | 573 | CTGAAGCAAGACAAGCT GCTCCAG | 957 | 69 | GAAAGCGCAATCAATGAAGAGCTGAA GCACGACAAGCTGGTCCAGCTCTATGC AGTGGTGTCTGAGGAG | 1341 |
| G-Catenina | NM_002230.1 | JUP | TCAGCAGC AAGGGCAT CAT | 190 | GGTGGTTT CTTGAGGCT GTACT | 574 | CGCCCGCAGGCCCTCATC CT | 958 | 68 | TCAGCAGCAAGGGCATCATGAGGAGG ATGAGGCTTGGGGCGCCCAATACACGC TCAAGAAAACCACT | 1342 |
| GAB2 | NM_012296.2 | GAB2 | TGTTTGGAG GGAAGGCG T | 191 | GAAATAGC TGAGGGCTG TGAC | 575 | TGAGCCAGATTCCACAC CTCACGT | 959 | 74 | TGTTTGGAGGAAAGGGCTGGGGCTCTG AGCCAGATTCCACACCTCACGTTTCACT CACAGCCCTCAGCTATCTTC | 1343 |
| GADD45 | NM_001924.2 | GADD45A | GTGCTGGTG ACGAATCC A | 192 | CCCGGCAAA AACAAATAA GT | 576 | TTCATCTCAATGGAAGG ATCCTGCC | 960 | 73 | GTGCTGGTGACGAATCCACATTCATCTC AATGGAAGGATCTTGGCTTAAGTCAAC TTATTTGTTTTTGGCCGGG | 1344 |
| GADD45B | NM_015675.1 | GADD45B | ACCTTCGAC AAGACCAC ACT | 193 | TGGGAGTTC ATGGGTACA GA | 577 | AACCTCAGCCCCAGCTC CCAAGTC | 961 | 70 | ACCTTCGACAAGACCACACTTTTGGGAC TTGGGAGCTGGGCTGAAAGTTGCTCTG TACCCATGAACCTCCA | 1345 |
| GAPDH | NM_002046.2 | GAPDH | ATTCACCC ATGGCAAA TTC | 194 | GATGGGATT TCCATTGAT GACA | 578 | CCGTTCTCAGCTTGAAG GTGC | 962 | 74 | ATTCACCCATGGCAAAATTCATGCA CCGTTCAAGGCTGAGAACGGGAAGCTTG TCATCAATGGAAATCCCATC | 1346 |
| GATA3 | NM_002051.1 | GATA3 | CAAAAGGAG CTCAGCTGT GTGTCT | 195 | GAGTCAGAA TGGCTTAAT CAGAGATG | 579 | TGTTCCAACCCTGAATC TGGACC | 963 | 75 | CAAAAGGAGCTCACTGTGGTGTCTGTGT TCCAACTCAATCTGGAGCCCATCT GTGAATAAGCCATCTTGACTC | 1347 |
| GBP1 | NM_002053.1 | GBP1 | TTGGGAAT ATTGGGCA TT | 196 | AGAAAGCTAG GGTGGTGT CC | 580 | TTGGGACATTGTAGACTT GCCAGAC | 964 | 73 | TTGGGAATATTGGGCAATTTGGTCTGG CCAAGTCTACATGTCCCAATATCAAG GACAACCAACCTTAGCTTCT | 1348 |

(continuación)

| Ciclo | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|------------|-----------------|-----------------|------------------------|------------|--------------------------|------------|--|------------|--------------------------|--|------------|
| FOX2 | NM_005251.1 | FOX2 | GAGAACAA GCAGGGCT | 183 | CTTGACGAA GCACCTGGT | 567 | AGAACAGCATCCGCAC AACCTCT | 951 | 66 | GAGAACAAAGCAGGGCTGGCAGAACAG CATCCGCCACAACTCTCTCGCTCAACGA GTGCTTCGTCAAG | 1335 |
| FOX3A | NM_001455.1 | FOX3 | TGAAGTCCA GGACGATG | 184 | ACGGCTTGC TFACTGAAG | 568 | CTCTACAGCAGCTCAGC CAGCCTG | 952 | 83 | TGAAGTCCAGGACGATGATGGCCCTCT CTCGCCATGCTCTACAGCAGCTCAGC CAGCCTGTCACTTCACTAGTAAGCAAGCC GT | 1336 |
| FOXPI | NM_032682.3 | FOXPI | CGACAGAG CTTGTCAC | 185 | GGTGTGCTCA TTGGAAATCC | 569 | CAGACCAAGCCCTTGCC CAGAAAT | 953 | 70 | CGACAGAGCTTGTGCACTTAAGCTGCA GACCAAGCTTTGGCCAGAAATTTAAGG ATTCCAATGGACGACC | 1337 |
| FOXPI | NM_032682.3 | FOXPI | CTTGTCAC CT | 186 | TTGGAAATCC CTCTGGGAA | 570 | TGTTTCCATGGCTACCC ACAGGT | 954 | 66 | CTGTTGTGCTGTCGGAGGCACCTGTGG GGTAGCCATGGAAACAGACACATTCCTCA GAGTCTCTCCAC | 1338 |
| FOXPI | NM_014009.2 | FOXPI | CTGTTTGT GTCCGGAG | 187 | GGTGCACAAA CTTGCCAT | 571 | TGACCGGCGCATCACAC TGAGG | 955 | 74 | CCAGCTGTACTTTTGACATCGAGTGGC GTGACCGGCGCATCACACTGAGGGCGT CCAATGGCAAGTTTGAGC | 1339 |
| FSCN1 | NM_003088.1 | FSCN1 | GGATAATTC AGACAACA | 188 | TGAAGTAAT CAGCCACAG | 572 | TCAATTGTAAACATCTCA CCCAGGCTTG | 956 | 80 | GGATAATTCAGACAACAACACCAATCTT TGTGCAAGGCTGGGTGAGAAATGTAC AATTGAGTCTGTGGCTGATTACTTCA | 1340 |
| FUS | NM_004960.1 | FUS | ACACCAATCT GAAGCGCA | 189 | ACTCAAT CTCTCAGA | 573 | CTGAAGCAGCACAAGCT GGTCCAG | 957 | 69 | GAAGCGAGATCATGAAGAAGCTGAA GCACGCAAGCTGTGTCAGCTCTATGC AGTGTGTCTGAGGAG | 1341 |
| FYN | NM_002037.3 | FYN | GATCATGA AGAA | 190 | CACCACATG AT | 574 | CGCCCGCAGGCGCTCATC CT | 958 | 68 | TCAGCAGCAAGGCGATCATGAGGAGG ATGAGGCTGCGGCGCCAGTACACGC TCAAGAAAACCAACC | 1342 |
| G-Catenina | NM_002230.1 | JUP | TCAGCAGC AAGGGCAT | 191 | GGTGGTTT CTTGAGCGT | 575 | TGAGCCAGATTCCACAC CTCACGT | 959 | 74 | TGTTTGGAGGGAAGGCTGGGGCTCTG AGCCAGATTCCACACCTCACGTTTCACT CACAGCCCTCAGCTATCTTC | 1343 |
| GAB2 | NM_012296.2 | GAB2 | TGTTTGGAG GGAAGGCG | 192 | GGTGGCTG TGAGGGCTG | 576 | TTCACTCAATGGAAGG ATCCTGCC | 960 | 73 | GTGCTGTGACGGAATCCACATTCATCTC AATGGAAGGATCTGCTTAAAGTCAAC TTATTTGTTTTCCTCCGG | 1344 |
| GADD45 | NM_001924.2 | GADD45A | GTGCTGGTG ACGAATCC | 193 | CCCGGCAAA AACAAATAA | 577 | AACCTCAGCCCGAGCTC CCAAGTC | 961 | 70 | ACCTCGACAAGACACACTTTGGGAC TTGGGAGCTGGGGCTGAAGTTGCTCTG TACCCATGAACCTCCA | 1345 |
| GADD45B | NM_015675.1 | GADD45B | ACCTCGAC AAGACCAC | 194 | TGGGAGTTC ATGGGTACA | 578 | CCGTTCTCAGCCTTGACG GTGC | 962 | 74 | ATTCCACCCATGGCAAAATTCATGGCA CCGTCAGAGCTGAGACGGGAAGCTTG TCATCAATGGAAATCCCATC | 1346 |
| GAPDH | NM_002046.2 | GAPDH | ATTCACCC ATGGCAA | 195 | GATGGGATT TCCATTGAT | 579 | TGTTTCAACCACTGAATC TGGACC | 963 | 75 | CAAAGGAGCTCACTGTGGTGTCTGTGT TCCAACCACTGAATCTGGACCCCATCT GTGAATAAGCCATCTGACTC | 1347 |
| GATA3 | NM_002051.1 | GATA3 | CAAAGGAG CTCAGTGT | 196 | GGCTTAT CACAGATG | 580 | TTGGGAAATATTGGGCAATGGTCTGG CCAAGTCTACAATGTCCCAATATCAAG GACAAACCACCTAGCTTCT | 964 | 73 | TTGGGAAATATTGGGCAATGGTCTGG CCAAGTCTACAATGTCCCAATATCAAG GACAAACCACCTAGCTTCT | 1348 |
| GBPI | NM_002053.1 | GBPI | TTGGGAAAT ATTGGGCA | | AGAACTAG GGTGGTGT | | | | | | |

(continuación)

| Ccra | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F' | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. data | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|------------------|-----------------|-----------------|--|------------|---------------------------------|------------|------------------------------------|------------|-----------------------|---|------------|
| GREB1 variante a | NM_014668.2 | GREB1 | CAGATGAC AATGGCCA CAAT | 211 | GAAGCCTTT CTTTCCACA GC | 495 | CACAAATCCAGAGAAA CCAGAAGAGC | 979 | 71 | CAGATGACAAATGGCCACAAATGCTCTTC TTGGTTTCTCTGGGAAATTTGTTGGCTG TGAAGAAAGAGGCTTC | 1363 |
| GREB1 variante b | NM_033090.1 | GREB1 | TGCTTAGGT GCAGTAAA ACCA | 212 | CAAGAGCCTT GAATGCGTC ACT | 496 | ACCACGCGAACGGTGCA TCG | 980 | 73 | TGCTTAGGTGGGTAAACACAGCGCTT GTCCGACGTCACCTTCGCTGGTGAAC TGACGCATTACGGCTCTTG | 1364 |
| GREB1 variante c | NM_148903.1 | GREB1 | CCCAAGGC ACCAGCTTT A | 213 | ACTTCGGCT GTGTGTAT ATGCA | 497 | TCCCGAGCCAGCAGG ACA | 981 | 64 | CCCAAGGCACCGCTTACTCCCGGAG CCAGCAGGACATCTGCATATAACACA CAGCCGAAGT | 1365 |
| GRN | NM_002087.1 | GRN | TGCCCCAA GACACTGTG T | 214 | GAGGTCCGT GGTAGCGTT CTC | 498 | TGACCTGATCCAGAGTA AGTGCTCTCCA | 982 | 72 | TGCCCCAAAGACACTGTGTGTGACCTG ATCCAGAGTAAGTGCTCTCTCCAAGGAG AACGCTACCACGGACCTC | 1366 |
| GSTM1 | NM_000561.1 | GSTM1 | AAGCTATG AGGAAAG AAGTACAC GAT | 215 | GGCCAGCT TGAATTTTC A | 499 | TCAGCCACTGGCTTCTGT CATATACAGGAG | 983 | 86 | AAGCTATGAGGAAAGAAAGTACACGAT GGGGACGCTCCTGATTAATGACAGAG CCAGTGGCTGAATGAAAAATTCAGCT GGGC | 1367 |
| gen GSTM2 | NM_000848.2 | GSTM2 | CTGGGCTGT GAGGCTGA GA | 216 | GCGAATCTG CTCCTTTCT GA | 600 | CCCGCTAACCCTCGTAA AGCAGATTCA | 984 | 71 | CTGGCTGTGAGGCTGAGAGTGAATCT GCTTTACGAGGCTAGCGGGGAATCAG AAAAGGAGCAGATTTCG | 1368 |
| GSTM3 | NM_000849.3 | GSTM3 | CTGCAGGC ACTCCTGA AAT | 217 | CCAAGAAAC CATGGCTGC TT | 601 | CTGAAGCTCTACTACA GTTTCTGGG | 985 | 68 | CTGCAGGCATCTCTGAAATGCTGAAG CTCTACTCAGTTTCTGGGGAAGCAG CCATGGTTCTTGG | 1369 |
| GSTM4 | NM_000850.3 | GSTM4 | CAATGCCAT CTTGGCTGA CAT | 218 | GTCCACTCG AATCTTTCT CTTCA | 602 | CTCCCAAGCACAACTG TGTGTGAGA | 986 | 76 | CAATGCCATCTGGGCTACATCGCTGC AAGCACAACTGTGTGTGAGACTGAA GAAGAAAGATTCGAGTGGAC | 1370 |
| GSTM5 | NM_000851.3 | GSTM5 | CACCATGCC CACCTGTC T | 219 | GGCTCAGT GTGCATCAT TCT | 603 | CACAGCCGCTTGAAAGC CACAAAT | 987 | 66 | CACCATGCCACCTCTGCTTCCACAGCC GCTGAAAGCCACAATGAGAAATGATGC ACACTGAGGCC | 1371 |
| GUS | NM_000181.1 | GUS | CCCAGTCAG TAGCCAAAT CA | 220 | CACGCAGGT GGTATCAGT CT | 604 | TCAAGTAAACGGGCTGT TTTCCAAACA | 988 | 73 | CCCAGTCAGTCCCAAGTCCACAAATGTT TGGAAACAGCCCGTTTACTTGAGCAA GACTGATACCACTGGGTG | 1372 |
| H3F3A | NM_002107.3 | H3F3A | CCAAAGCT GTAAACAAT ATGCC | 221 | TCTTAAGCA CGTTCTCCA CG | 605 | AAAGACATCCAGCTAGC ACGCCG | 989 | 70 | CCAAAGCTTAACAATATGCCCCAAAG ACATCCAGTACGACGCCGACATACGTG GAGAACCCTGCTTAAGA | 1373 |
| HDAC1 | NM_004964.2 | HDAC1 | CAAGTACC ACAGCGAT GACTACAT AA | 222 | GCTTGGCTGT ACTCCGACA TGT | 606 | TTCTTGGCTTCCATCCGT CCAGA | 990 | 74 | CAAGTACCACAGCGATGACTACATTA ATTCTTGGCTTCCATCCGTCAGATAAC ATGTCCGAGTACAGCAAGC | 1374 |
| HDAC6 | NM_006044.2 | HDAC6 | TCTTGTGCT CTGGAAGC C | 223 | CTCCACGGT CTCAGTTGA TCT | 607 | CAAGAACCTCCAGAAG GGCTCAA | 991 | 66 | TCTTGTGCTTGGAAAGCCCTTGAGCCCT TCTGGAGGTTCTTGTGAGATCAACTG AGACCTGGAG | 1375 |
| HER2 | NM_004448.1 | HER2 | CGGTGTGA GAAGTGCA GCAA | 224 | CTCTCTGCA AGTGTCTCA T | 608 | CCAGACCATAGCACACT CGGGCAC | 992 | 70 | CGGTGTGAGTGTGATGCTGGGCATG GCCCGAGTGTGCTATGCTGGGCATG GAGCACTTGGAGAGG | 1376 |

(continuación)

| Cdn | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|----------|-----------------|-----------------|-----------------------------------|------------|--|------------|------------------------------------|------------|------------------------|--|------------|
| HES1 | NM_005524.2 | HES1 | GAAAGATA GCTCGCGC A | 225 | GGAGGTGCT TCACCTGCA TTT | 609 | CAGAAATGTCCTCTCTC CAGCTT | 993 | 68 | GAAAGATAGCTCGCGCATTCCTCAAGCT GGAGAGGCGCGACATTCCTGGAATGAC AGTGAACCACTCC | 1377 |
| HGFAC | NM_001528.2 | HGFAC | CAGGACAC AAGTGCA GATT | 226 | GCAGGGAGC TGGAGTAGC | 610 | CGCTCAGGTCTCATGCA AGTGG | 994 | 72 | CAGGACACAAAGTGCACAGATTGCGGGCT GGGCGCCACTTGAGATGAGAACTGAGCG GCTACTCCAGCTCCCTGC | 1378 |
| HLA-DPB1 | NM_002121.4 | HLA-DPB1 | TCCATGATG GTTCTGCAG GTT | 227 | TGAGCAGCA CCAICAGTA ACG | 611 | CCCGGACAGTGGCTCT GACG | 995 | 73 | TCCATGATGTTTGCAGGTTTCTGCGG CCCCCGACAGTGGCTCTGACGCGCT TACTGATGGTGTCTCA | 1379 |
| HMGB1 | NM_002128.3 | HMGB1 | TGGCCTGTC CATTTGTGA T | 228 | GCTTGTTCAT CTGCAGCAG TGTT | 612 | TTCCACATCTCTCCAGT TTCTTCGCAA | 996 | 71 | TGGCCTGTCCATTGGTGAATGTTGCGAA GAAACTGGGAGAGATCTGGAAATAACAC TGCTGCAGATGACAAAC | 1380 |
| HNF3A | NM_004496.1 | FOXA1 | TCCAGGATG TTAGGAACCT GTGAAG | 229 | GCGTGTCTG CGTAGTAGC TGTT | 613 | AGTCGCTGTTTCATGCC CTTCCA | 997 | 73 | TCAGGATGTTAGGAACCTGTGAAGATG GAAGGCAATGAACCAACGACCTGGAA CAGCTACTACGACACACGC | 1381 |
| HNRPA | NM_004499.3 | HNRNPAB | AGCAGGAG CGACCAACT GA | 230 | GTTTGCCAA GTTAAATTT GGTACATAA T | 614 | CTCCATATCCAAACAAA GCATGTGTGCG | 998 | 84 | AGCAGGAGCAGCAACTGATCGCACAC ATGCTTTGTTTGGATATGGAGTGAACA CAATTATGTACCAAAATTTAACTTGGCA AAC | 1382 |
| HNRPC | NM_004500.3 | HNRNPC | GCAGCAGT CGGCTCTC T | 231 | GGGAGGGAG AAGAGATTC GAT | 615 | AGTCTCTACTCCCGGGT TCTGCG | 999 | 68 | GCAGCAGTGGGCTCTCTACGCAGAAC CCGGAGTAGGAGACTCAGAATCGAAT CTCTCTCCCTGCC | 1383 |
| HoxA1 | NM_005522.3 | HOXA1 | AGTGACAG ATGGACAA TGCAAGA | 232 | CCGAGTCGC CACTGCTAA GT | 616 | TGAACCTCTCTCTGGAAAT ACCCCA | 1000 | 69 | AGTGACAGATGGACAAATGCAAGAATGA ACTCCCTGCTGGAATACCCATACCTAG CAGTGGCGACTCGG | 1384 |
| HoxA5 | NM_019102.2 | HOXA5 | TCCCTGTG TTCCTCTG TGAA | 233 | GGCAATAAA CAGGCTCAT GATTAA | 617 | AGCCCTGTCTCTGTTGCC CTAATTCAATC | 1001 | 78 | TCCCTGTGTTCTCTCTGTGAAGAAGCC CTGTCTGTTGCCCCAATTCATCTTTT AATCATGAGCCGTGTTATTGCC | 1385 |
| HOXB13 | NM_006361.2 | HOXB13 | CGTGCTTA TGCTTACTT TGG | 234 | CACAGGGTT TCAGCGAGC | 618 | ACACTCGGACGAGTAG TACCCGC | 1002 | 71 | CTGCTCTATGTTACTTGGAGGCGG GTACTACTCTCTGCGAGTGTCCCGAG CTCGCTGAACCCCTGTG | 1386 |
| HOXB7 | NM_004502.2 | HOXB7 | CAGCCTCAA GTTCTGTTT TC | 235 | GTTGGAAGC AAACGCACA | 619 | ACCGGAGCCTTCCAGA ACAAACT | 1003 | 68 | CAGCCTCAAGTTTCGGTTTTCGCTACCGG AGCCTTCCAGAACAAACTTCTTGTGC GTTTGTCTCCAAAC | 1387 |
| HSD17B1 | NM_000413.1 | HSD17B1 | CTGGACCGC ACGGACAT C | 236 | CGCTCTCGG AAAGACTTG | 620 | ACCGCTTCTACCAATACC TCGCCCA | 1004 | 78 | CTGGACCGCACCGGACATCCACACCTTC CACGGCTTCTACCAATACCTCGCCACA GCAAGCAAGTCTTTCGCGAGCGG | 1388 |
| HSD17B2 | NM_002153.1 | HSD17B2 | GCTTTCAA GTGGGAA TTA | 237 | TGCCTGGA TATCTGTTA GG | 621 | AGTTGCTTCCATCCAACC TGGAGG | 1005 | 68 | GCTTTCAAAGTGGGAAATTAAGTTTC TTCATCTCAACCTGGAGGCTTCTTAACA AATATCCAGGCA | 1389 |
| HSN1 | NM_017493.3 | OTUD4 | CAGTCTCGC CATGTTGAA GT | 238 | ATAAACGCT TCAAAATTC TCTCTG | 622 | CAGAAATGGCTGTATTC ACTATCTTCGAGA | 1006 | 77 | CAGTCTCGCATGTGTGAAGTCAAGATG GCCTGTATCTACTATCTTCGAGAGAAC AGAGAGAAATTTGAAGCGTTTAT | 1390 |

(continuación)

| Ccch | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|--------|-----------------|-----------------|---|------------|--|------------|--------------------------------------|------------|--------------------------|--|------------|
| HSPA1A | NM_005345.4 | HSPA1A | CTGCTGCGA CAGTCCACT A | 239 | CAGGTTGCG TCTGGGAAG | 623 | AGAGTGACTCCCGTTGT CCCAAGG | 1007 | 70 | CTGCTGCGACAGTCCACTACCTTTTTCG AGAGTGACTCCCGTTGTGTCACAGGCTT CCAGAGCGAACCTG | 1391 |
| HSPA1B | NM_005346.3 | HSPA1B | GGTCCGCTT CGTCTTTTCG A | 240 | GCACAGGTT CGCTCTGGA A | 624 | TGACTCCCGCGGTCCCA AGG | 1008 | 63 | GGTCCGCTTCTGCTTTTCGAGAGTGACTC CCGGGTCCTCCAAAGCTTTTCAGAGCGA ACCTGTGC | 1392 |
| HSPA4 | NM_002154.3 | HSPA4 | TTCAGTGTG TCCAGTGCA TC | 241 | ATCTGHTTC ATTGGCTCC T | 625 | CATTTTCCTCAGACTTGT GAACCTCCACT | 1009 | 72 | TTCAGTGTGTCAGTGTGATCTTTAGTGG AGGTTCCAAAGTCTGAGGAAAATGAGG AGCCAATGGAAACAGAT | 1393 |
| HSPA5 | NM_005347.2 | HSPA5 | GGCTAGTA GAACCTGGA TCCCAACA | 242 | GGTCTGCCC AAATGCTTT TC | 626 | TAAITAGACCTAGGCCCT CAGCTGCACCTGCC | 1010 | 84 | GCTAGTAGAACTGGATCCCAACACCA AACTCTTAATTAGACCTAGGCCCTCAGCT GCACCTGCCGAAAAGCATTTGGGCAGA CC | 1394 |
| HSPA8 | NM_006597.3 | HSPA8 | CCTCCCTCT GGTGGTGCT T | 243 | GCTACATCT ACACTTGGT TGGCTTAA | 627 | CTCAGGGCCACCATTTG AAGAGGTTG | 1011 | 73 | CTCCCTCTGGTGGTCTCTCTCAGGGC CCACCATTTGAAGAGGTTGATTAAAGCCA ACCAAGTGTAGATGTAGC | 1395 |
| HSPB1 | NM_001540.2 | HSPB1 | CCGACTGG AGGAGCAT AAA | 244 | ATGCTGGCT GACTCTGCT C | 628 | CGCACTTTCTTGAGCAG ACGTCCA | 1012 | 84 | CCGACTGGAGGAGCATAAAAGCGCAGC CGAGCCAGCGCCCGCACCTTTTCTGA GCAGACGCTCAGACAGAGTCAAGCCAG CAT | 1396 |
| IBSP | NM_004967.2 | IBSP | GAATACCA CACTTTCTG CTACAACAC T | 245 | GGATTGACG CTAAACCTG TATAACC | 629 | CCAGGCGTGGCGTCTCTC TCCATA | 1013 | 83 | GAATACCACTTTCTGCTACAAACACT GGCTATTGGAGAGGACCCACCCCTGG CACAGGGTATACAGGGTTAGCTGCAAT CC | 1397 |
| ICAM1 | NM_000201.1 | ICAM1 | GCAGACAG TGACCACT ACAGCTT | 246 | CTTCTGAGA CTCTGGCT TCGT | 630 | CCGGCGCCCAACGTGAT TCT | 1014 | 68 | GCAGACAGTGACCACTTACAGCTTTTC GGCGCCCAACGTGATTTCTGACGAAGCC AGAGGCTCAGAAG | 1398 |
| ID1 | NM_002165.1 | ID1 | AGAACCGC AAGGTGAG CAA | 247 | TCCAACTGA AGGTCCCTG ATG | 631 | TGGAGATTCTCCAGCAC GTCACTGAC | 1015 | 70 | AGAACCGCAAGGTGAGCAAGGTGGAG ATTCTCCAGCACGTCACTGACTACATCA GGGACCTTCAGTTGGA | 1399 |
| ID4 | NM_001546.2 | ID4 | TGGCCTGGC TCTTAATTT G | 248 | TGCAATCAT GCAAGACCA C | 632 | CTTTTGTTTTGGCCAGTA TAGACTCGGAAG | 1016 | 83 | TGGCCTGGCTCTTAATTTGCTTTTGTGTT GCCAGTATAGACTCGGAAGTAAACAGT TATAGCTAGTGGTCTTGATGATTGCA | 1400 |
| IDH2 | NM_002168.2 | IDH2 | GGTGGAGA GTGGAGCC ATGA | 249 | GCCTGTTCA GCTTCACAT TGC | 633 | CCGIGAATGCAGCCCGC CAG | 1017 | 74 | GGTGGAGTGGAGCCATGACCAAGG ACCTGGCGGCTGCATTCACGGCTCA GCAATGTGAAGCTGAACGAGC | 1401 |
| IGF1R | NM_000875.2 | IGF1R | GCAATGGTA GCCGAAGA TTTCA | 250 | TTTCCGGTA ATAGTCTGT CTCATAGAT ATC | 634 | CGCGTCATACCAAAATC TCCGATTITGA | 1018 | 83 | GCATGGTAGCCGAAGATTTCACAGTCA AAATCGGAGATTTTGGTATGACGCGAG ATATCTATGAGACAGACTATTACCCGGA AA | 1402 |
| IGF2 | NM_000612.2 | IGF2 | CCGTGCTTC CGGACAAC TT | 251 | TGGACTGCT TCCAGGTGT CA | 635 | TACCCGTGGGCAAGTT CTTCCAA | 1019 | 72 | CCGTGCTCCGGACAACTTCCCAGAT ACCCCGTGGGCAAGTCTTCTCCAAATATG ACACCTGGAAAGCAGTCCA | 1403 |

(continuación)

| Clon | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diseñada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|--------|-----------------|-----------------|----------------------------------|------------|----------------------------------|------------|--------------------------------|------------|---------------------------|--|------------|
| IGFBP6 | NM_002178.1 | IGFBP6 | TGAACCGC AGAGACCA ACAG | 252 | GTCTTGGAC ACCCGCAGA AT | 636 | ATCCAGGCACCTCTACC ACGCCCTC | 1020 | 77 | TGAACCGCAGAGACCAACAGAGAAATC CAGGCACCTCTACCAGCCCTCCAGC CCAATCTCGGGGTGTC AAGAC | 1404 |
| IGFBP7 | NM_001553.1 | IGFBP7 | GGGTCACTA TGGAGTTCA AAGGA | 253 | GGGTCTGAA TGGCCAGGT T | 637 | CCCGGTCCACAGGCAGG AGTTCT | 1021 | 68 | GGGTCACTATGGAGTTCAAGAGACAGA ACTCTGCCTGGTGACCCGGGACAACCT GGCAATTCAAGACC | 1405 |
| IKBKE | NM_014002.2 | IKBKE | GCCTCCAT AGCTCCCTTA CC | 254 | CAGAGCTCT TGCATGTGG AG | 638 | CAGCCCTACACGAAAGG ACCTGCT | 1022 | 66 | GCCTCCATAGCTCTTACCCAGCCCT ACACGAAACGAGCTTGTCTCTCACATG CAAGAGCTCTG | 1406 |
| IL8 | NM_000584.2 | IL8 | AAGGAAC ATCTCACTG TGTGTAAC | 255 | ATCAGGAAG GCTGCCAAG AG | 639 | TGACTTCCAAGCTGGCC GTGGC | 1023 | 70 | AAGGAACCAATCTCACTGTGTGTAACA TGACTTCCAAGCTGGCCGTGGCTCTCTT GGCAGCTTCTCTGAT | 1407 |
| IL10 | NM_000572.1 | IL10 | GGCGCTGTC ATCGATTTC TT | 256 | TGGAGCTTA TTAAAGGCA TCTTCA | 640 | CTGCTCACGGCCTTGCT CTTG | 1024 | 79 | GGCGCTGTCATCGATTCTTCTCTGTGA AAACAGAGCAAGGCCCTGGAGCAGG TGAAGAATGCTTTAATAAGCTCA | 1408 |
| IL11 | NM_000641.2 | IL11 | TGGAAGGTT CCACAAGTC AC | 257 | TCTTGACCT GCAGCTTTG T | 641 | CCTGTGATCAACAGTAC CCGTATGGG | 1025 | 66 | TGGAAGGTTTCCACAAGTCACTCTGTGA TCAACAGTACCCGTATGGGACAAAGCT GCAAGGTCAAGA | 1409 |
| IL17RB | NM_018725.2 | IL17RB | ACCTCTGG TGGTAAATG GA | 258 | GGCCCCAAT GAAATAGAC TG | 642 | TGGGCTTCCCTGTAGAGC TGAACA | 1026 | 76 | ACCTCTCTGGTGAATATGGACATTTTC TACATCGCTTCCCTGTAGAGCTGAAC ACAGCTATTTTCAATGGGCC | 1410 |
| IL6ST | NM_002184.2 | IL6ST | GGCTAAATG TTCCAGATC CT | 259 | AAATTTGTG CCTTGGAGG AG | 643 | CATATTGCCCAGTGGTC ACCTCACA | 1027 | 74 | GGCTAAATGTCCAGATCTCTCAAGA GTCATATTGCCCAGTGGTCACTCACAC TCTTCCAAAGGCACAAATTT | 1411 |
| ING1 | NM_005537.2 | ING1 | ACTTCTCTG CGAGGTCA GTC | 260 | AACCTCCAG TGGTGATCC A | 644 | ATTCAAAACAGAGCCCC CAAAAGC | 1028 | 66 | ACTTCTCTCGAGGTCACTCAAGGCTTT GGGGCTCTGTGTGTGAATGTGGATCAC CACTCGGAGTT | 1412 |
| INHBA | NM_002192.1 | INHBA | GTGCCCCA GCCATATAG CA | 261 | CGGTAGTGG TTGATGACT GTGA | 645 | ACGTCCGGTCTCTACT GTCTTCC | 1029 | 72 | GTGCCCCAGCCATATAGCAGGCACGTC CGGTCTCTACTGTCTCTTCCACTCAACA GTCATCAACCACTACCG | 1413 |
| IRF1 | NM_002198.1 | IRF1 | AGTCCAGCC GAGATGCT AAG | 262 | AGAAGGTAT CAGGGCTGG AA | 646 | CCCACATGACTTCTCTCT GGCTTT | 1030 | 69 | AGTCCAGCTCGAGATGCTAAGAGCAAGG CCAAGAGGAAGTCACTGTGGGGATTCCA GCCCTGATACCTTCT | 1414 |
| IRS1 | NM_005544.1 | IRS1 | CCACAGCTC ACCTTCTGT CA | 263 | CCTCAGTGC CAGTCTCTT CC | 647 | TCCATCCAGCTCCAGCC AG | 1031 | 74 | CCACAGCTCACTTCTGTGAGGTGTTCA TCCCAGCTCCAGCCAGCTCCAGAGAG GAAGAGACTGCACTGAGG | 1415 |
| ITGA3 | NM_002204.1 | ITGA3 | CCATGATCC TCACTCTGC TG | 264 | GAAGCTTTG TAGCCGGTG AT | 648 | CACCTCAGACTTCTCTTA GCATGG | 1032 | 77 | CCATGATCTCACTCTGTGTGGGACTA TACACTCCAGACCTCTGCTTAGCATGGT AAATCACCAGCTCAAAAGCTTC | 1416 |
| ITGA4 | NM_000885.2 | ITGA4 | CAACGCTTC AGTGAATCA ATCC | 265 | GTCTGGCCG GGATTCTTT | 649 | CGATCTCTGATCTGTAA ATCGCCC | 1033 | 66 | CAACGCTTCAGTGAATCAATCCCGGGGC GATTTACAGATGCAGGATCGAAAGAA TCCCGGCCAGAC | 1417 |

(continuación)

| Gcra | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F. | SEQ ID NO: | Sec. cebador R. | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|----------|-----------------|-----------------|-------------------------------------|------------|------------------------------------|------------|------------------------------------|------------|--------------------------|---|------------|
| ITGA5 | NM_002205.1 | ITGA5 | AGGCCAGC CCTACATTA TCA | 266 | GTCTCTCC ACAGTCCAG CA | 650 | TCTGAGCCTGTCTCTTA TCCGGC | 1034 | 75 | AGGCCAGCCTACATTATCAGACAAAG AGCCGGATAGAGGACAAAGGCTCAGATC TTGCTGACTGTGAGAAAGAC | 1418 |
| ITGA6 | NM_000210.1 | ITGA6 | CAGTGACA AACAGCCCT TCC | 267 | GTTTAGCT CATGGCGT C | 651 | TCGCCATCTTTTGTGGGA TTCCCT | 1035 | 69 | CAGTGACAACAGCCCTTCCAAACCAA GGAAATCCACAAAAGATGGCGATGACG CCCATGAGCTAAAC | 1419 |
| ITGAV | NM_002210.2 | ITGAV | ACTGGACT GCACAAGC TATT | 268 | TGCCATCAC CAITGAAAT CT | 652 | CCGACGCCACAGAAATA ACCCAAA | 1036 | 79 | ACTGGACTGCACAAGCTATTTTGTATG ACAGCTATTGGGTATTTCTGTGGCTGT CGGAGATTTCATGTGTAATGCA | 1420 |
| ITGB1 | NM_002211.2 | ITGB1 | TCAGAAATG GAATTGGCT CA | 269 | CTTGAGCTT AGCTGGTGT TG | 653 | TGCTAATGTAAGGCATC ACAGTCTTTTCCA | 1037 | 74 | TCAGAAATGGAATTTGGCTCAATTTTGGGA AAAGACTGTGTATGCTTACATTAGCAC AACACCACTAAGCTCAGG | 1421 |
| ITGB3 | NM_000212.2 | ITGB3 | ACCGGGGA GCCCTACAT GA | 270 | CTTTAAGCT CTTTCATG ACTCAATCT | 654 | AAATACCTGCCAACCGTT ACTGCCGTGAC | 1038 | 78 | ACCGGGGAGCCCTACATGACGAAATA CCTGCACCGTTACTGCTCCGTGACGAGA TTGAGTCACTGTAAGAGCTTAAAGG | 1422 |
| ITGB4 | NM_000213.2 | ITGB4 | CAAGGTGC CCTCAGTGG A | 271 | GGGCACAC TTCACTTCAT GT | 655 | CACCAACTGTACCCGT ATTGCA | 1039 | 66 | CAAGGTGCCCTCAGTGGAGCTCACCAA CCTGTACCCGTATTGCGACTATGAGAT GAAGGTGTGCGC | 1423 |
| ITGB5 | NM_002213.3 | ITGB5 | TCGTGAAA GATGACCA GGAG | 272 | GGTGAACAT CATGACGA GT | 656 | TGCTATGTTTCTACAAA CCGCCAAGG | 1040 | 71 | TGCTGAAGATGACCAGGAGGCTGTGTC TATGTTTCTACAAAACCCCAAGGACT GGCTCATGATGTTCAAC | 1424 |
| JAG1 | NM_000214.1 | JAG1 | TGGCTTACA CTGGCAATG G | 273 | GCATAGCTG TGAGATGG G | 657 | ACTCGATTCCACGCCA ACCCACAG | 1041 | 69 | TGGCTTACACTGGCAATGGTAGTTTCTG TGGTTGGCTGGGAAATCGAGTGGCGCA TCTCACAGCTATGC | 1425 |
| JUNB | NM_002220.2 | JUNB | CTGTACGCT GCTGCTTGG CGGACTTTG | 274 | AGGGGGTGT CCGTAAAGG TTACAATC | 658 | CAAGGGACACGCCCTTCT GAACGT | 1042 | 70 | CTGTACGCTGCTGTGGGGTCAAGGG ACACGCCCTTCTGAACGTCCTCTGCCCT TTACGGACACCCCT | 1426 |
| KI-67 | NM_002417.1 | MKI67 | GGTGGGACT T | 275 | TTCCACTGG GACGAT | 659 | CCACTTGTGAAACCACC GCTGCT | 1043 | 80 | CGGACTTTGGTGGCGACTTGACGAGCG GTGTTTGCACAAGTGGCTTGGCGGCC GGATCGTCCCACTGGAAGAGTTGTAA | 1427 |
| KIAA0555 | NM_014790.3 | JAKMIP2 | AAGCCGA GGCACTCAT T | 276 | TGTCGTGA GCTTGGTGC TG | 660 | CCCTTCAAGCTGCCAAT GAAGACC | 1044 | 67 | AAGCCGAGGCACATCTGTGTCCTTC AAGTGCCTCAATGAAGACCTCAGGACCA AGCTCACAGACA | 1428 |
| KIAA1199 | NM_018689.1 | KIAA1199 | GCTGGGAG GCAGGACTT C | 277 | GAAGCAGGT CAGAGTGAG CC | 661 | CTTCAAGGCCATGCTGA CCATCAG | 1045 | 66 | GCTGGGAGGCAGGACTTCTCTTCAAG GCCATGCTGACCATCAGCTGCTCAGT CTGACCTGCTTC | 1429 |
| KIF14 | NM_014875.1 | KIF14 | GAGTCCAT GGCTCATCC | 278 | TCACACCA CTGAATCT ACTG | 662 | TGCATTCTCTGAGCTCA CTGCTG | 1046 | 69 | GAGTCCATGGCTCATCCACGACGTG AGCTCAGAGGAATGCACACCCAGTAGG ATTCAGTGGGTGTGA | 1430 |
| KIF20A | NM_005733.1 | KIF20A | TCTCTTGA GGAAAGCA GA | 279 | CCGTAGGGC CAATTCAGA C | 663 | AGTCAAGTGGCCCATCAG CAATCAG | 1047 | 67 | TCTCTTGCAGGAAGCCAGACACAGTC AGTGGCCCATCAGCAATCAGGCTCTGA ATTGGCCCTACGG | 1431 |

(continuación)

| Cara | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|---------|-----------------|-----------------|-----------------------------------|------------|-----------------------------------|------------|---------------------------------|------------|------------------------|---|------------|
| KIF2C | NM_006845.2 | KIF2C | AATTCCTGC TCCAAAAG AAAGTCTT | 280 | CGTGATGCG AAGCTCTGA GA | 664 | AAGCGCTCCACTGCA TGTC | 1048 | 73 | AATTCCTGCCTCAAAAAGAAAGTCTTCG AAGCTGCTCACTGTCATGTGTCACGTGTC TCAGAGCTTCGCATCAG | 1432 |
| KLK11 | NM_006853.1 | KLK11 | CACCCCGGC TTCAACAAC | 281 | CACTCTCAC GACGATGAT GTCA | 665 | CCTCCCAACAAAGAAC ACCGCA | 1049 | 66 | CACCCCGGCTTCAACAACAGCCCTCCG AACAAAGACCCACCGCAATGACATCATG CTGGTGAAGATG | 1433 |
| KLK6 | NM_002774.2 | KLK6 | GACGTGAG GGTCTTGAT | 282 | TCTCTCACTC ATCACGTCC TC | 666 | TTACCCAGCTCCATCCT TGATC | 1050 | 78 | GACGTGAGGCTCTGATTTCTCTCTGGTT TTATCTGCTCCATCTCTGTCATCCTG GGAGGACGTGATGATGAGGA | 1434 |
| KLRC1 | NM_002259.3 | KLRC1 | CACTCTCAT GGATTGGTG TG | 283 | GCCAAACCA TTCATTGTC AC | 667 | TTGTTAACAGCAGTCAT CATCCATGG | 1051 | 67 | CACTCTCATGATTTGGTGTTCGTAA CAGCAGTCATCCTCATGGGTGACAAT GAATGGTTGGC | 1435 |
| KNSL2 | BC000712.1 | | CCACCTCGC CATGATTTT TC | 284 | GCAATCTCT TCAAAACCT TCACTCT | 668 | TTTGACCGGGTATTCCCA CCAGGAA | 1052 | 77 | CCACCTCGCATGATTTTCTCTTGGCC GGTATTTCCACAGGAAGTGACAGG ATGAAGTGTTCAGAGATGTC | 1436 |
| KNTC2 | NM_006101.1 | NDC80 | ATGTGCCAG TGAGCTTGA GT | 285 | TGAGCCCT GGTTAACAG TA | 669 | CTTGGAGAAACACAAG CACCTGC | 1053 | 71 | ATGTGCCAGTGAAGTGTGCTCTTGA GAAACACAAGCCTGCTAGAAAGTAC TGTTAACAGGGGCTCA | 1437 |
| KPNA2 | NM_002266.1 | KPNA2 | TGATGGTCC AAATGAAC GAA | 286 | AAGCTTCAC AAGTTGGGG C | 670 | ACTCTCTTTTCAACCACC ATGCCA | 1054 | 67 | TGATGGTCCAAATGAACGAAATGGCAT GGTGGTGAACACAGGAGTTGTGCCCA ACTTGAAGCTT | 1438 |
| LICAM | NM_000425.2 | LICAM | CTTGCTGGC CAATGCCTA | 287 | TGATTGTCC GCAGTCAGG | 671 | ATCTACGTTGTCCAGCTG CCAGCC | 1055 | 66 | CTTGCTGGCAATGCTACATCTAGCTT GTCCAGCTGCCAGCCAAAGATCTGACT GCGGACAATCA | 1439 |
| LAMA3 | NM_000227.2 | LAMA3 | CAGATGAG GCACATCG AGAC | 288 | TTGAAATGG CAGAACGGT AG | 672 | CTGATTTCTCAGGTCTT GGCTG | 1056 | 73 | CAGATGAGGCACATGGAGACCCAGGCC AAGGACCTGAGGAATCAGTTGCTCAAC TACCGTCTGCCATTTCAA | 1440 |
| LAMA5 | NM_005560.3 | LAMA5 | CTCTGGGCT AACAGCAC T | 289 | ACACAAGGC CCAGCTCTT CC | 673 | CTGTTCTGGAGCATGG CTCTCTC | 1057 | 67 | CTCTGGGCAACAGCAGCTGCACTAGAA GAGGCCATGCTCCAGGAACAGCAGAGG CTGGGCTTGTGT | 1441 |
| LAMB1 | NM_002291.1 | LAMB1 | CAAGGAGA CTGGGAGG TGTC | 290 | CGGCAGAAC TGACAGTGT TC | 674 | CAAGTGCCGTGACCACA CGGAAGG | 1058 | 66 | CAAGGAGACTGGGAGGTGTCTCAAGTG CCTGTACCACACCGGAAGGGGAACACTG TCAGTTCGCGG | 1442 |
| LAMB3 | NM_000228.1 | LAMB3 | ACTGACCA AGCCTGAG ACCT | 291 | GTACACATT GCAGCATTT CA | 675 | CCACTCGCCATCTGGG TGCACT | 1059 | 67 | ACTGACCAAGCCTGAGACCTTACTGCAC CCAGTATGGCGAGTGGCAGATGAATG CTGCAAGTGTGAC | 1443 |
| LAMC2 | NM_005562.1 | LAMC2 | ACTCAAGC GGAAATTG AAGCA | 292 | ACTCTCTGA AGCCGAGAC ACT | 676 | AGGTCTTATCAGCACAG TCTCCGCTCC | 1060 | 80 | ACTCAAGCGGAAATTGAAGCAGATAGG TCTTATCAGCACAGTCTCCGCTCTCTGG ATTCAGTGTCTGGTTCACAGGAGT | 1444 |
| LAPTM4B | NM_018407.4 | LAPTM4B | AGCGATGA AGATGGTC GC | 293 | GACATGGCA GCACAAGCA | 677 | CTGGACGGGTTCTACTC CAACAG | 1061 | 67 | AGCGATGAAGATGGTCCGCGCTTGGAC GCGGTTCTACTTCAACAGCTGCTGCTTG TGCTGCCATGTC | 1445 |

(continuación)

| Céu | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|--------|-----------------|-----------------|-------------------------------|------------|------------------------------------|------------|--------------------------------|------------|--------------------------|--|------------|
| LGALS3 | NM_002306.1 | LGALS3 | AGCGGAAA ATGCAGAA CAAT | 294 | CTTGAGGGT TTGGGTTC CA | 678 | ACCCAGATAACGCATCA TGGAGCGA | 1062 | 69 | AGCGGAAAATGGCAGACAAATTTTCGC TCCATGATGCGTATCTGGGCTCGAA ACCCAAACCTCAAG | 1446 |
| LMK1 | NM_016735.1 | | GCTTCAGGT GTGTGACT GC | 295 | AAGAGCTGC CAATCCTCT C | 679 | TGCCCTCCCTGTGCAACCA GTACTA | 1063 | 67 | GCTTCAGGTGTGTGACTGACGTGCTC CTGTGCGACCAAGTACTATGAGAAGA TGGGCAGCTCTT | 1447 |
| LIMS1 | NM_004987.3 | LIMS1 | TGAACAGT AATGGGA GCTG | 296 | TTCTGGGAA CTGCTGGAA G | 680 | ACTGAGCGCACACGAAA CACTGCT | 1064 | 71 | TGAACAGTAAATGGGAGCTGTACCATG AGCAGTGTTCGTGTGCTCAGTGTCTT CCAGCAGTTCACAGAA | 1448 |
| LMNB1 | NM_005573.1 | LMNB1 | TGCAAACG CTGGTGTCA CA | 297 | CCCCACGAG TTCTGGTCT TC | 681 | CAGCCCTCCCAACTGACC TCATC | 1065 | 66 | TGCAACGCTGGGTGTCACAGCCAGCC CCCACTGACCTCATCTGGAAGAACCA GAATCTGTGGG | 1449 |
| LOX | NM_002317.3 | LOX | CCAAATGGG AGAACAAAC GG | 298 | CGCTGAGGC TGGTACTGT G | 682 | CAGGCTCAGCAAGCTGA ACACCTG | 1066 | 66 | CCAAATGGGAGAACACGGGCGAGGTGT CAGTCTGTGAGCTTGGGCTCACAGTA CCAGCTCAGCG | 1450 |
| LRIG1 | NM_015541.1 | | CTGCAACAC CGAAGTGG AC | 299 | GTCTCTGGA CACAGGCTG G | 683 | TTACTCCAGGGGACAAG CCTTCCA | 1067 | 67 | CTGCAACACCGAAGTGGACTGTACTC CAGGGGACAAGCTTCCACCCACGCC TGTGCCAGAGAC | 1451 |
| LSM1 | NM_014462.1 | LSM1 | AGACCAAG CTGGAAGC AGAG | 300 | GAGGAAATGG AAAGACCTC GG | 684 | CCTTCAGGGCTGCACCTT TCAACT | 1068 | 66 | AGACCAAGCTGGAAGCAGAGAAATGG AAAGTGCAGGCCCTGAAGGACCGAGGT CTTCCATTCCTC | 1452 |
| LTBP1 | NM_206943.1 | LTBP1 | ACATCCAG GGCTCTGTG G | 301 | GCAGACACA ATGGAAAGA ACC | 685 | CTGTGTTAGGCACTCCC CTTGGG | 1069 | 67 | ACATCCAGGGCTCTGTGGTCCGCAAGG GGAGTGCCTAAACACAGAGGGTCTT CCATGTGTCTG | 1453 |
| LYRIC | NM_178812.2 | MIDH | GACCTGGGC JTGCTGAAG | 302 | CGGACAGTT TCTTCCGGT | 686 | TTCTCTCTGTCTCTCG CTCCGG | 1070 | 67 | GACCTGGCTTGTCTGAAGAATCTCCGG AGCGAGGAACAGAGAAGAAAGAACCG GAAGAACTGTCCG | 1454 |
| MAD1L1 | NM_003550.1 | MAD1L1 | AGAAGCTG TCCCTGCAA GAG | 303 | AGCGTACC AGCTCAGAC TT | 687 | CATGTTCTTCAACAATCGC TGCATCC | 1071 | 67 | AGAAGCTGTCCCTGCAAGAGCAGGAATG CAGCGATTGTGAAGAACATGAAGTCTG AGCTGGTACGGCT | 1455 |
| MCN2 | NM_004526.1 | MCN2 | GACTTTTGC CCGCTACCT TTC | 304 | GCCACTAAC TGCTTCAGT ATGAAGAG | 688 | ACAGCTCATTTGTGTAC GCCGGA | 1072 | 75 | GACTTTTCCCTACCTTTCATTTCCGG CGTGACAAACATGAGCTGTGTCTTC ATACTGAAGCAGTTAGTGGC | 1456 |
| MELK | NM_014791.1 | MELK | AGGATGTC CTGTACAGAA GAG | 305 | TGCACATAA GCAACAGCA GA | 689 | CCCGGTTGTCTTCCGTC AGATAG | 1073 | 70 | AGGATGCTCTGTCAAGAGGAGAGACCC GGGTGTCTTCTGTCAGATAGTATCTGC TGTGTCTTATGTGCA | 1457 |
| MGMT | NM_002412.1 | MGMT | GTGAAATG AAACGCAC CACA | 306 | GACCTGTCT CACAAACAG AC | 690 | CAGCCCTTTGGGGAAGC TGG | 1074 | 69 | GTGAAATGAAACGCACCACTGGACA GCCCTTTGGGGAAGCTGGAGCTGTCTG GTGTGAGCAGGGTC | 1458 |
| mGST1 | NM_020300.2 | MGST1 | ACGGATCTA CCACACCAT TGC | 307 | TCCATATCC AACAAAAA ACTCAAAG | 691 | TTTGACACCCCTTCCCA GCCA | 1075 | 79 | ACGGATCTACCAACCACTTGATATTGG ACACCCCTTCCCGAGCCAAATAGAGCT TTGAGTTTTTTGTGGATATGGA | 1459 |

(continuación)

| Ccno | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clon | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|---------------------|-----------------|-----------------|------------------------------------|------------|------------------------------------|------------|------------------------------------|------------|-----------------------|---|------------|
| MMP1 | NM_002421.2 | MMP1 | GGGAGATC ATCGGAC AATC | 308 | GGGCTGGT TGAAAAGCA T | 692 | AGCAAGATTTCCTCCAG GTCCATCAAAAGG | 1076 | 72 | GGGAGATCATCGGGAGCAAACTCTCTTT TGATGGAGCTGGAGAAATCTTGCTCA TGTCTTTCAACAGGCC | 1460 |
| MMP12 | NM_002426.1 | MMP12 | CCAACGCTT GCCAAATCC T | 309 | ACGGTAGTG ACAGCAICA AAATC | 693 | AACCAGCTCTCTGTGAC CCCAATT | 1077 | 78 | CCAACGCTTGCCAAATCTTGACAAATC AGAACCAAGCTCTCTGTGACCCCAATTT GAGTTTGTGCTGCTACTACCGT | 1461 |
| MMP2 | NM_004530.1 | MMP2 | CCATGATGG AGAGGCAG ACA | 310 | GGAGTCCGT CCTTACCGT CAA | 694 | CTGGAGCATGGCGATG GATACCC | 1078 | 86 | CCATGATGGAGGAGCAGACATCATGAT CAACTTTGGCCGTGGGAGCATGGCGA TGGATACCCCTTTGACGGTAAGGACGG ACTCC | 1462 |
| MMP7 | NM_002423.2 | MMP7 | GGATGGTA GCAGTCTAG GGATTAACT | 311 | GGAATGTC CATACCCAA AGAA | 695 | CCGTGATGCTGCAACTCA TGAACTTGGC | 1079 | 79 | GGATGGTAGCTAGGGATTAACCT CCTGTATGCTGCAACTCATGAACTGGC CATCTTTGGGTATGGGACATTC | 1463 |
| MMP8 | NM_002424.1 | MMP8 | TCACCTCTC ATCTTCACC AGGAT | 312 | TGTCACCGT GATCTCTTT GGTAA | 696 | AAGCAATGTTGATACT GCCCTCTCTGTG | 1080 | 79 | TCACCTCTCATCTTCACAGGATCTCAC AGGAGAGGAGATATCAACATGTCTT TTTACCAGAGATCACCGTGACA | 1464 |
| env de tipo MMTV | AF346816.1 | | CCATACGTG CTGCTACCT GT | 313 | CCTAAAGGT TTGAATGGC AGA | 697 | TCATCAAAACCATGGTTC ATCACCAATATC | 1081 | 72 | CCATACGTGCTGCTACCTGTAGATATTG GTGATGAACCATGGTTTGATGATTCTGC CATTCAAACCTTTAGG | 1465 |
| MINAT1 | NM_002431.1 | MINAT1 | CGAGAGTCT GTAGGAGG GAAACC | 314 | GGTTCGGAT ATTTCGTGG TCTTAC | 698 | CGAGGGCAACCTGTGATC GTCCA | 1082 | 75 | CGAGAGTCTAGGAGGAAACCGCCA TGACAGATCAGGGTTGCCCTGGTGTA AGACCACCAATATCGGAACC | 1466 |
| MRP1 | NM_004996.2 | ABCC1 | TCATGGTGC CCGTCAATG | 315 | CGATTGTCT TTGCTCTTCA TGTG | 699 | ACCTGATACGTCTTGTGTC TTCATCGCCAT | 1083 | 79 | TCATGGTGCCCGTCAATGCTGTGATGG GAACTAGGTCCCTCTGTGCTGGCTGG CCACATGAAGAGCAAAAGACAATCG CTCAACCG | 1467 |
| MRP3 | NM_003786.2 | ABCC3 | TCATCCJGG CGATCTACT TCCT | 316 | CCGTTGAGT GGAATCAGC AA | 700 | TCCTGCTGGCTGGAGTTC GCTTTTCAT | 1084 | 91 | TCATCCJGGGATCTACTTCTCTGGCA GAACTAGGTCCCTCTGTGCTGGCTGG AGTGGCTTTCATGGTCTTGTGATTCGA CTCAACCG | 1468 |
| MS4A1 | NM_021950.2 | MS4A1 | TGAGAAAC AAACTGCA CCCA | 317 | CAAGGCTC AAATCTCAA GG | 701 | TGAACTCCGACGCTAGC ATCCAAA | 1085 | 70 | TGAGAAACAAACTGCAACCGACGAACT CCGACGATGACATCCAAATCAGCCCTT GAGATTTGAGGCCCTTG | 1469 |
| MSH2 | NM_000251.1 | MSH2 | GATGCAGA ATTGAGGC AGAC | 318 | TCTTGGCAA GTCCGTTAA GA | 702 | CAAGAAGATTACTTCG TCGATTCCAGA | 1086 | 73 | GATGCAGAAATTGAGGCAGACTTTACAA GAAATTTACTTCTGCTGATTCAGATC TTAACCGACTTGCCAAGA | 1470 |
| MTA3 | XM_038567 | | GCTCGTGGT TCTGTAGTC CA | 319 | ACAAAGGA GAGCGTGAA GT | 703 | TCAGTCAACATCACCTTC CTAGGATGA | 1087 | 69 | GCTCGTGGTCTGTAGTCCAGTATCCTT AGGAGGGTGTGTTGACTGAGACTTCA CCCTCTCCCTTTGT | 1471 |
| MX1 | NM_002462.2 | MX1 | GAAAGAAAT GGGAATCA GTCAATGA | 320 | GTCTATTAG AGTCAGATC CGGGACAT | 704 | TCACCTCGAGATCAGC TCCCGA | 1088 | 78 | GAAAGAAATGGAAATCAGTCAAGGCTA ATCACCTCGAGATCAGCTCCCGAGAT GTCCCGGATCTGACTCTAATAGAC | 1472 |
| MYBL2 | NM_002466.1 | MYBL2 | GCCGAGAT CGCCAAGA TG | 321 | CTTTGATG GTAGAGTTC CAGTGATTC | 705 | CAGCATTTGCTGTCTCC CTGGCA | 1089 | 74 | GCCGAGATCGCCAAGATGTTGCCAGGG AGGACAGCAATGCTGTGAAGAATCAC TGGAACCTTACCATCAAAAG | 1473 |

(continuación)

| Círculo | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|----------------------|-----------------|-----------------|---|------------|------------------------------------|------------|------------------------------------|------------|------------------------|--|------------|
| NAT1 | NM_000662.4 | NAT1 | TGGTTTGA GACCAAGA TGT | 322 | TGAATCATG CCAGTGTG TA | 706 | TGGAGTGTGTAACAT ACCTCCCA | 1090 | 75 | TGGTTTGAGACCACGATGTTGGGAGG GTATGTTACACACTCCAGCCAAAA ATACACCACTGGCATGATCA | 1474 |
| NAT2 | NM_000015.1 | NAT2 | TAACTGACA TTCCTGAGC ACAGAT | 323 | ATGGCTTGC CCACAATGC | 707 | CGGGCTGTCCCTTGAG AATCTTAA | 1091 | 73 | TAACTGACATCTTGAGCAACAGATCC GGGCTGTCCCTTGAGAAACCTTAACAT GCATGTGGCAAGCCAT | 1475 |
| NRG1 | NM_013957.1 | NRG1 | CGAGACTCT CCTCATAGT GAAAGGTA T | 324 | CTTGGCGTG TGGAAATCT ACAG | 708 | ATGACCACCCCGGCTCG TATGTCA | 1092 | 83 | CGAGACTCTCTCATAGTGAAAGGTAT GTGTGACCATGACCAACCCGGCTGT ATGTCACTGTAGATTTCACACGCCA AG | 1476 |
| OPN, osteopontina | NM_000582.1 | SPP1 | CAACCGAA GTTTCACT CCAGTT | 325 | CCTCAGTCC ATAAACAC ACTATCA | 709 | TCCCACAGTAGACACA TATGATGGCG | 1093 | 80 | CAACCGAAGTTTCTACTCCAGTGTCC CACAGTAGACACATATGATGCCGAGG TGATAGTGTGGTTATGGACTGAG | 1477 |
| p16-INK4 | L27211.1 | | CCGGAAGG TCCCTCAGA CA | 326 | TGATGATCT AAGTTTCCC GAGGT | 710 | CTCAGAGGCTCTCTGGTT CTTCAATCG | 1094 | 76 | GCAGGAAGTCCCTCAGACATCCCGAT TGAAAGAACAGAGAGCTCTGAGAA ACCTCGGAACCTTAGATCATCA | 1478 |
| PAI1 | NM_000602.1 | SERPINE1 | CCGCAACGT GGTTTCTC A | 327 | TGCTGGGTT TCTCTCTCTG TT | 711 | CTGGGTGTGGCCATGCT CCAG | 1095 | 81 | CCGCAACGTGGTTTCTACCTATGGG GTGGCTCTGGGTGTGGCCATGCTCAG CTGACACAGGAGGAGAAACCCAGCA GTGGTTTCTCTGGAGCCCTGGCTC | 1479 |
| PGF | NM_002632.4 | PGF | GTGGTTTC CCTCGGAGC | 328 | AGCAAGGGA ACAGCTCA T | 712 | ATCTCTCAGAGCTGCCG AGCCAG | 1096 | 71 | GGGACGCTGAGAAGATGCCGTGATG AGCTGTCTCTCTGCT | 1480 |
| PR | NM_000926.2 | PGR | GCATCAGG CTGTCAATTA TGG | 329 | AGTAGTGT GCTGCCCTT CC | 713 | TGTCCTTACCTGTGGAG CTGTAAAGTTC | 1097 | 85 | GCATCAGGCTGTCTATATGGTGTCTTA CCTGTGGAGCTGTAAAGGTCTTCTTTAA GAGGGCAATGGAAGGCCAGCACAACT ACT | 1481 |
| PRDX1 | NM_002574.2 | PRDX1 | AGGACTGG GACCCATG AAC | 330 | CCCATAAATC CTGAGCAAT GG | 714 | TCCTTTGTATCAGACCC GAAGCG | 1098 | 67 | AGGACTGGGACCCATGAACTTCTTT GGTATCAGACCCGAAAGCCACATTTGC TCAGGATATGGG | 1482 |
| PTEN | NM_000314.1 | PTEN | TGGCTAAGT GAAGATGA CAATCATG | 331 | TGCACATAT CATTAACCC AGTTGCT | 715 | CCTTTCAGCTTTACAGT GAATTGCTCA | 1099 | 81 | TGGCTAAGTGAAGATGACAAATCATGTT GCAGCAATTCACCTGTAAAGCTGAAAG GGACGAACCTGGTGTATGATATGTGCA | 1483 |
| PTP4A3 | NM_007079.2 | PTP4A3 | AATATTTGT GCGGGGTA TGG | 332 | AACGAGATC CCTGTGCTT GT | 716 | CCAAAGAGAAACGAGATT TAAAAACCCACC | 1100 | 70 | AATATTTGTGCGGGGTATGCGGGTGGG TTTAAATCTCTGTCTCTTGGACAAAG CACAGGATCTCTGT | 1484 |
| RhoB | NM_004040.2 | RHOB | AAGCAATGA ACAGACTTT GACC | 333 | CCTCCCCAA GTACCTTGC ACACTGCA | 717 | CTTTCACCCCTGGGG AAGACAT | 1101 | 67 | AAGCATGAACAGGACTTGAACATCTTT CTAACCCCTGGGGAAGACATTTGCAAC TGACTTGGGAGG | 1485 |
| RPL13A | NM_012423.2 | RPL13A | GCAAGGAA AGGGTCTTA GTCA | 334 | ACACTGCA CAATCTCC G | 718 | CCTCCGAAAGTTGCTTGA AAGCAC | 1102 | 68 | GCAAGGAAAGGCTTATGTCACATGCT CCCGAAGTTGCTTGAAGCACTCCGAG AATGTGCAAGGTGT | 1486 |
| RPL41 | NM_021104.1 | RPL41 | GAAACTCT GCCCATG A | 335 | TTCCTTTCG CTTCAGCC | 719 | CATTGCTCTCTCTCCA CTTGGC | 1103 | 66 | GAAACTCTGCGCATATGAGACCAAGT GGAGGAAGAGCGAATGCCAGGCTG AAGGCCAAAGAA | 1487 |

(continuación)

| Ccra | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. (nt) | Secuencia de ampliación | SEQ ID NO: |
|---------|-----------------|-----------------|------------------------------------|------------|-------------------------------------|------------|---------------------------------|------------|-----------------------|---|------------|
| RPLP0 | NM_001002.2 | RPLP0 | CCATCTCAT CATCAACG GGTACAA | 336 | TCAGCAAGT GGGAAGGTG TAATC | 720 | TCTCCACAGACAAAGGCC AGGACTCG | 1104 | 75 | CCATCTCATCATCAACGGGTACAAACG AGTCTGGCCTTGTCTGTGGAGACGGG TTACACCTTCCACTTGTCTGA | 1488 |
| RPS23 | NM_001025.1 | RPS23 | GTTCTGGTT GCTGGATT GG | 337 | CCITAAAGC GGACTCCAG G | 721 | ATCACCAACAGCATGAC CTTTGGC | 1105 | 67 | GTTCTGGTTGTGGATTGTGGTGCAGG GTCATGCTGTGTGGTGATATTCCTGGAGT CCGCTTTAAGG | 1489 |
| RPS27 | NM_001030.3 | RPS27 | TCACACGG TCTTTAGCC A | 338 | TCCTCTGTT AGGCTGGCA AGCTCAGCA | 722 | AGGACAGTGGAGCAGCC AACACAC | 1106 | 80 | TCACACGGTCTTTAGCCATGCACAAA CGGTAGTTTGTGGTGTGGTGTCTCCAC TGTCTCTGCCAGCTACAGGAGGA | 1490 |
| RRM1 | NM_001033.1 | RRM1 | GGGCTACTG GCAGCTAC ATT | 339 | CTCTCAGCA TCGGTACAA GG | 723 | CATTGGAAATTGCCATT GTCCAGC | 1107 | 66 | GGGCTACTGCGCAGCTACATTGCTGGG CTAATGGCAATTCATATGGCTTGTACC GATGCTGAGAG | 1491 |
| RRM2 | NM_001034.1 | RRM2 | CAGCGGGA TTAAACAGT CCT | 340 | ATCTGCGTT GAAGCAGTG AG | 724 | CCAGCACAGCCAGTTAA AAGATGCA | 1108 | 71 | CAGCGGGATTAACAGCTCTTTAACCA GCACAGCCAGTTAAAGATGCAGCCTC ACTGCTTCAACGCAGAT | 1492 |
| RUNX1 | NM_001754.2 | RUNX1 | AACAGAGA CATTGCCAA CCA | 341 | GTGATTTGC CCAGGAAG TTT | 725 | TTGGATCTGCTTGTCTGTC CAAAAC | 1109 | 69 | AACAGAGACATTTGCCAACCATATTGGA ACGCCATGAAACCATGATGTTTACAT TTCACAAATTCCTGGGGATATAA | 1493 |
| S100A10 | NM_002966.1 | S100A10 | ACACCAA ATGCCATCT CAA | 342 | TTTATCCC AGCGAATTT GT | 726 | CACGCCATGGAACCAT GATGTTT | 1110 | 77 | ACACCAAATGCCATCTCAAAATGGAAC ACGCCATGGAACCATGATGTTTACAT TTCACAAATTCCTGGGGATATAA | 1494 |
| S100A2 | NM_005978.2 | S100A2 | TGCTGTGTC TGGTCACTA CCT | 343 | TCCCTTTA CTCAGCTTG AACT | 727 | CACAAGTACTTCTGCCA AGAGGGGAC | 1111 | 73 | TGCTGTGCTGTCTACTACTCTTCCAAA GTACTCTCTGCCAAGAGGGGACAAAGTT CAAGCTGATGAAGGGGA | 1495 |
| S100A4 | NM_002961.2 | S100A4 | GACTGCTGT CATGGCGTG CCTGTGAC | 344 | CGAGTACTT GTGGAAGGT GGAC | 728 | ATCACATCCAGGGCCTT CTCCAGA | 1112 | 70 | GACTGCTGTCTATGGCTGCCCTCTGGA GAAGGCCCTGTGATGATGGTGTCCAC CTTCCACAACTCTG | 1496 |
| S100A7 | NM_002963.2 | S100A7 | GATGATGA AGGA | 345 | GCGAGTAA TTTGTGCCCT TT | 729 | TTCCCAACTTCTCTTAGT GCTGTGACA | 1113 | 75 | CCCTGCTGACGATGATGAAGGAGAACTT CCCACACTTCTTAGTCTGTGTGACAAA AAGGCAACAAATACCTGCG | 1497 |
| S100A8 | NM_002964.3 | S100A8 | ACTCCCTGA TAAAGGGG AAATT | 346 | TGAGGACAC TCGGTCTCT AGC | 730 | CATGCCGTCTACAGGGA TGAACTG | 1114 | 76 | ACTCCCTGATAAGGGGAAATTTCCATG CCGTCTACAGGGGATGACCTGAAGAAAT TGCTAGAGACCGAGTGTCTCA | 1498 |
| S100A9 | NM_002965.3 | S100A9 | CACCTTGGC TCTAOCCAA C | 347 | CTAGCCCCA CAGCAAGA A | 731 | CCCGGGGCTGTATTGTC AAACT | 1115 | 67 | CACCTTGGCTTACCCAAACAGGGGCC CGGGGCTGTATTGTCAAACTGTCTTGG CTGTGGGGCTAG | 1499 |
| S100B | NM_006272.1 | S100B | CATGGCCGT GTAGACCTT AA | 348 | AGTTTTAAG GGTGCCCG A | 732 | CCGGAGGGAACTCTGAC TACAGAA | 1116 | 70 | CATGGCCGTGTAGACCTTAACCCGGAG GGAACTCTGACTACAGAAATTAACCCG GGGCACTTTAAACT | 1500 |
| S100G | NM_004057.2 | S100G | ACCTTGAGC ACTGGAGG AA | 349 | GAGACTTTG GGGGAATTC A | 733 | AGGATAAGACACAGCA CAGGGC | 1117 | 67 | ACCTTGAGCACTGGAGGAAGAGCGCT GTGCTGTGCTTATCTCTTAIGTGAATC CCCCAAAGTCTC | 1501 |

(continuación)

| Cen | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clonada | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|--------|-----------------|-----------------|---------------------------------|------------|--------------------------------------|------------|-------------------------------------|------------|--------------------------|---|------------|
| S100P | NM_005980.2 | S100P | AGACAAGG ATGCGTGG ATAA | 350 | GAAGTCCAC CTGGGCATC TC | 734 | TTGCTCAAGGACCTGGA CGCCAA | 1118 | 67 | AGACAAGGATGCCGTGGATAAAATGCT CAAGGACCTTGACGCCAATGGAGATGC CCAGGTGGACTTC | 1502 |
| SDHA | NM_004168.1 | SDHA | GCAGAACT GAAGATGG GAAGAT | 351 | CCCTTTCCA AACTTGGAG C | 735 | CTGTCCACCAAAATGCAC GCTGATA | 1119 | 67 | GCAGAACTGAAGATGGGAAGATTATC ACGCTGCATTTGGTGGACAGAGCCTCA AGTTTGGAAAGGG | 1503 |
| SEMA3F | NM_004186.1 | SEMA3F | CCGAGGC CTCATTTAT ACA | 352 | CACTCGCCG TTGACATCC T | 736 | CTCCCCACACGGCATCG ACGAA | 1120 | 86 | CCGAGGCCCTCATTTATACACTGGCA GCCCTCCACACAGCATCAGGAATGC GTGCTCTCAGGCAAGGATGTCAACGGC GAGTG | 1504 |
| SFRP2 | NM_003013.2 | SFRP2 | CAAGCTGA ACGGTGTGT CC | 353 | TGCAAGCTG TCCTTGAGC C | 737 | CAGCACCGATTCTCTCAG GTCCCT | 1121 | 66 | CAAGCTGAACGGTGTGTCCGAAAGGGA CCTGAAGAAATCGGTGCTGTGGCTCAA AGACAGCTTGA | 1505 |
| SIR2 | NM_012238.3 | SIRT1 | AGCTGGG TGCTGTGT CAT | 354 | ACAGCAAGG CGAGCATAA AT | 738 | CCTGACTTCAGGTCAAG GGATGG | 1122 | 72 | AGCTGGGCTGTCTGTTCATGTGGAAT ACCTGACTTCAGGTCAAGGATGTGTAT TTATGCTGCCCTTGCTGT | 1506 |
| SKIL | NM_005414.2 | SKIL | AGAGGCTG AATATGCA GGACA | 355 | CTATCGGCC TCAGCAITGG TGAGTTTGT | 739 | CCAACTCTGCTCAGTT CTGCCA | 1123 | 66 | AGAGGCTGAAATGCGAGGACAGTTGGC AGAACTGAGCGAGAGATTGGACCATGC TGAGGCCGATAG | 1507 |
| SKP2 | NM_005983.2 | SKP2 | AGTTGCAG AATCTAAGC CTGGAA | 356 | TCAGTTTGT GCGAGAGTA TTGACA | 740 | CCTGGGCTTTTCGGATCC CA | 1124 | 71 | AGTTGCAGAACTAAGCTCTGGAAGGCC TGTGGCTTTTCGGATGCCAATGTCAATAC TCTCCCAAAAACCTCA | 1508 |
| SLPI | NM_003064.2 | SLPI | ATGGCAAT GTTTGAATG T | 357 | ACACTCAA GTACAGCTT GC | 741 | TGGCAATCCATCTCACA GAAATTGG | 1125 | 74 | ATGGCAATGTTTGTGATGCTTAACCCCC CAATTTCTGTGAGATGGATGGCCAGTG CAAGCTGACTTGAAGTGT | 1509 |
| SNAIL | NM_005985.2 | SNAIL | CCCATCGG AAGCCTAA CTA | 358 | GTAGGGCTG CTGGAAGGT AA | 742 | TCCTGGATTAGAGTCTCTGC AGCTCGC | 1126 | 69 | CCCATCGGAAGCCCTAACTACAGCGAG CTGCAGGACTCTAATCCAGAGTTTACCT TCCAGCAGCCCTAC | 1510 |
| STK15 | NM_003600.1 | AURKA | CATCTTCCA GGAGGACC ACT | 359 | TCCGACCTT CAATCATTT CA | 743 | CTCTGTGGCACCCCTGGA CTACCTG | 1127 | 69 | CATCTTCCAGGAGGACCACTCTCTGTG GCACCTCTGACTACTGCTCCCTCGAAA TGATTGAAGGTCCGA | 1511 |
| STMN1 | NM_005563.2 | STMN1 | AATACCA ACGCACAA ATGA | 360 | GGAGACAAT GCAAAACCAC AC | 744 | CACGTCTCTGCCCCGTT TCTTG | 1128 | 71 | AATACCAACGCACAAATGACCCGACG TCTCTGCCCGCTTCTTGCCCCAGTGT GGTTGCAATGCTCC | 1512 |
| STMY3 | NM_005940.2 | MMP11 | CCTGGAGG CTGCAACAT ACC | 361 | TACAATGGC TTTGGAGGA TAGCA | 745 | ATCTCTCTGAAGCCCTTT TCCGAGC | 1129 | 90 | CCTGGAGGCTGCACAACATACCTCAATCC TGTCCCAGCCCGGATCTCTGAAAGCC CTTTTCAGCAGCTGCTATCTCTCCAAAG CCATTTGA | 1513 |
| SURV | NM_001168.1 | BIRC5 | TGTTTIGAT TCCCGGGCT TA | 362 | CAAAGCTGT CAGCTCTAG CAAAAG | 746 | TGCTTCTCTCTCCCTCA CTTCTCAGCT | 1130 | 80 | TGTTTIGATCCCGGGCTTACCAGGTGA GAAGTGAAGGAGGAAGAGCGCAGTGT CCCTTTTGTAGAGCTGACAGCTTTG | 1514 |
| SYK | NM_003177.1 | SYK | TCCTCAGCA AAAGCGAT GTCT | 363 | TTCAITCCCIC GATATGGCT TCT | 747 | CCATAGGAGAAATGCTTC CCACATCAACACT | 1131 | 85 | TCTCCAGCAAAAGCGATGTCTGGAGCT TTGGAGGTGTGATGTGGGAAGCATCT CCTATGGCGAGAAGCCATATCTGAGGGA TGAA | 1515 |

(continuación)

| Ccnn | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clinal | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|---------------|-----------------|-----------------|-------------------------------|------------|------------------------------------|------------|----------------------------------|------------|-------------------------|--|------------|
| TAGLN | NM_003186.2 | TAGLN | GATGGAGC AGTGGGCTC AGT | 364 | AGTCTGGAA CATGTTCAGT CTTGATG | 748 | CCCATAGTCTCAGCCG CCTTCAG | 1132 | 73 | GATGGAGCAGGTGGCTCAGTTCCTGAA GGCGGCTGAGGACTCTGGGGTCAATCAA GACTGACATGTTCCAGACT | 1516 |
| TCEAI | NM_201437.1 | TCEAI | CAGCCCTGA GGCAAGAG A | 365 | CGAGCATTT GTCTCATCC TTT | 749 | CTTCAGCGGCAATGTA AGCAACA | 1133 | 72 | CTTCCAGCGGCAATGTAAGCAACAGAA AGGATGAGACAAATGCTCG | 1517 |
| TIFRC | NM_003234.1 | TIFRC | GCCAACTGC TTTCAATTG TG | 366 | ACTCAGGCC CATTTCTTT A | 750 | AGGGATCTGAACCAATA CAGAGCAGACA | 1134 | 68 | GCCAACTGCTTTCATTTGAGGGGATCT GAACCAATACAGAGCAGACATAAAGG AAATGGGCTGAGT | 1518 |
| TGFB2 | NM_003238.1 | TGFB2 | ACCAGTCC CCAGAAGA CTA | 367 | CTCTGGTGT GTGTGATGAT GG | 751 | TCTGAGCCCGAGGAAG TCCC | 1135 | 75 | ACTAGTCCCCAGAGACTATCTCTGAG CCCGAGGAAAGTCCCGGAGGTGATTT TCCATCTACACAGCACCAGG | 1519 |
| TGFB3 | NM_003239.1 | TGFB3 | GGATCGAG CTCTTCAG ATCCT | 368 | GCCACCGAT ATAGCGCTG TT | 752 | CGGCCAGATGAGCACAT TGCC | 1136 | 65 | GGATCGAGCTCTTCAGATCTTTCGGCC AGATGAGCACATTGCGCAACACAGCTA TATCGGTGGC | 1520 |
| TGFB2 | NM_003242.2 | TGFB2 | AACACCAA TGGGTTCCA TCT | 369 | CTCTTCATC AGGCCAAAC T | 753 | TTCTGGGCTCTGTGATTGC TCAAGC | 1137 | 66 | AACACCAATGGGTTCATCTTCTGGGC TCTGTGATGCTCAAGCACAGTTTGGCCT GATGAAGAGG | 1521 |
| TIMP3 | NM_000362.2 | TIMP3 | CTACCTGCC TTGCTTTGT GA | 370 | ACCGAAAT GGAGAGCAT GT | 754 | CCAAAGAACGAGTGTCTC TGGACCG | 1138 | 67 | CTACCTGCTTGTGTTGACTTCCAAAG AACGAGTGTCTCTGGACCGACATGCTC TCCAAATTTCGGT | 1522 |
| TNFRSF11 A | NM_003839.2 | TNFRSF11 A | CCAGCCAC AGACCAGTT A | 371 | TTACAGAGAA AGGAGGTGT GGA | 755 | TGTTCTCCTACTGAGCCTG GAAGCA | 1139 | 67 | CCAGCCACAGAACCAAGTTACTGTTCCTC ACTGAGCCTGGAAGCAATCCACACCT CCTTTCTCTGAA | 1523 |
| TNFRSF11 B | NM_002546.2 | TNFRSF11 B | TGGCGACC AAGACACC TT | 372 | GGGAAAGTG GTACGTCTT TGAG | 756 | AGGGCCTAATGCACCA CTAAAGC | 1140 | 67 | TGCGGACCAAGACACCTTGAAGGGCCT AATGCACCGACTAAAGCCTCAAAAGAC GTACCACCTTCCC | 1524 |
| TNFRSF11 | NM_003701.2 | TNFRSF11 | CATACTGTT GGATCACA GCAC | 373 | TTGGCCAGA TCTAACCAT GA | 757 | TCCACCATCGCTTTCCTCT GCCTCG | 1141 | 71 | CATATCTGTGGATCACAGCACATCAGA GCAGAGAAAGCGATGGTGGATGGCTCA TGCTTAGATCTGGCAA | 1525 |
| TWIST1 | NM_000474.2 | TWIST1 | GGCTGGC GAAGATCA TC | 374 | GCITGAGGG TCTGAATCT TGCT | 758 | CCACGCTGCCCTCGGAC AAGC | 1142 | 64 | GGCTGGGAAAGATCATCCCAACGCTG CCCTCGGACAAAGCTGAGCAAGATTGAG ACCTCAAGC | 1526 |

(continuación)

| Cáctn | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F. | SEQ ID NO: | Sec. cebador R. | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. diana | Secuencia de amplicón | SEQ ID NO: |
|--------|-----------------|-----------------|-----------------------------------|------------|----------------------------------|------------|---------------|------------|------------------------|---|------------|
| UBB | NM_018955.1 | UBB | GAGTCGAC CCTGCACCT G | 375 | GCGAATGCC ATGACTGAA | 759 | | 1143 | 522 | GAGTCGACCTTGCACCTTGTCTCTGCGT CTGAGAGGTGGTATGCAGATCTTCTGGG AAGACCTTGACCGGCAAGACCATCACC CTGGAAAGTGGAGCCAGTGACACCATC GAAAATGTGAAGGCCAAGATCCAGGAT AAAGAAGGCATCCCTCCCGACACGACG AGGCTCATCTTTGACGGCAAGCAGCTG GAAGATGGCCCGACCTTTTCTGACTAC AACATCCAGAGGAGTGCACCTTGCAC CTGGTCTGCGTCTGAGAGGTGGTATG CAGATCTTCGTGAAGACCTTGACCGGC AAGACCATCCTCTGGAAAGTGGAGGCC AGTGACACCATCGAAAATGTGAAGGCC AAGATCCAGATAAAGAAGGCATCCCT CCCGACAGCAGAGGCTCATCTTTTGA GGCAAGCAGCTGGAAAGATGGCCGCACT CTTTCTGACTACACATCCAGAAAGGAG TGGACCTTGCACCTGGTCTCGCGCTGA GGGTGGCTGTAAATCTTCAGTCAATGG CATTCGC | 1527 |
| VCAM1 | NM_001078.2 | VCAM1 | TGGCTTCAG GAGCTGAA TACC | 376 | TGCTGTGCT GATGAGAAA ATAGTG | 760 | | 1144 | 89 | TGGCTTCAGGAGCTGAATACCTTCCA GGCACACACAGGTGGGACACAAATAA GGGTCTTGGAAACCTATTTTCTCATCA CGACACGA | 1528 |
| VIM | NM_003380.1 | VIM | TGCCCTTAA AGGAACCA ATGA | 377 | GCTTCAACG GCAAAAGTTC TCJT | 761 | | 1145 | 72 | TGCCCTTAAAGAACCAATGAGTCTCT GGAACGCCAGATGGGTGAAATGGAAG AGAACCTTTCGCTTGAAGC | 1529 |
| VTN | NM_000638.2 | VTN | AGTCAATCT TCGCACACG G | 378 | GTACTGAGC GATGGAGCG T | 762 | | 1146 | 67 | AGTCAATCTTCGCACACGGGAGTGGGA CACTGTGGACCTTCCCTACCCACGCTCC ATCGCTCAGTAC | 1530 |
| WAVE3 | NM_006646.4 | WASF3 | CTCTCCAGT GTGGGCAC C | 379 | GCGGTGTAG CTCCACAGAG T | 763 | | 1147 | 68 | CTCTCCAGTGTGGGCACACGCGGCCA GAACAGATGCGAGCAGTCCATGACTCT GGGAGCTACACCGC | 1531 |
| WISP1 | NM_003882.2 | WISP1 | AGAGGCAT CCATGAACCT TCACA | 380 | CAAACTCCA CACTACTTG GTTGA | 764 | | 1148 | 75 | AGAGGCATCCATGAACCTTACACTTGC GGGTGCTCAGCACACCTCTCTATCA ACCAAAGTACTGTGGAGTTG | 1532 |
| Wnt-5a | NM_003392.2 | WNT5A | GTATCAGG ACCACATGC AGTACATC | 381 | TGTCGGAAT TGATACTGG CAT | 765 | | 1149 | 75 | GTATCAGGACCATGACATGACATCGG AGAAGCGCGCAAGACAGGCATCAAG AATGCCAGTATCAATTCGACA | 1533 |
| Wnt-5b | NM_032642.2 | WNT5B | TGCTTTCAG GGTCTTGTC CA | 382 | GTGCACGTG GATGAAAAGA GT | 766 | | 1150 | 79 | TGCTTTCAGGTCTTGTCCAGAAATGTAG ATGGGTCCGTAAGAGGCTGGTGTCTC TCTTACTCTTTCACCTGCAC | 1534 |
| WWOX | NM_016373.1 | WWOX | ATCCAGCT GGTGGTGT AC | 383 | AGTCCCTG TTGCATGGA CTT | 767 | | 1151 | 74 | ATCCAGCTGGGTGTACACAGTGC TGTTAACCTTGGGAGGCTTTTACCAA GTCCATGCAACAGGAGCT | 1535 |

(continuación)

| Gen | ID de secuencia | Símbolo oficial | Sec. cebador F | SEQ ID NO: | Sec. cebador R | SEQ ID NO: | Sec. de sonda | SEQ ID NO: | Longitud de sec. clona | Secuencia de amplificación | SEQ ID NO: |
|-------|-----------------|-----------------|------------------------------|------------|-----------------------------|------------|------------------------------|------------|------------------------|--|------------|
| YWHAZ | NM_003406.2 | YWHAZ | GTGGACATC GGATACCC AAG | 384 | GCAGACAAA AGTTGAAG GC | 768 | CCCCTCCTTCTCCTGCTT CAGCTT | 1152 | 81 | GTGGACATCGGATACCCAAAGGAGACGA AGCTGAAGCAGGAGAAAGGAGGGGAAA ATTAAACCGGCTTCCAACTTTTGCTGC | 1536 |

Tabla 1: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronósticos que se asocian positivamente con un buen pronóstico para cáncer de mama (Estudio de previsión)

| Tabla 1 | | | |
|------------------|-----------------|-----------|-----------------|
| Gen_todos | z (Coef) | HR | p (Wald) |
| GSTM2 | -4,306 | 0,525 | 0,000 |
| IL6ST | -3,730 | 0,522 | 0,000 |
| CEGP1 | -3,712 | 0,756 | 0,000 |
| Bcl2 | -3,664 | 0,555 | 0,000 |
| GSTM1 | -3,573 | 0,679 | 0,000 |
| ERBB4 | -3,504 | 0,767 | 0,000 |
| GADD45 | -3,495 | 0,601 | 0,000 |
| PR | -3,474 | 0,759 | 0,001 |
| GPR30 | -3,348 | 0,660 | 0,001 |
| CAV1 | -3,344 | 0,649 | 0,001 |
| C10orf16 | -3,194 | 0,681 | 0,001 |
| DR5 | -3,102 | 0,543 | 0,002 |
| DICER1 | -3,097 | 0,296 | 0,002 |
| EstR1 | -2,983 | 0,825 | 0,003 |
| BTRC | -2,976 | 0,639 | 0,003 |
| GSTM3 | -2,931 | 0,722 | 0,003 |
| GAT A3 | -2,874 | 0,745 | 0,004 |
| DLC1 | -2,858 | 0,564 | 0,004 |
| CXCL14 | -2,804 | 0,693 | 0,005 |
| IL17RB | -2,796 | 0,744 | 0,005 |
| C8orf4 | -2,786 | 0,699 | 0,005 |
| FOXO3A | -2,786 | 0,617 | 0,005 |
| TNFRSF11B | -2,690 | 0,739 | 0,007 |
| BAG1 | -2,675 | 0,451 | 0,008 |
| SNAI1 | -2,632 | 0,692 | 0,009 |
| TGFB3 | -2,617 | 0,623 | 0,009 |
| NAT1 | -2,576 | 0,820 | 0,010 |
| FUS | -2,543 | 0,376 | 0,011 |
| F3 | -2,527 | 0,705 | 0,012 |
| gen GSTM2 | -2,461 | 0,668 | 0,014 |
| EPHB2 | -2,451 | 0,708 | 0,014 |
| FAMA3 | -2,448 | 0,778 | 0,014 |
| BAD | -2,425 | 0,506 | 0,015 |
| IGF1R | -2,378 | 0,712 | 0,017 |
| RUNX1 | -2,356 | 0,511 | 0,018 |
| ESRRG | -2,289 | 0,825 | 0,022 |
| HSHIN1 | -2,275 | 0,371 | 0,023 |
| CXCF12 | -2,151 | 0,623 | 0,031 |
| IGFBP7 | -2,137 | 0,489 | 0,033 |
| SKIF | -2,121 | 0,593 | 0,034 |
| PTEN | -2,110 | 0,449 | 0,035 |
| AKT3 | -2,104 | 0,665 | 0,035 |
| MGMT | -2,060 | 0,571 | 0,039 |
| FRIG1 | -2,054 | 0,649 | 0,040 |
| S100B | -2,024 | 0,798 | 0,043 |
| GREB1 variante a | -1,996 | 0,833 | 0,046 |
| CSF1 | -1,976 | 0,624 | 0,048 |
| ABR | -1,973 | 0,575 | 0,048 |
| AK055699 | -1,972 | 0,790 | 0,049 |

Tabla 2: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronóstico que se asocian negativamente con un buen pronóstico para cáncer de mama (Estudio de previsión)

| Tabla 2 | | | |
|------------------|-----------------|-----------|-----------------|
| Gen_todos | z (Coef) | HR | p (Wald) |
| S100A7 | 1,965 | 1,100 | 0,049 |
| MCM2 | 1,999 | 1,424 | 0,046 |
| Cóntigo 51037 | 2,063 | 1,185 | 0,039 |
| S100P | 2,066 | 1,170 | 0,039 |
| ACTR2 | 2,119 | 2,553 | 0,034 |
| MYBL2 | 2,158 | 1,295 | 0,031 |
| DUSP1 | 2,166 | 1,330 | 0,030 |
| HOXB13 | 2,192 | 1,206 | 0,028 |
| SURV | 2,216 | 1,329 | 0,027 |
| MELK | 2,234 | 1,336 | 0,026 |
| HSPA8 | 2,240 | 2,651 | 0,025 |
| cdc25A | 2,314 | 1,478 | 0,021 |
| C20_orf1 | 2,336 | 1,497 | 0,019 |
| LMNB1 | 2,387 | 1,682 | 0,017 |
| S100A9 | 2,412 | 1,185 | 0,016 |
| CENPA | 2,419 | 1,366 | 0,016 |
| CDC25C | 2,437 | 1,384 | 0,015 |
| GAPDH | 2,498 | 1,936 | 0,012 |
| KNTC2 | 2,512 | 1,450 | 0,012 |
| PRDX1 | 2,540 | 2,131 | 0,011 |
| RRM2 | 2,547 | 1,439 | 0,011 |
| ADM | 2,590 | 1,445 | 0,010 |
| ARF1 | 2,634 | 2,973 | 0,008 |
| E2F1 | 2,716 | 1,486 | 0,007 |
| TFRC | 2,720 | 1,915 | 0,007 |
| STK15 | 2,870 | 1,860 | 0,004 |
| LAPTM4B | 2,880 | 1,538 | 0,004 |
| EpCAM | 2,909 | 1,919 | 0,004 |
| ENO1 | 2,958 | 2,232 | 0,003 |
| CCNB1 | 3,003 | 1,738 | 0,003 |
| BUB1 | 3,018 | 1,590 | 0,003 |
| Claudina 4 | 3,034 | 2,151 | 0,002 |
| CDC20 | 3,056 | 1,555 | 0,002 |
| Ki-67 | 3,329 | 1,717 | 0,001 |
| KPNA2 | 3,523 | 1,722 | 0,000 |
| IDH2 | 3,994 | 1,638 | 0,000 |

Tabla 3: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronósticos que se asocian positivamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER negativo (ER0) (Estudio de previsión)

| Gen_ER0 | HR | z (Coef) | p (Wald) |
|----------------|-----------|-----------------|-----------------|
| SYK | 0,185 | -2,991 | 0,003 |
| Wnt-5a | 0,443 | -2,842 | 0,005 |
| WISP1 | 0,455 | -2,659 | 0,008 |
| CYR61 | 0,405 | -2,484 | 0,013 |
| GADD45 | 0,520 | -2,474 | 0,013 |
| TAGLN | 0,364 | -2,376 | 0,018 |
| TGFB3 | 0,465 | -2,356 | 0,018 |
| INHBA | 0,610 | -2,255 | 0,024 |
| CDH11 | 0,584 | -2,253 | 0,024 |
| CHAF1B | 0,551 | -2,113 | 0,035 |
| ITGAV | 0,192 | -2,101 | 0,036 |
| SNAI1 | 0,655 | -2,077 | 0,038 |
| IL11 | 0,624 | -2,026 | 0,043 |
| KIAA1199 | 0,692 | -2,005 | 0,045 |
| TNFRSF11B | 0,659 | -1,989 | 0,047 |

Tabla 4: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronóstico que se asocian negativamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER negativo (ER0) (Estudio de previsión)

| Gen_ER0 | HR | z (Coef) | p (Wald) |
|-----------|-------|----------|----------|
| RPL41 | 3,547 | 2,062 | 0,039 |
| Claudin 4 | 2,883 | 2,117 | 0,034 |
| LYRIC | 4,029 | 2,364 | 0,018 |
| TFRC | 3,223 | 2,596 | 0,009 |
| VTN | 2,484 | 3,205 | 0,001 |

Tabla 5: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronósticos que se asocian positivamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER positivo (ER1) (Estudio de previsión)

| Gen_ER1 | HR | z (Coef) | p (Wald) |
|-----------|-------|----------|----------|
| DR5 | 0,428 | -3,478 | 0,001 |
| GSTM2 | 0,526 | -3,173 | 0,002 |
| HSN1 | 0,175 | -3,031 | 0,002 |
| ESRRG | 0,736 | -3,028 | 0,003 |
| VTN | 0,622 | -2,935 | 0,003 |
| Bcl2 | 0,469 | -2,833 | 0,005 |
| ERBB4 | 0,705 | -2,802 | 0,005 |
| GPR30 | 0,625 | -2,794 | 0,005 |
| BAG1 | 0,339 | -2,733 | 0,006 |
| CAV1 | 0,635 | -2,644 | 0,008 |
| IL6ST | 0,503 | -2,551 | 0,011 |
| C10orf116 | 0,679 | -2,497 | 0,013 |
| FOXO3A | 0,607 | -2,473 | 0,013 |
| DICER1 | 0,311 | -2,354 | 0,019 |
| GADD45 | 0,645 | -2,338 | 0,019 |
| CSF1 | 0,500 | -2,312 | 0,021 |
| F3 | 0,677 | -2,300 | 0,021 |
| GBP2 | 0,604 | -2,294 | 0,022 |
| APEX-1 | 0,234 | -2,253 | 0,024 |
| FUS | 0,322 | -2,252 | 0,024 |
| BBC3 | 0,581 | -2,248 | 0,025 |
| GSTM3 | 0,737 | -2,203 | 0,028 |
| ITGA4 | 0,620 | -2,161 | 0,031 |
| EPHB2 | 0,685 | -2,128 | 0,033 |
| IRF1 | 0,708 | -2,105 | 0,035 |
| CRYZ | 0,593 | -2,103 | 0,035 |
| CCL19 | 0,773 | -2,076 | 0,038 |
| SKIL | 0,540 | -2,019 | 0,043 |
| MRP1 | 0,515 | -1,964 | 0,050 |

Tabla 6: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronóstico que se asocian negativamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER positivo (ER1) (Estudio de previsión)

| Gen_ER1 | HR | z (Coef) | p (Wald) |
|---------|-------|----------|----------|
| CTHRC1 | 2,083 | E958 | 0,050 |
| RRM2 | E450 | E978 | 0,048 |
| BUB1 | E467 | E988 | 0,047 |
| LMNB1 | E764 | 2,009 | 0,045 |
| SURV | E380 | 2,013 | 0,044 |
| EpCAM | E966 | 2,076 | 0,038 |
| CDC20 | E504 | 2,081 | 0,037 |
| GAPDH | 2,405 | 2,126 | 0,033 |
| STK15 | 1,796 | 2,178 | 0,029 |
| HSPA8 | 3,095 | 2,215 | 0,027 |
| LAPTM4B | 1,503 | 2,278 | 0,023 |
| MCM2 | 1,872 | 2,370 | 0,018 |
| CDC25C | 1,485 | 2,423 | 0,015 |
| ADM | 1,695 | 2,486 | 0,013 |
| MMP1 | 1,365 | 2,522 | 0,012 |
| CCNB1 | 1,893 | 2,646 | 0,008 |
| Ki-67 | 1,697 | 2,649 | 0,008 |
| E2F1 | 1,662 | 2,689 | 0,007 |
| KPNA2 | 1,683 | 2,701 | 0,007 |
| DUSP1 | 1,573 | 2,824 | 0,005 |
| GDF15 | 1,440 | 2,896 | 0,004 |

Tabla 7: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronósticos que se asocian positivamente con un buen pronóstico para cáncer de mama (Estudio de Rush)

| Gen todos | z (Coef) | HR | p (Wald) |
|------------------|----------|-------|----------|
| GSTM2 | -3,275 | 0,752 | 0,001 |
| GSTM1 | -2,946 | 0,772 | 0,003 |
| C8orf4 | -2,639 | 0,793 | 0,008 |
| ELF3 | -2,478 | 0,769 | 0,013 |
| RUNX1 | -2,388 | 0,609 | 0,017 |
| IL6ST | -2,350 | 0,738 | 0,019 |
| AAMP | -2,325 | 0,715 | 0,020 |
| PR | -2,266 | 0,887 | 0,023 |
| FHIT | -2,193 | 0,790 | 0,028 |
| CD44v6 | -2,191 | 0,754 | 0,028 |
| GREB1 variante c | -2,120 | 0,874 | 0,034 |
| ADAM17 | -2,101 | 0,686 | 0,036 |
| EstRI | -2,084 | 0,919 | 0,037 |
| NAT1 | -2,081 | 0,878 | 0,037 |
| TNFRSF11B | -2,074 | 0,843 | 0,038 |
| ITGB4 | -2,006 | 0,740 | 0,045 |
| CSF1 | -1,963 | 0,750 | 0,050 |

Tabla 8: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronóstico que se asocian negativamente con un buen pronóstico para cáncer de mama (Estudio de Rush)

| Gen todos | z (Coef) | HR | p (Wald) |
|-----------|----------|-------|----------|
| STK15 | 1,968 | 1,298 | 0,049 |
| TFRC | 2,049 | 1,399 | 0,040 |
| ITGB1 | 2,071 | 1,812 | 0,038 |
| ITGAV | 2,081 | 1,922 | 0,037 |
| MYBF2 | 2,089 | 1,205 | 0,037 |
| MRP 3 | 2,092 | 1,165 | 0,036 |
| SKP2 | 2,143 | 1,379 | 0,032 |
| LMNB1 | 2,155 | 1,357 | 0,031 |
| ALCAM | 2,234 | 1,282 | 0,025 |
| COMT | 2,271 | 1,412 | 0,023 |
| CDC20 | 2,300 | 1,253 | 0,021 |
| GAPDH | 2,307 | 1,572 | 0,021 |
| GRB7 | 2,340 | 1,205 | 0,019 |
| S100A9 | 2,374 | 1,120 | 0,018 |
| S100A7 | 2,374 | 1,092 | 0,018 |
| HER2 | 2,425 | 1,210 | 0,015 |
| ACTR2 | 2,499 | 1,788 | 0,012 |
| S100A8 | 2,745 | 1,144 | 0,006 |
| ENO1 | 2,752 | 1,687 | 0,006 |
| MMP1 | 2,758 | 1,212 | 0,006 |
| LAPTM4B | 2,775 | 1,375 | 0,006 |
| FGFR4 | 3,005 | 1,215 | 0,003 |
| C17orf37 | 3,260 | 1,387 | 0,001 |

Tabla 9: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronósticos que se asocian positivamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER negativo (ER0) (Estudio de Rush)

| Gen_ER0 | z (Coef) | HR | p (Wald) |
|------------------|----------|-------|----------|
| SEMA3F | -2,465 | 0,503 | 0,014 |
| LAMA3 | -2,461 | 0,519 | 0,014 |
| CD44E | -2,418 | 0,719 | 0,016 |
| AD024 | -2,256 | 0,617 | 0,024 |
| LAMB 3 | -2,237 | 0,690 | 0,025 |
| Ki-67 | -2,209 | 0,650 | 0,027 |
| MMP7 | -2,208 | 0,768 | 0,027 |
| GREB1 variante c | -2,019 | 0,693 | 0,044 |
| ITGB4 | -1,996 | 0,657 | 0,046 |
| CRYZ | -1,976 | 0,662 | 0,048 |
| CD44s | -1,967 | 0,650 | 0,049 |

Tabla 10: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronóstico que se asocian negativamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER negativo (ER0) (Estudio de Rush)

| Gen_ER0 | z (Coef) | HR | p (Wald) |
|----------|----------|-------|----------|
| S100A8 | 1,972 | 1,212 | 0,049 |
| EEF1A2 | 2,031 | 1,195 | 0,042 |
| TAGLN | 2,072 | 2,027 | 0,038 |
| GRB7 | 2,086 | 1,231 | 0,037 |
| HER2 | 2,124 | 1,232 | 0,034 |
| ITGAV | 2,217 | 3,258 | 0,027 |
| CDH11 | 2,237 | 2,728 | 0,025 |
| COL1A1 | 2,279 | 2,141 | 0,023 |
| C17orf37 | 2,319 | 1,329 | 0,020 |
| COL1A2 | 2,336 | 2,577 | 0,020 |
| ITGB5 | 2,375 | 3,236 | 0,018 |
| ITGA5 | 2,422 | 2,680 | 0,015 |
| RPL41 | 2,428 | 6,665 | 0,015 |
| ALCAM | 2,470 | 1,414 | 0,013 |
| CTHRC1 | 2,687 | 3,454 | 0,007 |
| PTEN | 2,692 | 8,706 | 0,007 |
| FN1 | 2,833 | 2,206 | 0,005 |

Tabla 11: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronósticos que se asocian positivamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER positivo (ER1) (Estudio de Rush)

| Gen_ER1 | z (Coef) | HR | p (Wald) |
|-----------|----------|-------|----------|
| GSTM1 | -3,938 | 0,628 | 0,000 |
| HNF3A | -3,220 | 0,500 | 0,001 |
| EstRl | -3,165 | 0,643 | 0,002 |
| Bcl2 | -2,964 | 0,583 | 0,003 |
| GAT A3 | -2,641 | 0,624 | 0,008 |
| ELF3 | -2,579 | 0,741 | 0,010 |
| C8orf4 | -2,451 | 0,730 | 0,014 |
| GSTM2 | -2,416 | 0,774 | 0,016 |
| PR | -2,416 | 0,833 | 0,016 |
| RUNX1 | -2,355 | 0,537 | 0,019 |
| CSF1 | -2,261 | 0,662 | 0,024 |
| IL6ST | -2,239 | 0,627 | 0,025 |
| AAMP | -2,046 | 0,704 | 0,041 |
| TNFRSF11B | -2,028 | 0,806 | 0,043 |
| NAT1 | -2,025 | 0,833 | 0,043 |
| ADAM17 | -1,981 | 0,642 | 0,048 |

Tabla 12: Riesgos proporcionales de Cox para genes pronóstico que se asocian negativamente con un buen pronóstico para cáncer de mama ER positivo (ER1) (Estudio de Rush)

| Gen_ER1 | z (Coef) | HR | p (Wald) |
|----------|----------|-------|----------|
| HSPA1B | 1,966 | 1,382 | 0,049 |
| AD024 | 1,967 | 1,266 | 0,049 |
| FGFR4 | 1,991 | 1,175 | 0,047 |
| CDK4 | 2,014 | 1,576 | 0,044 |
| ITGB1 | 2,021 | 2,163 | 0,043 |
| EPHB2 | 2,121 | 1,342 | 0,034 |
| LYRIC | 2,139 | 1,583 | 0,032 |
| MYBL2 | 2,174 | 1,273 | 0,030 |
| PGF | 2,176 | 1,439 | 0,030 |
| EZH2 | 2,199 | 1,390 | 0,028 |
| HSPA1A | 2,209 | 1,452 | 0,027 |
| RPLPO | 2,273 | 2,824 | 0,023 |
| LMNB1 | 2,322 | 1,529 | 0,020 |
| IL-8 | 2,404 | 1,166 | 0,016 |
| C6orf66 | 2,468 | 1,803 | 0,014 |
| GAPDH | 2,489 | 1,950 | 0,013 |
| P16-INK4 | 2,490 | 1,541 | 0,013 |
| CLIC1 | 2,557 | 2,745 | 0,011 |
| ENO1 | 2,719 | 2,455 | 0,007 |
| ACTR2 | 2,878 | 2,543 | 0,004 |
| CDC20 | 2,931 | 1,452 | 0,003 |
| SKP2 | 2,952 | 1,916 | 0,003 |
| LAPTM4B | 3,124 | 1,558 | 0,002 |

Tabla 13: Validación de genes pronóstico en los conjuntos de datos del SIB.

| Símbolo oficial Tabla 13 | EMC2-Est | EMC2-SE | EMC2-t | JRH1-Est | JRH1-SE | JRH1-t | JRH2-Est | JRH2-SE | JRH2-t | MGH-Est | MGH-SE | MGH-t | NCH-Est | NCH-SE | NCH-t | NKI-Est | NKI-SE | NKI-t |
|-----------------------------|----------|---------|--------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| AAMP | NA | NA | NA | -0.05212 | 0.50645 | -0.10291 | 0.105615 | 1.01216 | 0.104346 | -0.26943 | 0.620209 | -0.43441 | 0.088826 | 0.283082 | 0.313782 | 0.312939 | 0.228446 | 1.36986 |
| ABCC1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 2.36153 | 0.76485 | 3.087573 | 0.253516 | 0.284341 | 0.891591 | 0.213191 | 0.154486 | 1.380002 | 0.094607 | 0.258279 | 0.366298 |
| ABCC3 | NA | NA | NA | 0.386945 | 0.504324 | 0.767255 | 0.305901 | 0.544322 | 0.561985 | 0.126882 | 0.221759 | 0.572162 | -0.00756 | 0.167393 | -0.04517 | 0.06613 | 0.096544 | 0.684974 |
| ABR | NA | NA | NA | 0.431151 | 0.817818 | 0.527197 | 0.758422 | 1.0123 | 0.749207 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.06114 | 0.095839 | -0.63795 |
| ACTR2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.26297 | 0.4774 | -0.55084 | 0.071853 | 0.205648 | 0.349398 | 0.131215 | 0.267434 | 0.490644 | 0.539449 | 0.254409 | 2.120401 |
| ADAM17 | NA | NA | NA | 0.078212 | 0.564555 | 0.138538 | -0.20948 | 1.06045 | -0.19754 | 0.29698 | 0.435924 | 0.681266 | -0.18523 | 0.407965 | -0.45402 | 0.068689 | 0.12741 | 0.539115 |
| ADM | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.320052 | 0.201407 | 1.589081 | 0.225324 | 0.142364 | 1.582732 | 0.314064 | 0.201161 | 1.561257 | 0.264131 | 0.06376 | 4.142582 |
| LYPD6 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.38423 | 0.120883 | -3.17855 | -0.23802 | 0.209786 | -1.1346 | -0.4485 | 0.106865 | -4.19691 |
| AKT3 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -2.10931 | 1.58606 | -1.32991 | -1.43148 | 0.576851 | -2.48154 | 0.181912 | 0.147743 | 1.231273 | 0.149731 | 0.140716 | 1.064065 |
| ALCAM | NA | NA | NA | -0.17112 | 0.224449 | -0.7624 | 0.120168 | 0.212325 | 0.565963 | -0.36428 | 0.239833 | -1.51888 | 0.002712 | 0.084499 | 0.032094 | -0.3019 | 0.094459 | -3.19609 |
| APEX1 | NA | NA | NA | 0.068917 | 0.410873 | 0.167732 | -0.02247 | 0.790107 | -0.02843 | -0.07674 | 0.181782 | -0.42215 | -0.00097 | 0.268651 | -0.00361 | -0.13398 | 0.232019 | -0.57746 |
| ARF1 | NA | NA | NA | 0.839013 | 0.346692 | 2.420053 | 0.369609 | 0.40789 | 0.906149 | 2.03958 | 0.804729 | 2.534493 | -0.15337 | 0.204529 | -0.74984 | 0.944168 | 0.204641 | 4.613777 |
| AURKA | NA | NA | NA | 0.488329 | 0.248241 | 1.967157 | 0.285095 | 0.243026 | 1.173105 | 0.270093 | 0.169472 | 1.593732 | -0.07663 | 0.213247 | -0.35934 | 0.643963 | 0.101097 | 6.369754 |
| BAD | NA | NA | NA | 0.027049 | 0.547028 | 0.049446 | 0.121904 | 0.587599 | 0.207461 | NA | NA | NA | 0.38364 | 0.389915 | 0.983907 | 0.149641 | 0.221188 | 0.676533 |
| BAG1 | NA | NA | NA | 0.505074 | 0.709869 | 0.711503 | -0.13983 | 0.36181 | -0.38648 | -0.36295 | 0.282963 | -1.28267 | -0.11976 | 0.203911 | -0.58733 | -0.41603 | 0.138093 | -3.01265 |
| BBC3 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.182425 | 0.78708 | 0.231774 | NA | NA | NA | 0.056993 | 0.249671 | 0.228274 | -0.5633 | 0.158825 | -3.54669 |
| BCAR3 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.29238 | 0.522706 | -0.55935 | -0.41595 | 0.216837 | -1.91825 | 0.072246 | 0.304443 | 0.237306 | -0.26067 | 0.114992 | -2.26685 |
| BCL2 | NA | NA | NA | -1.10678 | 0.544697 | -2.03192 | 0.124104 | 0.228026 | 0.544254 | -2.47368 | 1.23296 | -2.00629 | NA | NA | NA | -0.30738 | 0.079518 | -3.86557 |
| BIRC5 | NA | NA | NA | -0.40529 | 0.608667 | -0.66586 | 0.319899 | 0.242736 | 1.317889 | NA | NA | NA | 0.268836 | 0.122325 | 2.197719 | 0.390779 | 0.069127 | 5.6531 |
| BTRC | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.017988 | 0.648834 | 0.027723 | NA | NA | NA | -0.63958 | 0.485936 | -1.31618 | -0.52394 | 0.139699 | -3.75051 |
| BUB1 | NA | NA | NA | 0.84036 | 0.319874 | 2.627159 | 0.565139 | 0.322406 | 1.75288 | 0.206656 | 0.268687 | 0.769133 | 0.104644 | 0.142318 | 0.735283 | 0.426611 | 0.094852 | 4.49763 |
| C10orf116 | NA | NA | NA | -0.1418 | 0.261554 | -0.54216 | 0.036378 | 0.182183 | 0.199668 | NA | NA | NA | 0.064337 | 0.14087 | 0.456713 | -0.22589 | 0.082836 | -2.72696 |
| C17orf37 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.1532 | 0.294177 | 0.520775 | NA | NA | NA |
| TPX2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.311175 | 0.271756 | 1.145053 | NA | NA | NA | -0.01014 | 0.317222 | -0.03198 | 0.536914 | 0.116472 | 4.609812 |
| C8orf4 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.06402 | 0.197663 | -0.32386 | -0.07043 | 0.106335 | -0.66236 | -0.03221 | 0.189009 | -0.1704 | -0.3396 | 0.083273 | -4.07813 |
| CAV1 | NA | NA | NA | -0.20701 | 0.254401 | -0.81372 | -0.19588 | 0.289251 | -0.67721 | -0.06896 | 0.2269 | -0.30391 | 0.078825 | 0.340843 | 0.231265 | -0.30885 | 0.133788 | -2.30848 |

| Simbolo oficial | | EMC2-Est | EMC2-SE | EMC2-t | JRH1-Est | JRH1-SE | JRH1-t | JRH2-Est | JRH2-SE | JRH2-t | MGH-Est | MGH-SE | MGH-t | NCH-Est | NCH-SE | NCH-t | NKI-Est | NKI-SE | NKI-t |
|-----------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|-----------|----------|----------|-----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| (continuación) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Tabla 13 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| CC119 | NA | NA | NA | NA | 0,101779 | 0,483649 | 0,21044 | -0,45509 | 0,26597 | -1,71104 | 0,246585 | 0,153468 | 1,606752 | 0,024132 | 0,130045 | 0,185564 | -0,08897 | 0,087102 | -1,02143 |
| CCNB1 | NA | NA | NA | NA | 0,14169 | 0,276165 | 0,513063 | 0,587021 | 0,249935 | 2,348695 | NA | NA | NA | -0,02016 | 0,230327 | -0,08751 | 0,495483 | 0,10424 | 4,75329 |
| CDC20 | NA | NA | NA | NA | -0,82502 | 0,360648 | -2,2876 | 0,075789 | 0,208662 | 0,362113 | 0,095023 | 0,198727 | 0,478159 | 0,216025 | 2,235547 | 0,35587 | 0,125008 | 2,846778 | |
| CDC25A | NA | NA | NA | NA | -0,15046 | 0,724766 | -0,2076 | 0,358589 | 0,638958 | 0,561209 | 0,257084 | 0,227966 | 1,12773 | 0,078265 | 0,111013 | 0,705008 | 0,48387 | 0,105238 | 4,597864 |
| CDC25C | NA | NA | NA | NA | 0,047781 | 0,511454 | 0,093422 | 1,07486 | 0,456637 | 2,353861 | 0,340882 | 0,240266 | 1,418769 | -0,22371 | 0,269481 | -0,83013 | 0,287063 | 0,136568 | 2,101979 |
| CDH11 | NA | NA | NA | NA | -0,55211 | 0,469473 | -1,117601 | 0,072308 | 0,265898 | 0,27194 | 0,028252 | 0,199053 | 0,141931 | -0,0883 | 0,124418 | -0,70971 | -0,13223 | 0,097541 | -1,35564 |
| CDK4 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,759572 | 0,757398 | 1,00287 | 0,18468 | 0,129757 | 1,423276 | 0,304045 | 0,17456 | 1,741779 | 0,267465 | 0,148641 | 1,799403 |
| SCUBE2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,0454 | 0,120869 | -0,37564 | NA | NA | NA | -0,01783 | 0,063429 | -0,28108 | -0,24635 | 0,048622 | -5,0667 |
| CENPA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,296857 | 0,253493 | 1,171066 | NA | NA | NA | 0,225878 | 0,249928 | 0,903772 | 0,467131 | 0,081581 | 5,726013 |
| CHAF1B | NA | NA | NA | NA | 0,591417 | 0,58528 | 1,010486 | 0,284056 | 0,637446 | 0,445616 | 0,47534 | 0,323193 | 1,470762 | 0,233081 | 0,291389 | 0,799896 | 0,519868 | 0,125204 | 4,152168 |
| CLDN4 | NA | NA | NA | NA | -0,54144 | 0,470758 | -1,15014 | 0,33033 | 0,351865 | 0,938798 | 0,185116 | 0,314723 | 0,588187 | -0,23129 | 0,426627 | -0,54213 | 0,564756 | 0,210595 | 2,681716 |
| CLIC1 | NA | NA | NA | NA | 0,678131 | 0,359483 | 1,886406 | 0,764626 | 0,767633 | 0,996083 | 0,171995 | 0,821392 | 0,209395 | -0,05548 | 0,414451 | -0,13385 | 0,383134 | 0,165674 | 2,312578 |
| COL1A1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,273073 | 0,249247 | 1,095592 | NA | NA | NA | 0,004033 | 0,146511 | 0,027527 | NA | NA | NA |
| COL1A2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,216939 | 0,367138 | 0,590892 | 0,157848 | 0,123812 | 1,274901 | 0,057815 | 0,163831 | 0,352894 | -0,00235 | 0,064353 | -0,03653 |
| COMT | NA | NA | NA | NA | 0,749278 | 0,356566 | 2,101373 | -0,05068 | 0,448567 | -0,11298 | -2,45771 | 1,02805 | -2,39065 | 0,526063 | 0,226489 | 2,322687 | -0,00764 | 0,129967 | -0,05878 |
| CRYZ | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,31201 | 0,303615 | -1,02766 | -0,53751 | 0,214408 | -2,50696 | -0,32472 | 0,253244 | -1,28224 | -0,25514 | 0,124909 | -2,04264 |
| CSF1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -1,40833 | 1,21432 | -1,15977 | NA | NA | NA | -0,14894 | 0,352724 | -0,42226 | -0,11194 | 0,240555 | -0,46532 |
| CTHRC1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,574897 | 0,535382 | 1,073807 | -0,08389 | 0,137325 | -0,6109 | 0,024003 | 0,097692 | 0,245691 |
| CXCL12 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,4566 | 0,219587 | 2,07935 | NA | NA | NA | -0,08863 | 0,138097 | -0,64183 | -0,36944 | 0,138735 | -2,66293 |
| CXCL14 | NA | NA | NA | NA | -0,23692 | 0,333761 | -0,70985 | 0,361375 | 0,159544 | 2,265049 | NA | NA | NA | -0,06592 | 0,093353 | -0,70609 | -0,16877 | 0,054117 | -3,11866 |
| CYR61 | NA | NA | NA | NA | 0,310818 | 0,515557 | 0,602878 | -0,24435 | 0,252867 | -0,9663 | 0,571476 | 0,323144 | 1,768487 | -0,11281 | 0,164296 | -0,68663 | 0,087147 | 0,082372 | 1,057965 |
| DICER1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,33943 | 0,39364 | -0,8623 | 0,038811 | 0,409835 | 0,0947 | 0,086141 | 0,143687 | 0,599504 | -0,46887 | 0,150367 | -3,11814 |
| DLIC1 | NA | NA | NA | NA | 0,13581 | 0,37927 | 0,358083 | -0,4102 | 0,387258 | -1,05923 | -0,09793 | 0,247069 | -0,39638 | -0,03473 | 0,238947 | -0,14533 | -0,35001 | 0,130472 | -2,68262 |
| TNFRSF10B | NA | NA | NA | NA | -0,09001 | 0,619057 | -0,1454 | 0,80742 | 0,544479 | 1,482922 | 0,159018 | 0,456205 | 0,348567 | -0,19927 | 0,160381 | -1,24248 | 0,053214 | 0,164091 | 0,324294 |
| DUSP1 | NA | NA | NA | NA | -0,20229 | 0,200782 | -1,00753 | -0,02736 | 0,224043 | -0,12212 | NA | NA | NA | -0,03006 | 0,152909 | -0,19657 | -0,0472 | 0,09086 | -0,51952 |
| E2F1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,845576 | 0,685556 | 1,233416 | -1,06849 | 0,824212 | -1,29638 | 0,356102 | 0,38254 | 0,930888 | 0,617258 | 0,121385 | 5,085126 |
| EEF1A2 | 0,26278 | 0,091435 | 2,873951 | NA | NA | NA | NA | 0,362569 | 0,17103 | 2,119915 | NA | NA | NA | -0,0028 | 0,233293 | -0,01199 | -0,01585 | 0,06608 | -0,23987 |
| ELF3 | NA | NA | NA | NA | 1,34589 | 0,628064 | 2,142919 | 0,569231 | 0,430739 | 1,321522 | 0,209853 | 0,239225 | 0,87722 | 0,026264 | 0,109569 | 0,2397 | 0,165848 | 0,143091 | 1,159039 |
| ENO1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,179739 | 0,312848 | 0,574525 | NA | NA | NA | -0,01727 | 0,097939 | -0,17629 | 0,3682 | 0,094778 | 3,884888 |
| EPHB2 | NA | NA | NA | NA | 0,155831 | 0,717587 | 0,21716 | -0,19469 | 0,90381 | -0,21541 | 1,38257 | 0,444196 | 3,112522 | -0,40953 | 0,395102 | -1,18837 | 0,318437 | 0,123672 | 2,574851 |
| ERBB4 | NA | NA | NA | NA | 0,065275 | 0,215044 | 0,065275 | 0,189094 | 0,189094 | -0,189094 | -0,13567 | 0,114364 | -1,18626 | 0,191218 | 0,114326 | 1,672568 | -0,28508 | 0,066294 | -4,30028 |
| ESRRG | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,122595 | 0,204322 | 0,600009 | 0,356845 | 0,216506 | 1,648199 | 0,023341 | 0,078378 | 0,297795 | -0,16542 | 0,093598 | -1,76733 |
| ESR1 | NA | NA | NA | NA | -0,14448 | 0,127214 | -1,13569 | 0,009283 | 0,107091 | 0,086687 | -0,12127 | 0,111184 | -1,09075 | 0,127143 | 0,109672 | 1,159302 | -0,16933 | 0,044665 | -3,79121 |
| EZH2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,36213 | 0,244107 | 1,483489 | NA | NA | NA | 0,008861 | 0,200897 | 0,044106 | 0,478266 | 0,107424 | 4,452134 |
| F3 | NA | NA | NA | NA | 0,719395 | 0,524742 | 1,37095 | -0,21237 | 0,365632 | -0,58402 | -0,00167 | 0,448211 | -0,00372 | -0,13187 | 0,134218 | -0,98248 | -0,29217 | 0,093753 | -3,11637 |
| FGFR4 | NA | NA | NA | NA | 0,864262 | 0,479596 | 1,802063 | 0,451249 | 0,296065 | 1,524155 | 0,230309 | 0,229234 | 1,00469 | -0,15142 | 0,109674 | -1,3806 | -0,04922 | 0,146198 | -0,33666 |
| FHIT | NA | NA | NA | NA | 1,00058 | 0,938809 | 1,065797 | -1,58314 | 0,766553 | -2,06527 | 0,087228 | 0,322399 | 0,270559 | -0,08366 | 0,344886 | -0,24256 | -0,1378 | 0,121745 | -1,13183 |
| FN1 | NA | NA | NA | NA | 0,056943 | 0,154068 | 0,369595 | 0,282152 | 0,407361 | 0,692634 | 0,417442 | 0,859619 | 0,485613 | -0,05187 | 0,111777 | -0,46402 | 0,112875 | 0,066759 | 1,690796 |
| FOXAI | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,054619 | 0,1941 | 0,281398 | NA | NA | NA | -0,04211 | 0,103534 | -0,40677 | -0,08953 | 0,043624 | -2,05225 |
| FUS | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 1,95693 | 1,399212 | 1,399212 | NA | NA | NA | 0,68227 | 0,199389 | 0,600841 | 0,115971 | 0,188545 | 0,615084 |
| GADD45A | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,09194 | 0,324263 | -0,28352 | -0,33447 | 0,236846 | -1,41219 | -0,43753 | 0,333292 | -1,31276 | -0,15889 | 0,115794 | -1,37217 |
| GAPDH | -0,00386 | 0,125637 | 0,274798 | 3,163476 | 0,728889 | 0,497848 | 1,464079 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,396067 | 0,169944 | 2,330374 | 0,286211 | 0,073946 | 3,870541 |
| GATA3 | NA | NA | NA | NA | -0,33431 | 0,127225 | -2,62767 | -0,00759 | 0,145072 | 0,190433 | 0,190433 | 0,170135 | 1,119423 | 0,058244 | 0,115942 | 0,502355 | -0,13285 | 0,054984 | -2,41625 |
| GBP2 | NA | NA | NA | NA | 0,120416 | 0,247997 | 0,485554 | -0,49134 | 0,289525 | -1,69704 | 0,517501 | 0,299148 | 1,729916 | 0,082647 | 0,173301 | 0,4769 | -0,19825 | 0,1358 | -1,45985 |

(continuación)

| Símbolo oficial | EMC2-Est | EMC2-SE | JRH1-Est | JRH1-SE | JRH1-Est | JRH2-Est | JRH2-SE | JRH2-Est | MGH-Est | MGH-SE | MGH-Est | NCH-Est | NCH-SE | NCH-Est | NKI-Est | NKI-SE | NKI-Est |
|-----------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| Tabla 13 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| GDF15 | NA | NA | 0,219861 | 0,231613 | 0,94926 | 0,317951 | 0,183188 | 1,735654 | NA | NA | NA | 0,200247 | 0,14325 | 1,397885 | 0,052347 | 0,063101 | 0,829563 |
| GRB7 | NA | NA | -0,46505 | 0,485227 | -0,95842 | 0,143585 | 0,218034 | 0,658544 | NA | NA | NA | 0,027699 | 0,459937 | 0,060224 | 0,126284 | 0,054856 | 2,302117 |
| GSTM1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,18141 |
| GSTM2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,15655 |
| GSTM3 | NA | NA | -1,19919 | 0,478486 | -2,50622 | -0,08173 | 0,176832 | -0,46219 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,18111 |
| HOXB13 | NA | NA | NA | NA | NA | 0,780988 | 0,524959 | 1,487712 | 0,461343 | 0,122399 | 3,769173 | 0,453876 | 0,324863 | 1,39713 | 0,161713 | 0,053047 | 3,048485 |
| OTUD4 | NA | NA | NA | NA | NA | -0,54088 | -0,34009 | 0,154269 | 0,633438 | 0,243542 | 0,150174 | 0,149267 | 1,006076 | -0,08847 | 0,130112 | -0,67992 | |
| HSPA1A | NA | NA | 0,199478 | 0,304533 | 0,655029 | 0,56215 | 0,592113 | 0,949396 | NA | NA | NA | 0,187486 | 0,231047 | 0,811463 | 0,174571 | 0,117296 | 1,488295 |
| HSPA1B | NA | NA | NA | NA | NA | 0,60089 | 0,32867 | 1,828247 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,249602 | 1,934329 |
| HSPA8 | NA | NA | 0,88406 | 0,420719 | 2,101308 | 1,13504 | 0,667937 | 1,699322 | 0,647034 | 0,346081 | 1,869603 | 0,208652 | 0,225656 | 0,924646 | 0,054243 | 0,178314 | 0,304198 |
| IDH2 | NA | NA | -0,0525 | 0,232201 | -0,22611 | 0,151299 | 0,327466 | 0,46203 | NA | NA | NA | 0,265828 | 0,105592 | 2,517501 | 0,284862 | 0,089145 | 3,195498 |
| IGF1R | NA | NA | -0,62963 | 0,509985 | -1,23461 | -0,05773 | 0,176259 | -0,32753 | 0,11077 | 0,162941 | -0,67982 | -0,37931 | 0,371019 | -1,02236 | -0,13655 | 0,08362 | -1,63299 |
| IGFBP7 | NA | NA | NA | NA | NA | 0,047112 | 0,479943 | 0,098162 | NA | NA | NA | 0,163138 | 0,200674 | 0,81295 | 0,06541 | 0,10077 | 0,649097 |
| IL11 | NA | NA | NA | NA | NA | 1,19114 | 1,41017 | 0,844678 | NA | NA | NA | -0,17423 | 0,144228 | -1,20804 | -0,048 | 0,126254 | -0,38015 |
| IL17RB | NA | NA | NA | NA | NA | 0,143131 | 0,294647 | 0,485771 | -0,44343 | 0,132744 | -3,3405 | NA | NA | NA | -0,01632 | 0,122679 | -0,13305 |
| IL6ST | NA | NA | -0,08851 | 0,151324 | -0,58488 | 0,00958 | 0,287723 | 0,03329 | -0,76052 | 0,386504 | -1,96769 | -0,4336 | 0,319875 | -1,35553 | -0,41477 | 0,111102 | -3,73322 |
| IL8 | NA | NA | 0,222258 | 0,235694 | 0,942994 | 0,262285 | 0,346572 | 0,756798 | -0,12567 | 0,154036 | -0,81583 | -1,28729 | 0,493461 | -2,6087 | 0,171912 | 0,07248 | 2,371858 |
| INHBA | NA | NA | 0,095254 | 0,476446 | 0,199927 | 0,342597 | 0,27142 | 1,262739 | NA | NA | NA | -0,12767 | 0,132531 | -0,96331 | 0,133895 | 0,111083 | 1,20536 |
| IRF1 | NA | NA | 0,87337 | 0,941443 | 0,927693 | -0,39282 | 0,392589 | -1,00059 | 0,474132 | 0,503423 | 0,941816 | -0,2456 | 0,294202 | -0,8348 | -0,08017 | 0,171067 | -0,46864 |
| ITGA4 | NA | NA | NA | NA | NA | -0,91318 | 0,542311 | -1,68388 | NA | NA | NA | 0,034844 | 0,074049 | 0,470549 | -0,05101 | 0,133497 | -0,38211 |
| ITGA5 | NA | NA | 1,44044 | 0,63806 | 2,261976 | 0,97846 | 0,67341 | 1,452993 | 0,206218 | 0,263291 | 0,783232 | 0,367111 | 0,333768 | 1,099899 | 0,500604 | 0,163986 | 3,052724 |
| ITGAV | NA | NA | 1,44845 | 0,345246 | 0,429983 | 0,383127 | 0,60722 | 0,630953 | -0,23212 | 0,278464 | -0,83358 | -0,6373 | -0,21993 | 0,158945 | -1,38371 | | |
| ITGB1 | NA | NA | 1,22836 | 0,683544 | 1,797046 | -0,0587 | 1,73799 | -0,03378 | -0,13651 | 0,121624 | -1,12236 | -0,52799 | 0,346298 | -1,52468 | 0,150333 | 0,133426 | 1,126714 |
| ITGB4 | NA | NA | 0,548277 | 0,334628 | 1,638467 | 0,252015 | 0,365768 | 0,689002 | -0,12971 | 0,168517 | -0,76973 | 0,189568 | 0,163609 | 1,158665 | 0,166748 | 0,175308 | 0,951172 |
| ITGB5 | NA | NA | -0,17231 | 0,250618 | -0,68752 | 0,037961 | 0,401861 | 0,094464 | 0,682674 | 0,74847 | 0,912093 | -0,04952 | 0,16668 | -0,29707 | 0,010302 | 0,104545 | 0,098544 |
| MKI67 | NA | NA | -0,43304 | 0,708832 | -0,61092 | 0,482583 | 0,321739 | 1,499921 | NA | NA | NA | 0,128582 | 0,129422 | 0,99351 | 0,397232 | 0,176102 | 2,255693 |
| KIAA1199 | NA | NA | NA | NA | NA | -0,02195 | 0,382802 | -0,05735 | 0,081394 | 0,121221 | 0,671448 | NA | NA | NA | 0,238809 | 0,113748 | 2,099457 |
| KPNA2 | 0,301662 | 1,763569 | -0,5507 | 0,55364 | -0,99468 | 0,21269 | 0,256724 | 0,828477 | -1,6447 | 1,00101 | -1,64304 | 0,213725 | 0,196767 | 1,086183 | 0,422135 | 0,089135 | 4,735922 |
| LAMA3 | NA | NA | -0,74591 | 0,563373 | -1,32401 | -0,21092 | 0,29604 | -0,71245 | NA | NA | NA | -0,03143 | 0,133752 | -0,23497 | -0,30023 | 0,122124 | -2,45838 |
| LAMB3 | NA | NA | NA | NA | NA | 0,345497 | 0,263827 | 1,309559 | 0,03108 | 0,139904 | 0,222154 | 0,106874 | 0,139587 | 0,765644 | -0,03167 | 0,069644 | -0,45477 |
| LAPTM4B | NA | NA | NA | NA | NA | -0,04029 | 0,234986 | -0,17148 | 0,352765 | 0,40304 | 0,875261 | 0,156358 | 0,140366 | 1,113931 | 0,334588 | 0,083358 | 4,013853 |
| LMNB1 | NA | NA | 0,648703 | 0,285233 | 2,274292 | 0,621431 | 0,389912 | 1,593772 | NA | NA | NA | -0,1517 | 0,242463 | -0,62567 | 0,461325 | 0,098382 | 4,689115 |
| LRIG1 | NA | NA | NA | NA | NA | -0,00217 | 0,260339 | -0,00832 | -0,61468 | 0,216033 | -2,84532 | -0,24368 | 0,172969 | -1,40878 | -0,50209 | 0,1119 | -4,48694 |
| MTDH | NA | NA | NA | NA | NA | -0,10827 | 0,495025 | -0,21961 | 0,084824 | 0,292285 | 0,290209 | 0,039288 | 0,233351 | 0,168365 | 0,430557 | 0,145357 | 2,962066 |
| MCM2 | NA | NA | 0,875004 | 0,492588 | 1,77634 | 0,77667 | 0,376275 | 2,064102 | 0,118904 | 0,288369 | 0,412333 | 0,586577 | 0,252123 | 2,326551 | 0,504911 | 0,154078 | 3,276983 |
| MELK | NA | NA | 0,850914 | 0,313784 | 2,711783 | 0,16347 | 0,256575 | 0,637124 | NA | NA | NA | 0,216763 | 0,1352 | 1,603277 | 0,471343 | 0,103644 | 4,547711 |
| MGMT | NA | NA | NA | NA | NA | 0,151967 | 0,583459 | 0,260459 | 0,267185 | 0,295678 | 0,903635 | -0,37332 | 0,507157 | -0,73611 | -0,14716 | 0,165874 | -0,88716 |
| MMP1 | NA | NA | 0,43277 | 0,16023 | 2,70093 | -0,02427 | 0,158939 | -0,15272 | 0,180359 | 0,078781 | 2,289386 | 0,559716 | 0,331212 | 1,689903 | 0,167053 | 0,064595 | 2,586172 |
| MMP7 | NA | NA | 0,198055 | 0,143 | 1,385 | 0,106475 | 0,193338 | 0,550719 | -1,06791 | 1,30502 | -0,81831 | 0,012294 | 0,101346 | 0,121311 | NA | NA | NA |
| MYBL2 | NA | NA | 0,731162 | 0,267911 | 2,729123 | 0,098974 | 0,600361 | 0,164857 | 0,612646 | 0,509356 | 1,202785 | 0,396938 | 0,171503 | 2,314467 | 0,751827 | 0,151477 | 4,963308 |
| NAT1 | NA | NA | -0,57746 | 15,1186 | -0,0382 | -0,01397 | 0,117033 | -0,11039 | -0,05035 | 0,105736 | -0,47614 | -0,15619 | 0,139368 | -1,12073 | -0,20435 | 0,058054 | -3,52 |
| PGF | NA | NA | 0,901309 | 0,501058 | 1,798812 | 1,43389 | 1,27617 | 1,123589 | NA | NA | NA | 0,05255 | 0,14245 | 0,368898 | 0,055127 | 0,36118 | 0,152631 |
| PGR | NA | NA | NA | NA | NA | -0,33243 | 0,276025 | -1,20435 | -0,95852 | 0,593621 | -1,61469 | -0,01033 | 0,08386 | -0,12312 | -0,30421 | 0,073055 | -4,16405 |
| PRDX1 | NA | NA | NA | NA | NA | -0,41082 | 0,47383 | -0,86703 | NA | NA | NA | 0,253047 | 0,182621 | 1,38564 | 0,231612 | 0,161791 | 1,431551 |
| PTEN | NA | NA | -0,17429 | 0,629039 | -0,27708 | -0,15599 | 0,541475 | -0,28808 | -0,10814 | 0,287261 | -0,37645 | 0,113229 | 0,228164 | 0,496261 | -0,3204 | 0,149745 | -2,13962 |
| RPL41 | NA | NA | NA | NA | NA | 1,02038 | 1,83528 | 0,555981 | 0,213155 | 0,288282 | 0,739398 | 0,030854 | 0,188269 | 0,163881 | -0,08602 | 0,122667 | -0,70126 |

| (continuación) | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------|----------|---------|--------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| Símbolo oficial | EMC2-Est | EMC2-SE | EMC2-t | JRH1-Est | JRH1-SE | JRH1-t | JRH2-Est | JRH2-SE | JRH2-t | MGH-Est | MGH-SE | MGH-t | NCH-Est | NCH-SE | NCH-t | NKI-Est | NKI-SE | NKI-t |
| Tabla 13 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| RPLP0 | NA | NA | NA | 0,398754 | 0,282913 | 1,409458 | 0,246775 | 1,2163 | 0,20289 | 0,488909 | 0,174981 | 2,794069 | 0,004595 | 0,198497 | 0,023148 | 0,008104 | 0,079365 | 0,102105 |
| RRM2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,196643 | 0,748418 | NA | NA | NA | NA | 0,229458 | 0,11665 | 1,967064 | 0,434693 | 0,152104 | 2,857867 |
| RUNX1 | NA | NA | NA | -0,22834 | 0,318666 | -0,71656 | 0,302803 | 0,420043 | 0,720886 | 0,277566 | 0,267511 | 1,037587 | 0,124568 | 0,088457 | 1,408231 | -0,18878 | 0,138365 | -1,36435 |
| SI00A8 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,066629 | 0,11857 | 0,561939 | NA | NA | NA | 0,142073 | 0,080349 | 1,768194 | 0,094631 | 0,041656 | 2,271738 |
| SI00A9 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,111103 | 0,13176 | 0,843223 | NA | NA | NA | 0,090314 | 0,058415 | 1,546083 | 0,111093 | 0,045472 | 2,443086 |
| SI00B | NA | NA | NA | 0,097319 | 0,589664 | 0,165041 | -0,2365 | 0,349444 | -0,67678 | NA | NA | NA | 0,239753 | 0,145105 | 1,652272 | 0,195383 | 0,295751 | 0,660633 |
| SI00P | NA | NA | NA | 0,378047 | 0,120687 | 3,132458 | 0,302607 | 0,133752 | 2,262448 | NA | NA | NA | 0,202856 | 0,092114 | 2,202218 | 0,103276 | 0,04811 | 2,146677 |
| SEMA3F | NA | NA | NA | -0,27556 | 0,615782 | -0,4475 | 0,498631 | 0,616195 | 0,80921 | 0,107802 | 0,274191 | 0,393164 | -0,17978 | 0,185166 | -0,97092 | NA | NA | NA |
| SKIL | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,026279 | 0,587743 | 0,044712 | NA | NA | NA | 0,143484 | 0,103564 | 1,385462 | 0,124124 | 0,120741 | 1,028019 |
| SKP2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,2502 | 0,469372 | 0,533053 | 0,470759 | 0,2802 | 1,680082 | -0,71691 | 0,354699 | -2,02117 | 0,056728 | 0,128585 | 0,441174 |
| SNAIL | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,165897 | 1,09586 | 0,151385 | 0,163855 | 0,228308 | 0,717693 | -0,04601 | 0,259767 | -0,17711 | 0,057651 | 0,124454 | 0,463235 |
| SYK | NA | NA | NA | -0,26425 | 0,588491 | -0,44903 | -0,22515 | 0,492582 | -0,45707 | NA | NA | NA | -1,30716 | 0,591071 | -2,21151 | 0,178238 | 0,168423 | 1,058276 |
| TAGLN | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,042223 | 0,251268 | 0,168039 | 0,010727 | 0,098919 | 0,108442 | 0,194543 | 0,115463 | 1,684895 | 0,077881 | 0,119491 | 0,651776 |
| TFRC | NA | NA | NA | -0,91825 | 0,636275 | -1,44317 | 0,162921 | 0,352486 | 0,462206 | 0,029015 | 0,193689 | 0,149803 | 0,056174 | 0,166875 | 0,336622 | 0,157216 | 0,10845 | 1,449663 |
| TGFB3 | NA | NA | NA | -1,0219 | 0,358953 | -2,84689 | -0,39774 | 0,470041 | -0,84619 | 0,046498 | 0,2296 | 0,202518 | -0,30473 | 0,247338 | -1,23202 | -0,36531 | 0,09592 | -3,80851 |
| TNFRSF11B | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,10399 | 0,440721 | -0,23595 | -1,15976 | 0,400921 | -2,89274 | -0,2492 | 0,289075 | -0,86207 | -0,22072 | 0,10171 | -2,17005 |
| VTN | NA | NA | NA | -0,18721 | 0,475541 | -0,39367 | -2,39601 | 1,83129 | -1,30837 | NA | NA | NA | 0,048066 | 0,34143 | 0,140779 | -0,05675 | 0,116352 | -0,48774 |
| WISPI | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,437936 | 0,592058 | 0,739684 | -0,03674 | 0,212861 | -0,1726 | NA | NA | NA | -0,36317 | 0,153002 | -2,3736 |
| WNT5A | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,180255 | 0,286462 | 0,629246 | 0,06984 | 0,223411 | 0,312605 | -0,14987 | 0,146576 | -1,02248 | -0,29433 | 0,084559 | -3,48081 |
| C6orf66 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,35565 | 0,504627 | 0,704778 | 0,179742 | 0,364806 | 0,492706 | -0,53606 | 0,448343 | -1,19564 | 0,296686 | 0,199046 | 1,49054 |
| FOXO3A | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,04428 | 0,39855 | -0,1111 | 0,176454 | 0,221502 | 0,796625 | 0,059822 | 0,171485 | 0,348846 | -0,2855 | 0,194121 | -1,47074 |
| GPR30 | NA | NA | NA | 0,01829 | 0,925976 | 0,019752 | -0,298 | 0,747388 | -0,39872 | -0,03208 | 0,1214 | -0,26427 | 0,157898 | 0,174583 | 0,904429 | 0,080079 | 0,104254 | 0,768115 |
| KNTC2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,02315 | 0,289403 | -0,07999 | -0,14241 | 0,246904 | -0,57677 | 0,274706 | 0,14532 | 1,890352 | 0,432186 | 0,120356 | 3,590897 |

| Símbolo oficial Tabla 13 | STNO~ Est | STNO~ SE | STNO~t | STOCK~ Est | STOCK~ SE | STOCK~t | TRANSBIG ~Est | TRANSBIG ~SE | TRANSBIG ~t | UCSF~ Est | UCSF~ SE | UCSF~t | UPP~Est | UPP~SE | UPP~t | fe | sefe |
|--------------------------------|--------------|-------------|-----------|---------------|--------------|----------|------------------|-----------------|----------------|--------------|-------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| AAMP | 0.189376 | 0.309087 | 0.612695 | 0.836415 | 0.549695 | 1.521598 | 0.051406 | 0.111586 | 0.460681 | 0.770516 | 0.762039 | 1.011124 | 1.25423 | 0.577991 | 2.169982 | 0.146929 | 0.085151 |
| ABCC1 | NA | NA | NA | 0.640672 | 0.375725 | 1.705162 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.274551 | 0.271361 | 1.011756 | 0.281451 | 0.104466 |
| ABCC3 | 0.311364 | 0.100031 | 3.112675 | 0.166453 | 0.159249 | 1.045237 | NA | NA | NA | 0.381707 | 0.250896 | 1.521375 | 0.178451 | 0.097237 | 1.835219 | 0.172778 | 0.048133 |
| ABR | 0.095087 | 0.266216 | 0.357181 | 0.08129 | 0.196104 | 0.414525 | NA | NA | NA | -0.17319 | 0.728313 | -0.23779 | -0.16409 | 0.120793 | -1.35847 | -0.06034 | 0.067134 |
| ACTR2 | NA | NA | NA | 0.302753 | 0.39656 | 0.763448 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.21463 | 0.353554 | 0.607064 | 0.199885 | 0.117995 |
| ADAMI ₇ | NA | NA | NA | 0.437069 | 0.276977 | 1.577997 | NA | NA | NA | 0.35888 | 0.433785 | 0.827322 | 0.131246 | 0.194946 | 0.673243 | 0.129961 | 0.090699 |
| ADM | NA | NA | NA | 0.555634 | 0.242705 | 2.289339 | 0.025583 | 0.038218 | 0.669405 | NA | NA | NA | 0.361033 | 0.203349 | 1.775435 | 0.119028 | 0.030564 |
| LYPD6 | NA | NA | NA | -0.42358 | 0.145799 | -2.90525 | -0.06178 | 0.031054 | -1.98944 | NA | NA | NA | -0.1544 | 0.073668 | -2.09587 | -0.12675 | 0.026288 |
| AKT3 | NA | NA | NA | 0.12232 | 0.182253 | 0.671155 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.06832 | 0.125172 | -0.5458 | 0.05204 | 0.071861 |
| ALCAM | -0.14634 | 0.126842 | -1.15369 | -0.41301 | 0.190485 | -2.16822 | NA | NA | NA | -0.25661 | 0.251874 | -1.01879 | -0.1468 | 0.145998 | -1.01942 | -0.15502 | 0.046361 |
| APEX1 | 0.005151 | 0.257871 | 0.019976 | 0.739037 | 0.539346 | 1.370247 | NA | NA | NA | -0.96465 | 0.704753 | -1.36878 | 1.23743 | 0.466987 | 2.649817 | 0.019915 | 0.10244 |
| ARF1 | 0 | 0.107397 | 0 | 0.862387 | 0.279535 | 3.085077 | NA | NA | NA | 0.304097 | 0.58718 | 0.517894 | 0.751279 | 0.361093 | 2.080569 | 0.281544 | 0.07587 |
| AURKA | 0.38795 | 0.127032 | 3.053955 | 0.688845 | 0.210275 | 3.275924 | 0.020041 | 0.064473 | 0.310835 | -0.0146 | 0.28312 | -0.05156 | 0.427382 | 0.126638 | 3.374832 | 0.262652 | 0.041246 |
| BAD | -0.30035 | 0.250277 | -1.20006 | 0.228387 | 0.543493 | 0.420221 | NA | NA | NA | -0.43933 | 0.659711 | -0.66594 | 0.351434 | 0.360157 | 0.97578 | 0.059151 | 0.126378 |
| BAG1 | NA | NA | NA | -0.39593 | 0.380547 | -1.04043 | NA | NA | NA | 0.516764 | 0.524112 | 0.98598 | 0.380154 | 0.211079 | 1.801003 | -0.16426 | 0.087173 |
| BBC3 | NA | NA | NA | -0.26155 | 0.219839 | -1.18974 | -0.04709 | 0.086372 | -0.5452 | 0.263477 | 0.606256 | 0.434597 | -0.13039 | 0.141473 | -0.92165 | -0.14598 | 0.061462 |
| BCAR3 | NA | NA | NA | -0.49692 | 0.265837 | -1.86927 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.29435 | 0.182614 | -1.61186 | -0.28755 | 0.080198 |
| BCL2 | -0.38181 | 0.112494 | -3.39408 | -0.73699 | 0.228055 | -3.23162 | NA | NA | NA | -0.3453 | 0.410691 | -0.84078 | -0.11988 | 0.174734 | -0.68605 | -0.32009 | 0.056047 |
| BIRC5 | 0.190534 | 0.126151 | 1.510365 | 0.582957 | 0.159354 | 3.658251 | 0.007906 | 0.045316 | 0.174454 | 0.357332 | 0.286621 | 1.246706 | 0.43455 | 0.110681 | 3.926148 | 0.186649 | 0.031964 |
| BTRC | NA | NA | NA | -0.92763 | 0.307218 | -3.01944 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.0725 | 0.1807 | -0.12451 | -0.40405 | 0.100468 |
| BUB1 | 0.357653 | 0.101235 | 3.532899 | 1.09451 | 0.258044 | 4.241563 | 0.014276 | 0.040135 | 0.355694 | 0.376719 | 0.340175 | 1.107427 | 0.469009 | 0.162539 | 2.885517 | 0.154368 | 0.032048 |
| Clorf1 ₁₆ | -0.09621 | 0.085948 | -1.11936 | -0.34745 | 0.112777 | -3.08087 | NA | NA | NA | 0.013111 | 156.117 | 8.40E-05 | -0.00923 | 0.100902 | -0.09148 | -0.13 | 0.042521 |
| ClorfB ₇ | NA | NA | NA | 0.382862 | 0.185356 | 2.06555 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.385651 | 0.113625 | 3.394068 | 0.362223 | 0.092012 |
| TPX2 | NA | NA | NA | 0.800822 | 0.195737 | 4.091316 | NA | NA | NA | 0.213479 | 0.284008 | 0.751665 | 0.44053 | 0.139377 | 3.160708 | 0.480408 | 0.073094 |
| C8orf4 | NA | NA | NA | -0.36113 | 0.130038 | -2.77713 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.0037 | 0.109064 | 0.033921 | -0.18346 | 0.048256 |
| CAV1 | 0.135002 | 0.093948 | 1.436991 | -0.65852 | 0.275751 | -2.38811 | NA | NA | NA | -0.54391 | 0.428883 | -1.2682 | -0.31503 | 0.150431 | -2.09415 | -0.11726 | 0.058989 |
| CCL19 | -0.0546 | 2531.93 | -2.16E-05 | -0.15743 | 0.154207 | -1.02087 | NA | NA | NA | 0 | 0.434462 | 0 | -0.1048 | 0.106112 | -0.98765 | -0.05608 | 0.050769 |
| CCNB1 | 0.37726 | 0.156356 | 2.412827 | 0.828029 | 0.223403 | 3.706436 | NA | NA | NA | -0.35808 | 0.431863 | -0.82915 | 0.611916 | 0.142007 | 4.309055 | 0.456916 | 0.062513 |

(continuación)

| Símbolo oficial Tabla 13 | STNO~ Est | STNO~ SE | STNO~t | STOCK~ Est | STOCK~ SE | STOCK~t | TRANSBIG ~Est | TRANSBIG ~SE | TRANSBIG ~t | UCSF~ Est | UCSF~ SE | UCSF~t | UPP~Est | UPP~SE | UPP~t | fe | sefe |
|--------------------------------|--------------|-------------|----------|---------------|--------------|----------|------------------|-----------------|----------------|--------------|-------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| CDC20 | 0.059565 | 1057.7 | 5.63E-05 | 0.642601 | 0.178622 | 3.597547 | NA | NA | NA | -0.65381 | 0.404188 | -1.61759 | 0.490188 | 0.130676 | 3.751171 | 0.319134 | 0.064899 |
| CDC25A | 0.288245 | 0.213701 | 1.348824 | 0.168571 | 0.225272 | 0.7483 | NA | NA | NA | -0.31967 | 0.397525 | -0.80414 | 0.330359 | 0.191096 | 1.728759 | 0.267201 | 0.060819 |
| CDC25C | 0.420797 | 0.155926 | 2.698697 | 1.02036 | 0.337803 | 3.020577 | NA | NA | NA | -0.33774 | 0.477196 | -0.70776 | 0.827213 | 0.232669 | 3.555321 | 0.382935 | 0.077595 |
| CDH11 | -0.05652 | 0.1231 | -0.45913 | -0.21142 | 0.211537 | -0.99942 | NA | NA | NA | -0.20567 | 0.246195 | -0.83541 | -0.22621 | 0.164541 | -1.37482 | -0.11417 | 0.053045 |
| CDK4 | 0.279447 | 0.142472 | 1.961417 | 1.40458 | 0.463254 | 3.031987 | NA | NA | NA | -0.37577 | 0.674081 | -0.55746 | 0.814832 | 0.297251 | 2.741225 | 0.362555 | 0.069562 |
| SCUBE2 | -0.21559 | 0.074112 | -2.90896 | -0.24679 | 0.122745 | -2.01059 | 0.016505 | 0.023486 | 0.702739 | NA | NA | NA | -0.14287 | 0.077009 | -1.8552 | -0.05439 | 0.018349 |
| CENPA | NA | NA | NA | 0.724539 | 0.195614 | 3.703922 | 0.002888 | 0.04791 | 0.060269 | 0.679912 | 0.275146 | 2.471095 | 0.536476 | 0.157029 | 3.416414 | 0.185486 | 0.037867 |
| CHAF1 B | 0.259119 | 0.162074 | 1.59877 | 0.281358 | 0.148493 | 1.894756 | NA | NA | NA | -0.03447 | 0.552745 | -0.09773 | 0.209129 | 0.093425 | 2.238469 | 0.300765 | 0.05807 |
| CLDN4 | 0.40922 | 0.128817 | 3.176755 | 1.20235 | 0.33711 | 3.56664 | 0.03236 | 0.053171 | 0.608591 | 0 | 1.8541 | 0 | 0.08503 | 0.258939 | 0.328378 | 0.125868 | 0.045235 |
| CLIC1 | 0.238723 | 0.209629 | 1.138788 | 2.00024 | 0.600443 | 3.331274 | -0.26608 | 0.160756 | -1.65519 | 0.377361 | 0.552842 | 0.682584 | 0.999191 | 0.414232 | 2.412153 | 0.222753 | 0.088912 |
| COL1A1 | 0.127256 | 0.081743 | 1.556791 | 0.05098 | 0.156488 | 0.325773 | 0.087944 | 0.034256 | 2.567237 | NA | NA | NA | -0.05544 | 0.13355 | -0.41509 | 0.083989 | 0.029343 |
| COL1A2 | -0.01925 | 0.078156 | -0.24625 | -0.17504 | 0.228915 | -0.76466 | NA | NA | NA | -0.1405 | 0.184661 | -0.76085 | -0.15924 | 0.220113 | -0.72346 | -0.00069 | 0.041375 |
| COMT | NA | NA | NA | 0.643165 | 0.360056 | 1.786292 | NA | NA | NA | 0.356582 | 0.628139 | 0.56768 | 0.404183 | 0.257299 | 1.570869 | 0.212925 | 0.092124 |
| CRYZ | -0.38719 | 0.143353 | -2.70092 | 0.122949 | 0.340718 | 0.360853 | NA | NA | NA | -0.52792 | 0.412283 | -1.28048 | -0.37265 | 0.225119 | -1.65534 | -0.33167 | 0.071579 |
| CSF1 | NA | NA | NA | -0.11449 | 0.197258 | -0.58042 | -0.09782 | 0.196881 | -0.49684 | NA | NA | NA | 0.120517 | 0.148659 | 0.810694 | -0.0334 | 0.090261 |
| CTHRC 1 | NA | NA | NA | 0.263783 | 0.247606 | 1.065334 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.14789 | 0.176843 | -0.85626 | -0.00169 | 0.069075 |
| CXCL12 | 0.066487 | 0.189775 | 0.350348 | -0.65036 | 0.168426 | -3.86137 | NA | NA | NA | -0.05795 | 0.270065 | -0.21456 | -0.35344 | 0.150278 | -2.35189 | -0.28998 | 0.062826 |
| CXCL14 | -0.20969 | 0.073458 | -2.8546 | -0.14079 | 0.096118 | -1.46476 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.1861 | 0.08384 | -2.21976 | -0.14219 | 0.032611 |
| CYR61 | NA | NA | NA | -0.38308 | 0.231645 | -1.65372 | NA | NA | NA | -0.2327 | 0.263371 | -0.84773 | -0.41188 | 0.174362 | -2.36221 | -0.04446 | 0.059831 |
| DICER1 | NA | NA | NA | -1.06544 | 0.322204 | -3.30672 | NA | NA | NA | 0 | 0.311799 | 0 | 0.208326 | 0.307144 | 0.678268 | -0.19602 | 0.085879 |
| DLC1 | 0.519601 | 0.221066 | 2.350434 | -0.66099 | 0.298518 | -2.21425 | NA | NA | NA | -0.31503 | 0.345828 | -0.91094 | -0.404 | 0.200673 | -2.01324 | -0.19876 | 0.076441 |
| TNFRSF 10B | -0.03773 | 0.174479 | -0.21623 | -0.03558 | 0.198203 | -0.1795 | NA | NA | NA | 0.932141 | 0.524911 | 1.773808 | 0.127348 | 0.157658 | 0.807748 | 0.02034 | 0.072745 |
| DUSP1 | 0.095682 | 0.223995 | 0.42716 | -0.14883 | 0.12682 | -1.17351 | NA | NA | NA | 0.080053 | 0.779738 | 0.010327 | -0.41475 | 0.153012 | -2.71055 | -0.11225 | 0.054628 |
| E2F1 | 0.171825 | 0.110793 | 1.550865 | 0.699408 | 0.207377 | 3.37264 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.570954 | 0.172882 | 3.302565 | 0.433836 | 0.067966 |
| EEF1A2 | NA | NA | NA | -0.01256 | 0.130353 | -0.09633 | NA | NA | NA | 0.433528 | 0.267338 | 1.621648 | -0.04242 | 0.091692 | -0.46259 | 0.068177 | 0.041066 |
| ELF3 | 0.406692 | 0.148275 | 2.742822 | 0.233332 | 0.357735 | 0.652248 | NA | NA | NA | 0.841389 | 0.55748 | 1.509272 | 0.096421 | 0.256911 | 0.375307 | 0.196003 | 0.066053 |
| ENO1 | NA | NA | NA | 0.428884 | 0.194952 | 2.199947 | NA | NA | NA | 0.899319 | 0.369574 | 2.433394 | 0.288434 | 0.179833 | 1.603899 | 0.233559 | 0.058687 |
| EPHB2 | NA | NA | NA | 0.192999 | 0.451341 | 0.427612 | NA | NA | NA | 0.355634 | 0.604801 | 0.588018 | 0.211632 | 0.199057 | 1.063173 | 0.284709 | 0.094113 |

(continuación)

| Simbolo oficial Tabla 13 | STNO~ Est | STNO~ SE | STNO~t | STOCK~ Est | STOCK~ SE | STOCK~t | TRANSBIG ~Est | TRANSBIG ~SE | TRANSBIG ~t | UCSF~ Est | UCSF~ SE | UCSF~t | UPP~Est | UPP~SE | UPP~t | fe | sefe |
|--------------------------------|--------------|-------------|----------|---------------|--------------|----------|------------------|-----------------|----------------|--------------|-------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| ERBB2 | 0.268938 | 0.074504 | 3.609693 | 0.092164 | 0.188964 | 0.487734 | NA | NA | NA | 0.301674 | 0.170749 | 1.766769 | 0.349689 | 0.107646 | 3.248509 | 0.181046 | 0.034939 |
| ERBB4 | -0.10396 | 0.068988 | -1.50697 | -0.73759 | 0.209821 | -3.51532 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.1859 | 0.117619 | -1.58055 | -0.16266 | 0.037384 |
| ESRRG | NA | NA | NA | -0.32843 | 0.127583 | -2.57425 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.04663 | 0.091723 | -0.50839 | -0.0602 | 0.044609 |
| ESR1 | -0.14983 | 0.057346 | -2.61275 | -0.2159 | 0.120078 | -1.798 | -0.0019 | 0.019747 | -0.0963 | -0.30054 | 0.138369 | -2.17201 | -0.05086 | 0.082082 | -0.6196 | -0.04576 | 0.015905 |
| EZH2 | 0.293772 | 0.156133 | 1.88155 | 0.79436 | 0.243012 | 3.26881 | -0.03007 | 0.04916 | -0.61166 | 0.123884 | 0.404373 | 0.306361 | 0.615257 | 0.15425 | 3.958546 | 0.134411 | 0.0393 |
| F3 | NA | NA | NA | -0.3284 | 0.132658 | -2.47552 | NA | NA | NA | -0.08026 | 0.491948 | -0.16315 | -0.20405 | 0.109227 | -1.86809 | -0.22911 | 0.055029 |
| FGFR4 | 0.201581 | 0.15216 | 1.324796 | -0.06118 | 0.174787 | -0.35001 | NA | NA | NA | 0.149034 | 0.333338 | 0.447096 | 0.204299 | 0.102078 | 2.001401 | 0.075374 | 0.053791 |
| FHIT | -0.16819 | 0.17858 | -0.94184 | -0.27141 | 0.367689 | -0.73815 | NA | NA | NA | 0.225378 | 0.678656 | 0.332095 | 0.053025 | 0.245338 | 0.216132 | -0.11401 | 0.082797 |
| FN1 | 0.049279 | 0.11577 | 0.425659 | 0.185381 | 0.202933 | 0.913508 | NA | NA | NA | 0.13258 | 0.244458 | 0.542343 | -0.15952 | 0.26761 | -0.59607 | 0.070337 | 0.045477 |
| FOXA1 | NA | NA | NA | -0.18849 | 0.161048 | -1.17039 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.139273 | 0.160139 | 0.869701 | -0.07105 | 0.037194 |
| FUS | NA | NA | NA | 0.368833 | 0.437273 | 0.843485 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.15247 | 0.345172 | -0.44173 | 0.063142 | 0.111165 |
| GADD4 5A | 0.390085 | 0.342821 | 1.137868 | -0.24644 | 0.303688 | -0.81148 | NA | NA | NA | 0.153778 | 0.296649 | 0.518384 | -0.4297 | 0.20668 | -2.07904 | -0.18353 | 0.077839 |
| GAPDH | NA | NA | NA | 0.907441 | 0.296513 | 3.060375 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.493907 | 0.232859 | 2.121056 | 0.303991 | 0.05522 |
| GATA3 | -0.20281 | 0.068842 | -2.94607 | -0.25592 | 0.122639 | -2.08677 | NA | NA | NA | -0.208 | 0.135112 | -1.50836 | 0.052882 | 0.108852 | 0.485817 | -0.12484 | 0.03218 |
| GBP2 | 0.104968 | 0.124764 | 0.841332 | -0.17667 | 0.338601 | -0.52176 | NA | NA | NA | 0.161775 | 0.235299 | 0.687529 | 0.215873 | 0.198252 | 1.088882 | 0.030811 | 0.064103 |
| GDF15 | -0.02683 | 0.097032 | -0.27646 | 0.251857 | 0.169158 | 1.488886 | NA | NA | NA | 0.462744 | 0.465751 | 0.993544 | 0.139286 | 0.128201 | 1.086466 | 0.095577 | 0.04245 |
| GRB7 | 0.28938 | 0.08099 | 3.573025 | 0.464983 | 0.21274 | 2.185687 | NA | NA | NA | 0.492397 | 0.361768 | 1.361085 | 0.39613 | 0.142688 | 2.776197 | 0.203411 | 0.041043 |
| GSTM1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.18141 | 0.14912 |
| GSTM2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.12675 | 0.336406 | -0.37676 | NA | NA | NA | -0.15328 | 0.111442 |
| GSTM3 | -0.38478 | 0.15382 | -2.50148 | -0.43469 | 0.17404 | -2.49766 | 0.035771 | 0.038412 | 0.931246 | 0.11963 | 0.323329 | 0.369995 | -0.05308 | 0.123135 | -0.43107 | -0.06296 | 0.030752 |
| HOXB1 3 | NA | NA | NA | 0.193 | 0.369898 | 0.521765 | NA | NA | NA | 0.540678 | 0.49567 | 1.090802 | 0.342881 | 0.212428 | 1.614105 | 0.227421 | 0.046188 |
| OTUD4 | 0.372577 | 0.253393 | 1.470352 | -0.19372 | 0.251083 | -0.77155 | NA | NA | NA | -0.97971 | 0.713147 | -1.37378 | 0.231981 | 0.294286 | 0.788284 | 0.034041 | 0.081167 |
| HSPA1A | NA | NA | NA | 0.765501 | 0.440826 | 1.736515 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.722677 | 0.40563 | 1.781616 | 0.243271 | 0.092738 |
| HSPA1B | 0.033372 | 0.19398 | 0.172039 | 0.069621 | 0.248436 | 0.280237 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.187302 | 0.176407 | 1.061761 | 0.198207 | 0.083268 |
| HSPA8 | 0.22166 | 0.199205 | 1.112723 | 0.32649 | 0.265007 | 1.232005 | NA | NA | NA | -0.30224 | 0.477926 | -0.63239 | 0.126525 | 0.166299 | 0.760828 | 0.218804 | 0.082393 |
| IDH2 | 0.127942 | 0.255302 | 0.50114 | 0.574289 | 0.193387 | 2.969636 | NA | NA | NA | -0.009 | 0.554612 | -0.01623 | 0.659908 | 0.186426 | 3.539785 | 0.303626 | 0.056121 |
| IGF1R | -0.16723 | 0.112062 | -1.49233 | -0.35887 | 0.141569 | -2.53498 | NA | NA | NA | 0.277384 | 0.391147 | 0.709155 | -0.04996 | 0.122321 | -0.40843 | -0.14872 | 0.0484 |
| IGFBP7 | 0.121056 | 0.164973 | 0.733793 | -0.55896 | 0.34775 | -1.60736 | NA | NA | NA | -0.50275 | 0.332753 | -1.51087 | -0.16594 | 0.185086 | -0.89655 | 0.005398 | 0.068861 |
| IL11 | NA | NA | NA | 0.086327 | 0.225669 | 0.38254 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.000507 | 0.151608 | 0.003346 | -0.05199 | 0.075711 |

(continuación)

| Símbolo oficial Tabla 13 | STNO- Est | STNO- SE | STNO-t | STOCK- Est | STOCK- SE | STOCK-t | TRANSBIG -Est | TRANSBIG -SE | TRANSBIG -t | UCSF- Est | UCSF- SE | UCSF-t | UPP-Est | UPP-SE | UPP-t | fe | sefe |
|--------------------------------|--------------|-------------|----------|---------------|--------------|----------|------------------|-----------------|----------------|--------------|-------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| IL17RB | NA | NA | NA | -0.01403 | 0.212781 | -0.06594 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.1861 | 0.139748 | -1.33168 | -0.16557 | 0.069337 |
| IL6ST | NA | NA | NA | -0.65682 | 0.195937 | -3.35217 | NA | NA | NA | -0.11749 | 0.19789 | -0.5937 | -0.26213 | 0.150485 | -1.74192 | -0.31568 | 0.063376 |
| IL8 | 0.548269 | 0.238841 | 2.29554 | 0.382317 | 0.203112 | 1.882296 | NA | NA | NA | -0.3673 | 0.460322 | -0.79791 | 0.076262 | 0.135635 | 0.562257 | 0.136391 | 0.05243 |
| INHBA | -0.12998 | 0.113709 | -1.14313 | 0.249729 | 0.184419 | 1.554139 | NA | NA | NA | 0.094476 | 0.304634 | 0.311152 | 0.036575 | 0.162207 | 0.225485 | 0.026824 | 0.056655 |
| IRF1 | 0.307333 | 0.166134 | 1.84991 | 0.248132 | 0.447433 | 0.554568 | NA | NA | NA | 0.380822 | 0.370842 | 1.026912 | -0.01044 | 0.283877 | -0.03676 | 0.082446 | 0.091982 |
| ITGA4 | 0.02688 | 2341.09 | 1.15E-05 | 0.198854 | 0.302824 | 0.656665 | NA | NA | NA | -0.54938 | 0.583992 | -0.94073 | -0.01192 | 0.18086 | -0.0659 | 0.002027 | 0.059101 |
| ITGA5 | NA | NA | NA | 0.025981 | 0.423908 | 0.061288 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.406364 | 0.36399 | 1.116415 | 0.431369 | 0.112958 |
| ITGAV | 0 | 0.216251 | 0 | -0.403 | 0.45413 | -0.88742 | NA | NA | NA | -0.59197 | 0.499066 | -1.18615 | -0.24399 | 0.30418 | -0.80213 | -0.15415 | 0.089488 |
| ITGB1 | 0.131284 | 0.165432 | 0.793583 | 0.195878 | 0.3192 | 0.613653 | NA | NA | NA | 0.430257 | 0.540622 | 0.795856 | -0.18009 | 0.530248 | -0.33962 | 0.026471 | 0.072949 |
| ITGB4 | 0.100533 | 0.106548 | 0.943547 | 0.035914 | 0.241068 | 0.14898 | NA | NA | NA | 0.754519 | 0.285307 | 2.644586 | 0.075057 | 0.181963 | 0.412483 | 0.132678 | 0.060938 |
| ITGB5 | -0.19722 | 0.165947 | -1.18843 | -0.29946 | 0.281956 | -1.06207 | NA | NA | NA | -0.19391 | 0.378906 | -0.51177 | -0.21379 | 0.157719 | -1.35549 | -0.09296 | 0.063571 |
| MKI67 | -0.07823 | 0.088982 | -0.87915 | 0.96424 | 0.257398 | 3.746105 | NA | NA | NA | -0.19193 | 0.462712 | -0.4148 | 0.597931 | 0.152281 | 3.926498 | 0.183915 | 0.058442 |
| KIAA1199 | NA | NA | NA | 0.293164 | 0.194272 | 1.509039 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.070065 | 0.141965 | 0.493538 | 0.153718 | 0.066186 |
| KPNA2 | 0.328818 | 0.112579 | 2.920776 | 0.857218 | 0.267225 | 3.207851 | NA | NA | NA | 0.32028 | 0.315031 | 1.016662 | 0.615022 | 0.206117 | 2.983849 | 0.374909 | 0.054897 |
| LAMA3 | -0.28334 | 0.120229 | -2.3567 | -0.42291 | 0.12869 | -3.28625 | NA | NA | NA | -0.14266 | 0.366741 | -0.38899 | -0.27285 | 0.091038 | -2.99711 | -0.26764 | 0.050305 |
| LAMB3 | NA | NA | NA | -0.15767 | 0.230936 | -0.68274 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.1353 | 0.168256 | -0.8041 | -0.00591 | 0.051501 |
| LAPTM4B | 0.405684 | 0.113287 | 3.581029 | 0.28652 | 0.19422 | 1.475234 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0.095487 | 0.136338 | 0.700367 | 0.270104 | 0.051492 |
| LMNB1 | NA | NA | NA | 0.755925 | 0.25541 | 2.959653 | NA | NA | NA | 0.121429 | 0.384263 | 0.316005 | 0.805734 | 0.199208 | 4.044687 | 0.481816 | 0.073226 |
| LRG1 | -0.31422 | 0.128149 | -2.45197 | -0.95351 | 0.258142 | -3.69375 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0.05954 | 0.178366 | -0.33383 | -0.37679 | 0.062403 |
| MTDH | 0.242242 | 0.285145 | 0.84954 | 0.472647 | 0.340076 | 1.389828 | 0.052038 | 0.077589 | 0.670683 | NA | NA | NA | 0.45556 | 0.239663 | 1.900836 | 0.158361 | 0.059133 |
| MCM2 | 0.008185 | 0.084857 | 0.096455 | 0.732134 | 0.216462 | 3.382275 | NA | NA | NA | 0.138969 | 0.340074 | 0.408643 | 0.602555 | 0.182898 | 3.294487 | 0.275153 | 0.05978 |
| MELK | NA | NA | NA | 0.749617 | 0.195032 | 3.843559 | 0.022669 | 0.036962 | 0.613293 | NA | NA | NA | 0.46629 | 0.128065 | 3.641042 | 0.132605 | 0.031744 |
| MGMT | NA | NA | NA | 0.377527 | 0.48364 | 0.780595 | NA | NA | NA | 0.368174 | 0.453282 | 0.812241 | 0.725329 | 0.346508 | 2.093253 | 0.085317 | 0.117786 |
| MMP1 | 0.083945 | 0.055744 | 1.505895 | 0.28871 | 0.081435 | 3.545299 | NA | NA | NA | 0.150509 | 0.3411 | 0.450477 | 0.11015 | 0.051829 | 2.12525 | 0.151235 | 0.027295 |
| MMP7 | 0.102783 | 0.072986 | 1.408258 | -0.00343 | 0.153901 | -0.0223 | NA | NA | NA | 0.166646 | 0.143301 | 1.162909 | 0.059637 | 0.10332 | 0.57721 | 0.08418 | 0.042799 |
| MYBL2 | 0.399355 | 0.118084 | 3.381957 | 0.579872 | 0.192026 | 3.019758 | NA | NA | NA | 0.050169 | 0.282699 | 0.106717 | 0.445705 | 0.102011 | 4.369186 | 0.479924 | 0.057205 |
| NAT1 | -0.14333 | 0.060602 | -2.36509 | -0.26529 | 0.117131 | -2.26487 | NA | NA | NA | -0.1696 | 0.138069 | -1.22836 | -0.05668 | 0.076583 | -0.7401 | -0.14009 | 0.030446 |
| PGF | -0.17016 | 0.153912 | -1.10557 | -0.08334 | 0.183966 | -0.45304 | 0.095422 | 0.145828 | 0.654349 | -1.00442 | 0.630097 | -1.59407 | 0.038005 | 0.124883 | 0.304328 | 0.009034 | 0.063633 |
| PGR | NA | NA | NA | -0.18022 | 0.108941 | -1.65427 | NA | NA | NA | 0.451216 | 0.527475 | 0.855426 | -0.01652 | 0.065638 | -0.25164 | -0.12464 | 0.038764 |

(continuación)

| Símbolo oficial Tabla 13 | STNO- Est | STNO- SE | STNO-t | STOCK- Est | STOCK- SE | STOCK-t | TRANSBIG -Est | TRANSBIG -SE | TRANSBIG -t | UCSF- Est | UCSF- SE | UCSF-t | UPP- Est | UPP- SE | UPP-t | fe | sefe |
|--------------------------------|--------------|-------------|----------|---------------|--------------|----------|------------------|-----------------|----------------|--------------|-------------|----------|-------------|------------|----------|-----------|----------|
| PRDX1 | NA | NA | NA | 1,5253 | 0,420489 | 3,62799 | NA | NA | NA | 0,358079 | 0,32938 | 1,08713 | 0,706059 | 0,303105 | 2,32942 | 0,347764 | 0,10081 |
| PTEN | 0 | 226,764 | 0 | -0,26976 | 0,225651 | -1,19546 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,110294 | 0,254356 | 0,433621 | -0,15381 | 0,092467 |
| RPL41 | NA | NA | NA | -0,40807 | 0,786496 | -0,51884 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,24408 | 0,604521 | 0,403758 | -0,01769 | 0,094765 |
| RPLP0 | NA | NA | NA | 0,018324 | 0,458438 | 0,039971 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,964584 | 0,554848 | 1,738465 | 0,108162 | 0,064823 |
| RRM2 | 0,305217 | 0,104337 | 2,9253 | 0,926244 | 0,22125 | 4,186414 | 0,038487 | 0,042471 | 0,906208 | -0,03281 | 0,279791 | -0,11727 | 0,674794 | 0,149386 | 4,517117 | 0,159696 | 0,03419 |
| RUNX1 | -0,17832 | 0,165636 | -1,07657 | -0,39722 | 0,244634 | -1,62372 | NA | NA | NA | -0,58909 | 0,385997 | -1,52616 | -0,2142 | 0,105479 | -2,03071 | -0,07498 | 0,052758 |
| S100A8 | 0,093477 | 0,04547 | 2,055818 | 0,164366 | 0,096581 | 1,701846 | NA | NA | NA | 0,123771 | 0,178963 | 0,691601 | 0,125784 | 0,065874 | 1,909478 | 0,106936 | 0,024582 |
| S100A9 | NA | NA | NA | 0,15514 | 0,10905 | 1,42265 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,135096 | 0,074987 | 1,801592 | 0,1112811 | 0,030203 |
| S100B | 0,136825 | 0,163838 | 0,835124 | -0,11862 | 0,158461 | -0,74859 | -0,01591 | 0,034049 | -0,46712 | -0,05362 | 0,218098 | -0,24584 | -0,13315 | 0,115177 | -1,15608 | -0,01134 | 0,030069 |
| S100P | 0,19922 | 0,078236 | 2,546395 | 0,201435 | 0,097583 | 2,064251 | NA | NA | NA | 0,416003 | 0,200351 | 2,076371 | 0,174292 | 0,063687 | 2,736705 | 0,179884 | 0,028697 |
| SEMA3 F | 0,023257 | 0,162267 | 0,143327 | 0,472655 | 0,292764 | 1,614457 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,545294 | 0,227357 | 2,398404 | 0,117569 | 0,092557 |
| SKIL | NA | NA | NA | 0,015831 | 0,262101 | 0,060402 | NA | NA | NA | 0,141704 | 0,348326 | 0,406814 | 0,179419 | 0,152532 | 1,176271 | 0,134826 | 0,065866 |
| SKP2 | NA | NA | NA | 0,312141 | 0,339582 | 0,919192 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,482145 | 0,194873 | 2,47415 | 0,167902 | 0,091018 |
| SNAI1 | NA | NA | NA | 0,152799 | 0,210056 | 0,72742 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,329059 | 0,159704 | 2,060431 | 0,140674 | 0,078745 |
| SYK | 0,21812 | 0,150626 | 1,44809 | -0,06882 | 0,155403 | -0,44285 | NA | NA | NA | 0,159029 | 0,431388 | 0,368645 | 0,066162 | 0,136668 | 0,484107 | 0,063381 | 0,072639 |
| TAGLN | -0,00434 | 0,108525 | -0,04003 | -0,2578 | 0,197826 | -1,30316 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,06802 | 0,191196 | -0,35574 | 0,032416 | 0,049944 |
| TFR3 | 0,406546 | 0,131339 | 3,095394 | 0,178145 | 0,153331 | 1,161833 | -0,03263 | 0,051129 | -0,63826 | -0,22576 | 0,249301 | -0,90558 | 0,545839 | 0,208978 | 2,611945 | 0,062825 | 0,038345 |
| TGF3 | -0,07166 | 0,134442 | -0,52298 | -1,08462 | 0,322799 | -3,36005 | 0,013681 | 0,046103 | 0,296755 | -0,25719 | 0,253264 | -1,01551 | -0,49773 | 0,225603 | -2,20621 | -0,10353 | 0,03709 |
| TNFRSF 11B | 0 | 0,08306 | 0 | -0,10987 | 0,128194 | -0,85708 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,03866 | 0,087545 | -0,44163 | -0,09599 | 0,046815 |
| VTN | -0,01674 | 0,109545 | -0,15278 | 0,100648 | 0,186529 | 0,539584 | 0,226938 | 0,091337 | 2,484623 | -0,22804 | 0,193542 | -1,17822 | 0,167418 | 0,152274 | 1,099452 | 0,063022 | 0,050706 |
| WISP1 | 0,03435 | 0,194412 | 0,176685 | 0,236658 | 0,340736 | 0,694549 | -0,00282 | 0,068308 | -0,04121 | NA | NA | NA | -0,29716 | 0,212939 | -1,39552 | -0,05687 | 0,054306 |
| WNT5A | 0,121343 | 0,108022 | 1,123317 | -0,01524 | 0,172902 | -0,08815 | NA | NA | NA | -0,96994 | 0,719267 | -1,34851 | -0,23507 | 0,152819 | -1,5382 | -0,12181 | 0,051129 |
| C6orf66 | NA | NA | NA | 0,530409 | 0,355488 | 1,492059 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,04983 | 0,251179 | -0,19837 | 0,167784 | 0,123636 |
| FOXO3 A | NA | NA | NA | 0,087341 | 0,128833 | 0,67794 | NA | NA | NA | -0,03591 | 0,49687 | -0,07227 | -0,00291 | 0,074227 | -0,03914 | 0,007101 | 0,054798 |
| GPR30 | NA | NA | NA | -0,36866 | 0,173755 | -2,12169 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | -0,07779 | 0,125956 | -0,61763 | -0,02487 | 0,058543 |
| KNTC2 | NA | NA | NA | 0,442783 | 0,170315 | 2,599789 | -0,00276 | 0,041235 | -0,06696 | -0,02041 | 0,366566 | -0,05568 | 0,347484 | 0,117596 | 2,954896 | 0,093083 | 0,034359 |

Tabla 14: Validación de genes del grupo de receptores de transferrina genes en los conjuntos de datos del SIB.

| Conjunto de datos de estudio | Genes | | | | | | |
|------------------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| | TFRC | ENO1 | IDH2 | ARF1 | CLDN4 | PRDX1 | GBP1 |
| EMC2-Est | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| EMC2-SE | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| EMC2-t | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| JRHI-Est | -0,91825 | NA | -0,0525 | 0,839013 | -0,54144 | NA | 0,137268 |
| JRHI-SE | 0,636275 | NA | 0,232201 | 0,346692 | 0,470758 | NA | 0,159849 |
| JRHI-t | -1,44317 | NA | -0,22611 | 2,420053 | -1,15014 | NA | 0,858735 |
| JRH2-Est | 0,162921 | 0,179739 | 0,151299 | 0,369609 | 0,33033 | -0,41082 | -0,07418 |
| JRH2-SE | 0,352486 | 0,312848 | 0,327466 | 0,40789 | 0,351865 | 0,47383 | 0,198642 |
| JRH2-t | 0,462206 | 0,574525 | 0,46203 | 0,906149 | 0,938798 | -0,86703 | -0,37345 |
| MGH-Est | 0,029015 | NA | NA | 2,03958 | 0,185116 | NA | 0,15434 |
| MGH-SE | 0,193689 | NA | NA | 0,804729 | 0,314723 | NA | 0,188083 |
| MGH-t | 0,149803 | NA | NA | 2,534493 | 0,588187 | NA | 0,820595 |
| NCH-Est | 0,056174 | -0,01727 | 0,265828 | -0,15337 | -0,23129 | 0,253047 | 0,095457 |
| NCH-SE | 0,166875 | 0,097939 | 0,105592 | 0,204529 | 0,426627 | 0,182621 | 0,1323 |
| NCH-t | 0,336622 | -0,17629 | 2,517501 | -0,74984 | -0,54213 | 1,38564 | 0,721522 |
| NKI-Est | 0,157216 | 0,3682 | 0,284862 | 0,944168 | 0,564756 | 0,231612 | 0,13712 |
| NKI-SE | 0,10845 | 0,094778 | 0,089145 | 0,204641 | 0,210595 | 0,161791 | 0,075391 |
| NKI-t | 1,449663 | 3,884888 | 3,195498 | 4,613777 | 2,681716 | 1,431551 | 1,818777 |
| STNO-Est | 0,406546 | NA | 0,127942 | 0 | 0,40922 | NA | 0,298139 |
| STNO-SE | 0,131339 | NA | 0,255302 | 0,107397 | 0,128817 | NA | 0,113901 |
| STNO-t | 3,095394 | NA | 0,50114 | 0 | 3,176755 | NA | 2,617528 |
| STOCK-Est | 0,178145 | 0,428884 | 0,574289 | 0,862387 | 1,20235 | 1,52553 | 0,068821 |
| STOCK-SE | 0,153331 | 0,194952 | 0,193387 | 0,279535 | 0,33711 | 0,420489 | 0,183692 |
| STOCK-t | 1,161833 | 2,199947 | 2,969636 | 3,085077 | 3,56664 | 3,62799 | 0,374652 |
| TRANSBIG-Est | -0,03263 | NA | NA | NA | 0,03236 | NA | NA |
| TRANSBIG-SE | 0,051129 | NA | NA | NA | 0,053171 | NA | NA |
| TRANSBIG-t | -0,63826 | NA | NA | NA | 0,608591 | NA | NA |
| UCSF-Est | -0,22576 | 0,899319 | -0,009 | 0,304097 | 0 | 0,358079 | -0,43879 |
| UCSF-SE | 0,249301 | 0,369574 | 0,554612 | 0,58718 | 1,8541 | 0,32938 | 0,874728 |
| UCSF-t | -0,90558 | 2,433394 | -0,01623 | 0,517894 | 0 | 1,08713 | -0,50163 |
| UPP-Est | 0,545839 | 0,288434 | 0,659908 | 0,751279 | 0,08503 | 0,706059 | 0,119778 |
| UPP-SE | 0,208978 | 0,179833 | 0,186426 | 0,361093 | 0,258939 | 0,303105 | 0,117879 |
| UPP-t | 2,611945 | 1,603899 | 3,539785 | 2,080569 | 0,328378 | 2,32942 | 1,01611 |
| Fe | 0,062825 | 0,233559 | 0,303626 | 0,281544 | 0,125868 | 0,347764 | 0,139381 |
| Sefe | 0,038345 | 0,058687 | 0,056121 | 0,07587 | 0,045235 | 0,10081 | 0,044464 |

Tabla 15: Validación de genes del grupo stromal en los conjuntos de datos del SIB.

| Gen | CXCL14 | TNFRSF11B | CXCL12 | C10orf16 | RUNX1 | GSTM2 | TGFB3 | BCAR3 | CAV1 | DLC1 | TNFRSF10B | F3 | DICER1 |
|--------------|----------|-----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|-----------|----------|----------|
| EMC2~Est | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| EMC2~SE | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| EMC2~t | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| JRH1~Est | -0,23692 | NA | -0,36476 | -0,1418 | -0,22834 | NA | -1,0219 | NA | -0,20701 | 0,13581 | -0,09001 | 0,719395 | NA |
| JRH1~SE | 0,333761 | NA | 0,372499 | 0,261554 | 0,318666 | NA | 0,358953 | NA | 0,254401 | 0,37927 | 0,619057 | 0,524742 | NA |
| JRH1~t | -0,70985 | NA | -0,97921 | -0,54216 | -0,71656 | NA | -2,84689 | NA | -0,81372 | 0,358083 | -0,1454 | 1,37095 | NA |
| JRH2~Est | 0,361375 | -0,10399 | -0,4566 | 0,036378 | 0,302803 | NA | -0,39774 | -0,29238 | -0,19588 | -0,4102 | 0,80742 | -0,21237 | -0,33943 |
| JRH2~SE | 0,159544 | 0,440721 | 0,219587 | 0,182183 | 0,420043 | NA | 0,470041 | 0,522706 | 0,289251 | 0,387258 | 0,544479 | 0,363632 | 0,39364 |
| JRH2~t | 2,265049 | -0,23595 | -2,07935 | 0,19968 | 0,720886 | NA | -0,84619 | -0,55935 | -0,67721 | -1,05923 | 1,482922 | -0,58402 | -0,8623 |
| MGH~Est | NA | -1,15976 | NA | NA | 0,277566 | NA | 0,046498 | -0,41595 | -0,06896 | -0,09793 | 0,159018 | -0,00167 | 0,038811 |
| MGH~SE | NA | 0,400921 | NA | NA | 0,267511 | NA | 0,2296 | 0,216837 | 0,2269 | 0,247069 | 0,456205 | 0,448211 | 0,409835 |
| MGH~t | NA | -2,89274 | NA | NA | 1,037587 | NA | 0,202518 | -1,91825 | -0,30391 | -0,39638 | 0,348567 | -0,00372 | 0,0947 |
| NCH~Est | -0,06592 | -0,2492 | -0,08863 | 0,064337 | 0,124568 | NA | -0,30473 | 0,072246 | 0,078825 | -0,03473 | -0,19927 | -0,13187 | 0,086141 |
| NCH~SE | 0,093353 | 0,289075 | 0,138097 | 0,14087 | 0,088457 | NA | 0,247338 | 0,304443 | 0,340843 | 0,238947 | 0,160381 | 0,134218 | 0,143687 |
| NCH~t | -0,70609 | -0,86207 | -0,64183 | 0,456713 | 1,408231 | NA | -1,23202 | 0,237306 | 0,231265 | -0,14533 | -1,24248 | -0,98248 | 0,599504 |
| NKI~Est | -0,16877 | -0,22072 | -0,36944 | -0,22589 | -0,18878 | -0,15655 | -0,36531 | -0,26067 | -0,30885 | -0,35001 | 0,053214 | -0,29217 | -0,46887 |
| NKI~SE | 0,054117 | 0,10171 | 0,138735 | 0,082836 | 0,138365 | 0,118111 | 0,09592 | 0,114992 | 0,133788 | 0,130472 | 0,164091 | 0,093753 | 0,150367 |
| NKI~t | -3,11866 | -2,17005 | -2,66293 | -2,72696 | -1,36435 | -1,32547 | -3,80851 | -2,26685 | -2,30848 | -2,68262 | 0,324294 | -3,11637 | -3,11814 |
| STNO~Est | -0,20969 | 0 | 0,066487 | -0,09621 | -0,17832 | NA | -0,07166 | NA | 0,135002 | 0,519601 | -0,03773 | NA | NA |
| STNO~SE | 0,073458 | 0,08306 | 0,189775 | 0,085948 | 0,165636 | NA | 0,134442 | NA | 0,093948 | 0,221066 | 0,174479 | NA | NA |
| STNO~t | -2,8546 | 0 | 0,350348 | -1,11936 | -1,07657 | NA | -0,53298 | NA | 1,436991 | 2,350434 | -0,21623 | NA | NA |
| STOCK~Est | -0,14079 | -0,10987 | -0,65036 | -0,34745 | -0,39722 | NA | -1,08462 | -0,49692 | -0,65852 | -0,66099 | -0,03558 | -0,3284 | -1,06544 |
| STOCK~SE | 0,096118 | 0,128194 | 0,168426 | 0,112777 | 0,244634 | NA | 0,322799 | 0,265837 | 0,275751 | 0,298518 | 0,198203 | 0,132658 | 0,322204 |
| STOCK~t | -1,46476 | -0,85708 | -3,86137 | -3,08087 | -1,62372 | NA | -3,36005 | -1,86927 | -2,38811 | -2,21425 | -0,1795 | -2,47552 | -3,30672 |
| TRANSBIG~Est | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,013681 | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| TRANSBIG~SE | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,046103 | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| TRANSBIG~t | NA | NA | NA | NA | NA | NA | 0,296755 | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| UCSF~Est | NA | NA | -0,05795 | 0,013111 | -0,58909 | -0,12675 | -0,25719 | NA | -0,54391 | -0,31503 | 0,932141 | -0,08026 | 0 |

(continuación)

| Gen | CXCL14 | TNFRSF11B | CXCL12 | C10orf116 | RUNX1 | GSTM2 | TGFB3 | BCAR3 | CAV1 | DLC1 | TNFRSF10B | F3 | DICER1 |
|---------|----------|-----------|----------|-----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|-----------|----------|----------|
| UCSF~SE | NA | NA | 0,270065 | 156,117 | 0,385997 | 0,336406 | 0,253264 | NA | 0,428883 | 0,345828 | 0,524911 | 0,491948 | 0,311799 |
| UCSF~t | NA | NA | -0,21456 | 8,40E-05 | -1,52616 | -0,37676 | -1,01551 | NA | -1,2682 | -0,91094 | 1,775808 | -0,16315 | 0 |
| UPP~Est | -0,1861 | -0,03866 | -0,35344 | -0,00923 | -0,2142 | NA | -0,49773 | -0,29435 | -0,31503 | -0,404 | 0,127348 | -0,20405 | 0,208326 |
| UPP~SE | 0,08384 | 0,087545 | 0,150278 | 0,100902 | 0,105479 | NA | 0,225603 | 0,182614 | 0,150431 | 0,200673 | 0,157658 | 0,109227 | 0,307144 |
| UPP~t | -2,21976 | -0,44163 | -2,35189 | -0,09148 | -2,03071 | NA | -2,20621 | -1,61186 | -2,09415 | -2,01324 | 0,807748 | -1,86809 | 0,678268 |
| Fe | -0,14219 | -0,09599 | -0,28998 | -0,13 | -0,07498 | -0,15328 | -0,10353 | -0,28755 | -0,11726 | -0,19876 | 0,02034 | -0,22911 | -0,19602 |
| Sefe | 0,032611 | 0,046815 | 0,062826 | 0,042521 | 0,052758 | 0,111442 | 0,03709 | 0,080198 | 0,058989 | 0,076441 | 0,072745 | 0,055029 | 0,085879 |

Tabla 16: Genes que se coexpresan con genes pronóstico en tumores de cáncer de mama ER+ (Coef. De corr. De Spearman $\geq 0,7$)

| Gen pronóstico | Tabla 16 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|--------------|--------------|----------|---------|
| INHBA | AEBP1 | CDH11 | COL10A1 | COL11A1 | COL1A2 |
| | COL5A1 | COL5A2 | COL8A2 | ENTPD4 | LOXL2 |
| | LRRC15 | MMP11 | NOX4 | PLAU | THBS2 |
| CAV1 | THY1 | VCAN | | | |
| | ANK2 | ANXA1 | AQP1 | C10orf56 | CAV2 |
| | CFH | COL14A1 | CRYAB | CXCL12 | DAB2 |
| | DCN | ECM2 | FHL1 | FLRT2 | GNG11 |
| | GSN | IGF1 | JAM2 | LDB2 | NDN |
| NAT1 | NRN1 | PCSK5 | PLSCR4 | PROS1 | TGFBR2 |
| | PSD3 | | | | |
| | GSTM1 | GSTM2 | | | |
| GSTM2 | GSTM1 | | | | |
| ITGA4 | ARHGAP15 | ARHGAP25 | CCL5 | CD3D | CD48 |
| | CD53 | CORO1A | EVI2B | FGL2 | GIMAP4 |
| | IRF8 | LCK | PTPRC | TFEC | TRAC |
| | TRAF3IP3 | TRBC1 | EVI2A | FLI1 | GPR65 |
| | IL2RB | LCP2 | LOC100133233 | MNDA | PLAC8 |
| CCL19 | PLEK | TNFAIP8 | | | |
| | ARHGAP15 | ARHGAP25 | CCL5 | CCR2 | CCR7 |
| | CD2 | CD247 | CD3D | CD3E | CD48 |
| | CD53 | FLJ78302 | GPR171 | IL10RA | IL7R |
| | IRF8 | LAMP3 | LCK | LTB | PLAC8 |
| CDH11 | PRKCB1 | PTPRC | PTPRCAP | SASH3 | SPOCK2 |
| | TRA@ | TRBC1 | TRD@ | PPP1R16B | TRAC |
| | TAGLN | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN |
| | BGN | BICC1 | C10orf56 | C1R | C1S |
| | C20orf39 | CALD1 | COL10A1 | COL11A1 | COL1A1 |
| | COL1A2 | COL3A1 | COL5A1 | COL5A2 | COL6A1 |
| | COL6A2 | COL6A3 | COL8A2 | COMP | COPZ2 |
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DPYSL3 |
| | ECM2 | EFEMP2 | ENTPD4 | FAP | FBLN1 |
| | FBLN2 | FBN1 | FERMT2 | FLRT2 | FN1 |
| | FSTL1 | GAS1 | GLT8D2 | HEPH | HTRA1 |
| | ISLR | ITGBL1 | JAM3 | KDELC1 | LAMA4 |
| | LAMB1 | LOC100133502 | LOX | LOXL2 | LRRC15 |
| | LRRC17 | LUM | MFAP2 | MFAP5 | MMP2 |
| | MRC2 | MXRA5 | MXRA8 | MYL9 | NDN |
| | NID1 | NID2 | NINJ2 | NOX4 | OLFML2B |
| | OMD | PALLD | PCOLCE | PDGFRA | PDGFRB |
| | PDGFRL | POSTN | PRKDCBP | PRKD1 | PTRF |
| | RARRES2 | RCN3 | SERPINF1 | SERPINH1 | SFRP4 |
| | SNAI2 | SPARC | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 |
| | SSPN | TCF4 | THBS2 | THY1 | TNFAIP6 |
| | VCAN | WWTR1 | ZEB1 | ZFPM2 | INHBA |
| | PLS3 | SEC23A | WISP1 | | |
| TAGLN | CDH11 | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN |
| | BGN | BICC1 | C10orf56 | C1R | C1S |
| | C20orf39 | CALD1 | COL10A1 | COL11A1 | COL1A1 |
| | COL1A2 | COL3A1 | COL5A1 | COL5A2 | COL6A1 |
| | COL6A2 | COL6A3 | COL8A2 | COMP | COPZ2 |
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DPYSL3 |
| | ECM2 | EFEMP2 | ENTPD4 | FAP | FBLN1 |
| | FBLN2 | FBN1 | FERMT2 | FLRT2 | FN1 |
| | FSTL1 | GAS1 | GLT8D2 | HEPH | HTRA1 |
| | ISLR | ITGBL1 | JAM3 | KDELC1 | LAMA4 |
| | LAMB1 | LOC100133502 | LOX | LOXL2 | LRRC15 |
| | LRRC17 | LUM | MFAP2 | MFAP5 | MMP2 |

| Gen pronóstico | Tabla 16 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|-----------|----------|----------|---------|
| | MRC2 | MXRA5 | MXRA8 | MYL9 | NDN |
| | NID1 | NID2 | NINJ2 | NOX4 | OLFML2B |
| | OMD | PALLD | PCOLCE | PDGFRA | PDGFRB |
| | PDGFRL | POSTN | PRKDCBP | PRKD1 | PTRF |
| | RARRES2 | RCN3 | SERPINF1 | SERPINH1 | SFRP4 |
| | SNAI2 | SPARC | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 |
| | SSPN | TCF4 | THBS2 | THY1 | TNFAIP6 |
| | VCAN | WWTR1 | ZEB1 | ZFPM2 | ACTA2 |
| | CNN1 | DZIP1 | EMILIN1 | | |
| ENO1 | ATP5J2 | C10orf10 | CLDN15 | CNGB1 | DET1 |
| | EIF3CL | HS2ST1 | IGHG4 | KIAA0195 | KIR2DS5 |
| | PARP6 | PRH1 | RAD1 | RIN3 | RPL10 |
| | SGCG | SLC16A2 | SLC9A3R1 | SYNPO2L | THBS1 |
| | ZNF230 | | | | |
| IDH2 | AEBP1 | HIST1H2BN | PCDHAC1 | | |
| ARF1 | CRIM1 | | | | |

Tabla 17: Genes que coexpresan con genes pronóstico en tumores de cáncer de mama ER- (Coef. de corr. De Spearman $\geq 0,7$)

| Gen pronóstico | Tabla 17 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|--------------|-----------------|--------------|--------------|
| IRF1 | APOL6 | CXCL10 | GABBR1 | GBP1 | HCP5 |
| | HLA-E | HLA-F | HLA-G | HLA-J | INDO |
| | PSMB8 | PSMB9 | STAT1 | TAP1 | UBD |
| | UBE2L6 | WARS | APOBEC3F | APOBEC3G | APOL1 |
| | APOL3 | ARHGAP25 | BTN3A1 | BTN3A2 | BTN3A3 |
| | C1QB | CCL5 | CD2 | CD38 | CD40 |
| | CD53 | CD74 | CD86 | CSF2RB | CTSS |
| | CYBB | FGL2 | GIMAP5 | GZMA | hCG_1998957 |
| | HCLS1 | HLA-C | HLA-DMA | HLA-DMB | HLA-DPA1 |
| | HLA-DQB1 | HLA-DQB2 | HLA-DRA | HLA-DRB1 | HLA-DRB2 |
| | HLA-DRB3 | HLA-DRB4 | HLA-DRB5 | HLA-DRB6 | IL10RA |
| | IL2RB | LAP3 | LAPTM5 | LOC100133484 | LOC100133583 |
| | LOC100133661 | LOC100133811 | LOC730415 | NKG7 | PLEK |
| | PSMB10 | PTPRC | RNASE2 | SLAMF8 | TFEC |
| | TNFRSF1B | TRA@ | TRAC | TRAJ17 | TRAV20 |
| | ZNF749 | | | | |
| CDH11 | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN | CFH |
| | CFHR1 | COL10A1 | COL11A1 | COL1A1 | COL1A2 |
| | COL3A1 | COL5A1 | COL5A2 | COL6A3 | CRISPLD2 |
| | CTSK | DACT1 | DCN | FAP | FBN1 |
| | FN1 | HTRA1 | LOX | LRRC15 | LUM |
| | NID2 | PCOLCE | PDGFRB | POSTN | SERPINF1 |
| | SPARC | THBS2 | THY1 | VCAN | DAB2 |
| | GLT8D2 | ITGB5 | JAM3 | LOC100133502 | MMP2 |
| | PRSS23 | TIMP3 | ZEB1 | | |
| CCL19 | ITGA4 | ADAM28 | AIF1 | APOBEC3F | APOBEC3G |
| | APOL3 | ARHGAP15 | ARHGAP25 | CASP1 | CCDC69 |
| | CCR2 | CCR7 | CD2 | CD247 | CD27 |
| | CD37 | CD3D | CD3G | CD48 | CD52 |
| | CD53 | CD74 | CD86 | CD8A | CLEC4A |
| | CORO1A | CTSS | CXCL13 | DOCK10 | EVI2A |
| | EVI2B | FGL2 | FLJ78302 (CCR2) | FYB | GIMAP4 |
| | GIMAP5 | GIMAP6 | GMFG | GPR171 | GPR18 |
| | GPR65 | GZMA | GZMB | GZMK | hCG_1998957 |
| | HCLS1 | HLA-DMA | HLA-DMB | HLA-DPA1 | HLA-DQA1 |
| | HLA-DQA2 | HLA-DQB1 | HLA-DQB2 | HLA-DRB1 | HLA-DRB2 |
| | HLA-DRB3 | HLA-DRB4 | HLA-DRB5 | HLA-E | IGHM |
| | IGSF6 | IL10RA | IL2RG | IL7R | IRF8 |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 17 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|--------------|-----------------|--------------|--------------|
| | KLRB1 | KLRK1 | LAPTM5 | LAT2 | LCK |
| | LCP2 | LOC100133484 | LOC100133583 | LOC100133661 | LOC100133811 |
| | LOC730415 | LPXN | LRMP | LST1 | LTB |
| | LY96 | LYZ | MFNG | MNDA | MS4A4A |
| | NCKAP1L | PLAC8 | PLEK | PRKCB1 | PSCDBP |
| | PTPRC | PTPRCAP | RAC2 | RNASE2 | RNASE6 |
| | SAMHD1 | SAMSN1 | SASH3 | SELL | SELPLG |
| | SLA | SLAMF1 | SLC7A7 | SP140 | SRGN |
| | TCL1A | TFEC | TNFAIP8 | TNFRSF1B | TRA@ |
| | TRAC | TRAJ17 | TRAT1 | TRAV20 | TRBC1 |
| | TYROBP | ZNF749 | ITM2A | LTB | P2RY13 |
| | PRKCB1 | PTPRCAP | SELL | TRBC1 | |
| ITGA4 | CCL19 | ADAM28 | AIF1 | APOBEC3F | APOBEC3G |
| | APOL3 | ARHGAP15 | ARHGAP25 | CASP1 | CCDC69 |
| | CCR2 | CCR7 | CD2 | CD247 | CD27 |
| | CD37 | CD3D | CD3G | CD48 | CD52 |
| | CD53 | CD74 | CD86 | CD8A | CLEC4A |
| | CORO1A | CTSS | CXCL13 | DOCK10 | EVI2A |
| | EVI2B | FGL2 | FLJ78302 (CCR2) | FYB | GIMAP4 |
| | GIMAP5 | GIMAP6 | GMFG | GPR171 | GPR18 |
| | GPR65 | GZMA | GZMB | GZMK | hCG_1998957 |
| | HCLS1 | HLA-DMA | HLA-DMB | HLA-DPA1 | HLA-DQA1 |
| | HLA-DQA2 | HLA-DQB1 | HLA-DQB2 | HLA-DRB1 | HLA-DRB2 |
| | HLA-DRB3 | HLA-DRB4 | HLA-DRB5 | HLA-E | IGHM |
| | IGSF6 | IL10RA | IL2RG | IL7R | IRF8 |
| | KLRB1 | KLRK1 | LAPTM5 | LAT2 | LCK |
| | LCP2 | LOC100133484 | LOC100133583 | LOC100133661 | LOC100133811 |
| | LOC730415 | LPXN | LRMP | LST1 | LTB |
| | LY96 | LYZ | MFNG | MNDA | MS4A4A |
| | NCKAP1L | PLAC8 | PLEK | PRKCB1 | PSCDBP |
| | PTPRC | PTPRCAP | RAC2 | RNASE2 | RNASE6 |
| | SAMHD1 | SAMSN1 | SASH3 | SELL | SELPLG |
| | SLA | SLAMF1 | SLC7A7 | SP140 | SRGN |
| | TCL1A | TFEC | TNFAIP8 | TNFRSF1B | TRA@ |
| | TRAC | TRAJ17 | TRAT1 | TRAV20 | TRBC1 |
| | TYROBP | ZNF749 | MARCH1 | C17orf60 | CSF1R |
| | FLI1 | FLJ78302 | FYN | IKZF1 | INPP5D |
| | NCF4 | NR3C1 | P2RY13 | PLXNC1 | PSCD4 |
| | PTPN22 | SERPINB9 | SLCO2B1 | VAMP3 | WIPF1 |
| IDH2 | AEBP1 | DSG3 | HIST1H2BN | PCDHAC1 | |
| ARF1 | FABP5L2 | FLNB | IL1RN | PAX6 | |
| DICER1 | ARS2 | IGHA1 | VDAC3 | | |
| TFRC | RGS20 | | | | |
| ADAM17 | TFDP3 | GPR107 | | | |
| CAV1 | CAV2 | CXCL12 | IGF1 | | |
| CYR61 | CTGF | | | | |
| ESR1 | CBLN1 | SLC45A2 | | | |
| GSTM1 | GSTM2 | | | | |
| GSTM2 | GSTM1 | | | | |
| IL11 | FAM135A | | | | |
| IL6ST | P2RY5 | | | | |
| IGFBP7 | SPARCL1 | TMEM204 | | | |
| INHBA | COL10A1 | FN1 | SULF1 | | |
| SPC25 | KIF4A | KIF20A | NCAPG | | |
| TAGLN | ACTA2 | MYL9 | NNMT | PTRF | |
| TGFB3 | GALNT10 | HTRA1 | LIMA1 | | |
| TNFRSF10B | BIN3 | | | | |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 17 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|--------|-------|---------|---------|
| FOXA1 | CLCA2 | TFAP2B | AGR2 | MLPH | SPDEF |
| CXCL12 | DCN | CAV1 | IGF1 | CFH | |
| GBP2 | APOL1 | APOL3 | CD2 | CTSS | CXCL9 |
| | CXCR6 | GBP1 | GZMA | HLA-DMA | HLA-DMB |
| | IL2RB | PTPRC | TRBC1 | | |

Tabla 18: Genes que coexpresan con genes pronóstico en todos los tumores de cáncer de mama ER- (Coef. de corr. De Spearman $\geq 0,7$)

| Gen pronóstico | Tabla 18 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|--------------|-------------|-----------|--------------|
| S100A8 | S100A9 | | | | |
| S100A9 | S100A8 | | | | |
| MKI67 | BIRC5 | KIF20A | MCM10 | | |
| MTDH | ARMC1 | AZIN1 | ENY2 | MTERFD1 | POLR2K |
| | PTDSS1 | RAD54B | SLC25A32 | TMEM70 | UBE2V2 |
| GSTM1 | GSTM2 | | | | |
| GSTM2 | GSTM1 | | | | |
| CXCL12 | AKAP12 | DCN | F13A1 | | |
| TGFB3 | C10orf56 | JAM3 | | | |
| TAGLN | ACTA2 | CALD1 | COPZ2 | FERMT2 | HEPH |
| | MYL9 | NNMT | PTRF | TPM2 | |
| PGF | ALMS1 | ATP8B1 | CEP27 | DBT | FAM128B |
| | FBXW12 | FGFR1 | FLJ12151 | FLJ42627 | GTF2H3 |
| | HCG2P7 | KIAA0894 | KLHL24 | LOC152719 | PDE4C |
| | PODNL1 | POLR1B | PRDX2 | PRR11 | RIOK3 |
| | RP5-886K2.1 | SLC35E1 | SPN | USP34 | ZC3H7B |
| | ZNF160 | ZNF611 | | | |
| CCL19 | ARHGAP15 | ARHGAP25 | CCL5 | CCR2 | CCR7 |
| | CD2 | CD37 | CD3D | CD48 | CD52 |
| | CSF2RB | FLJ78302 | GIMAP5 | GIMAP6 | GPR171 |
| | GZMK | IGHM | IRF8 | LCK | LTB |
| | PLAC8 | PRKCB1 | PTGDS | PTPRC | PTPRCAP |
| | SASH3 | TNFRSF1B | TRA@ | TRAC | TRAJ17 |
| | TRAV20 | TRBC1 | | | |
| IRF1 | ITGA4 | MARCH1 | AIF1 | APOBEC3F | APOBEC3G |
| | APOL1 | APOL3 | ARHGAP15 | ARHGAP25 | BTN3A2 |
| | BTN3A3 | CASP1 | CCL4 | CCL5 | CD2 |
| | CD37 | CD3D | CD48 | CD53 | CD69 |
| | CD8A | CORO1A | CSF2RB | CST7 | CYBB |
| | EVI2A | EVI2B | FGL2 | FLI1 | GBP1 |
| | GIMAP4 | GIMAP5 | GIMAP6 | GMFG | GPR65 |
| | GZMA | GZMK | hCG_1998957 | HCLS1 | HLA-DMA |
| | HLA-DMB | HLA-DPA1 | HLA-DQB1 | HLA-DQB2 | HLA-DRA |
| | HLA-DRB1 | HLA-DRB2 | HLA-DRB3 | HLA-DRB4 | HLA-DRB5 |
| | HLA-E | HLA-F | IGSF6 | IL10RA | IL2RB |
| | IRF8 | KLRK1 | LCK | LCP2 | LOC100133583 |
| | LOC100133661 | LOC100133811 | LST1 | LTB | LY86 |
| | MFNG | MNDA | NKG7 | PLEK | PRKCB1 |
| | PSCDBP | PSMB10 | PSMB8 | PSMB9 | PTPRC |
| | PTPRCAP | RAC2 | RNASE2 | RNASE6 | SAMSN1 |
| | SLA | SRGN | TAP1 | TFEC | TNFAIP3 |
| | TNFRSF1B | TRA@ | TRAC | TRAJ17 | TRAV20 |
| | TRBC1 | TRIM22 | ZNF749 | | |
| ITGA4 | IRF1 | MARCH1 | AIF1 | APOBEC3F | APOBEC3G |
| | APOL1 | APOL3 | ARHGAP15 | ARHGAP25 | BTN3A2 |
| | BTN3A3 | CASP1 | CCL4 | CCL5 | CD2 |
| | CD37 | CD3D | CD48 | CD53 | CD69 |
| | CD8A | CORO1A | CSF2RB | CST7 | CYBB |
| | EVI2A | EVI2B | FGL2 | FLI1 | GBP1 |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 18 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|--------------|-------------|----------|--------------|
| | GIMAP4 | GIMAP5 | GIMAP6 | GMFG | GPR65 |
| | GZMA | GZMK | hCG_1998957 | HCLS1 | HLA-DMA |
| | HLA-DMB | HLA-DPA1 | HLA-DQB1 | HLA-DQB2 | HLA-DRA |
| | HLA-DRB1 | HLA-DRB2 | HLA-DRB3 | HLA-DRB4 | HLA-DRB5 |
| | HLA-E | HLA-F | IGSF6 | IL10RA | IL2RB |
| | IRF8 | KLRK1 | LCK | LCP2 | LOC100133583 |
| | LOC100133661 | LOC100133811 | LST1 | LTB | LY86 |
| | MFNG | MNDA | NKG7 | PLEK | PRKCB1 |
| | PSCDBP | PSMB10 | PSMB8 | PSMB9 | PTPRC |
| | PTPRCAP | RAC2 | RNASE2 | RNASE6 | SAMSN1 |
| | SLA | SRGN | TAP1 | TFEC | TNFAIP3 |
| | TNFRSF1B | TRA@ | TRAC | TRAJ17 | TRAV20 |
| | TRBC1 | TRIM22 | ZNF749 | CTSS | |
| SPC25 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | | | |
| AURKA | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | SPC25 | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | PSMA7 | CSE1L | |
| BIRC5 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 18 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|---------|--------|---------|----------|
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | SPC25 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | MKI67 | | |
| BUB1 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | SPC25 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | | | |
| CCNB1 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | SPC25 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | | | |
| CENPA | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | SPC25 | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | | | |
| KPNA2 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 18 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|---------|--------|---------|----------|
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GINS1 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | SPC25 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | NOL11 | PSMD12 | |
| LMNB1 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GINS1 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | SPC25 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | | | |
| MCM2 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GINS1 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | SPC25 | MELK |
| | NDC80 | TPX2 | | | |
| MELK | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GINS1 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 18 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|----------|---------|----------|----------|
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | SPC25 |
| | NDC80 | TPX2 | | | |
| NDC80 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | SPC25 | TPX2 | | | |
| TPX2 | ASPM | ATAD2 | AURKB | BUB1B | C12orf48 |
| | CCNA2 | CCNE1 | CCNE2 | CDC2 | CDC45L |
| | CDC6 | CDCA3 | CDCA8 | CDKN3 | CENPE |
| | CENPF | CENPN | CEP55 | CHEK1 | CKS1B |
| | CKS2 | DBF4 | DEPDC1 | DLG7 | DNAJC9 |
| | DONSON | E2F8 | ECT2 | ERCC6L | FAM64A |
| | FBXO5 | FEN1 | FOXM1 | GIN51 | GTSE1 |
| | H2AFZ | HJURP | HMMR | KIF11 | KIF14 |
| | KIF15 | KIF18A | KIF20A | KIF23 | KIF2C |
| | KIF4A | KIFC1 | MAD2L1 | MCM10 | MCM6 |
| | NCAPG | NEK2 | NUSAP1 | OIP5 | PBK |
| | PLK4 | PRC1 | PTTG1 | RACGAP1 | RAD51AP1 |
| | RFC4 | SMC2 | STIL | STMN1 | TACC3 |
| | TOP2A | TRIP 13 | TTK | TYMS | UBE2C |
| | UBE2S | AURKA | BIRC5 | BUB1 | CCNB1 |
| | CENPA | KPNA2 | LMNB1 | MCM2 | MELK |
| | NDC80 | SPC25 | | | |
| CDH11 | INHBA | WISP1 | COL1A1 | COL1A2 | FN1 |
| | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN | BGN |
| | BNC2 | C1QTNF3 | COL10A1 | COL11A1 | COL3A1 |
| | COL5A1 | COL5A2 | COL5A3 | COL6A3 | COMP |
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DDK3 |
| | DPYSL3 | EFEMP2 | EMILIN1 | FAP | FBN1 |
| | FSTL1 | GLT8D2 | HEG1 | HTRA1 | ITGBL1 |
| | JAM3 | KIAA1462 | LAMA4 | LOX | LOXL1 |
| | LRP1 | LRRC15 | LRRC17 | LRRC32 | LUM |
| | MFAP5 | MICAL2 | MMP11 | MMP2 | MXRA5 |
| | MXRA8 | NID2 | NOX4 | OLFML2B | PCOLCE |
| | PDGFRB | PLAU | POSTN | SERPINF1 | SPARC |
| | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 | SULF1 | TCF4 |
| | THBS2 | THY1 | VCAN | ZEB1 | |
| INHBA | CDH11 | WISP1 | COL1A1 | COL1A2 | FN1 |
| | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN | BGN |
| | BNC2 | C1QTNF3 | COL10A1 | COL11A1 | COL3A1 |
| | COL5A1 | COL5A2 | COL5A3 | COL6A3 | COMP |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 18 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|----------|---------|----------|--------|
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DKK3 |
| | DPYSL3 | EFEMP2 | EMILIN1 | FAP | FBN1 |
| | FSTL1 | GLT8D2 | HEG1 | HTRA1 | ITGBL1 |
| | JAM3 | KIAA1462 | LAMA4 | LOX | LOXL1 |
| | LRP1 | LRRC15 | LRRC17 | LRRC32 | LUM |
| | MFAP5 | MICAL2 | MMP11 | MMP2 | MXRA5 |
| | MXRA8 | NID2 | NOX4 | OLFML2B | PCOLCE |
| | PDGFRB | PLAU | POSTN | SERPINF1 | SPARC |
| | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 | SULF1 | TCF4 |
| | THBS2 | THY1 | VCAN | ZEB1 | |
| WISP1 | INHBA | CDH11 | COL1A1 | COL1A2 | FN1 |
| | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN | BGN |
| | BNC2 | C1QTNF3 | COL10A1 | COL11A1 | COL3A1 |
| | COL5A1 | COL5A2 | COL5A3 | COL6A3 | COMP |
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DKK3 |
| | DPYSL3 | EFEMP2 | EMILIN1 | FAP | FBN1 |
| | FSTL1 | GLT8D2 | HEG1 | HTRA1 | ITGBL1 |
| | JAM3 | KIAA1462 | LAMA4 | LOX | LOXL1 |
| | LRP1 | LRRC15 | LRRC17 | LRRC32 | LUM |
| | MFAP5 | MICAL2 | MMP11 | MMP2 | MXRA5 |
| | MXRA8 | NID2 | NOX4 | OLFML2B | PCOLCE |
| | PDGFRB | PLAU | POSTN | SERPINF1 | SPARC |
| | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 | SULF1 | TCF4 |
| | THBS2 | THY1 | VCAN | ZEB1 | |
| COL1A1 | INHBA | WISP1 | CDH11 | COL1A2 | FN1 |
| | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN | BGN |
| | BNC2 | C1QTNF3 | COL10A1 | COL11A1 | COL3A1 |
| | COL5A1 | COL5A2 | COL5A3 | COL6A3 | COMP |
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DKK3 |
| | DPYSL3 | EFEMP2 | EMILIN1 | FAP | FBN1 |
| | FSTL1 | GLT8D2 | HEG1 | HTRA1 | ITGBL1 |
| | JAM3 | KIAA1462 | LAMA4 | LOX | LOXL1 |
| | LRP1 | LRRC15 | LRRC17 | LRRC32 | LUM |
| | MFAP5 | MICAL2 | MMP11 | MMP2 | MXRA5 |
| | MXRA8 | NID2 | NOX4 | OLFML2B | PCOLCE |
| | PDGFRB | PLAU | POSTN | SERPINF1 | SPARC |
| | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 | SULF1 | TCF4 |
| | THBS2 | THY1 | VCAN | ZEB1 | |
| COL1A2 | INHBA | WISP1 | COL1A1 | CDH11 | FN1 |
| | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN | BGN |
| | BNC2 | C1QTNF3 | COL10A1 | COL11A1 | COL3A1 |
| | COL5A1 | COL5A2 | COL5A3 | COL6A3 | COMP |
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DKK3 |
| | DPYSL3 | EFEMP2 | EMILIN1 | FAP | FBN1 |
| | FSTL1 | GLT8D2 | HEG1 | HTRA1 | ITGBL1 |
| | JAM3 | KIAA1462 | LAMA4 | LOX | LOXL1 |
| | LRP1 | LRRC15 | LRRC17 | LRRC32 | LUM |
| | MFAP5 | MICAL2 | MMP11 | MMP2 | MXRA5 |
| | MXRA8 | NID2 | NOX4 | OLFML2B | PCOLCE |
| | PDGFRB | PLAU | POSTN | SERPINF1 | SPARC |
| | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 | SULF1 | TCF4 |
| | THBS2 | THY1 | VCAN | ZEB1 | |
| FN1 | INHBA | WISP1 | COL1A1 | COL1A2 | CDH11 |
| | ADAM12 | AEBP1 | ANGPTL2 | ASPN | BGN |
| | BNC2 | C1QTNF3 | COL10A1 | COL11A1 | COL3A1 |
| | COL5A1 | COL5A2 | COL5A3 | COL6A3 | COMP |
| | CRISPLD2 | CTSK | DACT1 | DCN | DKK3 |
| | DPYSL3 | EFEMP2 | EMILIN1 | FAP | FBN1 |
| | FSTL1 | GLT8D2 | HEG1 | HTRA1 | ITGBL1 |

(continuación)

| Gen pronóstico | Tabla 18 Genes coexpresados | | | | |
|----------------|-----------------------------|----------|--------|----------|--------|
| | JAM3 | KIAA1462 | LAMA4 | LOX | LOXL1 |
| | LRP1 | LRRC15 | LRRC17 | LRRC32 | LUM |
| | MFAP5 | MICAL2 | MMP11 | MMP2 | MXRA5 |
| | MXRA8 | NID2 | NOX4 | OLFML2B | PCOLCE |
| | PDGFRB | PLAU | POSTN | SERPINF1 | SPARC |
| | SPOCK1 | SPON1 | SRPX2 | SULF1 | TCF4 |
| | THBS2 | THY1 | VCAN | ZEB1 | |

LISTA DE SECUENCIAS

| | | |
|----|--|----|
| 5 | <110> Genomic Health, Inc. BAKER, JOFFRE B. Cronin, Maureen T. Collin, Francois Liu, Mei-Lan | |
| 10 | <120> Métodos para predecir el resultado clínico del cáncer <130> GHDX-040WO | |
| 15 | <150> US 61/263.763 <151> 23-11-2009 <160> 1536 | |
| 20 | <170> FastSEQ para Windows Versión 4.0 <210> 1 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 1 cggtccgatc ctctatactg cat | 23 |
| 35 | <210> 2 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 2 gtgtggcagg tggacactaa | 20 |
| 45 | <210> 3 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 3 aaacaccact ggagcattga | 20 |
| 55 | <210> 4 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 4 accagtgccca caatgcag | 18 |
| 10 | <210> 5 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 5 tgcagactgt accatgctga | 20 |
| 20 | <210> 6 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 6 acacgtctgt caccatggaa | 20 |
| 30 | <210> 7 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 7 atccgcattg aagacca | 18 |
| 40 | <210> 8 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 8 gactgtctcg ttccctggt | 20 |
| | <210> 9 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 9 tcaaaagtac ggacacctcc t | 21 |
| 65 | <210> 10 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 10 gagcatgcgt ctactgcct | 19 |
| 10 | <210> 11 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 11 gaagtgccag gaggcgatta | 20 |
| 25 | <210> 12 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 12 caaggcccca tctgaatca | 19 |
| 40 | <210> 13 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 13 gcgagttaa agtggtcgag | 20 |
| 55 | <210> 14 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 14 taagccacaa gcacacgg | 18 |
| | <210> 15 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 15 acgagatgtc ctacggcttg a | 21 |
| | <210> 16 <211> 22 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 16 agccaacatg tgactaattg ga | 22 |
| | <210> 17 | |
| 10 | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 17 ctgcatgtga ttgaataaga aacaaga | 27 |
| 20 | <210> 18 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 18 gtggaaacgg agctcttcc | 19 |
| 30 | <210> 19 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 19 ttgtctctgc cttggactat ctaca | 25 |
| | <210> 20 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 20 gaggaatatg gaatccaagg g | 21 |
| | <210> 21 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 21 ggacagggtg agaccgtgat | 20 |
| | <210> 22 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 22 ccgtgaaagc tgctctgtaa | 20 |
| 10 | <210> 23 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 23 caagacacta agggcgacta cca | 23 |
| 20 | <210> 24 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 24 gactgcaaag atggaaacga | 20 |
| 35 | <210> 25 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 25 gatgaagcct ttcgaagtt | 20 |
| 45 | <210> 26 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 26 gtttatgcca tcggcacc | 18 |
| 55 | <210> 27 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 27 cagtagagat ccccgcaact | 20 |
| 65 | <210> 28 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 28 atcagagatt accgcgtcgt | 20 |
| | <210> 29 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 29 gactgggtca gtgatggca | 19 |
| 20 | <210> 30 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 30 tcctgagaa cgaaccact | 20 |
| 30 | <210> 31 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 31 agctgcagaa gagctgcaca t | 21 |
| | <210> 32 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 32 cagcagatgt ggatcagcaa g | 21 |
| | <210> 33 | |
| | <211> 22 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 33 ggctcttggtg cgactgtcc tt | 22 |
| | <210> 34 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 34 gggtcaggtg cctcgagat | 19 |
| 10 | <210> 35 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 35 cggtgtcagc acttgaata caa | 23 |
| 20 | <210> 36 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 36 cctacggccg ctactacg | 18 |
| 35 | <210> 37 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 37 gactcctcag ggcagacttt ctt | 23 |
| 45 | <210> 38 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 38 ccgccgtgga cacagact | 18 |
| 55 | <210> 39 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 39 cctggagggt cctgtacaat | 20 |
| 65 | <210> 40 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 40 actgacaaga ccagcagcat | 20 |
| 10 | <210> 41 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 41 tgacttccta gttcgtgact ctctgt | 26 |
| 20 | <210> 42 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 42 ccccgagaca acggagataa | 20 |
| 35 | <210> 43 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 43 cagatggacc tagtaccac tgaga | 25 |
| 45 | <210> 44 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 44 aaccaccccc tgtcttg | 18 |
| 55 | <210> 45 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 45 gagctccgca aggatgac | 18 |
| 65 | <210> 46 <211> 23 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 46 attcctatgg ctctgcaatt gtc | 23 |
| | <210> 47 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 47 ctggacggag tagctccaag | 20 |
| 20 | <210> 48 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 48 aattttatga gggccacgg | 19 |
| 30 | <210> 49 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 49 gttgggacac agttgtctg | 20 |
| | <210> 50 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 50 ccgaggtaa tccagcacgt a | 21 |
| | <210> 51 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 51 tcaacagaag gctgaaccac taga | 24 |
| | <210> 52 | |
| 65 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 52 ctgaagcaga tggttcatca tt | 22 |
| 10 | <210> 53 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 53 gaggcaactg cttatggctt aatta | 25 |
| 20 | <210> 54 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 54 caagagcaga gccaccgt | 18 |
| 35 | <210> 55 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 55 gtgactgcac aggactctgg | 20 |
| 45 | <210> 56 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 56 tcagctgtga gctgcggata | 20 |
| 55 | <210> 57 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 57 gcggtatcag gaatttcaac ct | 22 |
| 65 | <210> 58 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 58 ctacgagtca gcccatccat | 20 |
| | <210> 59 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 59 tgatgctgca gagaactcc | 20 |
| 20 | <210> 60 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 60 atccattcga tctcaccaag gt | 22 |
| 30 | <210> 61 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 61 gtggctcaac attgtgtcc | 20 |
| | <210> 62 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 62 aggggatggc ctctgtcatt | 20 |
| | <210> 63 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 63 gaacgcatca tccagagact g | 21 |
| | <210> 64 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|-------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 64 | |
| | agcagacagt ggtcagtcct t | 21 |
| 10 | | |
| | <210> 65 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 65 | |
| | aggttctgag ctctggcttt | 20 |
| 20 | | |
| | <210> 66 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 66 | |
| 30 | ttcaggttgt tgcaggagac | 20 |
| | <210> 67 | |
| | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 67 | |
| 40 | cctctgtgct acagattata cctttgc | 27 |
| | <210> 68 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | | |
| | <400> 68 | |
| | ggtcaccaag aaacatcagt atgaa | 25 |
| | <210> 69 | |
| | <211> 18 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 69 | |
| | cagactgaat gggggtgg | 18 |
| 65 | | |
| | <210> 70 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|-------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 70 ggatgacatg cactcagctc | 20 |
| | <210> 71 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 71 ggagtgaag gaactggaaa | 20 |
| 20 | <210> 72 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 72 tccaactaat gccaccacca a | 21 |
| 30 | <210> 73 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 73 gtgctggagt cgggactaac | 20 |
| | <210> 74 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 74 atcacccgaca gcacagaca | 19 |
| | <210> 75 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 75 gacgaagaca gtcctggat | 20 |
| | <210> 76 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|-------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 76 ctcataccag ccatccaatg | 20 |
| | <210> 77 | |
| 10 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 77 tgggtcccag ccctgtgt | 18 |
| 20 | <210> 78 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 78 gtgcaggctc aggtgaagtg | 20 |
| 30 | <210> 79 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 79 tggattggag ttctgggaat g | 21 |
| | <210> 80 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 80 tcttgctggc tacgcctctt | 20 |
| | <210> 81 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 81 ggtgagcaga agtggcctat | 20 |
| | <210> 82 | |
| 65 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 82 gcagtcgct gtgtcaa | 18 |
| | <210> 83 | |
| 10 | <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 83 gagctgaaag acgcacactg | 20 |
| 20 | <210> 84 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 84 cggagaaggg caccagta | 18 |
| 30 | <210> 85 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 85 gtcggcagaa gcaggact | 18 |
| | <210> 86 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 86 acccatgtac cgtcctcg | 18 |
| | <210> 87 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 87 ccttcccatc agcacagttc | 20 |
| | <210> 88 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 88 aagccctatc cgatgtaccc | 20 |
| | <210> 89 | |
| 10 | <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 89 tggatctcta ccagcaatgt g | 21 |
| 20 | <210> 90 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 90 acttgcctgt tcagagcact ca | 22 |
| 30 | <210> 91 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 91 tgggtttgc tcggatactt g | 21 |
| | <210> 92 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 92 tgacaatcag cacacctgca t | 21 |
| | <210> 93 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 93 taaattcact cgtggtgtgg a | 21 |
| | <210> 94 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 94 ctgaaggagc tccaagacct | 20 |
| 10 | <210> 95 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 95 ccagaatgca cgctacagga a | 21 |
| 20 | <210> 96 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 96 ccacatagg cagaggca | 18 |
| 35 | <210> 97 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 97 gaggccagtg gtggaacag | 20 |
| 45 | <210> 98 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 98 aaggaagtgg tccctctgtg | 20 |
| 55 | <210> 99 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 99 agaatgggtg tgaaggcg | 18 |
| 65 | <210> 100 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 100 | |
| | ggctggacgt ggtttgtct | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 101 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 101 | |
| | ggctgcttg ctgcaactg | 19 |
| 20 | | |
| | <210> 102 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 102 | |
| | cggacttga gcaatgccta | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 103 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 103 | |
| | cccaggata cctaccacta cct | 23 |
| 40 | | |
| | <210> 104 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 104 | |
| | aaatcgagc ttatcacaag g | 21 |
| 50 | | |
| | <210> 105 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 105 | |
| | gtggccatcc agctgacc | 18 |
| 65 | | |
| | <210> 106 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 106 | |
| | cagccaagaa ctggtatagg agct | 24 |
| 10 | | |
| | <210> 107 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 107 | |
| | ccttatcggc tgaacgagt t | 21 |
| 20 | | |
| | <210> 108 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 108 | |
| | cgacagttgc gatgaaagtt ctaa | 24 |
| 30 | | |
| | <210> 109 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 109 | |
| | atgccagtg ttctgactt | 20 |
| 40 | | |
| | <210> 110 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 110 | |
| | gatgtgattg aggtgcatgg | 20 |
| 50 | | |
| | <210> 111 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 111 | |
| | aagtcctgaa attgcatca | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 112 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 112 cagcaagaac tgcaacaaca | 20 |
| | <210> 113 | |
| 10 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 113 tgcagcggct gattgaca | 18 |
| 20 | <210> 114 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 114 gagcacaacc aaacctacga | 20 |
| 30 | <210> 115 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 115 taccacacc agcattcctc | 20 |
| | <210> 116 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 116 cctgaacatg aaggagctga | 20 |
| | <210> 117 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 117 gagttcaagt gccctgacg | 19 |
| | <210> 118 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 118 gctcactcg gctaaaatgc | 20 |
| 10 | <210> 119 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 119 gtacatgac ccctgtgaga aggt | 24 |
| 25 | <210> 120 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 120 tgtctactg agcgagcaga a | 21 |
| 40 | <210> 121 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 121 accaggcaat aacctaacag c | 21 |
| 55 | <210> 122 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 122 ggagcaaaat cgatgcagt | 19 |
| | <210> 123 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 123 gagctacaga tgcccatgc | 19 |
| | <210> 124 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 124 tgcgcccttt cctctgta | 18 |
| 10 | <210> 125 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 125 tgaccgcttc taccccaatg | 20 |
| 20 | <210> 126 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 126 ccggagtgac tctatcacca | 20 |
| 30 | <210> 127 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 127 tccttatagg tacttcagc catttg | 26 |
| 45 | <210> 128 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 128 ccagctttgt gcctgtcact at | 22 |
| 55 | <210> 129 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 129 tgctcattct tgaggagcat | 20 |
| 65 | <210> 130 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 130 tggagggtct aggtgggtga | 20 |
| 10 | <210> 131 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 131 aaatgctctc ctcgactgct | 20 |
| 20 | <210> 132 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 132 ggcaccggt ggtgtcatca | 20 |
| 35 | <210> 133 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 133 atggagatgt ggtcattcct agtg | 24 |
| 45 | <210> 134 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 134 gccgccacaa gactaaggaa t | 21 |
| 55 | <210> 135 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 135 tccaattcca gcatcactgt | 20 |
| 65 | <210> 136 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 136 gattcagacg aggatgagcc | 20 |
| 10 | <210> 137 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 137 cacggaggta taaggcagga g | 21 |
| 20 | <210> 138 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 138 ctctgagaca gtgcttcgat gact | 24 |
| 35 | <210> 139 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 139 tggcactact gcatgattga ca | 22 |
| 45 | <210> 140 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 140 aaatcgctgg gaacaagtg | 19 |
| 55 | <210> 141 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 141 agacatcagc tcctgggtca | 20 |
| 65 | <210> 142 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 142 tggtgacgat ggaggagc | 18 |
| 10 | <210> 143 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 143 actccctcta cccttgagca | 20 |
| 20 | <210> 144 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 144 ctgctggatg accttcctc | 19 |
| 30 | <210> 145 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 145 tgccacctgg acatcattg | 20 |
| 45 | <210> 146 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 146 cgacaaggag tgcgtctact tct | 23 |
| 55 | <210> 147 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 147 tttctcaaa ttgcctcaa g | 21 |
| 65 | <210> 148 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 148 actgtgaact gcctggtgc | 19 |
| 10 | <210> 149 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 149 cgagtggaga ctggtgttct c | 21 |
| 25 | <210> 150 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 150 atggactcca cagagccg | 18 |
| 40 | <210> 151 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 151 ttgaacagag cctgaccaag | 20 |
| 55 | <210> 152 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 152 gtccccgctg cagatctct | 19 |
| | <210> 153 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 153 ccatgtggat gaatgaggtg | 20 |
| | <210> 154 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 154 ggcgggaag agtcacagt | 19 |
| 10 | <210> 155 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 155 tcgagggcaa gaagagcaa | 19 |
| 20 | <210> 156 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 156 gctagtactt tgatgctccc ttgat | 25 |
| 35 | <210> 157 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 157 caaggccgtg aacgagaagt | 20 |
| 45 | <210> 158 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 158 agccccagca actacagtct | 20 |
| 55 | <210> 159 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 159 gggccctcca gaacaatgat | 20 |
| 65 | <210> 160 <211> 21 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 160 cgctgttca ccaagattga c | 21 |
| 10 | <210> 161 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 161 caaccaggca gctccatc | 18 |
| 20 | <210> 162 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 162 tgaacgggt atctcctta | 20 |
| 35 | <210> 163 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 163 tggccatcg ccagttatca | 20 |
| 45 | <210> 164 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 164 tggctcttaa tcagttcgt tacct | 25 |
| 55 | <210> 165 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 165 gtccagggtg atgtgaaaga | 20 |
| 65 | <210> 166 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 166 ccaacactag gctcccca | 18 |
| 10 | <210> 167 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 167 ggcattgagc ctctctacat ca | 22 |
| 25 | <210> 168 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 168 gtcactccgc caccgtag | 18 |
| 40 | <210> 169 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 169 acccccagac cggatcag | 18 |
| 55 | <210> 170 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 170 ccagcaccat tgttgaagat | 20 |
| | <210> 171 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 171 cgtggtgccc ctctatgac | 19 |
| | <210> 172 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 172 accatgtatc gagaggggc | 19 |
| 10 | <210> 173 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 173 tggaacagc gaaggataca | 20 |
| 25 | <210> 174 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 174 gtgaaggatg tgaagcagac gta | 23 |
| 40 | <210> 175 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 175 ctgaccagaa ccacggct | 18 |
| 55 | <210> 176 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 176 gcctcttct gtgcgacg | 18 |
| | <210> 177 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 177 gagggactgt tggcatgca | 19 |
| | <210> 178 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 178 ctggcttaag gatggacagg | 20 |
| | <210> 179 | |
| 10 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 179 ccagtggagc gcttccat | 18 |
| 20 | <210> 180 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 180 gacatctgcg ctccatcc | 18 |
| 30 | <210> 181 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 181 ggaagtgaca gacgtgaagg t | 21 |
| 40 | <210> 182 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 182 cgagcccttt gatgactcc t | 21 |
| | <210> 183 | |
| | <211> 18 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 183 gagaacaagc agggctgg | 18 |
| | <210> 184 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 184 tgaagtcag gacgatgatg | 20 |
| | <210> 185 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 185 cgacagagct tgtcacct | 19 |
| 20 | <210> 186 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 186 ctgttgctg tccggagg | 18 |
| 30 | <210> 187 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 187 ccagctgcta cttgacatc ga | 22 |
| | <210> 188 | |
| | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 188 ggataattca gacaacaaca ccatct | 26 |
| | <210> 189 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 189 gaagcgcaga tcatgaagaa | 20 |
| | <210> 190 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 190 tcagcagcaa gggcatcat | 19 |
| 10 | <210> 191 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 191 tgtttgagg gaaggct | 18 |
| 20 | <210> 192 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 192 gtgctggtga cgaatcca | 18 |
| 35 | <210> 193 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 193 accctcgaca agaccacact | 20 |
| 45 | <210> 194 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 194 attccaccca tggcaaattc | 20 |
| 55 | <210> 195 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 195 caaaggagct cactgtggtg tct | 23 |
| 65 | <210> 196 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 196 ttgggaaata ttgggcatt | 20 |
| | <210> 197 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 197 gcatgggaac catcaacca | 19 |
| 20 | <210> 198 | |
| | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 198 tgtagaatca aactcttcat catcaactag | 30 |
| 30 | <210> 199 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 199 cgctccagac ctatgatgac t | 21 |
| | <210> 200 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 200 gatccaagg cccaactc | 18 |
| | <210> 201 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 201 gttactggg ggtgtatgg | 19 |
| | <210> 202 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 202 tgtcatgtac gacggcttct | 20 |
| 10 | <210> 203 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 203 gttcgctacg aggattgagc | 20 |
| 25 | <210> 204 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 204 ttctggacct gggaccttag | 20 |
| 40 | <210> 205 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 205 cgtgcctcta caccatcttc | 20 |
| 55 | <210> 206 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 206 agtacaagca ggctgccaag | 20 |
| | <210> 207 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 207 gcttatgacc gaccccaa | 18 |
| | <210> 208 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 208 | |
| | cacacagatc tcctactcca tcca | 24 |
| 10 | | |
| | <210> 209 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 209 | |
| | ctgagtgtgg ttgcggat | 19 |
| 20 | | |
| | <210> 210 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 210 | |
| | ccatctgcat ccatcttgtt | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 211 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 211 | |
| | cagatgacaa tggccacaat | 20 |
| 40 | | |
| | <210> 212 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 212 | |
| | tgcttagtg cggtaaaacc a | 21 |
| 50 | | |
| | <210> 213 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 213 | |
| | ccccaggcac cagcttta | 18 |
| 65 | | |
| | <210> 214 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 214 tgccccaag acactgtgt | 19 |
| 10 | <210> 215 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 215 aagctatgag gaaaagaagt acacgat | 27 |
| 20 | <210> 216 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 216 ctgggctgtg aggctgaga | 19 |
| 35 | <210> 217 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 217 ctgcaggcac tccctgaaat | 20 |
| 45 | <210> 218 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 218 caatgccatc ttgcgtaca t | 21 |
| 55 | <210> 219 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 219 caccatcccc accctgtct | 19 |
| 65 | <210> 220 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 220 cccactcagt agccaagtca | 20 |
| 10 | <210> 221 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 221 ccaaacgtgt aacaattatg cc | 22 |
| 20 | <210> 222 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 222 caagtaccac agcgatgact acattaa | 27 |
| 30 | <210> 223 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 223 tcctgtgctc tggaagcc | 18 |
| 40 | <210> 224 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 224 cgggtgaga agtcagcaa | 20 |
| 55 | <210> 225 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 225 gaaagatagc tcgcgga | 18 |
| 65 | <210> 226 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 226 caggacacaa gtgccagatt | 20 |
| | <210> 227 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 227 tccatgatgg ttctgcaggt t | 21 |
| 20 | <210> 228 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 228 tggcctgtcc attggtgat | 19 |
| 30 | <210> 229 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 229 tccaggatgt taggaactgt gaag | 24 |
| 40 | <210> 230 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 230 agcaggagcg accaactga | 19 |
| | <210> 231 | |
| | <211> 18 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 231 gcagcagtcg gcttctct | 18 |
| | <210> 232 | |
| 65 | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 232 agtgacagat ggacaatgca aga | 23 |
| 10 | <210> 233 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 233 tccttgtgt tccttctgtg aa | 22 |
| 25 | <210> 234 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 234 cgtgccttat ggttacttg g | 21 |
| 40 | <210> 235 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 235 cagcctcaag ttcggtttc | 20 |
| 55 | <210> 236 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 236 ctggaccgca cggacatc | 18 |
| | <210> 237 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 237 gctttccaag tggggaatta | 20 |
| | <210> 238 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 238 cagtctcgcc atgtgaagt | 20 |
| | <210> 239 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 239 ctgctgacgac agtcacta | 19 |
| 20 | <210> 240 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 240 ggctcgcttc gtcttcga | 19 |
| 30 | <210> 241 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 241 ttcagtgtgt ccagtgcatc | 20 |
| | <210> 242 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 242 ggctagtaga actggatccc aaca | 24 |
| | <210> 243 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 243 cctccctctg gtggtgctt | 19 |
| | <210> 244 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 244 ccgactggag gagcataaa | 19 |
| 10 | <210> 245 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 245 gaataccaca cttctgcta caacact | 27 |
| 20 | <210> 246 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 246 gcagacagt accatctaca gctt | 24 |
| 35 | <210> 247 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 247 agaaccgcaa ggtgagcaa | 19 |
| 45 | <210> 248 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 248 tggcctggct cctaattg | 19 |
| 55 | <210> 249 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 249 ggtggagagt ggagccatga | 20 |
| 65 | <210> 250 <211> 21 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 250 gcatggtagc cgaagatttc a | 21 |
| 10 | <210> 251 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 251 ccgtgcttcc ggacaactt | 19 |
| 20 | <210> 252 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 252 tgaaccgcag agaccaacag | 20 |
| 30 | <210> 253 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 253 gggtcactat ggagttcaaa gga | 23 |
| 45 | <210> 254 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 254 gcctccata gctccttacc | 20 |
| 55 | <210> 255 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 255 aaggaacat ctactgtgt gtaaac | 26 |
| 65 | <210> 256 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 256 ggcgcgtgtca tcgatttctt | 20 |
| | <210> 257 | |
| 10 | <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 257 tggaaggttc cacaagtcac | 20 |
| 20 | <210> 258 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 258 accctctggt ggtaaatgga | 20 |
| 30 | <210> 259 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 259 ggcctaattgt tccagatcct | 20 |
| | <210> 260 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 260 acttcctgc gaggtcagtc | 20 |
| | <210> 261 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 261 gtgcccgagc catatagca | 19 |
| | <210> 262 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 262 | |
| | agtcagccg agatgctaag | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 263 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 263 | |
| | ccacagctca cctctgtca | 20 |
| 20 | | |
| | <210> 264 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 264 | |
| | ccatgatcct cactctgtg | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 265 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 265 | |
| | caacgctca gtgatcaatc c | 21 |
| 40 | | |
| | <210> 266 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 266 | |
| | aggccagccc tacattatca | 20 |
| 50 | | |
| | <210> 267 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 267 | |
| | cagtgacaaa cagcccttcc | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 268 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 268 actcggactg cacaagctat t | 21 |
| | <210> 269 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 269 tcagaattgg atttgctca | 20 |
| 20 | <210> 270 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 270 accggggagc cctacatga | 19 |
| 30 | <210> 271 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 271 caaggtgccc tcagtga | 18 |
| | <210> 272 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 272 tcgtgaaaga tgaccaggag | 20 |
| | <210> 273 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 273 tggcttacac tggcaatgg | 19 |
| | <210> 274 | |
| 65 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 274 ctgtcagctg ctgcttgg | 18 |
| 10 | <210> 275 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 275 cggactttgg gtgcgactt | 19 |
| 20 | <210> 276 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 276 aagcccgagg cactcatt | 18 |
| 35 | <210> 277 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 277 gctgggaggc aggacttc | 18 |
| 45 | <210> 278 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 278 gagctccatg gctcatcc | 18 |
| 55 | <210> 279 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 279 tctctgcag gaagccaga | 19 |
| 65 | <210> 280 <211> 25 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 280 aattcctgct ccaaaagaaa gtctt | 25 |
| 10 | <210> 281 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 281 caccctggct tcaacaac | 18 |
| 20 | <210> 282 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 282 gacgtgaggg tcctgattct | 20 |
| 35 | <210> 283 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 283 catcctcatg gattggtgtg | 20 |
| 45 | <210> 284 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 284 ccacctcgcc atgatttttc | 20 |
| 55 | <210> 285 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 285 atgtgccagt gagcttgagt | 20 |
| 65 | <210> 286 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 286 | |
| | tgatggtcca aatgaacgaa | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 287 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 287 | |
| | ctgctggcc aatgccta | 18 |
| 20 | | |
| | <210> 288 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 288 | |
| | cagatgaggc acatggagac | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 289 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 289 | |
| | ctcctggcca acagcact | 18 |
| 40 | | |
| | <210> 290 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 290 | |
| | caaggagact gggaggtgc | 20 |
| 50 | | |
| | <210> 291 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 291 | |
| | actgaccaag cctgagacct | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 292 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 292 actcaagcgg aaattgaagc a | 21 |
| 10 | <210> 293 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 293 agcgaatgaag atggtcgc | 18 |
| 25 | <210> 294 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 294 agcggaaaat ggcagacaat | 20 |
| 40 | <210> 295 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 295 gcttcaggtg ttgtgactgc | 20 |
| 55 | <210> 296 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 296 tgaacagtaa tggggagctg | 20 |
| | <210> 297 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 297 tgcaaacgct ggtgtcaca | 19 |
| | <210> 298 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 298 | |
| | ccaatgggag aacaacgg | 18 |
| 10 | | |
| | <210> 299 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 299 | |
| | ctgcaacacc gaagtggac | 19 |
| 20 | | |
| | <210> 300 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 300 | |
| | agaccaagct ggaagcagag | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 301 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 301 | |
| | acatccaggg ctctgtgg | 18 |
| 40 | | |
| | <210> 302 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 302 | |
| | gacctggcct tgctgaag | 18 |
| 50 | | |
| | <210> 303 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 303 | |
| | agaagctgtc cctgcaagag | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 304 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 304 gacttttgcc cgctacctt c | 21 |
| 10 | <210> 305 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 305 aggatgcct gtcagaagag | 20 |
| 25 | <210> 306 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 306 gtgaaatgaa acgcaccaca | 20 |
| 40 | <210> 307 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 307 acggatctac cacaccattg c | 21 |
| 55 | <210> 308 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 308 gggagatcat cgggacaact c | 21 |
| | <210> 309 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 309 ccaacgcttg ccaaactct | 19 |
| | <210> 310 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 310 ccatgatgga gaggcagaca | 20 |
| 10 | <210> 311 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 311 ggatggtagc agtctaggga ttaact | 26 |
| 20 | <210> 312 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 312 tcacctca tctcaccag gat | 23 |
| 35 | <210> 313 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 313 ccatacgtgc tgctacctgt | 20 |
| 45 | <210> 314 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 314 cgagagtctg taggaggaa acc | 23 |
| 55 | <210> 315 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 315 tcatggtgcc cgtaatg | 18 |
| 65 | <210> 316 <211> 22 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 316 tcacctctggc gatctacttc ct | 22 |
| | <210> 317 | |
| 10 | <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 317 tgagaaacaa actgcaccca | 20 |
| 20 | <210> 318 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 318 gatgcagaat tgaggcagac | 20 |
| 30 | <210> 319 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 319 gctcgtggtt ctgtagtcca | 20 |
| | <210> 320 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 320 gaaggaaatgg gaatcagtca tga | 23 |
| | <210> 321 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 321 gccgagatcg ccaagatg | 18 |
| | <210> 322 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 322 tggtttgag accacgatgt | 20 |
| | <210> 323 | |
| 10 | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 323 taactgacat tcttgagcac cagat | 25 |
| 20 | <210> 324 | |
| | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 324 cgagactctc ctcatagtga aaggtat | 27 |
| 30 | <210> 325 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 325 caaccgaagt ttctactcca gtt | 23 |
| | <210> 326 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 326 gcggaaggtc cctcagaca | 19 |
| | <210> 327 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 327 ccgcaacgtg gtttctca | 19 |
| | <210> 328 | |
| 65 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 328 gtggtttcc ctcggagc | 18 |
| | <210> 329 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 329 gcatcaggct gtcattatgg | 20 |
| 20 | <210> 330 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 330 aggactggga cccatgaac | 19 |
| 30 | <210> 331 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 331 tggctaagtg aagatgacaa tcatg | 25 |
| | <210> 332 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 332 aatattgtg cggggtatgg | 20 |
| | <210> 333 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 333 aagcatgaac aggactgac c | 21 |
| | <210> 334 | |
| 65 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 334 gcaaggaaag ggtcttagtc ac | 22 |
| 10 | <210> 335 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 335 gaaacctctg cgccatga | 18 |
| 25 | <210> 336 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 336 ccattctatc atcaacgggt acaa | 24 |
| 40 | <210> 337 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 337 gttctggttg ctggatttg | 20 |
| 55 | <210> 338 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 338 tcaccacggt cttagcca | 19 |
| | <210> 339 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 339 gggctactgg cagctacatt | 20 |
| | <210> 340 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 340 | |
| | cagcgggatt aaacagtct | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 341 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 341 | |
| | aacagagaca ttgccaacca | 20 |
| 20 | | |
| | <210> 342 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 342 | |
| | acacaaaaat gccatctcaa | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 343 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 343 | |
| | tggtgtgtct ggctactacc t | 21 |
| 40 | | |
| | <210> 344 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 344 | |
| | gactgtgtgc atggcgtg | 18 |
| 50 | | |
| | <210> 345 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 345 | |
| | cctgtgtgacg atgatgaagg a | 21 |
| 65 | | |
| | <210> 346 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 346 actccctgat aaaggggaat tt | 22 |
| | <210> 347 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 347 caccctgcct ctaccaac | 19 |
| 20 | <210> 348 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 348 catggccgtg tagaccctaa | 20 |
| 30 | <210> 349 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 349 accctgagca ctggaggaa | 19 |
| 40 | <210> 350 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 350 agacaaggat gccgtggata a | 21 |
| | <210> 351 | |
| | <211> 22 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 351 gcagaactga agatgggaag at | 22 |
| | <210> 352 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 352 cgcgagcccc tcattataca | 20 |
| 10 | <210> 353 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 353 caagctgaac ggtgtgtcc | 19 |
| 20 | <210> 354 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 30 | <400> 354 agctgggggtg tctgttcat | 20 |
| 35 | <210> 355 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 355 agaggctgaa tatgcaggac a | 21 |
| 45 | <210> 356 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 356 agttgcagaa tctaagcctg gaa | 23 |
| 55 | <210> 357 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 357 atggccaatg ttgatgct | 19 |
| 65 | <210> 358 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 358 | |
| | cccaatcgga agcctaacta | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 359 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 359 | |
| | catctccag gaggaccact | 20 |
| 20 | | |
| | <210> 360 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 360 | |
| | aataccaac gcacaaatga | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 361 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 361 | |
| | cctggaggct gcaacatacc | 20 |
| 40 | | |
| | <210> 362 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 362 | |
| | tgtttgatt cccgggctta | 20 |
| 50 | | |
| | <210> 363 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 363 | |
| | tctccagcaa aagcgatgct t | 21 |
| 65 | | |
| | <210> 364 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 364 gatggagcag gtggctcagt | 20 |
| 10 | <210> 365 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 365 cagccctgag gcaagaga | 18 |
| 25 | <210> 366 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 366 gccaaactgct ttcattgtg | 20 |
| 40 | <210> 367 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 367 accagtcccc cagaagacta | 20 |
| 55 | <210> 368 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 65 | <400> 368 ggatcgagct cttccagatc ct | 22 |
| | <210> 369 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 369 aacaccaatg ggttccatct | 20 |
| | <210> 370 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 370 ctacctgcct tgctttgtga | 20 |
| 10 | <210> 371 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 371 ccagcccaca gaccagtta | 19 |
| 20 | <210> 372 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 372 tggcgaccaa gacacctt | 18 |
| 30 | <210> 373 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 40 | <400> 373 catatcgttg gatcacagca c | 21 |
| 45 | <210> 374 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 374 gcgctgcgga agatcatc | 18 |
| 55 | <210> 375 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador sintético | |
| | <400> 375 gagtcgaccc tgcacctg | 18 |
| 65 | <210> 376 <211> 21 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 376 tggcttcagg agctgaatac c | 21 |
| | <210> 377 | |
| 10 | <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 377 tgcccttaa ggaaccaatg a | 21 |
| 20 | <210> 378 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 378 agtcaatctt cgacacgg | 19 |
| 30 | <210> 379 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| | <400> 379 ctctccagtg tgggcacc | 18 |
| | <210> 380 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 50 | <400> 380 agaggcatcc atgaactca ca | 22 |
| | <210> 381 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 60 | <400> 381 gtatcaggac cacatgcagt acatc | 25 |
| | <210> 382 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador sintético | |
| 5 | <400> 382 tgtcttcagg gtctgtcca | 20 |
| 10 | <210> 383 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 20 | <400> 383 atcgacgctg gtgggtgtac | 20 |
| 25 | <210> 384 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador sintético | |
| 35 | <400> 384 gtggacatcg gatacccaag | 20 |
| 40 | <210> 385 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 385 aggtccctgt tggccttata gg | 22 |
| 55 | <210> 386 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 386 ctccatccac tccaggtctc | 20 |
| | <210> 387 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 387 caagcctgga acctatagcc | 20 |
| | <210> 388 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 388 atagcgctga ccactgcc | 18 |
| | <210> 389 | |
| 10 | <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 389 ggccagcacc ataactctat | 20 |
| 20 | <210> 390 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 390 actagggtgc tccgagtgc | 20 |
| 30 | <210> 391 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 391 atccgctaga actgcaccac | 20 |
| | <210> 392 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 392 tgggcttaga tgcttgactc | 20 |
| | <210> 393 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 393 tgcaaatgct ttgatggaat | 20 |
| | <210> 394 <211> 19 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 394 ctggtcacgg tctccatgt | 19 |
| | <210> 395 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 395 cgggcactca ctgctattac c | 21 |
| 20 | <210> 396 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 396 accagaatc caacagtgc a | 21 |
| 30 | <210> 397 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 397 cacagatggc cagtgttct | 20 |
| | <210> 398 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 398 tgggcgccta aatcctaa | 18 |
| | <210> 399 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 399 gggcacaaat cccgttcag | 19 |
| | <210> 400 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 400 tctgatctcc atctgcctca | 20 |
| 10 | <210> 401 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 401 tgtggacctg atccctgtac ac | 22 |
| 20 | <210> 402 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 402 ccagaggggt gaaggcatag | 20 |
| 35 | <210> 403 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 403 ccagcattag attctccaac ttga | 24 |
| 45 | <210> 404 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 404 gtggcggaga tcaagagg | 18 |
| 55 | <210> 405 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 405 aaccggaaga agtcgatgag | 20 |
| 65 | <210> 406 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 406 ttgcagtggg aagaacagtc | 20 |
| | <210> 407 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 407 cgtgtcgggc ttcagtc | 19 |
| 20 | <210> 408 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 408 tagccataag gtccgctctc | 20 |
| 30 | <210> 409 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 409 aggtctccac acagcacaag | 20 |
| 40 | <210> 410 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 410 ggaatacacg agggcatagt tc | 22 |
| | <210> 411 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 411 acaagcacat ggctatggaa | 20 |
| | <210> 412 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 412 actgtgcag cagcgactt | 20 |
| | <210> 413 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 413 ggagtgcgc atggacaga | 19 |
| 20 | <210> 414 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 414 tgggtgcatt ttcctatgag | 20 |
| 30 | <210> 415 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 415 gcatctgccactcctccat | 20 |
| | <210> 416 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 416 gcatttgccg tggacgat | 18 |
| | <210> 417 | |
| | <211> 23 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 417 tcagatgacg aagacacag atg | 23 |
| | <210> 418 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 418 ctgctcactc ggctcaaact c | 21 |
| 10 | <210> 419 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 20 | <400> 419 gttcaacctc ttctgtgga ctgt | 24 |
| 25 | <210> 420 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 35 | <400> 420 gggcgaagag gatataaggg | 20 |
| 40 | <210> 421 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 421 cgaaggcact actcaatggt ttc | 23 |
| 55 | <210> 422 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 422 ttgccgtcag aaaacatgtc a | 21 |
| | <210> 423 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 423 ctaattgggc tccatctcg | 19 |
| | <210> 424 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 424 tcctgggagg tgaacttagg | 20 |
| 10 | <210> 425 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 425 tgagcgaggt tctccactg a | 21 |
| 20 | <210> 426 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 426 ctcgggttg gcctcttc | 19 |
| 35 | <210> 427 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 427 cctatgattt aagggcattt ttcc | 24 |
| 45 | <210> 428 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 428 ctcagctgac gggaaagg | 18 |
| 55 | <210> 429 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 429 ctgtgtgtc accaggacga | 20 |
| 65 | <210> 430 <211> 21 <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 430 | |
| | ggcaggagtg aatggctctt c | 21 |
| 10 | | |
| | <210> 431 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 431 | |
| | ggtatcttgt ggtgtctgcg | 20 |
| 20 | | |
| | <210> 432 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 432 | |
| | gtggccaaga ggtcagagtc | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 433 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 433 | |
| | tgaagcagtc agttgtgctg | 20 |
| 40 | | |
| | <210> 434 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 434 | |
| | aagacatggc gctctcagtt c | 21 |
| 50 | | |
| | <210> 435 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 435 | |
| | caacagagtt tgccgagaca ct | 22 |
| 65 | | |
| | <210> 436 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 436 gctgattccc aagagtctaa cc | 22 |
| | <210> 437 | |
| 10 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 437 ggcactcggc ttgagcat | 18 |
| 20 | <210> 438 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 438 tgagaccggt ggattggatt | 20 |
| 30 | <210> 439 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 439 aggaccaaag ggagaccaa | 19 |
| 40 | <210> 440 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 440 acggtcctag gtttgagggt aaga | 24 |
| | <210> 441 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 441 gcgacagagg gcttcattt | 20 |
| | <210> 442 | |
| 65 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 442 tgccacggc ttcttac | 18 |
| 10 | <210> 443 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 443 cacgatgtct tcctcctga | 20 |
| 20 | <210> 444 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 444 tcgggttaa gaccagtta cca | 23 |
| 35 | <210> 445 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 445 caatggcctc cattttacag | 20 |
| 45 | <210> 446 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 446 aaaggggtgg gtagaaagga | 20 |
| 55 | <210> 447 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 447 cctctgcacg gtcataaggtt | 20 |
| 65 | <210> 448 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 448 ctgcatgatt ctgagcaggt | 20 |
| | <210> 449 | |
| 10 | <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 449 atgctgactt ccttctggt | 20 |
| 20 | <210> 450 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 450 catcttcttg ggcacacaat | 20 |
| 30 | <210> 451 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 451 cactgcagcc ccaatgct | 18 |
| | <210> 452 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 452 ttcaatgata atgcaaggac tgatc | 25 |
| | <210> 453 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 453 ctggttgtc tggagaaggc | 20 |
| | <210> 454 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 454 cctgacattt ccctgtcct | 20 |
| 10 | <210> 455 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 455 tcatgggcgt atctacgaat | 20 |
| 20 | <210> 456 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 456 gagagagtga gaccacgaag agact | 25 |
| 35 | <210> 457 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 457 tcctgcatt caagaggc | 18 |
| 45 | <210> 458 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 458 acctgtgtt ggattgcag | 20 |
| 55 | <210> 459 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 459 actggggtgg aatgtgtctt | 20 |
| 65 | <210> 460 <211> 21 <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 460 ttgggttgaa gaaatcagtc c | 21 |
| | <210> 461 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 461 ctctccacc ctgggtgt | 19 |
| 20 | <210> 462 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 462 gacctcaggg cgattcatga | 20 |
| 30 | <210> 463 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 463 gcttgactc cacaggtaca ca | 22 |
| | <210> 464 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 464 ctgcattgtg gcacagtct g | 21 |
| | <210> 465 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 465 cttcagtctt ggcctgtca | 20 |
| | <210> 466 | |
| 65 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 466 ggatcccaca cctttacat aa | 22 |
| 10 | <210> 467 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 467 gccgctcatt gatctcca | 18 |
| 20 | <210> 468 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 468 ccgtcattgg cctcttc | 18 |
| 35 | <210> 469 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 469 ctactcatgg gcgggatg | 18 |
| 45 | <210> 470 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 470 ccgccttcag gttctcaat | 19 |
| 55 | <210> 471 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 471 ttgggatgct caaaagcc | 18 |
| 65 | <210> 472 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 472 ctgtggcatt gagtttggg | 19 |
| 10 | <210> 473 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 20 | <400> 473 atgtcaggag tccctccatc | 20 |
| 25 | <210> 474 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 35 | <400> 474 tggcaaatcc gaattagagt ga | 22 |
| 40 | <210> 475 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 475 gtctcagacc ctcccc | 18 |
| 55 | <210> 476 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 476 tgtgactaca gccgtgatcc tta | 23 |
| | <210> 477 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 477 gcctcttgta gggccaatag | 20 |
| | <210> 478 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 478 caaaaccgct gtgtttcttc | 20 |
| | <210> 479 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 479 gcccattgcac tgaagtattg g | 21 |
| 20 | <210> 480 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 480 agtcgtcgag tgctagggac | 20 |
| 30 | <210> 481 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 481 tccgaggcca cagcaaac | 18 |
| 40 | <210> 482 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 482 gacgcagtct ttctgtctgg | 20 |
| | <210> 483 | |
| | <211> 18 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 483 tgacagagcag cactggag | 18 |
| | <210> 484 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 484 cgctgcagaa aatgaaacga | 20 |
| | <210> 485 | |
| 10 | <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 485 cagagcgggc agcagaata | 19 |
| 20 | <210> 486 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 486 tcgatctct catcatctgg | 20 |
| 30 | <210> 487 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 487 tgcgggactt gggaaaga | 18 |
| | <210> 488 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 488 tgttggtacc cctgtgttg | 20 |
| | <210> 489 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 489 cagtggtagg tgatgtctg gga | 23 |
| | <210> 490 <211> 19 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 490 aaactggctg ccagcattg | 19 |
| 10 | <210> 491 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 20 | <400> 491 ctccttggtg tcacccatga g | 21 |
| 25 | <210> 492 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 35 | <400> 492 ggctgctaga gaccatggac at | 22 |
| 40 | <210> 493 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 493 ctccccatta caagtgtga | 20 |
| 55 | <210> 494 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 494 gaactccctg gagatgaaac c | 21 |
| | <210> 495 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 495 cacatgcatg gaccttgatt | 20 |
| | <210> 496 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 496 atccctcgga ctgcctct | 18 |
| | <210> 497 | |
| 10 | <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 497 caactgtcc tggctacaa actca | 25 |
| 20 | <210> 498 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 498 cctgcagaga tgggtatgaa | 20 |
| 30 | <210> 499 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 499 ctagaggctg gtgccactgt | 20 |
| | <210> 500 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 500 catcacgtct ccgaactcc | 19 |
| | <210> 501 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 501 agttgtaatg gcaggcacag | 20 |
| | <210> 502 <211> 21 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 502 tcagctccat tgaatgtgaa a | 21 |
| | <210> 503 | |
| 10 | <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 503 gggacagctt gtagccttg c | 21 |
| 20 | <210> 504 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 504 accattgcag ccctgattg | 19 |
| 30 | <210> 505 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 505 ctgttctcca agccaagaca | 20 |
| | <210> 506 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 506 tagggaagtg atgggagagg | 20 |
| | <210> 507 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 507 ttgagatgc ttgacgttg | 20 |
| | <210> 508 <211> 19 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 508 caatgcggca tatactggg | 19 |
| | <210> 509 | |
| 10 | <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 509 aggataaggc caaccatgat gt | 22 |
| 20 | <210> 510 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 510 gccagcattg ccattatct | 19 |
| 30 | <210> 511 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 511 caccatggcg atgtacttc c | 21 |
| | <210> 512 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 512 gggaatgtgg tagcccaaga | 20 |
| | <210> 513 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 513 gtggctgcat tagtgccat | 20 |
| | <210> 514 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 514 | |
| | accaaagatg ctgtgtcca | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 515 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 515 | |
| | tgaatgccat cttctcca | 20 |
| 20 | | |
| | <210> 516 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 516 | |
| | gagcgtcggg tgcaaatc | 18 |
| 30 | | |
| | <210> 517 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 517 | |
| | caccaccca agtatccgta ag | 22 |
| 40 | | |
| | <210> 518 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | | |
| | <400> 518 | |
| | cgatgtccc ttcgatggag | 20 |
| 55 | | |
| | <210> 519 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 60 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 519 | |
| | ggcagtgaag gcgataaagt | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 520 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 520 cacctcttgc tgtcccttg | 20 |
| 10 | <210> 521 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 521 agaaggaagg tccagccg | 18 |
| 20 | <210> 522 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 522 ccatgaggcc caacttct | 19 |
| 35 | <210> 523 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 523 cctgccgcat tgtttcag | 19 |
| 45 | <210> 524 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 524 aatgcgtatc tgccacgac | 20 |
| 55 | <210> 525 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 525 gacaaacacc cttctccag | 20 |
| 65 | <210> 526 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 526 | |
| | ctcgtcccgg ttcacag | 18 |
| 10 | | |
| | <210> 527 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 527 | |
| | caggcctcag ttcctcagt | 20 |
| 20 | | |
| | <210> 528 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 528 | |
| | ccaacagtag agccagttgc | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 529 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 529 | |
| | tggacctagg gctccaagt c | 21 |
| 40 | | |
| | <210> 530 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | | |
| | <400> 530 | |
| | caggccgtaa ggagctgtct | 20 |
| 55 | | |
| | <210> 531 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 60 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 531 | |
| | ttacacatcc aaccagtgcc | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 532 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 532 accacagcat gggtgagag | 19 |
| | <210> 533 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 533 ccgttgtaac gttgactgga | 20 |
| 20 | <210> 534 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 534 ggcgcgtgact tccttgac | 18 |
| 30 | <210> 535 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 535 tgttgagatt cctcgagtt | 20 |
| | <210> 536 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 536 ctccagctta gggtagtgt ccat | 24 |
| | <210> 537 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 537 tgcctgagaa gaggtgaggt | 20 |
| | <210> 538 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 538 ttggtagtgc tccacacgat | 20 |
| | <210> 539 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 539 gatgaggatg tcccgatga | 20 |
| 20 | <210> 540 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 540 gaacagctgg aggccaagtc | 20 |
| 30 | <210> 541 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 541 cggtcacgga gccaatct | 18 |
| | <210> 542 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 542 tgttcaaagg ttgacatgc | 20 |
| | <210> 543 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 543 tgcactgctt ggccttaaag a | 21 |
| | <210> 544 | |
| 65 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 544 gtggcgtgcc tcgaagtc | 18 |
| | <210> 545 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 545 gtaatgctgt ccacggtgc | 19 |
| 20 | <210> 546 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 546 aggtacctct cggtcagtg | 20 |
| 30 | <210> 547 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 547 tgttctagcg atcttgcttc aca | 23 |
| | <210> 548 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 548 caaggcatat cgatcctcat aaagt | 25 |
| | <210> 549 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 549 cggccaggat acacatctta | 20 |
| | <210> 550 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 550 cctccgccag gtcttagt | 19 |
| | <210> 551 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 551 tctccgagga acccttgg | 19 |
| 20 | <210> 552 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 552 ctgtccaatt gctgattgt t | 21 |
| 30 | <210> 553 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 553 tgtagggcag acttctcaa aca | 23 |
| | <210> 554 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 554 agtctcttgg gcatcgagtt | 20 |
| | <210> 555 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 555 ggctagtggg cgcatgtag | 19 |
| | <210> 556 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 556 tgaccaggaa ctgccacag | 19 |
| | <210> 557 | |
| 10 | <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 557 caccgaacac tccctagtcc | 20 |
| 20 | <210> 558 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 558 aaccggtgct ctccacattc | 20 |
| 30 | <210> 559 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 559 ggaagtgggt catgtggg | 18 |
| 40 | <210> 560 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 560 gcttgcccg gtagctct | 18 |
| | <210> 561 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 561 gagtgagaat tcgatccaag tcttc | 25 |
| | <210> 562 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 562 acgagactcc agtgctgatg | 20 |
| | <210> 563 | |
| 10 | <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 563 ctctctgggt cgtctgaaac aa | 22 |
| 20 | <210> 564 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 564 caaactggtc ccggtcct | 18 |
| 30 | <210> 565 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 565 acacggtagc cggtcact | 18 |
| | <210> 566 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 566 ggagcgggct gtctcaga | 18 |
| | <210> 567 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 567 cttgacgaag cactcgttga | 20 |
| | <210> 568 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 568 acggctgtgt tactgaaggt | 20 |
| | <210> 569 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 569 ggtcgtccat tggaatcct | 19 |
| 20 | <210> 570 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 570 gtggaggaac tctgggaatg | 20 |
| 30 | <210> 571 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 571 ggcacaaac ttgccattgg a | 21 |
| | <210> 572 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 572 tgaagtaatc agccacagac tcaat | 25 |
| | <210> 573 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 573 ctcctcagac accactgcat | 20 |
| | <210> 574 | |
| 65 | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 574 ggtggttttc ttgagcgtgt act | 23 |
| | <210> 575 | |
| 10 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 575 gaagatagct gagggctgtg ac | 22 |
| 20 | <210> 576 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 576 cccggcaaaa acaaataagt | 20 |
| 30 | <210> 577 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 577 tgggagtca tgggtacaga | 20 |
| | <210> 578 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 578 gatgggattt ccattgatga ca | 22 |
| | <210> 579 | |
| | <211> 26 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 579 gagtcagaat ggcttattca cagatg | 26 |
| | <210> 580 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 580 agaagctagg gtggtgtcc | 20 |
| | <210> 581 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 581 tgaggagttt gccttgattc g | 21 |
| 20 | <210> 582 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 582 cacagaatcc agctgtgcaa ct | 22 |
| 30 | <210> 583 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 583 acagtggaag gaccaggact | 20 |
| | <210> 584 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 584 agccattgca gctaggtgag | 20 |
| | <210> 585 | |
| | <211> 23 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 585 aaataccaac atgcacctct ctt | 23 |
| | <210> 586 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 586 | |
| | agtccacagt gttgggacaa | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 587 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 587 | |
| | tgcttaccca cttctgc | 18 |
| 20 | | |
| | <210> 588 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 588 | |
| | aaagagctgt gagtggctgg | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 589 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 589 | |
| | atgttcacca ccaggatcag | 20 |
| 40 | | |
| | <210> 590 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 590 | |
| | gcagctcagg gaagtcaca | 19 |
| 50 | | |
| | <210> 591 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 591 | |
| | aaagttccag gcaacatcgt | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 592 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 592 ggtccagcag tgtctcctga a | 21 |
| | <210> 593 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 593 tactccctgg ctctcgctt | 19 |
| 20 | <210> 594 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 594 ggccaccagg gtattatctg | 20 |
| 30 | <210> 595 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 595 gaagccttc ttccacagc | 20 |
| | <210> 596 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 596 caagagcctg aatgcgtcag t | 21 |
| | <210> 597 | |
| | <211> 23 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 597 acttcggctg tgggtatat gca | 23 |
| | <210> 598 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 598 gaggtccgtg gtagcgttct c | 21 |
| 10 | <210> 599 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 20 | <400> 599 ggcccagctt gaattttca | 20 |
| 25 | <210> 600 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 35 | <400> 600 gcgaatctgc tcctttctg a | 21 |
| 40 | <210> 601 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 601 ccaagaaacc atggctgctt | 20 |
| 55 | <210> 602 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 602 gtccactcga atcttttctt ctca | 25 |
| | <210> 603 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 603 ggcctcagtg tgcatttc t | 21 |
| | <210> 604 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 604 cacgcaggtg gtatcagtct | 20 |
| 10 | <210> 605 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 605 tcttaagcac gttctccacg | 20 |
| 20 | <210> 606 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 606 gcttgctgta ctccgacatg tt | 22 |
| 35 | <210> 607 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 607 ctccacggtc tcagtgatc t | 21 |
| 45 | <210> 608 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 608 cctctcgcaa gtgctccat | 19 |
| 55 | <210> 609 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 609 ggaggtgctt cactgtcatt t | 21 |
| 65 | <210> 610 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 610 | |
| | gcaggagct ggagtagc | 18 |
| 10 | | |
| | <210> 611 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 611 | |
| | tgagcagcac catcagtaac g | 21 |
| 20 | | |
| | <210> 612 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 612 | |
| | gctgtcatc tgcagcagtg tt | 22 |
| 30 | | |
| | <210> 613 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 613 | |
| | gcgtgtctgc gtagtagctg tt | 22 |
| 40 | | |
| | <210> 614 | |
| | <211> 28 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 614 | |
| | gtttgccaag ttaaatttgg tacataat | 28 |
| 50 | | |
| | <210> 615 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 615 | |
| | gggagggaga agagattcga t | 21 |
| 65 | | |
| | <210> 616 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 616 ccgagtcgcc actgctaagt | 20 |
| | <210> 617 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 617 ggcaataaac aggctcatga ttaa | 24 |
| 20 | <210> 618 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 618 cacaggggtt cagcgagc | 18 |
| 30 | <210> 619 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 619 gttggaagca aacgcaca | 18 |
| | <210> 620 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 620 cgctcgca aagacttg | 18 |
| | <210> 621 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 621 tgcctgcgat attgttagg | 20 |
| | <210> 622 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 622 ataaacgctt caaatttctc tctg | 24 |
| 10 | <210> 623 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 623 caggttcgct ctggaag | 18 |
| 20 | <210> 624 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 624 gcacaggttc gctctggaa | 19 |
| 35 | <210> 625 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 625 atctgttcc attggctcct | 20 |
| 45 | <210> 626 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 626 ggtctgccca aatgcttttc | 20 |
| 55 | <210> 627 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 627 gctacatcta cacttggttg gcttaa | 26 |
| 65 | <210> 628 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 628 atgctggctg actctgctc | 19 |
| | <210> 629 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 629 ggattgcagc taaccctgta tacc | 24 |
| 20 | <210> 630 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 630 cttctgagac ctctggcttc gt | 22 |
| 30 | <210> 631 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 631 tccaactgaa ggtccctgat g | 21 |
| 40 | <210> 632 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 632 tgcaatcatg caagaccac | 19 |
| | <210> 633 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 633 gctcgttcag cttcacattg c | 21 |
| | <210> 634 | |
| 65 | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 634 ttccggtaa tagtctgtct catagatc | 30 |
| | <210> 635 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 635 tggactgctt ccaggtgtca | 20 |
| 20 | <210> 636 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 636 gtcttgaca cccgcagaat | 20 |
| 30 | <210> 637 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 637 gggtctgaat ggccaggtt | 19 |
| | <210> 638 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 638 cagagctctt gcatgtggag | 20 |
| | <210> 639 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 639 atcaggaagg ctgccaagag | 20 |
| | <210> 640 | |
| 65 | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 640 tggagcttat taaaggcatt ctca | 25 |
| | <210> 641 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 641 tcttgacctt gcagctttgt | 20 |
| 20 | <210> 642 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 642 ggccccaatg aaatagactg | 20 |
| 30 | <210> 643 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 643 aaaattgtgc cttggaggag | 20 |
| | <210> 644 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 644 aactccgagt ggtgatcca | 19 |
| | <210> 645 | |
| | <211> 23 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 645 cggtagtggt tgatgactgt tga | 23 |
| | <210> 646 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 646 agaaggtatc agggctggaa | 20 |
| | <210> 647 | |
| 10 | <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 647 cctcagtgcc agtctcttc | 20 |
| 20 | <210> 648 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 648 gaagctttgt agccggtgat | 20 |
| 30 | <210> 649 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 649 gtctggccgg gattcttt | 18 |
| | <210> 650 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 650 gtcttctcca cagtccagca | 20 |
| | <210> 651 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 651 gtttagcctc atgggcgtc | 19 |
| | <210> 652 <211> 20 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 652 tgccatcacc attgaaatct | 20 |
| | <210> 653 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 653 cctgagctta gctggtgttg | 20 |
| 20 | <210> 654 | |
| | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 654 ccttaagctc tttcactgac tcaatct | 27 |
| 30 | <210> 655 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 655 gcgcacacct tcatctcat | 19 |
| | <210> 656 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 656 ggtgaacatc atgacgcagt | 20 |
| | <210> 657 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 657 gcatagctgt gagatgcgg | 19 |
| | <210> 658 | |
| 65 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 658 agggggtgtc cgtaaagg | 18 |
| 10 | <210> 659 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 659 ttacaactct tccactggga cgat | 24 |
| 20 | <210> 660 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 660 tgtctgtgag ctggtcctg | 20 |
| 35 | <210> 661 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 661 gaagcaggtc agagtgcgc | 20 |
| 45 | <210> 662 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 662 tcacaccac tgaatcctac tg | 22 |
| 55 | <210> 663 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 663 ccgtagggcc aattcagac | 19 |
| 65 | <210> 664 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 664 cgtgatgcga agctctgaga | 20 |
| | <210> 665 | |
| 10 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 665 catcttcacc agcatgatgt ca | 22 |
| 20 | <210> 666 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 666 tcctcactca tcacgtctc | 20 |
| 30 | <210> 667 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 667 gccaaacccat tcattgtcac | 20 |
| | <210> 668 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 668 gcaatctctt caaacacttc atcct | 25 |
| | <210> 669 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 669 tgagcccctg gttaacagta | 20 |
| | <210> 670 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 670 | |
| | aagcttcaca agtggggc | 19 |
| 10 | | |
| | <210> 671 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 671 | |
| | tgattgtccg cagtcagg | 18 |
| 20 | | |
| | <210> 672 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 672 | |
| | ttgaaatggc agaacggtag | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 673 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 673 | |
| | acacaaggcc cagcctct | 18 |
| 40 | | |
| | <210> 674 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 674 | |
| | cggcagaact gacagtgttc | 20 |
| 50 | | |
| | <210> 675 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | | |
| | <400> 675 | |
| | gtcacacttg cagcatttca | 20 |
| 65 | | |
| | <210> 676 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 676 actccctgaa gccgagacac t | 21 |
| | <210> 677 | |
| 10 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 677 gacatggcag cacaagca | 18 |
| 20 | <210> 678 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 678 cttgagggtt tgggttcca | 20 |
| 30 | <210> 679 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 679 aagagctgcc catcctctc | 20 |
| | <210> 680 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 680 ttctgggaac tgctggaag | 19 |
| | <210> 681 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 681 ccccacgagt tctggtctt c | 21 |
| | <210> 682 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 682 cgctgaggct ggtactgtg | 19 |
| | <210> 683 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 683 gtctctggac acaggctgg | 19 |
| 20 | <210> 684 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 684 gaggaatgga aagacctcgg | 20 |
| 30 | <210> 685 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 685 gcagacacaa tggaaagaac c | 21 |
| | <210> 686 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 686 cggacagttt cttccggtt | 19 |
| | <210> 687 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 687 agccgtacca gctcagactt | 20 |
| | <210> 688 | |
| 65 | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 688 gccactaact gcttcagtat gaagag | 26 |
| | <210> 689 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 689 tgcacataag caacagcaga | 20 |
| 20 | <210> 690 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 690 gaccctgctc acaaccagac | 20 |
| 30 | <210> 691 | |
| | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 691 tccatatcca acaaaaaaac tcaaag | 26 |
| | <210> 692 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 692 gggcctgggt gaaaagcat | 19 |
| | <210> 693 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 693 acggtagtga cagcatcaaa actc | 24 |
| | <210> 694 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 694 ggagtcggtc cttaccgtca a | 21 |
| | <210> 695 | |
| 10 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 695 ggaatgtccc atacccaaag aa | 22 |
| 20 | <210> 696 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 696 tgtcaccgtg atctcttgg taa | 23 |
| 30 | <210> 697 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 697 cctaaagggtt tgaatggcag a | 21 |
| | <210> 698 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 698 ggttccgata ttggtgggtc ttac | 24 |
| | <210> 699 | |
| | <211> 23 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 699 cgattgtctt tgctctcat gtg | 23 |
| | <210> 700 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 700 ccgttgagtg gaatcagcaa | 20 |
| 10 | <210> 701 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 20 | <400> 701 caaggcctca aatctcaagg | 20 |
| 25 | <210> 702 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 35 | <400> 702 tcttggaag tcggttaaga | 20 |
| 40 | <210> 703 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 703 acaaaggag agcgtgaagt | 20 |
| 55 | <210> 704 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 704 gtctattaga gtcagatccg ggacat | 26 |
| | <210> 705 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 705 ctttgatgg tagagtcca gtgattc | 27 |
| | <210> 706 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 706 tgaatcatgc cagtgtgta | 20 |
| | <210> 707 | |
| 10 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 707 atggcttgcc cacaatgc | 18 |
| 20 | <210> 708 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 708 ctggcgtgt ggaaatctac ag | 22 |
| 30 | <210> 709 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 709 cctcagtcca taaaccacac tatca | 25 |
| | <210> 710 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 710 tgatgatcta agttcccga gggt | 24 |
| | <210> 711 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 711 tgctgggtt ctctcctgt t | 21 |
| | <210> 712 | |
| 65 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 712 agcaagggaa cagcctcat | 19 |
| 10 | <210> 713 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 20 | <400> 713 agtagttgtg ctgcccttc | 20 |
| 25 | <210> 714 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 35 | <400> 714 cccataatcc tgagcaatgg | 20 |
| 40 | <210> 715 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 715 tgcacatatc attacaccag ttcgt | 25 |
| 55 | <210> 716 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 716 aacgagatcc ctgtgcttgt | 20 |
| | <210> 717 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 717 cctccccaag tcagttgc | 18 |
| | <210> 718 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 718 acacctgcac aattctccg | 19 |
| | <210> 719 | |
| 10 | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 719 ttctttgcg ctcagcc | 18 |
| 20 | <210> 720 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 720 tcagcaagtg ggaaggtgta ate | 23 |
| 30 | <210> 721 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 721 ccttaaagcg gactccagg | 19 |
| | <210> 722 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 722 tctcctgta ggctggca | 18 |
| | <210> 723 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 723 ctctcagcat cggtaacaagg | 20 |
| | <210> 724 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 724 atctgcttg aagcagtgag | 20 |
| | <210> 725 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 725 gtgattgcc caggaaagtt t | 21 |
| 20 | <210> 726 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 726 ttatcccca ggaattgt | 20 |
| 30 | <210> 727 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 727 tccccctac tcagctgaa ct | 22 |
| | <210> 728 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 728 cgagtacttg tggaagggtg ac | 22 |
| | <210> 729 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 729 gcgaggtaat ttgtgccctt t | 21 |
| | <210> 730 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 730 tgaggacact cggctcttag c | 21 |
| 10 | <210> 731 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 20 | <400> 731 ctagccccac agccaaga | 18 |
| 25 | <210> 732 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 35 | <400> 732 agttttaagg gtgccccg | 18 |
| 40 | <210> 733 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 733 gagacttgg gggattcca | 19 |
| 55 | <210> 734 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 65 | <400> 734 gaagtccacc tggcatctc | 20 |
| | <210> 735 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 735 cccttccaa acttgaggc | 19 |
| | <210> 736 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 736 cactcgccgt tgacatcct | 19 |
| | <210> 737 | |
| 10 | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 737 tgcaagctgt ctttgagcc | 19 |
| 20 | <210> 738 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 738 acagcaaggc gagcataaat | 20 |
| 30 | <210> 739 | |
| | <211> 18 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 739 ctatcggcct cagcatgg | 18 |
| | <210> 740 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 740 tgagttttt gcgagagtat tgaca | 25 |
| | <210> 741 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 741 acacttcaag tcacgcttgc | 20 |
| | <210> 742 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 742 gtagggctgc tggaaggtaa | 20 |
| | <210> 743 | |
| 10 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 743 tccgaccttc aatcattca | 20 |
| 20 | <210> 744 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 744 ggagacaatg caaaccacac | 20 |
| 30 | <210> 745 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 745 tacaatggct ttggaggata gca | 23 |
| | <210> 746 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 746 caaagctgtc agctctagca aaag | 24 |
| | <210> 747 | |
| | <211> 22 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 747 ttcatccctc gatatggctt ct | 22 |
| | <210> 748 | |
| 65 | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 748 agtctggaac atgtcagtct tgatg | 25 |
| | <210> 749 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 749 cgagcatttg tctcatcctt t | 21 |
| 20 | <210> 750 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 750 actcaggccc atttccttta | 20 |
| 30 | <210> 751 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 751 cctggtgctg ttgtgatgg | 20 |
| | <210> 752 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 752 gccaccgata tagcgctgtt | 20 |
| | <210> 753 | |
| | <211> 20 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 753 cctcttcac aggccaaact | 20 |
| | <210> 754 | |
| 65 | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 754 accgaaattg gagagcatgt | 20 |
| | <210> 755 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 755 ttcagagaaa ggaggtgtgg a | 21 |
| 20 | <210> 756 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 756 gggaaagtgg tacgtcttg ag | 22 |
| 30 | <210> 757 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 757 ttggccagat ctaacctga | 20 |
| | <210> 758 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 758 gcttgagggt ctgaatcttg ct | 22 |
| | <210> 759 | |
| | <211> 18 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 60 | <400> 759 gcgaatgcca tgactgaa | 18 |
| | <210> 760 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | <400> 760 tgctgtcgtg atgagaaaat agtg | 24 |
| 10 | <210> 761 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 761 gcttcaacgg caaagttctc tt | 22 |
| 20 | <210> 762 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 30 | <400> 762 gtactgagcg atggagcgt | 19 |
| 35 | <210> 763 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 40 | <400> 763 gcggtgtagc tcccagagt | 19 |
| 45 | <210> 764 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| 50 | <400> 764 caaactccac agtacttggg ttga | 24 |
| 55 | <210> 765 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 765 tgtcgggaatt gatactggca tt | 22 |
| 65 | <210> 766 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---------------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| 5 | | |
| | <400> 766 | |
| | gtgcacgtgg atgaaagagt | 20 |
| 10 | | |
| | <210> 767 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 767 | |
| | agctccctgt tgcattggact t | 21 |
| 20 | | |
| | <210> 768 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Cebador inverso sintético | |
| | <400> 768 | |
| | gcagacaaaa gttggaaggc | 20 |
| 30 | | |
| | <210> 769 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 769 | |
| | atgcctacag caccctgatg tcgca | 25 |
| 40 | | |
| | <210> 770 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 770 | |
| | cgctcaaag gaccagacct cctc | 24 |
| 50 | | |
| | <210> 771 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | | |
| | <400> 771 | |
| | ctcgccaatg atgctgctca agtt | 24 |
| 65 | | |
| | <210> 772 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 772 ccatgagctg tagccgaatg tcca | 24 |
| | <210> 773 | |
| 10 | <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 773 ctgcacacgg ttctaggctc eg | 22 |
| 20 | <210> 774 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 774 tctgtcttac aagccattg accg | 24 |
| 30 | <210> 775 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 775 cccgagaaa gcacatgga ttcc | 24 |
| | <210> 776 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 776 ctctgtcacc aatgtggacc tgee | 24 |
| | <210> 777 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 777 tgtaggtatc tcttagtccc gccatctga | 29 |
| | <210> 778 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 778 ctgacactca tctgagccct ccca | 24 |
| | <210> 779 | |
| 10 | <211> 28 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 779 tgctactgc aaaggcgtgt cctactgc | 28 |
| 20 | <210> 780 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 780 ctgcgctgga tggacaccgc | 20 |
| 30 | <210> 781 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 781 cacacagggt gccatcaatc acct | 24 |
| 40 | <210> 782 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 782 cgagtgaag tgctcccccac ttct | 24 |
| | <210> 783 | |
| | <211> 28 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 783 cgatctcagc ctgtttgtgc atctcgat | 28 |
| | <210> 784 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 784 caacacgtca ccacccttg ctct | 24 |
| 10 | <210> 785 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 785 tgaccacacc aaagcctccc tgg | 23 |
| 20 | <210> 786 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 786 acctcagtc aaagtcctg aggc | 24 |
| 35 | <210> 787 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 787 tcacgtaca caatcttcc gga | 23 |
| 45 | <210> 788 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 788 ccagttcctg ccgtctgctc ttct | 24 |
| 55 | <210> 789 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 789 ctgcagcgtc aatctccgct tg | 22 |
| 65 | <210> 790 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 790 aagctgacac agccctcca agtg | 24 |
| 10 | <210> 791 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 791 ccaccacaca ggtacagcag cgct | 24 |
| 20 | <210> 792 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 792 ctatgacgat gccctcaacg cctc | 24 |
| 30 | <210> 793 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 793 cttcgggaa gccaggccct t | 21 |
| 45 | <210> 794 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 794 actggatcct ggccaccgac tatg | 24 |
| 55 | <210> 795 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 795 ctgtccttg ggtcaccctg ca | 22 |
| 65 | <210> 796 <211> 21 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 796 acaccagcgg tgccgactac c | 21 |
| | <210> 797 | |
| 10 | <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 797 ctagagccat ccttgccat cctg | 24 |
| 20 | <210> 798 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 798 caagaatctt gcagcagcat ggct | 24 |
| 30 | <210> 799 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 799 tgacgagcag cgaacagcca eg | 22 |
| | <210> 800 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 800 aggagtatga cgagtcggc ccc | 23 |
| | <210> 801 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 801 aggctcagtg atgtctccc tgtcaccag | 29 |
| | <210> 802 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 802 tgggccaga gcatgtcca gate | 24 |
| | <210> 803 | |
| 10 | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 803 cccaattaac atgaccggc aaccat | 26 |
| 20 | <210> 804 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 804 agatgtgccg gtaccccac etc | 23 |
| 30 | <210> 805 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 805 ccagcctgca gacaactggc etc | 23 |
| | <210> 806 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 806 tgccactcg aaaaagacct ctgg | 25 |
| | <210> 807 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 807 catcatggga ctctgccct tacc | 24 |
| | <210> 808 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 808 agtcacgacc cctgccctca c | 21 |
| | <210> 809 | |
| 10 | <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 809 cagccctggg aactttgtcc tgacc | 25 |
| 20 | <210> 810 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 810 ctttccgttg gcatccgcaa cag | 23 |
| 30 | <210> 811 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 811 ttccacgccg aaggacagcg at | 22 |
| | <210> 812 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 812 tccgggtagc tctcaaactc gagg | 24 |
| | <210> 813 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 813 caagggtctc cagcacctct acgc | 24 |
| | <210> 814 <211> 23 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 814 ccggtaact gtggcctgtg ccc | 23 |
| | <210> 815 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 815 ctctactgt gacagccac ctcg | 24 |
| 20 | <210> 816 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 816 ctgtgttga ctcagcctca ggga | 24 |
| 30 | <210> 817 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 817 cagtcggccc aggacgtct act | 23 |
| | <210> 818 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 818 tgctgggagc ctacacttg ccc | 23 |
| | <210> 819 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 819 tacagtcca gcaccgacaa ttcc | 24 |
| | <210> 820 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 820 cctcgcttg tttaacagcc cagg | 24 |
| | <210> 821 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 821 ttacagcgac agtcatggcc gcat | 24 |
| 20 | <210> 822 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 822 ccggagtcct agcctccaa attc | 24 |
| 30 | <210> 823 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 823 cctgctctgt tctgggtcc aaac | 24 |
| 40 | <210> 824 | |
| | <211> 19 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 824 caggtcccat tgccgggcg | 19 |
| | <210> 825 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 825 tgattcccg ttccgctcgg ttct | 24 |
| | <210> 826 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 826 catggctacc acttcgacac agcc | 24 |
| 10 | <210> 827 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 827 aaagcacacc gctggcagga c | 21 |
| 20 | <210> 828 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 828 tggcctcaca aggactaccc tctcatcc | 28 |
| 35 | <210> 829 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 829 atttcagctg atcagtgggc ctcc | 24 |
| 45 | <210> 830 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 830 cataatacat tcacctccct gcctcctc | 28 |
| 55 | <210> 831 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 831 cgcttcatct tggctgaggt cctc | 24 |
| 65 | <210> 832 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 832 ctctgctgac actcgagccc acat | 24 |
| | <210> 833 | |
| 10 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 833 acagagccct ggcaaagcca ag | 22 |
| 20 | <210> 834 | |
| | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 834 tgtctccatt attgatcggt tcatgca | 27 |
| 30 | <210> 835 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 835 taccgcat ccatgatgc ca | 22 |
| | <210> 836 | |
| | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 836 cccagataat acaggtggcc aacaattcct | 30 |
| | <210> 837 | |
| | <211> 25 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 837 tggaataagt acctaaggcg ccccc | 25 |
| | <210> 838 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 838 ctccatccc agtgagcca a | 21 |
| | <210> 839 | |
| 10 | <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 839 cgcaccattc ggtcattga gg | 22 |
| 20 | <210> 840 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 840 ctgttgactg cagggcacca cca | 23 |
| 30 | <210> 841 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 841 caggtccctt gtccaagtt ccac | 24 |
| | <210> 842 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 842 ccctgctacc aatatggact ccagtca | 27 |
| | <210> 843 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 843 caccgacagc acagacagaa tccc | 24 |
| | <210> 844 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 844 caccaagccc agaggacagt tcct | 24 |
| | <210> 845 | |
| 10 | <211> 28 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 845 ctccaagccc agattcagat tcgagtca | 28 |
| 20 | <210> 846 | |
| | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 846 tcagcttcta caactggaca gacaacgctg | 30 |
| 30 | <210> 847 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 847 actggccgtg gcactggaca aca | 23 |
| 40 | <210> 848 | |
| | <211> 28 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 848 tgtccctgtt agacgtcctc cgtccata | 28 |
| | <210> 849 | |
| | <211> 23 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 849 ctccccgtcg atgccagaga act | 23 |
| | <210> 850 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 850 tgctccacta acaaccctcc tgcc | 24 |
| | <210> 851 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 851 aattcctgca tggccagttt cctc | 24 |
| | <210> 852 | |
| 20 | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 852 ctgccaaga gcctgcatc cag | 23 |
| 30 | <210> 853 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 853 ccttctgccc atagtgatca gcga | 24 |
| | <210> 854 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 854 ccaaccaga tgaaatcggc aact | 24 |
| | <210> 855 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 855 ccagtcgcct cagtaaagcc acct | 24 |
| | <210> 856 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 856 cacaacatcc ctggtgaacg tcgt | 24 |
| | <210> 857 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 857 atcacccatc atcatccaat cgca | 24 |
| 20 | <210> 858 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 858 tcctccac cccagtcct gtc | 23 |
| 30 | <210> 859 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 859 aaaatgagac tctccgtcgg cage | 24 |
| | <210> 860 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 860 caggccctct teegageggt | 20 |
| | <210> 861 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 861 ctcaattgg caagcccagg c | 21 |
| | <210> 862 | |
| 65 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 862 tgctgatgtg ccctctcctt gg | 22 |
| 10 | <210> 863 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 863 acccattctt ctcccagccg gg | 22 |
| 20 | <210> 864 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 864 acaccctact ccctgtgcct ccag | 24 |
| 35 | <210> 865 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 865 agctgatgag tctgccctac cgcctg | 26 |
| 45 | <210> 866 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 866 tgaagtctcc agctttgcct cage | 24 |
| 55 | <210> 867 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 867 caccaggacc acaaagcctg ttg | 24 |
| 65 | <210> 868 <211> 18 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 868 ctgcgcccgc tettegeg | 18 |
| | <210> 869 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 869 cgcacagaca agccttactc cgcc | 24 |
| 20 | <210> 870 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 870 cggaagaat tcgcttcac ctg | 23 |
| 30 | <210> 871 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 871 cccttcagcc tgccccaccg | 20 |
| | <210> 872 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 872 actcagttac cgagccacgt cacg | 24 |
| | <210> 873 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 873 tcctgcgcct gatgtccacc g | 21 |
| | <210> 874 | |
| 65 | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 874 tctcctagcc agacgtgttt cttgccttg | 30 |
| 10 | <210> 875 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 875 cctgcagccc atccacaacc t | 21 |
| 20 | <210> 876 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 876 cctcctcctg ttgctgccac taatgct | 27 |
| 35 | <210> 877 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 877 cgaaacgcta ttctcacagg ttcagc | 26 |
| 45 | <210> 878 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 878 tgttcacct gccgctcttc atgt | 24 |
| 55 | <210> 879 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 879 ccgattccaa aagaccatca ggttct | 26 |
| 65 | <210> 880 <211> 23 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 880 ttgctgaat gctccagcca agg | 23 |
| | <210> 881 | |
| 10 | <211> 28 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 881 tcagatggag acctcgtgcc aaattaca | 28 |
| 20 | <210> 882 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 882 agccactccc cacgctgttg t | 21 |
| 30 | <210> 883 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 883 cgcagatccg atttctctgg gate | 24 |
| | <210> 884 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 884 tcccgatggt ctgcagcagc t | 21 |
| | <210> 885 | |
| | <211> 28 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 885 aacatcatgt tcttctcat gacctcgc | 28 |
| | <210> 886 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 886 accaacgctg acagcatgca tttc | 24 |
| | <210> 887 | |
| 10 | <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 887 accctgcccg cgatcacact ga | 22 |
| 20 | <210> 888 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 888 cttgaggacg cgaacagtcc acca | 24 |
| 30 | <210> 889 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 889 aggtgcaata tgggcatata tctccattg | 29 |
| | <210> 890 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 890 tctgtgtggt ccatccttgg aagc | 24 |
| | <210> 891 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 891 ttcttcgaaa gccatgttgc caga | 24 |
| | <210> 892 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 892 tacccttaag aacgccccct ccac | 24 |
| | <210> 893 | |
| 10 | <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 893 ctgaaactgg aacacaacca cccacaag | 28 |
| 20 | <210> 894 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 894 tggacacact gatgcaagcc aaga | 24 |
| 30 | <210> 895 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 895 cacagccacg gggcccaa | 19 |
| | <210> 896 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 896 ctcatgccac cactgccaac acctc | 25 |
| | <210> 897 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 897 cagcaccctt ggcagtttcg aaat | 24 |
| | <210> 898 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 898 ctgtcacact ccctcaggca ggac | 24 |
| | <210> 899 | |
| 10 | <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 899 atcactggaa ctctcggtc ggac | 24 |
| 20 | <210> 900 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 900 cagccacgat gaccactacc agcact | 26 |
| 30 | <210> 901 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 901 tgcttctcc cactatctga aaataa | 26 |
| | <210> 902 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 902 agctgccgt cttctcagc cage | 24 |
| | <210> 903 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 903 agaaaagctg ttgtctccc cagca | 25 |
| | <210> 904 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 904 aaagtcatt tgccactgat ggca | 24 |
| 10 | <210> 905 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 905 ctacctggac atccctgctc agcc | 24 |
| 20 | <210> 906 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 906 cagacttggg gcccttgac tcc | 23 |
| 35 | <210> 907 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 907 cagggccatg acaatcgcca a | 21 |
| 45 | <210> 908 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 908 cgccctggct caactttcc ttaa | 24 |
| 55 | <210> 909 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 909 cgaggccatt gactcatag actcca | 26 |
| 65 | <210> 910 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 910 ttgagcacac tgcagtccat ctcc | 24 |
| 10 | <210> 911 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 911 cagaagaaca gctcaggac ccct | 24 |
| 20 | <210> 912 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 912 ctcaccagaa gcccacacct caac | 24 |
| 35 | <210> 913 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 913 cactcccgag cacgtgttc cgt | 23 |
| 45 | <210> 914 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 914 ccacttgac atcatctggg tgaacactc | 29 |
| 55 | <210> 915 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 915 ccttgcctc agggcatcct ttt | 23 |
| 65 | <210> 916 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 916 tgctacctgc cccttgtca tgtg | 24 |
| 10 | <210> 917 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 917 caaaggtgac caccataccg ggtt | 24 |
| 20 | <210> 918 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 918 ctcgtcgtag cgcttctcgc tgta | 24 |
| 35 | <210> 919 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 919 tgatgcttc tccagaaact cgaactca | 28 |
| 45 | <210> 920 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 920 cggatccttc cctcactcgc cca | 23 |
| 55 | <210> 921 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 921 accagtcctc accttctccc cacc | 24 |
| 65 | <210> 922 <211> 26 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 922 tgagatggac atttaaagca ccagcc | 26 |
| 10 | <210> 923 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 20 | <400> 923 cgcccagagg caccacactg | 20 |
| 25 | <210> 924 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 35 | <400> 924 ccagagagcc tccctgcagc ca | 22 |
| 40 | <210> 925 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 925 ctgcaactgc ctctgtctca aagtca | 26 |
| 55 | <210> 926 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 65 | <400> 926 cactgacatc atggctggcc ttg | 23 |
| | <210> 927 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 927 ccgctctcat cgcagtcagg atcat | 25 |
| | <210> 928 <211> 20 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 928 tgcgccgat gagatcaccg | 20 |
| | <210> 929 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 929 cacctgatgc atgatggaca ctgc | 24 |
| 20 | <210> 930 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 930 cgtcccattt gagcctgtca atgt | 24 |
| 30 | <210> 931 | |
| | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 931 atctgtatgc ggaacctcaa aagatccct | 30 |
| | <210> 932 | |
| | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 932 tgtcccacga ataatgcgta aattctccag | 30 |
| | <210> 933 | |
| | <211> 21 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 933 cagcaggccc tcaaggagct g | 21 |
| | <210> 934 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 934 agccatagc cttctcatct gggc | 24 |
| | <210> 935 | |
| 10 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 935 agagccggcc agccctgaca g | 21 |
| 20 | <210> 936 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 936 tcgcctacca ttggtgcaa gcaa | 24 |
| 30 | <210> 937 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 937 ctggccctca tgtccccttc acg | 23 |
| | <210> 938 | |
| | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 938 cccagacca agtgtgaata catgct | 26 |
| | <210> 939 | |
| | <211> 19 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 939 ctggagatgc tggacgccc | 19 |
| | <210> 940 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 940 ttaccagagg cgaggtccc ttca | 24 |
| | <210> 941 | |
| 10 | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 941 tctgacttc tgtgagctca ttgcg | 25 |
| 20 | <210> 942 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 942 tggcacgggt cttctctac c | 21 |
| 30 | <210> 943 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 943 cggcctgtcc acgaaccact tata | 24 |
| 40 | <210> 944 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 944 tcgcccacct acgtactggc ctac | 24 |
| | <210> 945 | |
| | <211> 27 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 945 tcccagagac caacgttcaa gcagttg | 27 |
| | <210> 946 | |
| 65 | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 946 cctttcatgg ggagaaccgc att | 23 |
| | <210> 947 | |
| 10 | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 947 tcggccactt catcaggacg cag | 23 |
| | <210> 948 | |
| 20 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 948 aatctgctcc actgtcaggg tccc | 24 |
| 30 | <210> 949 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 949 actctcaggc ggtgtccaca tgat | 24 |
| | <210> 950 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 950 tccagcatc atccaggccc ag | 22 |
| | <210> 951 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 951 agaacagcat ccgccacaac ctct | 24 |
| | <210> 952 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 952 ctctacagca gctcagccag cctg | 24 |
| 10 | <210> 953 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 953 cagaccaagc cttgcccag aatt | 24 |
| 20 | <210> 954 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 954 tgtttcatg gctacccac aggt | 24 |
| 35 | <210> 955 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 955 tgaccggcgc atcacactga gg | 22 |
| 45 | <210> 956 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 956 tcaattgtaa cattctcacc caggccttg | 29 |
| 55 | <210> 957 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 957 ctgaagcacg acaagctggt ccag | 24 |
| 65 | <210> 958 <211> 19 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 958 cgcccgcagg cctcatcct | 19 |
| | <210> 959 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 959 tgagccagat tccacacctc acgt | 24 |
| 20 | <210> 960 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 960 ttcatctcaa tggaaggatc ctgcc | 25 |
| 30 | <210> 961 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 961 aacttcagcc ccagctccca agtc | 24 |
| | <210> 962 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 962 ccgttctcag ccttgacggt gc | 22 |
| | <210> 963 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 963 tgtccaacc actgaatctg gacc | 24 |
| | <210> 964 | |
| 65 | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 964 ttgggacatt gtagacttgg ccagac | 26 |
| | <210> 965 | |
| 10 | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 965 ccatggacca acttcactat gtgacagagc | 30 |
| 20 | <210> 966 | |
| | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 966 tgcagttgac atggcctgtt cagtcc | 26 |
| 30 | <210> 967 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 967 tgttagccaa agactgccac tgca | 24 |
| | <210> 968 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 968 tgtccacagg accctgagtg gttc | 24 |
| | <210> 969 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 969 atcccctccc tctccacca tcta | 24 |
| | <210> 970 | |
| 65 | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 970 aggcgttgca cttcaccagc c | 21 |
| | <210> 971 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 971 cctcttgccc acttactggg tgga | 24 |
| 20 | <210> 972 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 972 ccgggtgaca gcactaacca gacc | 24 |
| 30 | <210> 973 | |
| | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 973 ctctcccca tcggcttgt gg | 22 |
| | <210> 974 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 974 cctcctgctg gcttccttg atca | 24 |
| | <210> 975 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 975 ctcatcacct ggtctccggg gtgt | 24 |
| | <210> 976 | |
| 65 | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 976 catgctgcat cctaaggctc ctcagg | 26 |
| | <210> 977 | |
| 10 | <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 977 ctggcctcc cgtgtaacca gttc | 24 |
| 20 | <210> 978 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 978 ctccccaccc ttgagaagtg cct | 23 |
| 30 | <210> 979 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 979 cacaattccc agagaaacca agaagagc | 28 |
| | <210> 980 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 980 accacgcgaa cggatcatcg | 20 |
| | <210> 981 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 981 tccccgagcc cagcaggaca | 20 |
| | <210> 982 <211> 29 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 982 tgacctgac cagagtaagt gcctctcca | 29 |
| | <210> 983 | |
| 10 | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 983 tcagccactg gctctgtca taatcaggag | 30 |
| | <210> 984 | |
| 20 | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 984 cccgccctacc ctgtaaagc agattca | 27 |
| 30 | <210> 985 | |
| | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 985 ctgaagctct actcacagtt tctggg | 26 |
| | <210> 986 | |
| | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 986 ctgcaagca caacatgtgt ggtgaga | 27 |
| | <210> 987 | |
| | <211> 23 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 987 cacagccgcc tgaaagccac aat | 23 |
| | <210> 988 | |
| 65 | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 988 tcaagtaaac gggctgtttt ccaaaca | 27 |
| 10 | <210> 989 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 989 aaagacatcc agctagcacg ccg | 23 |
| 20 | <210> 990 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 990 ttcttgcgt ccatccgtcc aga | 23 |
| 35 | <210> 991 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 991 caagaacctc ccagaagggc tcaa | 24 |
| 45 | <210> 992 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 992 ccagaccata gcacactcgg gcac | 24 |
| 55 | <210> 993 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 993 cagaatgtcc gccttctcca gctt | 24 |
| 65 | <210> 994 <211> 23 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 994 cgctcacggt ctcatccaag tgg | 23 |
| | <210> 995 | |
| 10 | <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 995 ccccggacag tggctctgac g | 21 |
| 20 | <210> 996 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 996 ttccacatct ctcccagttt ctgcgaa | 28 |
| 30 | <210> 997 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 997 agtcgctggt ttcatgccct tcca | 24 |
| | <210> 998 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 998 ctccatatcc aaacaaagca tgtgtgcg | 28 |
| | <210> 999 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 999 agtctcctac tcccggttc tgcg | 24 |
| | <210> 1000 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1000 tgaactcctt cctggaatac ccca | 24 |
| 10 | <210> 1001 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1001 agccctgttc tcgttgcct aattcatc | 28 |
| 20 | <210> 1002 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1002 acactcggca ggagtagtac ccgc | 24 |
| 35 | <210> 1003 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1003 accggagcct tccagaaca aact | 24 |
| 45 | <210> 1004 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1004 accgcttcta ccaatacctc gccca | 25 |
| 55 | <210> 1005 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1005 agttgcttcc atccaacctg gagg | 24 |
| 65 | <210> 1006 <211> 30 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1006 cagaatggcc tgtattcact atcttcgaga | 30 |
| | <210> 1007 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1007 agagtgactc ccgttgccc aagg | 24 |
| 20 | <210> 1008 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1008 tgactccgc ggtccaagg | 20 |
| 30 | <210> 1009 | |
| | <211> 29 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1009 catttcctc agactgtga acctccact | 29 |
| | <210> 1010 | |
| | <211> 30 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1010 taattagacc taggcctcag ctgcactgcc | 30 |
| | <210> 1011 | |
| | <211> 26 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1011 ctcagggcc accattgaag aggttg | 26 |
| | <210> 1012 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1012 cgcacttttc tgagcagacg tcca | 24 |
| 10 | <210> 1013 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1013 ccaggcgtgg cgtcctctcc ata | 23 |
| 20 | <210> 1014 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1014 ccggcgccca acgtgattct | 20 |
| 30 | <210> 1015 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1015 tgagattct ccagcacgac atcgac | 26 |
| 40 | <210> 1016 <211> 30 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1016 ctttgtttt gccagcata gactcggaag | 30 |
| | <210> 1017 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1017 ccgtgaatgc agcccgccag | 20 |
| 65 | <210> 1018 <211> 28 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1018 cgcgatcatc caaatctcc gatttga | 28 |
| | <210> 1019 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1019 taccctgtg gcaagtctt ccaa | 24 |
| | <210> 1020 | |
| 20 | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1020 atccaggcac ctctaccacg ccctc | 25 |
| 30 | <210> 1021 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1021 cccgtcacc aggaggagt tct | 23 |
| | <210> 1022 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1022 cagccctaca cgaaaggacc tgct | 24 |
| | <210> 1023 | |
| | <211> 22 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1023 tgacttcaa gctggccgtg gc | 22 |
| | <210> 1024 | |
| 65 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1024 ctgctccacg gccttgctct tg | 22 |
| 10 | <210> 1025 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1025 cctgtgatca acagtacccg tatggg | 26 |
| 20 | <210> 1026 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1026 tcggcttccc ttagagctg aaca | 24 |
| 35 | <210> 1027 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1027 catattgcc agtggtcacc tcaca | 25 |
| 45 | <210> 1028 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1028 attcaaaaca gagccccaa agcc | 24 |
| 55 | <210> 1029 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1029 acgtccgggt cctcactgtc ctcc | 25 |
| 65 | <210> 1030 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1030 cccacatgac ttctcttgg cctt | 24 |
| 10 | <210> 1031 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1031 tccatcccag ctccagccag | 20 |
| 20 | <210> 1032 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1032 cactccagac ctcgcttagc atgg | 24 |
| 35 | <210> 1033 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1033 cgatcctgca tctgtaaadc gcc | 24 |
| 45 | <210> 1034 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1034 tctgagcctt gtcctctatc cggc | 24 |
| 55 | <210> 1035 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1035 tcgccatctt ttgtgggatt cctt | 24 |
| 65 | <210> 1036 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1036 ccgacagcca cagaataacc caaa | 24 |
| 10 | <210> 1037 <211> 30 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1037 tgctaatagta aggcatcaca gtctttcca | 30 |
| 20 | <210> 1038 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1038 aaatacctgc aaccgttact gccgtgac | 28 |
| 35 | <210> 1039 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1039 caccaacctg taccgtatt gcga | 24 |
| 45 | <210> 1040 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1040 tgctatgttt ctacaaaacc gccaagg | 27 |
| 55 | <210> 1041 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1041 actcgatttc ccagccaacc acag | 24 |
| 65 | <210> 1042 <211> 23 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1042 caagggacac gcctctgaa cgt | 23 |
| | <210> 1043 | |
| 10 | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1043 ccactgtcg aaccaccgct cgt | 23 |
| | <210> 1044 | |
| 20 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1044 ccctcaagc tgccaatgaa gacc | 24 |
| 30 | <210> 1045 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1045 ctcaaggcc atgctgacca tcag | 24 |
| | <210> 1046 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1046 tgattcctc tgagtcact gctg | 24 |
| | <210> 1047 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1047 agtcagtggc ccatcagcaa tcag | 24 |
| | <210> 1048 | |
| 65 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1048 aagccgctcc actcgcatgt cc | 22 |
| | <210> 1049 | |
| 10 | <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1049 cctccccaac aaagaccacc gca | 23 |
| 20 | <210> 1050 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1050 ttaccccagc tccatccttg catc | 24 |
| 30 | <210> 1051 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1051 ttcgtaacag cagtcacat ccatgg | 26 |
| | <210> 1052 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1052 ttgaccggg tattcccacc aggaa | 25 |
| | <210> 1053 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1053 ccttgagaaa acacaagcac ctgc | 24 |
| | <210> 1054 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1054 actcctgttt tcaccacat gcca | 24 |
| 10 | <210> 1055 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1055 atctacgttg tccagctgcc agcc | 24 |
| 20 | <210> 1056 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1056 ctgattcctc aggtcctgg cctg | 24 |
| 35 | <210> 1057 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1057 ctgttcctgg agcatgcct ctc | 24 |
| 45 | <210> 1058 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1058 caagtgctg taccacacgg aagg | 24 |
| 55 | <210> 1059 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1059 ccactcgcca tactgggtgc agt | 23 |
| 65 | <210> 1060 <211> 28 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1060 aggtcttctc agcacagtct ccgcctcc | 28 |
| 10 | <210> 1061 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 20 | <400> 1061 ctggacgcgg ttctactcca acag | 24 |
| 25 | <210> 1062 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 35 | <400> 1062 accagataa cgcacatcatgg agcga | 25 |
| 40 | <210> 1063 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1063 tgctccctg tcgcaccagt acta | 24 |
| 55 | <210> 1064 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 65 | <400> 1064 actgagcgca cacgaaacac tgct | 24 |
| | <210> 1065 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1065 cagccccca actgacctca tc | 22 |
| | <210> 1066 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1066 caggctcagc aagctgaaca cctg | 24 |
| | <210> 1067 | |
| 10 | <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1067 ttactccagg ggacaagcct tcca | 24 |
| 20 | <210> 1068 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1068 ccttcagggc ctgcacttc aact | 24 |
| 30 | <210> 1069 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1069 ctgtgttag gcactcccct tgcg | 24 |
| | <210> 1070 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1070 ttcttctct gttcctcgct ccgg | 24 |
| | <210> 1071 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1071 catgttcttc acaatcgctg catcc | 25 |
| | <210> 1072 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1072 acagctcatt gttgtcacgc cgga | 24 |
| 10 | <210> 1073 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1073 cccggttgt cttccgtcag atag | 24 |
| 20 | <210> 1074 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1074 cagcccttg gggaagctgg | 20 |
| 35 | <210> 1075 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1075 ttgacaccc cttcccagc ca | 22 |
| 45 | <210> 1076 <211> 30 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1076 agcaagattt cctccaggtc catcaaaagg | 30 |
| 55 | <210> 1077 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1077 aaccagctct ctgtgacccc aatt | 24 |
| 65 | <210> 1078 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1078 ctgggagcat ggcgatggat accc | 24 |
| 10 | <210> 1079 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1079 cctgtatgct gcaactcatg aacttggc | 28 |
| 20 | <210> 1080 <211> 30 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1080 aagcaatgtt gatatctgcc tctccctgtg | 30 |
| 35 | <210> 1081 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1081 tcatcaaacc atggttcac accaatatc | 29 |
| 45 | <210> 1082 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1082 cgagggaac cctgatcgtc ca | 22 |
| 55 | <210> 1083 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1083 acctgatacg tcttggtctt catcgccat | 29 |
| 65 | <210> 1084 <211> 26 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1084 tctgtcctgg ctggagtcgc ttcat | 26 |
| 10 | <210> 1085 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1085 tgaactccgc agctagcatc caaa | 24 |
| 20 | <210> 1086 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1086 caagaagatt tactctgtcg attcccaga | 29 |
| 35 | <210> 1087 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1087 tcagtcaaca tcacctctct aggatga | 27 |
| 45 | <210> 1088 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1088 tcacctgga gatcagctcc cga | 23 |
| 55 | <210> 1089 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1089 cagcattgtc tgcctccct ggca | 24 |
| 65 | <210> 1090 <211> 26 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1090 tggagtgtg taaacatacc ctcca | 26 |
| 10 | <210> 1091 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1091 cgggctgttc ccttgagaa ccttaaca | 28 |
| 20 | <210> 1092 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1092 atgaccaccc cggctcgtat gtca | 24 |
| 35 | <210> 1093 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1093 tccccacagt agacacatat gatggccg | 28 |
| 45 | <210> 1094 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1094 ctcagagcct ctctggttct tcaatcgg | 29 |
| 55 | <210> 1095 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1095 ctcgggtgtg gccatgctcc ag | 22 |
| 65 | <210> 1096 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1096 atctctcag acgtcccag ccag | 24 |
| | <210> 1097 | |
| 10 | <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1097 tgtccttacc tgtgggagct gtaaggct | 28 |
| 20 | <210> 1098 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1098 tccttggta tcagaccga agcg | 24 |
| 30 | <210> 1099 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1099 cctttccagc ttacagtga attgctgca | 29 |
| 40 | <210> 1100 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1100 ccaagagaaa cgagatttaa aaaccacc | 29 |
| | <210> 1101 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1101 ctttccaacc cctggggaag acat | 24 |
| | <210> 1102 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1102 cctcccgaag ttgctgaaa gcac | 24 |
| | <210> 1103 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1103 cattcgcttc ttctccact tggc | 24 |
| 20 | <210> 1104 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1104 tctccacaga caaggccagg actcg | 25 |
| 30 | <210> 1105 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1105 atcaccaaca gcatgacctt tgcg | 24 |
| | <210> 1106 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1106 aggacagtgg agcagccaac acac | 24 |
| | <210> 1107 | |
| | <211> 25 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1107 cattggaatt gccattagtc ccagc | 25 |
| | <210> 1108 | |
| 65 | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1108 ccagcacagc cagttaaag atgca | 25 |
| | <210> 1109 | |
| 10 | <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1109 ttgatctgc ttgctgtcca aacc | 24 |
| 20 | <210> 1110 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1110 cacgccatgg aaaccatgat gttt | 24 |
| 30 | <210> 1111 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1111 cacaagtact cctgccaaga gggcgac | 27 |
| | <210> 1112 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1112 atcacatcca gggccttctc caga | 24 |
| | <210> 1113 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1113 ttcccaact tccttagtgc ctgtgaca | 28 |
| | <210> 1114 <211> 24 <212> ADN | |
| 65 | | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1114 catgccgtct acaggatga cctg | 24 |
| 10 | <210> 1115 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 20 | <400> 1115 ccgggggcct gttatgtcaa act | 23 |
| 25 | <210> 1116 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 35 | <400> 1116 ccggaggga cctgactac agaa | 24 |
| 40 | <210> 1117 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1117 aggataagac cacagcacag gcgc | 24 |
| 55 | <210> 1118 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 65 | <400> 1118 ttgctcaagg acctggacgc caa | 23 |
| | <210> 1119 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1119 ctgtcacca aatgcacgct gata | 24 |
| | <210> 1120 <211> 22 <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1120 ctccccacag cgcatcgagg aa | 22 |
| 10 | <210> 1121 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1121 cagcaccgat ttcttcaggt ccct | 24 |
| 20 | <210> 1122 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 30 | <400> 1122 cctgacttca ggtcaaggga tgg | 23 |
| 35 | <210> 1123 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 40 | <400> 1123 ccaatctctg cctcagttct gcc | 24 |
| 45 | <210> 1124 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1124 cctgcggctt tcggatccca | 20 |
| 55 | <210> 1125 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1125 tggccatcca tctcacagaa attgg | 25 |
| 65 | <210> 1126 <211> 25 <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1126 tctggattag agtctgcag ctgcg | 25 |
| | <210> 1127 | |
| 10 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1127 ctctgtggca ccctggacta cctg | 24 |
| 20 | <210> 1128 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1128 cacgttctct gccccgttctc ttg | 23 |
| 30 | <210> 1129 | |
| | <211> 25 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1129 atcctcctga agcccttttc gcagc | 25 |
| 40 | <210> 1130 | |
| | <211> 28 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1130 tgccttcttc ctccctcact tctcacct | 28 |
| | <210> 1131 | |
| | <211> 30 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1131 ccataggaga atgcttccca catcaaacct | 30 |
| | <210> 1132 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1132 cccatagtcc tcagccgcct tcag | 24 |
| 10 | <210> 1133 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 20 | <400> 1133 ctccagcgg caatgtaagc aaca | 24 |
| 25 | <210> 1134 <211> 28 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 35 | <400> 1134 agggatctga accaatacag agcagaca | 28 |
| 40 | <210> 1135 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1135 tcctgagccc gaggaagtcc c | 21 |
| 55 | <210> 1136 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Sonda sintética | |
| 65 | <400> 1136 cggccagatg agcacattgc c | 21 |
| | <210> 1137 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1137 ttctgggctc ctgattgctc aagc | 24 |
| | <210> 1138 <211> 24 <212> ADN | |

| | | |
|----|-----------------------------|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | | |
| | <400> 1138 | |
| | ccaagaacga ggtgtctctgg accg | 24 |
| 10 | | |
| | <210> 1139 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1139 | |
| | tggtctctac tgagcctgga agca | 24 |
| 20 | | |
| | <210> 1140 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1140 | |
| | agggcctaata gcacgcacta aagc | 24 |
| 30 | | |
| | <210> 1141 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1141 | |
| | tccacatcg ctttctctgc tctg | 24 |
| 40 | | |
| | <210> 1142 | |
| | <211> 21 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1142 | |
| | ccacgctgcc ctcggacaag c | 21 |
| 50 | | |
| | <210> 1143 | |
| | <211> 23 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 55 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | | |
| | <400> 1143 | |
| | aattaacagc caccctcag gcg | 23 |
| 65 | | |
| | <210> 1144 | |
| | <211> 26 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|--|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | <400> 1144 caggcacaca caggtgggac acaaat | 26 |
| | <210> 1145 | |
| 10 | <211> 22 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 15 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1145 atttcacgca tctggcggtc ca | 22 |
| | <210> 1146 | |
| 20 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1146 tggacactgt ggaccctccc tacc | 24 |
| 30 | <210> 1147 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1147 ccagaacaga tgcgagcagt ccat | 24 |
| | <210> 1148 | |
| | <211> 20 | |
| | <212> ADN | |
| 45 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 50 | <400> 1148 cgggctgcat cagcacacgc | 20 |
| | <210> 1149 | |
| | <211> 24 | |
| 55 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 60 | <400> 1149 ttgatgcctg tcttcgcgcc ttct | 24 |
| | <210> 1150 | |
| 65 | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |

| | | |
|----|---|----|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| 5 | | |
| | <400> 1150 | |
| | ttccgtaaga ggctggtgc tctc | 24 |
| 10 | | |
| | <210> 1151 | |
| | <211> 27 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 15 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1151 | |
| | ctgctgttta cctggcgag gccttc | 27 |
| 20 | | |
| | <210> 1152 | |
| | <211> 24 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 25 | | |
| | <220> | |
| | <223> Sonda sintética | |
| | <400> 1152 | |
| | cccctcctc tctgctca gctt | 24 |
| 30 | | |
| | <210> 1153 | |
| | <211> 78 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1153 | |
| 40 | cgttccgac ctctatactg catcccaggc atgcctacag caccctgatg tcgcagccta | 60 |
| | taaggccaac agggacct | 78 |
| 45 | | |
| | <210> 1154 | |
| | <211> 66 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 50 | | |
| | <400> 1154 | |
| | gtgtggcagg tggacactaa ggaggaggct tggctcttg aagcgggaga cctggagtgg | 60 |
| | atggag | 66 |
| 55 | | |
| | <210> 1155 | |
| | <211> 77 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 60 | | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1155 | |
| 65 | aaacaccact ggagcattga ctaccaggct cgccaatgat gctgctcaag ttaaaggggc | 60 |
| | tataggttc aggcttg | 77 |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1156 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1156 accagtgccca caatgcagtg gctggacatt cggctacagc tcatgggggc ggcagtgggc agcgctat</p> | 60 68 |
| 15 | <p><210> 1157 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1157 tgcagactgt accatgctga ccattgccca tcgcctgcac acggttctag gctccgatag gattatgggtg ctggcc</p> | 60 76 |
| 25 | <p><210> 1158 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1158 acacgtctgt caccatggaa gctctgctct acaagcccat tgaccggggtc actcggagca ccctagt</p> | 60 67 |
| 40 | <p><210> 1159 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 45 | <p><400> 1159 atccgcattg aagacccacc ccgcagaaag cacatgggtat tctcgggtgg tgcagttcta gcggat</p> | 60 66 |
| 50 | <p><210> 1160 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 55 | <p><400> 1160 gactgtctcg ttccctggt gacctctgtc accaatgtgg acctgcccc taaagagtca agcatctaag ccca</p> | 60 74 |
| 60 | <p><210> 1161 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220></p> | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|---|----------|
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1161 | |
| 5 | tcaaaagtac ggacacctcc tgtcagatgg cgggactaag agatacctac aaggattcca tcaaagcatt tgca | 60 74 |
| | <210> 1162 | |
| | <211> 66 | |
| 10 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 15 | <400> 1162 | |
| | gagcatgcgt ctactgcctc actgacactc atctgagccc tccatgaca tggagaccgt gaccag | 60 66 |
| | <210> 1163 | |
| 20 | <211> 73 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 25 | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1163 | |
| | gaagtgccag gaggcgatta atgctacttg caaaggcgtg tcctactgca caggtaatag cagtgagtgc ccg | 60 73 |
| 30 | <210> 1164 | |
| | <211> 62 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 35 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1164 | |
| 40 | caaggcccca tctgaatcag ctgcgctgga tggacaccgc ctgacactgt tggattctgg gt | 60 62 |
| | <210> 1165 | |
| | <211> 72 | |
| 45 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 50 | <400> 1165 | |
| | gcgagttcaa agtgttcgag gccaaaggta ttgatggcac cctgtgtggg ccagaaacac tggccatctg tg | 60 72 |
| 55 | <210> 1166 | |
| | <211> 75 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1166 | |
| 65 | taagccacaa gcacacgggg ctccagcccc cccgagtgga agtgctcccc actttcttta ggatttaggc gccca | 60 75 |

| | | |
|----|---|----|
| 5 | <210> 1167 | |
| | <211> 78 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 10 | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1167 | |
| | acgagatgtc ctacggcttg aacatcgaga tgcacaaaca ggctgagatc gtcaaaaggc | 60 |
| | tgaacgggat ttgtgcc | 78 |
| | <210> 1168 | |
| 15 | <211> 70 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 20 | <400> 1168 | |
| | agccaacatg tgactaattg gaagaagagc aaaggggtgt gacgtgtga tgaggcagat | 60 |
| | ggagatcaga | 70 |
| | <210> 1169 | |
| | <211> 78 | |
| 25 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1169 | |
| 30 | ctgcatgtga ttgaataaga aacaagaaag tgaccacacc aaagcctccc tggctggtgt | 60 |
| | acagggatca ggtccaca | 78 |
| | <210> 1170 | |
| | <211> 67 | |
| | <212> ADN | |
| 35 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1170 | |
| | gtggaacgg agctctccc ctgcctcagg cactttggac tgaggttcta tgcctcaac | 60 |
| 40 | cctctgg | 67 |
| | <210> 1171 | |
| | <211> 75 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1171 | |
| | ttgtctctgc cttggactat ctacattccg gaaagattgt gtaccgtgat ctcaagttgg | 60 |
| | agaatctaata gctgg | 75 |
| 50 | <210> 1172 | |
| | <211> 66 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 55 | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1171 | |
| | ttgtctctgc cttggactat ctacattccg gaaagattgt gtaccgtgat ctcaagttgg | 60 |
| | agaatctaata gctgg | 75 |
| | <210> 1172 | |
| 60 | <211> 66 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 65 | <400> 1171 | |
| | ttgtctctgc cttggactat ctacattccg gaaagattgt gtaccgtgat ctcaagttgg | 60 |
| | agaatctaata gctgg | 75 |
| | <210> 1172 | |
| | <211> 66 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 70 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1171 | |
| | ttgtctctgc cttggactat ctacattccg gaaagattgt gtaccgtgat ctcaagttgg | 60 |
| | agaatctaata gctgg | 75 |

| | | |
|----|--|----------|
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 5 | <400> 1172 gaggaatatg gaatccaagg gggccagttc ctgccgtctg ctcttctgcc tcttgatctc cgccac | 60 66 |
| 10 | <210> 1173 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1173 ggacagggtg agaccgtgat ccaagcggag attgacgctg cagcgggaact catcgacttc ttccgggtt | 60 68 |
| 20 | <210> 1174 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 30 | <400> 1174 ccgtgaaagc tgctctgtaa aagctgacac agccctccca agtgagcagg actgttcttc cactgcaa | 60 69 |
| 35 | <210> 1175 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1175 caagacacta agggcgacta ccagaaagcg ctgctgtacc tgtgtggtgg agatgactga agcccgacac g | 60 71 |
| 45 | <210> 1176 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1176 gactgcaaag atggaaacga ccttctatga cgatgccctc aacgcctcgt tctcccgctc cgagagcggg ccttatggct a | 60 81 |
| 55 | <210> 1177 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 65 | <400> 1177 gatgaagcct ttcgaagtt cctgaagggc ctggcttccc gaaagcccct tggctgtgt ggagacct | 60 68 |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1178 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1178 gtttatgcca tcggcaccgt actggatcct ggccaccgac tatgagaact atgccctcgt gtattcc</p> | 60 67 |
| 15 | <p><210> 1179 <211> 64 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1179 cagtagagat ccccgcaact cgctgtcct tgggtcacc tgcatccat agccatgtgc ttgt</p> | 60 64 |
| 25 | <p><210> 1180 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1180 atcagagatt accgcgtcgt ggtagtcggc accgctgggt tggggaaaag tacgtgctg cacaagt</p> | 60 67 |
| 35 | <p><210> 1181 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1181 gactgggtca gtgatggcaa caggatggcc aaggatggct ctagaacact ctgtccatgc gtcactcc</p> | 60 68 |
| 45 | <p><210> 1182 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1182 tcctgagaa cgaaccact ttgcaagaa tctgcagca gcatggctat gcaaccggcc tcataggaaa atggcacca</p> | 60 79 |
| 55 | <p><210> 1183 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220></p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|----|
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1183 agctgcagaa gagctgcaca ttgacgagc agcgaacagc cacgatcatg gaggagtgg cagatgc | 60 67 | |
| 10 | <210> 1184 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1184 cagcagatgt ggcacagcaa gcaggagtat gacgagtcgc gccctccat cgtccaccgc aatgc | 60 66 | |
| 20 | <210> 1185 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1185 ggctctgtg cgtactgtcc ttcgggctgg tgacagggaa gacatcactg agcctgccat ctgtgctct cgtcatctga | 60 80 | |
| 35 | <210> 1186 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1186 gggtcagggtg cctcgagatc gggcttgggc ccagagcatg ttccagatcc cagagttga gccgagtga cag | 60 73 | |
| 45 | <210> 1187 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1187 cgtgtgcagc acttgaata caagatgggt gccgggtcat gtaattggg aaaaagaaca gtccacagga agaggtgaa | 60 c | 81 |
| 55 | <210> 1188 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 60 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1188 cctacggccg ctactacggg cctgggggtg gagatgtgcc ggtacacca cctccaccct tatatcctct tcgccc | 60 76 | |

| | | |
|----|---|----|
| 5 | <210> 1189 | |
| | <211> 72 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 10 | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1189 | |
| | gactcctcag ggcagacttt ctcccagcc tgcagacaac tggcctccag aaaccattga | 60 |
| | gtagtgcctt eg | 72 |
| | <210> 1190 | |
| 15 | <211> 70 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 20 | <400> 1190 | |
| | ccgccgtgga cacagactcc ccccagagagg tcttttccg agtggcagct gacatgtttt | 60 |
| | ctgacggcaa | 70 |
| | <210> 1191 | |
| | <211> 83 | |
| 25 | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1191 | |
| 30 | cctggagggt cctgtacaat ctcatcatgg gactcctgcc cttaccaggg ggccacagag | 60 |
| | cccccgagat ggagcccaat tag | 83 |
| | <210> 1192 | |
| | <211> 65 | |
| | <212> ADN | |
| 40 | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1192 | |
| | actgacaaga ccagcagcat ccagtcacga cccctgccct caccacctaa gttcacctcc | 60 |
| 45 | cagga | 65 |
| | <210> 1193 | |
| | <211> 75 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| 50 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1193 | |
| | tgacttccta gttcgtgact ctctgtccag ccctgggaac ttgtcctga cctgtcagtg | 60 |
| | gaagaacctc gctca | 75 |
| 60 | <210> 1194 | |
| | <211> 73 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| 65 | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1194 | |
| | gacttcctta gttcgtgact ctctgtccag ccctgggaac ttgtcctga cctgtcagtg | 60 |
| | gaagaacctc gctca | 75 |
| | <210> 1195 | |
| | <211> 74 | |
| | <212> ADN | |
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1195 | |
| | gacttcctta gttcgtgact ctctgtccag ccctgggaac ttgtcctga cctgtcagtg | 60 |
| | gaagaacctc gctca | 75 |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 5 | <400> 1194 ccccgagaca acggagataa gtgctgtgc ggatgccaac ggaaagaatc ttgggaaaga ggccaaaccc gag | 60 73 |
| 10 | <210> 1195 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 20 | <400> 1195 cagatggacc tagtaccac tgagatttc acgccgaagg acagcgatgg gaaaaatgcc cttaaatcat agg | 60 73 |
| 25 | <210> 1196 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 30 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 35 | <400> 1196 aaccacccc tgtcttgag ctccggtag ctctcaaact cgaggctgcg caccacctt cccgtcagct gag | 60 73 |
| 40 | <210> 1197 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 50 | <400> 1197 gagctccga aggatgact caaggtctc cagcacctc acgccctcg cctggtgaac aacaag | 60 66 |
| 55 | <210> 1198 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 65 | <400> 1198 attcctatgg ctctgaatt gtcaccggt aactgtggc ttgtcccagg aagagccatt cactctgcc | 60 70 |
| | <210> 1199 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1199 ctggacggag tagctcaag agctctcact gtgacagccc acctcgctcg cagacaccac aagatacc | 60 68 |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|----|
| 5 | <p><210> 1200 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | | |
| 10 | <p><400> 1200 aattttatga gggccacggg tctgtgttcg actcagcctc agggacgact ctgacctctt ggccac</p> | 60 66 | |
| 15 | <p><210> 1201 <211> 63 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | | |
| 20 | <p><400> 1201 gttgggacac agttggtctg cagtcggccc aggacggtct actcagcaca actgactgct tea</p> | 60 63 | |
| 25 | <p><210> 1202 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | | |
| 30 | <p><400> 1202 ccgaggttaa tccagcacgt atggggccaa gtgtaggctc ccagcaggaa ctgagagcgc catgtctt</p> | 60 68 | |
| 35 | <p><210> 1203 <211> 82 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | | |
| 40 | <p><400> 1203 tcaacagaag gctgaaccac tagaaagact acagtcccag caccgacaat tccaagctcg agtgtctcgg caaactctgt</p> | 60 tg | 82 |
| 45 | <p><210> 1204 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | | |
| 50 | <p><400> 1204 ctgaagcaga tgggtcatca tttcctgggc tgtaaaca agcgaggta aggttagact cttgggaatc age</p> | 60 73 | |
| 55 | <p><210> 1205 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | | |
| 60 | | | |
| 65 | | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1205 gaggcaactg ettatggett aattaagtea gatgcggcca tgactgtcgc tgtaaagatg ctcaagccga gtgee | 60 75 | |
| 10 | <210> 1206 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1206 caagagcaga gccaccgtag ccggagtcct agcctccaa attcggaat ccaatccaac ggtctca | 60 67 | |
| 20 | <210> 1207 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1207 gtgactgcac aggactctgg gttctgctc tgttctggg tccaaacctt ggtctccctt tggctct | 60 67 | |
| 35 | <210> 1208 <211> 65 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1208 tcagctgtga gctgcggata ccgcccggca atgggacctg ctcttaacct caaacctagg accgt | 60 65 | |
| 45 | <210> 1209 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1209 gcggtatcag gaattcaac ctagagaacc gagcggaacg ggaaatcagc aagatgaagc cctctgtcgc | 60 70 | |
| 60 | <210> 1210 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1210 ctacgagtca gccatccat ccatggctac cacttcgaca cagcctctcg taagaaagcc gtgggca | 60 67 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1211 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1211 tgatgctgca gagaactcc agaaagcaca ccgctggcag gacaacatca aggaggaaga catcgtg</p> | 60 67 |
| 15 | <p><210> 1212 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1212 atccattcga tctcaccaag gtttggcctc acaaggacta ccctctcatc ccagttggta aactggtctt aaaccgga</p> | 60 78 |
| 25 | <p><210> 1213 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1213 gtggctcaac attgtgttcc catttcagct gatcagtggg cctccaagga ggggctgtaa aatggaggcc attg</p> | 60 74 |
| 35 | <p><210> 1214 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1214 aggggatggt ctctgtcatt tctcttga cataatacat tcacctccct gcctcctctc cttctaccc acccctt</p> | 60 78 |
| 45 | <p><210> 1215 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1215 gaacgcatca tccagagact gcagaggacc tcagccaaga tgaagcgccg cagcagttaa cctatgaccg tgcagagg</p> | 60 78 |
| 55 | <p><210> 1216 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|---|----------|
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 5 | <400> 1216 agcagacagt ggtcagtcct ttcttggtc tgctgacact cgagcccaca ttccgtcacc tgctcagaat catgcag | 60 77 |
| 10 | <210> 1217 <211> 65 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1217 aggttctgag ctctggctt gccttggtt tgccagggt ctgtgaccag gaaggaagtc agcat | 60 65 |
| 20 | <210> 1218 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 30 | <400> 1218 ttcagggtgt tgcaggagac catgtacatg actgtctcca ttattgatcg gttcatgcag aataatttg tgccaagaa gatg | 60 84 |
| 35 | <210> 1219 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 40 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 40 | <400> 1219 cctctgtgct acagattata ccttgccat gtaccgcga tccatgatcg ccacgggcag cattggggct gcagtg | 60 76 |
| 45 | <210> 1220 <211> 85 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 50 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 55 | <400> 1220 ggtcaccaag aaacatcagt atgaaattag gaattgttg ccacctgtat tatctggggg gatcagtcct tgcattatca ttgaa | 60 85 |
| 60 | <210> 1221 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 65 | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 65 | <400> 1221 cagactgaat gggggtggg ggggcgcctt aggtacttat tcagatgcc ttctccagac aaaccag | 60 67 |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1222 <211> 64 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1222 ggatgacatg cactcagctc ttggctccac tgggatggga ggagaggaca agggaaatgt cagg</p> | 60 64 |
| 15 | <p><210> 1223 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1223 ggagtgaag gaactggaaa cattattccg tatacgacc attcggatcatt ttgagggaat tcgtagatac gcccatga</p> | 60 78 |
| 30 | <p><210> 1224 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1224 tccaactaat gccaccacca aggcggctgg tggcgccctg cagtcaacag ccagtctctt cgtggtctca ctctctc</p> | 60 77 |
| 40 | <p><210> 1225 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1225 gtgctggagt cgaggactaac ccaggctcct tgcaccaagt tccactgctg cctcttgaat gcaggga</p> | 60 67 |
| 55 | <p><210> 1226 <211> 90 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1226 atcaccgaca gcacagacag aatccctgct accaatatgg actccagtca tagtacaacg cttcagccta ctgcaaatcc aaacacaggt</p> | 60 90 |
| 65 | <p><210> 1227 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1227 gacgaagaca gtccctggat caccgacagc acagacagaa tcctgtctac cagagaccaa gacacattcc accccagt | 60 78 | |
| 10 | <210> 1228 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1228 ctcataccag ccatccaatg caaggaagga caacaccaag cccagaggac agttcctgga ctgatttctt caacccaa | 60 78 | |
| 20 | <210> 1229 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1229 tgggtcccag ccctgtgtcc acctccaagc ccagattcag attcgagtca tgtacacaac ccagggtgga ggag | 60 74 | |
| 35 | <210> 1230 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1230 gtgcaggctc aggtgaagtg ctgcggctgg gtcagcttct acaactggac agacaacgct gagctcatga atgccctga ggtc | 60 84 | |
| 45 | <210> 1231 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1231 tggattggag ttctgggaat gtactggccg tggcactgga caacagtgtg tacctgtgga gtgcaagc | 60 68 | |
| 60 | <210> 1232 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1232 tctgtctggc tacgcctctt ctgtccctgt tagacgtctt ccgtccatat cagaactgtg ccacaatgca g | 60 71 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1233 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1233 ggtgagcaga agtggcctat atcgctcccc gtcgatgccagaagaactga acaggccaag actgaag</p> | 60 67 |
| 15 | <p><210> 1234 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1234 gcagtcgcgt gtgttcaata tgatggcagg aggggtgtta gtggagcata tgattttatg gtaaagggtg gggatcc</p> | 60 77 |
| 25 | <p><210> 1235 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1235 gagctgaaag acgcacactg tcagaggaaa ctggccatgc aggaattcat ggagatcaat gagcggc</p> | 60 67 |
| 35 | <p><210> 1236 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1236 cggagaaggg caccagtaag ctgccaaga gcctgtcatc cagccccgtg aagaaggcca atgacgg</p> | 60 67 |
| 45 | <p><210> 1237 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1237 gtcggcagaa gcaggacttg taccttctgc ccatagtgtat cagcgatggc ggcattccgc ccatgagtag</p> | 60 70 |
| 55 | <p><210> 1238 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1238 acccatgtac cgtcctcggc cagccaaccc agatgaaatc ggcaacttta taattgagaa cctgaaggcg g | 60 71 | |
| 10 | <210> 1239 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1239 ccttcccatc agcacagttc gtgaggtggc ttactgagg cgactggagg ctttgagca tcccaa | 60 66 | |
| 20 | <210> 1240 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1240 aagccctatc cgatgtaccc ggccacaaca tccctgggtga acgtcgtgcc caaactcaat gccacag | 60 67 | |
| 35 | <210> 1241 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1241 tggatctcta ccagcaatgt ggaattatca cccatcatca tccaatcgca gatggaggga ctcctgacat | 60 70 | |
| 45 | <210> 1242 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1242 acttgcctgt tcagagcact cattcctcc caccgccagt cctgtcctat cactctaatt cggatttgcc a | 60 71 | |
| 60 | <210> 1243 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1243 ttggtttgc tcggatactt gccaaaatga gactctccgt cggcagctgg gggaagggtc tgagac | 60 66 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1244 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1244 tgacaatcag cacacctgca ttcaccgctc ggaagagggc ctgagctgca tgaataagga tcacggctgt agtcaca</p> | 60 77 |
| 15 | <p><210> 1245 <211> 63 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1245 taaattcact cgtggtgtgg acttcaattg gcaagcccag gccctattgg ccctacaaga ggc</p> | 60 63 |
| 30 | <p><210> 1246 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1246 ctgaaggagc tccaagacct cgctctccaa ggcgccaagg agagggcaca tcagcagaag aaacacagcg gttttg</p> | 60 76 |
| 40 | <p><210> 1247 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| | <p><400> 1247 ccagaatgca cgctacagga aaaccattc ttctcccagc cgggtgcccc aatacttcag tgcattgggc</p> | 60 69 |
| 50 | <p><210> 1248 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 55 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1248 ccaccatagg cagaggcagg ccttctaca ccctactccc tgtgcctcca gcctcgacta gtccttagca ctcgacgact</p> | 60 80 |
| 65 | <p><210> 1249 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1249 gaggccagtg gtggaacag gtgtggagct gatgagtctg cctaccgcc tgggtttg tgtgcctcg ga | 60 72 | |
| 10 | <210> 1250 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1250 aaggaagtgg tccctctgtg gcaagtgatg aagtctccag cttgcctca gctctcccag acagaaagac tgcgtc | 60 76 | |
| 20 | <210> 1251 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1251 agaatgggtg tgaaggcgtc tcaaacaggc ttgtgggcc tgggtctgct ccagtgtgc tctgca | 60 66 | |
| 35 | <210> 1252 <211> 62 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1252 ggctggacgt ggtttctgt gctgcgccg ctctcgcg tctcgttca tttctgcag eg | 60 62 | |
| 45 | <210> 1253 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1253 ggctgctttg ctgcaactgt ccaccccgca cagacaagcc ttactccgcc aagtattctg ctgccgctc tg | 60 72 | |
| 60 | <210> 1254 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1254 cgttactga gcaatgccta cgcccgga gaattegett ccacgtgcc agatgatgag gagatega | 60 68 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <210> 1255 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 10 | <400> 1255 ccccaggata cctaccacta cctgcccttc agcctgcccc accggaggcc tcacttcttc ttcccaagt cccgca | 60 76 |
| 15 | <210> 1256 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 20 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 25 | <400> 1256 aaatcgacgc ttatcacaag gcactcagtt accgagccac gtcacgcca caacaggggt accaaca | 60 67 |
| 30 | <210> 1257 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 35 | <400> 1257 gtggccatcc agctgacctt cctgcgcctg atgtccaccg aggcctccca gaacatcacc taccactg | 60 68 |
| 40 | <210> 1258 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 45 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1258 cagccaagaa ctggtatagg agctccaagg acaagaaaca cgtctggcta ggagaaacta tcaatgctgg cagccagttt | 60 80 |
| 50 | <210> 1259 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 55 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 60 | <400> 1259 ccttatcggc tggaaagagt tcatcctgca gcccatccac aacctgctca tgggtgacac caaggag | 60 67 |
| 65 | <210> 1260 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1260 cgacagttgc gatgaaagtt ctaatctctt ccctcctcct gttgctgcc ctaatgctga tgtccatggt ctctagcagc c | 60 81 | |
| 10 | <210> 1261 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1261 atgccagtg ttctgactt cgaaacgcta ttctcacagg ttcagctctt catcagcact tgtaatgggg ag | 60 72 | |
| 20 | <210> 1262 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1262 gatgtgattg aggtgcatgg aaaacatgaa gagcgccagg atgaacatgg ttcatctcc aggaggttc | 60 69 | |
| 35 | <210> 1263 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1263 aagtcctgaa attgcatga gatattgcag taccgattcc aaaagacat caggttctaa tcaaggcca tgcattgt | 60 78 | |
| 45 | <210> 1264 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1264 cagcaagaac tgcaacaaca gcttgctga atgtccagc caaggccatg agaggcagtc cgaggat | 60 68 | |
| 60 | <210> 1265 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1265 tgacggct gattgacagt cagatggaga cctcgtgcc aattacatt gagttgtag accaggaaca gttg | 60 74 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1266 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1266 gagcacaacc aaacctacga gtgcagggcc cacaacagcg tggggagtgg ctctggggcc tcatacca tctctgcagg</p> | 60 80 |
| 15 | <p><210> 1267 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1267 taccacaccc agcattcctc ctgatcccag agaaatcgga tctgcgaaca gtggcaccag cctctag</p> | 60 67 |
| 30 | <p><210> 1268 <211> 64 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1268 cctgaacatg aaggagctga agctgctgca gaccatcggg aagggggagt tcggagacgt gatg</p> | 60 64 |
| 40 | <p><210> 1269 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1269 gagttcaagt gccctgacgg cgaggctcatg aagaagaaca tgatgtcat caagacctgt gcctgccatt acaact</p> | 60 76 |
| 55 | <p><210> 1270 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1270 gctcacttcg gctaaaatgc agaaatgcat gctgtcagcg ttggtatttc acattcaatg gagctga</p> | 60 67 |
| 65 | <p><210> 1271 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1271 gtacatgac ccctgtgaga aggtgtccac cctgcccgcg atcacactga agctgggagg caaaggctac aagctgtccc | 60 80 | |
| 10 | <210> 1272 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1272 tgtctcactg agcgagcaga atctggtgga ctgttcgcgt cctcaaggca atcagggctg caatggt | 60 67 | |
| 20 | <210> 1273 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1273 accaggcaat aacctaacag caccattat aggtgcaata tgggcatata tctccattgt gtcttggtt ggagaacag | 60 79 | |
| 35 | <210> 1274 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1274 ggagcaaat cgatgcagtg ctccaagga tggaccacac agaggctgcc tctccatca ctcccta | 60 68 | |
| 45 | <210> 1275 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1275 gagctacaga tgcccatgcc gattcttga aagccatgtt gccagagcca acgtcaagca tctcaaa | 60 67 | |
| 60 | <210> 1276 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1276 tgcgccctt cctctgtaca tatacccta agaacgcccc ctccacacac tgccccccag tatatgccgc attg | 60 74 | |

| | | |
|----|---|----------|
| 5 | <p><210> 1277 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1277 tgaccgcttc taccccaatg actgtgggt ggtgtgttc cagttcagc acatcatggt tggccttacc ct</p> | 60 72 |
| 15 | <p><210> 1278 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1278 ccggagtgac tctatcacca acatgctgga cacactgatg caagccaaga tgaactcaga taatggcaat gctggc</p> | 60 76 |
| 30 | <p><210> 1279 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1279 tccttatagg tacttcagc catttggtt tgggccccgt ggctgtgcag gaaagtacat cgccatggtg</p> | 60 70 |
| 40 | <p><210> 1280 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1280 ccagcttgtt gcctgtcact attcctcatg ccaccactgc caacacctct gtcttgggt accacattcc c</p> | 60 71 |
| 55 | <p><210> 1281 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1281 tgctcattct tgaggagcat taaggatatt cgaaactgcc aagggtgctg gtgcggatgg acactaatgc agccac</p> | 60 76 |
| 65 | <p><210> 1282 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|-----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1282 tggtaggtct aggtggtgta actgtcacac tccctcaggc aggaccatgg aacacagcat ctttggt | 60 67 | |
| 10 | <210> 1283 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1283 aaatgtctc ctgactgct ccgcggagtc cgaccgagga gttccagtga tcaagtggaa gaaagatggc attca | 60 75 | |
| 20 | <210> 1284 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1284 ggtcaccgtt ggtgtcatca cagtgtggt agtgggtcatc gtggctgtga ttgcacccg acgctc | 60 66 | |
| 35 | <210> 1285 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1285 atggagatgt ggtcattcct agtgattatt ttcagatagt gggaggaagc aacttacgga tactggggt ggtg | 60 74 | |
| 45 | <210> 1286 <211> 110 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1286 gccgccacaa gactaaggaa tggccacccc gcccaagaga agctgccgt ctttctcagc cagctctgag gggacccgca tcaagaaaat ctccatcgaa gggaacatcg | 60 110 | |
| 60 | <210> 1287 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1287 tcaattcca gcatcactgt ggagaaaagc tgttgtctc cccagcatac ttatcgct tactgcc | 60 68 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1288 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1288 gattcagacg aggatgagcc ttgtccatc agtggcaa at ggactttcca aaggacagc aagaggtg</p> | 60 68 |
| 15 | <p><210> 1289 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1289 cacggaggtg taaggcagga gcctacctgg acatccctgc tcagccccgc ggctggacct tccttct</p> | 60 67 |
| 25 | <p><210> 1290 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1290 ctctgagaca gtgcttcgat gactttgcag acttggtgcc cttgactcc tgggagccgc tcatgaggaa gttgggcctc atgg</p> | 60 84 |
| 35 | <p><210> 1291 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1291 tggcactact gcatgattga catagagaag atcagggcca tgacaatgc caagctgaaa acaatgcggc agg</p> | 60 73 |
| 45 | <p><210> 1292 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1292 aaatcgctgg gaacaagtgc cgtaattaa ggaaaagttg agccagggcg tgaccctcgt cgtggacaga tacgcatt</p> | 60 78 |
| 55 | <p><210> 1293 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1293 agacatcagc tcctggtca acgaggccat tgactcata gactccatca agaatgctgg aggaagggtg ttgtc | 60 76 | |
| 10 | <210> 1294 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1294 tggtagcat ggaggagctg cgggagatgg actgcagtgt gctcaaaagg ctgatgaacc gggacgag | 60 68 | |
| 20 | <210> 1295 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1295 actccctcta cccttgagca agggcagggg tccctgagct gttctctgc cccatactga aggaactgag gcctg | 60 75 | |
| 35 | <210> 1296 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1296 ctgctggatg accttcctcc cagagtggct caccagaagc cccaacctca acaccagcaa ctggctgtac tttgg | 60 76 | |
| 45 | <210> 1297 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1297 tgccacctgg acatcatttg ggtcaacact cccgagcacg ttgtccgta tggacttga agccctaggt cca | 60 73 | |
| 60 | <210> 1298 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1298 cgacaaggag tgcgtctact tctgccactt ggacatcatc tgggtgaaca ctctgaaca gacagctct tacggcctg | 60 79 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1299 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1299 ttctctcaaa ttgcctcaa gatggaaacc cttgcctca gggcatcctt ttgctggca ctggttgat gtgtaa</p> | 60 76 |
| 15 | <p><210> 1300 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1300 actgtgaact gcctggtgca gtgtccacat gacaaagggg caggtagcac cctctctcac ccatgctgtg gt</p> | 60 72 |
| 25 | <p><210> 1301 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1301 cgagtggaga ctggtgttct caaaccggg atggtggtca ccttgcctc agtcaacgtt acaacgg</p> | 60 67 |
| 35 | <p><210> 1302 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1302 atggactcca cagagccggc ctacagcgag aagcgctacg acgagatcgt caaggaagtc agcgcc</p> | 60 66 |
| 45 | <p><210> 1303 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1303 ttgaacagag cctgaccaag agggatgagt tcgagtttct ggagaaagca tcaaaactgc gaggaatctc aaca</p> | 60 74 |
| 55 | <p><210> 1304 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1304 gtccccgctg cagatctctg acccggtcgg atcctttcct cactcgccca ccatggacaa ctaccctaag ctggag | 60 76 | |
| 10 | <210> 1305 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1305 ccatgtggat gaatgaggtg tctcctttcc ataccagtc tcaccttctc cccaccctac ctcaccttt ctcaggca | 60 78 | |
| 20 | <210> 1306 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1306 ggcgggtaag agtcacagtt tgatagggac atttaaagca ccagccatcg tgtggagcac taccaa | 60 66 | |
| 35 | <210> 1307 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1307 tcgagggcaa gaagagcaag caccgcccc gaggcaccca cctgtgggag ttcacccggg acatcctcat c | 60 71 | |
| 45 | <210> 1308 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1308 gctagtactt tgatgctccc ttgatggggt ccagagagcc tccctgcagc caccagactt ggcctccagc tggtc | 60 75 | |
| 60 | <210> 1309 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1309 caaggccgtg aacgagaagt cctgcaactg cctcctgctc aaagtaacc agattggctc cgtgaccg | 60 68 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1310 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1310 agccccagca actacagtct gggatgcca ggccagccat gatgtcagtg gccagcatg gtcaaccttt gaaca</p> | 60 75 |
| 15 | <p><210> 1311 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1311 gggccctcca gaacaatgat gggctttatg atcctgactg cgatgagagc gggctcttta aggccaagca gtgca</p> | 60 75 |
| 25 | <p><210> 1312 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1312 cgcctgttca ccaagattga caccattgcg cccgatgaga tcaccgtcag cagcgacttc gaggcagcc ac</p> | 60 72 |
| 35 | <p><210> 1313 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1313 caaccaggca gctccatcgg cagtgtccat catgcatcag gtgagccgca ccgtggacag cattac</p> | 60 66 |
| 45 | <p><210> 1314 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1314 tgaacggggt atcctcctta gccacggggc ccgtccatt tgagcctgtc aatgtcacca ctgaccgaga ggtacct</p> | 60 77 |
| 55 | <p><210> 1315 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1315 tggatcatcg ccagttatca catctgtatg cggaacctca aaagagttcc tgggtgaag caagatcgct agaaca | 60 76 | |
| 10 | <210> 1316 <211> 86 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1316 tggctcttaa tcagtttctg tacctgcctc tggagaattt acgcattatt cgtgggacaa aactttatga ggcgcgatat gccttg | 60 86 | |
| 20 | <210> 1317 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1317 gtccaggtgg atgtgaaaga tccccagcag gccctcaagg agctggctaa gatgtgtatc ctggccg | 60 67 | |
| 35 | <210> 1318 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1318 ccaacactag gctccccacc agccatatgc ctctcatct gggcacttac tactaaagac ctggcggagg | 60 70 | |
| 45 | <210> 1319 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1319 ggcattgagc ctctctacat caaggcagag ccggccagcc ctgacagtcc aaaggggtcc tcggaga | 60 67 | |
| 60 | <210> 1320 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1320 gtcactccgc caccgtagaa tcgcctacca ttggtgcaa gcaaaaagca atcagcaatt ggacag | 60 66 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1321 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1321 acccccagac cggatcaggc aagctggccc tcatgtcccc ttcacgggtg ttgaggaagt ctgccctaca</p> | 60 70 |
| 15 | <p><210> 1322 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1322 ccagcaccat tgtgaagat cccagacca agtgtgaata catgtcaac tcgatccca agagact</p> | 60 67 |
| 25 | <p><210> 1323 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1323 cgtggtgccc ctctatgacc tgctgctgga gatgctggac gccaccgcc tacatgcgcc cactagcc</p> | 60 68 |
| 35 | <p><210> 1324 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1324 accatgtatc gagaggggcc ccctaccag aggcgagggt ccctcagct gtggcagttc ctggtca</p> | 60 67 |
| 45 | <p><210> 1325 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1325 tggaaacagc gaaggataca gcctgtgcac atcctgactt ctgtgagctc attgcgcggg actagggagt gttcggtg</p> | 60 78 |
| 55 | <p><210> 1326 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1326 gtgaaggatg tgaagcagac gtacttggca cgggtcttct cctacccggc agggaatgtg gagagcaccg gtt | 60 73 | |
| 10 | <210> 1327 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1327 ctgaccagaa ccacggctta tccggcctgt ccacgaacca ctatacacc cacatgaccc acttc | 60 66 | |
| 20 | <210> 1328 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1328 gcctcttct gttcagcgc tcgccacct acgtactggc ctacaccag agctaccggg caaagc | 60 66 | |
| 35 | <210> 1329 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1329 gagggactgt tggcatgcag tgccctcca gagaccaacg ttcaagcagt tggtagaaga cttgatcga attctactc | 60 80 | |
| 45 | <210> 1330 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1330 ctggcttaag gatggacagg ccttcatgg ggagaaccgc attggaggca ttcggctgcg ccatcagcac tggagtctcg t | 60 81 | |
| 60 | <210> 1331 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1331 ccagtggagc gcttcatga cctgcgtcct gatgaagtgg ccgattgtt tcagacgacc cagagag | 60 67 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1332 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1332 gacatctgcg ctccatctc gggaccctga cagtggagca gatttatcag gaccgggacc agtttg</p> | 60 66 |
| 15 | <p><210> 1333 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1333 ggaagtga gacgtgaagg tcaccatcat gtggacaccg cctgagagtg cagtgaccgg ctaccgtgt</p> | 60 69 |
| 25 | <p><210> 1334 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1334 cgagcccttt gatgacttcc tgtcccagc atcatccagg cccagtggct ctgagacagc ccgctcc</p> | 60 67 |
| 35 | <p><210> 1335 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1335 gagaacaagc agggctggca gaacagcatc cgccacaacc tctcgctcaa cgagtgttc gtcaag</p> | 60 66 |
| 45 | <p><210> 1336 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1336 tgaagtcag gacgatgatg cgctctctc gcccatgctc tacagcagct cagccagcct gtcacctca gtaagcaagc cgt</p> | 60 83 |
| 55 | <p><210> 1337 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1337 cgacagagct tgtgcaccta agctgcagac caagccttg cccagaattt aaggattcca atggacgacc | 60 70 | |
| 10 | <210> 1338 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1338 ctgtttgctg tccggaggca cctgtggggt agccatggaa acagcacatt cccagagttc ctccac | 60 66 | |
| 20 | <210> 1339 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1339 ccagctgcta ctttgacatc gagtggcgtg accggcgcat cacactgagg gcgtccaatg gcaagtttgt gacc | 60 74 | |
| 35 | <210> 1340 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1340 ggataattca gacaacaaca ccatctttgt gcaaggcctg ggtgagaatg ttacaattga gtctgtggct gattactca | 60 80 | |
| 45 | <210> 1341 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1341 gaagcgcaga tcatgaagaa gctgaagcac gacaagctgg tccagctcta tgcagtgggtg tctgaggag | 60 69 | |
| 60 | <210> 1342 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1342 tcagcagcaa gggcatcatg gaggaggatg aggctgcgg gcgcagtag acgctcaaga aaaccacc | 60 68 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1343 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1343 tgttggagg gaaggctgg ggctctgagc cagattccac acctcacgtt cagtcacagc cctcagctat cttc</p> | 60 74 |
| 15 | <p><210> 1344 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1344 gtgctggtga cgaatccaca ttcatctcaa tggaaggatc ctgccttaag tcaacttatt tgttttgcc ggg</p> | 60 73 |
| 25 | <p><210> 1345 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1345 accctcgaca agaccacact ttgggacttg ggagctgggg ctgaagttgc tctgtaccca tgaactcca</p> | 60 70 |
| 35 | <p><210> 1346 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1346 attccacca tggcaaattc catggcaccg tcaaggctga gaacgggaag ctgtcatca atggaaatcc catc</p> | 60 74 |
| 45 | <p><210> 1347 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1347 caaaggagct cactgtggtg tctgtgtcc aaccactgaa tctggacccc atctgtgaat aagccattct gactc</p> | 60 75 |
| 55 | <p><210> 1348 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1348 ttgggaata ttgggcatt ggtctggcca agtctacaat gtcccaatat caaggacaac caccctagct tct | 60 73 | |
| 10 | <210> 1349 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1349 gcatgggaac catcaaccag caggccatgg accaactca ctatgtgaca gagctgacag atcgaatcaa ggcaaactcc tea | 60 83 | |
| 20 | <210> 1350 <211> 85 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1350 tgtagaatca aactctcat catcaactag aagtgcagtt gacatggcct gttcagtcct tggagttgca cagctggatt ctgtg | 60 85 | |
| 35 | <210> 1351 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1351 cgctccagac ctatgatgac ttgttagcca aagactgcca ctgcatatga gcagtcctgg tccttcact gt | 60 72 | |
| 45 | <210> 1352 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1352 gatcccaagg cccaactccc cgaaccactc agggctcctgt ggacagctca cctagctgca atggct | 60 66 | |
| 60 | <210> 1353 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1353 gttcactggg ggtgtatggg gtagatgggt ggagaggag gggataagag aggtgcatgt tggattt | 60 68 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1354 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1354 tgtcatgtac gacggcttct ccatgcagcg gctggtgaag tgcaacgcct ggccttgcc caacactgtg gact</p> | 60 74 |
| 15 | <p><210> 1355 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1355 gttcgctacg aggattgagc gtcctcacc agtaagtggg caagaggcgg caggaagtgg gtacgca</p> | 60 67 |
| 25 | <p><210> 1356 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1356 ttctggacct gggaccttag gagccgggtg acagcactaa ccagacctcc agccactcac agctcttt</p> | 60 68 |
| 35 | <p><210> 1357 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1357 cgtgcctcta caccatcttc ctctcccca tcggctttgt gggcaacatc ctgatcctgg tggagaacat</p> | 60 70 |
| 45 | <p><210> 1358 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1358 agtacaagca ggctgccaag tgcctcctgc tggcttcctt tgatcactgt gacttcctg agctgc</p> | 60 66 |
| 55 | <p><210> 1359 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|---|----------|
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 5 | <400> 1359 gcttatgacc gacccaagc tcatcacctg gtctccggtg tgcgcaacg atgtgcctg gaactt | 60 67 |
| 10 | <210> 1360 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1360 cacacagatc tcctactcca tccagtcctg aggagcctta ggatgcagca tgccttcagg agacactgct ggacc | 60 75 |
| 20 | <210> 1361 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 30 | <400> 1361 ctgagtgtgg ttgacggtc ctggcctcc cgtgtaacca gttcggaag caggagccag ggagta | 60 66 |
| 35 | <210> 1362 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1362 ccatctgcat ccatctgtt tgggctccc acccttgaga agtgcctcag ataataccct ggtggcc | 60 67 |
| 45 | <210> 1363 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 55 | <400> 1363 cagatgacaa tggccacaat gctctcttg gttctctgg gaattgtgtt ggctgtggaa agaaaggctt c | 60 71 |
| 60 | <210> 1364 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 65 | <400> 1364 tgcttagtg cggtaaaacc agcgctgtc cgatgcaccg ttcgctggt aaactgacgc attcaggctc ttg | 60 73 |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1365 <211> 64 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1365 cccagggcac cagcttact ccccgagccc agcaggacat ctgcatataa cacacagccg aagt</p> | 60 64 |
| 15 | <p><210> 1366 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1366 tgcccccaag acactgtgtg tgacctgatc cagagtaagt gcctctcaa ggagaacgct accacggacc tc</p> | 60 72 |
| 25 | <p><210> 1367 <211> 86 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1367 aagctatgag gaaaagaagt acacgatggg ggacgctcct gattatgaca gaagccagtg gctgaatgaa aaattcaagc tgggcc</p> | 60 86 |
| 35 | <p><210> 1368 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1368 ctgggctgtg aggctgagag tgaatctgct ttacgagggt aggcggggaa tcagaaaagg agcagattcg c</p> | 60 71 |
| 45 | <p><210> 1369 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1369 ctgcaggcac tccctgaaat gctgaagctc tactcacagt ttctggggaa gcagccatgg ttcttg</p> | 60 68 |
| 55 | <p><210> 1370 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1370 caatgccatc ttgcgtaca tcgctcgca gcaacaatg tgtggtgaga ctgaagaaga aaagattcga gtggac | 60 76 | |
| 10 | <210> 1371 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1371 caccatcccc accctgtctt ccacagccgc ctgaaagcca caatgagaat gatgcacact gaggcc | 60 66 | |
| 20 | <210> 1372 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1372 cccactcagt agccaagtca caatgtttgg aaaacagccc gttacttga gcaagactga taccacctgc gtg | 60 73 | |
| 35 | <210> 1373 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1373 ccaaacgtgt aacaattatg ccaaaagaca tccagctagc acgccgcata cgtggagaac gtgcttaaga | 60 70 | |
| 45 | <210> 1374 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1374 caagtaccac agcgtatgact acattaaatt ctgcgctcc atccgtccag ataacatgtc ggagtacagc aagc | 60 74 | |
| 60 | <210> 1375 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1375 tcctgtgctc tggaagccct tgagcccttc tgggagggtc ttgtgagatc aactgagacc gtggag | 60 66 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1376 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1376 cgggtgtgaga agtgcagcaa gccctgtgcc cgagtgtgct atggtctggg catggagcac ttgcgagagg</p> | 60 70 |
| 15 | <p><210> 1377 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1377 gaaagatagc tcgcggcatt ccaagctgga gaaggcggac attctggaaa tgacagtga gcacctcc</p> | 60 68 |
| 25 | <p><210> 1378 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1378 caggacacaa gtgccagatt gcgggctggg gccactgga tgagaacgtg agcggctact ccagctccct gc</p> | 60 72 |
| 35 | <p><210> 1379 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1379 tccatgatgg ttctgcaggt ttctgcggcc ccccgacag tggctctgac ggcgttactg atggtgctgc tea</p> | 60 73 |
| 45 | <p><210> 1380 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1380 tggcctgtcc attggtgatg ttgcgaagaa actgggagag atgtggaata acactgctgc agatgacaag c</p> | 60 71 |
| 55 | <p><210> 1381 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1381 tccaggatgt taggaactgt gaagatggaa gggcatgaaa ccagcgactg gaacagctac tacgcagaca cgc | 60 73 | |
| 10 | <210> 1382 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1382 agcaggagcg accaactgat cgcacacatg cttgtttgg atatggagtg aacacaatta tgtaccaa ttaacttggc aaac | 60 84 | |
| 20 | <210> 1383 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1383 gcagcagtcg gcttctctac gcagaacccg ggagtaggag actcagaatc gaatctcttc tccctccc | 60 68 | |
| 35 | <210> 1384 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1384 agtgcagat ggacaatgca agaatgaact ccttcctgga ataccccata ctagcagtg gcgactcgg | 60 69 | |
| 45 | <210> 1385 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1385 tcccttgtgt tccttctgtg aagaagccct gttctcgttg ccctaattca tctttaatc atgagcctgt ttattgcc | 60 78 | |
| 60 | <210> 1386 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1386 cgtgccttat ggttactttg gaggcgggta ctactcctgc cgagtgtccc ggagctcgct gaaaccctgt g | 60 71 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1387 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1387 cagcctcaag ttcggttttc gctaccggag cctcccaga acaaactct tgtcggttg ctccaac</p> | 60 68 |
| 15 | <p><210> 1388 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1388 ctggaccgca cggacatcca cacctccac cgcttctacc aatacctgc ccacagcaag caagtcttc gcgaggcg</p> | 60 78 |
| 25 | <p><210> 1389 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1389 gctttccaag tggggaatta aagttgctc catccaacct ggaggctcc taacaaatat cgcaggca</p> | 60 68 |
| 35 | <p><210> 1390 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1390 cagtctgcc atgttgaagt cagaatggcc tgtattcact atctcgaga gaacagagag aaattgaag cgtttat</p> | 60 77 |
| 45 | <p><210> 1391 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1391 ctgctcgac agtcactac cttttcgag agtgactccc gttgtccaa ggctcccag agcgaacctg</p> | 60 70 |
| 55 | <p><210> 1392 <211> 63 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1392 gggccgcttc gtcttcgag agtgactccc gcggtccaa ggcttccag agcgaacctg tgc | 60 63 | |
| 10 | <210> 1393 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1393 ttcagtgtgt ccagtgcac tttagtggag gttcacaagt ctgaggaaaa tgaggagcca atggaaacag at | 60 72 | |
| 20 | <210> 1394 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1394 ggctagtaga actggatccc aacaccaaac tcttaattag acctaggcct cagctgact gcccgaag catttgggca gacc | 60 84 | |
| 35 | <210> 1395 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1395 cctccctctg gtggtgcttc ctcagggcc accattgaag aggttgatta agccaaccaa gtgtagatgt age | 60 73 | |
| 45 | <210> 1396 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1396 ccgactggag gagcataaaa gcgcagccga gccagcgcc ccgcacttt ctgagcagac gtccagagca ggtcagcca gcat | 60 84 | |
| 60 | <210> 1397 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1397 gaataccaca cttctgcta caacactggg ctatggagag gacgccacgc ctggcacagg gtatacaggg ttagctgcaa tcc | 60 83 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1398 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1398 gcagacagt accatctaca gctttccggc gcccaacgtg attctgacga agccagaggt ctcaag</p> | 60 68 |
| 15 | <p><210> 1399 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1399 agaaccgcaa ggtgagcaag gtggagattc tccagcacgt catcgactac atcagggacc ttcagttgga</p> | 60 70 |
| 25 | <p><210> 1400 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1400 tggcctggct ctaatttgc tttgttttg cccagtatag actcggaagt aacagttata gctagtggc ttcatgatt gca</p> | 60 83 |
| 35 | <p><210> 1401 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1401 ggtggagagt ggagccatga ccaaggacct ggcgggctgc attcacggcc tcagcaatgt gaagctgaac gage</p> | 60 74 |
| 45 | <p><210> 1402 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1402 gcatggtagc egaagattt acagtcaaaa teggagattt tggatgacg egagatatet atgagacaga ctattaccgg aaa</p> | 60 83 |
| 55 | <p><210> 1403 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1403 ccgtgcttcc ggacaacttc cccagatacc ccgtgggcaa gttcttcaa tatgacacct ggaagcagtc ca | 60 72 | |
| 10 | <210> 1404 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1404 tgaaccgcag agaccaacag aggaatccag gcacctctac cagccctcc cagccaatt ctgcgggtgt ccaagac | 60 77 | |
| 20 | <210> 1405 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1405 gggtcactat ggagttcaaa ggacagaact cctgcctggt gaccgggaca acctggccat tcagaccc | 60 68 | |
| 35 | <210> 1406 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1406 gcctccata gctccttacc ccagccctac aegaaaggae ctgcttctcc acatgcaaga getetg | 60 66 | |
| 45 | <210> 1407 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1407 aaggaacat ctcactgtgt gtaaacatga ctccaagct ggccgtggct ctctggcag ccttctgat | 60 70 | |
| 60 | <210> 1408 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1408 ggcgtgtca tcgatttctt ccctgtgaaa acaagagcaa ggccgtggag caggtgaaga atgcctttaa taagctcca | 60 79 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1409 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1409 tggaagggtc cacaagtcac cctgtgatca acagtacccg tatgggacaa agctgcaagg tcaaga</p> | 60 66 |
| 15 | <p><210> 1410 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1410 accctctggt ggtaaatgga catttccta catcggttc cctgtagagc tgaacacagt ctatttcatt ggggcc</p> | 60 76 |
| 30 | <p><210> 1411 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1411 ggccctaatgt tccagatcct tcaaagagtc atattgccca gtggtcacct cacactcctc caaggcaciaa ttt</p> | 60 74 |
| 40 | <p><210> 1412 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1412 actttcctgc gaggtcagtc aaggcttgg gggctctgtt ttgaatgtgg atcaccactc ggagtt</p> | 60 66 |
| 55 | <p><210> 1413 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1413 gtgcccagagc catatagcag gcacgtccgg gtctcactg tcctccact caacagtcac caaccactac eg</p> | 60 72 |
| 65 | <p><210> 1414 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1414 agtccagccg agatgetaag agcaaggcca agaggaagtc atgtggggat tccagccctg ataccttct | 60 69 | |
| 10 | <210> 1415 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1415 ccacagctca ccttctgtca ggtgtccatc ccagctccag ccagctccca gagaggaaga gactggcact gagg | 60 74 | |
| 20 | <210> 1416 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1416 ccatgatcct cactctgctg gtggactata cactccagac ctgccttagc atggtaaadc accggctaca aagette | 60 77 | |
| 35 | <210> 1417 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1417 caacgcttca gtgatcaatc ccggggcgat ttacagatgc aggatcggaagaagaatccgg ccagac | 60 66 | |
| 45 | <210> 1418 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1418 aggccagccc tacattatca gagcaagagc cggatagagg acaaggctca gatcttgctg gactgtggag aagac | 60 75 | |
| 60 | <210> 1419 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1419 cagtgaacaaa cagcccttcc aacccaagga atcccacaaa agatggcgat gacgcccattg aggctaaac | 60 69 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1420 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1420 actcggactg cacaagctat tttgatgac agctatttg gttattctgt ggctgtcgga gatttcaatg gtgatggca</p> | 60 79 |
| 15 | <p><210> 1421 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1421 tcagaattgg atttggctca ttttggaag agactgtgat gccttacatt agcacaacac cagctaagct cagg</p> | 60 74 |
| 30 | <p><210> 1422 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1422 accggggagc cctacatgac gaaaatacct gcaaccgtta ctgccgtgac gagattgagt cagtgaaga gcttaagg</p> | 60 78 |
| 40 | <p><210> 1423 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1423 caagggtgcc tcagtggagc tcaccaacct gtaccggtat tgcgactatg agatgaaggt gtgcgc</p> | 60 66 |
| 55 | <p><210> 1424 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1424 tcgtgaaaga tgaccaggag gctgtgctat gttctacaa aaccgccaag gactgcgtca tgatgtcac c</p> | 60 71 |
| 65 | <p><210> 1425 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1425 tggcttacac tggcaatggt agtttctgtg gttggctggg aaatcgagt cgcactctca cagctatgc | 60 69 | |
| 10 | <210> 1426 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1426 ctgtcagctg ctgctgggg tcaagggaca cgccttctga acgtcccctg cccctttacg gacaccccct | 60 70 | |
| 20 | <210> 1427 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1427 cggacttgg gtgcgacttg acgagcgggt gttcgacaag tggccttgcg ggccggatcg tccagtgga agagttgtaa | 60 80 | |
| 35 | <210> 1428 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1428 aagcccgagg cactcattgt tgccctcaa gctgccaatg aagacctcag gaccaagctc acagaca | 60 67 | |
| 45 | <210> 1429 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1429 gctgggaggg aggacttct ctcaaggcc atgctgacca tcagctggct cactctgacc tgcttc | 60 66 | |
| 60 | <210> 1430 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1430 gagctcatg gctcatcccc agcagtgagc tcagaggaat gcacaccag taggattcag tgggtgtga | 60 69 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1431 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1431 tctctgcag gaagccagac aacagtcagt ggcccatcag caatcagggt ctgaattggc cctacgg</p> | 60 67 |
| 15 | <p><210> 1432 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1432 aattctctgt ccaaagaaa gtcttgaag ccgctccact cgcattgtcca ctgtctcaga gcttcgcatc acg</p> | 60 73 |
| 30 | <p><210> 1433 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1433 caccocggct tcaacaacag cctccccaac aaagaccacc gcaatgacat catgctggtg aagatg</p> | 60 66 |
| 40 | <p><210> 1434 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1434 gacgtgaggg tctgattct ccctggttt accccagctc catccttgca tcaactggga ggacgtgatg agtgagga</p> | 60 78 |
| 55 | <p><210> 1435 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1435 catcctcatg gattggtgtg ttctgtaaca gcagtcacat tccatgggtg acaatgaatg gtttggc</p> | 60 67 |
| 65 | <p><210> 1436 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1436 ccacctgcc atgattttc cttgaccgg gtattccac caggaagtg acaggatgaa gtgttgaag agattgc | 60 77 | |
| 10 | <210> 1437 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1437 atgtgccagt gagcttgagt ccttgagaa acacaagcac ctgctagaaa gtactgttaa ccaggggctc a | 60 71 | |
| 20 | <210> 1438 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1438 tgatggcca aatgaacgaa ttggcatggt ggtgaaaaca ggagtgtgc cccaactgt gaagctt | 60 67 | |
| 35 | <210> 1439 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1439 cttgctggcc aatgcctaca tctacgtgt ccagctgcca gccaagatcc tgactgcgga caatca | 60 66 | |
| 45 | <210> 1440 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1440 cagatgaggc acatggagac ccaggccaag gacctgagga atcagttgct caactaccgt tctgccattt caa | 60 73 | |
| 60 | <210> 1441 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1441 ctcctggcca acagactgc actagaagag gccatgctcc aggaacagca gaggctgggc cttgtgt | 60 67 | |

| | | |
|----|---|----------|
| 5 | <p><210> 1442 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1442 caaggagact gggaggtgtc tcaagtcct gtaccacacg gaaggggaac actgtcagtt ctgccg</p> | 60 66 |
| 15 | <p><210> 1443 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1443 actgaccaag cctgagacct actgcacca gtatggcgag tggcagatga aatgctgcaa gtgtgac</p> | 60 67 |
| 30 | <p><210> 1444 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1444 actcaagcgg aaattgaagc agataggtct tatcagcaca gtctccgcct cctggattca gtgtctcggc ttcaggaggt</p> | 60 80 |
| 40 | <p><210> 1445 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| | <p><400> 1445 agcgatgaag atggtcgcgc cctggacgcg gttctactcc aacagctgct gctgtgctg ccatgtc</p> | 60 67 |
| 50 | <p><210> 1446 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 55 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1446 agcggaaaat ggcagacaat ttttcgtcc atgatgcgtt atctgggtct ggaaacccaa accctcaag</p> | 60 69 |
| 65 | <p><210> 1447 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1447 gcttcagggtg ttgtgactgc agtgcctccc tgcgcacca gtactatgag aaggatgggc agctctt | 60 67 | |
| 10 | <210> 1448 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1448 tgaacagtaa tggggagctg taccatgagc agtgttcgt gtgcgctcag tgctccagc agttcccaga a | 60 71 | |
| 20 | <210> 1449 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1449 tgcaaagct ggtgtcacag ccagccccc aactgacctc atctggaaga accagaactc gtgggg | 60 66 | |
| 35 | <210> 1450 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1450 ccaatgggag aacaacgggc aggtgttcag cttgctgagc ctgggctcac agtaccagcc tcagcg | 60 66 | |
| 45 | <210> 1451 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1451 ctgcaacacc gaagtggact gttactccag gggacaagcc ttccaccccc agcctgtgtc cagagac | 60 67 | |
| 60 | <210> 1452 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1452 agaccaagct ggaagcagag aagttgaaag tgcaggccct gaaggaccga ggtcttcca ttcctc | 60 66 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1453 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1453 acatccaggg ctctgtgggc cgcaagggga gtcctaaac acagagggtt cttccattg tgtctgc</p> | 60 67 |
| 15 | <p><210> 1454 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1454 gacctggcct tgctgaagaa tctccggagc gaggaacaga agaagaagaa ccggaagaaa ctgtccg</p> | 60 67 |
| 30 | <p><210> 1455 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1455 agaagctgtc cctgaagag caggatgcag cgattgtgaa gaacatgaag tctgagctgg tacggct</p> | 60 67 |
| 40 | <p><210> 1456 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1456 gacttttgcc cgctacctt cattccggcg tgacaacaat gagctgtgc tctcatact gaagcagta gtggc</p> | 60 75 |
| 55 | <p><210> 1457 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1457 aggatcgct gtcagaagag gagacccggg ttgtcttccg tcagatagta tctgctgtg cttatgtgca</p> | 60 70 |
| 65 | <p><210> 1458 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 5 | <400> 1458 gtgaaatgaa acgcaccaca ctggacagcc cttggggaa gctggagctg tctggtgtg agcagggtc | 60 69 |
| 10 | <210> 1459 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1459 acggatctac cacaccattg catatttgac acccctccc cagccaaata gagcttgag ttttttgtt ggatagga | 60 79 |
| 20 | <210> 1460 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 30 | <400> 1460 gggagatcat cgggacaact ctcccttga tggacctgga ggaaatcttg ctcatgctt tcaaccaggc cc | 60 72 |
| 35 | <210> 1461 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1461 ccaacgcttg ccaaatcctg acaattcaga accagctctc tgtgaccca attgagtt tgatgctgc actaccgt | 60 78 |
| 45 | <210> 1462 <211> 86 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 55 | <400> 1462 ccatgatgga gaggcagaca tcatgatcaa cttggccgc tgggagcatg gcatggata ccccttgac ggtaaggacg gactcc | 60 86 |
| 60 | <210> 1463 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 65 | <400> 1463 ggatggtagc agtctaggga ttaacttct gtatgctgca actcatgaac ttggccattc ttgggtatg ggacattcc | 60 79 |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1464 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1464 tcacctctca tcttcaccag gatctcacag ggagaggcag atatcaacat tgctttttac caaagagatc acggtgaca</p> | 60 79 |
| 15 | <p><210> 1465 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1465 ccatacgtgc tgctacctgt agatatgggt gatgaaccat ggtttgatga ttctgccatt caaaccttta gg</p> | 60 72 |
| 25 | <p><210> 1466 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1466 cgagagtctg taggagggaa accgccatgg acgatcaggg ttgccctcgg tgtaagacca ccaaatatcg gaacc</p> | 60 75 |
| 35 | <p><210> 1467 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1467 tcatggtgcc cgtcaatgct gtgatggcga tgaagaccaa gacgtatcag gtggcccaca tgaagagcaa agacaatcg</p> | 60 79 |
| 45 | <p><210> 1468 <211> 91 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1468 tcatcctggc gatctacttc ctctggcaga acctaggtcc ctctgtcctg gctggagtcg ctttcatggt cttgctgatt ccactcaacg g</p> | 60 91 |
| 55 | <p><210> 1469 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1469 tgagaaacaa actgcaccca ctgaactccg cagctagcat ccaaatacgc ccttgagatt tgaggccttg | 60 70 | |
| 10 | <210> 1470 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1470 gatgcagaat tgaggcagac ttacaagaa gattacttc gtcgattccc agatctaac cgacttgcca aga | 60 73 | |
| 20 | <210> 1471 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1471 gctcgtggtt ctgtagtcca gtcacccatg gagggatg ttgactgaga cttcacgctc tcccttgg | 60 69 | |
| 35 | <210> 1472 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1472 gaaggatgg gaatcagtc tgagctaatac accctggaga tcagctccc agatgtccc gatctgactc taatagac | 60 78 | |
| 45 | <210> 1473 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1473 gccgagatcg ccaagatgt gccagggagg acagacaatg ctgtgaagaa tctactggaac tctaccatca aaag | 60 74 | |
| 60 | <210> 1474 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1474 tggttttgag accacgatgt tgggagggtg tgtttacagc actccagcca aaaaatacag cactggcatg attca | 60 75 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1475 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1475 taactgacat tcttgagcac cagatccggg ctgtccctt tgagaacctt aacatgcatt gtgggcaagc cat</p> | 60 73 |
| 15 | <p><210> 1476 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1476 cgagactctc ctcatagtga aaggtatgtg tcagccatga ccaccccggc tcgtatgtca cctgtagatt tccacacgcc aag</p> | 60 83 |
| 25 | <p><210> 1477 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1477 caaccgaagt ttctactcca gttgtcccca cagtagacac atatgatggc cgaggtgata gtgtggttta tggactgagg</p> | 60 80 |
| 35 | <p><210> 1478 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1478 gcggaaggtc cctcagacat ccccgattga aagaaccaga gaggctctga gaaacctcgg gaaacttaga tcatca</p> | 60 76 |
| 45 | <p><210> 1479 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1479 ccgcaacgtg gttttctcac cctatggggt ggcctcgggt ttggccatgc tccagctgac aacaggagga gaaaccagc a</p> | 60 81 |
| 55 | <p><210> 1480 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|--|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1480 gtgggtttcc ctcggagccc cctggctcgg gacgtctgag aagatgccg tcatgaggct gttccctgc t | 60 71 | |
| 10 | <210> 1481 <211> 85 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1481 gcatcaggct gtcattatgg tgccttacc tgtgggagct gtaaggtctt cttaagagg gcaatgaag ggcagcaca ctact | 60 85 | |
| 20 | <210> 1482 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1482 aggactggga cccatgaaca ttctttgtg atcagaccg aagcgacca ttgctcagga ttatggg | 60 67 | |
| 35 | <210> 1483 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1483 tggttaagt aagatgacaa tcatgttgca gcaattcact gtaaagctgg aaagggacga actggtgtaa tgatatgtgc a | 60 81 | |
| 45 | <210> 1484 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1484 aatattgtg cggggtatgg ggggtgggtt ttaaactcgc ttctctgg acaagcacag ggatctcgtt | 60 70 | |
| 60 | <210> 1485 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 65 | <400> 1485 aagcatgaac aggactgac catcttcca acccctggg aagacattg caactgactt ggggagg | 60 67 | |

| | | |
|----|---|----------|
| 5 | <210> 1486 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 10 | <400> 1486 gcaaggaaag ggtcttagtc actgcctccc gaagtgctt gaaagcactc ggagaattgt gcaggtgt | 60 68 |
| 15 | <210> 1487 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 20 | <400> 1487 gaaacctctg cgccatgaga gccaaagtga ggaagaagcg aatgcgcagg ctgaagcgca aaagaa | 60 66 |
| 25 | <210> 1488 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 30 | <400> 1488 ccattctatc atcaacgggt acaaacgagt cctggccttg tctgtggaga cggattacac ctcccactt gctga | 60 75 |
| 35 | <210> 1489 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 40 | <400> 1489 gttctggttg ctggatttg tcgcaaaggt catgctgtg gtgatattcc tggagtccgc ttaagg | 60 67 |
| 45 | <210> 1490 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 50 | <400> 1490 tcaccacggt cttagccat gcacaaacgg tagttttgtg tgttggtgc tccactgtcc tctgccagcc tacaggagga | 60 80 |
| 55 | <210> 1491 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1491 gggctactgg cagctacatt gctgggacta atggcaattc caatggcctt gtaccgatgc tgagag | 60 66 | |
| 10 | <210> 1492 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1492 cagcgggatt aaacagtcct ttaaccagca cagccagtta aaagatgcag cctcactgct tcaacgcaga t | 60 71 | |
| 20 | <210> 1493 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1493 aacagagaca ttgccaacca tattggatct gcttgctgtc caaaccagca aacttcctgg gcaaatcac | 60 69 | |
| 35 | <210> 1494 <211> 77 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1494 acacaaaaat gccatctcaa atggaacacg ccatggaaac catgatgttt acatttcaca aattcgctgg ggataaa | 60 77 | |
| 45 | <210> 1495 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1495 tggctgtgct ggtcactacc ttccacaagt actcctgcc aaggggcgac aagttcaagc tgagtaaggg gga | 60 73 | |
| 60 | <210> 1496 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1496 gactgctgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatggtgt ccacctcca caagtactcg | 60 70 | |

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1497 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1497 cctgctgacg atgatgaagg agaactccc caacttcctt agtgcctgtg acaaaaaggg cacaattac ctgc</p> | 60 75 |
| 15 | <p><210> 1498 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1498 actccctgat aaaggggaat ttcatgccg tctacagga tgacctgaag aaattgctag agaccgagtg tctca</p> | 60 76 |
| 25 | <p><210> 1499 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1499 caccctgcct ctaccaacc agggccccgg ggcctgttat gtcaactgt cttggctgtg gggctag</p> | 60 67 |
| 35 | <p><210> 1500 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1500 catggccgtg tagaccctaa cccggaggga accctgacta cagaaattac cccggggcac ccttaaaact</p> | 60 70 |
| 45 | <p><210> 1501 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1501 accctgagca ctggaggaag agcgcctgtg ctgtggtctt atcctatgtg gaatcccca aagtctc</p> | 60 67 |
| 55 | <p><210> 1502 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1502 agacaaggat gccgtggata aattgctcaa ggacctggac gccaatggag atgcccaggt ggacttc | 60 67 | |
| 10 | <210> 1503 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1503 gcagaactga agatgggaag atttatcagc gtgcattgg tggacagagc ctcaagttg gaaaggg | 60 67 | |
| 20 | <210> 1504 <211> 86 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1504 cgcgagcccc tcattataca ctgggcagcc tccccacagc gcatcgagga atgcgtgctc tcaggcaagg atgtcaacgg cgagtg | 60 86 | |
| 35 | <210> 1505 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1505 caagctgaac ggtgtgtccg aaagggacct gaagaaatcg gtgctgtggc tcaaagacag cttgca | 60 66 | |
| 45 | <210> 1506 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1506 agctggggtg tctgttcat gtggaatacc tgacttcagg tcaagggatg gtatttatgc tcgccttgct gt | 60 72 | |
| 60 | <210> 1507 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1507 agaggctgaa tatgcaggac agttggcaga actgaggcag agattggacc atgctgaggc cgatag | 60 66 | |

ES 2 735 993 T3

| | | |
|----|--|----------|
| 5 | <p><210> 1508 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1508 agttgcagaa tctaagcctg gaaggcctgc ggcttcgga tccattgtc aatactctcg caaaaaactc a</p> | 60 71 |
| 15 | <p><210> 1509 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 20 | <p><400> 1509 atggcctaag tttgatgctt aacccccca atttctgtga gatggatggc cagtgaagc gtgacttgaa gtgt</p> | 60 74 |
| 25 | <p><210> 1510 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 30 | <p><400> 1510 cccaatcgga agcctaacta cagcgagctg caggactcta atccagagtt taccttcag cagccctac</p> | 60 69 |
| 35 | <p><210> 1511 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 40 | <p><400> 1511 catcttcag gaggaccact ctctgtggca ccctggacta cctgcccct gaaatgattg aaggtcgga</p> | 60 69 |
| 45 | <p><210> 1512 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1512 aataccaac gcacaaatga ccgcacgttc tctgccccgt ttctgcccc agtgtggtt gcattgtctc c</p> | 60 71 |
| 55 | <p><210> 1513 <211> 90 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 60 | | |
| 65 | | |

ES 2 735 993 T3

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1513 cctggaggct gcaacatacc tcaatcctgt cccaggccgg atcctcctga agcccttttc gcagcactgc tatcctccaa agccattgta | 60 90 | |
| 10 | <210> 1514 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1514 tgtttgatt cccgggctta ccagggtgaga agtgagggag gaagaaggca gtgtcccttt tgctagagct gacagcttg | 60 80 | |
| 20 | <210> 1515 <211> 85 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1515 tctccagcaa aagcgatgct tggagcttg gagtgtgat gtgggaagca ttctctatg ggcagaagcc atatcgagg atgaa | 60 85 | |
| 35 | <210> 1516 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1516 gatggagcag gtggctcagt tctgaaggc ggctgaggac tctggggta tcaagactga catgttcag act | 60 73 | |
| 45 | <210> 1517 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 55 | <400> 1517 cagccctgag gcaagagaag aaagtacttc cagcggcaat gtaagcaaca gaaaggatga gacaaatgct eg | 60 72 | |
| 60 | <210> 1518 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1518 gccaaactgct ttcatgttg agggatctga accaatacag agcagacata aaggaaatgg gcctgagt | 60 68 | |

| | | |
|----|---|----------|
| 5 | <p><210> 1519 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 10 | <p><400> 1519 accagtcccc cagaagacta tcctgagccc gaggaagtcc ccccgagggt gattccatc tacaacagca ccagg</p> | 60 75 |
| 15 | <p><210> 1520 <211> 65 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 20 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 25 | <p><400> 1520 ggatcgagct ctccagatc ctccggccag atgagcacat tgccaaacag cgctatatcg gtggc</p> | 60 65 |
| 30 | <p><210> 1521 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 35 | <p><400> 1521 aacaccaatg ggttccatct ttctgggctc ctgattgctc aagcacagtt tggcctgatg aagagg</p> | 60 66 |
| 40 | <p><210> 1522 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| 45 | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 50 | <p><400> 1522 ctacctgcct tgctttgtga ctccaagaa cgagtgtctc tggaccgaca tgctctcaa ttccggt</p> | 60 67 |
| 55 | <p><210> 1523 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |
| | <p><220> <223> Oligonucleótido sintético</p> | |
| 60 | <p><400> 1523 ccagcccaca gaccagttac tgttctctac tgagcctgga agcaaatcca cacctccttt ctctgaa</p> | 60 67 |
| 65 | <p><210> 1524 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial</p> | |

| | | | |
|----|---|----------|--|
| | <220> | | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 5 | <400> 1524 tggcgaccaa gacacctga agggcctaata gcaagcacta aagcactcaa agacgtacca ctttccc | 60 67 | |
| 10 | <210> 1525 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1525 catatcggtg gatcacagca catcacagca gagaaagcga tggatgatgg ctcatggta gatctggcca a | 60 71 | |
| 20 | <210> 1526 <211> 64 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| 30 | <400> 1526 gagctgaggga agatcatccc cagctgccc tcggacaagc tgagcaagat tcagaccctc aagc | 60 64 | |
| 35 | <210> 1527 <211> 522 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1527 gagtcgaccc tgcacctggt cctgcgtctg agaggtggta tgcagatctt cgtgaagacc 60 ctgaccggca agaccatcac cctggaagtg gagcccagtg acaccatcga aaatgtgaag 120 gccaagatcc aggataaaga aggcattcct cccgaccagc agaggctcat ctttgcaggc 180 aagcagctgg aagatggccg cactctttct gactacaaca tccagaagga gtcgaccctg 240 cacctggtcc tgcgtctgag aggtggtatg cagatcttcg tgaagaccct gaccggcaag 300 accatcactc tggagtggga gccagtgac accatcgaaa atgtgaaggc caagatccaa 360 gataaagaag gcatccctcc cgaccagcag aggtcatctt ttgcaggcaa gcagctggaa 420 gatggccgca ctctttctga ctacaacatc cagaaggagt cgaccctgca cctggtcctg 480 cgctgaggg gtggctgtta attcttcagt catggcatte gc 522 | | |
| 45 | <210> 1528 <211> 89 <212> ADN <213> Secuencia artificial | | |
| 50 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | | |
| | <400> 1528 tggctcagg agctgaatac cctcccaggc acacacaggc gggacacaaa taagggtttt ggaaccata tttctcatc acgacagca | 60 89 | |
| 55 | <210> 1529 <211> 72 <212> ADN | | |

| | | |
|----|---|----------|
| | <213> Secuencia artificial | |
| | <220> | |
| | <223> Oligonucleótido sintético | |
| 5 | <400> 1529 tgcccttaaa ggaaccaatg agtccctgga acgccagatg cgtgaaatgg aagagaactt tgccgttgaa gc | 60 72 |
| 10 | <210> 1530 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 15 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 20 | <400> 1530 agtcaatctt cgcacacggc gagtggacac tgtggaccct ccctaccac gctccatcgc tcagtac | 60 67 |
| 25 | <210> 1531 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 30 | <400> 1531 ctctccagtg tgggcaccag cgggcagaa cagatgcgag cagtccatga ctctgggagc tacaccgc | 60 68 |
| 35 | <210> 1532 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 40 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 45 | <400> 1532 agaggcatcc atgaactca cactgcggg ctgcatcagc acacgtcct atcaacccaa gtactgtgga gtttg | 60 75 |
| 50 | <210> 1533 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 55 | <400> 1533 gtatcaggac cacatgcagt acatcggaagg aggcgcgaag acaggcatca aagaatgcc gtatcaattc cgaca | 60 75 |
| 60 | <210> 1534 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 65 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1534 | |

| | | |
|----|--|----------|
| | tgcttcagg gtctgtcca gaatgtagat gggttccgta agaggcctgg tgctcttta ctctttcatc cacgtgcac | 60 79 |
| 5 | <210> 1535 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 10 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| 15 | <400> 1535 atcgcagctg gtgggtgtac aactgctgt ttacctggc gaggccttc accaagtcca tgcaacaggg agct | 60 74 |
| 20 | <210> 1536 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial | |
| 25 | <220> <223> Oligonucleótido sintético | |
| | <400> 1536 gtggacatcg gatacccaag gagacgaagc tgaagcagga gaaggagggg aaaattaacc ggcctccaa ctttgtctg c | 60 81 |

REIVINDICACIONES

1. Un método para predecir el resultado clínico de un paciente diagnosticado con cáncer que comprende:

- 5 (a) obtener un nivel de expresión de un producto de expresión de al menos un gen pronóstico a partir de una muestra de tejido obtenida de un tumor del paciente, en el que al menos un gen pronóstico es IL6ST;
 (b) normalizar el nivel de expresión del producto de expresión de al menos un gen pronóstico para obtener un nivel de expresión normalizado;
 10 (c) expresar el nivel de expresión normalizado como un valor de expresión comparado con un nivel de expresión de un conjunto de referencia tumoral; y
 (d) calcular una puntuación de riesgo basada en el valor de expresión normalizado, en el que el aumento de la expresión de IL6ST se correlaciona positivamente con un buen pronóstico.

15 2. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, que comprende, además: generar un informe basado en la puntuación de riesgo.

3. Método de acuerdo con la reivindicación 1, en el que el paciente es un paciente humano.

20 4. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, en el que el tumor es un tumor de cáncer de mama.

5. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, en el que la muestra de tejido es un tejido fijado incorporado en parafina.

25 6. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, en el que el nivel de expresión se obtiene usando un método basado en PCR.

7. Método de acuerdo con la reivindicación 1, en el que se obtiene un nivel de expresión de al menos dos genes en cualquiera de los grupos estromal, metabólico, inmune, de proliferación o metabólico, o sus productos génicos.

30 8. Método de acuerdo con la reivindicación 1, en el que se obtiene un nivel de expresión de al menos cuatro genes en dos cualesquiera de los grupos estromal, metabólico, inmune, de proliferación o metabólico, o sus productos génicos.

35 9. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, que comprende además obtener un nivel de expresión de al menos un gen coexpresado de los enumerados en la Tabla 18.

10. Un método para clasificar a un paciente con cáncer de acuerdo con el pronóstico, que comprende las etapas de:

- 40 (a) recibir una primera estructura de datos que comprende los niveles respectivos de un producto de expresión de cada uno de al menos tres genes pronóstico diferentes enumerados en cualquiera de las Tablas 1-12 en una muestra de tejido obtenida de un tumor en el paciente, en la que uno de los genes pronóstico es IL6ST;
 (b) normalizar los al menos tres valores de expresión para obtener valores de expresión normalizados;
 (c) determinar la similitud de los valores de expresión normalizados de cada uno de los al menos tres genes pronóstico con los niveles de expresión de control respectivos de los al menos tres genes pronóstico obtenidos
 45 de una segunda estructura de datos para obtener un valor de similitud del paciente, en los que la segunda estructura de datos se basa en los niveles de expresión de una pluralidad de tumores de cáncer;
 (d) comparar el valor de similitud del paciente con un valor umbral seleccionado de similitud de los valores de expresión normalizados respectivos de cada uno de los al menos tres genes pronóstico con los niveles de expresión de control respectivos de los al menos tres genes pronóstico; y
 50 (e) clasificar al paciente como si tuviera un primer pronóstico si el valor de similitud del paciente supera el valor de similitud umbral, y un segundo pronóstico si el valor de similitud del paciente no excede el valor de similitud umbral.

55 11. Un programa informático que comprende medios de código informático para llevar a cabo las etapas (b) a (d) de un método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10,

en el que el nivel de expresión de un producto de expresión de al menos un gen pronóstico se ha obtenido a partir de una muestra de tejido obtenida de un tumor del paciente, en el que el al menos un gen pronóstico es IL6ST
 en el que dicho programa se ejecuta en un ordenador.

60 12. Un programa informático de acuerdo con la reivindicación 11, incorporado en un medio legible por ordenador.