

(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.

10

15 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

20

25

30

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.

40 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

45 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

50 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.

60 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.

65 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.
- 40 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.
- 45 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.
- 50 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.
- 65 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

- 5 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

10

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.

- 15 Singleton et al., Dictionary of Microbiology and Molecular Biology 2^a ed., J. Wiley & Sons (New York, NY 1994), y March, Advanced Organic Chemistry Reactions, Mechanisms and Structure 4^a 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.

- 20 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.

- 25 "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.

- 30 30 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.

- 40 40 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 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.

- 45 45 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.

- 50 50 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.

- 55 55 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.

5 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.

10 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.

15 15 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.

20 20 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.

25 30 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.).

35 35 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.

40 45 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.

50 55 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.

60 65 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 bicanterias, moléculas híbridas que comprenden ADN y ARN que pueden ser monocatenarios o, más típicamente, bicanterios o incluyen regiones mono y bicanterias. 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.
- 5 10 15 20 25 30 35 40 45 50 55 60 65
- 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 bicanterios, híbridos ARN:ADN y ADN bicanterios. 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 transcripto 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 (2^a 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.

- 5 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.
- 10

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.

15 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.

20 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.

25 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 secretores 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.

30 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.

35

40 "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.

45 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.

50

55 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.

60

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.

- 5 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).
- 10 "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 sonificado (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.
- 15 20 25 30 35 40 45 50 55
- Las "condiciones moderadamente rigorosas" 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 transcripto 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", 2^a 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", 4^a 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 PCRa. 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 humanas, 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), y 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 gradiante 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 ceba 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 oligonucléótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Un tercer oligonucléótido, 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.
- 5 La 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 oligonucléótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Un tercer oligonucléótido, 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.
- 10 La 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 oligonucléótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Un tercer oligonucléótido, 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.
- 15 La 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 oligonucléótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Un tercer oligonucléótido, 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.
- 20 La 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 oligonucléótidos para generar un amplicón típico de una reacción de PCR. Un tercer oligonucléótido, 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.
- 25 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 (C_t).
- 30 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.
- 35 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(1):35-42 (2004). 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.
- 40 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(1):35-42 (2004). 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.

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

- 45 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).
- 50 Cuando sea necesario o deseable, las secuencias repetitivas de la secuencia diana pueden enmascararse 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).
- 55 Cuando sea necesario o deseable, las secuencias repetitivas de la secuencia diana pueden enmascararse 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).
- 60 Cuando sea necesario o deseable, las secuencias repetitivas de la secuencia diana pueden enmascararse 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 (T_f), 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 T_m 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. 30 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)); BeadsArray 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

40 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.

50 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 15 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 20 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 35 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 40 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 50 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 60 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

- 5 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

10 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,

- 15 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

20 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

- 25 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

- 30 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.

- 35 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

- 40 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

45 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).

- 50 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.

55 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

- 60 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.

65 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).

- 5 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.).

30 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).

40 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

45 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 acarrean riesgos serios debido a los efectos secundarios tóxicos.

55 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.

60 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.

5 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 10 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 15 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.

20 **ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE LOS NIVELES DE EXPRESIÓN GÉNICA**

Un experto en la técnica reconocerá que existen muchos métodos estadísticos que pueden utilizarse para 25 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 30 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.

30 **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 35 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 40 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 45 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:

50 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.

55 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 % 60 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

- 5 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 10 o parcialmente.

Métodos y productos manuales y asistidos por ordenador

15 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

- 20 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).

25 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 30 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).

35 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 40 descritas 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.

45 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.

50 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 fax, 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 fax y similares. Las formas electrónicas de transmisión 55 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 deseé. Los datos de entrada y de salida, incluidos todos o una parte del informe final, 60 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.

65 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

- 5 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.

10 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.

15 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.

20 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.

25

30

35 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.

40 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.

45 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.

50 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 (colecciones 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.

55

60 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 deseé.

65 Medio de almacenamiento legible por ordenador

70 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.

5 EJEMPLO 2:

10 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.

15 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.

20 25 Análisis de datos

30 Hubo 34 muestras con valores CP 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.

35 Datos para otras variables

40 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.

45 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.

50 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.

55 EJEMPLO 3:

60 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

- 5 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 10 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, 15 A. Well, *Research Design and Statistical Analysis*, pág. 508 (2^a 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 (3^a 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 20 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

- 25 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.

- 30 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 35 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*.

- 40 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 subprocessos, pero el operador de extensión del primer nivel recursivo tenía múltiples subprocessos. Debido a que los datos entre los procesos de ejecución eran independientes ya que se encontraban 45 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

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. celebador F	SEQ ID NO:	Sec. celebador R	SEQ ID NO:	Sec. de sonda	SEQ ID NO:	Longitud de seq. diána	SEQ ID NO:	Secuencia de amplión
A-Catenina	NM_001903_1	CTNNAI	CGTTCGGATCCCTATAC	1 AGTGCCTC 385	TGGCCCTTA ATGTCGCA	769 78	CGTTCGAGCTCTATACATGCAATCCAG	1153			
AAMP	NM_001087_3	AAMP	GTGTTGGCA CTAA	2 CTCCATCCA 386	GGCTTCAAAGGACCAGA CCTCTC	770 66	GCATGCTACAGCACCCGATGTCGCA				
ABC B1	NM_000927_2	ABC B1	GGTGGACAT TGA	3 CAAGCTGG 387	CCTGCCAATGATGCTGCT CAAGTT	771 77	GTGTCGAGGTGACACTAAAGGGAGACCTG	1154	GTCTGGTCTTCAAGGGAGACCTG		
ABC C10	NM_033450_2	ABCC10	ACCAATGCA G	4 ATAGGGTG 388	CCATGAGCTGTAGCGGA ATGTCGA	772 68	GAGTGGATGGAG				
ABC C5	NM_005688_1	ABCC5	TGCAAGACTG TACCATGCT	5 GGCAAGCAC 389	CTGGCACACGGTCTAGG CTTCG	773 76	AAACACCAACTACAGCTATGGGGGGCGCA	1155	GTGCGCTTACAGCTATGGGGGGCGCA		
ABR	NM_001092_3	ABR	GA CAAATGCA TCAACCATGG	6 ACTAGGTG 390	TCTGCTCTACAAAGCCAT TGACCG	774 67	GTGCGCTTACAGCTATGGGGGGCGCA	1156	GTGCGCTTACAGCTATGGGGGGCGCA		
ACTR2	NM_005722_2	ACTR2	AAATCGCATT GAAAGACCC	7 ATCCGCTA 391	GGGGCAGAAAGCACATG GTAGCC	775 66	CCATGCGCTTCACACGGTCTAGG	1157	CCATGCGCTTCACACGGTCTAGG		
ACVR2B	NM_001106_2	ACVR2B	GT GTTCCCCGT GT	8 GACTGTCTC 392	CCTCTGTCACCAATG TGG	776 74	GATAGGTTATGTTCTGGTGTGCA	1158	GATAGGTTATGTTCTGGTGTGCA		
AD024	NM_020675_3	SPC25	ACGGACAC CTCTCT	9 TGCAAATGC 393	TGTAGTTATCTCTAGTC CGGCCATCTGA	777 74	ACACGCTTCGTTCTGGTGTGCA	1159	ACACGCTTCGTTCTGGTGTGCA		
ADAM12	NM_021641_2	ADAM12	ACGGACAC CT	10 GAGGATGC 394	CACACACTCATCTGAGC CCTCCCA	778 66	TCACATCTGAGCCCTCCATGACATGGA	1160	TCACATCTGAGCCCTCCATGACATGGA		
ADAM17	NM_003183_3	ADAM17	GAAGTGC CAGGAGC	11 CGGGCACTC 395	TGCTACTTGC AAAAGGG TGTCCTACTGC	779 73	TCACATCTGAGCCCTCCATGACATGGA	1161	TCACATCTGAGCCCTCCATGACATGGA		
ADAM23	NM_003812_1	ADAM23	CAAGGCC CAGTCTGAAT	12 ACCAGAAAT 396	CTGGCTGGATGGACAC CGC	780 62	CAAGGCCCACTTGAAATCACTGGGCT	1162	CAAGGCCCACTTGAAATCACTGGGCT		
ADAMTS8	NM_007037_2	ADAMTS8	AAAGTGTTC AG	13 CACAGATGG 397	CACACACGGTGCCTAATGACCT	781 72	TGATGATGGCACCCCTGTGGGGCCAG	1163	TGATGATGGCACCCCTGTGGGGCCAG		
ADM	NM_001124_1	ADM	AAAGCACAC G	14 TAAGCTAC 398	TGGGGCTTAAATCTAA	782 75	AAACACCTGGCCATCTGTG	1164	AAACACCTGGCCATCTGTG		
					CGAGTGGAAAGTGCTCCC		CTTAGGATTAGCGCGCCA	1165	CTTAGGATTAGCGCGCCA		

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	SEQ ID NO:	Séc. delector F	SEQ ID NO:	Séc. delector R	SEQ ID NO:	Séc. sondas	SEQ ID NO:	Longitud de sec. diana	SEQ ID NO:	Secuencia de amplificación
AES	NM_0011304	AES	ACGAGATG TCCACGGC TIGA	15	GGGCACAAA TCCCGTICA G	399	CGATCTCAGGCCCTGGT GCATCTGAT		783	78	ACGAGATGTCCTACCGCTTGAACATCCG AGATGCAAAACAGGGTGAATCCTGTC AAAGGCTGAACGGGATTGCGCC	
AGR2	NM_0064082	AGR2	AGCCAACA TGCCTAA TIGA	16	TCTGACTC CATCTGCT CA	400	CAACAGCTCACCACCT TTCCTCT		784	70	AGCCAACATGACTAATTGGAAAGAAG AGCAAAAGGCTGGTGAACGTGTTGATGAG GCAGATGAGAATCAGA	
AK055699	NM_194317	LYPD6	CTGCATGT ATTGATAA GAAACAAG A	17	TGTTGGACCT GATCCCTGT ACAC	401			785	78	CTGCACTGTCATGAAATAAGAACAAAGA AAAGTGGACACCAAAAGCTCCCTGGC TGGTGTACAGGGATCAGTGTACACA	
AKR7A3	NM_0120672	AKR7A3	GGAGCTCT CC	18	CCAGAGGGT TGAAGGCAT AG	402	ACCCTAGTCACAAAGTGC CTGAAGGC		786	67	GTGGAAGGAGGCTCCTCCCTGCCTC AGGCACCTTGGACTGAGGTCTATGCT TCAACCCCTCG	
AKT3	NM_0054651	AKT3	TGTCCTCTG CCCTTGACT ATCTACA	19	CCAGCATTIA GATTCCTCA ACTTGA	403	TCACCGTACACAATCTTT CCCGGA		787	75	TIGGCTCTGGCTGGACATCTACATIC CGGAAAGATGTTGACCTGATCTCAA GTTCGAGAAATCTTAATGCTGG	
ALCAM	NM_0016271	ALCAM	GAGGAATA TGTGATCCA AGGG	20	GTGGGGAG ATCAAGAGG	404	CCAGCTTCTGCCCTGCG TCCTCT		788	66	GAGGAATAAGGAACTCAAAAGGGGGCCA GTTCCTGCCGTGTCCTGCGCTCT GAATCTCGCCAC	
ALDH4	NM_0037482	ALDH4A1	GAT CGCTGAAA GCTGCTCTG TAA	21	AAACGGGAAG AAGTCGATG AG	405	CTTCAGGGTCAATCTCC GCTTG		789	68	GGACAGGTTGACGGTGCAGGGAACTCATC GAGATTGACGGTGCAGGGAACTCATC GACTCTTCGCGT	
ANGPT2	NM_0011471	ANGPT2	CGTGTGAA TAAGGGCG ACTAACCA	22	TTGGACTGG GAAGAACAG TC	406	AAGCTGACACAGGCCCTC CCAAGTGG		790	69	CCCTGAAAGCTGCTGTTAAAGCTGA CACAGCCTCCAAAGTGGAGACTG TCTCTCCACTGCAA	
ANXA2	NM_0040391	ANXA2	CGTGTGAA TAAGGGCG ACTAACCA	23	CGTGTGCG CTTCAGTCA T	407	CCACCCACACAGGTACAG CAGCCT		791	71	CAAGACACTAAAGGGCGACTAACAGAAA GGCTGTGCTGACCTCTGTTGGAGAT GACGTAAGGCTGGACAC	
AP-1 (UN oficial)	NM_00222282	JUN	GACTGCAA AGATGAAA ACGG	24	TAGCCATAA GGTCCCCTC TC	408	CTATGACGATGCCCTCA ACGCCCTC		792	81	GACTGAAAGATGGAAACGACCTCTTA TGACATGCTGCCCTCAACGCCCTCTC CCGTCGGAGGCCGACCTATGGCTA	
APEX-1	NM_0016412	APEX1	GATGAAAGC CTTCGCAA GTII	25	AGGCTCCA CACAGCACA AG	409	CTTTCGGAAAGCCAAGGC CCCT		793	68	GATGAAAGCTTCCACUTTCCTGAAG GGCCTGGCTCTCCGAAAGCCCTTGT CTGGTGTGGAGACCT	
APOD	NM_0016471	APOD	GTITATGC ATCGGCACC ACT	26	GGAATACAC GAGGGCATA GTTC	410	ACTGGATCTGGCAC GACTATG		794	67	GTTTATGCCATCGCACCACGTAATGGATC CTGGCCACCGACTATGAGAAACTATGCC CTGGTGTATTC	
ARF1	NM_0016582	ARF1	ATCAGAGA TIAACCGCT CGT	27	ACAAGCACA TGGCTATGG AA	411	CTTGTCTCTGGTCACCC TGCAG		795	64	CAGTAGAGATCCCCGCAACTCGCTGT CCCTGGCTCACCTGCAATTCCATAGCCA TGTCCTGT	
ARHI	NM_0046751	DIRAS3		28	ACTTGGICA GCAGGGTAC TT	412	ACACCAACCGTGGCCCAAC TACC		796	67	ATGAGAGATTACCCGGCTGGTGGTGG GGACCGCTGGTGGGAAAAGTAGCG CTGGTGTACAGT	

(continuación)

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	Longitud de secuencia de sondas	Secuencia de amplión
Bcl2	NM_000633.1	BCL2	CAGATGGCA CCTAGTACCA CACTGAGA	43 CCTATGATT TAAGGGCAT TTTCCC	427 TTCACCCGAGGACA GGCAT	811 CAGATGGACCTAGTACCCACTGAGATT	73			1195	TCCAGGCCGGAAGGAGAGGGATGGAAA AATGCCCTAAACCATAGG
BCL2L12	NM_138639.1	BCL2L12	AACCCACCC CIGCTCTGC GAGCTCC AAAGATGA C	44 CICAGCTGA C0GGAAAGG CTGGTGTIC ACCAGAC A	428 TCGGGTAGCTCTCAAA CTCGAGG	812 AACCCACCCCTGCTGGGCTCCGG TAGCTCTCAAACCTTGAGGCTGGCACC CCTTICCTCAGTCAG	73			1196	
BGN	NM_001711.3	BGN	ATTCTCTATG GCTCTGCAA TTC	45 CTGGAGGAT GAATGGCTC TTC	429 CAAGGGTCTCAGCACC TCTACCC	813 GAGCTCCGGAAAGGAGACTCAAGGGT CTCCAGCACCTTAAGGCCCTGCTCTGG TGAACAAACAAG	66			1197	
BIK	NM_001197.3	BIK	CTGGACGG AGTAGCTCC AAG	46 GGTATCTTG TGG/TGTCG CG	430 CGGGTTAACTGTGGCT GKCCCC ACCTCG	814 ATTCTATGGCTCTGCAATTGTCACCGG TAACTGTGGCTCTGCAAGTCAAGGGT CTAACCTGGAGGTAGCTCCAAGAGCTCTC CCATWCACTCTGG	70			1198	
BNIP3	NM_004052.2	BNIP3	AATTTTAATG GG GG	47 GGTATCTTG AGTAGCTCC AAG	431 CTCTCTACTGTGACAGGCC ACCTCG	815 CTGGACGGGCACTGAGGACACTCTGAC CTCTTGCCAC CACCACAAAGATAAC	68			1199	
BSG	NM_001728.2	BSG	AGGGCCAC GTGGGAC ACAGTGTGT CTG	48 GTGGCCAAG AGGTCAGAG TC GG	432 CTGTGTGAGCTTAGCT CAGGGAA	816 AATTATAGGAGGCACTGGGTTGTTGTT CGACTGAGCTGGGGCACTGGG CTCTTGCCAC CACCACAAAGATACTG	66			1200	
BIRC	NM_033637.2	BIRC	CCGAGGTTA ATCCAGCAC GTA	49 TGAAAGCT CAGTGTGT TG	433 CACTGGCCCAGGACGG TCTACT	817 GTTGGGACACAGTGTGGCTGAGTCGG CCCAGGACGGCTACTCAGCACAACTG ACTGCTICA	63			1201	
BUB1	NM_004336.1	BUB1	AAAGACATGG CCTCTCTAG TTC	50 CCTCTCTAG TTC	434 TGGCTGGACGCTACT TGGCCC	818 CGAGGTAATCCAGACAGTATGGGC CAAGGTAGGCCTCCAGCAGGAACCTGA GAGGCGCCATGCTT	68			1202	
BUB1B	NM_001211.3	BUB1B	TCAACAGAA AGGCGAGA CCACTGAA CTGAAAGCA GATGCTICA TCATT	51 TTC TACAGTCCAGC CAATTC	435 TACAGTCCAGC ACCGA CAATTC	819 TCAACAGAAAGGCTGAAACCAACTAGAAAG ACTACAGTCCTAACCCGACAATTCCA AGCTGAGGTGCTGGCAAAACTCTGTT G	82			1203	
BUB3	NM_004725.1	BUB3	GGGGCAAC CTTAATTA CAAGAGCA GAGCTACC	52 GCTGATTC CAAGAGCT AACC	436 CTTCGCTTGTGTTAACAG CCCAGG	820 CTGAAGCAGATGGTICATCATTTCTGG GCTGTTAAACAAAGCCAGGTTAAGGTT AGACTCTGGAAATCAGC	73			1204	
c-kit	NM_000222.1	KIT	GGCTTATGG CTTAATTA CAAGAGCA GAGCTACC	53 GT CTTGAGCAT GAGCTACC	437 GGCACTCGG CTTGAGCAT GG TGGATTGG TT	821 TACAGCTGACAGTCATG GCCGCAT	75			1205	
C10orf116	NM_006829.2	C10orf116	GG CAAGAGCA GAGCTACC	54 TGAAGACGT GG TGGATTGG AA	438 CCGGAGTCCTAGCTCC CAAATTC CAAATTC	822 CAAGAGCAGAGCACCCTAGCCGAGT CCTAGCTCCTCAAATTGGAAATCCAA TCCAACGTCCTCA	67			1206	
C17orf37	NM_032339.3	C17orf37	GT GGAGACCAA GG A	55 GTGACTCCA CAGGACTCT GG	439 ACGGACCAA GGGAGACCA A	823 GAGCTGACAGGACTCTGGGTTCTG CCCTTGCTCT CCCTTGCTCT	67			1207	
C20orf1	NM_012112	IPX2	ACGGTCCTA GGGTGG ATA	56 TCAGCTG ACGGTCCTA GGGTGG ATA	440 CAGGTCCCATTGCCGG CG TAAAGA	824 TCAGCTGAGGTCGGGATAACGCCGG QCAAUAGGUACCTGGCTTAACCTAAA CCTAGGACCT	65			1208	

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:
C6orf66	NM_014165.1	NDUFAF4	GGGGTATCA GGATTCA ACCT	57 TT	GGGACAGAG GGCTCATC	441 GGTCTCT	TTAATTCCTGCTTCGGCTC	825 70	GCGGTATCAGGAATTTCACCTAGAGA ACCGAGCGAACCGGAAATCAGCAAAG
C8orf4	NM_020130.2	C8orf4	CTACGAGTC AGCCCATCC AT	58 TTCC	TGCCCACGG CTTCTTAC	442 AAAGCAC	CATGGCTTACCACTTCA CACACCC	826 67	ATGAAGCCCTCTGCG CTACAGGTCAGCOCATCCATGCG TACCACTTCGACACAGCCCTCTGTAAG AAAGCCCTGCGCA
CACNA2D ₂	NM_006030.1	CACNA2D ₂	TGATGCTGC AGAGAACT TCC	59 A	CAACATGTC TCCCTCTTG	443 GGAC	AAAGCACACGGCTGGCA	827 67	TAATGGTACAGAACGACTTCAGAAAGC ACACCGCTGCGACAGAACATCAAGGA GGAAAGACATCGG
CAT	NM_001752.1	CAT	AGCT GTTGCTCA CATTTTAC CC	60 AG	TCGGGTTA AGACCACTT	444 GGCCUC	TGCGCTCACAAAGGACTA CCCTCTCATCC	828 78	ATGCCATGAACTACCCATCCAGT TCACAAAGGACTAACCCTCATCCAGT GGTAACTCGCTCTAAACCGGA GTGGCTCAACATTCGTCCTCAATTTCAG
CAV1	NM_001753.3	CAV1	ATCCATCG AGGGATG GTCCTGTC ATT	61 AG 62 GAA 63 ATT	CAATGGCCT CCATTTCAC AG GGGGATG GTCCTGTC ATT	445 GGCT 446 GGTAAAGAAG CTGGCTCC	ATTTCAGCTGATCAGTG GGCTCT CATAAATACATTCACCC CTGGCTCC	829 74	CTGATCAGTGGGCCTCCAAAGGAGGGC TGTAAATGGAGGCGCAATG AGGGGATGGCTCTGTCATTCTCTTGT TCAATATACTTACCCCTGGCTCC TCCTCTTTCACCCCTGGCTCC
CBX5	NM_012117.1	CBX5	GAACGCT GTC GACTG	63 GA 64 GAA 65 GAA 66 GTC 67 GTC 68 GTC 69 GTC 70 GTC 71 GTC 72 GTC 73 GTC 74 GTC 75 GTC 76 GTC 77 GTC 78 GTC 79 GTC 80 GTC 81 GTC 82 GTC 83 GTC 84 GTC 85 GTC 86 GTC 87 GTC 88 GTC 89 GTC 90 GTC 91 GTC 92 GTC 93 GTC 94 GTC 95 GTC 96 GTC 97 GTC 98 GTC 99 GTC 100 GTC 101 GTC 102 GTC 103 GTC 104 GTC 105 GTC 106 GTC 107 GTC 108 GTC 109 GTC 110 GTC 111 GTC 112 GTC 113 GTC 114 GTC 115 GTC 116 GTC 117 GTC 118 GTC 119 GTC 120 GTC 121 GTC 122 GTC 123 GTC 124 GTC 125 GTC 126 GTC 127 GTC 128 GTC 129 GTC 130 GTC 131 GTC 132 GTC 133 GTC 134 GTC 135 GTC 136 GTC 137 GTC 138 GTC 139 GTC 140 GTC 141 GTC 142 GTC 143 GTC 144 GTC 145 GTC 146 GTC 147 GTC 148 GTC 149 GTC 150 GTC 151 GTC 152 GTC 153 GTC 154 GTC 155 GTC 156 GTC 157 GTC 158 GTC 159 GTC 160 GTC 161 GTC 162 GTC 163 GTC 164 GTC 165 GTC 166 GTC 167 GTC 168 GTC 169 GTC 170 GTC 171 GTC 172 GTC 173 GTC 174 GTC 175 GTC 176 GTC 177 GTC 178 GTC 179 GTC 180 GTC 181 GTC 182 GTC 183 GTC 184 GTC 185 GTC 186 GTC 187 GTC 188 GTC 189 GTC 190 GTC 191 GTC 192 GTC 193 GTC 194 GTC 195 GTC 196 GTC 197 GTC 198 GTC 199 GTC 200 GTC 201 GTC 202 GTC 203 GTC 204 GTC 205 GTC 206 GTC 207 GTC 208 GTC 209 GTC 210 GTC 211 GTC 212 GTC 213 GTC 214 GTC 215 GTC 216 GTC 217 GTC 218 GTC 219 GTC 220 GTC 221 GTC 222 GTC 223 GTC 224 GTC 225 GTC 226 GTC 227 GTC 228 GTC 229 GTC 230 GTC 231 GTC 232 GTC 233 GTC 234 GTC 235 GTC 236 GTC 237 GTC 238 GTC 239 GTC 240 GTC 241 GTC 242 GTC 243 GTC 244 GTC 245 GTC 246 GTC 247 GTC 248 GTC 249 GTC 250 GTC 251 GTC 252 GTC 253 GTC 254 GTC 255 GTC 256 GTC 257 GTC 258 GTC 259 GTC 260 GTC 261 GTC 262 GTC 263 GTC 264 GTC 265 GTC 266 GTC 267 GTC 268 GTC 269 GTC 270 GTC 271 GTC 272 GTC 273 GTC 274 GTC 275 GTC 276 GTC 277 GTC 278 GTC 279 GTC 280 GTC 281 GTC 282 GTC 283 GTC 284 GTC 285 GTC 286 GTC 287 GTC 288 GTC 289 GTC 290 GTC 291 GTC 292 GTC 293 GTC 294 GTC 295 GTC 296 GTC 297 GTC 298 GTC 299 GTC 300 GTC 301 GTC 302 GTC 303 GTC 304 GTC 305 GTC 306 GTC 307 GTC 308 GTC 309 GTC 310 GTC 311 GTC 312 GTC 313 GTC 314 GTC 315 GTC 316 GTC 317 GTC 318 GTC 319 GTC 320 GTC 321 GTC 322 GTC 323 GTC 324 GTC 325 GTC 326 GTC 327 GTC 328 GTC 329 GTC 330 GTC 331 GTC 332 GTC 333 GTC 334 GTC 335 GTC 336 GTC 337 GTC 338 GTC 339 GTC 340 GTC 341 GTC 342 GTC 343 GTC 344 GTC 345 GTC 346 GTC 347 GTC 348 GTC 349 GTC 350 GTC 351 GTC 352 GTC 353 GTC 354 GTC 355 GTC 356 GTC 357 GTC 358 GTC 359 GTC 360 GTC 361 GTC 362 GTC 363 GTC 364 GTC 365 GTC 366 GTC 367 GTC 368 GTC 369 GTC 370 GTC 371 GTC 372 GTC 373 GTC 374 GTC 375 GTC 376 GTC 377 GTC 378 GTC 379 GTC 380 GTC 381 GTC 382 GTC 383 GTC 384 GTC 385 GTC 386 GTC 387 GTC 388 GTC 389 GTC 390 GTC 391 GTC 392 GTC 393 GTC 394 GTC 395 GTC 396 GTC 397 GTC 398 GTC 399 GTC 400 GTC 401 GTC 402 GTC 403 GTC 404 GTC 405 GTC 406 GTC 407 GTC 408 GTC 409 GTC 410 GTC 411 GTC 412 GTC 413 GTC 414 GTC 415 GTC 416 GTC 417 GTC 418 GTC 419 GTC 420 GTC 421 GTC 422 GTC 423 GTC 424 GTC 425 GTC 426 GTC 427 GTC 428 GTC 429 GTC 430 GTC 431 GTC 432 GTC 433 GTC 434 GTC 435 GTC 436 GTC 437 GTC 438 GTC 439 GTC 440 GTC 441 GTC 442 GTC 443 GTC 444 GTC 445 GTC 446 GTC 447 GTC 448 GTC 449 GTC 450 GTC 451 GTC 452 GTC 453 GTC 454 GTC 455 GTC 456 GTC 457 GTC 458 GTC 459 GTC 460 GTC 461 GTC 462 GTC 463 GTC 464 GTC 465 GTC 466 GTC 467 GTC 468 GTC 469 GTC 470 GTC 471 GTC 472 GTC 473 GTC 474 GTC 475 GTC 476 GTC 477 GTC 478 GTC 479 GTC 480 GTC 481 GTC 482 GTC 483 GTC 484 GTC 485 GTC 486 GTC 487 GTC 488 GTC 489 GTC 490 GTC 491 GTC 492 GTC 493 GTC 494 GTC 495 GTC 496 GTC 497 GTC 498 GTC 499 GTC 500 GTC 501 GTC 502 GTC 503 GTC 504 GTC 505 GTC 506 GTC 507 GTC 508 GTC 509 GTC 510 GTC 511 GTC 512 GTC 513 GTC 514 GTC 515 GTC 516 GTC 517 GTC 518 GTC 519 GTC 520 GTC 521 GTC 522 GTC 523 GTC 524 GTC 525 GTC 526 GTC 527 GTC 528 GTC 529 GTC 530 GTC 531 GTC 532 GTC 533 GTC 534 GTC 535 GTC 536 GTC 537 GTC 538 GTC 539 GTC 540 GTC 541 GTC 542 GTC 543 GTC 544 GTC 545 GTC 546 GTC 547 GTC 548 GTC 549 GTC 550 GTC 551 GTC 552 GTC 553 GTC 554 GTC 555 GTC 556 GTC 557 GTC 558 GTC 559 GTC 560 GTC 561 GTC 562 GTC 563 GTC 564 GTC 565 GTC 566 GTC 567 GTC 568 GTC 569 GTC 570 GTC 571 GTC 572 GTC 573 GTC 574 GTC 575 GTC 576 GTC 577 GTC 578 GTC 579 GTC 580 GTC 581 GTC 582 GTC 583 GTC 584 GTC 585 GTC 586 GTC 587 GTC 588 GTC 589 GTC 590 GTC 591 GTC 592 GTC 593 GTC 594 GTC 595 GTC 596 GTC 597 GTC 598 GTC 599 GTC 600 GTC 601 GTC 602 GTC 603 GTC 604 GTC 605 GTC 606 GTC 607 GTC 608 GTC 609 GTC 610 GTC 611 GTC 612 GTC 613 GTC 614 GTC 615 GTC 616 GTC 617 GTC 618 GTC 619 GTC 620 GTC 621 GTC 622 GTC 623 GTC 624 GTC 625 GTC 626 GTC 627 GTC 628 GTC 629 GTC 630 GTC 631 GTC 632 GTC 633 GTC 634 GTC 635 GTC 636 GTC 637 GTC 638 GTC 639 GTC 640 GTC 641 GTC 642 GTC 643 GTC 644 GTC 645 GTC 646 GTC 647 GTC 648 GTC 649 GTC 650 GTC 651 GTC 652 GTC 653 GTC 654 GTC 655 GTC 656 GTC 657 GTC 658 GTC 659 GTC 660 GTC 661 GTC 662 GTC 663 GTC 664 GTC 665 GTC 666 GTC 667 GTC 668 GTC 669 GTC 670 GTC 671 GTC 672 GTC 673 GTC 674 GTC 675 GTC 676 GTC 677 GTC 678 GTC 679 GTC 680 GTC 681 GTC 682 GTC 683 GTC 684 GTC 685 GTC 686 GTC 687 GTC 688 GTC 689 GTC 690 GTC 691 GTC 692 GTC 693 GTC 694 GTC 695 GTC 696 GTC 697 GTC 698 GTC 699 GTC 700 GTC 701 GTC 702 GTC 703 GTC 704 GTC 705 GTC 706 GTC 707 GTC 708 GTC 709 GTC 710 GTC 711 GTC 712 GTC 713 GTC 714 GTC 715 GTC 716 GTC 717 GTC 718 GTC 719 GTC 720 GTC 721 GTC 722 GTC 723 GTC 724 GTC 725 GTC 726 GTC 727 GTC 728 GTC 729 GTC 730 GTC 731 GTC 732 GTC 733 GTC 734 GTC 735 GTC 736 GTC 737 GTC 738 GTC 739 GTC 740 GTC 741 GTC 742 GTC 743 GTC 744 GTC 745 GTC 746 GTC 747 GTC 748 GTC 749 GTC 750 GTC 751 GTC 752 GTC 753 GTC 754 GTC 755 GTC 756 GTC 757 GTC 758 GTC 759 GTC 760 GTC 761 GTC 762 GTC 763 GTC 764 GTC 765 GTC 766 GTC 767 GTC 768 GTC 769 GTC 770 GTC 771 GTC 772 GTC 773 GTC 774 GTC 775 GTC 776 GTC 777 GTC 778 GTC 779 GTC 780 GTC 781 GTC 782 GTC 783 GTC 784 GTC 785 GTC 786 GTC 787 GTC 788 GTC 789 GTC 790 GTC 791 GTC 792 GTC 793 GTC 794 GTC 795 GTC 796 GTC 797 GTC 798 GTC 799 GTC 800 GTC 801 GTC 802 GTC 803 GTC 804 GTC 805 GTC 806 GTC 807 GTC 808 GTC 809 GTC 810 GTC 811 GTC 812 GTC 813 GTC 814 GTC 815 GTC 816 GTC 817 GTC 818 GTC 819 GTC 820 GTC 821 GTC 822 GTC 823 GTC 824 GTC 825 GTC 826 GTC 827 GTC 828 GTC 829 GTC 830 GTC 831 GTC 832 GTC 833 GTC 834 GTC 835 GTC 836 GTC 837 GTC 838 GTC 839 GTC 840 GTC 841 GTC 842 GTC 843 GTC 844 GTC 845 GTC 846 GTC 847 GTC 848 GTC 849 GTC 850 GTC 851 GTC 852 GTC 853 GTC 854 GTC 855 GTC 856 GTC 857 GTC 858 GTC 859 GTC 860 GTC 861 GTC 862 GTC 863 GTC 864 GTC 865 GTC 866 GTC 867 GTC 868 GTC 869 GTC 870 GTC 871 GTC 872 GTC 873 GTC 874 GTC 875 GTC 876 GTC 877 GTC 878 GTC 879 GTC 880 GTC 881 GTC 882 GTC 883 GTC 884 GTC 885 GTC 886 GTC 887 GTC 888 GTC 889 GTC 890 GTC 891 GTC 892 GTC 893 GTC 894 GTC 895 GTC 896 GTC 897 GTC 898 GTC 899 GTC 900 GTC 901 GTC 902 GTC 903 GTC 904 GTC 905 GTC 906 GTC 907 GTC 908 GTC 909 GTC 910 GTC 911 GTC 912 GTC 913 GTC 914 GTC 915 GTC 916 GTC 917 GTC 918 GTC 919 GTC 920 GTC 921 GTC 922 GTC 923 GTC 924 GTC 925 GTC 926 GTC 927 GTC 928 GTC 929 GTC 930 GTC 931 GTC 932 GTC 933 GTC 934 GTC 935 GTC 936 GTC 937 GTC 938 GTC 939 GTC 940 GTC 941 GTC 942 GTC 943 GTC 944 GTC 945 GTC 946 GTC 947 GTC 948 GTC 949 GTC 950 GTC 951 GTC 952 GTC 953 GTC 954 GTC 955 GTC 956 GTC 957 GTC 958 GTC 959 GTC 960 GTC 961 GTC 962 GTC 963 GTC 964 GTC 965 GTC 966 GTC 967 GTC 968 GTC 969 GTC 970 GTC 971 GTC 972 GTC 973 GTC 974 GTC 975 GTC 976 GTC 977 GTC 978 GTC 979 GTC 980 GTC 981 GTC 982 GTC 983 GTC 984 GTC 985 GTC 986 GTC 987 GTC 988 GTC 989 GTC 990 GTC 991 GTC 992 GTC 993 GTC 994 GTC 995 GTC 996 GTC 997 GTC 998 GTC 999 GTC 1000 GTC					

(continuación)

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. celador F	SEQ ID NO:	Sec. celador R	SEQ ID NO:	Sec. de sonda	SEQ ID NO:	Sec. de sonda	SEQ ID NO:	Longitud de secuencia	SEQ ID NO:	Secuencia de amplón
CDH11	NM_001297.2	CDH11	CT	GTGGCAG AAGCAGGA	85	CTACTATG GGGGGATG	469	CTTCTGCCATAGTGAT	853	70	GTGGCAGAAGCAGGACTTGACCTTC	1237	TGCCATAGTGATCAGCGATGGCGGCA
CDH3	NM_001793.3	CDH3	CGTCTCG CTTCCAT	ACCATGTA T	86	CGCCTTCA GGTTCTCAA	470	CCACCCAGATGAAATC GGCAACT	854	71	ACCATGTCACCTTCAGGCAAGCAA	1238	CCAGATGAACTGGCAACTTATAAT
CDK4	NM_000075.2	CDK4	TTC	CAGCACAG AAGCTTAT	87	TGGGATGC TCAAAAGC	471	CCAGCTCCCTAGTAAA GCCACCT	855	66	CCTTCCATAGCACAGTGTGAGGT	1239	GGCTTTACTGAGGCCACTTGAGGCTTT
CDK5	NM_004935.2	CDK5	CC	CCGATGTAC 0	88	CITGGCA TGAGTTGG	472	CACACATCCCTGGTGA AGCTGT	856	67	AAGCCTATGGTGAACCGGCCACA	1240	ACATCCCTGGTGAACGTCGCCCCAAA
CDKN3	NM_001712.2	CDKN3	TGTG	TGGACTCT ACAGCAA	89	AIGTCAGGA GTCCTCCA	473	AICACCCATCATCATCCA ATCGCA	857	70	TCACCCATCATCATCCAATCGAGATG	1241	TCACCCATCATCATCCAATCGAGATG
CEACAM1	NM_001712.2	CEACAM1	CTCA	ACTTGCTTG TTAG	90	TGGCAATAC GAAATTAGA	474	TGCTTCCACCCCCACTC CTTC	858	71	AGCTGCTTGAGGACTACTTCTCTT	1242	CCCACCCAGCTCCAGCTACTCT
CEBPA	NM_004364.2	CEBPA	TG	TTCAGAGCA GCAGGATAC	91	GTCAGAC CCTTCCCC	475	AAAATGAGACTCTCGT CGGCAGC	859	66	ATTGGTGGATTITGGCA	1243	TGGTTHGCTGGATACTTGGCAAAT
CEGP1	NM_020974.1	SCUBE2	CAT	TGGTITTG GCACACCTG	92	TGGTACTAC AGCCGTGAT	476	CAGGCCTCTCCGAGC GGT	860	77	GGGGCTGAGAC	1244	TGACAGTACAGCACCTGAGATTCACCC
CENPA	NM_001809.2	CENPA	TAAATTCAC	TGGTGGTGT GGAA	93	GGCCTCTG AGGGCCAAT	477	CTICAATGGCAAAGCC AAGC	861	63	CTCGGAAGGGGCTGAGCTGATGAA	1245	TAAGGATCACGGCTGAGTCACA
CGA (CHGA official)	NM_001275.2	CHGA	ACCT	TGGTGGTGT GGAA	94	CAAACCGC GCTCCAAG	478	TGCTGTATGTGCCCTCC TTGG	862	76	TAATTCACTCGCTGAGGACTCTCAAT	1246	TGCGAAGGAAACACAGGGTTTG
CGA	NM_000735.2	CGA	CCGAATG	CCAGCTACA GGAA	95	GCCATGCA CTGAAGTAT	479	ACCCATCTTCCCAGC CGGG	863	69	CCAGAATGCACTAACAGAAAACCCA	1247	TCTCTCCAGGCTGAGGCTCTAC
CGA	NM_000735.2	CGB	A	CCACCATAG GCAGAGGC	96	AGTCGTGCA GTTGG	480	ACACCCCTACTCCCTGTGC CTCCAG	864	80	CCACCATAGGGCAGGGCCTCTC	1248	ACACCTACTCCCTGCTCAGGCCTC
CHAF1B	NM_005441.1	CHAF1B	ACAG	GAGGCCAG TGTGGAA	97	TCGAGGCC ACAGCAAAC	481	ACCTGATGAACTCTGCC TACCGCTG	865	72	GAGGCCAGTGGTGGAAACAGGTGTGGA	1249	GCCTGATGAGTCACCCCTGGT
CHFR	NM_018223.1	CHFR	GTG	AAGGAAGT GGTCCCTCT	98	GAAGCAGTC TTTCGCTG	482	TGAAGCTCAGCTTGC CTCAGC	866	76	GTGAGGAACTGCTCTGAGCTG	1250	ATGAAGTCCAGCTTGCTCAGCTCT

(continuación)

Cabo	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. cabidor F. NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:
CH3L1	NM_0012761	CH3L1	AGAATGGG TGTTGAGG CG	99	TGAGAGCA CGACTGAG	483	CACCAAGAACCAAAAGC CTTTG	867 66
CKS2	NM_0018271	CKS2	GGCTGGAC GTGGTTTG TCT	100	CGCTGCAGA AAATGAAAC G	484	CTGCAGCGCTTTCGCG	868 62
Claudina 4	NM_0013052	CLDN4	GGCTGGTT GCTGCAACT G	101	CAGAGCGGG CAGAGAAAT A	485	CGACAGACAAAGCCTTA CTCCGCC	869 72
	NM_0012883	CLIC1	CGGTACTTG AGCAATGC CTA	102	TCCGATCTCC TCATCATCT GG	486	CGCGAAGAAATTGCTTC CACCTG	870 68
	NM_0018311	CLU	CCCAGGAT ACTTACAC TACCT	103	TGCGGGACT TGGGAAAGA	487	CCCTTCAGCCTGCCAC CG	871 76
	NM_0145153	CNOT2	AAATCGCA GCTTATCAC AAGG	104	TGTGTTGTTAC CCCCTGTTG G	488	ACCTAGTTACCGAGCCA CCTTACG	872 67
COL1A1	NM_0000882	COL1A1	GTGGCCATC CAGCTGACC	105	CAGTGTAG GTGATGTC TGGAA	489	TCCCTGGCTGAGTGTCCA CGG	873 68
COL1A2	NM_0000892	COL1A2	CAGCCAAG AACCTGGTAT AGGAGCT	106	AAACTGGT GCAGCAATT G	490	TCTCTAGCCAGACGTGT TTCTTGTCCTTG	874 80
COMT	NM_0007542	COMT	CCTTATCGG CTGGAACG AGTT	107	CTCTTGTG GTCAACCCAT GAG	491	CCCGAGCCATCCACA ACCT	875 67
Cónigo 51037	NM_198477	CXCL17	CGACAGTTG CGATGAAA GTCTCAA	108	GGCTGCTAG AGACCAATGG ACAT	492	CCCTCTCTGTTGCTGCC ACTAAATGCT	876 81
	NM_0036532	COPS3	ATGCCAGT TTCTCTGAC TT	109	CTCCCCATT ACAAGTGT GA	493	CGAACCTATTCAC AGGTTCAGC	877 72
CRYAB	NM_0018851	CRYAB	GATGTGATT GAGGTGCA TGG	110	GAACCTCCCT GGAGATGAA ACC	494	TGTCTCATCCCTGGGCTCT TCACTGTT	878 69
CRYZ	NM_0018892	CRYZ	AAAGTCCCTGAA ATTTCGCGAT CA	111	CACATGCAT GGACCTTGA TT	495	CCGATTCCAAAAGACCA TCAGGTCT	879 78
CSF1 isoC	NM_1722111	CSF1	ACTGCAAC AACAA	112	ATGCCCTGCG ACTGCCCT	496	TTCCTGAAATGCCAGC CAAGG	880 68

(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 secuencia	SEQ ID NO.	Secuencia de amplio	SEQ ID NO.
CSF1	NM_000757.3	CSF1	TGCAAGCGGCTGATTGACAA	113	CAACITGTCCTGGTCTAACAACTCA	497	TCAGATGGAGACCTGTGCCAAATACAA	881	74	TCAGGGCTGATTGACAGATGAGACCTGTGCCAAATACAA	1265	
CSF1R	NM_005211.1	CSF1R	GAGCACAACTTCCGAA	114	CCCTGCAAGATGGGTATGAA	498	AGCCACTCCACCGCTGTTGT	882	80	TETAGACCGAAACAGTGGCAAGCTGCCAACTACAGGTGAGG	1266	
CSF2RA	NM_006140.3	CSF2RA	TACACACCAGCATTC	115	CTAGAGCTGGTGCACCTG	499	CGAGATCCGATTTCTCTGGGAT	883	67	GACCAACAACTACAGGTGGGAGTGGCTCCCTGAGG	1267	
CSK (SRC)	NM_004283.1	CSK	CTGAAACATGAAGGAGCTGA	116	CAATCACCTTCGAACTCTC	500	TCCGATGGTGTGAGCAGCT	884	64	AGAGAAATGGTGGATCTGGAAACAGTGGCTGAGGAGTGG	1268	
CTGF	NM_001901.1	CTGF	GAGTCAACTGCG	117	AGTGTAAAGCAGGACAG	501	AACATCATGGTCTCTCTGATGACCTGC	885	76	GCAGTCAAGTGGCTGACGGGAGGTCAGTCAAG	1269	
CTHRC1	NM_138455.2	CTHRC1	GCTCACTTGGCTAAA	118	TCAAGCTCAAGTGTAAA	502	ACCAACCTGACAGCATGCATTC	886	67	AIGAAAGAAACATGATGTTCAACTACCTGCTGCAATTACACT	1270	
CTSD	NM_001909.1	CTSD	GTACATGATCCCTGTAGAAGGT	119	GGGACAGCTGTAGCCCTT	503	ACCCGCGGATCACACTGA	887	80	GCCTCACTTGGCTGAGAAAGGTGCAATCACCTGAAAGCTGTC	1271	
CTSL2	NM_001333.2	CTSL2	TGTCCTCACTGAGCGAACAG	120	ACCATTCGACCGCTTAATG	504	CTTGAGGACCGAACAOCTCCACCA	888	67	CAATGGGCAATAATGGGATATACTCTGCTGTTGGAGAACAG	1272	
CTSL2int2	NM_001333.2in2		ACAGGCAATAAACCTAA	121	CTGTTCTCAAGCCAAGAACAG	505	AGGTGCAATATGGCATATCTCTCATTTG	889	79	ACCAAGGAAATAACCTAACAGCACCATCATTGTTGCTGCTGCAATCTGCAATTGCT	1273	
CXCL10	NM_001565.1	CXCL10	GGAGCAAAATGATGCA	122	TAGGGAAAGTGGGGAGAG	506	TCTGTGTGGTCCATCTTGGAGC	890	68	GGAGCAAAATGATGCAATACAGGAGCTGCCTCTC	1274	
CXCL12	NM_000609.3	CXCL12	GTGAGCTACA	123	TTTGGATGCTGGACCTTGG	507	TTCTTCGGAAAGCCATGTTGCCAGA	891	67	GGAGCTACAGATGGCCATGGCGATCTCTTGGCAAGGCAACCT	1275	
CXCL14	NM_004887.3	CXCL14	GGAGCTTCTTCA	124	CAATGGCGGATATACTGG	508	TAACCTTAAAGAACGCCCTTCAC	892	74	CGAAAGCCATGCTTCTGTAACATATAACCTTGGCAAGGCAACCT	1276	
CXCR4	NM_003467.1	CXCR4	TGACCGCTTCTAACCCAA	125	AGGAAAGGCTTACACATG	509	CTGAAACTGGAAACACAA	893	72	TGAGAACGCCCCCTCCACACACTGCTGAGGACATGCTTGG	1277	
CYP7A1	NM_000102.2	CYP7A1	CGGAGGATTACTATCCA	126	GCCAGGATTACTATCCA	510	CGGAGGACTGATGAAAGATGAA	894	76	CGGAGGACTGATGAAAGATGAAAGATGAA	1278	

(continuación)

SEQ ID NO.	Secuencia de amplificación	Longitud de secuencia	SEQ ID NO.	Secuencia de amplificación	SEQ ID NO.	Secuencia de amplificación	SEQ ID NO.	Secuencia de amplificación	SEQ ID NO.	Secuencia de amplificación
Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. celebrador F. NO:	Sec. celebrador R. NO:	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Secuencia de amplificación
CYP19A1	NM_000103.2	CYP19A1	TCTTATAG GTACTTCA GCCATTG	127 GATGTACTT TCC	511	CACAGCACGGGGCCA AA	895	70	TCCTTATAGTACTTACGGCATTTGGC TTGGGCCCCGGCTGGCTGGAGAAAG	1279
CYP1B1	NM_000104.2	CYP1B1	CCAGCTTG TGCGTICA CTAT	128 GGAAATGTG GA AT	512	CTCATGCCACACTGCC AAACCTC	896	71	TACATGGCCATGGT CCAGCTTGTGGCTGCAACACCTCTGCTTG GGCTACACATTCCE	1280
CYR61	NM_001554.3	CYR61	TGCTTTC TIGAGGAG CAT	129 GTGGCTGCA AT	513	CAGCACCCCTGGAGTT CGAAAT	897	76	TGCTCACCTTGAGGAGCATTAAGGTAT TICGAACACTGCAAGGTGCTGGTGGCG GATGGACACTAATGCCAGCCAC	1281
DAB2	NM_001343.1	DAB2	TGGGGCTC TAAGTGTG TA	130 ACCAAAAGAT CA	514	CTGTACACTCCCTCAGG CAGAAC	898	67	TGGTGGCTCTAGGTGGTGTAACTGTC CACTCAGCCAGGACCATGGAAACA CAGCTACATTTGT	1282
DCC	NM_005215.1	DCC	AAATGCTCT CCTCGACTG CT	131 TGAATGCCA TC A	515	ATCACTGGAAACTCCTCG GTGGAC	899	75	AAATGCTCTCTGACTGCTCCGGGA GTCCGACCGAGGAAGTTCAGTGATCAA GTGGAAGAAAGAAAGATGGCTTCA	1283
DOC_exons_18-23	X76132_18-23		GGTCACCGT TGCTTCAT CA	132 GGTCACCGT TGCTTCAT CA	516	CAGCCAGGATGACACT ACCAGCACT	900	66	GGTACCTGGCTGATCTGGCTGTCAGTGT GGTAGGATGGGTCATGGCTGGCTGTGATTC ACCCGACCTC	1284
DOC_exons_6-7	X76132_6-7		ATGGAGAT GTGGCATT CTTACTG	133 CACCAACC AAGTATCG TAAG	517	TGCTTCCTCCACTATCT GAAAATAA	901	74	ATGGAGATGGGATAGTGTGAT ATTTCAGATAGTGGGAGGAAGCAACT TACGGATACTCTGGGGTGTGTTG CTCAGCOCACCTGTAGGGGACCCGCA CAAGAAAATCTCCATCGAAGGGAAACAT	1285
DCK	NM_000788.1	DCK	GGCGGCC AAGACTAA GGAAT	134 CGGATGTC CTTGATGG AG	518	AGCTGCCGCTTCTCA GCCAGC	902	110	GGCCGCCAGAGAAAGTGGCAAC CCCGGCCAACGAGAAAGTGGCCCTGCTP CTCAGCOCACCTGTAGGGGACCCGCA CAAGAAAATCTCCATCGAAGGGAAACAT	1286
DICER1	NM_177438.1	DICER1	TCCAATTC ACGATCACT GT	135 GGCAGTGA GT	519	AGAAAAGCTGTTGCT CCCCAGCA	903	68	TCCAATTCAGCATCTGGAGAMA AGCTGTTGCTCCCCACATACTTAT CGCCCTTCACTGCC	1287
DLC1	NM_006094.3	DLC1	GATTCAGAC GAGGTATGA GCC	136 CACCTCTG CTGTCCTT G	520	AAAGTCATTTGCCACT GATGGCA	904	68	GATTCAGACAGGAGATGAGGCCCTGGTGC ATCAGTGCGAAATGGACTTCCAAAGG GACAGCAAGGG GACAGCAAGGG	1288
DLL4	NM_019074.2	DLL4	CACGGAG TATAAGGC AGGGAG	137 AGAAGGAAG GTCCAGCG	521	CTACCTGGACATCCCTGC TCAGCC	905	67	CACGGAGGATAAAGGCCCTGGCT TGGACATTCCTGCTCAGGCCGCGCT GGACCTCTCTT	1289
DR5	NM_003842.2	TNFRSF10B	CCTCTGAGAC ATGACT	138 CCATGAGG CCAACTTC T	522	CAGACTGGTGCCTTGG ACTCC	906	84	CCTCTGAGACAGTGCTTGGAGACTTGGC AGACTTGCTGCTCTTGACTCTGGGA GCCGCTCATGAGGAAGTGGGGCTCAT GG	1290
DSP	NM_004415.1	DSP	TGGCACTAC TGCATGATT GACA	139 AAATGCTG GGAAACAAAG TG	523	CAGGGCCATGACAATCG CCAA	907	73	TGGCACTACTGCAATGATGACATAGAG AAAGTCAGGCCATGACAATCGCCAAAG CTGAAAACACATGGGGCAGG	1291
DTYMK	NM_012145.1	DTYMK			524	CGCCCTGGCTCAACTTT CCTTAA	908	78	AAATGCGAAAGTGGACATAGGCTTAAAT TAAGCGAAAGTGGACATAGGCTGGTGA CCCTGCTGTTGGACAGATAGGCAATT	1292

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. cebador F	Sec. cebador R	SEQ ID NO.	Sec. de sondas	SEQ ID NO.	Secuencia de amplón	SEQ ID NO.	
DUSP1	NM_004417.2	DUSP1	AGACATCA GCTCCCTGGT TCA	GGAAAACAC CCTTCC AG	141	CGAGGCCATTGACITCA TAGACTCA	525	AGACATCAGCTCCGGTCAACGAGC CATGGACTTCATAGACTCTCATCAAGAA	1293	
DUSP4	NM_001394.4	DUSP4	TGGTACCG ATGGAGGA GC	CTCGTCCG GTTCATCAG GAGGCTCA GT	142	TTGAGCACACTGCACTC CATCTCC	526	TCTGGAGAAAGGGTGTGTC TGGTACGTGAGCTGGTCAAAAGGCTGA	1294	
E2F1	NM_005225.1	E2F1	ACCTGCT ACCTTGG CA	AGG6CTCA GT CA	143	CAGAGAAG GACCTCT GACCTCT GC	527	TGAAAGAACAGCTCAGGG ACTUAAAGGAACCTGAGGCCTG	1295	
EBRP	AF243433.1		CTGCTGGAT GACCTCT C	CCAACACTA CAOCCAGT GT	144	CTCACCAAGAAGGCCAA CCTCAAC	528	ACTCCCTACACCTTGGAGCAAGGGAG GCTAACAGAACAGAACCCAAACAC	1296	
EDN1 endóleína	NM_001955.1	EDN1	TG	TGGACCTG GACATCATT GTC	145	CACTCCCAGGACGTG TICCGT	529	CTGCTGGATGACCTTCTCCAGAGTG ACTGAAACTGGCTGTACTGCTGG	1297	
EDN2	NM_001956.2	EDN2	CGACAAAGG AGTGCCT CT	CAGGCCCTA AGGAGCTG CT	146	CCACTTGGACATCATCTG GGTGAACACTC	530	TECCACCTGAGCATTTGGTCAAC ACTUOOGAGCACGTGTCGGTATGGA	1297	
EDNRA	NM_001957.1	EDNRA	TTTCCC AATTG AAG	TTACACATC CAACCAGTC CC	147	CTTITGGCTCAGGGCATC CTTT	531	CTTGGAAAGCCCTAGGTCA CTTGGAAAGCCCTAGGTCA	1298	
EDNRB	NM_000115.1	EDNRB	ACTGTGAAC TGCTCTGGT C	ACCAACAC TGGTGAAGA G	148	TCCTACCTGGCCCTTTGT CATGTG	532	CGAGTGGAGACTGGTGTCAAAACCC GAGTATGGTGTCACTTGTCCAGTCA	1299	
EEF1A1	NM_001402.5	EEF1A1	CGAGTGG GACTGGT TCTC	CGGTGTAA CGGTGACTG GA	149	CAAAGGTGACCACTA CGGGGT	533	ACGTITACAAATTGCTCAAGATGAA CGACAAAGGAGTGAACCTTGGCTG	1300	
EEF1A2	NM_001958.2	EEF1A2	ATGGACTCC G AAG	GGGGCTGAC TTCTTGAC TT	150	CTCGTCGTAGGCCTCTC GCTGTA	534	TCATACCCATGGCTGCTGTT TCTACCCATGGCTGCTGTT	1301	
EFP	NM_005082.2	TRIM25	TGAAACAG AGCCTGACC AAG	TGAAACAG AGCCTGACC T	151	TGATGCTTCTCAGAAA CTCGAACITCA	535	CGATGAGTTTC GAGATCAGTC GAAAGTCAGGCC	1302	
EGR1	NM_001964.2	EGR1	GT	GTCCAGCT AGGATCTC T	152	GGGATCCCTTCTCACTC GCCCA	536	TGAAACAGGCTGCTGAGTC GAAACTACCTAAAGCTGGAG	1303	
EGR3	NM_004430.2	EGR3	CCATGGGA TGAATGAG GTG	CCATGGGA AGAGCTGAG GT	153	GGGGGGTGAAGGAGTCACTTC CCACCC	537	CTACCTTCACCTCTCAGGGCA CTACCTTCACCTCTCAGGGCA	1304	
EGR3	NM_004430.2	EGR3	GGGGGGTGA AGAGCTAC AGT	GGGGGGTGA AGAGCTAC AT	154	TGAGATGACATTTAA GCCACCAAA	538	GGGGGGTGAAGGAGTCACTTC CCACCC	1305	
E11-4EBP1	NM_004695.2	E11-4EBP1							GGGGGGTGAAGGAGTCACTTC CCACCC	1306

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	Sec. cebador R	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Longitud de secuencia	SEQ ID NO:	Secuencia de ampliación
ELF3	NM_004433.2	ELF3	AAGAAAGAG	155	GATGAGGAT GTCGAGGC	539	CCCGAGGGACCCAC CTG	923	71	1307	TCGAGGGCAAGAAGAGCAAGCACGGG CCCAAGGGCACCCACCTGGGAGITC
EMPI	NM_001423.1	EMPI	TGAIGCTC CCTTGAT	156	GAACAGCTG GAGGCCAAG	540	CCAGAGGCCCTCCCTGC AGGCCA	924	75	1308	GCTAGTACTTGTGTCCTTGATGGG GTCAGAGGCCCTGGAGCCACCA
EN01	NM_001428.2	EN01	TGAACCGAG AAAGT	157	CGGTACCG AGCCAACT	541	CTGCAACTGCTCCCTGCT CAAAGTCA	925	68	1309	CAAGGCCGTGAACGAGAACGCTGCAA CTGCTCTGTGTCAAAGTCACAGCTG
EP300	NM_001429.1	EP300	CAACTACA GTC	158	TGTCAAAG GTGJGACCAT	542	CACTGACATCATGGCTG GCCTTG	926	75	1310	AGCCAGCAACTACAGCTGGGATGC CAAGCCAGCAACTACAGCTGGGATGC
EpCAM	NM_002354.1	EpCAM	GGGCCCTCC GAT	159	TGCACTGCT AGAACAAAT	543	CCGCTCTCATGGAGTCA GATCAT	927	75	1311	GGGCCCTCCAGAACAAATGATGGGCTT ATGATCCGACTGCGATGAGGCCGGC
EPHA2	NM_004431.2	EPHA2	GAC GAC	160	CGCCGTGTC AGCAAGATT	544	TGCGCCGATGAGATCA CCG	928	72	1312	GGCCCGATGAGATGACACCAIT GACTCGAGGCCAGCC
EPHB2	NM_004442.4	EPHB2	CAACCAAG CAGCTCCAT	161	GTAATGCTG TCCACGGTG	545	CACTGATGCAATGATGG ACACTGC	929	66	1313	CAACAGGGAGCTCATGGCAAGTGT CATCATGCACTAGTGAGGCCACCGT
EPHB4	NM_004444.3	EPHB4	TIA TIA	162	AGGTACCTC TGCGTCAGT	546	CGTCCCATTGAGCCTGT CAATGT	930	77	1314	TGAAACGGGATTCCTTGTAGGCCACGG GGCCCGTCCCATTTGTAGGCCATGT
ER2	NM_001437.1	ESR2	GGCACTTAT CA	163	TGTCCTAGC GATCTGTCT	547	ATCTGTATGCGGAACCT CAAAAGAGTCCT	931	76	1315	TGGTCAATCGCAGTATCACATCTGTA TGCGGAACCTCAAAAGAGTCCTGTG
ERBB4	NM_005235.1	ERBB4	TGGCTCTA ATCAGTTTC GTTACCT	164	CAAGGCCA TGGATCTC ATAAAGT	548	TGTCCCACGAAATAATGC GIAAAATTCTCAG	932	86	1316	TCTGGAGAAATTACGCTTATTCGTTGG ACAAAACCTTAAAGGATCGATAACC
ERCC1	NM_001983.1	ERCC1	GTCAGCTGAA AGA	165	CGGCCAGGA GATGTGAA	549	CAGCAGGCCCTCAAGGA GTGTG	933	67	1317	GTCCAGGTGATGTAAGATCCCAG CAGGCCCTCAAGGAGCTGCTAAAGATG
ERG	NM_004449.3	ERG	CCAACACTA GGCTCCCCA	166	CCJCCGCCA GGCTTGTAG	550	AGCCATATGCCCTCTCAT CTGGGC	934	70	1318	TGTATCTCTGCG CCAACACTACGGCTCCACGCCATA TGCCCTCTCATCGGCACTACTA
ERRa	NM_004451.3	ESRRA	GGCACTCTA CATCA	167	TGCGGAGG AACCCCTTG	551	AGACGCCAGCCAGCCCTG ACAG	935	67	1319	AAGACCTGGCGAG GGCAATGAGGCCCTACATCAAGGCA
ESD	NM_001984.1	ESD	GTCACTCCG CCACCGTAG	168	CIGICCATA TGCTGATTG	552	TGGCTTACCATTTGGTGC CTT	936	66	1320	GTCACCTGGCCACCGTAGAAACGCCATA CCATTGCTGCAAGGCAAAAGCAATCA GCAATTTGGACAG

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Simbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	Sec. cebador R	SEQ ID NO:	Sec. de sonda	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	Longitud de sec. idéntica	Secuencia de ampliación
ESPL1	NM_01291.1	ESPL1	ACCCCCAGACGGATC	169	TGTAGGGCAAGTTC	553	CTGGCCCTCATGGCCCT	937	70	ACCCCCAGACCCGATCAGCGAACCTGG	CCCTCATGGCCCTTACGGTTTGAG
ESRRG	NM_001438.1	ESRRG	CCAGCACCATTGTTGAA	170	AGTCCTTGCGCATCGAG	554	CCAGACCAAGTGTGA	938	67	GAAGTCGGCTACCA	CCAGGACCATTTGTAAGATCCCCAGA
Esr1	NM_000125.1	ESR1	GATCTATGACCTCTATGA	171	GGCTACTGGGTTGAGTGA	555	CTGGAGATGTGGACGC	939	68	CCAGTGTGAATACTGTC	CCAGTGTGAATACTGTC
ETV5	NM_004454.1	ETV5	CGAGAGGCGTACACQC	172	TGACCAAGGAACGAGG	556	TTACCAAGGGCGAGGT	940	67	CGATGTCGGCTACCTAC	ACCATGATCGAGGAGGCGCCCTTAC
EZH2	NM_004456.3	EZH2	TACA	173	CACCGAACATCCCTAGT	557	CCCTCA	941	78	CGATGTCGGCTACCTAC	CACTGTCGGCTACCTAC
F3	NM_001993.2	F3	TGTGAAGGCAACGATTA	174	AAACCGGTGCTCCACAT	558	TGGCACGGGTCTCTCT	942	73	CGATGTCGGCTACCTAC	GCACGGGTCTCTCTACCCGGCAGGG
FAP	NM_004460.2	FAP	AAACACGGCT	175	GGAAAGTGGGTCATGGG	559	CGGCCCTGTCACCAAC	943	66	CGATGTCGGCTACCTAC	AATGTGGAGGACCCGCGT
FASN	NM_004104.4	FASN	GGCTCTTCC	176	GGTTTGGCCCGTACCT	560	TCGCCACCTACTG	944	66	CGATGTCGGCTACCTAC	TGAAACACCAACCTATACCCACAA
FGFR2	NM_000141.2	FGFR2	TGTTGAGCTGAGG	177	GCTAGCTCTGAGAA	561	GGCTAC	945	80	CGCGGAAAC	GCCTCTGTCACGTC
Isotorna 1			GTTGGCACTGA	178	AGCAGACTC	562	TCACAGAGACCAACGTT	946	81	CCAGAGACCAACGTC	GAGGAGACTGGATGCAAGTC
FGFR4	NM_002011.3	FGFR4	GGATGGACAGAG	179	CAAGCTGGA	563	CGCATT	947	67	CGGGGAAACCCGATCTGGAG	CTGGGCACTGGGATGCACTGGT
FHIT	NM_002012.1	FHIT	CCAGTGGAGGCTTCA	180	CGCTCTGGACCAA	564	AATCTGCTCCACTGTAG	948	66	ACGACCCAGAGAG	GACATCTGGGACGATTAATCAGGACCG
FLOT2	NM_004475.1	FLOT2	GACATCTGC	181	CAAACCTGGT	565	GGTCCC	949	69	GGAAAGTGAAGAGTGAAGGTG	GGAAAGTGAAGAGTGAAGGTG
FN1	NM_002026.2	FN1	GGAAAGTGA	182	ACACCGTAG	566	ACATGAT	950	67	CACTGGGCTACCCGTTG	CACTGGGCTACCCGTTG
FOS	NM_005252.2	FOS	GGAGGGGGCT	183	CCAGGATCATCCAGG	567	CGACCCCTTGTGACTCC	951	66	CGATCATCCAGGCACTGGCTGAG	CGATCATCCAGGCACTGGCTGAG

(continuación)

Ciclo	ID de secuencia	Símbolo oficial	Símbolo F	Sec. célador F	SEQ ID NO:	Sec. célador R	SEQ ID NO:	Sec. de sonda	SEQ ID NO:	Longitud de secuencia	Secuencia de amplíplos	SEQ ID NO:
FOXC2	NM_005251.1	FOXC2	GG	GAGAACAA GCAGGCGT	183	CTTGACCAA GCACCTGT	567	AGAACAGCATCGGCCAC AACCTCT	951	66	GAGAACAAAGCAGGGCTGCAAGAACAG CATCGGCCACAACCTCTGGCTAACGA	1335
FOXO3A	NM_001455.1	FOXO3	ATG	TGAACTCCA GGACGATG	184	ACGGCTTC TTACTGAAG GT	568	CTCTACAGCACCTCAGC CAGCCTG	952	83	TGAAGGCGAGACGATGATGCGCCCT CTCGGCCATGCTCTACAGCAGCTCAAGTAAGCAAGCC GT	1336
FOXP1	NM_032682.3	FOXP1	CT	CGACAGAG CTGTGAC	185	GGTCGCCA TGGAAATCC T	569	CAGACCAAGCCTTGGC CAGAATT	953	70	CGACAGAGCTTGTGACCTAACGCTGCA GACCAAGGCCCTTGGCCAGAAATTAAAGG ATTCAATGGACGAC	1337
FOXP3	NM_014009.2	FOXP3	G	CAGCTGG G	186	GTGGAGAA CTCTGGAA TG	570	TGTTTCCATGCGCTACCCC ACAGGT	954	66	CIGTIGCTGCCAGGACCGACCTGCG GGTAGCCATGAGAACAGCACATTCCA GAGTTCCTCAC	1338
FSCN1	NM_002088.1	FSCN1	TGCA	CCAGCTGCT ACTTGTACA TGCA	187	GGTACACAA CTTGCCATT GGA	571	TGACCGGGCGCATCACAC TGAGG	955	74	CCAGCTGCTACTTGTGACATCGAGTGC GTGACCGGGCGCATCACACTGAGGGCGT CCAATGGCAAGTGTGAC	1339
FUS	NM_004960.1	FUS	ACGAAACA ACACCAATCT	188	CGATAAATC AGGACAC ACCTAAAT	572	TCAAATTTGTAACATTCTCA CCAGGGCTTGT	956	80	CGATAAATCAGAACACAACTCT TGTGCAAGGCGCTGGTGAAGAATGTTAC AAITGAGCTGCTGCTGATTACTICA	1340	
FYN	NM_002037.3	FYN	AGAA	GAAGGCGA GATCATGA	189	CTCTCAGA CACCCTGC AT	573	CGAACGGACGACAAGCT GTCAGCAG	957	69	GAAGGCGAGATCAGAAGAACCTGAA GCACGACAAGCCTGGCTCAGCTCTATGC AGTGGCTGCTGAGGAG	1341
G-Catenina	NM_0022230.1	JUP	CAT	CTGGTGGAG GGAAAGGGC T	190	GGTGGTTT CTGAGGCT GTACT	574	CCCCCGCAGGCCCTCATC CT	958	68	TCAGCAGCAGGAAAGGGCTGGGGCTCTG ATGAGGCCCTCGGCCGCTGACACCGC TCAAGAAAACCC	1342
GAB2	NM_012296.2	GAB2	T	TGAC ACAAATCC A	191	GAAGATAAC TGAGGGCTG TGAC	575	TGAGCCAGATTCACAC CTCACGT	959	74	TGTTTGAGGAAAGGGCTGGGGCTCTG AGCGAGATTCACACCTCACGTCAGT CACAGGCCCTAGATCTAC	1343
GADD45	NM_001924.2	GADD45A	GTGCTGGTG ACCAATCC A	CCCGCGAAA ACAAATAA GT	192	CCCGCGAAA ACAAATAA GT	576	TTCATCTCAATTGAAAG ATTCTGCC	960	73	GTGGCGTGGACGAATCACATCACTC AAATGGAAAGGATCAGCCTTAAGGCAAC TATTTGTTTGGCTGGG	1344
GADD45B	NM_015675.1	GADD45B	ACT	ACCTCTGAC AGAACAC ACT	193	TGGGAGTTC AATGGTACA GA	577	AACCTCAGCCCAAGCTC CCAAGTC	961	70	ACCCCTGACAAGAACCAACTTGGGAC TGGGCGCTGGAAAGCTGCTG TACCCATGAGAACCTCCA	1345
GAPDH	NM_002046.2	GAPDH	TTC	ATTOCACCC ATGGCAAA	194	GATGGGATT TCCATTGAT GACA	578	CGTTCCTCAGCTTGACG GTGC	962	74	ATTCACCCATGGCAAATTCCATGCGA CCGTCAAGGCTGAGAACGGGAAGCTTG TCATCATGGAAATTCCATG TACCCATGAGAACCTCCA	1346
GATA3	NM_002051.1	GATA3	GTGCTT	CAAAGGAG CTCACTGTG	195	GAGTCAGAAA TGGCTTATT	579	TGTTCCAACCACTGAATC TGACCC	963	75	CAAAGGACTGCTACCTGGACCCATCT TCCAACCTACTGAATCTGGACCCATCT GTGAAATAAGGCTATCTGACTC	1347
GIBP1	NM_002053.1	GIBP1	TT	TGTTGGAAAT AATTGGGCA CC	196	AGAAGCTAG GGTGTTGT CC	580	TGGGACATTTGAGACTT GCCCCAGAC	964	73	TGGGAAATAATTGGGCAATTATCAAG CCAAGTCTACAAATGTCCTAACCT GACAAACCACCTAACCT	1348

(continuación)

Gén	ID de secuencia	Simbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	Sec. cebador R	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Longitud de seq. idéntica	Secuencia de ampliación	SEQ ID NO:
FOXC2	NM_005251.1	FOXC2	GAGAACAA GCAAGGCT	183	CTTGACGAA GCACTCGTT	567	AGAACAGCATCCGCCAC AACCTCT	951	66	GAGAACAAAGCAGGGCTGGAGAACAG CATCGGCCAACAAACCTCTGGTCAACGA	1335
FOXO3A	NM_001455.1	FOXO3	TGAAGTCCA CGACGATG ATG	184	ACGGCTTGC TTACTGAAG GT	568	CTCTACAGCAGCTCAGC CAAGCTG	952	83	TGAAGTCCAGAGATAGTGGCCCT CTCGCCATGCTCTACAGCAGCTCAGTAAGCAAGC	1336
FOXP1	NM_032682.3	FOXP1	CGACAGAG CTGTGCACT CT	185	GGTCGTC TGGAAATCC T	569	CAGACCAAGCCTTGGC CAGAAATT	953	70	CGACAGAGCTTGTGCACCTAAAGCTGCA GACCAAGCCTTGGCAGCAATTAAAGG	1337
FOXP3	NM_014009.2	FOXP3	CTGTTGCT G	186	GTGGAGGAA CTCTGGAAA TG	570	TGTTTCCATGGCTACCCC ACAGGT	954	66	CIGTGTGCTGCCAGGGCACCCTGTGG GGTAGCCATGGAAACAGCACATTCGA	1338
FSCN1	NM_003088.1	FSCN1	CCAGCTGCT ACTTGTGACA TCGA	187	GGTCACAAA CTTGGCAATT GGA	571	TGACCGGGCAGCATCAC TGAGG	955	74	CCAGCTGCTACCTTGACATCGAGTGGC GTGACCCGGCAGCATCACACTGAGGGGT	1339
FUS	NM_004960.1	FUS	CGATAATC AGACAAACA ACACCATCT	188	TGAGTAAT CAGCCACAG ACTCAAT	572	TCAATTTGTAACATCTCA CCAGGGCTTGG	956	80	GGATAATCAGAGAACACATCT TGTGCAAGFCCTCTGGTGAAGTGTAC	1340
FYN	NM_002037.3	FYN	GAAGGCA CATCATGA AGAA	189	CTCTCAGA CACCAC TG AT	573	CTGAAAGCACGACAAGCT GGTCCAG	957	69	GAAGGCGAGAICATGAAGAACGCTGAA GCACGACAAGCTGGCTCATATGC	1341
G-Catenina	NM_002220.1	JUP	TGAGGCAG AAGGCAT CAT	190	GGTGTGTTT CTTGAGCGT GTACT	574	CGCCCGCAGGGCTCATC CT	958	68	TCAGCAGAACGGCTCATATGGAGGAGG ATGAGGCCGCGCGCAGTACACGC	1342
GAB2	NM_012296.2	GAB2	TGTTTGGAG GGAAGGCG ACGAATCC A	191	GAAGATAAGC TGAGGGCTG TGAAC GT	575	TGAGCCAGATTCCACAC CTCACGT	959	74	TGTTTGGAGAACGGCTGGGCTCTG AGCCAGATTCCACCTCACGTTCACT	1343
GADD45	NM_001924.2	GADD45A	ACCTCTGAC AAGACCAAC ACT	192	CCGGCAAA AACAAATAA AA	576	TICATCTCAATGGAAAG ATTCTGCC	960	73	GTGTTGGAGAACGGCTTAAAGTCAC AAATGGAAAGGATCTGGCTTAAAGTCAC	1344
GADD45B	NM_015675.1	GADD45B	ACCTCTGAC AAGACCAAA ATGGCAAA TTC	193	TGGGAGTTC ATGGCTACA GA	577	AACTTCAGCCCCAGCTC CCAAGTC	961	70	ACCTCTGACAAAGCACCACATTGGGAC TTGGGAGCTGGCTGTAAGTTGCTCTG	1345
GAPDH	NM_002046.2	GAPDH	ATTCACCC ATGGCAAA ACT	194	GATGGGATT TCCATTGAT GACA	578	CGGTTCAGCTGGCTTGACG GTGC	962	74	ATTCACCCATGGCAAAATTCCATGGCA CCGGTAAAGGCTGAGAAACGGGAAGCTG	1346
GATA3	NM_002051.1	GATA3	CAAAGGAG CTCACGTTG GTGCT	195	GAATCAGAA TGGCTTATT CACAGATG	579	TGTTCCAACCACTGAATC TGAC	963	75	TCAAACCAATGGCAACCCATCT GTGAAATAAGCCTGACCTGACTC	1347
GBP1	NM_002053.1	GBP1	TGGGAAT AATGGGCA TT	196	AGAAAGCTG GGTGGTTG CC	580	TTGGGACATTGTAGACCT GGCCAGAC	964	73	TTGGGAAATAATTGGCAATTGGCT CCAAGTCATAAAGTCACCCATGCTCT	1348

(continuación)

Cón	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	Sec. cebador R	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Longitud de secuencia	SEQ ID NO:	Secuencia de amplión
GREB1	NM_014668.2	GREB1	CAGATGAC AATGCCA CAAT	211 CTTCCACA GC	GAAGCTT GAATGGCT GAATGTTAAA ACCA	495 CACAAATTCCAGAGAAA CCAAGAAAGGCC	979 973	979 TGGAAGAAAAGGCTTC	1363 TGCTTATGGCTGCTGAAATTGGTGTGGCTG		
GREB1	NM_033090.1	GREB1	CCCAGGC ACCAGCTT A	213 ACCTGGCT ACCTGGTT ATGCA	GAAGAGCTT GAATGGCT GAATGCTGTT CTC	496 ACACGGGAACGGTGC TCG	980 981	980 TGCTTACGGCTCTGGTAAACAC	1364 TGACCGATTCAGGCTTACTCCCGAG		
GREB1	NM_148903.1	GREB1	TGCCCCAA GACACTGTG T	214 GAATGCGT GGTAGCGTT TCA	GAATGCGT GGTAGCGTT TCA	497 TCCCCGAGGCCAGCAGG ACA	981 982	982 CCCAGCAGGACATCTGCATAAACACA	1365 CAGCGAAAGT		
GRN	NM_002087.1	GRN	AAGCTATG AGGAAAAAG AAGTACAC GAT	215 GGCCAGCT TGAATTTC A	AGGCTATG GGCCAGCT TGAATTTC AGTGCCTCTCCA	499 TGACCTGATCCAGAGTA AGTGCCTCTCCA	983 983	982 TGCCCTAAAGACAGCTGACCTG	1366 ATCCAGAATGAAGTGCCTCTCCAAGGAG		
GSTM1	NM_000561.1	GSTM1	CTGGCTGT GAGGCTGA GA	216 CTCTTCT GA	CTGGCTGT GAGGCTGA GA	500 CCCGCTTACCCCTCGTAA AGCAGATICA	984 984	986 GGGGGACGCTCTGATTATGACAGAAAG	1367 CCAGTGGCTGAAATGAAAAATICAAGCT		
gen	NM_000848gen_e	GSTM2	CTGGAGGC ACTCCCCGTA TT	217 CCAAAGAAC CATGGCTGC AA	CTGGAGGC ACTCCCCGTA TT	501 CTGAAGCTCTACACACA GTTCCTGGG	985 985	986 GCTTAACTGAGCTGAAATGAACT	1368 AAAAGGAGGAGATTCGC		
GSTM2	NM_000848.2	GSTM2	CAATGCCAT CTTCCCTTA CAT	218 AAATCTTCT TCTCA	CAATGCCAT CTTCCCTTA CAT	502 CTTCAGAACAAACATG TGTTGTGAGA	986 986	986 CTGGAGGACTCTCTGAAATGAAAGCAG	1369 CTCTACACAGTCTCTGGGAAGCAG		
GSTM3	NM_000849.3	GSTM3	CACCATCCC CACCCCTGTC T	219 GGCTCTAGT GTGCATCAT TCT	CACCATCCC CACCCCTGTC T	503 CACAGCCGCTGAAAAGC CAAAAT	987 987	986 CAATGCCATCTCTGCTACATGCTGCG	1370 AAGCACAACTGTTGAGACTGAA		
GSTT1	NM_000853.1	GSTT1	CCCCCTCAG TAGCCAAGT CA	220 CACGCAGT GCTATCAGT CT	CCCCCTCAG TAGCCAAGT CA	504 TCAAGTAAMACGGCTGT TTTCAAAACA	988 988	988 GAAGAAAACAGCCCCGTTACTTGAGCAA	1371 CACCACTCCACCCCTCTCCACAOCC		
GUS	NM_000181.1	GUSB	CACAAAGT GTAACAAAT ATGCC	221 CTTAAAGCA CTTCTCTCCA CG	CACAAAGT GTAACAAAT ATGCC	505 AAAGACATCCAGCTAGC ACGCCG	989 990	989 TGGAAAMAACTGAGCTACAAATGTT	1372 GACTGATACCACTCTGCTO		
H3F3A	NM_002107.3	H3F3A	CAAGTACC ACAGCGAT GACTACATT AA	222 GCTTGCTGT ACTUGACA TGT	CAAGTACC ACAGCGAT GACTACATT AA	506 TTCTTCGCTCTACATCCGT CCAGA	990 990	989 CCAAACGTTAACAAATTGCAAAAG	1373 ACATCCAGCTACGCCCTACATGTG		
HDAC1	NM_00964.2	HDAC1	TCCTGGCT CTGGAAAGC C	223 CTCACGGT CTCAGTTGA TCT	TCCTGGCT CTCACGGT CTCAGTTGA TCT	507 CAAGAACCTCCAGAAAG GGCTCAA	991 991	991 CAAGTACACAGGGATGACTACATCAA	1374 ATTCTGGCTCTACATGGTCCAGATAAC		
HDAC6	NM_006044.2	HDAC6	CGGTGIGA GAAGTGCA GCAA	224 CCCTCGCA AGTGCTCCA T	CGGTGIGA GAAGTGCA GCAA	508 CCAGACCATAGCACA CGGGCAC	992 992	992 TCTGGAGGAGTTCTGTGAGATCAACTG	1375 AGACCCGTTGGAG		
HER2	NM_00448.1	ERBB2									CGGTGAGAAGTGCAGCAAGGCGCTGT GCCCGAGGTTGCTATGGTCTGGGCATG GAGCAGCTTGCGAGAGG

(continuación)

Cón	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. deláder F	SEQ ID NO:	Sec. deláder R	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Longitud de secuenciación	SEQ ID NO:	Secuencia de amplificación
HE51	NM_005524.2	HES1	GAAAGATA GCTCGGGC A	225 TCAGTCA TT	GGAGGTGCT CAGCTT	609 CGCTACGTC AGTGG	CAGAATGTC CAGCTT	993 CGCTGGCTTC GAG	68	GAAGATAGCTGGGGCATCCAAAGCT GGAGAAGGGGGACATTCGAAATGAC AATGAAAGCACCTCC	1377
HGFAC	NM_001528.2	HGFAC	CAGGACAC AAGTGCCA GATT	226 GCAGGGACC TGAGTAGC CCATCGTA ACG	610 CGCTACGTC AGTGG	611 CCCCGACAGTGGCTCT GACG	994 CGGCUCAAGTGGCAGATTGAGA-ACCTGACCG GCTACCTCCAGCCTTC	72 GAGGACACAAGTGGCAGATTGAGA-ACCTGACCG TCCAGTGGGGACAGTGGCTGACGCGCT	1378	CAGGACACAAGTGGCAGATTGAGA-ACCTGACCG GCTACCTCCAGCCTTC	1378
HLA-DPB1	NM_002121.4	HLA-DPB1	TCCATGATG GTT GTT	227 GGCTCTGAG GCTGTCAG GTT	611 CCCCGACAGTGGCTCT GACG	612 TICCAACATCTCCAGT TTCTCGAA	995 TCCAGTGGGGACAGTGGCTGACGCGCT	73 TCCAGTGGGGACAGTGGCTGACGCGCT	1379	TCCAGTGGGGACAGTGGCTGACGCGCT	1379
HMGB1	NM_002128.3	HMGB1	TCCAGGATG T'AGGAAC GTGAAAG	228 GGCTGTC CTAGTAGC TGT	612 TICCAACATCTCCAGT TTCTCGAA	613 AGTCGGTGGTTCATGCC CTTCCA	996 TCCAGTGGGGACAGTGGCTGACGCGCT	71 TCCAGTGGGGACAGTGGCTGACGCGCT	1380	TCCAGTGGGGACAGTGGCTGACGCGCT	1380
HNF3A	NM_004496.1	FOXA1	AGCAGGAG CGACCAACT GA	230 GTTTGCCAA GTAAATT GCTACATAA T	614 GTTTGCCAA GTAAATT GCTACATAA T	615 GGCAGGGAG AAGAGATT GAT	997 GTCCTATCCAAACAAA GCAATGTTGCG AGTCTCTACTCCGGGT TCGGCG	84 ATGCTTGTGGATAATGGAGTGAACA AAATTAATGACCTTGGCA AAC	73 GAAGGGCATGAAACAGCGACAC CAGCTACTACGACAGACAC AGCAGGAGCGACCAAACACTGATCGACAC ATGCTTGTGGATAATGGAGTGAACA AAATTAATGACCTTGGCA AAC	1381	
HNRNAB	NM_004499.3	HNRNPA0	GCAGGAGT CGGCTTC GA	231 GGCAGGAGT CGGCTTC GA	615 GGCAGGGAG AAGAGATT GAT	616 TGAACCTCTCTGGAAAT ACCCCCA	999 AGTCTCTACTCCGGGT TCGGCG	68 GCAGCAGTCGGCTCTACGCGAAC CGGGGAGTAGGGAGACTAGAATCGAAATCGAAAT CTCTCTCTCTCC	1382	AGCAGGAGCGACCAAACACTGATCGACAC ATGCTTGTGGATAATGGAGTGAACA AAATTAATGACCTTGGCA AAC	1382
HNRPCC	NM_004500.3	HNRNPC	AGTGACAG ATGGACAA TGCAAAGA T	232 CCGAGTC CACTGCTAA GT	616 TGAACCTCTCTGGAAAT ACCCCCA	617 AGCCCTGTCTGGCC CTAACATCATIC GAT	1000 TCCCTGCTCTGGCTTAATTCATCTCTT AATCATGAGCCGCTTATTTGC CAGTGGCGACTCGG	69 AGTGCAGATGGACAATGCAAGAATGA ACTCTTCCTGGCTGAAATCCATACTTAG CAGTGGCGACTCGG	1383	AGCAGCAGTCGGCTCTACGCGAAC CGGGGAGTAGGGAGACTAGAATCGAAATCGAAAT CTCTCTCTCTCC	1383
HoxA1	NM_002522.3	HOXA1	TGCAAAGA TGAA TGAA TGAA	233 TCCCTCTG TGAA CGTGCCTTA TGAA	617 GCGAAATAAA CAGGCTCAT GATTA TGAA	618 ACACTCGGAGGAGTAG TACCCGC	1001 AGCCCTGTCTGGCC CTAACATCATIC GAT	78 TCCCTGCTCTGGCTTAATTCATCTCTT AATCATGAGCCGCTTATTTGC CAGTGGCGACTCGG	1384	AGCAGCAGTCGGCTCTACGCGAAC CGGGGAGTAGGGAGACTAGAATCGAAATCGAAAT CTCTCTCTCTCC	1384
HoxA5	NM_019102.2	HOXA5	TGGTTACTT TG TG	234 TGGTTACTT TG TG	618 CACAGGGT TCAGCGAGC	619 ACCGAGGCCTCCAGA ACAAAAC	1002 ACACTCGGAGGAGTAG TACCCGC	71 CGTGCCTATCTGGCTTAATTCATCTCTT AATCATGAGCCGCTTATTTGC CAGTGGCGACTCGG	1385	AGCAGCAGTCGGCTCTACGCGAAC CGGGGAGTAGGGAGACTAGAATCGAAATCGAAAT CTCTCTCTCTCC	1385
HOXB13	NM_006361.2	HOXB13	CAGCCCAA GTTGGTT TC	235 AAACGCCACA	619 ACCGAGGCCTCCAGA ACAAAAC	620 ACCGCTCTACCAATACC TGGCCA	1003 ACCGAGGCCTCCAGA ACAAAAC	68 CAGCTCAAGTCGGCTTCGGCTACCG AGCCCTTCCCAGAACAAACCTCTTGTGC GTTCGCTTCAAC	1387	CAGCTCAAGTCGGCTTCGGCTACCG AGCCCTTCCCAGAACAAACCTCTTGTGC GTTCGCTTCAAC	1387
HOXB7	NM_004502.2	HOXB7	CTGGACCGC ACGGACAT C	236 AAAGACTTG AAAGACTTG C	620 ACCGCTCTACCAATACC TGGCCA	621 TGGCTGGA TATTGTTA GG	1004 ACCGCTCTACCAATACC TGGCCA	78 CAGCTCAAGTCGGCTTCGGCTACCG AGCCCTTCCCAGAACAAACCTCTTGTGC GTTCGCTTCAAC	1388	CAGCTCAAGTCGGCTTCGGCTACCG AGCCCTTCCCAGAACAAACCTCTTGTGC GTTCGCTTCAAC	1388
HSD17B1	NM_000413.1	HSD17B1	GCTTCCAA GTGGGGAA TTA	237 TGGCTGGA TATTGTTA GG	621 AGTTGCTTCCATCCAAACC TGAGG	622 CAGAACCT TCAAATTTC GT	1005 AGTTGCTTCCATCCAAACC TGAGG	68 GCTTCCATCCATCCAAACC TGAGG	1389	GCTTCCATCCATCCAAACC TGAGG	1389
HSD17B2	NM_002153.1	HSD17B2	ATAAACCT CATGTTGAA GT	238 CAGCTCGC CATGTTGAA GT	622 CAGAACCT TCAAATTTC GT	1006 CAGAACCT TCAAATTTC GT	77 CAGAACCT TCAAATTTC GT	77 CAGAACCT TCAAATTTC GT	1390	CAGCTCGCAGGCA GCTTGTATTCATCTCGAGAGAAC AGAGAGAAATTGAGCGTTAT	1390
HSH1N1	NM_017493.3	OTUD4									

(continuación)

SEQ ID NO.	Secuencia de amplificación	Longitud de secuencia de amplificación												
Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	SEQ ID NO.	Sec. cebador F	SEQ ID NO.	Sec. cebador R	SEQ ID NO.	Sec. de sondas	SEQ ID NO.	Sec. de sondas	SEQ ID NO.	Sec. de sondas	SEQ ID NO.	Sec. de sondas
HSPA1A	NM_005345.4	HSPA1A	239	CAGGTTCGA CAGTCAC	623	TCTGGGAAG TCTGGGA	623	AGAGTGACTTCCGGT CCAAGG	1007	70	CTGCTGGACAGTCACACTACCTTTTCG AGATGACTTCCGGTGTCCAAGGCTT	1391		
HSPA1B	NM_005346.3	HSPA1B	240	GGTCGCTT CGTCCTTG	624	GCACAGTT CGCTCTGGA	624	TGACTCCCGGGTCCA AGG	1008	63	GGTCCGCTTGCCTTGCAGAGTGACTC CGGGGTCACAAAGGCTTCCAGAGCGA	1392		
HSPA4	NM_002154.3	HSPA4	241	TTCAGTGTG TCAGTGCATC	625	ATGGTTCC T	625	CATTTCCTCAGACTGT GAACCTCAGT	1009	72	TCTAGTGCTCAGTGGCATCTTAAAGGG AGGTTCACAGTCAGTCAGGAAAAAAAGGG	1393		
HSPA5	NM_005347.2	HSPA5	242	GGCTAGTA GAACGTGAA TCCAAACA	626	GGTCGCCC AAATGCTT TC	626	TAATTAAGCTT CAGCTGCACTGCC	1010	84	GGCTAGTAGAACCTGGATGCCAACACCA AACTCTAAATTAGACCTAGGGCTCAGCT GCAGTCGCCGAAAGGATTGGCGACAA CC	1394		
HSPA8	NM_006597.3	HSPA8	243	CCTCCCTT GGTGGTGT T	627	GCTACATCT ACACITGGT TGGCTTAA	627	CTCAGGGCCACCATITG AAGAGCTTG	1011	73	CCTCCCTCTGGGGTCTCTCAGGGC CCACCATGAAAGAGGTGATTAAGGCCA ACCAAGTGTAGATGTAGC	1395		
HSPPB1	NM_001540.2	HSPPB1	244	CCGACTGG AGGAGCAT AAA	628	ATGCTGGCT GACTCTGTC C	628	CGCACTTCTGAGCAG ACOTCCA	1012	84	CGACTGGAGGAGCATAAAGGGCAGGC CGAGACGTCAGAGCAGTCAGGGCAG CAT	1396		
IBSP	NM_004967.2	IBSP	245	GAATACCA CACTTCCTG CTACAAACAC T	629	GGATGGAG CTAACCTG TATAC	629	CCGGCGCCAACCTGAT TCT	1013	83	GAATACCAACACTCTGCTACAAACACT GGGTCTATGGAGGAGCCACGGCTGG CACAGGGTATACAGGGTTACGCTCAAT CC	1397		
ICAM1	NM_000201.1	ICAM1	246	GCAGACAG TGACCATCT ACAGCTT	630	CTCTGTAGA CCCTGGCT TCTT	630	CGGGCGCCAACCTGAT TCT	1014	68	GCAGACAGTGACCAATCTACAGCTTTC GTCAGTCAGGGCTTCAGAAAGCC AGAGGTCTCAGAAG	1398		
ID1	NM_002165.1	ID1	247	AGAACCGC AAGGTGAG CAA	631	TCCAAGTGA AGGTGCTG ATG	631	TGGAGATTCCTCAGC GTCACTGAC	1015	70	AGAACCGCAAGGTGAGCAAGGTGGAG ATTCTCCAGTCAGTCAGTACATACA GGGACATCTGAGTGGAA	1399		
ID4	NM_001546.2	ID4	248	TGGCCTGOC TCTTAATT G	632	TGCAATCAT CCAAGACCA C	632	CTTGTGTTGCCAGTA TAGACTGGAAAG	1016	83	TGGGCTGGCTTAATTTGCTTGTGTT GCCCTAGTATAGACTCGAGCTAACAGT TATAGCTTAGTGGCTCTGCTGATGATGCA GGTGGAGAGTGGAGGCCATGACCAAGGG ACCTGGCGCTGTCATTCAGCAGCCTCA GCAATGTGAAGCTGAAGCAGC	1400		
IDH2	NM_002168.2	IDH2	249	GGGGAGA GTGGAGCC ATGAA	633	GCCTGAATG GCAGCCCC TGC	633	CGGTGAATGCA CAG	1017	74	GGTGGAGAGTGGAGGCCATGACCAAGGG ACCTGGCGCTGTCATTCAGCAGCCTCA GCAATGTGAAGCTGAAGCAGC	1401		
IGF1R	NM_000875.2	IGF1R	250	GCATGGTA GCCGAAAGA TTTCA	634	ATAGCTGT CTCATAGAT ATC	634	CGCGTCATAC AAATTC TCCGATTGTA	1018	83	GCATGGTAGGGCAAGATTCACAGTCA AAATCGGAGATTTCGATGACCGAG AAATCTATGAGACAGACTATTACCGGA AA	1402		
IGF2	NM_000612.2	IGF2	251	CCGTCCTC CGGACAAAC TT	635	TGGACTCT TCCAGGTG CA	635	TACCCGTGGCAAGGT CTTCCCAA	1019	72	CGGTGGCTGGCAACACTTCGGAGAT ACCCCGTGGCAAGTCTCAGTCAATATG ACACCTGGAAAGCAGTC	1403		

(continuación)

Gén	ID de secuencia	Símbolo oficial	Séc. celebador F	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:
IGFBP6	NM_002178.1	IGFBP6	TGAAACCGC AGAGACCA ACAG	252	GTCTTGGAC ACCCGCAGA AT	636	ATCCAGGCACCTCTACC AGCGCC	1020	77	TGAACCGAGAGACCAACAGAGGAATC CCAATTGCGGGGTTCAAGAC	1404
IGFBP7	NM_001553.1	IGFBP7	GGGTCACTA TGGAGTTC AAGGA	253	GGGTCTGAA TGGCCAGGT	637	CCCGTCACCAAGGCAGG AGTCTCT	1021	68	GGGTCACTATGGAGTCAAAAGACAGA ACTCTGCGCTGGGACAAACCT	1405
IKBKE	NM_014002.2	IKBKE	GCCGCCAT AGCTCTTAA CC	254	CAGAGCTCT TGCACTGPG	638	CAGCCTACAGAAAGG ACCCTCTTACCCAGCC	1022	66	GCCTCTACAGAGCTCTTACCCAGCC ACAGAAAGGACACTGCTCTCACATG	1406
IL-8	NM_000584.2	IL-8	AAGGAACC AATCAGAAAG	255	ATCAGGAAG GGTGCCAAG	639	TGACTTCAAGC TGGGCC	1023	70	AAGGAACCATCTCACCTGTTGAAACA TGACTTCAAAAGCTGGCTCTCTT	1407
IL-10	NM_000572.1	IL-10	TGTTGAAAC GGGCTGTC	256	TGGAGCTTA TAAAGGCA	640	CTGGCTCACGGCCTTGCT	1024	79	GGCGCTGTCATGATTCTCTCCCTGTA AAACAAAGCAAGGGCGTGGAGCAGG	1408
IL-11	NM_000641.2	IL-11	CCACAAAGTC AC	257	TCTTGACCTT CGAGCTTIG	641	CCCTGTATCAACAGTAC	1025	66	TGAAAGGTTCCACAAAGTCAACCTGTGA TCAAAGTACCCGTATGGACAAAGCT	1409
IL-17RB	NM_018725.2	IL-17RB	ACCCCTCTGG TGGAAATAG	258	GGCCCCAAT QAAATAGAC	642	TGGCCTCCTCTGTAGAC	1026	76	ACCTCTGGGAAATGGACATTITCC TACATCGGCTCCTCTAGAGCTGAAAC	1410
IL-6ST	NM_002184.2	IL-6ST	GGCCTTAATG CTCCAGATC	259	AAAATTGTT CTTGGAGG	643	CATATTGCCAGTGGTC	1027	74	GGCCTTAATGTTCAAGATCTTCAAAGA GTCATATTGCCAGTGGTCACCTCACAC	1411
ING1	NM_005337.2	ING1	ACTTCTCTG CGGAGTCA GTC	260	AACTCCGAG TGGTGTATCC	644	ATTCAAAACAGAGCCCC	1028	66	ACTTCTGGAGTCAGTCAGGCTT GGGGGCTCTGTGTTGAAATGGTGTACAC	1412
INHBA	NM_002192.1	INHBA	GTGCCCGA GCCATATAG CA	261	CGGTAGTGG TTGTATGACT	645	CCACATGACTTCTCTACT	1029	72	GTGCCGAGCCATATAGCAAGGCAAGG CGGGCTCTACTGTCCTCACTCAACA	1413
IRF1	NM_002198.1	IRF1	AGTCAGGCC GAGATGCT AAG	262	AGAAAGTTA CAGGGCTGG	646	CCCACATGACTTCTCTCTT	1030	69	GTCAAGGAGAAGTCATGTGGGATTCCA GTCATCAACCTACTACCG	1414
IRS1	NM_005544.1	IRS1	CCACAGCTC ACCTCTGT CA	263	OCTCAGTGC CAGTCTCTT	647	TCCATCCCAGCTCCAGCC	1031	74	CCACAGCTCACCTCTGTCAGGTTCTCA TCCCAGCTCCAGCCAGAG	1415
ITGA3	NM_002204.1	ITGA3	CCATGATCC TCACCTGC TG	264	GAAGCTTGT TAGCCGGT	648	CGACTCAGACTCTGGCTTA	1032	77	CCATGATCCCTACCTCTGCTGGGACTA TACATCCAGACTCTGGCTTAGCATGGT	1416
ITGA4	NM_000885.2	ITGA4	CAACGGCTC AGTATCA ATCC	265	ATCCAGGGC AGTATCA	649	CGATCTGCTACGTTAA	1033	66	AAATACCCGGCTACAAAGCTC CAACAGCTCACGTTGAAATGGAAGAA TCCGGCCAGAC	1417

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. celular F	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	Secuencia de amplificación
TIGA5	NM_002205.1	ITGA5	TCA	AGGCCAGC CCTACATTA	266	GTCCTCTCC ACAGTCCAG	650	TCTGAGCTTGTCTCTA	1034	75	AGGCCAGCTACATTATCAGGGCAAG
TIGA6	NM_000210.1	ITGA6	TCC	CACTGACAAACAGCCCT	267	GTTAGCTT CATGGGCT	651	TGGCATCTTGTGGGA	1035	69	AGCCGGATAGGGACAAGGCTCAGATC
TIGAV	NM_002210.2	ITGAV	TATI	ACTCGGACTGCAAAAGC	268	TGCACTCAC	652	CCGACAGCCACAGAAATA	1036	79	TIGCTGACAAACAGCCCTCAGAC
ITGB1	NM_002211.2	ITGB1	CA	TCGAATTG GATTGGCT	269	CCTGAGCTT AGCTGGGT	653	TGCTAATGTAAGGCATC	1037	74	AGCTGGACTGCAAGCTATTGATG
ITGB3	NM_000212.2	ITGB3	GA	ACCGGGAA CCCCACAT	270	CCTTAAGCTT CTTCACCT	654	AAAATACCTGCAACCCCTT	1038	78	TIGCTGAACTTACTGCCG
ITGB4	NM_000213.2	ITGB4	A	CAAGGUGC CCTCAGTGG	271	GCGCACACC	655	CACCAAACCTGIAACCGT	1039	66	AAAGACTGTTGAACTGAAAG
ITGB5	NM_000213.3	ITGB5	GT	TCTTGAAA GATGACCA	272	TTCACTCTAT	656	ATTCGGA	1040	71	TCGAAAGATGACCAAGGCTGTC
JAG1	NM_000214.1	JAG1	G	GGCTTACA CTGGCAATG	273	GGTGAACAT	657	TGCTATGTTCTACAAA	1041	69	TGCTGAAAGCTACATGGTAGTTCTG
JUNB	NM_002229.2	JUNB		CTCTCAGCT OCTCTCTGG	274	GTAGATGCG	658	ACTCGAATTCCAGCCA	1042	70	TCGAAAGCTGCTGCTGGGGTCAAGGG
KI-67	NM_002417.1	MKI67	T	GGGACTTGG GGTGCACT	275	TTACAACIT	659	CGGACTTGCGAACACC	1043	80	ACACGGCTTCTGAAACCCCT
KIAAD555	NM_014790.3	JAKMP2		AAAGCCGAA GGCACCTAT	276	TGTCCTGTA	660	CCCTCAAGGTGCCAAT	1044	67	CGGACTTGGGACTCATGTCCTTC
KIAA1199	NM_018689.1	KIAA1199	C	GCTGGGAG GCAAGGACTT	277	GAAGCAGGT	661	CITCAAGGGCATGCTGA	1045	66	GGGGGAGGGAGACTTCAGTCAG
KIF14	NM_014875.1	KIF14		GAGCTCCAT GGCATCAC	278	TCACACCA	662	TGCAATTCTGTAGCTCA	1046	69	GGCTCCATGGCTATGCCAGCAGT
KIF20A	NM_005733.1	KIF20A	GA	TCTCTTGCA GGAAGCCA	279	CCGTAGGGC	663	AGTCAGTGGCCATCA	1047	67	AGTGGGCCATCAAGCAACAGTC

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Simbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	Sec. cebador R	SEQ ID NO:	Sec. de sonda	SEQ ID NO:	Longitud de sec. dinaria	SEQ ID NO:	Longitud de sec. dinaria	Secuencia de amplión
KIF2C	NM_006845.2	KIF2C	AAATCCTGCAAAAG AAAGCTTT	280	CGTGTATGGA GA	664	AAGCCGCTTCACTCGA TCCTCC	1048	73	AATTCCCTGCTTCAAAAGAAAGCTCTCG AAGCCGCTTCACTCGAATGTCACGTTC	1432	
KLK11	NM_006853.1	KLK11	CACCCCGCC TTCACAAAC	281	CACTCTAC CAGCATGAT	665	CTTCCCCAACAAAGACC ACCGCA	1049	66	CAACCGGCTTCAAAACAAAGCTTCCC AACAAAGACCACCGCAATGACATCATG	1433	
KLK6	NM_002774.2	KLK6	GGTCTCTGAT TCT	282	TCTCTAC ATCACGTC	666	TTACCCAGCTCCATCCT TCATC	1050	78	GACGAGATTCCTGATCTCTCTGGTT TTACCCAGCTTCACTCTTGATCATCTG	1434	
KLRC1	NM_002259.3	KLRC1	GAATCCCTAI TG	283	GCCAAACCA TTGATTGGTC	667	TTCGTAACAGCAGTCAT CATCCATGG	1051	67	CATCCTCATGAACTGGTGTTCCTGAA CAGCAGTCATCATCCATGGTGACAAT	1435	
KNSL2	BC000712.1		CCACCTCCGC CAATGATTTC TC	284	GCAATCTCT TCAAACACT TCATCTT	668	TTTGACCGGGTATTCCCA CCAGGAA	1052	77	GAATGGTTCG CCACCTCCATGTTTCTTGTGACC	1436	
KNTC2	NM_006101.1	NDC80	ATGTCAGCAG TGAGCTTGA GT	285	TGAGCCCT GTAAACAG TA	669	CCCTGGAGAAACACAAG CACCTGC	1053	71	GGGTATTTCGACAGGAAAGTGC ATGAATGTTTGAAGAGAATGCG	1437	
KPNA2	NM_002266.1	KPNA2	TGATGGTCC AAATGAAAC GAA	286	AAGCTTCAC AAGTGGGG C	670	ACTCTGTITTCACCA ATGCCA	1054	67	GAACACAAGAACCTGCTAAGAAAAGTAC TGTTAACAGGGGGTCA	1438	
LICAM	NM_000425.2	LICAM	CTTGCTGGC CAATGCCAA	287	TGATGTC GCAGTCAGG	671	AUCAUCGTTGCTAGCTG CCAGCTC	1055	66	CTTGCTGGCAATGCTACATCTACGT GTUCAGCTGCCAGCAAGAATCTGACT	1439	
LAMA3	NM_000227.2	LAMA3	CAGATGAG GCACATGG AGAC	288	TGAAAATGG CAGAACGGT AG	672	CGATATCCTCAAGGTCCT GGCCCTG	1056	73	CAGATGAGGGAGACCCAGGC AAAGAACCTGAGGAATCAGTTCCTAAC	1440	
LAMA5	NM_005560.3	LAMA5	CTCCCTGGCC AAACAGCAC T	289	ACACAAGGC CAGCCCT CAAGGAGA	673	CGTTCTGGAGCATGG CCCTCTC	1057	67	TACGGTCTGCCAGGAAACAGCAGGG CTCTGGCCCTTGTGTT	1441	
LAMB1	NM_002291.1	LAMB1	CTGGGAGG TGTC	290	GGCGAAAC TGACAGTGT TC	674	CAAGTGCTGTACCA CGAAAGG	1058	66	CAAGGAGACTGGGAGGTGTCAGTG CCTGTACCAACGGGAAGGGAAACACTG	1442	
LAMB3	NM_000228.1	LAMB3	ACTGACCA AGCCTGAG ACCT	291	GTACACATT AGCAGATT CA	675	CCACTCGCCATACTGG TCAGT	1059	67	TCAGTTCCTGCG ACTGACCAAGGCTTACAGACCTACTGCAC	1443	
LAMC2	NM_005562.1	LAMC2	ACTGACCA AGCCTGAG ACCT	292	ACTCCCTGA GGAAAATTG AAGCAA	676	AGGCTTATCAGCACAG TCCTCCGCTCC	1060	80	ACCTCAAGGGAAATTGAAAGCAAGAAGG TCTTATCAGCACAGCTCCGCTCCCTGG	1444	
LAPTM4B	NM_018407.4	LAPTM4B	AGATGGTC GC	293	AGGGATGGA GACATGGCA GCACAGCA	677	CTGGACGCGGGTCTACTC CAACAG	1061	67	ATCAGTGGCTTACCTCAACAGTGTGCTG AGGGATGAAAGATGGTCCCGCTGGAC	1445	

(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 secuencia	SEQ ID: NO.	Secuencia de amplificación
LGALS3	NM_002406.1	LGALS3	AGCGGAAA ATGGCAGA CAAT	294	CTTGAGGGT TTGGTTTC CA	678	ACCCAGATAACGGATCA TGAGCGA	1062	69	AGCGGAAAATGGCAGACAATTGGC TCCATGATGGCTTGTACTTGCTGGAA ACCAAACCCCTCAAG	1446
LIMK1	NM_016735.1		GCTTCAGGT GTTGTGACT GC	295	AAGAGCTGC CCATCCTCT C	679	TGCCCTCCCTGTCGACCA GTAATA	1063	67	GCTTCAGGTGTTGACTGCACTGGCTTC CTTGTCGACCAAGTACTATGAGAAAGGA TGGCAGCTT	1447
LIMS1	NM_004987.3	LIMS1	TGAACAGT ATGGGGA GCTG	296	CTCTGGAA G	680	ACTGAGGGCACACGAAA CACTGCT	1064	71	TGAACAGTAATGGGAGCTGACCATG AGGAGTGTTCGTTGCTGCTAGTGTCT CCAGCAGTTCAGAA	1448
LMNB1	NM_005573.1	LMNB1	TGCAAACG CTGGTGTCA CA	297	CCCCACGAG TC	681	CAGCCCCCAACTGACC TCATC	1065	66	TGCAAACCGTGGGTCACAGCAGGCC CCCAACTGACCTCATCTGGAAACCA GAACCTGGGG	1449
LOX	NM_002317.3	LOX	CCATGGG AGAACAAAC GG	298	CGCTGAGGC G	682	CAGGCTCAGCAAGCTGA ACACCTG	1066	66	CCAATGGGAGAACAAACGGGAGGGT CAGGTGCTGAGCTGGCTCACAGTA CCAGCCTCAAGCG	1450
LRIG1	NM_015541.1		CGAAGTGG AC	299	GTCTCTGGA CACAGGCTG G	683	TTACTCCAGGGACAG CCCTCCA	1067	67	CTGCAACACCGAAGTGGACTCTTACTC CAGGGGACAAGCTTCACCCCAAGCC TGTTGTCAGAGAC	1451
LSM1	NM_014462.1	LSM1	AGACCAAC CTGGAAGC AGAG	300	GAAGAAATG AAAGACCTC GG	684	CCCTCAGGGCTGCACTT TCAACT	1068	66	AGACCAAGTGGAAAGCAGAGAAAGTGT AAAGTGAGGCCCTGTAAGGACCCGAGGT CTTTCATTCCT	1452
L1BP1	NM_206043.1	L1BP1	ACATCCAG GGCTCTGTG G	301	GGAGACACA ATGGAAAGA ACC	685	CTGTGTTAGGCACTCCC CTTGCG	1069	67	ACATCCAGGGCTCTGGTTCGGCAAGG GGAGTGCTTAACACAGGGTTCTTT CCATGIGTCTGC	1453
LYRIC	NM_178812.2	MIDH	GACCTGGCC TTCGTAAG AGAACGCTG TCCCCTGCAA GAG	302	CGGACAGIT TTCTCCGGT AGCGTAC ACCTAGAC TT	686	TTCTCTCTGTTGTCCTCG CTCCGG	1070	67	GACCTGGCCTTGGCAAGAATCTCCGG AGGAAAGAAGAAGAAGAAACCG GAAGAAACTGTGCG	1454
MADIL1	NM_003550.1	MADIL1	GACTTTCG CGCTACCT TTC	303	AGCGTAC TCCCCTGCAA ACCTAGAC GAG	687	CATGTTCTCACAAATCGC TGCACTC	1071	67	AGAACGCTGTCGAAAGAGGAGATG CAGGGATGTTGAGAACATGAGCTG AGCTGGTACGGCT	1455
MCM2	NM_004226.1	MCM2	GACTTTCG CGCTACCT TTC	304	GGCCTAAC TGCTTCAG ATGAAGAG	688	ACAGCTCATGGTGTAC GCAGGA	1072	75	GACTTTCGCTTCAGCTTCATTCGG CGTGCACAAACATGGCTGCTCTTC ATACTGAAAGCACTGGCTCTTC	1456
MELK	NM_014791.1	MELK	AGGATCGC CTGTCAGAA GA	305	TGACACATAA GCAACAGCA GA	689	CCCGGGTGTGCTTCGGC AGATAG	1073	70	AGGATTCGCTGTCAGAAAGAGGAGACCC GGGTGTCCTCGTCAGATAGTATCTGC TGTTGCTATGTC	1457
MGMT	NM_002412.1	MGMT	GTGAAATG AAACGCAC CACA	306	GACCTGTGCT CAAAACAG AC	690	CAGGCCCTTGGAAAGC TGG	1074	69	GTGAAATGAAACGCCACACTGGGACA GCCCTTGGGAAAGCTGAGCTGCTG GTGTTGAGCAGGGTC	1458
mGST1	NM_020300.2	mGST1	ACGGATCTA CACACCAT TGC	307	TCCATATCC AACAAAAAA ACTCAAAAG	691	TTTGACACCCCTCCCCA GCNA	1075	79	ACACCCCTCCACACCATTTGCTATGG TTGAGTTTGTGATGGAA	1459

(continuación)

Código	ID de secuencia	Símbolo oficial	Símbolo de cebador F	SEQ ID NO.	SEQ ID NO.	SEQ ID NO.	SEQ ID NO.	SEQ ID NO.	SEQ ID NO.	SEQ ID NO.	SEQ ID NO.
MMP1	NM_002421.2	MMP1	GGGAGATC ATGGGAC AACTC	308	GGGICCTGGT TGAAGAGCA T	692	AGCAAGAATTCTCTCCAG GTCCATCAAAGG	1076	GGGAGATCATGGGACAACCTCTCTTT TGATGGACCTGGAGGAATCTTGCTCA	1460	
MMP12	NM_002426.1	MMP12	CCAAACGCTT GCAAATOC T	309	ACGGTAGTG ACAQCATCA AAACTC	693	AACCACTCTGTGTGAC CCCAAATT	1077	TGCTTTCACCCCTTGACAAATTC AGAACAGCTCTGTCGACCCAAATT	1461	
MMP2	NM_004530.1	MMP2	CCATGATGG AGAGGCAG ACA	310	GGAGTCGG CCTTACCGT CAA	694	CTGGGAGCATGGCGATG GATACCC	1078	GGATGGTAGCAGCTAGGGAAATGATGATG CCACTTGGCCCTGGAGCATGGGA	1462	
MMP7	NM_002423.2	MMP7	GGATGGTA GCAGTCCTAG GGATTAAC	311	GGATGGTCC CATAACCAA AGAA	695	CCTGTATGCTGAACTCA TGAACCTGGC	1079	GGATGGTAGCAGCTAGGGAAATGATGATG CCTGTATGCTGAACTCA TGAACCTGGC	1463	
MMP8	NM_002424.1	MMP8	TCACCTCTC ATCTTCACC AGGAT	312	TGTCACCGT GATCTCTT CGTAA	696	AAGCAATGTGATATCT GGCCTCTCTGT	1080	TCACCTCTCCTACAGGATCTCAC AGGAGAGGAGCAGATATCAAATCTGCTT	1464	
env de tipo MMTV	AF346816.1		CCATACGGT CTGCTACCT GT	313	CCTAAAGGT TTGAATGGC AGA	697	TCATCAAACCATGGITC ATCACCAAATAC	1081	CCATACGGTGGTACCTGTAGATAATG GTGATGAAACCATGGTTGTGATGATTCTGC	1465	
MNAT1	NM_002431.1	MNAT1	CGAGAGCT GTAGGAGG GAAACC	314	GGITCCGAT ATTGGTGG TCTTAC	698	CGAGGGCAACCTGATC GTTCA	1082	CGAGAGCTGTAGGGGGAAACCGCCA TGGAGGATCAGGGTTGGCTGGTGTAA	1466	
MRP1	NM_001996.2	ABCC1	TCATGGTC CGCTCAAATG	315	CGATGTCCTA TTGTCTTCA TGTG	699	ACCTGATACCTCTTGGTC TTGATCGCCAT	1083	TCATGGTGGCTCAATCTCTGGTAA AGACCAAAATACTGGAAACC	1467	
MRP3	NM_003786.2	ABCC3	TCATCCCTGG CGATCTACT TCT	316	CGGTGAGT CGAATCAGC AA	700	TCTGTCCTGGCTGGAGTC GTTCTCAT	1084	TCATCCCTGGGATCTACTCTCTGGCA GAACTAGGTCCTCATGGCTCTGGTATTCCA	1468	
MSH1	NM_021950.2	MSH1	TGAAAAC CCCAAACTGCA	317	CAAGGCCTC AAACTCCAA CG	701	TGAACCTGGAGCTAGC ATCCAAA	1085	TGAGAAACAAACTGACCCACTGAACT CGGAGCTAGCATCCAAAATAGCCCTT	1469	
MSH2	NM_000251.1	MSH2	ATTGAGGC AGAC	318	TCTGGCAA CTGGTCAA GA	702	CAAGAAAGATTACTTCG TCGATTCCAGA	1086	GATGTTGGAGGACTTACAA GAAACTTTACTTCGATTCCAGATC	1470	
MTA3	XM_038567		TCTGTAGTC CA	319	ACAAAGGGAA TCGATCACTACCCCTC CTAGTCACATCACTACCCCTC	703	TTGCTGGGT GAGGTGAA CTAGGATGA	1087	GCTCTGGTCTTGTAGTCAGTCATCC AGGAGGGTGTGATGTTGACTGAGACTTCA	1471	
MX1	NM_002462.2	MX1	GAAGGAAT GGGAAATCA GTCATGA	320	GTCTTAATG AGTCAGATC CGGACAT	704	TCACCCCTGGAGATCAGTCATGGCTCA ATCACCCCTGGAGATCAGTCATGGCTCA	1088	GAACGAATGGGAAATCAGTCATGGCTCA ATCACCCCTGGAGATCAGTCATGGCTCA	1472	
MYBL2	NM_002466.1	MYBL2	GCCGAGAT CGCAAGA	321	CITTTGATG CTAGAGTC CAGTGAATAGAC	705	CAGCATTTCTGTCCTCC CTOGCA	1089	GCCGAGATCGCCAAGATGTTCAGGG AGGACAGACAATGCTGTGAAGAAATCAC	1473	

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. celador F	SEQ ID NO:	Sec. celador R	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Longitud de sec. diana	Secuencia de amplificación	SEQ ID NO:
NAT1	NM_000662.4	NAT1	TGGTTTGA GACCAAGA TGT	322 TGAATCATG CCAGTGCTG TA	TGGAGTGTGCTGAAACAT ACCCTOCA	706 CGGGCTGTCCTTGAG	TGATGTTAACGGCATTCAGCCAAAAA	TGGTTTGAGACCAAGATGTTGGGAGG GTATGTTAACGGCATTCAGCCAAAAA	1474		
NAT2	NM_00015.1	NAT2	TAACTGACA TCTTGAGC ACCAGAT	323 AIGGCTTC CCACAAATGC	707 AACTGACATCTTGGACCAAGATC	1091 GGGCTGTCCTTGAGAAACCTTAACAT	TAACTGACATCTTGGACCAAGATC	1475			
NRG1	NM_013957.1	NRG1	CGAGACCT CCCATAGT AAAAGGTA T	324 CTTGGCTG TGAAATCT ACAG	708 ATGACCAACGGCTCG TATGTC	1092 GCATGTCGCAACGGCTCG	CGAGACCTCTCTAGTGAAGGTAT GTGACAGGCTGACCAACGGCTCG	1476			
OPN, osteopontina	NM_000582.1	SPI1	CAACCGAA GTTTCACT CCAGTT	325 CTTCAGTCC ATAAACCA ACTATCA	709 TCCCACAGTAGACACA TATGATGGCCG	1093 CTCAGAGCTCTCTGGTT	CAACCGAAAGTCCAGTGTGTCCT TGATAGTGTGTCGTTATGGACTGAGG	1477			
p16-INK4	127211.1		GGGGAAAGG TCCCCTAGA CA	326 TGATGATCT AAGTTTCCC GAGGTT	7-0 CTCAGAGCTCTCTGGTT	1094 CTTCAAAATCGG	GGGAAAGGTCCTAGACATCCGGAT TGAAAGAACAGAGACCTCTGAGAA	1478			
PAI1	NM_000602.1	SERPINE1	CGCGAAACGT GGTTTCTC A	327 TCTCCCTCTG TT	7-1 CTCGGTGTTGGCCATGGCT CCAG	1095 CGGCAAGGTTCTACCTATGGG	CGGCAAGGTTCTACCTATGGG GTGGCTCTCGTGTGTTGGCCATGGCTCAG	1479			
PGF	NM_002632.4	PGF	GTGGTTTC CTTCGGAGC	328 AGCAAGGG T	7-2 ATCTTCCTAGACGGCTCG AGCCAG	1096 CTGACAAACAGGAGGAAACCCAGCA	GTGGTTTCCTCGAGAACGTTGGCTC GGGACGTCCTGAGAAAGTGGGGTCATG	1480			
PR	NM_000926.2	PGR	GTGTTTC CGATCAGG CTGCTATT TGG	329 AGTAGTGT GCTGCCCT CC	7-3 TGTCTTACCTCTGGAC CTGTAAGGTC	1097 AGGCTGTTCCCTGCT	GCATCAGGCTGCTATGGGTGCTTA CTCTGGGAGGCTGTAAGGCTCTTAA GAGGGCAAATGAAAGGGCAGCAACT ACT	1481			
PROX1	NM_002574.2	PROX1	AGGACTGG GACCAATG AAC	330 CCCATATA CTGAGGAAT GG	7-4 TCCCTTGGTATCAGACCC GAAGCG	1098 CCTTCCAGCTTACAGT GAATGTCGCA	AGGACTGGACCCATGAACTTCCTT GGTATGAGGACCCAGGACATTGCG TCAGGATTATGGG	1482			
PTEN	NM_000314.1	PTEN	TGGCTAAGT CAATCATG AAAGATGA	331 TGACACATAT CATTACACC	7-5 AGTTGCT AACTGAGATC	1099 CCATTCAGCTTACAGT GAATGTCGCA	TGGCTAAGTGAAGATGACAATCTATGTT GCAGCAATTCACCTGTAAGCTGAAAG GGACGAACCTGCTATGATAATGTGCGA	1483			
PTP4A3	NM_007079.2	PTP4A3	AAATATTG GGGGGGTA TGG	332 AACAGAGATC CTTGTGCTT GT	7-6 CCAGAGAAAACGAGATT TAAAAAACCACC	1100 CCAAGAGAAAACGAGATT TAAAAAACCACC	AAATATTGCTGTCTCTGGACAAAG TGTGTTAAATCTGTTCTCTGGACAAAG CACAGGGATCTCGTT	1484			
RhoB	NM_004040.2	RHOB	AAGGACTT GACC	333 CCCTCCC GTCAGTTC G	7-7 CTTCCC AAAGACAT	1101 CTTTCCTGGGG AAAGACAT	AAGGATGAACAGGACTGACCATCTT CCAACCCCTGGGGAGACATTGCAAC TGACTTGGGGAGG	1485			
RPL13A	NM_012423.2	RPL13A	GCAAGGAA AGGGTCTTA GTCAC	334 ACACCTGCA CAATCTTC G	7-8 CCTCCGAAGTGTGCTGA AAAGCAC	1102 CCCGAAGTGTGCTGAAGGACTCGGAG AAATGTCAGGIGI	GCAAGGAAAGGGTCTTACTGACTGCT CCCGAAGTGTGCTGAAGGACTCGGAG AAATGTCAGGIGI	1486			
RPL41	NM_021104.1	RPL41	GAAAACCT CGCCCATG A	335 TCTTTTGC CTCAAGC	7-9 CATTCGCTTCTCTCCA CTTGGC	1103 GGAGGAAGAAGGGAATGGCAGGCTG AAGGCCAAAAGAA	GAAACCTCTGCTGCTATGAGAGCCAAGT GGAGGAAGAAGGGAATGGCAGGCTG AAGGCCAAAAGAA	1487			

(continuación)

Gén	ID de secuencia	Símbolo oficial	Séc. celebador F	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:
			Séc. celebador R	Séc. celebador R	Séc. de sonda	Séc. de sonda	Longitud de secuencia	Secuencia de amplificación
RPLPO	NM_001002.2	RPLPO	CAICAACGGTAAACAA	336	TCAGCAAGTGGAGGTAAATC	720	1104	75
RPS23	NM_001025.1	RPS23	GGCTGGATTGG	337	CCCTAAAGCAGACTCCAGG	721	1105	67
RPS27	NM_001030.3	RPS27	TCACCAACGGTCTTATGCCA	338	TCCCTCTGTAGGCTGGAA	722	1106	80
RRM1	NM_001033.1	RRM1	GGGCTACTGCGAGCTACATT	339	CTCTCAGCAAGACACAC	723	1107	66
RRM2	NM_001034.1	RRM2	CAACAGAGATTT	340	ATCGCAGTGGAGCAGTAAAGATGCA	724	1108	71
RUNX1	NM_001754.2	RUNX1	ACACAGAGACATCTTCAAAACCAAA	341	GTGATTTGAGGAAAGTT	725	1109	69
S100A10	NM_002966.1	S100A10	ATGCCATCTCAAAGAAATTGT	342	TTTATCCCCAGGAACCATGAACTT	726	1110	77
S100A2	NM_002978.2	S100A2	TGCGCTGGCTGGTCACTA	343	TCCCCCTTACGCTGAGGCGAAC	727	1111	73
S100A4	NM_002961.2	S100A4	GGTGTCACTA	344	CGGAGTACTCTGGCAAGGGCGAAC	728	1112	70
S100A7	NM_002963.2	S100A7	GACTGTGTGATGATGAAGGA	345	GGCAGGTAACTTGTGCCTT	729	1113	75
S100A8	NM_002964.3	S100A8	ACTCCCTGATAAAAGGGGG	346	TGAGGACACCTGGCTCT	730	1114	76
S100A9	NM_002965.3	S100A9	AAATTCTACCCAACT	347	CTAGCCCCAAGAACCT	731	1115	67
S100B	NM_006272.1	S100B	CACTGCTGCC	348	AGTTTAAGGGAGCCCC	732	1116	70
S100G	NM_004057.2	S100G	AUCGGTAGGAA	349	GAAGACTTGGGGATTC	733	1117	67

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Simbolo oficial	Sec. cebador F	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	SEQ ID NO:	Secuencia de amplíon	
S100P	NM_005980.2	S100P	AGACAAGG ATGCCGTGG ATAA	350	GAAGTCCAC CTGGGCATC TC	734	TTCCTCAAGGACCTTGGACGCCAA	1118	67	AGACAAAGGATGCCGTGGATAAATTTGCT CAAGGAACTGGACGCCAAATGGAGATGC	1502
SDHA	NM_004168.1	SDHA	GCAGAACT GAAGATGG GAAAGAT	351	CCCTTTCGA AACTTGAGG C	735	CGTCTCCACCAAAATGCACTGATA	1119	67	GCAGAACTGAAGATGGGAAGAATTTATC AGCTTGCAATTGCTGACAGAGCTCA	1503
SEMA3F	NM_004186.1	SEMA3F	CGCGAGCC CCTCAATTACACAA	352	CACTCGCCG TTGACATCC T	736	CTCCCCACACGGCATCG AGGAA	1120	86	CGCTAACCCACAGGGCATCGAGGAATGCGTGCCTCACAGGAAACGGC	1504
SFRP2	NM_003013.2	SFRP2	CAAGCTGA ACGGTGTG ACCT	353	TGCAAGCTG TCTTGAAC C	737	CAGCACCCATTCTTCAG GTCCCT	1121	66	CAAGCTGAAATGGTGTGTCCTGGCTCAA CCTTGAGAAATGGTGTGTCCTGGCTCAA	1505
SIR2	NM_012238.3	SIRT1	AGCTGGGG TGTCGTGTT CAT	354	ACAGCAAGG CGAGCATAA AT	738	CCCTGACTTCAGGTCAAG GGATGG	1122	72	AGCTGGGGTGTCGTGTCATGTGGAAT ACCTGACTICAGGTCAGGGATGGTAT TTATGCTCGCTTGT	1506
SKIL	NM_005414.2	SKIL	AATATGCA GGACA AGTTCGAG AATCTAACG	355	CTATCGGGCC TAGCAATTGG QC	739	CCAAATCTCTGCCCTAGTT CTGCCA	1123	66	AGAACTTGAATATGGACAGTGGC AGACATGGAGGAGGATGGACCAATGC	1507
SKP2	NM_005983.2	SKP2	CTGGAA ATGGCAAT GTTGTATGC T	356	TGAGTTTTT CGAGAGTA	740	CTCTGGCTCTTCGGATCC CA	1124	71	TGAGGGCTGATAG TGAGGCTGATAG TGAGGCTGATAG TGAGGCTGATAG	1508
SIP1	NM_003064.2	SIP1	AAAGCCTAA TGTGAAAGGT AA	357	ACACITCAA GTCACGCTT	741	TGGCAATTCACTTCACA GAAAATTGG	1125	74	AGTTCAGAAATCTAAGCCTTAACTAACCGAG TCTGCCAAAAAACCTCA	1509
SNAIL	NM_005985.2	SNAIL	CCCATTGGG AAGCCTAA TGTGAAAGGT AA	358	GTAGGGCTG CTGGAAAGGT AA	742	TCTGGATTAGAGTCCTGC AGCTCC	1126	69	CAATTCAGGGCTTAATCCAGAGTTACCT TCCAGCAGCCUAC	1510
STK15	NM_003600.1	AURKA	AATACCCA ACGACAAA ACT	359	TATCCGACCTT CAATCAATT	743	CTCTGGGACCCCTGGAA CTACCTG	1127	69	CATCTTCAGGGACTACCTCTGTG GCACCTGGACTACCTGCCCCCTGAAA TGATGAAAGTGGAA	1511
STMN1	NM_005563.2	STMN1	CCTGGAGG CTGCAACAT ACC	360	CGAGACAAAT CCAAACAC AC	744	CACGGTCTCTGCCCGT TCTTG	1128	71	AATAACCAACGCCACAAATGACCCACAC TCTCTGCCCGTCTTCCTCCAGTGT GGTGTCATGTC	1512
STMY3	NM_005940.2	MMP11	TACAATGGC CTGCAACAT ACC	361	TITGGAGGA TAGCA	745	ATCCCTCTGAAAGCCCTT TCCACAGC	1129	90	CCTGGAGGCTGCAACATACTCTAACATCC TCTGCCAGGGCGGATCCCTGAAAGCC CCATGTA	1513
SURV	NM_001168.1	BIRC5	TGTTTGTAT TCCCCTGGCT TA	362	CAAGCTGT CAGCTCTAG	746	TGCCTCTCTCCCTCA CTCTCACCT	1130	80	TGTTTGTATCCGGCTTACCAAGGTGA GAACTGGAGGGAGGAAGAAGCAGTGT CCTTGTGCTGAGCTGACAGCTTGT	1514
SYK	NM_003177.1	SYK	TCTCCAGCA AAAAGCGAT GTC	363	TICATCCCTC CATATGGCT	747	CCATAGGAGAAATGGCTT CCACATCAACACT	1131	85	TCTCAGGAAAGGGATGTCCTGGAGCT TGGAGTGTGATGGTGGAAAGCATTCT CCTATGGCAGAAGCCATATGGGGA TGAA	1515

(continuación)

Gen	ID de secuencia	Símbolo oficial	Símbolo cebador F	SEQ ID NO:	Símbolo cebador R	SEQ ID NO:	Sec. de sonda	SEQ ID NO:	Longitud de sec. dináma	SEQ ID NO:	Secuencia de amplión	SEQ ID NO:
TAGLN	NM_003186.2	TAGLN	GATGGAGC AGCTGCTC AGT	364	AGTCCTGGAA CAATCAGT CTGATG	748	CCCATAGTCCTCACGCC CCTTCAG	1132	73	1516	GATGGAGCAGGTGGCTCAGTCTCTGAA GGGGCTGAGGACTCTGGGGTCATCAA	
TCEAI	NM_201437.1	TCEAI	CAGCCCTGAG GCAAAGAG A	365	CGACGATT GTCTCATCC TTT	749	CTTCAGGGCAATGTAAAGCAACAGAA	1133	72	1517	GACTGACATGTCAGACT CAGCCTGAGGAAGAGAAAGTA CTCAGGGCAATGTAAAGCAACAGAA	
TFRC	NM_003234.1	TFRC	GCCAACTGCTT CTCATTTTG TG	366	ACTAGGCC CATTCTTT A	750	AGGAGATCTGAACCAATA CAGAGCAGACA	1134	68	1518	GCCAACTGCTTTCATTTTGAGGGATCT GAACCAAATACAGAGCAGACATAAAAGG AAATGGCTCCAGTGAAT	
TGFB2	NM_003238.1	TGFB2	ACCACTCCC CCAAAGAA CTA	367	CCCTGGTGT GTTGTAGAT	751	TCTGAGCCGAGGAAG TCCC	1135	75	1519	ACAGAGGAAGTCCCGAGAACATCTCTGAG CCGAGGAAGTCCCGAGAACATCTCTGAG TCCATCTACACAGCACCAGG	
TGFB3	NM_003239.1	TGFB3	GGATCGAG CTCCTCCAG ATCCT	368	GGCACCAAT ATAGCGCTG TT	752	CGGCCAGATGAGCACAT TGCC	1136	65	1520	GGATGAGCTCTTCAGATCTCTCGCC AGATGAGCACATTGCAAAACAGCGCTA TATCGGTGCG	
TGFBR2	NM_003242.2	TGFBR2	AAACCAA TGGCTTCCA TCT	369	CCCTCTCATC AGGCCAACAC	753	TCTGGGGCTCCGTATTGC TCAAGC	1137	66	1521	AAACACAATGGTTCATCTGGGC TCTGATGTCAGCAAGCACAGTTGGCTT GATGAGAGGG	
TIMP3	NM_000362.2	TIMP3	CTACCTGCC TTGCTTGT GA	370	ACCGAAATT TGGAGGCAAT GT	754	CCAAGAACGAGTGTCTC TGGACCG	1138	67	1522	CTACCTGCTTGTGACTCTCCAAG AACGAGTGTCTGGACACATGCTC TCAAGTTCGG	
TNFRSF11	NM_003839.2	TNFRSF11A	CCAGCCAC AGACCAAGTT A	371	TTCAAGAA AGGAGGTGT GGA	755	TGTTCCTCACTGAGCTG GAAGCA	1139	67	1523	CCAGGCCACAGACCAAGTACTGTTCTC CTTCTCTGAA ACTGAGGCTGGAAATCCACACCT	
TNFRSF11	NM_002546.2	TNFRSF11B	TGGCGACC AGAACACC TT	372	GGGAAAGTGT GTAG	756	AGGCCCTAAATGCCGA CTAAGC	1140	67	1524	TGGCGACCAAGACACCTTGAAGGGGCC GTACCACTTCTCC AATGCCACACTAAAGCACAAAGAC	
TNFSF11	NM_003701.2	TNFSF11	CATATCGTT GGATCACAA GCA	373	TGGCCAGA TCAACCAT GA	757	TCCACCATCCTCTCTC GCTCTG	1141	71	1525	CATATGTTGAGTACAGGATGGGATGGCTCA GCAGAGAAAGGATGGGATGGCTCA	
TWIST1	NM_000474.2	TWIST1	GCGCTGGC GAAGATCA TC	374	GCTTGAGGG TCTGAATCT TGCT	758	CCACGCTGCCCTCGGAC AACAC	1142	64	1526	GGCTTGCGGAAGAGTCATCCCAACGCTG COCTGGACAAAGCTGAGAACATCAG ACCCTCAAGC	

(continuación)

Gene	ID de secuencia	Simbolo oficial	Sec. celebrar F	SEQ ID NO:	Sec. celebrar R	SEQ ID NO:	Sec. de sondas	SEQ ID NO:	Longitud de seq. de sonda	SEQ ID NO:	Secuencia de amplión	SEQ ID NO:	
				375		759				1143	522	GAGTCGACCCCTGACCTGGTCTCGCT CTGAGAAGGCTGATAGCAGATCTTCG AAGACCCCTGACCCGCAAGACCATCACC CTGGAACTGGAGCCAGTGCAGACACCAC GAAAATGTGAAGGCCAAGATCAGGAT AAAGAAGGCATCCCTCCGACACAGCAG AGGCTCATCTTGCAGGCAAGCAGCTG GAAGATGGCTGACCTCTTGACTAC AACATCCAGAAGGAGTCGACCTGCGAC CTGGCTGCTGGCTGCTGAGAGTTGGTATG CAGACTCTTGTAAGACCCCTGAGCAG AAGACCATCATCTGGAGCTGAGCAG AGTGAACCTATGAAAAAATGTGAAGGCC AAGAICAAGATAAAGAAAGGCAATCCT CCCGGACCAAGAGAGGCTCATCTTGC GGCAAGGAGGAGGAGATGCGCAGACT CTTCTGACTACAGACATCCAGAAGGAG TOGACCCCTGACCTGGCTCTGGGCTG GGGGTGGCTGTTAATCTTCAGCATGG CATTCGC	1527
UBB	NM_018955.1	UBB		GAGTCGAC CCTGCACCT G	GGGAATGCC ATGACTGAA	760	AAATTAAACAGCCACCCCT CAGGGCG	1144	89	TGGCTCAGGAGCTGAAATACCCCTOCCA GGCACACACAGGTTGGACACAAATAA GGGTGTTGGAAACCTACTATTTCTCATCA CGACAGCA	1528		
VCAM1	NM_001078.2	VCAMI	TAC	TGGCTTCA GAGCTGAA TAC	TGCTGTCG GATGAGAAA ATAGTG	376	TGCTGTCG GATGAGAAA ATAGTG	760	72	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1529		
VIM	NM_003380.1	VIM	ATGA	TGCCCTAA AGGAACCA TCTT	GCTCAACG GCAAAGTC TCTT	377	GCTCAACG GCAAAGTC TCTT	761	1145	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1530		
VTN	NM_000638.2	VTN	G	AGTCAAJCT TCGACACCG T	AGACTGAGC GATGGAGCG T	378	AGTCAAJCT TCGACACCG T	762	1146	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1531		
WAVE3	NM_006646.4	WASF3	C	CCTCTCAGT GTGGCAC T	GTGGTGTAG CTCCCAAGAG T	379	GTGGTGTAG CTCCCAAGAG T	763	1147	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1532		
WISP1	NM_003882.2	WISP1	TCACA	AGAGGGCAT CCTAAGAACT TCACA	CAAACTCCA CAGTACTTG GTTGA	380	CAAACTCCA CAGTACTTG GTTGA	764	1148	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1533		
Wnt-5a	NM_003392.2	WNT5A		GTATCAGG ACCACATGC AGTACATC	TGTCGGAAAT TGATACTGG CAAT	381	GTATCAGG TGATACTGG CAAT	765	1149	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1534		
Wnt-5b	NM_032642.2	WNT5B	CA	TGTCCTCAG GGTCCTGTC GT	GTGCACTG GATGAAAGA GT	382	TGTCCTCAG GGTCCTGTC GT	766	1150	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1535		
WWOX	NM_016373.1	WWOX	AC	ATCGCAAGCT GGTGGGTGT CTT	AGCTCCCTG TTGCATGG CTT	383	ATCGCAAGCT GGTGGGTGT CTT	767	1151	TGCCCTAAAGGAAACCAATGAGTCCCT GGAACGCCAGATCGTGAATGGAAAG AGAACCTTGGCTGTTGAAAGC AGTCAACCTTCACACAGCTGGAGTGG CACTCTGGACCTCTCTACCCACCGCTCC ATCGCTCAGTAC	1536		

(continuación)

Gene	ID de secuencia	Símbolo oficial	Sec. celador F	SEQ ID	SEQ ID	SEQ ID	SEQ ID	SEQ ID	SEQ ID
YWHAZ	NM_003406.2	YWHAZ	CTGGACATC GGATACCC AAG	384	GCAGACAAA AGTTGGAAAG GC	768	CCCTCCCTCTCTCT CAGCTT	1152	CTGGACATCGGATACCCAGGAGACCA AGCTGAAGCAGGAGAAGGGAAA ATTAAACGGCCCTCAACTTGTCTGC 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
EstRI	-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
F0X03A	-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_orfl	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
HSHIN1	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
F0X03A	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
EstRI	-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.

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	
Tabla 13																			
AAMP	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	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	0.564355	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	1.559081	0.2255324	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	NA	0.17112	0.224449	-0.7634	0.120168	0.212325	0.565963	-0.36428	0.239833	-1.51888	0.002712	0.084499	0.032094	-0.3019	0.094459	-3.19699
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	2.4240053	0.369699	0.40789	0.906149	0.203958	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	-3.01205	
BBC3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.182425	0.78708	0.231774	NA	NA	NA	0.056993	0.249671	0.228274	-0.5633	0.1558825	-3.54669	
BCAR3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.292328	0.522706	-0.55935	-0.41595	0.216837	-1.91825	0.072246	0.304443	0.237306	-0.26067	0.114992	-2.266835	
BCL2	NA	NA	-1.10678	0.544697	-0.23192	0.124104	0.228026	0.544254	-2.47368	1.23296	-2.00629	NA	NA	NA	-0.30738	0.079518	-3.86557		
BIRC5	NA	NA	-0.40529	0.608667	-0.66586	0.319899	0.242736	1.317889	NA	NA	NA	0.268336	0.122325	2.197719	0.390779	0.069127	5.6531		
BTRC	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	0.840326	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	-0.1418	0.261554	-0.54216	0.036378	0.182183	0.19968	NA	NA	NA	0.064337	0.14087	0.456713	-0.225589	0.082836	-2.72606		
C17orf37	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	0.311175	0.271756	1.145053	NA	NA	-0.01014	0.317222	-0.031198	0.536914	0.116472	4.609812				
C8orf4	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	-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		

(Continuación)

Symbolo oficial	EMC2-Est	EMC2-SF	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	NKL-Est	NKL-SE	NKL-t					
Table 13	NA	NA	NA	0.101779	0.483649	0.21044	-0.455509	-1.71104	0.2465385	0.153468	1.6066752	0.024132	0.130045	0.185564	-0.08897	0.087102	-1.02143						
CCL19	NA	NA	NA	0.14169	0.276165	0.513063	0.587021	0.249935	2.348695	NA	NA	NA	-0.02016	0.230327	-0.08751	0.495433	0.10424	4.75329					
CCNBI	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.82502	0.360648	-2.2876	0.075789	0.208662	0.363213	0.095023	0.198727	0.478159	0.482934	0.216025	2.335547					
CD220	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.15046	0.724766	-0.2076	0.355858	0.639595	0.561209	0.257084	0.227966	1.12773	0.078765	0.111013	0.705008					
CDC25A	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.047781	0.511454	0.093422	1.07486	0.456637	2.353861	0.340882	1.418769	-0.22371	0.269481	-0.83103	0.287063					
CDC25C	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.055211	0.469473	-1.17601	0.072308	0.265598	0.75398	0.02852	0.199053	0.141931	-0.70971	0.097541	-1.35564					
CDH11	NA	NA	NA	0.759572	0.75398	1.00287	0.18468	0.129757	1.423276	0.304045	0.174779	-0.267446	0.14864										
CDK4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.0454	0.120869	-0.37564	NA	NA	NA	-0.063429	-0.28108	-0.24635	0.048622	-5.0667						
SCUBE2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.296857	0.255493	1.171066	NA	NA	NA	0.225878	0.249928	0.903372	0.467131	0.081581	5.726013					
CENPA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.591417	0.585238	1.010486	0.284056	0.637446	0.445616	0.47534	0.323193	1.470762	0.233081	0.291389	0.799896	0.519868				
CHAF1B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.51444	0.470758	-1.15014	0.33033	0.518665	0.938798	0.1855116	0.314723	0.588187	-0.23129	0.226627	0.564736	0.210595				
CLDN4	NA	NA	NA	0.678131	0.359483	0.886406	0.764626	0.767633	0.996083	0.171995	0.821392	0.209395	-0.05548	0.414451	-0.13385								
CLIC1	NA	NA	NA	0.273073	0.249247	1.095592	NA	NA	NA	0.040433	0.146511	0.027327	NA	NA									
COL1A1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.216939	0.367138	0.590892	0.157848	0.123812	1.274901	0.057815	0.163831	0.352394	0.002335	0.064353	0.036553					
COL1A2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.749278	0.356566	2.101373	-0.05068	0.448567	-0.11298	-2.45771	1.022805	-2.390665	0.526063	0.226489	2.222687	-0.00764	0.125204	4.152168		
COMT	NA	NA	NA	0.31201	0.503615	-1.02766	0.247613	0.253751	0.241448	-0.32472	-0.542413	0.564736	0.210595	2.681716									
CRYZ	NA	NA	NA	-1.40833	1.21432	-1.15977	NA	NA	NA	-0.14894	0.352774	-0.42224	-0.55174	0.124909	-2.04264								
CSF1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.11194	0.142655	-0.46532												
CTHRC1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.36476	0.372499	-0.97921	-0.4566	0.219587	-2.07935	NA	NA	NA	-0.08863	0.138097	0.64183	0.36944	0.138735	-2.66293		
CXCL12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.236992	0.333761	-0.70985	0.361375	0.158544	0.265049	NA	NA	NA	-0.06592	0.093353	-0.70609	-0.16877	0.054117	-3.11866		
CXCL14	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.310818	0.51557	0.602878	0.361375	0.244335	0.25867	-0.09663	0.571476	0.323144	1.768487	-0.11281	0.162496	0.082372	1.057965			
CYR61	NA	NA	NA	-0.33943	0.39364	-0.89623	0.0963	0.038811	0.049835	0.0947	0.086141	0.143687	0.599304	-0.468837	0.150367								
DICER1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.13581	0.37927	0.358083	-0.4102	0.387258	-0.159223	-0.09793	0.247069	-0.396368	-0.03473	0.238947	-0.14533	-0.35001	0.130472	-2.68262		
DLC1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.090001	0.6119057	-0.1454	0.80742	0.544479	1.482929	0.159018	0.456205	0.348567	-0.19927	0.160381	-1.242448	0.053214	0.164091	0.324294		
TNFRSF10B	NA	NA	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		
DUSP1	NA	NA	NA	0.845576	0.683556	1.233416	-1.06849	0.824212	-1.29638	0.356102	0.030888	0.617258	0.121385	5.085126									
E2F1	NA	NA	NA	0.362556	0.17103	2.11995	NA	NA	NA	-0.00728	0.233293	-0.11199	0.0585	0.06068	-0.23028								
EEF1A2	0.26278	0.091435	2.873951	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.12595	0.628064	2.142919	0.569231	0.430739	1.321522	0.209853	0.239225	0.87722	0.026264	0.109569	0.2397		
ELF3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1.34589	0.172714	-1.13569	0.107091	0.009283	0.171284	0.574525	NA	NA	-0.01727	0.097939	-0.17629	0.36382	0.094778	3.884888		
ENO1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.155831	0.717587	-0.19469	0.90381	-0.21541	1.38257	0.442119	1.111184	-0.19075	0.127143	0.109672	1.159302	0.16933	0.044665	-3.79121		
EPHB2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.212795	0.215691	-1.52044	0.2344107	1.483489	NA	NA	NA	0.008861	0.123672	0.486953	0.395102	0.184347	4.452134			
ERBB2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.719395	0.524742	1.37095	-0.21237	0.365632	-0.58402	0.314084	0.126321	2.486396	0.22616	0.184316	0.08469	0.056744	1.492504			
ERBB4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.864262	0.479596	1.802063	0.451249	0.296065	0.524155	0.236309	0.182846	-0.68451	-0.13567	0.141364	1.18626	0.191218	0.114326	1.672268		
ESRG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.122595	0.204322	0.600009	0.356845	0.216506	1.64199	0.120569	0.207559	-0.08366	0.134486	-0.24256	-0.1378	0.121745	-1.13183			
ESRI	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.14448	0.127214	-1.13569	0.107091	0.009283	0.170971	0.407361	0.692634	0.417442	0.5859619	0.485613	-0.05187	0.111177	-0.46402	0.112875	0.066759	1.697096
EZH2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.36213	0.244107	1.483489	NA	NA	NA	0.00872	0.104106	0.478266	0.107424	0.44211	0.103534	-0.04677	-0.08953	0.043624	-2.05225	
F3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.719395	0.524742	1.37095	-0.21237	0.365632	-0.58402	-0.00167	0.44211	-0.00372	-0.13187	0.134218	-0.08448	-0.29217	0.093753	-3.11637		
FGR4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.864262	0.479596	1.802063	0.451249	0.296065	0.524155	0.236309	0.182846	-0.68451	-0.13567	0.141364	1.18626	0.191218	0.114326	1.672268		
FHT	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1.000058	0.938809	1.065797	-1.58314	0.766553	-0.162527	0.087228	0.232399	0.207559	-0.08366	0.134486	-0.24256	-0.1378	0.121745	-1.13183		
FNI	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.056943	0.154068	0.369595	0.282152	0.407361	0.692634	0.417442	0.5859619	0.485613	-0.05187	0.111177	-0.46402	0.112875	0.066759	1.697096		
FOX1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.054619	0.1941	0.281398	NA	NA	NA	0.00872	0.104106	0.478266	0.107424	0.44211	0.103534	-0.04677	-0.08953	0.043624	-2.05225	
FUS	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.27816	1.95693	1.399212	-0.18397	0.269637	-0.68227	0.119801	0.199389	0.600341	0.115971	0.188445	0.615084					
GAD145A	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.09194	0.324263	-0.28352	-0.33447	0.236846	-1.41219	-0.43753	0.333292	-1.31276	-0.15794	-0.146198	-0.04922	0.146198	-0.33666			
GADPH	-0.00386	0.125637	-0.03075	0.869317	0.274798	3.163476	0.728889	0.497848	1.464079	NA	NA	NA	0.396067	0.169944	2.30374	0.286211	0.073946	3.870541					
GATA3	NA	NA	NA	-0.33431	0.127225	-2.62767	-0.00759	0.145072	-0.05233	0.190453	0.170135	1.119423	0.058244	0.115942	0.502355	-0.13285	0.054984	-2.41625					
GBP2	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	0.13588	-1.45985					

(continuació)

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	NA	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	
GDF15	NA	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	
GRB7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.181441	0.14912	-1.21652	NA	NA	
GSTM1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.156355	0.118111	-1.32547	NA	NA	
GSTM2	NA	NA	NA	NA	-1.19919	0.478486	-2.50622	-0.08173	0.176832	-0.46219	NA	NA	-0.09058	0.129247	-0.70086	-0.3346	0.0586817	-3.87028	
GSTM3	NA	NA	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		
HOXB13	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.54088	1.59058	-0.34009	0.154269	0.633438	0.243542	0.150174	0.149267	1.006076	-0.0847		
OTUD4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.592113	0.949396	NA	NA	NA	0.187486	0.231047	0.811463	0.174571	0.117296	1.488295	
HSPA1A	NA	NA	NA	0.199478	0.304533	0.655029	0.56215	0.32867	1.823827	NA	NA	NA	0.249602	0.29038	0.934329	NA	NA		
HSPA1B	NA	NA	NA	0.88406	0.420719	2.101308	1.13504	0.667937	1.699322	0.647034	0.346681	1.896903	0.220852	0.224656	0.0542443	0.178314	0.304198		
HSPA8	NA	NA	NA	-0.0525	0.232201	-0.226111	0.151299	0.327466	0.46203	NA	NA	0.265828	0.105592	2.517501	0.284862	0.0891454	3.95498		
IDH2	NA	NA	NA	-0.62963	0.509985	-1.23461	-0.05773	0.176529	-0.32753	-0.11077	0.162941	-0.65982	-0.37931	0.371019	-1.02236	-0.136555	0.08362		
IGF1R	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.047112	0.479943	0.098162	NA	NA	0.163138	0.200674	0.81295	0.065441	0.10077	0.649097	
IGFBP7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1.19114	1.41017	0.844678	NA	NA	-0.17423	0.144228	-1.02804	-0.0448	0.126254	0.38015	
IL11	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.143131	0.294647	0.485771	0.132744	-3.3405	NA	NA	0.016332	0.122679	0.133305		
IL17RB	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.098581	0.151324	-0.58488	0.287723	-0.03329	-0.76052	0.386504	-1.96769	-0.43336	0.319875		
IL6ST	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.222258	0.235694	0.942994	0.262285	0.346572	0.756798	-0.125667	0.154036	-0.81583	-1.28779		
IL8	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.095554	0.476446	0.199977	0.342597	0.271142	1.262239	NA	NA	-0.12767	0.132531	-0.96331	
INHBA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.87337	0.941443	0.927633	-0.392382	-0.392389	0.00059	0.5474132	0.503423	0.941816	-0.24546	0.120536	
IRF1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.91318	0.542311	-1.683388	NA	NA	0.034844	0.547049	0.47049	0.071067	-0.46864	NA	
ITGA4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1.440444	0.636806	2.261976	0.97846	0.67341	0.452993	0.206218	0.262391	0.783232	0.367111		
ITGA5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.14845	0.345246	0.429983	0.383127	0.60722	0.650953	-0.23212	0.278464	-0.833358	-0.14166		
ITGAV	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1.22836	0.683544	1.797046	-0.0587	1.73799	-0.03378	-0.13651	0.121624	-1.12236	-0.52799		
ITGB1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.548427	0.3464628	1.638467	0.262015	0.6365768	0.689002	-0.12971	0.168517	0.769793	0.189568		
ITGB4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.17231	0.250618	0.68752	0.037961	0.401861	0.094464	0.682674	0.74847	0.912093	0.04952		
ITGB5	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.43304	0.705832	-0.61092	0.482583	0.321739	1.499921	NA	NA	0.128582	0.129422	0.99351	
MK167	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.02195	0.382802	-0.05735	0.081394	0.121221	0.671448	NA	NA	-0.1517	0.242463	-0.622286	
KAA1199	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.1761052	1.763569	-0.5507	0.553364	-0.994668	0.212669	0.256724	0.828477	-1.64447	1.00101	-1.64304	
KPNA2	0.301662	NA	NA	NA	-0.74591	0.563373	-0.212401	-0.21092	0.29604	-0.71245	NA	NA	-0.03143	0.133752	0.196767	0.152468	0.150333	0.133422	
LAMB3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.875004	0.492588	1.77634	0.263827	1.309559	0.03108	0.139904	0.222154	0.168937	0.166748	0.175308	
LAPTMB	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.04029	0.234986	-0.17148	0.352765	0.40304	0.875261	0.156358	0.140366	1.113931	0.333768		
LMNB1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.648703	0.285233	2.274292	0.621431	0.389912	1.593772	NA	NA	-0.1517	0.242463	-0.622286	
LRIG1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.00217	0.260339	-0.00832	-0.61468	0.216033	-0.84532	-0.24368	0.172969	-1.40878	-0.50209	0.1119	
MTDH	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.493027	0.21961	0.084824	0.292285	0.08209	0.039288	0.189568	-0.233497	-0.30429	0.122124	-0.48838	
MCM2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.850914	0.313784	2.711733	0.634347	0.256575	0.637124	NA	NA	0.13657	0.159654	-0.345477	
MELK	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.901309	0.51058	1.798812	1.433389	1.27617	1.123589	NA	NA	0.216763	0.1352	0.136351	
MGMT	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.43277	0.16023	2.70093	-0.02427	0.158939	-0.15272	0.180359	0.078781	2.2389386	0.559716	0.331212	
MMP1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.198055	0.143	1.385	0.106475	0.193338	0.550719	-1.06791	0.130502	-0.81831	0.012394	0.101346	
MMP7	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.731162	0.267911	2.729123	0.093874	0.600361	0.164857	0.612646	0.509356	1.202785	0.396938	0.171503	
MYBL2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.57746	1.51186	-0.0382	-0.01397	0.1117033	-0.11939	-0.05035	0.105736	-0.47614	-0.15619	0.133968	
NAT1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.901309	0.51058	1.798812	1.433389	1.27617	1.123589	NA	NA	0.05255	0.14245	0.368898	
POF	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.14716	0.165874	-0.88716	NA	NA	
PGR	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.33343	0.276025	-1.20435	-0.959552	0.593621	-1.61469	-0.01033	0.08336	-0.12312	-0.30421	0.073055	
PRDX1	NA	NA	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	NA	NA	-0.17429	0.6229039	-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	NA	NA	0.02038	1.833528	0.555981	0.213155	0.288282	0.739398	0.030854	0.188269	0.163381	-0.08602	0.122667	-0.70126

(Continuación)

Simbolo oficial	EMC2-Est	EMC2-SE	EMC2-t	JRH1-Est	JRH1-SE	JRH1-t	JRH2-Est	JRH2-SE	JRH2-t	MGH-Est	MGH-t	NCH-Est	NCH-t	NKI-Est	NKI-t	
Tabla 13	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	
RPLP0	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.196643	0.262745	0.748418	NA	NA	NA	0.229458	0.11665	1.967064	
RRM2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.420043	0.720886	0.277566	0.267511	1.037587	0.124568	0.088457	1.408231	-0.18878	
RUNXI	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.318666	-0.71656	0.561939	NA	NA	NA	0.142073	0.080349	1.768194	
S100A8	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.066629	0.11857	0.843223	NA	NA	NA	0.090314	0.146083	0.111093	
S100A9	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.111103	0.13176	0.349444	-0.67678	NA	NA	0.239753	0.145105	1.652272	
S100B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.097319	0.5890664	0.165041	-0.2365	NA	NA	NA	0.093383	0.295751	0.660633
S100P	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.378047	0.120687	3.132458	0.302607	0.133752	2.262448	NA	NA	0.202856	0.092114
SEMA3F	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.27556	0.615782	-0.4475	0.498631	0.616195	0.80921	0.107802	0.274191	0.393164	-0.17978
SKIL	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.026279	0.587743	0.044712	NA	NA	NA	0.143484	0.103564	1.385462	0.124124
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
SNALI	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.165897	1.09586	0.151385	0.228308	0.717693	-0.04601	0.259767	-0.1771	0.057651	0.124454
SYK	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.26425	0.588491	-0.44903	-0.22515	0.492582	-0.45707	NA	NA	-1.30716	0.591071
TAGLN	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.042223	0.251268	0.168039	0.010727	0.098919	0.108442	0.194543	0.115463	1.6844895	0.077881
TFRC	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.91825	0.6336275	-1.44317	0.162921	0.352486	0.462206	0.029015	0.193689	0.149803	0.056174
TGFB3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-1.0219	0.358953	-2.84689	-0.39774	0.470041	-0.84619	0.046498	0.2296	0.202518	-0.304073
TNFRSF11B	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.10399	0.440721	-0.23959	-1.15976	0.400921	-2.89274	-0.2492	0.289075	-0.86201	-0.22072
VTN	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.18721	0.475541	-0.39267	-2.39601	1.83129	-1.30837	NA	NA	0.048066	0.34143
WISP1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.437936	0.592058	0.739684	-0.03674	0.212861	-0.1726	NA	NA	0.140779	-0.056775
WNNT5A	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
G6orf66	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.35565	0.504627	0.704778	0.179742	0.364806	0.4422706	-0.53606	0.448343	-1.19564	0.296686
FOXO3A	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.04428	0.39855	-0.1111	0.176454	0.221502	0.706625	0.059822	0.171485	0.348846	0.2955
GPR30	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.01829	0.9225976	0.019732	-0.298	0.747388	-0.39872	-0.03208	0.12114	-0.56477	0.157898
KNTC2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.02315	0.289403	-0.07999	-0.14241	0.246904	-0.57677	0.274706	0.14532	1.8390552	0.432186
															3.590897	

Symbolo oficial Tabla 13	STNO- Est	STNO- SE	STNO- t	STOCK- Est	STOCK- SE	STOCK- t	STOCK- ~Est	TRANSBIG ~Est	TRANSBIG ~SE	TRANSBIG ~t	UCSF- Est	UCSF- SE	UPP- Est	UPP- SE	UPP- t	fe	sefe
AAMP	0.189376	0.3190987	0.612695	0.836415	0.549695	1.521598	0.051406	0.111586	0.460681	0.707516	0.762039	1.011124	1.25423	0.577991	2.169982	0.146929	0.083151
ABCC1	NA	NA	NA	0.640672	0.375725	1.705162	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.27451	0.271361	1.0111756	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	0.302153	0.39656	0.763448	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.21463	0.355554	0.607064	0.199885	0.111795
ADAM1	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
LYP06	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	0.026258
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
ALC4M	-0.14634	0.126842	-1.15369	-0.41301	0.190485	-2.16822	NA	NA	NA	-0.25661	0.251874	-1.01879	-0.1468	0.143998	-1.01942	-0.15502	0.046361
APEX1	0.005151	0.257871	0.019976	0.739037	0.539346	1.310247	NA	NA	NA	-0.96465	0.704753	-1.36878	1.23743	0.466987	2.649817	0.019915	0.10244
ARF1	0	0.107397	0	0.8622387	0.279535	3.085077	NA	NA	NA	0.304097	0.58718	0.5177894	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	-0.3993	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	-0.4992	0.265837	-1.86927	NA	NA	NA	NA	NA	-0.29435	0.182614	-1.61186	-0.28755	0.080198	
BC12	-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	-0.33009	0.056047
BIRC5	0.190534	0.126151	1.510365	0.582957	0.159354	3.658251	0.007906	0.045316	0.174454	0.357332	0.386621	1.246706	0.43455	0.110681	3.926148	0.186649	0.031964
BT1C	NA	NA	NA	-0.92763	0.307218	-3.01944	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.0225	0.1807	-0.12451	-0.40405	0.100468
BUB1	0.357653	0.101235	3.533289	1.09451	0.258044	4.241563	0.040135	0.355694	0.376719	0.340175	1.107427	0.469099	0.162539	2.885517	0.154368	0.032048	
C10orf16	-0.09621	0.085948	-1.11936	-0.34745	0.112777	-3.08087	NA	NA	NA	0.013111	1.361117	8.40E-05	-0.00923	0.100902	-0.09148	-0.13	0.042521
C17orf7	NA	NA	NA	0.382862	0.185336	2.06555	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.385651	0.113625	3.394068	0.362223	0.092012
TPX2	NA	NA	NA	0.808032	0.195737	4.091316	NA	NA	NA	0.213479	0.284008	0.751665	0.44053	0.139377	3.160708	0.4580408	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	0.048236
CAV1	0.135002	0.093948	1.436991	-0.658552	0.275751	-2.38811	NA	NA	NA	-0.54391	0.428883	-1.2682	-0.315033	0.150431	-2.09415	-0.11776	0.058959
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	0.838029	0.223403	3.706436	NA	NA	NA	-0.35808	0.431863	-0.82915	0.611916	0.142007	4.309055	0.456916	0.062513

(continuació)

Symbolo 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	0.168371	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	-0.211142	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	-0.31757	0.674081	-0.55746	0.814832	0.297251	2.741225	0.386555	0.069562
SCUBE2	-0.21559	0.074112	-2.90896	-0.24679	0.122745	-2.01059	0.016505	0.023486	0.702739	NA	NA	-0.14287	0.077009	-1.8552	-0.05439	0.018349	
CENPA	NA	NA	NA	0.724539	0.196564	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	0.381358	0.148493	1.894756	NA	NA	NA	-0.03447	0.352745	-0.09773	0.209129	0.093425	2.238469	0.190765	0.05807
CLDN4	0.40922	0.128817	3.176755	1.20235	0.332711	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	1.565791	0.05098	0.156488	0.325773	0.087944	0.03426	2.567237	NA	NA	-0.05544	0.13335	-0.41509	0.083989	0.293343	
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	0.36582	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	-1.65334	-0.33167	0.071579
CSF1	NA	NA	-0.11449	0.197258	-0.58042	-0.09782	0.196881	-0.49684	NA	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	-0.83626	-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	-2.25189	-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	-0.22327	0.263371	-0.84773	-0.41188	0.174362	-2.36221	-0.04446	0.059831
DICER1	NA	NA	-1.06344	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	0.2985518	-2.21425	NA	NA	NA	-0.31503	0.345828	-0.91094	-0.404	0.200673	-2.01324	-0.19876	0.07441
TNFRSF 10B	-0.03773	0.174479	-0.21623	-0.03558	0.198203	-0.1795	NA	NA	NA	0.932141	0.524911	1.775808	0.127348	0.157658	0.807748	0.07034	0.07745
DUSP1	0.095682	0.223395	0.42716	-0.14883	0.12682	-1.17551	NA	NA	NA	0.008053	0.779738	0.010327	-0.41475	0.153012	-2.71052	-0.11225	0.054638
EZF1	0.171825	0.110793	1.550865	0.699408	0.207377	3.37264	NA	NA	NA	NA	NA	0.570954	0.172882	3.302565	0.433836	0.067966	
EEF1A2	NA	NA	-0.01256	0.130353	-0.09633	NA	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	0.841359	0.55748	1.509272	0.096421	0.256911	0.375307	0.19603	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	0.192999	0.451341	0.427612	NA	NA	NA	NA	0.355634	0.6064801	0.588018	0.211632	0.199057	1.063173	0.284709	0.094113

(continuación)

Symbolo 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	UPP- Est	UPP- SE	UPP- t	f _e	sef _e
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
ERBB4	-0.10396	0.068988	-1.50697	-0.73159	0.209821	-3.51532	NA	NA	NA	NA	NA	-0.1859	0.117619	-1.58055	-0.16266	0.037384
ESRG	NA	NA	NA	-0.32843	0.127583	-2.57425	NA	NA	NA	NA	NA	-0.04663	0.091723	-0.50839	-0.0602	0.044609
ESR1	-0.14983	0.057346	-2.61275	-0.21559	0.120078	-1.798	-0.0019	0.019747	-0.0963	-0.30054	0.138369	-2.17201	-0.05086	-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	0.1233884	0.404373	0.306361	0.615257	0.155425	3.958346	0.134411
F3	NA	NA	-0.3284	0.132658	-2.47552	NA	NA	NA	NA	-0.08026	0.491948	-0.16315	-0.20405	0.109227	-1.86869	-0.22911
FGR4	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	2.0010401	0.075374
FHT	-0.16319	0.17858	-0.94184	0.27141	0.367659	-0.73815	NA	NA	NA	0.225378	0.678656	0.333095	0.053625	0.245338	0.216132	0.11401
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
FOXA1	NA	NA	-0.18849	0.161048	-1.17039	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.13973	0.160139	0.869701	-0.07105	0.037194
FUS	NA	NA	NA	0.368833	0.437273	0.843485	NA	NA	NA	NA	NA	-0.15247	0.345172	-0.44173	0.063142	0.111165
GADD4	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
GADDH	NA	NA	NA	0.907441	0.296513	3.060375	NA	NA	NA	NA	NA	0.493907	0.232859	2.121056	0.303991	0.05322
GATA3	-0.20381	0.068842	-2.94607	-0.25592	0.122639	-2.08677	NA	NA	NA	-0.2038	0.135112	-1.508336	0.052882	0.108852	0.485817	-0.12484
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
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
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
GSTM1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	
GSTM2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.12675	0.336406	-0.37676	NA	NA	NA	
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
HOXB1 ₃	NA	NA	0.193	0.36898	0.521765	NA	NA	NA	NA	0.540678	0.49567	1.090802	0.342881	0.212428	1.614105	0.227421
OTUD4	0.372577	0.253393	1.470352	-0.19372	0.251083	-0.77155	NA	NA	NA	-0.79791	0.713147	-1.37378	0.231981	0.294286	0.034041	0.081167
HSPA1A	NA	NA	NA	0.765501	0.440826	1.736315	NA	NA	NA	NA	NA	0.722677	0.40563	1.781616	0.243271	0.092738
HSPA1B	0.033372	0.19398	0.177039	0.069621	0.248436	0.280237	NA	NA	NA	NA	NA	0.187302	0.176407	1.061761	0.198207	0.083268
HSPA8	0.22166	0.199205	1.112723	0.32649	0.263007	1.232005	NA	NA	NA	-0.30224	0.477926	-0.63239	0.126525	0.166299	0.760828	0.218804
IDH2	0.127942	0.255302	0.50114	0.574289	0.193387	2.969536	NA	NA	NA	-0.009	0.554612	-0.01623	0.659908	0.186426	3.539785	0.303626
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
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
IL11	NA	NA	0.086327	0.225669	0.38254	NA	NA	NA	NA	0.000507	0.151608	0.0003346	-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	UPP- Est	UPP- SE	UPP- t	fe	sefe	
IL17RB	NA	NA	-0.01403	0.212781	-0.06594	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.1861	0.139748	-1.33168	-0.16557	0.06337	
IL65T	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	2.295524	0.382317	0.203112	1.882296	NA	NA	-0.3673	0.460322	-0.79791	0.076262	0.135635	0.562237	0.136391	0.05243	
INHBA	-0.12998	0.113709	-1.14313	0.249729	0.184419	1.354139	NA	NA	NA	0.094476	0.303634	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	0.288377	-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	0.025981	0.423908	0.061288	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.406364	0.363599	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	0.165532	0.795583	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	0.100553	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	-0.19772	0.1655947	-1.18843	-0.29496	0.281956	-1.06207	NA	NA	NA	-0.19391	0.318906	-0.51177	-0.21379	0.157719	-1.35549	-0.09296	0.065571
MKI67	-0.07823	0.0858982	-0.87915	0.96424	0.257398	3.746105	NA	NA	NA	-0.19193	0.462712	-0.41448	0.597931	0.152281	3.926498	0.183915	0.058442
KIAA11 99	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	0.0991038	-2.99711	-0.26764	0.050305
LAMB3	NA	NA	-0.15767	0.230936	-0.68274	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.1353	0.168256	-0.8041	-0.00591	0.051501	
LAPTM 4B	0.405684	0.113287	3.581029	0.28652	0.19422	1.471024	NA	NA	NA	NA	NA	0.095487	0.136338	0.700367	0.270104	0.051492	
LMNB1	NA	NA	0.755925	0.255541	2.959653	NA	NA	NA	0.121429	0.384263	0.316005	0.805734	0.199208	4.044687	0.481816	0.073226	
LRIG1	-0.31442	0.128149	-2.45197	-0.95351	0.258142	-3.69375	NA	NA	NA	NA	NA	-0.05954	0.173366	-0.33383	-0.37679	0.062403	
MTDH	0.242242	0.285145	0.84954	0.472647	0.340076	1.389838	0.052038	0.077589	0.670683	NA	NA	0.45556	0.239663	1.900836	0.158361	0.059133	
MCM12	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	0.749617	0.195032	3.843559	0.022669	0.036962	0.613293	NA	NA	0.46629	0.128065	3.641042	0.132605	0.031744		
MGMT	NA	NA	0.377527	0.483664	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	0.33411	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	0.030169	0.282699	0.106517	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	0.145328	0.654349	-1.00442	0.630097	-1.59407	0.038005	0.124883	0.304328	0.069034	0.063633
PGR	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	1.52553	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	226764	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	0.534848	1.738465	0.108162	0.064823
RRM12	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	-0.21142	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	0.15154	0.10905	1.42265	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.153056	0.074987	1.801592	0.112811	0.030203
S100B	0.136825	0.163838	0.835124	-0.11862	0.158461	-0.74839	-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	0.023257	0.162267	0.143327	0.472655	0.292764	1.614457	NA	NA	NA	NA	NA	NA	0.545294	0.2227357	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
SNAII	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	0.150676	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	-0.40403	-0.2578	0.197826	-1.30316	NA	NA	NA	NA	NA	NA	-0.06802	0.191196	-0.35574	0.032416	0.049944
TERC	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
TGFB3	-0.07166	0.134442	-0.53298	-1.08462	0.322799	-3.36005	0.013681	0.046103	0.296755	-0.25719	0.253264	-1.05551	-0.49773	0.225603	-2.20621	-0.10553	0.03709
TNFRSF11B	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	0.1186529	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
FOXO3A	NA	NA	NA	0.087341	0.128833	0.6794	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	-0.03568	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						
EMC2-SE	NA						
EMC2-t	NA						
JRHI-Est	-0,91825	NA	-0,0525	0,839013	-0,54144	NA	0,137268
JRH1-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	C10orf116	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	0,456705	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	-0,70669	-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	-0,26607	-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	-3,11814	
STNO~Est	-0,20969	0	0,066487	-0,09621	-0,17832	NA	-0,07116	NA	0,135002	0,519601	-0,03773	NA	NA
STNO~SE	0,073458	0,08306	0,18975	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	-0,6609	-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	-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	TGFBB3	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
	THY1	VCAN			
CAV1	ANK2	ANXA1	AQP1	C10orf56	CAV2
	CFH	COL14A1	CRYAB	CXCL12	DAB2
	DCN	ECM2	FHL1	FLRT2	GNG11
	GSN	IGF1	JAM2	LDB2	NDN
	NRN1	PCSK5	PLSCR4	PROS1	TGFBR2
NAT1	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
	PLEK	TNFAIP8			
CCL19	ARHGAP15	ARHGAP25	CCL5	CCR2	CCR7
	CD2	CD247	CD3D	CD3E	CD48
	CD53	FLJ78302	GPR171	IL10RA	IL7R
	IRF8	LAMP3	LCK	LTB	PLAC8
	PRKCB1	PTPRC	PTPRCAP	SASH3	SPOCK2
	TRA@	TRBC1	TRD@	PPP1R16B	TRAC
CDH11	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	KDEL1	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	PRKCDP	PRKD1	PTRF
	RARRES2	RCN3	SERPIN1	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	KDEL1	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	PRKCDBP	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				
	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				
	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)

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	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	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	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	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	GINS1	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	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	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	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	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	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
	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	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	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	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	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	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	
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	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
30	<400> 1 cggtccgatc ctctatactg cat	23
	<210> 2	
	<211> 20	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
40	<400> 2 gtgtggcagg tggacactaa	20
	<210> 3	
	<211> 20	
45	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 3 aaacaccact ggagcattga	20
	<210> 4	
	<211> 18	
55	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 4	18
	accagtgccaaatgcag	
10	<210> 5	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 5	20
	tgcagactgt accatgctga	
20	<210> 6	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 6	20
	acacgtctgt caccatggaa	
30	<210> 7	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 7	18
	atccgcattt aagaccca	
40	<210> 8	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 8	20
	gactgtctcg ttccctgg	
50	<210> 9	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 9	21
	tcaaaagtac ggacacctcc t	
60	<210> 10	
	<211> 19	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 16	
	agccaaacatg tgactaattg ga	22
10	<210> 17	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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	
30	gtggaaacgg agctcttcc	19
	<210> 19	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 19	
40	ttgtctctgc ctggactat 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	
	ggacagggtta agaccgtat	20
	<210> 22	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 28	20
	atcagagatt accgcgtcgt	
10	<210> 29	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 29	19
	gactgggtca gtgatggca	
20	<210> 30	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 30	20
	tccctgagaa cgaaaccact	
30	<210> 31	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 31	21
40	agctgcagaa gagctgcaca t	
	<210> 32	
	<211> 21	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 32	21
	cagcagatgt gcatcagcaa g	
	<210> 33	
	<211> 22	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 33	22
	ggctcttg tg cgtactgtcc tt	
	<210> 34	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 34	
	gggtcagggtg cctcgagat	19
10	<210> 35	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 35	23
	cgttgtcagc acttggata caa	
20	<210> 36	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 36	18
	cctacggccg ctactacg	
30	<210> 37	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 37	
	gactcctcag ggcagactt ctt	23
40	<210> 38	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 38	
	ccgcccgtgga cacagact	18
50	<210> 39	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 39	
	cctggagggt cctgtacaat	20
60	<210> 40	
	<211> 20	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 46	
	attcctatgg ctctgcaatt gtc	23
10	<210> 47	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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	
30	aattttatga gggccacgg	19
	<210> 49	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 49	
40	gttgggacac agttggctcg	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	
	<211> 22	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 58	
	ctacgagtca gccccatccat	20
10	<210> 59	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 59	
	tgtatgtca gagaacttcc	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 attgtttcc	20
40	<210> 62	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 62	
	aggggatggc ctctgtcatt	20
50	<210> 63	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 63	
	gaacgcatac tccagagact g	21
60	<210> 64	
	<211> 21	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 64	21
	agcagacagt ggtcagtcct t	
10	<210> 65	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 65	20
	aggttctgag ctctggctt	
20	<210> 66	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 66	20
	ttcagggtgt tgcaggagac	
30	<210> 67	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 67	
40	cctctgtct acagattata ccttgc	27
	<210> 68	
	<211> 25	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 68	25
	ggtcaccaag aaacatcagt atgaa	
	<210> 69	
	<211> 18	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 69	18
	cagactgaat ggggtgg	
	<210> 70	
65	<211> 20	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 70	
	ggatgacatg cactcagctc	20
10	<210> 71	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 71	
	ggagtggaaag gaactggaaa	20
20	<210> 72	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 72	
	tccaaactat gccaccacca a	21
30	<210> 73	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 73	
	gtgctggagt cgggactaac	20
40	<210> 74	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 74	
	atcaccgaca gcacagaca	19
50	<210> 75	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 75	
	gacgaagaca gtccctggat	20
60	<210> 76	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 76	
	ctcataccag ccatccaaatg	20
10	<210> 77	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 77	
	tggttcccaag 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 ttctggaaat g	21
40	<210> 80	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 80	
	tcttgctggc tacgcctctt	20
50	<210> 81	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 81	
	ggtgagcaga agtggcctat	20
60	<210> 82	
	<211> 18	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 82	
	gcagtcgcgt gtgtcaa	18
10	<210> 83	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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	
	cgggagaaggg caccagta	18
30	<210> 85	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 85	
	gtcggcagaa gcaggact	18
40	<210> 86	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 86	
	acccatgtac cgtcctcg	18
50	<210> 87	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 87	
	ccttcccatc agcacagttc	20
60	<210> 88	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 88	20
	aagccctatc cgatgtaccc	
10	<210> 89	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 89	21
	tggatctcta ccagcaatgt g	
20	<210> 90	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 90	22
	acttgcctgt tcagagcact ca	
30	<210> 91	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 91	21
	ttggtttgc tcggatactt g	
40	<210> 92	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 92	21
	tgacaatcag cacacctgca t	
50	<210> 93	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 93	21
	taaattcact cgtggtgtgg a	
60	<210> 94	
	<211> 20	
	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 106	
	cagccaagaa ctggtatagg agct	24
10	<210> 107	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 107	
	ccttatcggc tggaacgagt 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	
	atgcccagtg ttcctgactt	20
40	<210> 110	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 110	
	gatgtgattt aggtgcattt	20
50	<210> 111	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 111	
	aagtccctgaa attgcgtatca	20
60	<210> 112	
	<211> 20	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 112	20
	cagcaagaac tgcaacaaca	
10	<210> 113	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 113	18
	tgcagcggct gattgaca	
20	<210> 114	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 114	20
	gagcacaacc aaacctacga	
30	<210> 115	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 115	20
	taccacaccc agcattccctc	
40	<210> 116	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 116	20
	cctgaacatg aaggagctga	
50	<210> 117	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 117	19
	gagttcaagt gccctgacg	
60	<210> 118	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 130	
	tgggggtct aggtgggtta	20
10	<210> 131	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 131	
	aatgtcctc ctgcactgct	20
20	<210> 132	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 132	
	ggtcaccgtt ggtgtcatca	20
30	<210> 133	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 133	
40	atggagatgt ggtcattcct agtg	24
	<210> 134	
	<211> 21	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 134	
	gccgccacaa gactaaggaa t	21
	<210> 135	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 135	
	tccaaattcca gcatcactgt	20
	<210> 136	
65	<211> 20	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 142	18
	tggtgacgat ggaggagc	
10	<210> 143	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 143	20
	actccctcta cccttgagca	
20	<210> 144	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 144	19
	ctgctggatg accttcctc	
30	<210> 145	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 145	20
	tgccacactgg acatcatttg	
40	<210> 146	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 146	23
	cgacaaggag tgcgctact tct	
50	<210> 147	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 147	21
	ttccctcaaa ttgcctcaa g	
60	<210> 148	
	<211> 19	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 148	
	actgtgaact gcctgggtgc	19
10	<210> 149	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 149	
	cgagtggaga ctgggtttct c	21
20	<210> 150	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 150	
	atggactcca cagagccg	18
30	<210> 151	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 151	
40	ttaaacagag cctgaccaag	20
	<210> 152	
	<211> 19	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 152	
	gtcccccgtc cagatctt	19
	<210> 153	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 153	
	ccatgtggat gaatgaggtg	20
	<210> 154	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 154	
	ggcggtgaag 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	
	<400> 156	
30	gctagtactt ttagtgcctt ttgat	25
	<210> 157	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 157	
40	caaggccgtg aacgagaagt	20
	<210> 158	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 158	
	agccccagca actacagtct	20
	<210> 159	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 159	
	ggccctcca gaacaatgtat	20
	<210> 160	
	<211> 21	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 160	
	cgccctgtca 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	
	<400> 162	
	tgaacggggat atccctccta	20
30	<210> 163	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 163	
40	tggccatcg ccagttatca	20
	<210> 164	
	<211> 25	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 164	
	tggctctta tcagttcgt tacct	25
	<210> 165	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 165	
	gtccaggtgg atgtgaaaga	20
	<210> 166	
65	<211> 18	
	<212> ADN	

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

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

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

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 196	
	tgggaaata ttgggcatt	20
10	<210> 197	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 197	
	gcatggaaac catcaacca	19
20	<210> 198	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 198	
	tgtagaatca aactttcat catcaactag	30
30	<210> 199	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 199	
40	cgctccagac ctatgtac t	21
	<210> 200	
	<211> 18	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 200	
	gatcccaagg cccaaactc	18
	<210> 201	
	<211> 19	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 201	
	gttcactggg ggtgtatgg	19
	<210> 202	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 208	
	cacacagatc tcctactccat ccca	24
10	<210> 209	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 209	
	ctgagtggtgg ttgcggat	19
20	<210> 210	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 210	
	ccatctgcat ccatcttgg	20
30	<210> 211	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 211	
40	cagatgacaa tggccacaat	20
	<210> 212	
	<211> 21	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 212	
	tgcttagtg cggtaaaacc a	21
	<210> 213	
	<211> 18	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 213	
	ccccaggcac cagctta	18
	<210> 214	
65	<211> 19	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 220	20
	cccaactcagt agccaaagtca	
10	<210> 221	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 221	22
	ccaaacgtgt aacaattatg cc	
20	<210> 222	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 222	27
	caagtaccac agcgatgact acatcaa	
30	<210> 223	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 223	18
40	tcctgtgctc tggaagcc	
	<210> 224	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 224	20
	cgggtgtgaga agtgcagcaa	
	<210> 225	
	<211> 18	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 225	18
	gaaagatagc tcggcgca	
	<210> 226	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 238	20
	cagtctgcc atgttgaagt	
10	<210> 239	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 239	19
	ctgctgcgac agtccacta	
20	<210> 240	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 240	19
	ggtccgcgttc gtcttcga	
30	<210> 241	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 241	20
	tcagtggtt ccagtgcac	
	<210> 242	
	<211> 24	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 241	20
	ttcagtgtt ccagtgcac	
	<210> 242	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 242	24
	ggcttagtaga actggatccc aaca	
	<210> 243	
	<211> 19	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 243	19
	cctccctctg gtgggtctt	
	<210> 244	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 250	21
	gcatggtagc cgaagattc a	
10	<210> 251	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 251	19
	ccgtgctcc ggacaactt	
20	<210> 252	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 252	20
	tgaaccgcag agaccaacag	
30	<210> 253	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 253	23
40	gggtcaatat ggagttcaaa gga	
	<210> 254	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 254	20
	gcctccata gctccttacc	
	<210> 255	
	<211> 26	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 255	26
	aaggaaccat ctcactgtgt gttaaac	
	<210> 256	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 256	
	ggcgctgtca tcgattctt	20
10	<210> 257	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 257	
	tggaagggtc cacaagtcac	20
20	<210> 258	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 258	
	accctctggt ggttaatgga	20
30	<210> 259	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 259	
	ggcctaattgt tccagatcct	20
40	<210> 260	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 260	
	actttcctgc gaggtcagtc	20
50	<210> 261	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 261	
	gtgccccgagc catatagca	19
60	<210> 262	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 262	20
	agtccagccg agatgctaa	
10	<210> 263	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 263	20
	ccacagctca cttctgtca	
20	<210> 264	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 264	20
	ccatgatcct cactctgctg	
30	<210> 265	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 265	21
40	caacgctca gtgtcaatc c	
	<210> 266	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 266	20
	aggccagccc tacattatca	
	<210> 267	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 267	20
	cagtgacaaa cagcccttcc	
	<210> 268	
65	<211> 21	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 268	21
	actcggactg cacaagctat t	
10	<210> 269	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 269	20
	tcagaattgg atttggctca	
20	<210> 270	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 270	19
	accggggagc cctacatga	
30	<210> 271	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 271	18
	caaggtgcc tcagtggaa	
40	<210> 272	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 272	20
	tcgtgaaaga tgaccaggag	
50	<210> 273	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 273	19
	tggcttacac tggcaatgg	
60	<210> 274	
	<211> 18	
	<212> ADN	
65		

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 286	
	tgatggtcca aatgaacgaa	20
10	<210> 287	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 287	
	cttgctggcc 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	
	ctccctggcca acagcact	18
40	<210> 290	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 290	
	caaggagact gggaggtgtc	20
	<210> 291	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 291	
	actgaccaag cctgagacat	20
	<210> 292	
	<211> 21	
65	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 304	21
	gactttgcc cgctaccc tt c	
10	<210> 305	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 305	20
	aggatcgcc t gtcagaagag	
20	<210> 306	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 306	20
	gtgaaatgaa acgcaccaca	
30	<210> 307	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 307	21
40	acggatctac cacaccattg c	
	<210> 308	
	<211> 21	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 308	21
	gggagatcat cgggacaact c	
	<210> 309	
	<211> 19	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 309	19
	ccaaacgctg ccaaattct	
	<210> 310	
65	<211> 20	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 310	20
	ccatgttgg gaggcagaca	
10	<210> 311	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 311	26
	ggatggtagc agtctaggga ttaact	
20	<210> 312	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 312	23
	tcacctctca tcttcaccag gat	
30	<210> 313	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 313	20
	ccatacgtgc tgctaccgt	
40	<210> 314	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 314	23
	cgagagtctg taggaggaa acc	
	<210> 315	
	<211> 18	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 315	18
	tcatgggcc cgtcaatg	
	<210> 316	
	<211> 22	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 316	22
	tcatcctggc gatctacttc ct	
10	<210> 317	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 317	20
	tgagaaacaa actgcaccca	
20	<210> 318	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 318	20
	gatgcagaat tgaggcagac	
30	<210> 319	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 319	20
	gctcggtt ctgttgtcca	
40	<210> 320	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 320	23
	gaaggaatgg gaatcagtca tga	
50	<210> 321	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 321	18
	gccgagatcg ccaagatg	
60	<210> 322	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 322	20
	tggtttgag accacgatgt	
10	<210> 323	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 323	25
	taactgacat tcttgaggcac cagat	
20	<210> 324	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 324	27
	cgagactctc ctcatagtga aaggat	
30	<210> 325	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 325	23
	caaccgaagt tttcactcca gtt	
40	<210> 326	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 326	19
	gcggaagggtc cctcagaca	
50	<210> 327	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 327	19
	ccgcaacgtg gttttctca	
60	<210> 328	
	<211> 18	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 328	18
	gtggtttcc ctcgagc	
10	<210> 329	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	20
	<223> Cebador sintético	
	<400> 329	
	gcatcaggct gtcattatgg	
20	<210> 330	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	19
	<223> Cebador sintético	
	<400> 330	
	aggactggga cccatgaac	
30	<210> 331	19
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 331	
	tggctaagtg aagatgacaa tcatg	25
40	<210> 332	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 332	20
	aatatttgatcggggtatgg	
	<210> 333	
	<211> 21	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 333	21
	aagcatgaac aggacttgac c	
	<210> 334	
	<211> 22	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 334	22
	gcaaggaaag ggtcttagtc ac	
10	<210> 335	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 335	18
	gaaacacctg cggcatga	
20	<210> 336	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 336	24
	ccattctatc atcaacgggt acaa	
30	<210> 337	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 337	20
	gttctgggt ctggatttgg	
40	<210> 338	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 338	19
	tcaccacgggt cttagcca	
	<210> 339	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 339	20
	gggctactgg cagctacatt	
	<210> 340	
	<211> 20	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 340	20
	cagcgggatt aaacagtccct	
10	<210> 341	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 341	20
	aacagagaca ttgccaacca	
20	<210> 342	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 342	20
	acaccaaaat gccatctcaa	
30	<210> 343	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 343	21
40	tggctgtct ggtcaactacc t	
	<210> 344	
	<211> 18	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 344	18
	gactgctgtc atggcgtg	
	<210> 345	
	<211> 21	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 345	21
	cctgctgacg atgatgaagg a	
	<210> 346	
	<211> 22	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 352	20
	cgcgagcccc tcattataca	
10	<210> 353	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 353	19
	caagctgaac ggtgtgtcc	
20	<210> 354	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 354	20
	agctggggtg tctgtttcat	
30	<210> 355	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 355	21
	agaggctgaa tatgcaggac a	
40	<210> 356	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 356	23
	agttgcagaa tctaaggctg gaa	
	<210> 357	
	<211> 19	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 357	19
	atggccatg ttgtatgct	
	<210> 358	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 370	20
	ctacctgcct tgcttgtga	
10	<210> 371	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 371	19
	ccagcccaca gaccagta	
20	<210> 372	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 372	18
	tggcgaccaa gacacccctt	
30	<210> 373	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 373	21
40	catatcggt gatcacagca c	
	<210> 374	
	<211> 18	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 374	18
	gcgcgtgcgg aagatcatc	
	<210> 375	
	<211> 18	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 375	18
	gagtcgaccc tgcacactg	
	<210> 376	
	<211> 21	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 376	21
	tggcttcagg agctgaatac c	
10	<210> 377	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 377	21
	tgccctaaa ggaaccaatg a	
20	<210> 378	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 378	19
	agtcaatctt cgcacacgg	
30	<210> 379	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 379	18
40	ctctccatgt tgcccacc	
	<210> 380	
	<211> 22	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
50	<400> 380	22
	agaggcatcc atgaacttca ca	
	<210> 381	
	<211> 25	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético	
60	<400> 381	25
	gtatcaggac cacatgcagt acatc	
	<210> 382	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 382	20
	tgtttcagg gtcttgcca	
10	<210> 383	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 383	20
	atcgcagctg gtgggtgtac	
20	<210> 384	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador sintético	
	<400> 384	20
	gtggacatcg gatacccaag	
30	<210> 385	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 385	22
40	aggcccgtg tggcctata gg	
	<210> 386	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 386	20
	ctccatccac tccaggtctc	
	<210> 387	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 387	20
	caagcctgga acctatagcc	
	<210> 388	
65	<211> 18	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 388	18
	atagcgtga ccactgcc	
10	<210> 389	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 389	20
	ggccagcacc ataatcctat	
20	<210> 390	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 390	20
	actagggtgc tccgagtgac	
30	<210> 391	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 391	20
	atccgctaga actgcaccac	
40	<210> 392	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 392	20
	tgggcttaga tgcttgactc	
	<210> 393	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 393	20
	tgcaaatgct ttgatggaat	
	<210> 394	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 394	19
	ctggtcacgg tctccatgt	
10	<210> 395	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 395	21
	cgggcactca ctgcttattac c	
20	<210> 396	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 396	21
	acccagaatc caacagtgc a	
30	<210> 397	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 397	20
	cacagatggc cagtgttct	
40	<210> 398	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 398	18
	tgggcgccta aatcctaa	
	<210> 399	
	<211> 19	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 399	19
	gggcacaaat cccgttcag	
	<210> 400	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<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	
	<400> 402	
	ccagagggtt gaaggcatag	20
30	<210> 403	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 403	
	ccagcattag attctccaac ttga	24
40	<210> 404	
	<211> 18	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 404	
	gtggcggaga tcaagagg	18
	<210> 405	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 405	
	aaccggaaga agtcgatgag	20
	<210> 406	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 406	
	ttgcagtggg aagaacagtc	20
10	<210> 407	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 407	
	cgtgtcgggc ttcagtcat	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	
	<213> Secuencia artificial	
45	<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	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 412	20
	acttgtcag cagcgtaactt	
10	<210> 413	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 413	19
	ggagtgcacgc atggacaga	
20	<210> 414	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 414	20
	tggtgccatt ttcctatgag	
30	<210> 415	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 415	20
	gcatctgcca actcctccat	
40	<210> 416	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 416	18
	gcatttgcgg tggacgat	
50	<210> 417	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 417	23
	tcagatgacg aagagcacag atg	
60	<210> 418	
	<211> 21	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 424	20
	tcctggagg tgaacttagg	
10	<210> 425	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 425	21
	tgagcgagg tcttccactg a	
20	<210> 426	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 426	19
	tcgggttg gcctcttc	
30	<210> 427	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 427	24
	cctatgattt aaggcattt ttcc	
40	<210> 428	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 428	18
	ctcagctgac gggaaagg	
	<210> 429	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 429	20
	ctgttgttc accaggacga	
	<210> 430	
	<211> 21	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 430	21
	ggcaggagtg aatggctt c	
10	<210> 431	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 431	20
	ggtatcttgt ggtgtctgcg	
20	<210> 432	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 432	20
	gtggccaaga ggtcagagtc	
30	<210> 433	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 433	20
	tgaaggcagtc agtttgctg	
40	<210> 434	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 434	21
	aagacatggc gctctcagg t c	
50	<210> 435	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 435	22
	caacagagtt tgccgagaca ct	
60	<210> 436	
	<211> 22	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 442	18
	tgcccacggc ttcttac	
10	<210> 443	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 443	20
	cacgatgtct tcctccctga	
20	<210> 444	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 444	23
	tccggttaa gaccagttt cca	
30	<210> 445	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 445	20
	caatggctc cattttacag	
40	<210> 446	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 446	20
	aaaggggtgg gtagaaagga	
50	<210> 447	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 447	20
	cctctgcacg gtcataggtt	
60	<210> 448	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 448	20
	ctgcatgatt ctgagcagg	
10	<210> 449	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 449	20
	atgctgactt ccttcctgg	
20	<210> 450	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 450	20
	catcttccttg ggcacacaa	
30	<210> 451	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 451	18
40	cactgcagcc ccaatgt	
	<210> 452	
	<211> 25	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 452	25
	ttcaatgata atgcaaggac tgatc	
	<210> 453	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 453	20
	ctggtttgtc tggagaaggc	
	<210> 454	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 454	20
	cctgacatt cccttgtcct	
10	<210> 455	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 455	20
	tcatggcgat atctacgaat	
20	<210> 456	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 456	25
	gagagagtga gaccacgaag agact	
30	<210> 457	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 457	18
40	tccctgcatt caagaggc	
	<210> 458	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 458	20
	acctgtgtt ggatttgcag	
	<210> 459	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 459	20
	actggggtgaa atatgttctt	
	<210> 460	
	<211> 21	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 460	21
	tgggttgaa gaaatcagtc c	
10	<210> 461	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 461	19
	tcctccacc ctgggttgt	
20	<210> 462	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 462	20
	gacctcagg cgattcatga	
30	<210> 463	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 463	22
40	gcttgcactc cacaggtaca ca	
	<210> 464	
	<211> 21	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 464	21
	ctgcatttg gcacagtct g	
	<210> 465	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 465	20
	cttcagtctt ggcctgtca	
	<210> 466	
	<211> 22	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 466	22
	ggatccaca ccttaccat aa	
10	<210> 467	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 467	18
	gccgctcatt gatctcca	
20	<210> 468	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 468	18
	ccgtcattgg ccttc	
30	<210> 469	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 469	18
	ctactcatgg gcgggatg	
40	<210> 470	
	<211> 19	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 470	19
	ccgccttcag gttctaat	
	<210> 471	
	<211> 18	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 471	18
	ttggatgct caaaagcc	
	<210> 472	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 478	20
	caaaaaccgtcgtttcttc	
10	<210> 479	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 479	21
	gccccatgcac tgaagtattt g	
20	<210> 480	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 480	20
	agtgcgtcgag tgcttagggac	
30	<210> 481	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 481	18
40	tccgaggcca cagcaaac	
	<210> 482	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 482	20
	gacgcagtct ttctgtctgg	
	<210> 483	
	<211> 18	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 483	18
	tgcagagcag cactggag	
	<210> 484	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 484	20
	cgctgcagaa aatgaaaacga	
10	<210> 485	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 485	19
	cagagcgggc agcagaata	
20	<210> 486	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 486	20
	tcgatctcct catcatctgg	
30	<210> 487	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 487	18
40	tgcgggactt gggaaaga	
	<210> 488	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 488	20
	tgttgttacc cctgttgtt	
	<210> 489	
	<211> 23	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 489	23
	cagtggtagg ttagttctg gga	
	<210> 490	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 496	18
	atccctcgga ctgcctct	
10	<210> 497	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 497	25
	caactgtcc tggtctacaa actca	
20	<210> 498	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 498	20
	cctgcagaga tgggtatgaa	
30	<210> 499	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 499	20
	ctagaggctg gtgccactgt	
40	<210> 500	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 500	19
	catcacgtct ccgaactcc	
50	<210> 501	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 501	
	agttgtaatg gcaggcacag	20
60	<210> 502	
	<211> 21	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 502	
	tcagctccat tgaatgtgaa a	21
10	<210> 503	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 503	
	gggacagctt gtagcccttg 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
40	<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	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 507	
	tttgagatgc ttgacgttgg	20
	<210> 508	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 508	19
	caatcgccca tatactggg	
10	<210> 509	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 509	22
	aggataaggc caaccatgt	
20	<210> 510	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 510	19
	gccagcattg ccattatct	
30	<210> 511	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 511	21
	caccatggcg atgtactttc c	
40	<210> 512	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 512	20
	gggaatgtgg tagcccaaga	
50	<210> 513	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 513	20
	gtggctgcat tagtgtccat	
60	<210> 514	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 514	20
	accaaagatg ctgtttcca	
10	<210> 515	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 515	20
	tgaatgccat cttcttcca	
20	<210> 516	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 516	18
	gagcgtcggg tgcaaatc	
30	<210> 517	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 517	22
40	caccacccca agtatccgta ag	
	<210> 518	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 518	20
	cgatgtccc ttcatggag	
	<210> 519	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 519	20
	ggcagtgaag ggcataaaagt	
	<210> 520	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 520	20
	cacctctgc tgtcccttg	
10	<210> 521	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 521	18
	agaaggaagg tccagccg	
20	<210> 522	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 522	19
	ccatgaggcc caacttcct	
30	<210> 523	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 523	19
	cctgcccgtat tggtttcag	
40	<210> 524	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 524	20
	aatgcgtatc tgtccacgac	
50	<210> 525	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 525	20
	gacaaacaccc ttccctccag	
60	<210> 526	
	<211> 18	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 526	18
	ctcgccccgg ttccatcg	
10	<210> 527	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 527	20
	caggcctcag ttccctcagt	
20	<210> 528	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 528	20
	ccaaacagtac agccagttgc	
30	<210> 529	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 529	21
40	tggacctagg gcttccaagt c	
	<210> 530	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 530	20
	caggccgtaa ggagctgtct	
	<210> 531	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 531	20
	ttacacatcc aaccagtgcc	
	<210> 532	
65	<211> 19	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 532	19
	accacagcat gggtgagag	
10	<210> 533	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 533	20
	ccgttgtaac gttgactgga	
20	<210> 534	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 534	18
	ggcgctgact tccttgac	
30	<210> 535	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 535	20
	tgtgagatt cctcgcagg	
40	<210> 536	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 536	24
	ctccagctt gggtagttt ccat	
50	<210> 537	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 537	20
	tgcctgagaa gaggtgagg	
60	<210> 538	
	<211> 20	
	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 550	
	cctccggccag gtctttagt	19
10	<210> 551	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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 gctgattgct t	21
30	<210> 553	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 553	
	tgttagggcag acttcctcaa aca	23
40	<210> 554	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<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	
	ggcttagtggg cgcatgtag	19
	<210> 556	
	<211> 19	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 562	20
	acgagactcc agtgctgatg	
10	<210> 563	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 563	22
	ctctctgggt cgtctgaaac aa	
20	<210> 564	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 564	18
	caaactggtc ccggctct	
30	<210> 565	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 565	18
	acacggtagc cggtcact	
40	<210> 566	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 566	18
	ggagcgggct gtctcaga	
50	<210> 567	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 567	20
	ctgacgaag cactcgatg	
60	<210> 568	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 568	20
	acggcttgct tactgaagg	
10	<210> 569	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 569	19
	ggtcgtccat tggaaatcc	
20	<210> 570	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 570	20
	gtggaggaac tctggaaatg	
30	<210> 571	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 571	21
40	ggtcacaaac ttgcatttg a	
	<210> 572	
	<211> 25	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 572	25
	tgaagtaatc agccacagac tcaat	
	<210> 573	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 573	20
	ctcctcagac accactgcat	
	<210> 574	
	<211> 23	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 574	23
	ggtggtttc ttgagcgtgt act	
10	<210> 575	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 575	22
	gaagatagct gagggtgtg ac	
20	<210> 576	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 576	20
	cccgccaaaa acaaataagt	
30	<210> 577	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 577	20
	tgggagttca tgggtacaga	
40	<210> 578	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 578	22
	gatgggattt ccattgtga ca	
	<210> 579	
	<211> 26	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 579	26
	gagtcagaat ggcttattca cagatg	
	<210> 580	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 592	21
	ggtccagcag tgtccctga a	
10	<210> 593	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 593	19
	tactccctgg ctccctgctt	
20	<210> 594	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 594	20
	ggccaccagg gtattatctg	
30	<210> 595	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 595	20
	gaagcctttc ttccacagc	
40	<210> 596	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 596	21
	caagagccctg aatgcgtcag t	
50	<210> 597	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 597	23
	acttcggctg tgtgttatat gca	
60	<210> 598	
	<211> 21	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 598	21
	gagggtccgtg gtatcggttct c	
10	<210> 599	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 599	20
	ggcccgagctt gaattttca	
20	<210> 600	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 600	21
	gcgaatctgc tcctttctg a	
30	<210> 601	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 601	20
40	ccaagaaacc atggctgctt	
	<210> 602	
	<211> 25	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 602	25
	gtcccaactcga atctttctt cttca	
	<210> 603	
	<211> 21	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 603	21
	ggcctcagtg tgcatcattc t	
	<210> 604	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 604	20
	cacgcaggtg gtatcagtct	
10	<210> 605	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 605	20
	tcttaaggcac gttctccacg	
20	<210> 606	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 606	22
	gcttgctgta ctccgacatgtt	
30	<210> 607	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 607	21
40	ctccacggtc tcagttgatctt	
	<210> 608	
	<211> 19	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 608	19
	cctctcgcaa gtgctccat	
	<210> 609	
	<211> 21	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 609	21
	ggaggtgctt cactgtcattttt	
	<210> 610	
	<211> 18	
65	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 622	24
	ataaacgtt caaatttctc tctg	
10	<210> 623	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 623	18
	caggttcgct ctggaaag	
20	<210> 624	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 624	19
	gcacagggttc gctctggaa	
30	<210> 625	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 625	20
	atctgttcc attggctcc	
40	<210> 626	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 626	20
	ggtctgcccc aatgctttc	
50	<210> 627	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 627	26
	gctacatcta cacttggtg gcttaa	
60	<210> 628	
	<211> 19	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 628	19
	atgctggctg actctgctc	
10	<210> 629	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 629	24
	ggattgcagc taaccctgt aacc	
20	<210> 630	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 630	22
	ctctgagac ctctggcttc gt	
30	<210> 631	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 631	21
40	tccaaactgaa ggtccctgtat g	
	<210> 632	
	<211> 19	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 632	19
	tgcaatcatg caagaccac	
	<210> 633	
	<211> 21	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 633	21
	gctcggtcag cttcacattg c	
	<210> 634	
	<211> 30	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 634	
	ttccggtaa tagtctgtct catagatatc	30
10	<210> 635	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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	
	gtcttggaca cccgcagaat	20
30	<210> 637	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 637	
40	gggtctgaat ggccagggtt	19
	<210> 638	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 638	
	cagagctt 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	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 640	25
	tggagcttat taaaggcatt cttca	
10	<210> 641	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 641	20
	tcttgacctt gcagcttgt	
20	<210> 642	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 642	20
	ggccccaaatg aaatagactg	
30	<210> 643	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 643	20
	aaaattgtgc ctggaggag	
40	<210> 644	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 644	19
	aactccgagt ggtgatcca	
	<210> 645	
	<211> 23	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 645	23
	cggtagtgt tgatgactgt tga	
	<210> 646	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 658	18
	agggggtgtc cgtaaagg	
10	<210> 659	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 659	24
	ttacaactct tccactggga ccat	
20	<210> 660	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 660	20
	tgtctgtgag ctgggtcttg	
30	<210> 661	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 661	20
40	gaagcagggtc agatgagcc	
	<210> 662	
	<211> 22	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 662	22
	tcacacccac tgaatcctac tg	
	<210> 663	
	<211> 19	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 663	19
	ccgttagggcc aattcagac	
	<210> 664	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 664	20
	cgtgatgcga agctctgaga	
10	<210> 665	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 665	22
	catcttcacc agcatgtatg ca	
20	<210> 666	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 666	20
	tcctcactca tcacgtcctc	
30	<210> 667	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 667	20
	gccaaaccat tcattgtcac	
40	<210> 668	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 668	25
	gcaatctttt caaacacttc atcct	
50	<210> 669	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 669	20
	tgagccctg gttaacagta	
60	<210> 670	
	<211> 19	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 676	21
	actccctgaa gccgagacac t	
10	<210> 677	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 677	18
	gacatggcag cacaagca	
20	<210> 678	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 678	20
	cttgagggtt tgggtttcca	
30	<210> 679	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 679	20
	aagagctgcc catccctctc	
40	<210> 680	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 680	19
	ttctggaaac tgctggaag	
50	<210> 681	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 681	21
	ccccacgagt tctggttctt c	
60	<210> 682	
	<211> 19	
	<212> ADN	

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

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

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 706	20
	tgaatcatgc cagtgcgtga	
10	<210> 707	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 707	18
	atggcttgcc cacaatgc	
20	<210> 708	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 708	22
	cttggcgtgt ggaaatctac ag	
30	<210> 709	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 709	25
	cctcagtcca taaaccacac tatca	
40	<210> 710	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 710	24
	tgtatgtcta agttcccgaa ggtt	
50	<210> 711	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 711	21
	tgctgggtt ctcctcgtt t	
60	<210> 712	
	<211> 19	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 712	19
	agcaaggaa cagcctcat	
10	<210> 713	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 713	20
	agtagtttg ctgcccttcc	
20	<210> 714	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 714	20
	cccatatatcc tgagcaatgg	
30	<210> 715	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 715	25
	tgcacatatc attacaccag ttctgt	
40	<210> 716	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 716	20
	aacgagatcc ctgtgcttgt	
50	<210> 717	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 717	18
	cctccccaaq tcagttgc	
60	<210> 718	
	<211> 19	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 718	19
	acacacctgcac aattctccg	
10	<210> 719	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 719	18
	ttctttgcg cttcagcc	
20	<210> 720	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 720	23
	tcagcaagtg ggaagggtga ate	
30	<210> 721	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 721	19
	ccttaaagcg gactccagg	
40	<210> 722	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 722	18
	tcctccctgta ggctggca	
50	<210> 723	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 723	20
	ctctcagcat cggtacaagg	
60	<210> 724	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 724	20
	atctgcgttg aaggcgttg	
10	<210> 725	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 725	21
	tgatggcc caggaaagt t	
20	<210> 726	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 726	20
	tttatccccca gcgaatttgt	
30	<210> 727	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 727	22
40	tcccccttac tcagctgaa ct	
	<210> 728	
	<211> 22	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
50	<400> 728	22
	cgagtttttg tgaaagggtgg ac	
	<210> 729	
	<211> 21	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 729	21
	gcgaggtaat ttgtgccctt t	
	<210> 730	
	<211> 21	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 736	19
	cactcgccgt tgacatcct	
10	<210> 737	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 737	19
	tgcaagctgt ctttgagcc	
20	<210> 738	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 738	20
	acagcaaggc gagcataaat	
30	<210> 739	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 739	18
	ctatcggcct cagcatgg	
	<210> 740	
	<211> 25	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 740	25
	tgagttttt gcgagagtt tgaca	
50	<210> 741	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
60	<400> 741	20
	acacttcaag tcacgctgc	
	<210> 742	
	<211> 20	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 748	25
	agtctggaac atgtcagtct tgatg	
10	<210> 749	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 749	21
	cgagcattg tctcatccctt t	
20	<210> 750	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 750	20
	actcaggccc atttccttta	
30	<210> 751	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 751	20
	cctggtgctg tttagatgg	
40	<210> 752	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 752	20
	gccaccgata tagcgctgtt	
50	<210> 753	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 753	20
	cctcttcatc aggc当地act	
60	<210> 754	
	<211> 20	
	<212> ADN	
65		

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 760	24
	tgctgtctg atgagaaaat agtg	
10	<210> 761	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 761	22
	gcttcaacgg caaagtctc tt	
20	<210> 762	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 762	19
	gtactgagcg atggagcgt	
30	<210> 763	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 763	19
	gcgggttagc tccagagt	
40	<210> 764	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 764	24
	caaactccac agtactggg ttga	
50	<210> 765	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Cebador inverso sintético	
	<400> 765	22
	tgtcgaaatt gatactggca tt	
60	<210> 766	
	<211> 20	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 772	24
	ccatgagctg tagccgaatg tcca	
10	<210> 773	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	22
	<223> Sonda sintética	
	<400> 773	
	ctgcacacgg ttctaggctc eg	
20	<210> 774	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 774	24
	tctgctctac aagcccatgg accg	
30	<210> 775	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 775	24
	cccgcgagaaa gcacatggta ttcc	
40	<210> 776	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 776	24
	ctctgtcacc aatgtggacc tgee	
	<210> 777	
	<211> 29	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 777	29
	tgttaggtatc tcttagtccc gccatctga	
	<210> 778	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 778	24
	ctgacactca tctgagccct cccaa	
10	<210> 779	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 779	28
	tgctacttgc aaaggcgtgt cctactgc	
20	<210> 780	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 780	20
	ctgcgcgttgc tggacaccgc	
30	<210> 781	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 781	24
	cacacagggt gccatcaatc acct	
40	<210> 782	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 782	24
	cgagtggaaat tgctccccac ttcc	
50	<210> 783	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 783	28
	cgatctcagc ctgtttgtgc atctcgat	
60	<210> 784	
	<211> 24	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 784	24
	caacacgtca ccaccctttg ctct	
10	<210> 785	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 785	23
	tgaccacacc aaaggctccc tgg	
20	<210> 786	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 786	24
30	acctcagtcc aaagtgcctg aggc	
	<210> 787	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 787	23
40	tcacggtaca caatcttcc gga	
	<210> 788	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 788	24
	ccagttccctg ccgtctgctc ttct	
	<210> 789	
	<211> 22	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 789	22
	ctgcagcgtc aatctccgtc tg	
	<210> 790	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 796	21
	acaccagcg tgccgactac c	
10	<210> 797	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 797	24
	ctagagccat cttggccat cctg	
20	<210> 798	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 798	24
30	caagaatctt gcagcagcat ggct	
	<210> 799	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 799	22
40	tgacgagcag cgaacagcca eg	
	<210> 800	
	<211> 23	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 800	23
	aggagtatga cgagtccggc ccc	
	<210> 801	
	<211> 29	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 801	29
	aggctcagt atgtttccc tgtcaccag	
	<210> 802	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 802	24
	ttggccca gcatgttcca gate	
10	<210> 803	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 803	26
	cccaattaac atgaccggc aaccat	
20	<210> 804	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 804	23
	agatgtgccg gtacacccac etc	
30	<210> 805	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 805	23
40	ccagcctgca gacaactggc etc	
	<210> 806	
	<211> 25	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 806	25
	tgccactcg aaaaagacct ctcgg	
	<210> 807	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 807	24
	catcatggga ctccgtccct tacc	
	<210> 808	
	<211> 21	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 808	21
	agtacacgacc cctgccctca c	
10	<210> 809	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 809	25
	cagccctggg aactttgtcc tgacc	
20	<210> 810	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 810	23
30	cttccgttg gcatccgcaa cag	
	<210> 811	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 811	22
40	tcccacgccc aaggacacgc at	
	<210> 812	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 812	24
	tccgggttagc tctcaaactc gagg	
	<210> 813	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 813	24
	caagggtctc cagcacctct acgc	
	<210> 814	
	<211> 23	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 814	23
	ccggtaact gtggcctgtg ccc	
10	<210> 815	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 815	24
	ctctcactgt gacagccac ctcg	
20	<210> 816	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 816	24
	ctgtgttcga ctcaagctca ggga	
30	<210> 817	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 817	23
	cagtggccc aggacggct act	
40	<210> 818	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 818	23
	tgctgggagc ctacacttgg ccc	
50	<210> 819	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 819	24
	tacagtccca gcaccgacaa ttcc	
60	<210> 820	
	<211> 24	
	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 832	24
	ctctgctgac actcgagccc acat	
10	<210> 833	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 833	22
	acagagccct ggcaaagcca ag	
20	<210> 834	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 834	27
	tgtctccatt attgatcggt tcatgca	
30	<210> 835	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 835	22
	tacccgccat ccatgatcgc ca	
40	<210> 836	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 836	30
	cccgagataat acaggtggcc aacaattcct	
50	<210> 837	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 837	25
	tggaataagt acctaaggcg ccccc	
60	<210> 838	
	<211> 21	
	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 850	
	tgctccacta acaaccctcc tgcc	24
10	<210> 851	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 851	
	aattcctgca tggccagttt cctc	24
20	<210> 852	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 852	
	ctgccaaga gcctgtcatc cag	23
30	<210> 853	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 853	
40	ccttcgtccc atagtatca gcga	24
	<210> 854	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 854	
	ccaacccaga taaaatcgcc 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	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 856	24
	cacaacatcc ctggtaacg tcgt	
10	<210> 857	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 857	24
	atcacccatc atcatccat cgca	
20	<210> 858	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 858	23
30	tccttccac ccccagtct gtc	
	<210> 859	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 859	
40	aaaatgagac tctccgtcgg cage	24
	<210> 860	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 860	20
	caggccctct teegagegg	
	<210> 861	
	<211> 21	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 861	21
	ctcaattgg caagcccagg c	
	<210> 862	
	<211> 22	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 862	
	tgctgatgtg cccttcctt 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	
	<400> 864	
30	acaccctact ccctgtgcct ccag	24
	<210> 865	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 865	
40	agctgatgag tctgccctac cgccctg	26
	<210> 866	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 866	
	tgaagtctcc agctttgcct cage	24
	<210> 867	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 867	
	caccaggacc acaaaggctg ttg	24
	<210> 868	
65	<211> 18	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 868	
	ctgcgccgc tettegeg	18
10	<210> 869	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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	
30	cgggaagaat tcgcttccac ctg	23
	<210> 871	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 871	
40	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	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 874	30
	tccctagcc agacgtgtt ctgtccctg	
10	<210> 875	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 875	21
	cctgcagccc atccacaacc t	
20	<210> 876	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 876	27
	cctccctcctg ttgctgccac taatgtct	
30	<210> 877	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 877	26
	cgaaacgcta ttctcacagg ttca	
40	<210> 878	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 878	24
	tgtcatcct ggcgtcttc atgt	
	<210> 879	
	<211> 26	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 879	26
	ccgattccaa aagaccatca gggtct	
	<210> 880	
	<211> 23	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 880	23
	tttgctgaat gctccagcca agg	
10	<210> 881	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 881	28
	tcagatggag acctcgtgcc aaattaca	
20	<210> 882	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 882	21
30	agccactccc cacgctgtt g t	
	<210> 883	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 883	24
40	cgcagatccg atttctctgg gat e	
	<210> 884	
	<211> 21	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 884	21
	tcccgatgg ctgcagcagc t	
	<210> 885	
	<211> 28	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 885	28
	aacatcatgt tcttcttcat gacctcgc	
	<210> 886	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 886	24
	accaacgcgtg acagcatgca ttgc	
10	<210> 887	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 887	22
	accctgccccg cgatcacact ga	
20	<210> 888	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 888	24
30	cttgaggacg cgaacagtcc acca	
	<210> 889	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 889	29
40	aggtgcaata tgggcatata tctccatttg	
	<210> 890	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 890	24
	tctgtgtggt ccatcctgg aagc	
	<210> 891	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 891	24
	ttcttcgaaa gccatgtgc caga	
	<210> 892	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 898	24
	ctgtcacact ccctcaggca ggac	
10	<210> 899	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 899	24
	atcactggaa ctccctggtc ggac	
20	<210> 900	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 900	26
	cagccacgat gaccactacc agcact	
30	<210> 901	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 901	26
40	tgcttccctcc cactatctga aaataaa	
	<210> 902	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 902	24
	agctgcccgt ctttctcagc cage	
	<210> 903	
	<211> 25	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 903	25
	agaaaaagctg ttgtctcccc cagca	
	<210> 904	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 904	24
	aaagtccatt tgccactgat ggca	
10	<210> 905	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 905	24
	ctacctggac atccctgctc agcc	
20	<210> 906	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 906	23
	cagacttgggt gcccttgac tcc	
30	<210> 907	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 907	21
40	caggggccatg acaatcgcca a	
	<210> 908	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 908	24
	cgcccctggct caactttcc tttaa	
	<210> 909	
	<211> 26	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 909	26
	cgaggccatt gacttcatacg actcca	
	<210> 910	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<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	
	<400> 912	
	ctcaccagaa gccccaaacct caac	24
30	<210> 913	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 913	
40	cactcccgag cacgttgttc cgt	23
	<210> 914	
	<211> 29	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 914	
	ccacttggac atcatctggg tgaacactc	29
	<210> 915	
	<211> 23	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 915	
	cctttgcctc agggcatcct ttt	23
	<210> 916	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 916	24
	tgctacacctgc ccctttgtca tgtg	
10	<210> 917	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 917	24
	caaagggtgac caccataccg ggtt	
20	<210> 918	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 918	24
	ctcggtcgtag cgcttctcgct tgta	
30	<210> 919	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 919	28
40	tgtatgctttc tccagaaact cgaactca	
	<210> 920	
	<211> 23	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 920	23
	cggatccctt cctcactcgcc cca	
	<210> 921	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 921	24
	acccagtc acctctcccc cacc	
	<210> 922	
	<211> 26	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 928	
	tgcgccgat gagatcacccg	20
10	<210> 929	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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	
	cgtcccaatt gagcctgtca atgt	24
30	<210> 931	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 931	
	atctgtatgc ggaacctcaa aagagtccct	30
40	<210> 932	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 932	
	tgtcccacga ataatgcgt 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	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 934	24
	agccatatgc cttctcatct gggc	
10	<210> 935	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 935	21
	agagccggcc agccctgaca g	
20	<210> 936	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 936	24
	tcgcctacca ttgggtgcaa gcaa	
30	<210> 937	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 937	23
	ctggccctca tgtccccttc acg	
40	<210> 938	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 938	26
	ccccagacca agtgtgaata catgtc	
50	<210> 939	
	<211> 19	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 939	19
	ctggagatgc tggacgccc	
60	<210> 940	
	<211> 24	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 940	
	taccagagg cgagggtccc ttca	24
10	<210> 941	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 941	
	tcctgacttc tgtgagctca ttgcg	25
20	<210> 942	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 942	
	tggcacgggt cttctcctac c	21
30	<210> 943	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 943	
	cggcctgtcc acgaaacctata	24
40	<210> 944	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 944	
	tcgcccacct acgtactggc ctac	24
50	<210> 945	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 945	
	tcccagagac caacgttcaa gcagttg	27
60	<210> 946	
	<211> 23	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 946	
	ccttcatgg ggagaaccgc att	23
10	<210> 947	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 947	
	tcggccactt catcaggacg cag	23
20	<210> 948	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<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
40	<210> 950	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 950	
	tccccagcatc atccaggccc ag	22
	<210> 951	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 951	
	agaacagcat ccgccacaaac ctct	24
	<210> 952	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 958	19
	cgcccgagg cctcatcct	
10	<210> 959	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 959	24
	tgagccagat tccacacctc acgt	
20	<210> 960	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 960	25
	ttcatctcaa tggaaggatc ctgcc	
30	<210> 961	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 961	24
	aacttcagcc ccagctccca agtc	
40	<210> 962	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 962	22
	ccgttctcag ccttgacgggt gc	
	<210> 963	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 963	24
	tgttccaacc actgaatctg gacc	
	<210> 964	
	<211> 26	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
5	<223> Sonda sintética	
	<400> 964	
	tggggacatt gtagacttgg ccagac	26
10	<210> 965	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 965	
	ccatggacca acttcaactat gtgacagagc	30
20	<210> 966	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 966	
30	tgcagttgac atggcctgtt cagtcc	26
	<210> 967	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 967	
40	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	
	atccccctccc tctccaccca tcta	24
	<210> 970	
65	<211> 21	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 970	21
	aggcggtgca ctccaccagc c	
10	<210> 971	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 971	24
	cctctggcc acttactggg tgga	
20	<210> 972	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 972	24
	ccgggtgaca gcactaacca gacc	
30	<210> 973	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 973	22
	ctctccccca tcggcttgt gg	
	<210> 974	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 974	24
	cctcctgctg gcttcccttg atca	
	<210> 975	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 975	24
	ctcatcacct ggtctccgggt gtgt	
	<210> 976	
	<211> 26	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 982	29
	tgacctgatc cagagtaagt gcctctcca	
10	<210> 983	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 983	30
	tcagccactg gcttctgtca taatcaggag	
20	<210> 984	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 984	27
30	cccgccctacc ctcgtaaagc agattca	
	<210> 985	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 985	26
40	ctgaagctct actcacagt tctggg	
	<210> 986	
	<211> 27	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 986	27
	ctcgcaagca caacatgtgt ggtgaga	
	<210> 987	
	<211> 23	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 987	23
	cacagccgcc tgaaagccac aat	
	<210> 988	
	<211> 27	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<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	
	<400> 990	
	ttcttgcgct ccatccgtcc aga	23
30	<210> 991	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 991	
40	caagaacctc ccagaagggc tcaa	24
	<210> 992	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 992	
	ccagaccata gcacactcgg gcac	24
	<210> 993	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 993	
	cagaatgtcc gccttctcca gctt	24
	<210> 994	
	<211> 23	
65	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1006	
	cagaatggcc tgtattcact atcttcgaga	30
10	<210> 1007	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1007	
	agagtgactc ccgttgtccc aagg	24
20	<210> 1008	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1008	
	tgactccgc ggtcccaagg	20
30	<210> 1009	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1009	
	cattttccctc agacttgtga acctccact	29
40	<210> 1010	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1010	
	taatttagacc taggcctcag ctgcactgcc	30
50	<210> 1011	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1011	
	ctcaggggccc accattgaag aggttg	26
60	<210> 1012	
	<211> 24	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1012	24
	cgcaactttc tgagcagacg tcca	
10	<210> 1013	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1013	23
	ccaggcgtgg cgtccctcc ata	
20	<210> 1014	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1014	20
30	ccggcgccca acgtgattct	
	<210> 1015	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1015	26
40	tggagattct ccagcacgtc atcgac	
	<210> 1016	
	<211> 30	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1016	30
	ctttgtttt gcccagtata gactcgaaag	
	<210> 1017	
	<211> 20	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1017	20
	ccgtgaatgc agcccgccag	
	<210> 1018	
	<211> 28	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1018	28
	cgcgtatac caaaatctcc gattttga	
10	<210> 1019	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1019	24
	taccccggtgg gcaaggttctt ccaa	
20	<210> 1020	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1020	25
	atccaggcac ctctaccacg ccctc	
30	<210> 1021	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1021	23
	cccggtcacc aggcaggagt tct	
40	<210> 1022	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1022	24
	cagccctaca cgaaaggacc tgct	
50	<210> 1023	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1023	22
	tgacttccaa gctggccgtg gc	
60	<210> 1024	
	<211> 22	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1024	22
	ctgctccacg gccttgctct tg	
10	<210> 1025	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1025	26
	cctgtatca acagtacccg tatggg	
20	<210> 1026	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1026	24
30	tcggcttccc tgttagagctg aaca	
	<210> 1027	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1027	25
40	catattgccc agtggtcacc tcaca	
	<210> 1028	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1028	24
	attcaaaaca gagccccc aa agcc	
	<210> 1029	
	<211> 25	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1029	25
	acgtccgggt cctcactgtc cttcc	
	<210> 1030	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1030	24
	cccacatgac ttccctttgg cctt	
10	<210> 1031	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1031	20
	tccatcccaag ctccagccag	
20	<210> 1032	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1032	24
30	cactccagac ctcgcgttagc atgg	
	<210> 1033	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1033	24
40	cgatccctgca tctgtaaatc gccc	
	<210> 1034	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1034	24
	tctgagccctt gtcctctatc cgcc	
	<210> 1035	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1035	24
	tcgccccatctt ttgtgggatt cctt	
	<210> 1036	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1036	24
	ccgacagcca cagaataaacc caaa	
10	<210> 1037	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1037	30
	tgctaatgtt aggcattcaca gtcgtttcca	
20	<210> 1038	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1038	28
	aaataacctgc aaccgttact gccgtgac	
30	<210> 1039	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1039	24
	caccaacctgttacccgtatt gcga	
40	<210> 1040	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1040	27
	tgctatgtttt ctacaaaacc gccaagg	
50	<210> 1041	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1041	24
	actcgatttc ccagccaacc acag	
60	<210> 1042	
	<211> 23	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1042	23
	caagggacac gccttctgaa cgt	
10	<210> 1043	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1043	23
	ccacttgtcg aaccaccgct cgt	
20	<210> 1044	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1044	24
	cccttcaagc tgccaatgaa gacc	
30	<210> 1045	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1045	24
	cttcaaggcc atgctgacca tcag	
40	<210> 1046	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1046	24
	tgcattcctc tgagctcact gctg	
	<210> 1047	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1047	24
	agtcaagtggc ccatcagcaa tcag	
	<210> 1048	
	<211> 22	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1048	22
	aagccgctcc actcgcatgt cc	
10	<210> 1049	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1049	23
	cctcccaac aaagaccacc gca	
20	<210> 1050	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1050	24
	ttaccccagc tccatccttg catc	
30	<210> 1051	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1051	25
	ttcgtaacag cagtcatcat ccatgg	
40	<210> 1052	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1052	26
	tttgaccggg tattcccacc aggaa	
50	<210> 1053	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1053	27
	ccttggagaa acacaagcac ctgc	
60	<210> 1054	
	<211> 24	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1054	24
	actccgttt tcaccaccaat gcca	
10	<210> 1055	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1055	24
	atctacgtt tccagctgcc agcc	
20	<210> 1056	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1056	24
30	ctgattcctc aggtccctgg cctg	
	<210> 1057	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1057	24
40	ctgtccctgg agcatggcct ctcc	
	<210> 1058	
	<211> 24	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1058	24
	caagtgcctg taccacacgg aagg	
	<210> 1059	
	<211> 23	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1059	23
	ccactcgcca tactgggtgc agt	
	<210> 1060	
	<211> 28	
65	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1066	
	caggctcagc aagctgaaca cctg	24
10	<210> 1067	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1067	
	ttactccagg ggacaaggct tcca	24
20	<210> 1068	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1068	
	ccttcaggc ctgcactttc aact	24
30	<210> 1069	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1069	
	ctgtgttag gcactccct tgcg	24
40	<210> 1070	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1070	
	ttcttcctct gttccctcgct ccgg	24
50	<210> 1071	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1071	
	catgttctc acaatcgctg catcc	25
60	<210> 1072	
	<211> 24	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1072	24
	acagctcatt gttgtcacgc cgga	
10	<210> 1073	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1073	24
	cccggttgtt ctccgtcag atag	
20	<210> 1074	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1074	20
	cagcccttg gggaaagctgg	
30	<210> 1075	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1075	22
	tttgacaccc cttcccccagc ca	
40	<210> 1076	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1076	30
	agcaagattt cctccagggtc catcaaaagg	
50	<210> 1077	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1077	24
	aaccagctct ctgtgacccc aatt	
60	<210> 1078	
	<211> 24	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1078	24
	ctgggagcat ggcgatggat accc	
10	<210> 1079	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1079	28
	cctgtatgct gcaactcatg aacttggc	
20	<210> 1080	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1080	30
30	aagcaatgtt gatatctgcc tctccctgtg	
	<210> 1081	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1081	29
40	tcatcaaacc atggttcatc accaatatc	
	<210> 1082	
	<211> 22	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1082	22
	cgagggcaac cctgatcgca	
	<210> 1083	
	<211> 29	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1083	29
	acctgatacg tcttggctt catgccat	
	<210> 1084	
	<211> 26	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
5	<223> Sonda sintética	
	<400> 1084	
	tctgtcctgg ctggagtcgc tttcat	26
10	<210> 1085	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1085	
	tgaactccgc agcttagcatc caaa	24
20	<210> 1086	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1086	
30	caagaagatt tacttcgtcg attcccaga	29
	<210> 1087	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1087	
40	tcagtcaaca tcaccctctt aggatga	27
	<210> 1088	
	<211> 23	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1088	
	tcaccctgga gatcagctcc cga	23
	<210> 1089	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1089	
	cagcattgtc tgtcctccct ggca	24
	<210> 1090	
	<211> 26	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1090	
	tggagtgcgtaaacatacc ctccca	26
10	<210> 1091	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1091	
	cgggctgtcccttgagaa ccttaaca	28
20	<210> 1092	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1092	
	atgaccaccc cggctcgat gtca	24
30	<210> 1093	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1093	
	tccccacagt agacacatat gatggccg	28
40	<210> 1094	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1094	
	ctcagagcct ctctggttct ttcaatcg	29
50	<210> 1095	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1095	
	ctcggttg gccatgtcc ag	22
60	<210> 1096	
	<211> 24	
	<212> ADN	
65		

	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
5	<223> Sonda sintética	
	<400> 1096	
	atcttctcag acgtcccgag ccag	24
10	<210> 1097	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1097	
	tgccttacc tgtggagct gtaaggct	28
20	<210> 1098	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1098	
30	tcctttggta tcagacccga agcg	24
	<210> 1099	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1099	
40	cctttccagc ttacagtga attgctgca	29
	<210> 1100	
	<211> 29	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1100	
	ccaagagaaa cgagattaa aaacccacc	29
	<210> 1101	
	<211> 24	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1101	
	cttccaacc cctggggaaag acat	24
	<210> 1102	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1102	24
	cctccgaag ttgcttgaaa gcac	
10	<210> 1103	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1103	24
	cattcgcttc ttcctccact tggc	
20	<210> 1104	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1104	25
	tctccacaga caaggccagg actcg	
30	<210> 1105	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1105	24
	atcaccaaca gcatgaccct tgcg	
40	<210> 1106	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1106	24
	aggacagtgg agcagccaac acac	
50	<210> 1107	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1107	25
	cattggaatt gccatttagtc ccagc	
60	<210> 1108	
	<211> 25	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1108	25
	ccagcacagc cagtaaaaag atgca	
10	<210> 1109	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1109	24
	ttggatctgc ttgctgtcca aacc	
20	<210> 1110	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1110	24
	cacgccccatgg aaaccatgtat gttt	
30	<210> 1111	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1111	27
	cacaaggatct cctgccaaga gggcgac	
40	<210> 1112	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1112	24
	atcacatcca gggccttctc caga	
50	<210> 1113	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1113	28
	ttcccccaact tccttagtgc ctgtgaca	
60	<210> 1114	
	<211> 24	
	<212> ADN	

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1120	22
	ctccccacag cgccatcgagg aa	
10	<210> 1121	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1121	24
	cagcaccgtt ttcttcagggt ccct	
20	<210> 1122	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1122	23
30	cctgacttca ggtcaaggga tgg	
	<210> 1123	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1123	24
40	ccaaatctctg cctcaggttt gccat	
	<210> 1124	
	<211> 20	
	<212> ADN	
45	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
50	<400> 1124	20
	cctgcggctt tcggatccca	
	<210> 1125	
	<211> 25	
55	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Sonda sintética	
60	<400> 1125	25
	tggccatcca tctcacagaa attgg	
	<210> 1126	
	<211> 25	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1126	
	tctggattag agtcctgcag ctcgc	25
10	<210> 1127	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<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 gccccgtttc ttg	23
30	<210> 1129	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1129	
	atccctcctga agccctttc gcagc	25
40	<210> 1130	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1130	
	tgccttctc ctccctcact tctcacct	28
50	<210> 1131	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1131	
	ccataggaga atgcttccca catcaacact	30
60	<210> 1132	
	<211> 24	
	<212> ADN	

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

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

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1144	
	caggcacaca caggtgggac acaaat	26
10	<210> 1145	
	<211> 22	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1145	
	atttcacgca tctggcggtc ca	22
20	<210> 1146	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<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	
40	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	
	<211> 24	
65	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1150	
	tccgttaaga ggcctggtgc tctc	24
10	<210> 1151	
	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1151	
	ctgctgtta ccttggcag gccttc	27
20	<210> 1152	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Sonda sintética	
	<400> 1152	
	ccccctccctc tcctgcttca gctt	24
30	<210> 1153	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1153	
40	cgttccgatc ctctatactg catcccaggc atgcctacag caccctgatg tcgcaggccta	60
	taaggccaac agggacct	78
	<210> 1154	
	<211> 66	
45	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
50	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1154	
	gtgtggcagg tggacactaa ggaggaggtc tggtccttg aagcgggaga cctggagtgg	60
	atggag	66
55	<210> 1155	
	<211> 77	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1155	
65	aaacaccact ggaggcattga ctaccaggct cgccaatgtat gctgctcaag ttaaaggggc	60
	tataggttcc aggcttg	77

	<210> 1156	
	<211> 68	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5		
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10		
	<400> 1156	
	accagtgc caatgcagt gctggacatt cggctacagc tcatggggc ggcagtggc	60
	agcgctat	68
15		
	<210> 1157	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20		
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
25		
	<400> 1157	
	tgcagactgt accatgtca ccattgcca tcgcctgcac acggttctag gctccgatag	60
	gattatggc ctggc	76
30		
	<210> 1158	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35		
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1158	
	acacgtctgt caccatggaa gctctgtct acaagccat tgaccgggtc actcggagca	60
	cccttagt	67
40		
	<210> 1159	
	<211> 66	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45		
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
50		
	<400> 1159	
	atccgcattg aagaccacc accgcagaag cacatggat tccctgggtgg tgcagttcta	60
	gcggat	66
55		
	<210> 1160	
	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60		
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1160	
	gactgtctcg ttccctggt gacctctgtc accaatgtgg acctgcccc taaagagtca	60
	agcatctaag ccca	74
65		
	<210> 1161	
	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	

	<223> Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1161 tcaaaagtac ggacacctcc tgtcagatgg cgggactaag agataacctac aaggattcca tcaaaggatt tgca	60 74
10	<210> 1162 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
20	<400> 1162 gagcatgcgt ctactgcctc actgacactc atctgagccc tcccatgaca tggagaccgt gaccag	60 66
25	<210> 1163 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
35	<400> 1163 gaagtgcagaggcgattatgctacttg caaaggcggtg tcctactgca caggtatacg cagtgagtgc ccg	60 73
40	<210> 1164 <211> 62 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
50	<400> 1164 caaggccccca tctgaatcag ctgcgtgga tggacaccgc ctgcactgt tggattctgg gt	60 62
55	<210> 1165 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
65	<400> 1165 gcgagttcaa agtgtcgag gccaagggtga ttgatgcac cctgtgtggg ccagaaacac tggccatctg tg	60 72
	<210> 1166 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1166 taagccacaa gcacacgggg ctccagcccc cccgagtggaa agtgctcccc actttctta ggatttaggc gccca	60 75

	<210> 1167	
5	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1167	
	acgagatgc ctacggcttg aacatcgaga tgcacaaaca ggctgagatc gtcaaaaggc	60
	tgaacggat ttgtgcc	78
15	<210> 1168	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
20	<400> 1168	
	agccaacatg tgactaattg gaagaagagc aaaggggtgg tgcgtgtga tgaggcagat	60
	ggagatcaga	70
25	<210> 1169	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1169	
	ctgcgtgtga ttgataaga aacaagaaag tgaccacacc aaagcctccc tggctggtgt	60
35	acaggatca ggtccaca	78
	<210> 1170	
	<211> 67	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1170	
	gtggaaacgg agctcttccc ctgcctcagg cacttggac tgaggttcta tgcctcaac	60
	cctctgg	67
50	<210> 1171	
	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
55	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1171	
	ttgtctctgc ctggactat ctacattccg gaaagattgt gtaccgtat ctcaagttgg	60
	agaatcta at gctgg	75
60	<210> 1172	
	<211> 66	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	

	<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	
20	<400> 1173 ggacagggtt agaccgtat ccaagccgg attgacgttg cagccggaaact catcgacttc ttccggtt	60 68
25	<210> 1174 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
35	<400> 1174 ccgtgaaagc tgctctgtta aagctgacac agccctccca agtgagcagg actgttcttc ccactgcaa	60 69
40	<210> 1175 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
50	<400> 1175 caagacacta agggcgacta ccagaaagcg ctgctgtacc tgtgtggtgg agatgactga agcccgacac g	60 71
55	<210> 1176 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
65	<400> 1176 gactgcaaag atggaaacga ccttctatga cgatgccctc aacgcctcggt tcctcccgta cgagagcgaa ccttatggct a	60 81
	<210> 1177 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1177 gatgaaggct ttgcgaaggatt cctgaaggcc ctggcttccc gaaagccctt tgtgctgtgt ggagacct	60 68

	<210> 1178	
5	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1178	
	gtttatgcca tcggcaccgt actggatcct ggccaccgac tatgagaact atgccctcggtatcc	60
		67
15	<210> 1179	
	<211> 64	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
20	<400> 1179	
	cagtagagat ccccgcaact cgcttgcct tgggtcaccc tgcattccat agccatgtgc	60
	ttgt	64
25	<210> 1180	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1180	
35	atcagagatt accgcgtcgt ggtagtcggc accgctggtg tggggaaaag tacgctgctgcacaagt	60
		67
	<210> 1181	
	<211> 68	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1181	
	gactgggtca gtatggcaa caggatggcc aaggatggct ctagaacact ctgtccatgcgtcactcc	60
		68
50	<210> 1182	
	<211> 79	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
55	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1182	
	tccctgagaa cggaaaccact ttgcaagaa tcttgccatca gcatggctat gcaaccggcc	60
	tcatagggaaa atggcacca	79
60	<210> 1183	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	

	<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		
20	<400> 1184 cagcagatgt ggatcagcaa gcaggagtat gacgagtccg gccccccat cgtccaccgc aaatgc	60 66	
25	<210> 1185 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
30	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
35	<400> 1185 ggctcttg cgtactgtcc ttccggctgg tgacaggaa gacatcactg agcctgcat ctgtgcttt cgtcatctga	60 80	
40	<210> 1186 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
50	<400> 1186 gggtcagggt cctcgagatc gggctgggc ccagagcatg ttccagatcc cagagttga ggcgagttag cag	60 73	
55	<210> 1187 <211> 81 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
65	<400> 1187 cggtgtcagc acttggaaata caagatggt gcccggcat gttaaattggg aaaaagaaca gtcccacaggaa agaggttgaa	60 c	81
55	<210> 1188 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
65	<400> 1188 cctacggccc ctactacggg cctgggggtg gagatgtgcc ggtacaccca cttccaccct tatatcccttcgccc	60 76	

	<210> 1189	
5	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1189	
	gactcctag ggcagactt cttccagcc tgcagacaac tggcctccag aaaccattga	60
	gtagtgccctt eg	72
15	<210> 1190	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
20	<400> 1190	
	ccggccgtgga cacagactcc ccccgagagg tctttccg agtggcagct gacatgttt	60
	ctgacggcaa	70
25	<210> 1191	
	<211> 83	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1191	
35	cctggagggt cctgtacaat ctcatcatgg gactcctgcc cttaccagg ggccacagag	60
	ccccccgagat ggagccaaat tag	83
	<210> 1192	
	<211> 65	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1192	
	actgacaaga ccagcagcat ccagtcacga cccctgccct caccctaa gttcacccctcc	60
	cagga	65
50	<210> 1193	
	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
55	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1193	
60	tgacttcata gttcgtgact ctctgtccag ccctggaaac ttgtcctga cctgtcagtg	60
	gaagaacctc gctca	75
	<210> 1194	
	<211> 73	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
65	<220>	

	<223> Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1194 cccccagaca acggagataa gtgctgtgc gcatgccaac ggaaagaatc ttggaaaga ggccaaaccc gag	60 73
10	<210> 1195 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
20	<400> 1195 cagatggacc tagtacccac tgagattcc acgccaagg 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 tgtctggag ctccggtag ctctcaaact cgaggctgca cacccttt cccgtagct gag	60 73
40	<210> 1197 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
50	<400> 1197 gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgcccgtc cctggtaac aacaag	60 66
55	<210> 1198 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
65	<400> 1198 attcctatgg ctctgcaatt gtcaccgggt aactgtggcc tgtgcccagg aagagccatt cactcctgccc	60 70
	<210> 1199 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1199 ctggacggag tagctccaag agctctact gtgacagccc acctcgctcg cagacaccac aagatacc	60 68

	<210> 1200			
	<211> 66			
	<212> ADN			
5	<213> Secuencia artificial			
	<220>			
	<223> Oligonucleótido sintético			
10	<400> 1200			
	aattttatga gggcacggg tctgtttcg actcagccctc agggacgact ctgacctctt	60		
	ggccac	66		
15	<210> 1201			
	<211> 63			
	<212> ADN			
	<213> Secuencia artificial			
	<220>			
20	<223> Oligonucleótido sintético			
	<400> 1201			
	gttgggacac agttggctcg cagtggccc aggacggct actcagcaca actgactgct	60		
	tea	63		
25	<210> 1202			
	<211> 68			
	<212> ADN			
	<213> Secuencia artificial			
30	<220>			
	<223> Oligonucleótido sintético			
	<400> 1202			
35	ccgaggtaa tccagcacgt atggggccaa gtgtaggctc ccagcaggaa ctgagagcgc	60		
	catgtctt	68		
	<210> 1203			
	<211> 82			
40	<212> ADN			
	<213> Secuencia artificial			
	<220>			
	<223> Oligonucleótido sintético			
45	<400> 1203			
	tcaacagaag gctgaaccac tagaaagact acagtcccg caccgacaat tccaagctcg	60		
	agtgtctcg caaaactctgt	tg		82
50	<210> 1204			
	<211> 73			
	<212> ADN			
	<213> Secuencia artificial			
55	<220>			
	<223> Oligonucleótido sintético			
	<400> 1204			
60	ctgaaggcaga tggttcatca tttcctgggc tggtaaaca agcgaggta aggttagact	60		
	cttggaaatc age	73		
	<210> 1205			
	<211> 75			
	<212> ADN			
65	<213> Secuencia artificial			

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1205		
	gaggcaactg ettatggett aatitagtea gatgcggcca tgactgtcgc tgtaaagatg	60	
	ctcaagccga gtgee	75	
10	<210> 1206		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1206		
	caagagcaga gccaccgtag ccggagtcct agcctccaa attcgaaat ccaatccaac	60	
	ggctca	67	
20	<210> 1207		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1207		
	gtgactgcac aggactctgg gttcctgctc tggctgggg tccaaacctt ggttccctt	60	
30	tggctct	67	
	<210> 1208		
	<211> 65		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1208		
	ttagctgtga gctgcggata ccgcggca atggacactg ctcttaacct caaacctagg	60	
	accgt	65	
45	<210> 1209		
	<211> 70		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1209		
	gcggtatca gaaattcaac cttagaaacc gagcggaaac gggaaatcgc aagatgaagc	60	
55	cctctgtcgc	70	
	<210> 1210		
	<211> 67		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1210		
65	ctacgagtca gccccatccat ccatggctac cacttcgaca cagcctctcg taagaaagcc	60	
	gtggcga	67	

	<210> 1211	
	<211> 67	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1211	
	tgatgctgca gagaacttcc agaaaagcaca ccgctggcag gacaacatca aggaggaaga	60
	catcggt	67
15	<210> 1212	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1212	
	atccattcga tctcaccaag gtttggcctc acaaggacta ccctctcatc ccagttggta	60
	aactggtctt aaaccgga	78
25	<210> 1213	
	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1213	
35	gtggctcaac attgtgttcc catttcagct gatcagtggg cctccaagga ggggctgtaa	60
	aatggaggcc attg	74
	<210> 1214	
	<211> 78	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1214	
	aggggatggt ctctgtcatt tctctttgtt cataatacat tcacctccct gcctccctc	60
	ctttctaccc accccctt	78
50	<210> 1215	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1215	
60	gaacgcatca tccagagact gcagaggacc tcagccaaga tgaagcgccg cagcagttaa	60
	cctatgaccc tgccagg	78
	<210> 1216	
	<211> 77	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1216		
	agcagacagt ggtcagtcct ttctggctc tgctgacact cgagccaca ttccgtcacc		60
	tgctcagaat catgcag		77
10	<210> 1217		
	<211> 65		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1217		
	aggttctgag ctctggctt gccttggct tgccagggt ctgtgaccag gaaggaagt		60
	agcat		65
20	<210> 1218		
	<211> 84		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1218		
	ttcagggtgt tgccaggagac catgtacatg actgtctcca ttattgtatcg gttcatgcag		60
30	aataatttg tgcccaagaa gatg		84
	<210> 1219		
	<211> 76		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1219		
	cctctgtgct acagattata ccttgccat gtacccgcca tccatgtatcg ccacggcag		60
	cattggggct gcagtg		76
45	<210> 1220		
	<211> 85		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1220		
	ggtcaccaag aaacatcagt atgaaattag gaattgtgg ccacctgtat tatctgggg		60
	gatcagtgcct tgccattatca ttgaa		85
55	<210> 1221		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1221		
	cagactgaat ggggtgggg ggggcgcctt aggtacttat tccagatgcc ttctccagac		60
65	aaaccag		67

	<210> 1222	
	<211> 64	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1222	
	ggatgacatg cactcagctc ttggctccac tggatggga ggagaggaca agggaaatgt	60
	cagg	64
15	<210> 1223	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1223	
	ggagtggaaag gaactggaaa cattattccg tatacgcacc attcgtcat ttgagggaaat	60
	tcgttagatacc gcccataa	78
25	<210> 1224	
	<211> 77	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1224	
35	tccaaataat gccaccacca aggcggctgg tggccctg cagtcaacag ccagtcttt	60
	cgtggctca ctctct	77
	<210> 1225	
	<211> 67	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1225	
	gtgctggagt cggactaac ccaggccct tgcctcaatgt tccactgctg cctcttgaat	60
	gcaggaa	67
50	<210> 1226	
	<211> 90	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1226	
60	atcaccgaca gcacagacag aatccctgct accaatatgg actccagtca tagtacaacg	60
	cttcagccca ctgcaatcc aaacacaggt	90
	<210> 1227	
	<211> 78	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
5	<400>	1227		
	gacgaagaca	gtccctggat	caccgacacgc	acagacagaa
	gacacattcc	accccagt		cagagaccaa
10	<210>	1228		
	<211>	78		
	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
15	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
20	<400>	1228		
	ctcataccag	ccatccaatg	caaggaagga	caacaccaag
	ctgatttctt	caacccaa		cccagaggac
			agttcctgga	
25	<210>	1229		
	<211>	74		
	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
30	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
	<400>	1229		
	tggttccag	ccctgtgtcc	acctccaagc	ccagatttag
	ccagggtgga	ggag		attcgagtca
			tgtacacaac	
35	<210>	1230		
	<211>	84		
	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
40	<400>	1230		
	gtgcaggctc	aggtaaagt	ctgcggctgg	gtcagcttct
	gagctcatga	atcgccctga	acaactggac	agacaacgct
				ggtc
45	<210>	1231		
	<211>	68		
	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
50	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
	<400>	1231		
	tggattggag	ttctggaaat	gtactggccg	tggcactgga
	gtgcaagc		caacagtgt	tacctgtgga
55	<210>	1232		
	<211>	71		
	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
60	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
	<400>	1232		
	tcttgctggc	tacggcctt	ctgtccctgt	tagacgtcct
	ccacaatgca	q	ccgtccatat	cagaactgtg
65				

	<210> 1233	
	<211> 67	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1233	
	ggtgagcaga agtggcctat atcgctcccc gtcgatgcc gagaacttga acaggccaag	60
	actgaag	67
15	<210> 1234	
	<211> 77	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1234	
	gcagtcgcgt gtgtcaata tgcgttcagg aggggttta gtggagcata tgattttatg	60
	gtaaagggtt gggatcc	77
25	<210> 1235	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1235	
35	gagctgaaag acgcacactg tcagaggaaa ctggccatgc aggaattcat ggagatcaat	60
	gagcggc	67
	<210> 1236	
	<211> 67	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1236	
	cgggagaaggg caccagtaag ctgccaaga gcctgtcatc cagccccgtg aagaaggcca	60
	atgacgg	67
50	<210> 1237	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1237	
60	gtcggcagaa gcaggactg taccttctgc ccatagtat cagcgatggc ggcatccgc	60
	ccatgatgt	70
	<210> 1238	
	<211> 71	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1238 acccatgtac cgtcctcggc cagccaaacc agatgaaatc ggcaactta taattgagaa cctgaaggcg g	60 71	
10	<210> 1239 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1239 cctcccatc agcacagttc gtgagggtggc ttactgagg cgactggagg ctttgagca tcccaa	60 66	
20	<210> 1240 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
25	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1240 aagccctatc cgatgtaccc ggccacaaca tccctggta acgtcgtgcc caaactcaat gccacag	60 67	
30	<210> 1241 <211> 70 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
35	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1241 tggatctcta ccagcaatgt ggaattatca cccatcatca tccaatcgca gatggaggga tcctgacat	60 70	
40	<210> 1242 <211> 71 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220>		
50	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1242 acttgcctgt tcagagcact cattcctcc caccccaagt cctgcctat cactctaatt cggatttgc a	60 71	
55	<210> 1243 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1243 ttggtttgc tcggatactt gccaaaatga gactctccgt cggcagctgg gggaaagggtc tgagac	60 66	

	<210> 1244	
	<211> 77	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1244	
	tgacaatcg cacacccgtca ttccaccgtc ggaagaggcc ctgagctgca tgaataagga	60
	tcacggctgt agtcaca	77
15	<210> 1245	
	<211> 63	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1245	
	taaattcact cgtgggtgtgg acttcaattg gcaagccag gcccttattgg ccctacaaga	60
	ggc	63
25	<210> 1246	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1246	
35	ctgaaggagc tccaagacct cgctctccaa ggcccaagg agagggcaca tcagcagaag	60
	aaacacacgacg gtttg	76
	<210> 1247	
	<211> 69	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1247	
	ccagaatgca cgctacagga aaaccattc ttctccacgc cgggtgcccc aataactcag	60
	tgcatggc	69
50	<210> 1248	
	<211> 80	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1248	
60	ccaccatagg cagaggcagg ccctcctaca ccctactccc tgtgcctcca gcctcgacta	60
	gtcccttagca ctcgacgact	80
	<210> 1249	
	<211> 72	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400>	1249	
	gaggccagtg	gtggaaacag	60
	gtgtggagct	gatgagtcgt	72
	tgtggcctcg	ga	
10	<210>	1250	
	<211>	76	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1250	
	agagaagtgg	tccctctgtg	60
	gcaagtgtat	aagtctccag	76
	acagaaagac	tgcgtc	
20	<210>	1251	
	<211>	66	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1251	
	agaatgggtg	tgaaggcgctc	60
30	tcaaacaggc	tttgtggtcc	66
	tctgca	tggtgctgct	
	<210>	1252	
	<211>	62	
	<212>	ADN	
35	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400>	1252	
	ggctggacgt	gtgtttgtct	60
	gctgcgccc	ctcttcgcgc	62
	tctcgttca	ttttctgcag	
	eg		
45	<210>	1253	
	<211>	72	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1253	
	ggctgtttg	ctgcaactgt	60
	ccaccccgca	cagacaagcc	72
	ctgccccgtc	ttactccgcc	
55	tg	aagtattctg	
	<210>	1254	
	<211>	68	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
60	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1254	
	cggtaacttga	gcaatgccta	60
65	cggccggaa	gaattegett	68
	ccacctgtcc	ccacctgtcc	
	gagatgtat	agatgtat	
	gagatgtat	gagatgtat	

	<210> 1255	
	<211> 76	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1255	
	ccccaggata cctaccacta cctgccttc agccctgcccc accggaggcc tcacttctc	60
	tttcccaagt cccgca	76
15	<210> 1256	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1256	
	aaatcgcagc ttatcacaag gcactcagtt accgagccac gtcacgccaa caacagggtt	60
	accaaca	67
25	<210> 1257	
	<211> 68	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1257	
35	gtggccatcc agctgacctt cctgcgcctg atgtccaccc aggcctccca gaacatcacc	60
	taccactg	68
	<210> 1258	
	<211> 80	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1258	
	cagccaagaa ctgttatagg agctccaagg acaagaaaaca cgtctggcta ggagaaaacta	60
	tcaatgcttg cagccagtt	80
50	<210> 1259	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1259	
60	ccttatcggc tggaacgagt tcatcctgca gccccatccac aaccctgctca tgggtgacac	60
	caaggag	67
	<210> 1260	
	<211> 81	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1260		
	cgacagttgc gatgaaagtt ctaatcttt ccctcctctt gttgctgcca ctaatgctga	60	
	tgtccatggc ctcttagcagc c	81	
10	<210> 1261		
	<211> 72		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1261		
	atgcccagtg ttccatgtttt cggaaacgctt ttctcacagg tttagctttt catcagcact	60	
	tgtatgggg ag	72	
20	<210> 1262		
	<211> 69		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1262		
	gatgtgattt aggtgcattt gaaacatgaa gagcggcagg atgaacatgg tttcatctcc	60	
30	aggaggatc	69	
	<210> 1263		
	<211> 78		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1263		
	aagtccatggaa attgcgtatca gatattgcag taccgattcc aaaagaccat cagttctaa	60	
	tcaagggttcca tgcatgtt	78	
45	<210> 1264		
	<211> 68		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1264		
	cagcaagaac tgcaacaaca gctttgttga atgctccatgc caaggccatg agaggcagtc	60	
55	cgaggat	68	
	<210> 1265		
	<211> 74		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1265		
65	tgccatgggtt gattgacagt cagatggaga cctcgatggcca aattacattt gagttttag	60	
	accaggaaaca gttt	74	

	<210> 1266	
	<211> 80	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1266	
	gagcacaacc aaacacctacga gtgcaggggcc cacaacagcg tggggagtgg ctccctggggc	60
	ttcataccacca tctctgcagg	80
15	<210> 1267	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1267	
	taccacacccc agcattccctc ctgatccag agaaatcgga tctgcgaaca gtggcaccag	60
	cctcttag	67
25	<210> 1268	
	<211> 64	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1268	
35	cctgaacatg aaggagctga agctgctgca gaccatcggg aagggggagt tcggagacgt	60
	gatg	64
	<210> 1269	
	<211> 76	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1269	
	gaggtaagt gcccgtacgg cgaggatcatg aagaagaaca tggatgttcat caagacctgt	60
	gcctgtccatt acaact	76
50	<210> 1270	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1270	
60	gctcacttcg gctaaaaatgc agaaaatgcat gctgtcagcg ttggatattc acattcaatg	60
	gagctga	67
	<210> 1271	
	<211> 80	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1271		
	gtacatgatc ccctgtgaga aggtgtccac cctgcccgcg atcacactga agctgggagg	60	
	caaaggctac aagctgtccc	80	
10	<210> 1272		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1272		
	tgtctcactg agcgagcaga atctggtgga ctgttcgcgt cctcaaggca atcagggtcg	60	
	caatggt	67	
20	<210> 1273		
	<211> 79		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1273		
	accaggcaat aacctaacag cacccattat aggtcaata tggccatata tctccattgt	60	
30	gtcttggctt ggagaacag	79	
	<210> 1274		
	<211> 68		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1274		
	ggagcaaaat cgtgcagtg ctccaagga tggaccacac agaggctgcc tctccatca	60	
	cttcccta	68	
45	<210> 1275		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1275		
	gagctacaga tgcccatgcc gattctcgaa aagccatgtt gccagagcca acgtcaagca	60	
	tctcaaaa	67	
55	<210> 1276		
	<211> 74		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1276		
	tgcgccttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac tgccccccag	60	
65	tatatgccgc attg	74	

	<210> 1277	
	<211> 72	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1277	
	tgaccgcttc taccccaatg acttgtgggt ggttgtgttc cagttcagc acatcatggt	60
	tggccttatac ct	72
15	<210> 1278	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1278	
	ccggagtgac tctatcacca acatgctgga cacactgatg caagccaaga tgaactcaga	60
	taatggcaat gctggc	76
25	<210> 1279	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1279	
35	tccttatagg tacttcagc cattggctt tgggccccgt ggctgtgcag gaaagtacat	60
	cgcctatggtg	70
	<210> 1280	
	<211> 71	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1280	
	ccagcttgt gcctgtcact attccatcg ccaccactgc caacacccct gtctgggct	60
	accacattcc c	71
50	<210> 1281	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1281	
60	tgctcattct tgaggagcat taaggtattt cgaaactgcc aagggtgctg gtgcggatgg	60
	acactaatgc agccac	76
	<210> 1282	
	<211> 67	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1282		
	tgggggtct aggtgggtta actgtcacac tccctcaggc aggaccatgg aacacagcat		60
	ctttgggt		67
10	<210> 1283		
	<211> 75		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1283		
	aatatgcctc ctgcactgct ccgcggagtc cgaccgagga gttccagtga tcaagtggaa		60
	gaaagatggc attca		75
20	<210> 1284		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1284		
30	ggtcaccgtt ggtgtcatca cagtgcgtt agtggtcatc gtggctgtga ttgcacccg		60
	acgctc		66
	<210> 1285		
	<211> 74		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1285		
	atggagatgt ggtcattcct agtgattatt ttcatagatgt gggaggaagc aacttacgga		60
	tacttgggtt ggtg		74
45	<210> 1286		
	<211> 110		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1286		
55	gcccaccaa gactaaggaa tggccacccc gcccaagaga agctgcccgt ctttctcagc		60
	cagctctgag gggaccgcga tcaagaaaat ctccatcgaa gggAACATCG		110
	<210> 1287		
	<211> 68		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1287		
65	tccaaattcca gcatcactgt ggagaaaagc tgggtgtctc cccagcatac ttatcgcc		60
	tcactgcc		68

	<210> 1288	
	<211> 68	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1288 gattcagacg aggatgagcc ttgtgccatc agtggcaaat ggacttcca aaggcacagc aagaggtg	60 68
15	<210> 1289	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1289 cacggaggta taaggcagga gcctacctgg acatccctgc tcagcccccgc ggctggacct tcctct	60 67
25	<210> 1290	
	<211> 84	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1290 ctctgagaca gtgcttcgat gacttgca gacttggcc ctttgactcc tgggagccgc tcatgaggaa gttgggcctc atgg	60 84
35	<210> 1291	
	<211> 73	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1291 tggcactact gcatgattga catagagaag atcagggccat gacaatcgc caagctgaaa acaatgcgc agg	60 73
50	<210> 1292	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1292 aaatcgctgg gaacaagtgc cgtaattaa ggaaaagttg agccaggcg tgaccctcg cgtggacaga tacgcatt	60 78
60	<210> 1293	
	<211> 76	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1293 agacatcagc tcctggttca acgaggccat tgacttcata gactccatca agaatgctgg aggaagggtg tttgtc	60 76	
10	<210> 1294 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
20	<400> 1294 tggcacat ggaggagctg cgggagatgg actgcagtgt gctcaaaagg ctgtgaacc gggacgag	60 68	
25	<210> 1295 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
30	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
35	<400> 1295 actccctcta cccttgagca agggcagggg tccctgagct gttctctgc cccatactga aggaactgag gcctg	60 75	
40	<210> 1296 <211> 76 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
50	<400> 1296 ctgctggatg accttcctcc cagagtggct caccagaagc cccaacctca acaccagcaa ctggctgtac tggtt	60 76	
55	<210> 1297 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
65	<400> 1297 tgccacactgg acatcatttg ggtcaacact cccgagcacg ttgttccgtt tggacttgg agcccttaggt cca	60 73	
	<210> 1298 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1298 cgacaaggag tgcgtctact tctgccatt ggacatcatc tgggtgaaca ctcctgaaca gacagctct tacggcctg	60 79	

	<210> 1299	
5	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1299	
	ttccctcaaa ttgcctcaa gatggaaacc cttgcctca gggcatcctt ttggctggca	60
	ctggttggat gtgtaa	76
15	<210> 1300	
	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1300	
	actgtgaact gcctggtgca gtgtccacat gacaaagggg caggtgcac cctctctcac	60
	ccatgcgtg gt	72
25	<210> 1301	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1301	
35	cgagtggaga ctgggttct caaaccgggt atgggtgtca ccttgctcc agtcaacgtt	60
	acaacgg	67
	<210> 1302	
	<211> 66	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1302	
	atggactcca cagagccggc ctacagcgag aagcgctacg acgagatcgt caaggaagtgc	60
	agcgcc	66
50	<210> 1303	
	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1303	
60	ttgaacagag cctgaccaag agggatgagt tcgagttct ggagaaagca tcaaaactgc	60
	gaggaatctc aaca	74
	<210> 1304	
	<211> 76	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1304		
	gtcccccgtg cagatctcg acccggtcg accctttct cactgccc ccatggacaa	60	
	ctaccctaag ctggag	76	
10	<210> 1305		
	<211> 78		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1305		
	ccatgtggat gaatgagggtg ttcctttcc ataccagtc tcaccccttc cccaccctac	60	
	ctcacctctt ctcaaggca	78	
20	<210> 1306		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1306		
	ggcgggtgaag agtcacagtt tgagatggac atttaaagca ccagccatcg tgtggagcac	60	
30	taccaa	66	
	<210> 1307		
	<211> 71		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1307		
	tcgaggcaag gaagagcaag cacgcgttca gaggcaccca cctgtggag ttcatccggg	60	
	acatcctcat c	71	
45	<210> 1308		
	<211> 75		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1308		
	gctgtactt tgatgctccc ttgtgggtt ccagagagcc tccctgcagc caccagactt	60	
	ggcctccagc tgttc	75	
55	<210> 1309		
	<211> 68		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1309		
	caaggccgtg aacgagaagt cctgcaactg ctcctgctc aaagtcaacc agattggctc	60	
65	cgtgaccg	68	

	<210> 1310	
	<211> 75	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1310 agccccagca actacagtct gggatgcca a ggc caggccat gatgtcagtg gcccagcatg gtcaacctt gaaca	60 75
15	<210> 1311	
	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1311 gggcctcca gaacaatgat gggctttagt atcctgactg cgatgagagc gggcttta aggccaagca gtgca	60 75
25	<210> 1312	
	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1312 cgccctgtca ccaagattga caccattgcg cccgatgaga tcaccgtcg cagcgactc gaggcacgcc ac	60 72
35	<210> 1313	
	<211> 66	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1313 caaccagcca gctccatcg cagtgtccat catgcatcg gtgagccgca ccgtggacag cattac	60 66
45	<210> 1314	
	<211> 77	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1314 tgaacggggatcccttta ggcacggggc ccgtcccatt tgagcctgtc aatgtcacca ctgaccgaga ggtacct	60 77
55	<210> 1315	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1315		
	tggccatcg ccagttatca catctgtatg cggaacctca aaagagtccc tgggtgtgaag	60	
	caagatcgct agaaca	76	
10	<210> 1316		
	<211> 86		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1316		
	tggctctaa tcagttcgt tacctgcctc tggagaattt acgcattatt cgtggacaa	60	
	aacttatga gatatcgat gcctg	86	
20	<210> 1317		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1317		
	gtccagggtgg atgtgaaaga tccccagcag gccctcaagg agctggctaa gatgtgtatc	60	
30	ctggccg	67	
	<210> 1318		
	<211> 70		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1318		
	ccaacactag gctccccacc agccatatgc cttctcatct gggcacttac tactaaagac	60	
	ctggcgagg	70	
45	<210> 1319		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1319		
	ggcattgagc ctctctacat caaggcagag ccggccagcc ctgacagtcc aaagggttcc	60	
55	tcggaga	67	
	<210> 1320		
	<211> 66		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1320		
65	gtcactccgc caccgtagaa tcgcctacca ttgggtgcaa gcaaaaagca atcagcaatt	60	
	ggacag	66	

	<210> 1321	
	<211> 70	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1321	
	accccccagac cggatcaggc aagctggccc tcatgtcccc ttacacggtgt ttgaggaagt	60
	ctgcctaca	70
15	<210> 1322	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1322	
	ccagcaccat ttttgaagat cccagacca agtgtgaata catgctcaac tcgatgccca	60
	agagact	67
25	<210> 1323	
	<211> 68	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1323	
35	cgtgggccct ctctatgacc tgctgctgga gatgctggac gcccaccgcc tacatgcgcc	60
	cactagcc	68
	<210> 1324	
	<211> 67	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1324	
	accatgtatc gagagggggcc cccttaccag aggcgagggtt cccttcagct gtggcagttc	60
	ctggtca	67
50	<210> 1325	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1325	
60	tggaaacagc gaaggataca gcctgtcac atcctgactt ctgtgagctc attgcgcggg	60
	actaggagttt gttcggtt	78
	<210> 1326	
	<211> 73	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1326		
	gtgaaggatg tgaagcagac gtactggca cgggtttct cctaccggc agggaatgtg	60	
	gagagcaccg gtt	73	
10	<210> 1327		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1327		
	ctgaccagaa ccacggctta tccggccgt ccacgaacca ctatacacc cacatgaccc	60	
	acttcc	66	
20	<210> 1328		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1328		
	gcctcttctt gttcgacggc tcgcccacct acgtactggc ctacacccag agctaccgg	60	
30	caaagc	66	
	<210> 1329		
	<211> 80		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1329		
	gagggactgt tggcatgcag tgccctccca gagaccaacg ttcaagcagt tggtagaaga	60	
	cttggatcga attctcactc	80	
45	<210> 1330		
	<211> 81		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1330		
	ctggcttaag gatggacagg ccttcatgg ggagaaccgc attggaggca ttggctgcg	60	
	ccatcagcac tggagtctcg t	81	
55	<210> 1331		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1331		
	ccagtggagc gttccatga cctgcgtcct gatgaagtgg ccgattgtt tcagacgacc	60	
65	cagagag	67	

	<210> 1332	
	<211> 66	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1332	
	gacatctgcg ctccatcctc gggaccctga cagtggagca gatftatcg gaccgggacc	60
	agtgg	66
15	<210> 1333	
	<211> 69	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1333	
	ggaagtgaca gacgtgaagg tcaccatcat gtggacaccg cctgagagtg cagtgaccgg	60
	ctaccgtgt	69
25	<210> 1334	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1334	
35	cgagccctt gatgacttcc tggcccttcc atcatccagg cccagtggct ctgagacagc	60
	ccgctcc	67
	<210> 1335	
	<211> 66	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1335	
	gagaacaagc agggctggca gaacagcatc cgccacaacc tctcgctaa cgagtgcctc	60
	gtcaag	66
50	<210> 1336	
	<211> 83	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1336	
60	tgaagtccag gacgatgtat cgcctctc gcccattgtac cagcagct cagccagcct	60
	gtcacctca gtaagcaagc cgt	83
	<210> 1337	
	<211> 70	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1337 cgacagagct tgtcaccta agctgcagac caagccttg cccagaattt aaggattcca atggacgacc	60	70
10	<210> 1338 <211> 66 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1338 ctgttgctg tccggaggca cctgtgggtt agccatggaa acagcacatt cccagagttc ctccac	60	66
20	<210> 1339 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
25	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1339 ccagctgcta ctttgacatc gagtggcgtg accggcgtt cacactgagg gcgtccatg gcaagttgtt gacc	60	74
30	<210> 1340 <211> 80 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
35	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1340 ggataattca gacaacaaca ccatcttgtt gcaaggcctg ggtgagaatg ttacaattga gtctgtggctt gattacttca	60	80
40	<210> 1341 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1341 gaagcgcaga tcatgaagaa gctgaagcac gacaagctgg tccagctcta tgcaatgggt tctgaggag	60	69
50	<210> 1342 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
55	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1342 tcagcagcaa gggcatcatg gaggaggatg aggcctgcgg gcccgtac acgctcaaga aaaccacc	60	68
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
65	<400> 1342 tcagcagcaa gggcatcatg gaggaggatg aggcctgcgg gcccgtac acgctcaaga aaaccacc	60	68

	<210> 1343	
5	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1343	
	tgttgtgagg gaaggggctgg ggctctgagc cagattccac acctcacgtt cagtcacagc	60
	cctcagctat cttc	74
15	<210> 1344	
	<211> 73	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1344	
	tgctggta cgaatccaca ttcatctcaa tggaggatc ctgccttaag tcaacttatt	60
	tgttttgcc ggg	73
25	<210> 1345	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1345	
35	accctcgaca agaccacact ttgggacttg ggagctgggg ctgaagttgc tctgtaccca	60
	tgaactccca	70
	<210> 1346	
	<211> 74	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1346	
	attccaccca tggcaaattc catggcaccg tcaaggctga gaacgggaag ctgtcatca	60
	atggaaatcc catc	74
50	<210> 1347	
	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1347	
60	caaaggagct cactgtggtg tctgtgttcc aaccactgaa tctggacccc atctgtgaat	60
	aagccattct gactc	75
	<210> 1348	
	<211> 73	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1348		
	ttggaaata ttgggcatt ggtctggcca agtctacaat gtcccaatat caaggacaac		60
	caccctagct tct		73
10	<210> 1349		
	<211> 83		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1349		
	gcatggaaac catcaaccag caggccatgg accaacttca ctatgtaca gagctgacag		60
	atcgaatcaa ggcaaactcc tea		83
20	<210> 1350		
	<211> 85		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1350		
	tgtagaatca aactcttcat catcaactag aagtgcagtt gacatggct gttcagtcct		60
30	tggagttgca cagctggatt ctgtg		85
	<210> 1351		
	<211> 72		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1351		
	cgctccagac ctatgtac ttgttagcca aagactgcc ctgcataatga gcagtcctgg		60
	tccttccact gt		72
45	<210> 1352		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1352		
	gatcccaagg cccaactccc cgaaccactc agggtcctgt ggacagctca cctagctgca		60
55	atggct		66
	<210> 1353		
	<211> 68		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1353		
	gttcactggg ggtgtatggg gtagatgggt ggagagggag gggataagag aggtgcattgt		60
65	tggattt		68

	<210> 1354	
	<211> 74	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1354	
	tgtcatgtac gacggcttct ccatgcagcg gctggtaag tgcaacgcct ggccttgtcc	60
	caacactgtg gact	74
15	<210> 1355	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1355	
	gttcgctacg aggattgagc gtctccaccc agtaagtggg caagaggcgg caggaagtgg	60
	gtacgca	67
25	<210> 1356	
	<211> 68	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1356	
35	ttctggacct gggacacctag gagccgggtg acagcactaa ccagacctcc agccactcac	60
	agctcttt	68
	<210> 1357	
	<211> 70	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1357	
	cgtgcctcta caccatcttc ctctcccca tcggcttgtt gggcaacatc ctgatccctgg	60
	tggtaacat	70
50	<210> 1358	
	<211> 66	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1358	
60	agtacaagca ggctgccaag tgccctcgc tggctccct tgatcactgt gactccctg	60
	agctgc	66
	<210> 1359	
	<211> 67	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1359		
	gcttatgacc gaccccaagc tcataccctg gtctccggtg tgtcgcaacg atgttgccctg	60	
	gaacttt	67	
10	<210> 1360		
	<211> 75		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1360		
	cacacagatc tcctactcca tccagtcctg aggagccta ggaatgcagca tgccttcagg	60	
	agacactgct ggacc	75	
20	<210> 1361		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1361		
	ctgagtggtgg ttgcggatc ctggcctcc cgtgtAACCA gttcggaaag caggagccag	60	
30	ggagta	66	
	<210> 1362		
	<211> 67		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1362		
	ccatctgcat ccatctgtt tggctcccc acccttgaga agtgccttag ataataccct	60	
	ggtgggcc	67	
45	<210> 1363		
	<211> 71		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1363		
	cagatgacaaat tggccacaat gctctcttg gtttctctgg gaattgtgtt ggctgtggaa	60	
55	agaaaaggctt c	71	
	<210> 1364		
	<211> 73		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1364		
	tgcttagtg cggtaaaacc agcgctgtc cgatgcaccc ttgcgtggt aaactgacgc	60	
65	attcaggctc ttg	73	

	<210> 1365	
	<211> 64	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1365	
	ccccaggcac cagcttact ccccgagccc agcaggacat ctgcataaa cacacagccg	60
	aagt	64
15	<210> 1366	
	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1366	
	tgccccaag acactgtgt tgacctgatc cagagtaagt gcctctcaa ggagaacgct	60
	accacggacc tc	72
25	<210> 1367	
	<211> 86	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1367	
35	aagctatgag gaaaagaagt acacgatggg ggacgctctt gattatgaca gaagccagtg	60
	gctgaatgaa aaattcaagc tggccc	86
	<210> 1368	
	<211> 71	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1368	
	ctggctgtg aggctgagag tgaatctgct ttacgagggt aggcggggaa tcagaaaagg	60
	agcagattcg c	71
50	<210> 1369	
	<211> 68	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1369	
60	ctgcaggcac tccctgaaat gctgaagct tactcacagt ttctggggaa gcagccatgg	60
	ttcttg	68
	<210> 1370	
	<211> 76	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1370		
	caatgccatc ttgcgttaca tcgctcgcaa gcacaacatg tgtggtgaga ctgaagaaga	60	
	aaagattcga gtggac	76	
10	<210> 1371		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1371		
	ccacatcccc accctgtctt ccacagccgc ctgaaagcca caatgagaat gatgcacact	60	
	gaggcc	66	
20	<210> 1372		
	<211> 73		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1372		
30	cccaactagt agccaagtca caatgtttgg aaaacagccc gtttacttga gcaagactga	60	
	taccacctgc gtg	73	
	<210> 1373		
	<211> 70		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1373		
	ccaaacgtgt aacaattatg cccaaagaca tccagctgc acgcccata cgtggagaac	60	
	gtgcttaaga	70	
45	<210> 1374		
	<211> 74		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1374		
55	caagtaccac agcgatgact acatcaaattt ctgcgttcc atccgtccag ataacatgtc	60	
	ggaggtacagc aagc	74	
	<210> 1375		
	<211> 66		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1375		
65	tcctgtgtc tggaaaggccct tgagcccttc tgggagggttc ttgtgagatc aactgagacc	60	
	gtggag	66	

	<210> 1376	
5	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1376	
	cggtgtgaga agtgcagcaa gccctgtgcc cgagtggtct atggctctggg catggagcac	60
	ttgcgagagg	70
15	<210> 1377	
	<211> 68	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1377	
	gaaagatagc tcgcggcatt ccaagctgga gaaggcggac attctggaaa tgacagtgaa	60
	gcacccctc	68
25	<210> 1378	
	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1378	
35	caggacacaa gtgccagatt gcgggctggg gccacttggta tgagaacgtg agcggctact	60
	ccagctccct gc	72
	<210> 1379	
	<211> 73	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1379	
	tccatgatgg ttctgcagggt ttctgcggcc ccccgacag tggctctgac ggcgttactg	60
	atggtgctgc tea	73
50	<210> 1380	
	<211> 71	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1380	
60	tggcctgtcc attgggtatg ttgcgaagaa actgggagag atgtgaaata acactgctgc	60
	agatgacaag c	71
	<210> 1381	
	<211> 73	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1381		
	tccaggatgt taggaactgt gaagatggaa gggcatgaaa ccagcgactg gaacagctac		60
	tacgcagaca cgc		73
10	<210> 1382		
	<211> 84		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1382		
	agcaggaggcg accaactgat cgcacacatg cttgttgg atatggagtg aacacaatta		60
	tgtaccaaat ttaacttggc aaac		84
20	<210> 1383		
	<211> 68		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1383		
30	gcagcagtcg gcttctctac gcagaacccg ggagtaggag actcagaatc gaatctttc		60
	tccctccc		68
	<210> 1384		
	<211> 69		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1384		
	agtgcacatgg gacaatgca agaatgaact ccttcgttga atacccata cttgcgttg		60
	gcgactcg		69
45	<210> 1385		
	<211> 78		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1385		
55	tcccttgtt cccttctgtg aagaagccct gttctcggt ccctaattca tcttttaatc		60
	atgagcctgt ttattgcc		78
	<210> 1386		
	<211> 71		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1386		
65	cgtgccttat ggttactttg gaggcgggtt ctactcctgc cgagtgtccc ggagctcgct		60
	gaaaaccctgt g		71

	<210> 1387	
	<211> 68	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1387	
	cagcctcaag ttccggtttc gctaccggag ccttcccaga acaaacttct tgtgcgttg	60
	cttccaaac	68
15	<210> 1388	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1388	
	ctggaccgcg cggacatcca cacccacccac cgcttctacc aataccgcg ccacagcaag	60
	caagtcttc gcgaggcg	78
25	<210> 1389	
	<211> 68	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1389	
35	gctttccaag tgggaattt aagtgcgttc catccaacct ggaggcttcc taacaaatat	60
	cgcaggca	68
	<210> 1390	
	<211> 77	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1390	
	cagtctcgcc atgttgaagt cagaatggcc tgtattcact atcttcgaga gaacagagag	60
	aaatttgaag cgtttat	77
50	<210> 1391	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1391	
60	ctgctgcgac agtccactac cttttcgag agtgactccc gttgtcccaa ggcttccag	60
	agcgaacctg	70
	<210> 1392	
	<211> 63	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1392 ggtccgcttc 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 ttttgtggag gttcacaagt ctgagaaaaa tgaggagcca atggaaacag at	60	72
20	<210> 1394 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
25	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1394 ggcttagaga actggatccc aacaccaaac tcttaattag acctaggcct cagctgcact gccccaaaag catttggca gacc	60	84
30	<210> 1395 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
35	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1395 cctccctctg gtgggtcttc ctcagggccc accattgaag aggttgatta agccaaaccaa gtgttagatgt age	60	73
40	<210> 1396 <211> 84 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1396 ccgactggag gacgataaaa gcgcagccga gcccagcgcc ccgcacttt ctgagcagac gtccagagca gagtcagcca gcat	60	84
50	<210> 1397 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
55	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1397 gaataccaca ctttctgcta caacactggg ctatggagag gacgcccacgc ctggcacagg gtatacaggg ttagtgc当地 tcc	60	83
60	<210> 1397 <211> 83 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
65	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1397 gaataccaca ctttctgcta caacactggg ctatggagag gacgcccacgc ctggcacagg gtatacaggg ttagtgc当地 tcc	60	83

	<210> 1398	
	<211> 68	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1398	
	gcagacatgt accatctaca gctttccggc gcccaacgtg attctgacga agccagagg	60
	ctcagaag	68
15	<210> 1399	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1399	
	agaaccgcaa ggtgagaag gtggagattc tccagcacgt catcgactac atcagggacc	60
	ttcagttgaa	70
25	<210> 1400	
	<211> 83	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1400	
35	tggcctggct ctaaattgc ttttgttg cccagtatac actcggaaat aacagttata	60
	gctagtggtc ttgcatgatt gca	83
	<210> 1401	
	<211> 74	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1401	
	ggtggagagt ggagccatga ccaaggacct ggcgggctgc attcacggcc tcagcaatgt	60
	gaagctgaac gage	74
50	<210> 1402	
	<211> 83	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1402	
60	gcatggtagc egaagattt acagtcaaaa teggagattt tggatgacg egagatatt	60
	atgagacaga ctattaccgg aaa	83
	<210> 1403	
	<211> 72	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400>	1403	
	ccgtgcttc	ggacaacttc cccagatacc ccgtggcaa gttttccaa tatgacacct	60
	ggaaggcagtc	ca	72
10	<210>	1404	
	<211>	77	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1404	
	tgaaccgcag	agaccaacag aggaatccag gcacctctac cacgcccctcc cagcccaatt	60
	ctgcgggtgt	ccaagac	77
20	<210>	1405	
	<211>	68	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1405	
30	gggtcactat	ggagttcaaa ggacagaact cctgcctgggt gaccgggaca acctggccat	60
	tcagaccc		68
	<210>	1406	
	<211>	66	
	<212>	ADN	
35	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400>	1406	
	gcctccata	gctccttacc ccagccctac aegaaaggae ctgcttctcc acatgcaaga	60
	getetg		66
45	<210>	1407	
	<211>	70	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1407	
55	aaggaaccat	ctcaactgtgt gtaaacatga cttccaagct ggccgtggct ctctggcag	60
	ccttcctgtat		70
	<210>	1408	
	<211>	79	
	<212>	ADN	
60	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1408	
65	ggcgctgtca	tcgatttctt ccctgtgaaa acaagagcaa ggccgtggag caggtgaaga	60
	atgccttaa	taagctcca	79

	<210> 1409	
	<211> 66	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1409	
	tggaaaggttc cacaagtacac cctgtgatca acagtacccg tatgggacaa agctgcaagg	60
	tcaaga	66
15	<210> 1410	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1410	
	accctctggt ggttaaatgga cattttccta catcggcttc cctgttagagc tgaacacagt	60
	ctatttcatt ggggcc	76
25	<210> 1411	
	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1411	
35	ggcctaattgt tccagatcct tcaaagagtc atattgccca gtggtcacct cacactcctc	60
	caaggcacaa tttt	74
	<210> 1412	
	<211> 66	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1412	
	actttccctgc gaggtcagtc aaggcttgg gggctctgtt ttgaatgtgg atcaccactc	60
	ggagtt	66
50	<210> 1413	
	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1413	
60	gtgcccggcgc catatagcag gcacgtccgg gtcctcactg tccttccact caacagtcat	60
	caaccactac eg	72
	<210> 1414	
	<211> 69	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1414		
	agtccagccg agatgetaaag agcaaggcca agaggaagtc atgtggggat tccagccctg		60
	ataccttct		69
10	<210> 1415		
	<211> 74		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1415		
	ccacagctca ccttctgtca ggtgtccatc ccagctccag ccagctccca gagaggaaga		60
	gactggcact gagg		74
20	<210> 1416		
	<211> 77		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1416		
	ccatgatccct cactctgctg gtggactata cactccagac ctgcgttagc atggtaaattc		60
30	accggctaca aagette		77
	<210> 1417		
	<211> 66		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1417		
	caacgcttca gtgtatcaatc ccggggcgat ttacagatgc aggatcgaa agaatcccg		60
	ccagac		66
45	<210> 1418		
	<211> 75		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1418		
	aggccagccc tacatttatca gagcaagagc cgatagagg acaaggctca gatcttgctg		60
	gactgtggag aagac		75
55	<210> 1419		
	<211> 69		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1419		
	cagtgcacaaa cagcccttcc aacccaagga atcccacaaa agatggcgat gacgccccatg		60
65	aggctaaac		69

	<210> 1420	
	<211> 79	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1420	
	actcggactg cacaagctat tttgatgac agctatttgg gttattctgt ggctgtcgga	60
	gattcaatg gtgatggca	79
15	<210> 1421	
	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1421	
	tcagaattgg atttggctca ttgtggaaa agactgtgat gccttacatt agcacaacac	60
	cagctaagct cagg	74
25	<210> 1422	
	<211> 78	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1422	
35	accggggagc cctacatgac gaaaataacct gcaaccgtta ctgccgtgac gagattgagt	60
	cagtgaaaga gcttaagg	78
	<210> 1423	
	<211> 66	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1423	
	caaggtgcc tcagtggagc tcaccaacct gtaccgtat tgcgactatg agatgaaggt	60
	gtgcgc	66
50	<210> 1424	
	<211> 71	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1424	
60	tcgtgaaaga tgaccaggag gctgtgtat gtttctacaa aaccgccaag gactgcgtca	60
	tgtatgtcac c	71
	<210> 1425	
	<211> 69	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400> 1425		
	tggcttacac tggcaatggt agtttctgtg gttggctggg aaatcgagtg ccgcacatctca		60
	cagctatgc		69
10	<210> 1426		
	<211> 70		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1426		
	ctgtcagctg ctgcttgggg tcaaggacca cgccctctga acgtccccctg ccccttacg		60
	gacacccctt		70
20	<210> 1427		
	<211> 80		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1427		
	cggactttgg gtgcgacttg acgagcggtg gttcgacaag tggccttgcg ggccggatcg		60
30	tcccgagtgg aagatgttaa		80
	<210> 1428		
	<211> 67		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400> 1428		
	aagcccgagg cactcattgt tgccctcaa gctgccaatg aagaccttag gaccaagctc		60
	acagaca		67
45	<210> 1429		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1429		
	gctggggaggc aggacttccttcaaggcc atgctgacca tcagctggct cactctgacc		60
55	tgcttc		66
	<210> 1430		
	<211> 69		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400> 1430		
	gagctccatg gctcatcccc agcagtgagc tcagaggaat gcacacccag taggattcag		60
65	tgggtgtga		69

	<210> 1431	
	<211> 67	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1431	
	tctcttgcaag gaagccagac aacagtcaatg ggcccatcaatcaggcttgaattggc	60
	cctacgg	67
15	<210> 1432	
	<211> 73	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1432	
	aattcctgcgtccaaagaaaa gtcattcgaag ccgttccact cgcatgtcca ctgttcaga	60
	gcttcgcatac acg	73
25	<210> 1433	
	<211> 66	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1433	
35	caccccggttcaacaacag cttcccaacaaagaccacc gcaatgacatcatgtgggt	60
	aagatg	66
	<210> 1434	
	<211> 78	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1434	
	gacgtgaggg tccgttattccctggttt accccagcttcatcctgca tcactggggag	60
	ggacgtatg agtggaga	78
50	<210> 1435	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1435	
60	catcctcatg gattgggttg ttctgttacaacagtcatca tccatgggtg acaatgaatgtttggc	60
		67
	<210> 1436	
	<211> 77	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1436		
	ccacacctgcc atgattttc ctttgaccgg gtattccac caggaagtgg acaggatgaa	60	
	gtgttgaag agattgc	77	
10	<210> 1437		
	<211> 71		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1437		
	atgtgccagt gagcttgagt ccttggagaa acacaagcac ctgctagaaa gtactgttaa	60	
	ccaggggctc a	71	
20	<210> 1438		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1438		
	tgatggtcca aatgaacgaa ttggcatggt ggtgaaaaca ggagttgtgc cccaaacttgt	60	
30	gaagctt	67	
	<210> 1439		
	<211> 66		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1439		
	cttgctggcc aatgcctaca tctacgttgt ccagctgcca gccaaatgcc tgactgcccga	60	
	caatca	66	
45	<210> 1440		
	<211> 73		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1440		
	cagatgaggc acatggagac ccaggccaag gacctgagga atcagttgtcaactaccgt	60	
	tctgccattt caa	73	
55	<210> 1441		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1441		
	ctcctggcca acagcactgc actagaagag gccatgctcc aggaacagca gaggctgggc	60	
65	cttgtgt	67	

	<210> 1442	
	<211> 66	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1442	
	caaggagact gggaggtgtc tcaagtgcct gtaccacacg gaaggggaac actgtcagtt	60
	ctgccc	66
15	<210> 1443	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1443	
	actgaccaag cctgagacct actgcaccca gtagggcag tggcagatga aatgctgcaa	60
	gtgtgac	67
25	<210> 1444	
	<211> 80	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1444	
35	actcaagcgg aaattgaagc agataggct tatcagcaca gtctccgcct cctggattca	60
	gtgtctcggc ttcaaggagt	80
	<210> 1445	
	<211> 67	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1445	
	agcgatgaag atggtcgcgc cctggacgcg gttctactcc aacagctgct gcttgcgtc	60
	ccatgtc	67
50	<210> 1446	
	<211> 69	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1446	
60	agcgaaaaat ggcagacaat tttcgctcc atgatgcgtt atctgggtct gggaaacccaa	60
	accctcaag	69
	<210> 1447	
	<211> 67	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1447		
	gcttcagggt ttgtgactgc agtgcctccc tgtcgacca gtactatgag aaggatggc	60	
	agctctt	67	
10	<210> 1448		
	<211> 71		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1448		
	tgaacagtaa tggggagctg taccatgagc agtgttcgt gtgcgcctcg tgctccagc	60	
	agtcccaga a	71	
20	<210> 1449		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1449		
30	tgcaaacgct ggtgtcacag ccagcccccc aactgaccc tcatggaaaga accagaactc	60	
	gtgggg	66	
	<210> 1450		
	<211> 66		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1450		
	ccaaatggag aacaacgggc aggtgttcag ctgtctgagc ctgggctcac agtaccagcc	60	
	tcagcg	66	
45	<210> 1451		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1451		
	ctgcaacacc gaagtggact gttactccag gggacaagcc ttccacccccc agcctgtgc	60	
55	cagagac	67	
	<210> 1452		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1452		
65	agaccaagct ggaagcagag aagtgaaag tgcaggccct gaaggaccga ggtcttcca	60	
	ttcctc	66	

	<210> 1453	
	<211> 67	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1453	
	acatccagg ctctgtggc cgcaaggggg gtgcctaaac acagagggtt cttccattg	60
	tgtctgc	67
15	<210> 1454	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1454	
	gacctggcct tgctgaagaa tctccggagc gaggaacaga agaagaagaa ccggaagaaa	60
	ctgtccg	67
25	<210> 1455	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1455	
35	agaagctgtc cctgcaagag caggatgcag cgatttgaa gaacatgaag tctgagctgg	60
	tacggct	67
	<210> 1456	
	<211> 75	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
45	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1456	
	gactttgcc cgcttacccattt cattccggcg tgacaacaat gagctgttgc tcttcatact	60
	gaaggcgtta gtggc	75
50	<210> 1457	
	<211> 70	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1457	
60	aggatgcct gtcagaagag gagacccggg ttgtctccg ttagatagta tctgctgttgc	60
	cttatgtgca	70
	<210> 1458	
	<211> 69	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1458 gtgaaatgaa acgcaccaca ctggacagcc ctttggggaa gctggagctg tctggttgtg agcagggtc	60	69
10	<210> 1459 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1459 acggatctac cacaccattg catatttgc acccctccc cagccaaata gagcttgag ttttttgtt ggatatgga	60	79
20	<210> 1460 <211> 72 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
25	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1460 gggagatcat cgggacaact ctccttga tggacctgga ggaaatcttgc tcatgctt tcaaccaggc cc	60	72
30	<210> 1461 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
35	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1461 ccaaacgctg ccaaattctg acaattcaga accagctctc tgtgacccca atttgagtt tgatgctgtc actaccgt	60	78
40	<210> 1462 <211> 86 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220>		
50	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1462 ccatgatgga gaggcagaca tcatgatcaa cttggccgc tggagcatg gcgatggata cccctttgc ggtaggacg gactcc	60	86
55	<210> 1463 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1463 ggatggtagc agtctaggga ttaacttcct gtatgtcactcatgaac ttggccattc ttgggtatggacattcc	60	79

	<210> 1464	
	<211> 79	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1464	
	tcacctctca tcttcaccag gatctcacag ggagaggcag atatcaacat tgctttac	60
	caaagagatc acggtgaca	79
15	<210> 1465	
	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1465	
	ccatacgtgc tgctaccgtg agatattggat gatgaaccat ggtttgcgttgcatt	60
	caaaccctta gg	72
25	<210> 1466	
	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1466	
35	cgagagtctg taggagggaa accgccatgg acgatcagggt tgccctcggt tgtaagacca	60
	ccaaataatcg gaacc	75
	<210> 1467	
	<211> 79	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1467	
	tcatgggcc cgtaatgct gtgtggcgta tgaagaccaa gacgtatcg gtggccacat	60
	tgaagaccaa agacaatcg	79
50	<210> 1468	
	<211> 91	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1468	
60	tcatccggc gatctacttc ctctggcaga acctagggtcc ctctgtcctg gctggagtcg	60
	ctttcatggt ctgtctgatt ccactcaacg g	91
	<210> 1469	
	<211> 70	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1469 tgagaaacaa actgcaccca ctgaactccg cagctagcat ccaaattcgc ctttgagatt tgaggccttg	60 70	
10	<210> 1470 <211> 73 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1470 gatgcagaat tgaggcagac ttacaagaa gatttacttc gtgcattccc agatcttaac cgacttgcca aga	60 73	
20	<210> 1471 <211> 69 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
25	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1471 gctcgtggtt ctgttgtcca gtcatcctag gagggtgatg ttgactgaga cttcacgctc tccctttgt	60 69	
30	<210> 1472 <211> 78 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
35	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1472 gaaggaatgg gaatcagtca tgagctaattc accctggaga tcagctcccg agatgtcccg gatctgactc taatagac	60 78	
40	<210> 1473 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220>		
50	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1473 gccgagatcg ccaagatgtt gccaggagg acagacaatg ctgtgaagaa tcactggaac tctaccatca aaag	60 74	
55	<210> 1474 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
60	<220> <223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1474 tggtttgag accacgatgt tgggagggtt tgttacagc actccagcca aaaaatacag cactggcatc attca	60 75	

	<210> 1475	
5	<211> 73	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1475	
	taactgacat tcttgaggcac cagatccggg ctgttccctt tgagaacctt aacatgcatt	60
	gtggcaagc cat	73
15	<210> 1476	
	<211> 83	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1476	
	cgagactctc ctcatagtgta aaggtatgtg tcagccatga ccacccggc tcgtatgtca	60
	cctgttagatt tccacacgccc aag	83
25	<210> 1477	
	<211> 80	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1477	
35	caaccgaagt ttcactcca gttgtcccca cagtagacac atatgtatggc cgaggtgata	60
	gtgtggttta tggactgagg	80
	<210> 1478	
	<211> 76	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1478	
	gcggaaggc cctcagacat ccccgattga aagaaccaga gaggctctga gaaacctcg	60
	gaaacttaga tcatca	76
50	<210> 1479	
	<211> 81	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1479	
60	ccgcaacgtg gtttctcac cctatggggt ggcctcggtg ttggccatgc tccagctgac	60
	aacaggagga gaaaccagc a	81
	<210> 1480	
	<211> 71	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
5	<400> 1480		
	gtggtttcc ctggagccc cctggctcg gacgtctgag aagatgccgg tcatgaggct	60	
	gttcccttgc t	71	
10	<210> 1481		
	<211> 85		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1481		
	gcatcaggct gtcattatgg tgccttacc tggggagct gtaaggctt cttaagagg	60	
	gcaatgaaag ggcagcacaa ctact	85	
20	<210> 1482		
	<211> 67		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1482		
	aggactggga cccatgaaca ttcccttggt atcagacccg aagcgcacca ttgctcagga	60	
30	ttatggg	67	
	<210> 1483		
	<211> 81		
	<212> ADN		
35	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
40	<400> 1483		
	tggctaagtg aagatgacaa tcatgttgc gcaattcact gtaaagctgg aaaggacga	60	
	actggtgtaa tgatatgtca a	81	
45	<210> 1484		
	<211> 70		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
50	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1484		
	aatatttgatgg cgggttatgg ggggtgggtt taaaatctcg ttctcttgg acaagcacag	60	
55	ggatctcggtt	70	
	<210> 1485		
	<211> 67		
	<212> ADN		
60	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Oligonucleótido sintético		
	<400> 1485		
65	aagcatgaac aggacttgac catcttcca acccctgggg aagacatttg caactgactt	60	
	ggggagg	67	

	<210> 1486	
	<211> 68	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1486	
	gcaaggaaag ggtcttagtc actgcctccc gaagttgctt gaaaggactc ggagaattgt	60
	gcaggtgt	68
15	<210> 1487	
	<211> 66	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1487	
	gaaacacctg cgccatgaga gccaagtggaa ggaagaagcg aatgcgcagg ctgaagcgca	60
	aaagaa	66
25	<210> 1488	
	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1488	
35	ccattctatc atacaacgggt acaaacgagt cctggccttg tctgtggaga cggattacac	60
	ctcccccactt gctga	75
	<210> 1489	
	<211> 67	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1489	
	gttctggttg ctggatttgg tcgcaaagggt catgctgttg gtgatattcc tggagtccgc	60
	ttaagg	67
50	<210> 1490	
	<211> 80	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1490	
60	tcaccacgggt cttagccat gcacaaacgg tagtttgg tggtggctgc tccactgtcc	60
	tctgcccagcc tacaggagga	80
	<210> 1491	
	<211> 66	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400>	1491	
	gggctactgg cagctacatt gctgggacta atggcaattt caatggcctt gtaccgatgc		60
	tgagag		66
10	<210>	1492	
	<211>	71	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1492	
	cagcgggatt aaacagtcc ttaaccagca cagccagta aaagatgcag ctcactgct		60
	tcaacgcaga t		71
20	<210>	1493	
	<211>	69	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1493	
	aacagagaca ttgccaacca tattggatct gcttgctgca caaaccagca aacttcctgg		60
30	gcaaatcac		69
	<210>	1494	
	<211>	77	
	<212>	ADN	
35	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400>	1494	
	acaccaaaat gccatctcaa atgaaacacg ccatggaaac catgatgtt acatttcaca		60
	aattcgcgtgg ggataaaa		77
45	<210>	1495	
	<211>	73	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1495	
	tggctgtgct ggtcactacc ttccacaagt actcctgcca agagggcgac aagttcaagc		60
55	tgagtaaggg gga		73
	<210>	1496	
	<211>	70	
	<212>	ADN	
60	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1496	
65	gactgcgtgc atggcgtgcc ctctggagaa ggcctggat gtgtatggtgt ccaccttcca		60
	caagtactcg		70

	<210> 1497	
	<211> 75	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1497	
	cctgctgacg atgatgaagg agaacttccc caacttcctt agtgccctgtg acaaaaaaggg	60
	cacaaattac ctcgc	75
15	<210> 1498	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1498	
	actccctgtat aaagggggaaat ttccatgccg tctacaggga tgacctgaag aaattgctag	60
	agaccgagtg tcctca	76
25	<210> 1499	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1499	
35	caccctgcct ctacccaacc agggccccgg ggcctgttat gtcaaactgt ctggctgtg	60
	gggcttag	67
	<210> 1500	
	<211> 70	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1500	
	catggccgtg tagaccctaa cccggaggga accctgacta cagaaattac cccggggcac	60
	ccttaaaact	70
50	<210> 1501	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1501	
60	accctgagca ctggaggaag agcgccgtg ctgtggctt atcctatgtg gaatccccca	60
	aagtctc	67
	<210> 1502	
	<211> 67	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

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

	<210> 1508	
5	<211> 71	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1508	
	atttgcagaa tctaaggctg gaaggccctgc ggctttcgg a tccatgtc aatactctcg	60
	caaaaaaactc a	71
15	<210> 1509	
	<211> 74	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1509	
	atggccaatg ttgtatgc tt aacccccc atttctgtga gatggatggc cagtgc aagc	60
	gtgacttgaa gtgt	74
25	<210> 1510	
	<211> 69	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1510	
35	cccaatcgaa agcctaacta cagcgagctg caggactcta atccagagt tacctccag	60
	cagccctac	69
	<210> 1511	
	<211> 69	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1511	
	catcttccag gaggaccact ctctgtggca ccctggacta cctgccccct gaaatgattg	60
	aaggtcgga	69
50	<210> 1512	
	<211> 71	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1512	
60	aatacccaaac gcacaaatga ccgcacgtt tctgccccgt ttcttgcccc agtgtggttt	60
	gcattgttc c	71
	<210> 1513	
	<211> 90	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
5	<400>	1513	
	cctggaggct gcaacatacc tcaatcctgt cccaggccgg atcctcctga agccctttc		60
	gcagcactgc tatcctccaa agccattgt		90
10	<210>	1514	
	<211>	80	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
15	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1514	
	tgtttgatt cccgggctta ccaggtgaga agtgagggag gaagaaggca gtgtccctt		60
	tgctagagct gacagcttg		80
20	<210>	1515	
	<211>	85	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
25	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1515	
	tctccagcaa aagcgatgtc tggagcttg gagtgtgat gtggaaagca ttctcctatg		60
30	ggcagaagcc atatcgaggg atgaa		85
	<210>	1516	
	<211>	73	
	<212>	ADN	
35	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
40	<400>	1516	
	gatggagcac gtggctcagt tcctgaaggc ggctgaggac tctgggtca tcaagactga		60
	catgttccag act		73
45	<210>	1517	
	<211>	72	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
50	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1517	
	cagccctgag gcaagagaag aaagtacttc cagcggcaat gtaagcaaca gaaaggatga		60
55	gacaaatgt eg		72
	<210>	1518	
	<211>	68	
	<212>	ADN	
60	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	Oligonucleótido sintético	
	<400>	1518	
65	gccaaactgct ttcatgtg agggatctga accaatacag agcagacata aaggaaatgg		60
	gcctgagt		68

	<210> 1519	
5	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
10	<400> 1519	
	accagtcccc cagaagacta tcctgagccc gaggaagtcc cccggaggt gattccatc	60
	tacaacagca ccagg	75
15	<210> 1520	
	<211> 65	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
20	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1520	
	ggatcgagct cttccagatc cttcggccag atgagcacat tgccaaacag cgctatatcg	60
	gtggc	65
25	<210> 1521	
	<211> 66	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1521	
35	aacaccaatg gttccatct ttctgggctc ctgattgctc aagcacagtt tggcctgatg	60
	aagagg	66
	<210> 1522	
	<211> 67	
40	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
45	<400> 1522	
	ctacctgcct tgcttgtga ctccaagaa cgagtgtctc tggaccgaca tgctctcaa	60
	tttcgtt	67
50	<210> 1523	
	<211> 67	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
55	<220>	
	<223> Oligonucleótido sintético	
	<400> 1523	
60	ccagcccacca gaccagttac tgttcctcac tgagcctgga agcaaatcca caccccttt	60
	ctctgaa	67
	<210> 1524	
	<211> 67	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
5	<400>	1524		
	tggcgaccaa	gacaccctga	agggccta	atgcacgcacta
	ctttccc			aagcactcaa
			agacgtacca	
				60
				67
10	<210>	1525		
	<211>	71		
	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
15	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
	<400>	1525		
	catatcggt	gatcagacagca	catcagagca	gagaaggcga
	gatctggcca	a		
			tggtggatgg	ctcatggta
				60
				71
20	<210>	1526		
	<211>	64		
	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
25	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
	<400>	1526		
	gcgctgcgga	agatcatccc	cacgctgccc	tcggacaaggc
30	aagc			tgagcaagat
			tcagaccctc	
				60
				64
	<210>	1527		
	<211>	522		
	<212>	ADN		
35	<213>	Secuencia artificial		
	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
40	<400>	1527		
	gagtcgaccc	tgcacctgg	cctgcgtctg	agaggtggta
	ctgaccggca	agaccatcac	ccttggaa	gtgg
	gccaagatcc	aggataaaga	aggcatccct	acaccatcga
	aagcagctgg	aagatggccg	cactttct	aaatgtgaag
	cacctggtcc	tgcgtctgag	gactacaaca	120
	accatca	aggtggat	tccagaagg	180
	tggaa	gcccagt	gtcgaccctg	240
	gataaaga	gtgac	accatcgaaa	300
	gatggccgca	ctcttctga	atgtgaaggc	360
	cgcttgagg	ctacaacatc	caagatccaa	420
	gtggctgtt	cagaaggagt	gcagctggaa	480
	atcttcagt	cgaccctgca	ttgcaggcaa	522
	<210>	1528		
	<211>	89		
45	<212>	ADN		
	<213>	Secuencia artificial		
	<220>			
	<223>	Oligonucleótido sintético		
50	<400>	1528		
	tggctcagg	agctgaatac	cctccaggc	acacacagg
	gaaaccacta	tttctcatc	gggacacaaa	taagggttt
				60
				89
55	<210>	1529		
	<211>	72		
	<212>	ADN		

5	<213> Secuencia artificial <220> <223> Oligonucleótido sintético <400> 1529 tgcccttaaa ggaaccaatg agtccctgga acgccagatg cgtgaaatgg aagagaactt tgccgttga gc	60 72
10	<210> 1530 <211> 67 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
15	<220> <223> Oligonucleótido sintético <400> 1530 agtcaatctt cgcacacggc gagtggacac tgtggaccct ccctacccac gctccatcgc tcagtagc	60 67
20	<210> 1531 <211> 68 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
25	<220> <223> Oligonucleótido sintético <400> 1531 ctctccatgt tgggcaccag ccggccagaa cagatgcgag cagtccatga ctctggagc tacaccgc	60 68
30	<210> 1532 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
35	<220> <223> Oligonucleótido sintético <400> 1532 agaggcatcc atgaacttca cacttgcggg ctgcatcagc acacgctcct atcaacccaa gtactgttga gtttg	60 75
40	<210> 1533 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45	<220> <223> Oligonucleótido sintético <400> 1532 agaggcatcc atgaacttca cacttgcggg ctgcatcagc acacgctcct atcaacccaa gtactgttga gtttg	60 75
50	<210> 1533 <211> 75 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
55	<220> <223> Oligonucleótido sintético <400> 1533 gtatcaggac cacatcgagt acatcgaga aggcgcgaag acaggcatca aagaatgcc gtatcaattc cgaca	60 75
60	<210> 1534 <211> 79 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
65	<220> <223> Oligonucleótido sintético <400> 1534	

	tgtcttcagg gtcttgtcca gaatgttagat gggttccgt a gaggcctgg tgctcttta ctcttcatc cacgtcac	60 79
5	<210> 1535 <211> 74 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
10	<220> <223> Oligonucleótido sintético	
15	<400> 1535 atcgcatcg gtgggtgtac acactgctgt ttaccttggc gaggctttc accaagtcca tgcaacagg 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.
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.
4. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, en el que el tumor es un tumor de cáncer de mama.
- 20 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 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;
 - 45 (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
 - (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.