(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 969 742**

(51) Int. Cl.:

C12N 15/67 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **27.03.2013 E 19171200 (9)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **01.11.2023 EP 3578659**

(54) Título: **Moléculas artificiales de ácido nucleico para la expresión mejorada de proteínas o péptidos**

(30) Prioridad:

27.03.2012 WO PCT/EP2012/001336
08.06.2012 WO PCT/EP2012/002447

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
22.05.2024

(73) Titular/es:

CUREVAC SE (100.0%)
Friedrich-Miescher-Straße 15
72076 Tübingen, DE

(72) Inventor/es:

THESS, ANDREAS

(74) Agente/Representante:

BUENO FERRÁN, Ana María

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

Moléculas artificiales de ácido nucleico para la expresión mejorada de proteínas o péptidos

La invención se refiere a moléculas artificiales de ácido nucleico que comprenden un elemento 5'UTR como se define en las reivindicaciones, un marco de lectura abierto y opcionalmente un tallo-bucle de histona, un elemento 3'UTR, una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación. La invención se refiere también a un vector que comprende un elemento 5'UTR como se define en las reivindicaciones, un marco de lectura abierto y/o un punto de clonación, a una composición farmacéutica que comprende la molécula de ácido nucleico artificial o el vector y a un kit que comprende la molécula de ácido nucleico artificial, el vector y/o la composición farmacéutica, preferentemente para su uso en el campo de la terapia génica y/o de la vacunación genética.

La terapia génica y la vacunación genética pertenecen a los métodos más prometedores y de desarrollo rápido de la medicina moderna. Pueden proporcionar opciones sumamente específicas e individuales para la terapia de una gran variedad de enfermedades. En particular, las enfermedades genéticas heredadas pero también las enfermedades autoinmunitarias, cancerosas o relacionadas con tumores, así como enfermedades inflamatorias, pueden ser el objetivo de tales procedimientos de tratamiento. También se prevé prevenir la aparición (temprana) de tales enfermedades mediante estas aproximaciones.

El razonamiento conceptual principal detrás de la terapia génica es la modulación apropiada de la expresión génica deteriorada asociada a condiciones patológicas de enfermedades específicas. La expresión génica patológicamente alterada puede resultar en una falta o sobreproducción de productos génicos esenciales, por ejemplo factores de señalización como hormonas, factores de mantenimiento, enzimas metabólicas, proteínas estructurales o similares. La expresión génica alterada no solo puede deberse a la regulación errónea de la transcripción y/o la traducción, sino también a mutaciones dentro del ORF que codifica una proteína particular. Pueden provocarse mutaciones patológicas por ejemplo por aberración cromosómica o por mutaciones más específicas, tales como mutaciones puntuales o de desplazamiento de marco, todas dando como resultado una funcionalidad limitada y potencialmente una pérdida total de la función del producto génico. Sin embargo, la regulación errónea de la transcripción o traducción también puede aparecer cuando las mutaciones afectan a genes que codifican proteínas implicadas en la maquinaria transcripcional o traduccional celular. Tales mutaciones pueden conducir a la regulación por incremento o decremento patológica de genes que son – como tales – funcionales. Genes que codifican productos génicos que ejercen tales funciones reguladoras pueden ser, por ejemplo, factores de transcripción, receptores de señal, proteínas mensajeras o similares. Sin embargo, la pérdida de función de tales genes que codifican proteínas reguladoras bajo ciertas circunstancias se puede revertir por la introducción artificial de otros factores que actúan además aguas abajo del producto génico deteriorado. Tales defectos génicos también pueden ser compensados por la terapia génica mediante la sustitución del propio gen afectado.

La vacunación genética permite provocar una respuesta inmunitaria deseada para antígenos seleccionados, tales como componentes característicos superficiales bacterianos, partículas virales, antígenos tumorales o similares. Generalmente, la vacunación es uno de los logros fundamentales de la medicina moderna. Sin embargo, las vacunas efectivas están actualmente disponibles solo para una pequeña variedad de enfermedades. Por consiguiente, las infecciones que no son prevenibles por la vacunación afectan aún millones de personas cada año.

Normalmente, las vacunas se pueden subdividir en vacunas de "primera", "segunda" y "tercera" generación. Las vacunas de "primera generación" son típicamente vacunas del organismo completo. Se basan en patógenos vivos y atenuados o exterminados, por ejemplo virus, bacterias o similares. La desventaja principal de las vacunas vivas y atenuadas es el riesgo de una reversión a las variantes que ponen en peligro la vida. Así, aunque atenuados, tales patógenos aún pueden conllevar intrínsecamente riesgos impredecibles. Los patógenos exterminados no pueden ser tan efectivos como sería deseable para generar una respuesta inmunitaria específica. A fin de minimizar estos riesgos, se desarrollaron vacunas de "segunda generación". Éstas son típicamente vacunas subunidad que consisten en antígenos definidos o componentes proteicos recombinantes que se derivan de patógenos.

Las vacunas genéticas, es decir vacunas para la vacunación genética, se entienden usualmente como vacunas de "tercera generación". Se componen típicamente de moléculas de ácido nucleico genéticamente diseñadas que permiten la expresión de fragmentos (antígeno) de péptidos o proteínas característica para un patógeno o un antígeno tumoral *in vivo*. Las vacunas genéticas son expresadas cuando se administran a un paciente y son captadas por las células competentes. La expresión de los ácidos nucleicos administrados da como resultado la producción de proteínas codificadas. En caso de que estas proteínas sean reconocidas como extrañas por el sistema inmunitario del paciente, se desencadena una respuesta inmunitaria.

Como se puede derivar de lo anterior, ambos métodos, la terapia génica y la vacunación genética, se basan

esencialmente en la administración de moléculas de ácido nucleico a un paciente y en la transcripción y/o traducción subsecuente de la información genética codificada. Alternativamente, la vacunación genética o terapia génica también pueden comprender métodos que incluyen el aislamiento de células del cuerpo específicas de un paciente a tratar, subtransfección *in vitro* subsecuente de tales células y re-administración de las células tratadas al paciente.

Como moléculas de ácido nucleico para la administración en el contexto de la terapia génica o la vacunación genética se puede utilizar ADN y ARN. El ADN es conocido por ser relativamente estable y fácil de manejar. Sin embargo, el uso de ADN conlleva el riesgo de una inserción indeseada de los fragmentos de ADN administrados en el genoma del paciente, dando como resultado una potencial pérdida de la función de los genes deteriorados. Como riesgo adicional, puede producirse la generación indeseada de anticuerpos anti-ADN. Otra desventaja es el nivel de expresión limitado del péptido o proteína codificada que se logra en la administración de ADN y su transcripción/traducción. Entre otras razones, el nivel de expresión del ADN administrado será dependiente de la presencia de los factores de transcripción específicos que regulan la transcripción de ADN. En ausencia de tales factores, la transcripción de ADN no producirá cantidades satisfactorias de ARN. Como resultado, el nivel de péptido o proteína traducida obtenidos es limitado.

Cuando se utiliza ARN en lugar de ADN para la terapia o la vacunación genética, el riesgo de la integración y generación genómica indeseada de anticuerpos anti-ADN se minimiza o se evita. Sin embargo, el ARN se considera una especie molecular más bien inestable que puede ser degradado fácilmente por ARNsas ubicuas.

La degradación de ARN *in vivo* contribuye a la regulación del tiempo de vida media del ARN. El efecto se consideró y ensayó para afinar la regulación de la expresión génica eucariótica (Friedel y col., Conserved principles of mammalian transcriptional regulation revealed by RNA half-life, Nucleic Acid Research, 2009, 1-12). Por consiguiente, cada ARNm de origen natural tiene una vida media individual dependiendo del gen del cual se deriva el ARNm. Contribuye a la regulación del nivel de expresión de este gen. Los ARN inestables sin importantes para llevar a cabo la expresión génica transitoria en distintos puntos en el tiempo. Sin embargo, los ARN de larga vida pueden estar asociados a la acumulación de distintas proteínas o a la expresión continua de genes. *In vivo*, la vida media de los ARNm también puede ser dependiente de factores ambientales, tales como tratamiento hormonal, como se ha demostrado, por ejemplo, para el factor I de crecimiento similar a la insulina, actina y ARNm de albúmina (Johnson y col. Newly synthesized RNA: Simultaneous measurement in intact cells of transcription rates and RNA stability of insulin-like growth factor I, actin, and albumin in growth hormone-stimulated hepatocytes, Proc. Natl. Acad. Sci., Vol. 88, pp. 5287-5291, 1991).

Para la terapia y la vacunación genética, se desea un ARN usualmente estable. Es decir, por una parte, debido al hecho de que el producto codificado por la secuencia de ARN se acumulará *in vivo*. Por otra parte, el ARN tiene que mantener su integridad estructural y funcional cuando se prepara para una forma de dosificación adecuada durante su almacenamiento y cuando se administra. Así, se ha dedicado una atención considerable a proporcionar moléculas de ARN estables para la terapia o la vacunación genética a fin de prevenir su degradación o deterioro temprano.

Se ha reportado que el contenido G/C de las moléculas de ácido nucleico puede influir en su estabilidad. Así, los ácidos nucleicos que comprenden una cantidad incrementada de residuos guanina (G) y/o citosina (C) pueden ser funcionalmente más estables que aquellos que contienen una gran cantidad de nucleótidos adenina (A) y timina (T) o uracilo (U). En este contexto, la WO02/098443 proporciona una composición farmacéutica que contiene una ARNm que está estabilizado por modificaciones de secuencia en la región traducida. Tal modificación de secuencia tiene la ventaja de la degeneración del código genético. Por consiguiente, los codones que contienen una combinación menos favorable de nucleótidos (menos favorable en términos de estabilidad de ARN) se pueden sustituir por codones alternativos sin alterar la secuencia de aminoácidos codificada. Este método de estabilización de ARN está limitado por las condiciones de la secuencia de nucleótidos específica de cada molécula de ARN individual, que no puede dejar el espacio de la secuencia de aminoácidos deseada. Igualmente, ese procedimiento se restringe a las regiones de codificación del ARN.

Como una opción alternativa para la estabilización del ARNm, se ha descubierto que las moléculas de ARNm eucarióticas de origen natural contienen elementos de estabilización característicos. Por ejemplo, pueden comprender las llamadas regiones no traducidas (UTR) en su extremo 5' (5'UTR) y/o en su extremo 3' (3'UTR), así como otras características estructurales, tal como una estructura 5'-cap o una cola 3'-poli(A). Ambas, 5'UTR y 3'UTR se transcriben típicamente del ADN genómico y son así un elemento del ARNm prematuro. Los aspectos estructurales característicos del ARNm maduro, tal como la 5'-cap y la cola 3'-poli(A) (también llamada cola poli(A) o secuencia poli(A)) normalmente se agregan al ARNm transcripto (prematuro) durante el procesamiento del ARNm.

Una cola 3'-poli(A) es típicamente un tramo de secuencia monótono de nucleótidos de adenina unidos al extremo 3' del ARNm transcrito. Puede comprender hasta aproximadamente 400 nucleótidos de adenina. Se

descubrió que la longitud de tal cola 3'-poli(A) es un elemento potencialmente crítico para la estabilidad del ARNm individual.

Casi todos los ARNm eucarióticos terminan en tal secuencia poli(A) que se agrega a su extremo 3′ por la maquinaria de escisión/poliadenilación ubicua. La presencia de una secuencia poli(A) en el extremo 3′ es una de las características más reconocibles de los ARNm eucarióticos. Después de la escisión, la mayoría de pre-ARNm, con la excepción de los transcritos de histona dependientes de replicación, adquieren una cola poliadenilada. En este contexto, el procesamiento en el extremo 3' es un proceso co-transcripcional nuclear que promueve el transporte de los ARNm del núcleo al citoplasma y afecta a la estabilidad y la traducción de los ARNm. La formación de este extremo 3' se debe a una reacción de dos etapas dirigida por la maquinaria de escisión/poliadenilación y depende de la presencia de dos elementos de secuencia en los precursores de ADNm (pre-ARNm); un hexanucleótido sumamente conservado AAUAAA (señal de poliadenilación) y una secuencia rica en G/U aguas abajo. En una primera etapa, los pre-ARNm se escinden entre estos dos elementos. En una segunda etapa estrechamente acoplada a la primera etapa, el extremo 3' recientemente formado se extiende por la adición de una secuencia poli(A) consistente en 200–250 adenilatos que afecta subsecuentemente a todos los aspectos del metabolismo del ARNm, incluyendo la exportación, estabilidad y traducción del ARNm (Dominski, Z. y W. F. Marzluff (2007), Gene 396(2): 373-90).

La única excepción conocida a esta regla son los ARNm de histona dependientes de replicación, que terminan en un tallo-bucle de histona en lugar de una secuencia poli(A). Secuencias tallo-bucle de histona ilustrativas se describen en Lopez y col. (Dávila López, M., & Samuelsson, T. (2008), RNA (Nueva York, N.Y.), 14(1), 1-10. doi:10.1261/rna.782308).

Los tallo-bucle en los pre-ARNm de histona están seguidos típicamente por una secuencia rica en purina conocida como elemento aguas abajo de histona (HDE). Estos pre-ARNm se procesan en el núcleo por una escisión endonucleolítica individual de aproximadamente 5 nucleótidos aguas abajo del tallo-bucle, catalizada por el U7 snRNP mediante apareamiento de bases del U7 snRNA con HDE.

Debido al requisito de empacar el ADN recién sintetizado en cromatina, la síntesis de histona es regulada en concierto con el ciclo celular. La síntesis incrementada de proteínas de histona durante la fase S se logra por la activación transcripcional de los genes de histona, así como la regulación pos-transcripcional de los niveles de ARNm de histona. Se podría demostrar que el tallo-bucle de histona es esencial para todas las etapas pos-transcripcionales de la regulación de la expresión de histona. Es necesario para el procesamiento eficiente la exportación del ARNm en el citoplasma, su carga en los poliribosomas y la regulación de la estabilidad del ARNm.

En el contexto anterior, se identificó una proteína de 32 kDa asociada al tallo-bucle de histona en el extremo 3' de los mensajes de histona tanto en el núcleo como en el citoplasma. El nivel de expresión de esta proteína de unión a tallo-bucle (SLBP) es un ciclo celular regulado y es más alto durante la fase S, cuando los niveles de ARNm de histona se incrementan. La SLBP es necesaria para el procesamiento eficiente del extremo 3' del pre-ARNm de histona por U7 snRNP. Después de la terminación del procesamiento, la SLBP permanece asociada al tallo-bucle en el extremo de los ARNm de histona maduros y estimula su traducción en las proteínas de histona en el citoplasma. (Dominski, Z. and W. F. Marzluff (2007), Gene 396(2): 373-90). De forma interesante, el dominio de unión a ARN de SLBP se conserva en metazoarios y protozoarios (Dávila López, M., & Samuelsson, T. (2008), RNA (Nueva York, N.Y.), 14(1), 1-10. doi:10.1261/rna.782308) y se podría demostrar que su unión a la secuencia tallo-bucle de histona es dependiente de la estructura tallo-bucle y que el sitio de unión mínima contiene al menos 3 nucleótidos 5' y 2 nucleótidos 3' del tallo-bucle (Pandey, N. B., y col. (1994), Molecular and Cellular Biology, 14(3), 1709-1720 y Williams, A. S., & Marzluff, W. F., (1995), Nucleic Acids Research, *23*(4), 654-662).

Incluso aunque los genes de histona se clasifican generalmente como “dependientes de replicación”, dando origen al ARNm que termina en un tallo-bucle de histona, o como “tipo de reemplazo”, dando origen a un ARNm que lleva una cola poli(A), en cambio, los ARNm de origen natural que contienen tanto un tallo-bucle de histona como una poli(A) u oligo(A) 3' del mismo se identifican solo en algunos casos muy raros. Sanchez y col. examinaron el efecto de las colas oligo(A) de origen natural adjuntas a 3' del tallo-bucle de histona del ARNm de histona durante la ovogénesis de Xenopus utilizando luciferasa como proteína reporter y descubriendo que la cola oligo(A) es una parte activa del mecanismo de represión de la traducción que silencia el ARNm de histona durante la ovogénesis y su eliminación es parte del mecanismo que activa la traducción de los ARNm de histona (Sanchez, R. y W. F. Marzluff (2004), Mol Cell Biol 24(6): 2513-25).

Además, se han investigado los requisitos para la regulación de las histonas dependientes de replicación en el nivel del procesamiento de pre-ARNm y la estabilidad del ARNm utilizando constructos artificiales que codifican la proteína marcadora alfa-globina, en base al hecho de que el gen de globina contiene intrones en oposición a los genes de histona sin intrones. Para este propósito se generaron constructos donde una secuencia de

codificación de alfa-globina se siguió de una señal tallo-bucle de histona (tallo-bucle de histona seguido por el elemento aguas abajo de histona) y una señal de poliadenilación (Whitelaw, E., y col. (1986). Nucleic Acids Research, 14(17), 7059-7070; Pandey, N. B., & Marzluff, W. F. (1987). Molecular and Cellular Biology, 7(12), 4557-4559; Pandey, N. B., y col. (1990). Nucleic Acids Research, 18(11), 3161-3170).

También, se demostró que la 3'UTR del ARNm de α-globina puede ser un factor importante para la estabilidad bien conocida de un ARNm de α-globina (Rodgers y col., Regulated α-globin RNAm decay is a cytoplasmic event proceeding through 3'-to-5' exosome-dependent decapping, RNA, 8, pp. 1526-1537, 2002). La 3'UTR de un ARNm de α-globina está obviamente implicado en la formación de un complejo de ribonucleoproteína específico, un α-complejo, cuya presencia se correlaciona con la estabilidad del ARNm *in vitro* (Wang y col., An ARNm stability complex functions with poli(A)-binding protein to stabilize ARNm *in vitro*, Molecular and Cellular biology, Vol 19, No. 7, Julio de 1999, p. 4552-4560).

Independientemente de los factores que afectan a la estabilidad del ARNm, la traducción efectiva de las moléculas de ácido nucleico administradas por las células o tejidos diana es crucial para cualquier procedimiento que utiliza moléculas de ácido nucleico para la terapia génica o vacunación genética. Junto con la regulación de la estabilidad, también la traducción de la mayoría del ARNm se regula por características estructurales similares a UTR, cap 5' y cola 3'-poli(A). En este contexto, se ha reportado que la longitud de la cola poli(A) puede desempeñar una función importante también en la eficiencia traduccional. La estabilización de los elementos 3', sin embargo, también puede tener un efecto atenuante en la traducción.

Otros elementos reguladores que pueden tener influencia en los niveles de expresión se pueden encontrar en la 5'UTR. Por ejemplo, se ha reportado que la 5'UTR del ARNm de leptina está implicada en la regulación de su traducción (Chakrabarti P. y col., The Mammalian Target of Rapamycin Complex 1 Regulates Leptin Biosynthesis in Adipocytes at the Level of Translation: The Role of the 5'-Untranslated Region in the Expression of Leptin Messenger Ribonucleic Acid; Molecular Endocrinology, 2008, 22(10):2260-2267). Además se ha informado que la síntesis de proteínas particulares, por ejemplo proteínas que pertenecen al aparato traduccional, se pueden regular no solo a nivel transcripcional sino también a nivel traducción. Por ejemplo, la traducción de las proteínas codificadas por los llamados "genes TOP" se pueden subregular por la represión traduccional. Aquí, el término "gen TOP" se refiere a un gen que corresponde a un ARNm caracterizado por la presencia de una secuencia TOP en el extremo 5' y, en la mayoría de casos, por una regulación de traducción asociada al crecimiento (Iadevaia y col., All translation elongation factors and the e, f, and h subunits of translation initiation factor 3 are encoded by 5'-terminal oligopyrimidine (TOP) ARNms; RNA, 2008, 14:1730-1736). En este contexto, una secuencia TOP – también llamada "tracto de oligopirimidina 5'-terminal" consiste típicamente en residuos C en el sitio cap, seguido por una secuencia no interrumpida de hasta 13 o aún más pirimidinas (Avni y col., Vertebrate mRNAs with a 5'-terminal pyrimidine tract are candidates for translational repression in quiescent cells: characterization of the translational cis-regulatory element, Molecular and Cellular Biology, 1994, p. 3822-3833). Se indica que estas secuencias TOP están presentes en muchos ARNm que codifican componentes de la maquinaria traduccional y son responsables de la represión selectiva de la traducción de estos ARNm que contienen TOP debido a la detección del crecimiento (Meyuhas y col., Translational Control of Ribosomal Protein mRNAs in Eukaryotes, Translational Control. Cold Spring Harbor Monograph Archive. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996, p. 363–388). El mecanismo de regulación de la traducción del ARNm de TOP es también objeto de otro estudio, donde se indica que la traducción del ARNm de TOP puede modularse mediante el enlace al autoantígeno La en la región no traducida 5' de dicho ARNm (Zhu J., Binding of the La autoantigen to the 5' untranslated region of a chimeric human translation elongation factor 1 A reporter mRNA inhibits translation in vitro; Biochemica et Biophysica Acta, 2001, 1521:19-29). Los resultados obtenidos en otro estudio indican que la longitud de una 3'-UTR también puede jugar un papel en la regulación de la traducción de los ARNm 5'TOP (Ledda, M. y col., Effect of 3' UTR length on the translational regulation of 5'-termina) oligopyrimidine mRNAs; Gene, 2005, 344:213-220).

El objeto de la invención es proporcionar moléculas de ácido nucleico que puedan ser adecuadas para la aplicación en la terapia génica y/o en la vacunación genética. En particular, es objeto de la invención proporcionar moléculas de ácido nucleico artificial, tales como especies de ARNm, que proporcionan una producción de proteínas incrementada de las moléculas de ácido nucleico artificial, preferentemente que tienen una eficiencia traduccional incrementada. Otro objeto de la invención es proporcionar moléculas de ácido nucleico que codifican tales especies de ARNm superiores que pueden ser aptas para su uso en la terapia génica y/o la vacunación genética. Es otro objeto de la presente invención proporcionar una composición farmacéutica para su uso en la terapia génica y/o la vacunación genética. En resumen, el objeto de la presente invención es proporcionar especies de ácidos nucleicos mejoradas que superen las desventajas planteadas en anteriormente en el estado de la técnica mediante un procedimiento rentable y sencillo.

El objetivo subyacente de la presente invención se resuelve por el contenido de las reivindicaciones.

Por razones de claridad y legibilidad, se proporcionan las siguientes definiciones. Cualquier característica

técnica mencionada en estas definiciones se puede leer en todas y cada una de las realizaciones de la invención. Las definiciones y explicaciones adicionales se pueden proporcionar específicamente en el contexto de estas realizaciones.

Respuesta inmunitaria adaptiva: La respuesta inmunitaria adaptiva se entiende típicamente como una respuesta específica de antígeno del sistema inmunitario. La especificidad de antígeno permite generar respuestas que se adaptan a patógenos específicos o células infectadas por patógenos. Normalmente, la capacidad de desarrollar estas respuestas adaptadas es mantenida en el cuerpo por "células de memoria". Si un patógeno infecta el cuerpo más de una vez, se usan estas células de memoria específicas para eliminarlo rápidamente. En este contexto, la primera etapa de una respuesta inmunitaria adaptiva es la activación de células T específicas de antígeno primitivo o diferentes células inmunitarias capaces de inducir una respuesta inmunitaria específica de antígeno por células presentadoras de antígeno. Esto ocurre en los tejidos linfoides y órganos a través de los cuales las células T naive pasan constantemente. Los tres tipos de células que pueden servir como células presentadoras de antígeno son células dendríticas, macrófagos y células B. Cada una de estas células tiene una función distinta provocando respuestas inmunitarias. Las células dendríticas pueden tomar antígenos por fagocitosis y macropinocitosis y pueden volverse a estimular por contacto con, por ejemplo, un antígeno exterior para migrar al tejido linfoide local, donde se diferencian en células dendríticas maduras. Los macrófagos ingieren antígenos de partículas como bacterias y se inducen por agentes infecciosos u otros estímulos apropiados para expresar las moléculas MHC. La capacidad única de las células B de enlazar e interiorizar antígenos de proteína solubles por medio de sus receptores también puede ser importante para inducir las células T. Las moléculas MHC son típicamente responsables de la presentación de un antígeno a células T. A este respecto, presentar el antígeno en moléculas MHC lleva a la activación de las células T que inducen su proliferación y diferenciación en células T efectoras armadas. La función más importante de las células T efectoras es la eliminación de células infectadas por células T citotóxicas CD8+ y la activación de macrófagos por células Th1 que juntos conforman la inmunidad mediada por célula, y la activación de células B por ambas células Th2 y Th1 para producir diferentes clases de anticuerpo, conduciendo así a la respuesta inmunitaria humoral. Las células T reconocen un antígeno por sus receptores de células T que no reconocen y enlazan el antígeno directamente, pero en su lugar reconocen fragmentos peptídicos cortos, por ejemplo de antígenos de proteína derivados de patógeno, por ejemplo los llamados epítopos, que se enlazan a moléculas MHC en las superficies de otras células.

Sistema inmunitario adaptativo: El sistema inmunitario adaptativo se dedica esencialmente a eliminar o impedir el crecimiento patogénico. Típicamente regula la respuesta inmunitaria adaptiva dotando al sistema inmunitario vertebrado de la capacidad para reconocer y recordar patógenos específicos (para generar inmunidad) y para desarrollar ataques más fuertes cada vez que se encuentra el patógeno. El sistema es altamente adaptable debido a la hipermutación somática (un proceso de mutaciones somáticas aceleradas) la y recombinación V(D)J (una recombinación genética irreversible de segmentos de gen de receptor de antígeno). Este mecanismo permite a un número pequeño de genes generar un gran número de diferentes receptores de antígeno, que luego se expresan únicamente en cada linfocito individual. Debido a que el reordenamiento del gen lleva a un cambio irreversible del ADN de cada célula, toda de la progenie (descendencia) de tal célula heredará entonces genes que codifican la misma especificidad de receptor, que incluye células B de Memoria y células T de Memoria, claves para la inmunidad específica longeva.

Adyuvante/componente adyuvante: Un adyuvante o un componente adyuvante en el sentido más amplio es típicamente un agente farmacológico y/o inmunológico que puede modificar, por ejemplo mejorar, el efecto de otros agentes, tal como un fármaco o vacuna. Esto debe interpretarse en un sentido amplio y se refiere a un espectro amplio de sustancias. Típicamente, estas sustancias son capaces de incrementar la inmunogenicidad de antígenos. Por ejemplo, los adyuvantes se pueden ser reconocidos por los sistemas inmunitarios innatos y, por ejemplo, pueden provocar una respuesta inmunitaria innata. Los "adyuvantes" típicamente no provocan una respuesta inmunitaria adaptiva. A este respecto, los "adyuvantes" no califican como antígenos. Su modo de acción es distinto de los efectos desencadenados por antígenos que resultan en una respuesta inmunitaria adaptiva.

Antígeno: En el contexto de la presente invención, "antígeno" se refiere típicamente a una sustancia que puede ser reconocida por el sistema inmunitario, preferiblemente por el sistema inmunitario adaptativo, y es capaz de desencadenar una respuesta inmunitaria específica de antígeno, por ejemplo por la formación de anticuerpos y/o células T específicas de antígeno como parte de una respuesta inmunitaria adaptiva. Típicamente, un antígeno puede ser o puede comprender un péptido o proteína que comprende al menos un epítopo y que se puede presentar por la MHC a células T.

Molécula artificial de ácido nucleico: Una molécula artificial de ácido nucleico se puede entender típicamente como una molécula de ácido nucleico, por ejemplo un ADN o un ARN, que no es de origen natural. En otras palabras, una molécula artificial de ácido nucleico se puede entender como una molécula de ácido nucleico no natural. Tal molécula de ácido nucleico puede ser no natural debido a su secuencia individual (que no se

presenta naturalmente) y/o debido a otras modificaciones, por ejemplo modificaciones estructurales de nucleótidos que no se presentan naturalmente. Una molécula artificial de ácido nucleico puede ser una molécula de ADN, una molécula de ARN o una molécula híbrida que comprende porciones de ADN y ARN. Típicamente, las moléculas artificiales de ácido nucleico se pueden diseñar y/o generar por métodos de ingeniería genética en correspondencia con una secuencia artificial deseada de nucleótidos (secuencia heteróloga). En este contexto una secuencia artificial es usualmente una secuencia que no puede presentarse naturalmente, es decir difiere de la secuencia de tipo natural en al menos un nucleótido. El término "tipo natural" se puede entender como una secuencia presente en la naturaleza. Además, el término "moléculas de ácido nucleico artificial" no se restringe a "una molécula individual" sino, típicamente, se entiende que comprende un conjunto de moléculas idénticas. Por consiguiente, se puede referir a una pluralidad de moléculas idénticas contenidas en una alícuota.

ARN bicistrónico, ARN multicistrónico: Un ARN bicistrónico o multicistrónico es típicamente un ARN, preferentemente un ARNm, que puede tener típicamente dos (bicistrónico) o más (multicistrónico) marcos de lectura abiertos (ORF). Un marco de lectura abierto en este contexto es una secuencia de codones que es traducible en un péptido o proteína.

Portador/portador polimérico: Un portador en el contexto de la invención puede ser típicamente un compuesto que facilita el transporte y/o la formación de un complejo con otro compuesto (carga). Un portador polimérico es típicamente un portador que se forma en un polímero. Un portador se puede asociar a su carga por interacción covalente o no covalente. Un portador puede transportar ácidos nucleicos, por ejemplo ARN o ADN, a las células diana. El portador puede - para algunas realizaciones – ser un componente catiónico.

Componente catiónico: El término "componente catiónico" se refiere típicamente a una molécula cargada que está cargada positivamente (catión) a un pH típico de 1 a 9, de manera preferente un pH de o inferior a 9 (por ejemplo de 5 a 9), de o por debajo de 8 (por ejemplo de 5 a 8), de o por debajo de 7 (por ejemplo de 5 a 7), de manera preferente a pH fisiológico, por ejemplo de 7,3 a 7,4. Por consiguiente, un componente catiónico puede ser cualquier compuesto o polímero cargado positivamente, de manera preferente un péptido o proteína catiónico cargado positivamente bajo condiciones fisiológicas, en particular bajo condiciones fisiológicas *in vivo*. Un "péptido o proteína catiónica" puede contener al menos un aminoácido cargado positivamente o más de un aminoácido cargado positivamente, por ejemplo seleccionado de Arg, His, Lys o Orn. Así, los componentes "policatiónicos", que tienen más de una carga positiva bajo las condiciones dadas, también están dentro del alcance.

Cap 5': Cap 5' es una entidad, típicamente una entidad de nucleótidos modificada, que generalmente "tapa" el extremo 5' de un ARNm maduro. Un cap 5' se puede formar típicamente por un nucleótido modificado, en particular por un derivado de un nucleótido de guanina. De manera preferente, cap 5' se une al extremo 5' mediante un enlace 5'-5'-trifosfato. Un cap 5' puede estar metilado, por ejemplo m7GpppN, donde N es el nucleótido 5' terminal del ácido nucleico que lleva el cap 5', típicamente el extremo 5' de un ARN. Ejemplos adicionales de estructuras cap 5' incluyen glicerilo, residuo no básico de desoxi invertido (porción), nucleótido 4',5'- metileno, nucleótido de 1-(beta-D-eritrofuranosilo), nucleótido 4'-tio, nucleótido carbocíclico, nucleótido de 1,5-anidrohexitol, L-nucleótidos, alfa-nucleótido, nucleótido base modificado, nucleótido treopentofuranosilo, nucleótido 3',4'-seco acíclico, nucleótido 3,4-dihidroxibutil-acíclico, nucleótido 3,5-dihidroxipentil-acíclico, porción de nucleótido 3'-3'-invertido, porción abásica 3'-3'-invertida, porción de nucleótido 3',2'-invertido, porción abásica 3',2'-invertida, fosfato de 1,4-butanodiol, 3'-fosforamidato, hexilfosfato, fosfato de aminohexilo, 3'-fosfato, 3'-fosforotioato, fosforoditioato, o porción de metilfosfonato puente o no puente.

Inmunidad celular/respuesta inmunitaria celular: La inmunidad celular se relaciona típicamente con la activación de macrófagos, células asesinas naturales (NK), linfocitos T citotóxicos específicos de antígeno y la liberación de diversas citoquinas en respuesta a un antígeno. En términos más generales, la inmunidad celular no se basa en anticuerpos, sino en la activación de células del sistema inmunitario. Típicamente, una respuesta inmunitaria celular se puede caracterizar por ejemplo activando linfocitos T citotóxicos específicos de antígeno que son capaces de inducir la apoptosis celular, por ejemplo en células inmunitarias específicas como células dendríticas u otras células, que detectan epítopos de antígenos extraños en su superficie. Tales células se pueden infectar por virus o con bacterias intracelulares o con células de cáncer que detectan antígenos tumorales. Las características adicionales pueden ser la activación de macrófagos y células asesinas naturales, permitiéndoles destruir patógenos y la estimulación de células para secretar una variedad de citoquinas que influyen en la función de otras células implicadas en respuestas inmunitarias adaptativas e innatas.

ADN: ADN es la abreviatura usual para ácido desoxirribonucleico. Es una molécula de ácido nucleico, es decir un polímero consistente en nucleótidos. Estos nucleótidos son normalmente monómeros de desoxiadenosin-monofosfato, desoxitimidin-monofosfato, desoxiguanosin-monofosfato y desoxicitidin-monofosfato que son a su vez están compuestos por una porción de azúcar (desoxirribosa), una porción base y una porción fosfato, y se polimerizan en un esqueleto principal característico. El esqueleto de principal está

formado típicamente por uniones fosfodiéster entre la porción de azúcar del nucleótido, es decir la desoxirribosa, de una primera porción fosfato de un segundo monómero adyacente. El orden específico de los monómeros, es decir el orden de las bases ligadas a la cadena principal azúcar/fosfato, se denomina secuencia de ADN. El ADN puede ser mono- o bi-catenario. En la forma de doble hebra, los nucleótidos de la primera hebra se hibridan típicamente con los nucleótidos de la segunda hebra, por ejemplo por un apareamiento de bases A/T y G/C.

Epítopo: Los epítopos (también llamados 'determinantes de antígeno') pueden distinguirse en epítopos de células T y epítopos de células B. Los epítopos de células T o partes de las proteínas en el contexto de la presente invención pueden comprender fragmentos que, preferiblemente, tienen una longitud de alrededor de 6 a alrededor de 20 o aún más aminoácidos, por ejemplo fragmentos tal como se procesan y presentan por moléculas de clase I MHC, preferiblemente con una longitud de alrededor de 8 a alrededor de 10 aminoácidos, por ejemplo 8, 9, o 10, (o aún 11, o 12 aminoácidos), o fragmentos tales como se procesan y presentan por moléculas de clase II MHC, preferiblemente de una longitud de alrededor de 13 o más aminoácidos, por ejemplo 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o aún más aminoácidos, donde estos fragmentos se pueden seleccionar de cualquier parte de la secuencia de aminoácidos. Estos fragmentos son típicamente reconocidos por células T en forma de un complejo que consiste en el fragmento de péptido y una molécula MHC, así, los fragmentos típicamente no son reconocidos en su forma nativa. Los epítopos de células B son típicamente fragmentos ubicados en la superficie externa de proteínas (nativas) o antígenos de péptido como se define aquí, preferiblemente de 5 a 15 aminoácidos, más preferiblemente de 5 a 12 aminoácidos, aún más preferiblemente de 6 a 9 aminoácidos, que pueden ser reconocidos por anticuerpos, esto es en su forma nativa.

Tales epítopos de proteínas o péptidos además se pueden seleccionar de cualquiera de las variantes aquí mencionadas de tales proteínas o péptidos. En este contexto, los determinantes antigénicos pueden ser epítopos conformacionales y discontinuos que se componen de segmentos de las proteínas o péptidos tal como se definen aquí que son discontinuos en la secuencia de aminoácidos de las proteínas o péptidos como se definen aquí, pero se reúnen en la estructura tridimensional, o epítopos continuos o lineales que se componen de una única cadena de polipéptidos.

Fragmento de una secuencia: Un fragmento de una secuencia es típicamente una parte más corta de una secuencia de longitud completa de, por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico o de aminoácidos. En consecuencia, un fragmento de una secuencia típicamente consiste en una secuencia que es idéntica al tramo o tramos correspondientes dentro de la secuencia de longitud completa. Un fragmento preferente de una secuencia en el contexto de la presente invención consiste en un tramo continuo de entidades, como nucleótidos o aminoácidos, que corresponden a un tramo continuo de entidades en la molécula de la que se deriva el fragmento, lo que representa al menos el 5%, preferiblemente al menos el 20%, preferiblemente al menos el 30%, más preferiblemente al menos el 40%, más preferiblemente al menos el 50%, aún más preferiblemente al menos el 60%, aún más preferiblemente al menos el 70% y con total preferencia al menos el 80% de la molécula total (esto es longitud completa) de la cual se deriva el fragmento.

Modificado en G/C: Un ácido nucleico modificado en G/C puede ser típicamente un ácido nucleico, preferentemente una molécula artificial de ácido nucleico como se define aquí, basada en una secuencia de tipo natural modificada, que comprende un número preferentemente incrementado de nucleótidos guanosina y/o citosina en comparación con la secuencia de tipo natural. Tal número incrementado se puede generar por sustitución de codones que contienen nucleótidos de adenosina o timidina por codones que contienen nucleótidos de guanosina o citosina. Si el contenido de G/C enriquecido aparece en una región de codificación de ADN o ARN, hace uso de la degeneración del código genético. Por consiguiente, las sustituciones del codón preferentemente no alteran los residuos de aminoácidos codificados, sino incrementan exclusivamente el contenido de G/C de la molécula de ácido nucleico.

Terapia Génica: La terapia génica se puede entender como un tratamiento de elementos corporales o aislados del cuerpo de un paciente, por ejemplo tejidos/células aisladas, con ácidos nucleicos que codifican un péptido o proteína. Típicamente puede comprender al menos una de las etapas de a) administrar un ácido nucleico, de manera preferente una molécula artificial de ácido nucleico como se define aquí, directamente al paciente – por cualquier vía de administración – o *in vitro* a células/tejidos aislados del paciente, lo cual tiene como resultado la transfección de las células del paciente ya sea *in vivo*/*ex vivo* o *in vitro*; b) la transcripción y/o traducción de la molécula de ácido nucleico introducida; y opcionalmente c) la re-administración de las células transfectadas aisladas al paciente si el ácido nucleico no se ha administrado directamente al mismo.

Vacunación genética: La vacunación genética típicamente se puede entender como la vacunación por administración de una molécula de ácido nucleico que codifica un antígeno o un inmunógeno o fragmentos de los mismos. La molécula de ácido nucleico se puede administrar a un cuerpo del sujeto o a células aisladas de un sujeto. Tras la transfección de ciertas células del cuerpo o tras la transfección de las células aisladas, el antígeno o inmunógeno puede ser expresado por aquellas células y posteriormente ser presentado al sistema

inmunitario, provocando una respuesta inmunitaria adaptiva, esto es específica de antígeno. En consecuencia, la vacunación genética típicamente comprende al menos una de las etapas de a) administrar un ácido nucleico, preferiblemente un ARN (aislado) como se define aquí, a un sujeto, preferiblemente un paciente, o a células aisladas de un sujeto, preferiblemente de un paciente, que usualmente resulta en la transfección de las células del sujeto ya sea *in vivo* o *in vitro*; b) transcripción y/o traducción de la molécula de ácido nucleico introducida; y opcionalmente c) re-administración de células aisladas transfectadas al sujeto, preferiblemente al paciente, si el ácido nucleico no se ha administrado directamente al paciente.

Secuencia heteróloga: Típicamente se entiende que dos secuencias son "heterólogas" cuando no se derivan del mismo gen, es decir, aunque las secuencias heterólogas se pueden derivar del mismo organismo, no se presentan naturalmente (en la naturaleza) en la misma molécula de ácido nucleico, tal como en el mismo ARNm.

Inmunidad humoral/respuesta inmunitaria humoral: La inmunidad humoral se refiere típicamente a la producción de anticuerpos y opcionalmente a procesos accesorios que acompañan q la producción de anticuerpos. Una respuesta inmunitaria humoral se puede caracterizar típicamente, por ejemplo, por la activación de Th2, la producción de citoquinas, formación central germinal y cambio de isotipo, maduración por afinidad y generación de células de memoria. La inmunidad humoral también se puede referir típicamente a funciones efectoras de los anticuerpos, incluyendo la naturalización de patógenos y toxinas, activación de complemento clásica y la promoción de opsonina de fagocitosis y eliminación de patógenos.

Inmunógeno: En el contexto de la presente invención, un inmunógeno se puede entender típicamente como un compuesto capaz de estimular una respuesta inmunitaria. Preferentemente, un inmunógeno es un péptido, polipéptido o proteína. En una realización particularmente preferente, un inmunógeno en el sentido de la presente invención es el producto de la traducción de una molécula de ácido nucleico proporcionada, preferentemente una molécula artificial de ácido nucleico como se define aquí, típicamente un inmunógeno induce al menos una respuesta inmunitaria adaptativa.

Composición inmunoestimuladora: En el contexto de la invención, una composición inmunoestimuladora se puede entender típicamente como una composición que contiene al menos un componente capaz de inducir una respuesta inmunitaria o del cual se deriva un componente que es capaz de inducir una respuesta inmunitaria. Tal respuesta inmunitaria puede ser preferentemente una respuesta inmunitaria innata o una combinación de una respuesta inmunitaria adaptativa e innata. De manera preferente, una composición inmunoestimuladora en el contexto de la invención contiene al menos una molécula artificial de ácido nucleico, en especial un ARN, por ejemplo una molécula de ARNm. El componente inmunoestimulador, tal como el ARNm, se puede complejar con un portador adecuado. Así, la composición inmunoestimuladora puede comprender un complejo ARNm/portador. Adicionalmente, la composición inmunoestimuladora puede comprender un adyuvante y/o un vehículo adecuado para el componente inmunoestimulador, tal como el ARNm.

Respuesta inmunitaria: Una respuesta inmunitaria puede ser típicamente una reacción específica del sistema inmunitario adaptativo a un antígeno particular (llamada así respuesta inmunitaria específica o adaptativa) o una reacción no específica del sistema inmunitario innato (llamada entonces respuesta inmunitaria no específica o innata), o una combinación de las mismas.

Sistema inmunitario: El sistema inmunitario puede proteger a los organismos de infecciones. Si un patógeno tiene éxito traspasando una barrera física de un organismo y entra en éste, el sistema inmunitario innato proporciona una respuesta inmediata, pero no específica. Si los patógenos evaden esta respuesta innata, los vertebrados tienen una segunda capa de protección, el sistema inmunitario adaptativo. Aquí, el sistema inmunitario adapta su respuesta durante una infección para mejorar su reconocimiento del patógeno. Esta respuesta mejorada se mantiene así después de que el patógeno se ha eliminado en forma de una memoria inmunológica y permite al sistema inmunitario adaptativo desarrollar ataques más rápidos y fuertes cada vez que se encuentra este patógeno. De acuerdo con esto, el sistema inmunitario comprende el sistema inmunitario innato y el adaptativo. Cada una de estas dos partes típicamente contiene los denominados componentes humorales y celulares.

ARN inmunoestimulante: Un ARN inmunoestimulador (isARN) en el contexto de la invención típicamente puede ser un ARN que es capaz de inducir una respuesta inmunitaria innata. Éste usualmente no tiene un marco de lectura abierto y, por tanto, no proporciona un péptido-antígeno o inmunógeno, pero provoca una respuesta inmunitaria innata, por ejemplo por enlace a una clase específica de receptor tipo Toll (TLR) u otros receptores adecuados. Sin embargo, por supuesto también los ARNm que tienen un marco de lectura abierto y que codifican para un péptido/proteína puede inducir una respuesta inmunitaria innata y, por tanto, pueden ser ARN inmunoestimuladores.

Sistema inmunitario innato: El sistema inmunitario innato, también conocido como sistema inmunitario no específico (o inespecífico), típicamente comprende células y mecanismos que defienden al huésped de la infección por otros organismos de manera no específica. Esto significa que las células del sistema innato pueden reconocer y responder a patógenos de forma genérica, pero, a diferencia del sistema inmunitario adaptativo, no confiere inmunidad de larga duración o de protección al huésped. El sistema inmunitario innato puede ser, por ejemplo, activado por ligandos de receptores tipo Toll (TLRs) u otras sustancias auxiliares, como lipopolisacáridos, TNF-alfa, ligando CD40, o citoquinas, monoquinas, linfoquinas, interleuquinas o quimiocinas, IL-1, IL-2, IL-3, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-8, IL-9, IL-10, IL-11, IL-12, IL-13, IL-14, IL-15, IL-16, IL-17, IL-18, IL-19, IL-20, IL-21, IL-22, IL-23, IL-24, IL-25, IL-26, IL-27, IL-28, IL-29, IL-30, IL-31, IL-32, IL-33, IFN-alfa, IFN-beta, IFN-gama, GM-CSF, G-CSF, M-CSF, LT-beta, TNF-alfa, factores de crecimiento y hGH, un ligando de receptor tipo Toll humano TLR1, TLR2, TLR3, TLR4, TLR5, TLR6, TLR7, TLR8, TLR9, TLR10, un ligando de receptor tipo Toll de murino TLR1, TLR2, TLR3, TLR4, TLR5, TLR6, TLR7, TLR8, TLR9, TLR10, TLR11, TLR12 o TLR13, un ligando de un receptor tipo NOD, un ligando de un receptor tipo RIG-I, un ácido nucleico inmunoestimulador, un ARN inmunoestimulador (isARN), un CpG-ADN, un agente antibacteriano o un agente anti-viral. La combinación vacuna/inhibidor, la composición farmacéutica o el kit de partes de acuerdo con la presente invención pueden comprender una o más de tales sustancias. Típicamente, una respuesta del sistema inmunitario innato incluye células inmunitarias de reclutamiento a sitios de infección mediante la producción de factores químicos, incluyendo mediadores químicos especializados denominados citoquinas; activación de la cascada del complemento; identificación y eliminación de sustancias extrañas presentes en órganos, tejidos, sangre y linfa por glóbulos blancos especializados; activación del sistema inmunitario adaptativo; y/o actuando como barrera física y química a agentes infecciosos.

Sitio de clonación: Un sitio de clonación se entiende típicamente como un segmento de una molécula de ácido nucleico adecuada para la inserción de una secuencia de ácidos nucleicos, por ejemplo una secuencia de ácidos nucleicos que comprende un marco de lectura abierto. La inserción se puede llevar a cabo por cualquier método biológico molecular conocido por el experto en la técnica, por ejemplo por restricción y ligación. Un sitio de clonación comprende típicamente uno o más sitios de reconocimiento de enzimas de restricción (sitios de restricción). Estos sitios de una o más restricciones pueden ser reconocidos por las enzimas de restricción que escinden el ADN en estos sitios. Un sitio de clonación que comprende más de un sitio de restricción también puede denominarse sitio de clonación múltiple (MCS) o poliligador.

Molécula de ácido nucleico: Una molécula de ácidos nucleico es una molécula que comprende, preferentemente que consiste en, componentes de ácido nucleico. El término molécula de ácido nucleico se refiere preferentemente a moléculas de ADN o ARN. Se utiliza preferentemente como sinónimo del término “polinucleótido”. De manera preferente, una molécula de ácido nucleico es un polímero que comprende o que consiste en monómeros de nucleótidos que se unen covalentemente entre sí por enlaces fosfodiéster a un esqueleto azúcar/fosfato. El término “molécula de ácido nucleico” también abarca moléculas de ácido nucleico modificadas, tales como moléculas de ADN o ARN modificadas con base o modificadas con azúcar o modificadas en su esqueleto, etc.

Marco de lectura abierto: Un marco de lectura abierto (ORF) en el contexto de la invención típicamente puede ser una secuencia de diversos tripletes de nucleótidos que se pueden traducir en un péptido o proteína. Un marco de lectura abierto preferiblemente contiene un codón de inicio, esto es una combinación de tres nucleótidos subsiguientes que codifican usualmente para el aminoácido metionina (ATG o AUG), en su extremo 5’- y una región posterior que usualmente tiene una longitud múltiplo de 3 nucleótidos. Un ORF preferiblemente está terminado por un codón de parada (por ejemplo, TAA, TAG, TGA). Típicamente, éste es únicamente codón de parada del marco de lectura abierto. Por tanto, un marco de lectura abierto en el contexto de la presente invención es preferiblemente una secuencia de nucleótidos que consiste en un número de nucleótidos que se pueden dividir entre tres, que inician con un codón de inicio (por ejemplo ATG o AUG) y que preferiblemente terminan con un codón de parada (por ejemplo, TAA, TGA, o TAG o UAA, UAG, UGA, respectivamente). El marco de lectura abierto se puede aislar o se puede incorporar en una secuencia de ácido nucleico más larga, por ejemplo en un vector o un ARNm. Un marco de lectura abierto también se puede denominar “región de codificación de proteína”.

Péptido: Un péptido o polipéptido es típicamente un polímero de monómeros de aminoácidos unidos por enlaces peptídicos. Contiene típicamente menos de 50 unidades monoméricas. No obstante, el término péptido no excluye moléculas que tienen más de 50 unidades monoméricas. Los péptidos largos también se denominan polipéptidos, que tienen típicamente entre 50 y 600 unidades monoméricas.

Cantidad farmacéuticamente efectiva: Una cantidad farmacéuticamente efectiva en el contexto de la invención se entiende típicamente como una cantidad que es suficiente para inducir un efecto farmacéutico, tal como una respuesta inmunitaria, que altera un nivel patológico de un péptido o proteína expresado, o sustituye un producto carente de gen, por ejemplo, en el caso de una situación patológica.

Proteína: Una proteína comprende típicamente uno o más péptidos o polipéptidos. Una proteína típicamente está plegada en una forma tridimensional, que puede ser necesaria para que la proteína ejerza su función biológica.

Secuencia Poli(A): Una secuencia poli(A), también llamada cola poli(A) o cola 3'-poli(A), se entiende típicamente como una secuencia de nucleótidos adenina, por ejemplo de hasta 400 nucleótidos de adenina, por ejemplo de aproximadamente 20 a aproximadamente 400, de manera preferente de aproximadamente 50 a aproximadamente 400, de manera más preferente de aproximadamente 50 a aproximadamente 300, aun de manera más preferente de aproximadamente 50 a aproximadamente 250, de manera mucho más preferente de aproximadamente 60 a aproximadamente 250 nucleótidos de adenina. La secuencia poli(A) se sitúa típicamente en el extremo 3' de un ARNm. En el contexto de la presente invención, una secuencia poli(A) se puede situar dentro de un ARNm o de cualquier otra molécula de ácido nucleico, por ejemplo un vector, por ejemplo un vector que sirve como plantilla para la generación de un ARN, preferentemente un ARNm, por ejemplo por transcripción del vector.

Poliadenilación: La poliadenilación se entiende típicamente como la adición de una secuencia poli(A) a una secuencia de ácido nucleico, tal como una molécula de ARN, por ejemplo un ARNm prematuro. La poliadenilación se puede inducir por una llamada señal de poliadenilación. Esta señal se sitúa preferentemente dentro de un tramo de nucleótidos en el extremo 3' de una molécula de ácido nucleico, tal como una molécula de ARN, que se poliadenila. Una señal de poliadenilación comprende típicamente un hexámero que consiste en adenina y nucleótidos uracilo/timina, preferentemente la secuencia de hexámero AAUAAA. Otras secuencias, de manera preferente secuencias de hexámero, también son concebibles. La poliadenilación aparece típicamente durante el procesamiento de un pre-ARNm (también llamado ARNm prematuro). Típicamente, la maduración del ARN (de pre-ARNm a ARNm maduro) comprende la etapa de poliadenilación.

Sitio de restricción: Un sitio de restricción, también llamado "sitio de reconocimiento de enzimas de restricción", es una secuencia de nucleótidos reconocida por la enzima de restricción. Un sitio de restricción es típicamente una secuencia de nucleótidos, preferentemente palindrómicos corta, por ejemplo una secuencia que comprende de 4 a 8 nucleótidos. Preferentemente, un sitio de restricción es reconocido por una enzima de restricción. La enzima de restricción escinde típicamente una secuencia de nucleótidos que comprende un sitio de restricción en este sitio. En una secuencia de nucleótidos de doble hebra, tal como una secuencia de ADN de doble hebra, la enzima de restricción corta típicamente ambas hebras de la secuencia de nucleótidos.

ARN, ARNm: ARN es la abreviatura usual para el ácido ribonucleico. Es una molécula de ácido nucleico, es decir un polímero que consiste en nucleótidos. Estos nucleótidos son usualmente monómeros de adenosina-monofosfato, uridina-monofosfato, guanosina-monofosfato y citidina-monofosfato que se unen entre sí a lo largo de un esqueleto principal. El esqueleto principal está formado por la unión fosfodiéster entre el azúcar, es decir ribosa, de una primera porción de fosfato y de un segundo monómero adyacente. La sucesión específica de monómeros se denomina secuencia de ARN. Usualmente el ARN puede ser obtenible por la transcripción de una secuencia de ADN, por ejemplo dentro de una célula. En las células eucarióticas, la transcripción se lleva a cabo típicamente dentro del núcleo de la mitocondria. *In vivo*, la transcripción del ADN da por resultado normalmente el llamado ARN prematuro, que tiene que ser procesado en el llamado ARN mensajero, usualmente abreviado como ARNm. El procesamiento del ARN prematuro, por ejemplo en organismos eucarióticos, comprende una variedad de diferentes modificaciones pos-transcripcionales, como empalme, cap 5', poliadenilación, exportación del núcleo o la mitocondria y similares. La suma de estos procesos también se denomina maduración del ARN. El ARN mensajero maduro proporciona usualmente la secuencia de nucleótidos que se puede traducir en una secuencia de aminoácidos de un péptido o proteína particular. Típicamente, un ARNm maduro comprende un cap 5', 5'UTR, un marco de lectura abierto, una 3'UTR y una secuencia poli(A). Además del ARN mensajero, existen varios tipos de ARN no codificantes que pueden estar implicados en la regulación de la transcripción y/o traducción.

Secuencia de una molécula de ácido nucleico: La secuencia de una molécula de ácido nucleico se entiende típicamente como el orden particular e individual, es decir la sucesión de sus nucleótidos. La secuencia de una proteína o péptido se entiende típicamente como el orden, es decir la sucesión de sus aminoácidos.

Identidad de secuencia: Dos o más secuencias son idénticas si tienen la misma longitud y orden de nucleótidos o aminoácidos. El porcentaje de identidad típicamente describe el grado en que dos secuencias son idénticas, esto es típicamente describe el porcentaje de nucleótidos que corresponden en su posición de secuencia con nucleótidos idénticos de una secuencia de referencia. Para determinar el grado de identidad, las secuencias a comparar se consideran de la misma longitud, esto es la longitud de la secuencia más larga de las secuencias a comparar. Esto significa que una primera secuencia que consiste en 8 nucleótidos es un 80% idéntica a una segunda secuencia que consiste en 10 nucleótidos que comprende la primera secuencia. En otras palabras, en el contexto de la presente invención, la identidad de secuencia preferiblemente se refiere al porcentaje de nucleótidos de una secuencia que tiene la misma posición en dos o más secuencias de la misma longitud. Los

espacios son usualmente considerados como posiciones no idénticas, independientemente de su posición actual en una alineación.

Molécula de ácido nucleico estabilizada: Una molécula de ácido nucleico estabilizada es una molécula de ácido nucleico, preferentemente una molécula de ADN o ARN, que se modifica de forma que es más estable a la desintegración o degradación, por ejemplo por factores ambientales o digestión enzimática, tal como por degradación con exo o endonucleasas, que la molécula de ácido nucleico sin la modificación. De manera preferente, una molécula de ácido nucleico estabilizado en el contexto de la presente invención se estabiliza en una célula, tal como una célula procariótica o eucariótica, de manera preferente en una célula de mamífero, tal como una célula humana. El efecto de estabilización también se puede ejercer fuera de las células, por ejemplo con una solución tampón, etc., por ejemplo en un proceso de fabricación para una composición farmacéutica que comprende la molécula de ácido nucleico estabilizada.

Transfección: El término 'transfección' se refiere a la introducción de moléculas de ácido nucleico, tal como moléculas de ADN o ARN (por ejemplo ARNm), en células, preferiblemente en células eucariotas. En el contexto de la presente invención, el término 'transfección' abarca cualquier método conocido por el experto para introducir moléculas de ácido nucleico, preferiblemente moléculas de ARN, en las células, preferiblemente en células eucariotas, tal como en células de mamífero. Tales métodos abarcan, por ejemplo, electroporación, lipofección, por ejemplo basado en lípidos catiónicos y/o liposomas, precipitación de fosfato de calcio, transfección basada en nanopartículas, transfección basada en virus o transfección basada en polímeros catiónicos, tal como DEAE-dextrano o polietilenimina etc. De manera preferente, la introducción no es viral.

Vacuna: Una vacuna se entiende típicamente como un material profiláctico o terapéutico que proporciona al menos un antígeno, preferiblemente un inmunógeno. El antígeno o inmunógeno se puede derivar de cualquier material adecuado para la vacunación. Por ejemplo, el antígeno o inmunógeno se puede derivar de un patógeno, tal como de bacterias o partículas virales, etc., o de un tumor o tejido canceroso. El antígeno o inmunógeno estimula el sistema inmunitario adaptativo del cuerpo para proporcionar una respuesta inmunitaria adaptiva.

Vector: El término "vector" se refiere a una molécula de ácido nucleico, de manera preferente a una molécula artificial de ácido nucleico. Un vector en el contexto de la presente invención es adecuado para incorporar o alojar una secuencia de ácido nucleico deseada, tal como una secuencia de ácido nucleico que comprende un marco de lectura abierto. Tales vectores pueden ser vectores de almacenamiento, vectores de expresión, vectores de clonación, vectores de transferencia, etc. Un vector de almacenamiento es un vector que permite el almacenamiento conveniente de una molécula de ácido nucleico, por ejemplo, de una molécula de ARNm. Así, el vector puede comprender una secuencia que corresponde, por ejemplo, a una secuencia de ARNm deseada o a una parte de la misma, tal como una secuencia que corresponde al marco de lectura abierto y la 3'UTR de un ARNm. Se puede emplear un vector de expresión para la producción de productos de expresión tales como ARN, por ejemplo ARNm, o péptidos, polipéptidos o proteínas. Por ejemplo, un vector de expresión puede comprender secuencias necesarias para la transcripción de un tramo de secuencia del vector, tal como una secuencia promotora, por ejemplo una secuencia promotora de ARN. Un vector de clonación es típicamente un vector que contiene un sitio de clonación, que se puede utilizar para incorporar secuencias de ácidos nucleicos en el vector. Un vector de clonación puede ser, por ejemplo, un vector plásmido o bacteriófago. Un vector de transferencia puede ser un vector adecuado para transferir moléculas de ácido nucleico en células u organismos, por ejemplo vectores virales. Un vector en el contexto de la presente invención puede ser, por ejemplo, un vector de ARN o un vector de ADN. Preferentemente, un vector es una molécula de ADN. De manera preferente un vector en el sentido de la presente solicitud comprende un sitio de clonación, un marcador de selección, tal como un factor de resistencia a antibióticos, y una secuencia adecuada para multiplicación del vector, tal como un origen de replicación. De manera preferente, un vector en el contexto de la presente solicitud es un vector de plásmido.

Vehículo: Un vehículo se entiende típicamente como un material adecuado para almacenar, transportar y/o administrar un compuesto, tal como un compuesto farmacéuticamente activo. Por ejemplo, puede ser un líquido fisiológicamente aceptable adecuado para almacenar, transportar y/o administrar un compuesto farmacéuticamente activo.

Región 3' no traducida (3'UTR): Una 3'UTR es típicamente la parte de un ARNm entre la región de codificación de la proteína (es decir el marco de lectura abierto) y la secuencia poli(A) de la ARNm. Una 3'UTR de la ARNm no se traduce en una secuencia de aminoácidos. La secuencia 3'UTR es codificada generalmente por el gen que se transcribe en el ARNm respectivo durante el proceso de expresión génica. La secuencia genómica primero se transcribe en el ARNm pre-maduro, que comprende intrones opcionales. El ARNm pre-maduro luego se procesa adicionalmente en ARNm maduro en un proceso de maduración. Este proceso de maduración comprende las etapas de cap 5', empalme del ARNm pre-maduro para escindir intrones opcionales y modificaciones del extremo 3', tal como poliadenilación del extremo 3' del ARNm pre-maduro y escisiones de

endo o exonucleasa opcionales, etc. En el contexto de la presente invención, una 3'UTR corresponde a la secuencia de un ARNm maduro que se sitúa 3' al codón de parada de la región que codifica la proteína, preferentemente inmediatamente 3' al codón de parada de la región que codifica a la proteína, y que se extiende al lado 5' de la secuencia poli(A), de manera preferente al nucleótido inmediatamente 5' de la secuencia poli(A). El término "corresponde a" significa que la secuencia 3'UTR puede ser una secuencia de ARN, tal como en la secuencia de ARNm, utilizada para definir la secuencia 3'UTR, o una secuencia de ADN que corresponde a tal secuencia de ARN. En el contexto de la presente invención, el término 3'UTR de un gen", tal como "3'UTR de un gen de albumina", es la secuencia que corresponde a la 3'UTR del ARNm maduro derivado de este gen, es decir el ARNm obtenido por transcripción del gel y la maduración de la ARNm pre-maduro. El término "3'UTR de un gen" abarca la secuencia de ADN y la secuencia de ARN de la 3'UTR.

Región 5' no traducida (5'UTR): Una 5'UTR se entiende típicamente como una sección particular de un ARN mensajero (ARNm). Se sitúa 5' del marco de lectura abierto del ARNm. Típicamente, la 5'UTR comienza con el sitio de inicio de transcripción y termina un nucleótido antes del codón de inicio del marco de lectura abierto. La 5'UTR puede comprender elementos para controlar la expresión génica, también llamados elementos reguladores. Tales elementos reguladores pueden ser, por ejemplo, sitios de unión ribosómicos o un Tracto de Oligopirimidina 5'-terminal. La 5'UTR se puede modificar pos-transcripcionalmente, por ejemplo por la adición de cap 5'. En el contexto de la presente invención, una 5'UTR corresponde a la secuencia de un ARNm maduro que se sitúa entre cap 5' y el codón de inicio. De manera preferente, la 5'UTR corresponde a la secuencia que se extiende de un nucleótido situado 3' a la cap 5', de manera preferente el nucleótido situado inmediatamente 3' a cap 5', a un nucleótido situado 5' al codón de inicio de la región de codificación de proteína, de manera preferente al nucleótido situado inmediatamente 5' al codón de inicio de la región de codificación de proteína. El nucleótido situado inmediatamente 3' a la cap 5' de un ARNm maduro corresponde típicamente al sitio de inicio transcripcional. El término "corresponde a" significa que la secuencia 5'UTR puede ser una secuencia de ARN, tal como en la secuencia ARNm utilizada para definir la secuencia 5'UTR, o una secuencia de ADN que corresponde a tal secuencia de ARN. En el contexto de la presente invención, el término "5'UTR de un gen", tal como "5'UTR de un gen TOP", es la secuencia que corresponde a la 5'UTR del ARNm maduro derivado de este gen, es decir el ARNm obtenido por transcripción del gen de y maduración de la ARNm pre-maduro. El término "5'UTR de un gen" abarca la secuencia de ADN y la secuencia de ARN de la 5'UTR.

Tracto de Oligopirimidina 5'-Terminal (TOP): El tracto de Oligopirimidina 5'-terminal (TOP) es típicamente un tramo de nucleótidos de pirimidina situados en la región 5'-terminal de una molécula de ácido nucleico, tal como la región 5'-terminal de ciertas moléculas de ARNm o la región 5'-terminal de una entidad funcional, por ejemplo la región transcrita de ciertos genes. La secuencia inicia con una citidina, que usualmente corresponde al sitio de inicio transcripcional y sigue usualmente con un tramo de aproximadamente 3 a 30 nucleótidos de pirimidina. Por ejemplo, el TOP puede comprender 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 o aún más nucleótidos. El tramo de pirimidina y con ello el 5' TOP termina en un nucleótido 5' al primer nucleótido de purina situado aguas abajo del TOP. El ARN mensajero que contiene un tracto de oligopirimidina 5'-terminal se denomina frecuentemente 5' TOP ARNm. Por consiguiente, los genes que proporcionan tales ARN mensajeros son referidos como genes TOP. Por ejemplo, se han descubierto secuencias TOP en genes y ARNm que codifican factores de alargamiento de péptidos y proteínas ribosómicas.

Motivo TOP: En el contexto de la presente invención, un motivo TOP es una secuencia de ácidos nucleicos que corresponde a un 5'TOP como se define anteriormente. Así, un motivo TOP en el contexto de la presente invención preferentemente es un tramo de nucleótidos de pirimidina con una longitud de 3-30 nucleótidos. De manera preferente, el motivo TOP consiste en al menos 3 nucleótidos de pirimidina, en especial al menos 4 nucleótidos de pirimidina, de manera especialmente preferente al menos 5 nucleótidos de pirimidina y en particular al menos 6 nucleótidos, con particular preferencia al menos 7 nucleótidos, con total preferencia al menos 8 nucleótidos de pirimidina, comenzando el tramo de los nucleótidos de pirimidina preferentemente en su extremo 5' con un nucleótido de citosina. En los genes TOP y los ARNm TOP, el motivo TOP comienza preferentemente en su extremo 5' con el sitio de inicio transcripcional y termina con un nucleótido 5' al primer residuo de purina en el gen del ARNm. Un motivo TOP en el sentido de la presente invención se sitúa preferentemente en el extremo 5' de una secuencia que representa una 5'UTR o en el extremo 5' de una secuencia que codifica una 5'UTR. Así, preferentemente un tramo de 3 o más nucleótidos de pirimidina se denomina "motivo TOP" en el sentido de la presente invención si este tramo se sitúa en el extremo 5' de una secuencia respectiva, tal como la molécula artificial de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención, del elemento 5'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención o de la secuencia de ácidos nucleicos que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP como se describe aquí. En otras palabras, un tramo de 3 o más nucleótidos de pirimidina que no está en el extremo 5' de una 5'UTR o de un elemento 5'UTR, pero está en cualquier lugar dentro de una 5'UTR o de un elemento 5'UTR preferentemente no es un "motivo TOP".

Gen TOP: Los genes TOP se caracterizan típicamente por la presencia de un tracto de oligopirimidina 5'-terminal. Además, la mayoría de genes TOP se caracterizan por una regulación de traducción asociada al

crecimiento. Sin embargo, también son conocidos genes TOP con una regulación traduccional específica de tejido. Como se ha definido anteriormente, la 5'UTR de un gen TOP corresponde a la secuencia de una 5'UTR de un ARNm maduro derivado de un gen TOP, que se extiende preferentemente del nucleótido situado en 3' al cap 5' al nucleótido situado 5' al codón de inicio. Una 5'UTR de un gen TOP no comprende típicamente ninguno de los codones de inicio, preferentemente no AUG aguas arriba (uAUG) o no marcos de lectura abiertos aguas arriba (uORF). Aquí, los AUG aguas arriba y los marcos de lectura abiertos aguas arriba se entienden típicamente como AUG y marcos de lectura abiertos presentes en 5' del codón de inicio (AUG) del marco de lectura abierto a ser traducido. Las 5'UTR de los genes TOP son generalmente más cortas. Las longitudes de las 5'UTRs de los genes TOP pueden variar entre 20 nucleótidos hasta 500 nucleótidos y son típicamente inferiores a aproximadamente 200 nucleótidos, preferentemente inferiores a aproximadamente 150 nucleótidos, de manera más preferente inferiores a aproximadamente 100 nucleótidos. 5'UTR ilustrativas de los genes TOP en el sentido de la presente invención son las secuencias de ácidos nucleicos que se extienden del nucleótido en posición 5 al nucleótido situado inmediatamente 5' al codón de inicio (por ejemplo ATG) en las secuencias de acuerdo con las SEQ ID No. 1-1363, 1435, 1461 y 1462.

En un primer aspecto, la presente invención se refiere a una molécula de ácido nucleico artificial que comprende:

i. al menos un elemento de región no traducida 5' (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR natural de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o u gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1, donde la al menos una función es estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir de un ARNm y
ii. al menos un marco de lectura abierto (ORF),

donde el elemento 5'UTR y el marco de lectura abierto son heterólogos.

Además, también se describe aquí una molécula de ácido nucleico artificial que comprende:

a) al menos un elemento de región 5' no traducida (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP y
b) al menos un marco de lectura abierto (ORF).

Preferentemente, la molécula de ácido nucleico artificial comprende además:

iii. al menos un tallo-bucle de histona.

Tal molécula de ácido nucleico artificial puede ser ADN o ARN. En caso de que la molécula de ácido nucleico artificial sea ADN, se puede utilizar para proporcionar ARN, preferentemente un ARNm, con una secuencia correspondiente como se describe adicionalmente a continuación. La molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita es particularmente útil en la terapia génica y la vacunación genética, ya que puede proporcionar una producción de proteínas incrementada y/o prolongada de la proteína codificada por el marco de lectura abierto.

En este contexto, el término "elemento 5'UTR" se refiere preferentemente a una secuencia de ácidos nucleicos que representa una 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico artificial, tal como un ARNm artificial, o que codifica una 5'UTR de una molécula de ácido nucleico artificial. Así, preferentemente, un elemento 5'UTR puede ser la 5'UTR de un ARNm, de manera preferente de un ARNm artificial, o puede ser la plantilla de transcripción para una 5'UTR de un ARNm. De esta manera, un elemento 5'UTR es preferentemente una secuencia de ácidos nucleicos que corresponde a la 5'UTR de un ARNm, de manera preferente a la 5'UTR de un ARNm artificial, tal como un ARNm obtenido por transcripción en un constructo de vector diseñado genéticamente. Preferentemente, un elemento 5'UTR en el sentido de la presente descripción funciona como

una 5'UTR o codifica una secuencia de nucleótidos que cumple la función de una 5'UTR. El término "elemento 5'UTR" se refiere adicionalmente a un fragmento o parte de una 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico artificial, tal como un ARNm artificial, o que codifica una parte o fragmento de una 5'UTR de una molécula de ácido nucleico artificial. Esto significa que el elemento 5'UTR en el sentido de la presente descripción puede estar comprendido en la 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico artificial, tal como un ARNm artificial, o que codifica una 5'UTR de una molécula de ácido nucleico artificial.

De acuerdo con la presente descripción, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o de una variante de la 5'UTR de un gen TOP.

Preferentemente, el término "secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP" se refiere a una secuencia de ácido nucleico que se basa en la secuencia 5'UTR de un gen TOP o en un fragmento del mismo. Este término incluye secuencias que corresponden a la secuencia 5'UTR completa, es decir la secuencia 5'UTR de longitud completa de un gen TOP, y secuencias que corresponden a un fragmento de la secuencia 5'UTR de un gen TOP. De manera preferente, un fragmento de una 5'UTR de un gen TOP consiste en un tramo continuo de nucleótidos que se corresponde con un tramo continuo de nucleótidos en la 5'UTR de longitud completa de un gen TOP, que representa al menos el 20%, preferentemente al menos el 30%, de manera más preferente al menos 40%, de manera más preferente al menos 50%, de manera aún más preferente al menos 60%, de manera aún más preferente al menos 70%, de manera aún más preferente al menos 80%, y de manera totalmente preferente al menos el 90% de la 5'UTR de longitud completa de un gen TOP. Tales fragmentos en el sentido de la presente descripción son fragmentos funcionales como se describen aquí. Un fragmento particularmente preferente de una 5'UTR de un gen TOP es una 5'UTR de un gen TOP que carece del motivo 5'TOP. El término "5'UTR de un gen TOP" se refiere preferentemente a la 5'UTR de un gen TOP de origen natural.

Los términos "variante de la 5'UTR de un gen TOP" y "variante del mismo" en el contexto de una 5'UTR de un gen TOP se refiere a una variante de la 5'UTR de un gen TOP de origen natural, de manera preferente a una variante de la 5'UTR de un gen TOP de vertebrado, de manera preferente a una variante de la 3'UTR de un gen TOP de mamífero, de manera más preferente a una variante de la 3'UTR de un gen TOP humano. Tal variante puede ser una 5'UTR modificada de un gen TOP. Por ejemplo, una variante 5'UTR puede mostrar una o más deleciones, inserciones, adiciones y/o sustituciones de nucleótidos comparada con la 5'UTR de origen natural de la cual se deriva. Preferentemente, una variante de una 5'UTR de un gen TOP es al menos un 95% idéntica a la 5'UTR de origen natural de donde la variante se deriva. Preferentemente, la variante es una variante funcional como se describe aquí.

El término "secuencia de ácidos nucleicos que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP" puede referirse a una secuencia de ácido nucleico que se basa en una variante de una secuencia 5'UTR de un gen TOP o un fragmento del mismo. Este término incluye secuencias que corresponden a la secuencia 5'UTR variante completa, es decir la secuencia 5'UTR variante de longitud completa de un gen TOP, y las secuencias que corresponden a un fragmento de la secuencia 5'UTR variante de un gen TOP. De manera preferente, un fragmento de una variante de la 5'UTR de un gen TOP consiste en un tramo continuo de nucleótidos que se corresponde con un tramo continuo de nucleótidos en la 5'UTR variante de longitud completa de un gen TOP, que representa al menos 20%, de manera preferente al menos 30%, de manera más preferente al menos 40%, de manera más preferente al menos 50%, de manera aún más preferente al menos 60%, de manera aún más preferente al menos 70%, de manera aún más preferente al menos 80%, y de manera mucho más preferente al menos 90% de la 5'UTR variante de longitud completa de un gen TOP. Tal fragmento de variante en el sentido de la presente descripción preferentemente es un fragmento funcional como se describe aquí.

Así, el elemento 5'UTR de la molécula de ácido nucleico artificial puede comprender o consistir en un fragmento de la 5'UTR de un gen TOP o un fragmento de una variante de la 5'UTR de un gen TOP o puede comprender o consistir en la 5'UTR completa de un gen TOP o puede comprender o consistir en una variante de la 5'UTR de un gen TOP.

Preferentemente, el elemento 5'UTR es adecuado para incrementar la producción de proteínas a partir de la molécula de ácido nucleico artificial.

De manera preferente, el al menos un elemento 5'UTR se une funcionalmente al ORF. Esto significa preferentemente que el elemento 5'UTR se asocia al ORF de forma que puede ejercer una función, tal como una función de incremento de la producción de proteínas para la proteína codificada por el ORF, o una función de estabilización de la molécula de ácido nucleico artificial. De manera preferente, el elemento 5'UTR y el ORF se asocian en la dirección 5'→3'. Así, de manera preferente, la molécula de ácido nucleico artificial comprende la estructura elemento 5'-5'UTR-ligador(opcional)-ORF-3', donde el ligador puede estar presente o ausente. Por ejemplo, el ligador puede ser uno o más nucleótidos, tal como un tramo de 1-50 o 1-20 nucleótidos, por ejemplo comprendiendo o consistiendo en uno o más sitios de reconocimiento de enzimas de restricción (sitios

de restricción).

De manera preferente, el elemento 5'UTR y el al menos un marco de lectura abierto son heterólogos. El término "heterólogo" en este contexto significa que el marco de lectura abierto y el elemento 5'UTR no son de origen natural (en la naturaleza) en esta combinación. De manera preferente, el elemento 5'UTR se deriva de un gen distinto al del marco de lectura abierto. Por ejemplo, el ORF se puede derivar de un gen diferente que el elemento 5'UTR, por ejemplo que codifica una proteína diferente o la misma proteína pero de una especie diferente, etc. Por ejemplo, el ORF no codifica la proteína que es codificada por el gen del cual se deriva el elemento 5'UTR.

En una realización preferente, el elemento 5'UTR, preferentemente la molécula de ácido nucleico artificial, no comprende un motivo TOP completo o una secuencia 5'TOP. Así, preferentemente el elemento 5'UTR, preferentemente la molécula de ácido nucleico artificial, no comprende el motivo TOP completo del gel TOP del cual se deriva la secuencia de ácido nucleico del elemento 5'UTR. Por ejemplo, el elemento 5'UTR o la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 o más residuos de pirimidina del motivo TOP o 5'TOP, de manera preferente 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 o más residuos pirimidina del motivo TOP situado en el lado 3' del motivo TOP o 5'TOP. Por ejemplo, el elemento 5'UTR puede comprender o consistir en una secuencia de ácido nucleico que se inicia en su extremo 5' con un residuo pirimidina que corresponde al residuo 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, etc., del motivo TOP o 5'TOP del gen TOP del cual se deriva la secuencia de ácidos nucleicos del elemento 5'UTR.

Es particularmente preferente que el elemento 5'UTR, de manera preferente la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita, no comprenda un motivo TOP o 5'TOP. Por ejemplo, la secuencia de ácidos nucleicos del elemento 5'UTR que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP comienza en su extremo 5' con un nucleótido situado en la posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas abajo del tracto de oligopirimidina 5'-terminal (TOP) de la 5'UTR de un gen TOP. La posición 1 aguas abajo del tracto de oligopirimidina 5'-terminal (TOP) es el primer nucleótido 3' basado en purina del motivo TOP o 5'TOP. Por consiguiente, la posición 1 aguas abajo del tracto de oligopirimidina 5'-terminal es el primer nucleótido después del extremo 3' del tracto de oligopirimidina 5'-terminal en la dirección 5'-3'. Del mismo modo, la posición 2 aguas abajo del 5'TOP es el segundo nucleótido después del extremo del tracto de oligopirimidina 5'-terminal, la posición 3 del tercer nucleótido y así sucesivamente.

Por tanto, el elemento 5'UTR preferentemente comienza 5, 10, 15, 20, 25, 30, 40 o 50 nucleótidos aguas abajo del sitio de inicio transcripcional de la 5'UTR de un gen TOP.

En algunas realizaciones, la secuencia de ácido nucleico del elemento 5'UTR que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP termina en su extremo 3' con un nucleótido situado en la posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas arriba del codón de inicio (por ejemplo A(U/T)G) del gen o del ARNm derivado del mismo. Así, el elemento 5'UTR no comprende ninguna parte de la región de codificación de proteínas. De esta manera, preferentemente la parte de codificación de proteínas de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita es proporcionada por el marco de lectura abierto. Sin embargo, el marco de lectura abierto se deriva preferentemente – como se indica anteriormente– de un gen de que es diferente al gen del que se deriva el elemento 5'UTR.

Es particularmente preferente que el elemento 5'UTR no comprenda un codón de inicio, tal como la secuencia de nucleótidos A(U/T)G. Así, de manera preferente, la molécula de ácido nucleico artificial no comprenderá ningún AUG aguas arriba (o ATG en caso de que sea una molécula de ADN). En otras palabras, en algunas realizaciones puede ser preferente que el AUG o ATG, respectivamente, del marco de lectura abierto sea el codón de inicio sólo de la molécula de ácido nucleico artificial.

Adicionalmente, se prefiere que el elemento 5'UTR no comprenda un marco de lectura abierto. Así, de manera preferente, la molécula de ácido nucleico artificial no comprenderá ningún marco de lectura abierto aguas arriba.

La secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP se deriva de un gen TOP eucariótico, de manera preferente un gen TOP vegetal o animal, de manera más preferente un gen TOP de cordado, de manera aún más preferente un gen TOP vertebrado, de manera más preferente un gen TOP de mamífero, tal como un gen TOP de humano o ratón.

Preferentemente, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP, donde el gen TOP es un gen TOP vegetal o animal, de manera más preferente un gen TOP de cordado, de manera aún más preferente un gen TOP de vertebrado, de manera mucho más preferente un gen TOP de mamífero, tal como un gen TOP humano o ratón, y que opcionalmente no comprende la secuencia de nucleótidos A(U/T)G y opcionalmente no comprende un marco

de lectura abierto; al menos un marco de lectura abierto (ORF) y opcionalmente al menos un tallo-bucle de histona; donde opcionalmente el elemento 5'UTR no comprende un motivo TOP y donde opcionalmente el elemento 5'UTR se inicia en su extremo 5' con un nucleótido situado en la posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas abajo del tracto de oligopirimidina 5'-terminal (TOP) de la 5'UTR de un gen TOP y donde también opcionalmente el elemento 5'UTR que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP termina en su extremo 3' con un nucleótido situado en una posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas arriba del codón de inicio (A(U/T)G) del gen de ARNm del que se deriva. Por ejemplo, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una secuencia de ácido nucleico seleccionada del grupo consistente en las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, de los homólogos de SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, de una variante de las mismas, o una secuencia de ARN correspondiente. El término "homólogos de SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462," se refiere a secuencias de otras especies que no son Homo sapiens (humano) o Mus musculus (ratón), que son homólogas a las secuencias según las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462. Por ejemplo, la SEQ ID NO. 1 se refiere a una secuencia que comprende la 5'UTR de macroglobulina alfa 2 (A2M) de Homo sapiens. Un homólogo de SEQ ID NO. 1 en el contexto de la presente descripción es cualquier secuencia derivada de un gen de macroglobulina alfa 2 (A2M) o un ARNm de otra especia que no sea Homo sapiens (humano), tal como cualquier vertebrado, preferentemente cualquier gen de macroglobulina alfa 2 (A2M) de mamífero que no sea el gen de macroglobulina alfa 2 (A2M) humano, tal como de un gen de macroglobulina alfa 2 (A2M) de ratón, rata, conejo, mono, etc.

En una realización preferida, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una secuencia de ácido nucleico que se extiende desde la posición 5 de nucleótidos (es decir el nucleótido que se sitúa en la posición 5 en la secuencia) a la posición de nucleótidos inmediatamente 5' al codón de inicio (situada en el extremo 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótidos inmediatamente 5' a la secuencia ATG de una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, de los homólogos de SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, de una variante de los mismos, o una secuencia de ARN correspondiente. Es particularmente preferente que el elemento 5'UTR se derive de una secuencia de ácidos nucleicos que se extiende desde la posición de nucleótidos inmediatamente 3' al 5'-TOP a la posición de nucleótidos inmediatamente 5' al codón de inicio (situada en el 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótidos inmediatamente 5' a la secuencia ATG de una secuencia de ácidos nucleicos seleccionada de SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, de los homólogos de SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, de una variante de los mismos, o una secuencia de ARN correspondiente.

En una realización preferida, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente un 99% con una secuencia de ácidos nucleicos que se extiende desde la posición 5 de nucleótidos hasta la posición de nucleótidos inmediatamente 5' al codón de inicio (situado en el extremo 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótidos inmediatamente 5' a la secuencia ATG de una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, o una secuencia de ARN correspondiente, o donde el al menos un elemento 5'UTR comprende o consiste en un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 99% con una secuencia de ácido nucleico que se extiende desde la posición 5 de nucleótidos hasta la posición de nucleótidos inmediatamente 5' al codón de inicio (situado en el extremo 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótidos inmediatamente 5' a la secuencia ATG de una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, o una secuencia de ARN correspondiente, donde, de manera preferente, el fragmento es como se describe anteriormente, es decir es un tramo continuo de nucleótidos que representa al menos un 20%, etc., de la 5'UTR de longitud completa del fragmento del que se deriva.

De manera preferente, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente

95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 99% con una secuencia de ácidos nucleicos que se extiende de la posición de nucleótidos inmediatamente 3' a la 5'TOP a la posición de nucleótidos inmediatamente 5' al codón de inicio (situado en el extremo 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótidos inmediatamente 5' a la secuencia ATG de una secuencia de ácidos nucleicos seleccionada de SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, o una secuencia de ARN correspondiente, o donde el al menos un elemento 5'UTR comprende o consiste en un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente un 99% con una secuencia de ácido nucleico que se extiende desde la posición de nucleótidos inmediatamente 3' al 5'TOP a la posición de nucleótidos inmediatamente 5' al codón de inicio (situado en el extremo 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótidos inmediatamente 5' a la secuencia ATG de una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, o una secuencia de ARN correspondiente, donde preferentemente el fragmento es como se describe anteriormente, es decir es un tramo continuo de nucleótidos que representan al menos el 20%, etc., de la 5'UTR de longitud completa del fragmento del que se deriva.

De manera preferente, los fragmentos y variantes antes definidos (por ejemplo que muestran al menos un 40% de identidad) de las secuencias de acuerdo con las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462 son fragmentos y variantes funcionales como se describen aquí.

Además, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender más de un elemento 5'UTR como se describe anteriormente. Por ejemplo, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender uno, dos, tres cuatro o más elementos 5'UTR, donde los elementos 5'UTR individuales pueden ser iguales o diferentes. Por ejemplo, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender dos elementos 5'UTR esencialmente idénticos como se describe anteriormente.

En una realización particularmente preferente, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosómica o de una variante de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosómica. Elementos 5'UTR particularmente preferidos comprenden o consisten en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5' UTR de un gen TOP que codifica para una proteína ribosómica seleccionada de RPSA, RPS2, RPS3, RPS3A, RPS4, RPS5, RPS6, RPS7, RPS8, RPS9, RPS10, RPS11, RPS12, RPS13, RPS14, RPS15, RPS15A, RPS16, RPS17, RPS18, RPS19, RPS20, RPS21, RPS23, RPS24, RPS25, RPS26, RPS27, RPS27A, RPS28, RPS29, RPS30, RPL3, RPL4, RPL5, RPL6, RPL7, RPL7A, RPL8, RPL9, RPL10, RPL10A, RPL11, RPL12, RPL13, RPL13A, RPL14, RPL15, RPL17, RPL18, RPL18A, RPL19, RPL21, RPL22, RPL23, RPL23A, RPL24, RPL26, RPL27, RPL27A, RPL28, RPL29, RPL30, RPL31, RPL32, RPL34, RPL35, RPL35A, RPL36, RPL36A, RPL37, RPL37A, RPL38, RPL39, RPL40, RPL41, RPLP0, RPLP1, RPLP2, RPLP3, UBA52. Se prefieren particularmente secuencias de ácido nucleico que se derivan de una 5'UTR de genes TOP de vertebrado que codifican proteínas ribosómicas, tales como proteínas ribosómicas de mamífero, por ejemplo proteínas ribosómicas humanas o de ratón.

Por ejemplo, el elemento 5'UTR adicional comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO: 170, 232, 244, 259, 1284, 1285, 1286, 1287, 1288, 1289, 1290, 1291, 1292, 1293, 1294, 1295, 1296, 1297, 1298, 1299, 1300, 1301, 1302, 1303, 1304, 1305, 1306, 1307, 1308, 1309, 1310, 1311, 1312, 1313, 1314, 1315, 1316, 1317, 1318, 1319, 1320, 1321, 1322, 1323, 1324, 1325, 1326, 1327, 1328, 1329, 1330, 1331, 1332, 1333, 1334, 1335, 1336, 1337, 1338, 1339, 1340, 1341, 1342, 1343, 1344, 1346, 1347, 1348, 1349, 1350, 1351, 1352, 1353, 1354, 1355, 1356, 1357, 1358, 1359 o 1360; una secuencia de ARN correspondiente, un homólogo de la misma, o una variante de la misma como se describe aquí, que preferentemente carece del motivo 5'TOP. Como se describe anteriormente, la secuencia que se extiende desde la posición 5 hasta el nucleótido inmediatamente 5' al ATG (que se sitúa en el extremo 3' de las secuencias) corresponde a la 5'UTR de dichas secuencias.

Preferentemente, el elemento 5'UTR adicional comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 99% con la 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO: 170, 232, 244, 259, 1284, 1285, 1286, 1287, 1288, 1289, 1290, 1291, 1292, 1293, 1294, 1295, 1296, 1297, 1298, 1299, 1300, 1301, 1302, 1303, 1304, 1305, 1306, 1307, 1308, 1309, 1310, 1311, 1312, 1313, 1314, 1315, 1316, 1317, 1318, 1319, 1320, 1321,

1322, 1323, 1324, 1325, 1326, 1327, 1328, 1329, 1330, 1331, 1332, 1333, 1334, 1335, 1336, 1337, 1338, 1339, 1340, 1341, 1342, 1343, 1344, 1346, 1347, 1348, 1349, 1350, 1351, 1352, 1353, 1354, 1355, 1356, 1357, 1358, 1359, o 1360; o una secuencia de ARN correspondiente, preferentemente que carece del motivo 5'TOP, o donde el elemento 5'UTR comprende o consiste en un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente un 99% con la 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO: 170, 232, 244, 259, 1284, 1285, 1286, 1287, 1288, 1289, 1290, 1291, 1292, 1293, 1294, 1295, 1296, 1297, 1298, 1299, 1300, 1301, 1302, 1303, 1304, 1305, 1306, 1307, 1308, 1309, 1310, 1311, 1312, 1313, 1314, 1315, 1316, 1317, 1318, 1319, 1320, 1321, 1322, 1323, 1324, 1325, 1326, 1327, 1328, 1329, 1330, 1331, 1332, 1333, 1334, 1335, 1336, 1337, 1338, 1339, 1340, 1341, 1342, 1343, 1344, 1346, 1347, 1348, 1349, 1350, 1351, 1352, 1353, 1354, 1355, 1356, 1357, 1358, 1359, o 1360; o una secuencia de ARN correspondiente, donde, preferentemente, el fragmento es como se describe anteriormente, es decir es un tramo continuo de nucleótidos que representan al menos un 20% etc., de la 5'UTR de longitud completa, que preferentemente carece del motivo 5'TOP. De manera preferente, el fragmento tiene una longitud de al menos aproximadamente 20 nucleótidos o más, de manera preferente de al menos aproximadamente 30 nucleótidos o más, de manera más preferente de al menos aproximadamente 40 nucleótidos o más. De manera preferente, el fragmento es un fragmento funcional como se describe aquí.

De manera preferente, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosómica Large (RPL) o de una variante de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosómica Large (RPL). Por ejemplo, el elemento 5'UTR comprende una secuencia de ácidos nucleicos que se deriva de una 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO: 67, 259, 1284-1318, 1344, 1346, 1348-1354, 1357, 1461 y 1462, una secuencia de ARN correspondiente, un homólogo de la misma, o una variante de la misma como se describe aquí, preferentemente que carece del motivo 5'TOP.

De manera preferente, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente un 99% con la 5'UTR de una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO. 67, 259, 1284-1318, 1344, 1346, 1348-1354, 1357 y 1358 o una secuencia de ARN correspondiente, preferentemente que carece del motivo 5'TOP, o donde el elemento 5'UTR comprende o consiste en un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente un 99% con la 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO: 67, 259, 1284-1318, 1344, 1346, 1348-1354, 1357, 1461 y 1462 o una secuencia de ARN correspondiente, donde preferentemente el fragmento es como se describe anteriormente, es decir que es un tramo continuo de nucleótidos que representan al menos un 20%, etc., de la 5'UTR de longitud completa, preferentemente que carece del motivo 5'TOP. De manera preferente, el fragmento tiene una longitud de al menos aproximadamente 20 nucleótidos o más, de manera preferente de al menos aproximadamente 30 nucleótidos o más, de manera más preferente de al menos aproximadamente 40 nucleótidos o más. De manera preferente, el fragmento es un fragmento funcional como se describe aquí.

En una realización particularmente preferida, el elemento 5'UTR comprende o consisten en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen de proteína ribosómica Large 32 (RPL32), un gen de proteína ribosómica Large 35 (RPL35), un gen de proteína ribosómica Large 21 (RPL21), una ATP sintasa, un transportador de H+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardíaco (ATP5A1), un gen de hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 (HSD17B4), un gen de 1 inducido por andrógeno (AIG1), un gen de subunidad Vic de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de 1 de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ácido-ceramidasa) (ASAH1) o de una variante de los mismos, de manera preferente de un gen de proteína ribosómica Large 32 de vertebrado (RPL32), un gen de proteína ribosómica Large 35 de vertebrado (RPL35), un gen de proteína ribosómica Large 21 de vertebrado (RPL21), una ATP sintasa de vertebrado, un transportador de H+, un complejo F1 mitocondrial, subunidad alfa, un gen de músculo cardíaco (ATP5A1), un gen de 4 de hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa de vertebrado (HSD17B4), un gen de 1 inducido por andrógeno de vertebrado (AIG1), un gen de Vic de subunidad de citocromo c oxidasa de vertebrado (COX6C), o un en 1 de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ácido ceramidasa) (ASAH1) o de una variante del mismo, de manera más preferente de un gen de proteína ribosómica Large 32 de mamífero (RPL32), un gen de proteína

ribosómica Large 35 de mamífero (RPL35), un gen de proteína ribosómica Large 21 de mamífero (RPL21), una ATP sintasa de mamífero, complejo F1 mitocondrial, un trasportador de H^+, subunidad 1 alfa, gen de músculo cardíaco (ATP5A1), gen de hidroxiesteroide deshidrogenasa 4 (17-beta) de mamífero (HSD17B4), gen 1 inducido por andrógeno de mamífero (AIG1), gen de subunidad VIc de citocromo c oxidasa de mamífero (COX6C) o gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa 1 (ácido ceramidasa) de mamífero (ASAH1) o de una variante de los mismos, de manera más preferente de un gen de proteína ribosómica humana Large 32 (RPL32), de un gen de proteína ribosómica humana Large 35 (RPL35), de un gen de proteína ribosómica humana Large 31 (RPL21), una ATP sintasa humana, complejo F1 mitocondrial, transportador de H+, subunidad 1 alfa, gen de músculo cardíaco (ATP5A1), gen de hidroxiesteroide deshidrogenasa 4 (17-beta) humano (HSD17B4), gen 1 inducido por andrógeno humano (AIG1), un gen de subunidad VIc de citocromo c oxidasa humano (COX6C), o un gen de N-acilesfingosina amidrolasa (ácido ceramidasa) humano (ASAH1) o de una variante del mismo, donde preferentemente el elemento 5'UTR no comprende el 5'TOP de dicho gen.

Por consiguiente, en una realización particularmente preferida, el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente un 99% con la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1368 o las SEQ ID NO. 1452-1460 o una secuencia de ARN correspondiente, o donde el al menos un elemento 5'UTR comprende o consiste en un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, de manera preferente de al menos aproximadamente 50%, de manera preferente de al menos aproximadamente 60%, de manera preferente de al menos aproximadamente 70%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera más preferente de al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 95%, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente un 99% con la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1368 o las SEQ ID NO. 1452-1460, donde preferentemente, el fragmento es como se describe anteriormente, es decir con un tramo continuo de nucleótidos que representan al menos un 20%, etc., de la 5'UTR de longitud completa. De manera preferente, el fragmento tiene una longitud de al menos aproximadamente 20 nucleótidos o más, de manera preferente de al menos aproximadamente 30 nucleótidos o más, de manera más preferente de al menos aproximadamente 40 nucleótidos o más. De manera preferente, el fragmento es un fragmento funcional como se describe aquí.

De manera preferente, el al menos un elemento 5'UTR tiene una longitud de al menos aproximadamente 20 nucleótidos o más, de manera preferente de al menos aproximadamente 30 nucleótidos o más, de manera más preferente de al menos aproximadamente 40 nucleótidos o más. Sin embargo, puede ser preferente que el elemento 5'UTR de la molécula de ácido nucleico artificial sea más bien corta. Por consiguiente, puede tener una longitud menor de aproximadamente 200, de manera preferente menor de 150, de manera más preferente menor de 100 nucleótidos. Por ejemplo, la 5'UTR puede tener una longitud menor de aproximadamente 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 80, 85, 90, 95, 100, 105, 110, 115, 120, 125, 130, 135, 140, 145, 150, 155, 160, 165, 170, 175, 180, 185, 190, 195, 200 nucleótidos. De manera preferente, el elemento 5'UTR puede tener una longitud de aproximadamente 20-25, 26-30, 31-35, 36-40, 41-45, 46-50, 51-55, 56-60, 61-65, 66-70, 71-80, 81-85, 86-90, 91-95, 96-100, 101-105, 106-110, 111-115, 116-120, 121-125, 126-130, 131-135, 136-140, 141-145, 146-150, 151-155, 156-160, 161-165, 166-170, 171-175, 176-180, 181-185, 186-190, 191-195, 196-200 o más nucleótidos. Por ejemplo, el elemento 5'UTR puede tener una longitud de aproximadamente 20, 26, 31, 36, 41, 46, 51, 56, 61, 66, 71, 81, 86, 91, 96, 101, 106, 111, 116, 121, 126, 131, 136, 141, 146, 151, 156, 161, 166, 171, 176, 181, 186, 191 o 196 nucleótidos. De manera preferente, el elemento 5'UTR puede tener una longitud de aproximadamente 20, 30, 40 o más a menos de aproximadamente 200 nucleótidos, de manera más preferente de aproximadamente 20, 30, 40 o más a menos de aproximadamente 150 nucleótidos, de manera mucho más preferente de aproximadamente 20, 30, 40 o más a menos de aproximadamente 100 nucleótidos.

Los elementos 5'UTR preferidos se derivan de una 5'UTR de un gen TOP seleccionado de RPSA, RPS2, RPS3, RPS3A, RPS4, RPS5, RPS6, RPS7, RPS8, RPS9, RPS10, RPS11, RPS12, RPS13, RPS14, RPS15, RPS15A, RPS16, RPS17, RPS18, RPS19, RPS20, RPS21, RPS23, RPS24, RPS25, RPS26, RPS27, RPS27A, RPS28, RPS29, RPS30, RPL3, RPL4, RPL5, RPL6, RPL7, RPL7A, RPL8, RPL9, RPL10, RPL10A, RPL11, RPL12, RPL13, RPL13A, RPL14, RPL15, RPL17, RPL18, RPL18A, RPL19, RPL21, RPL22, RPL23, RPL23A, RPL24, RPL26, RPL27, RPL27A, RPL28, RPL29, RPL30, RPL31, RPL32, RPL34, RPL35, RPL35A, RPL36, RPL36A, RPL37, RPL37A, RPL38, RPL39, RPL40, RPL41, RPLP0, RPLP1, RPLP2, RPLP3, RPLP0, RPLP1, RPLP2, EEF1A1, EEF1B2, EEF1D, EEF1G, EEF2, EIF3E, EIF3F, EIF3H, EIF2S3, EIF3C, EIF3K, EIF3EIP, EIF4A2, PABPC1, HNRNPA1, TPT1, TUBB1, UBA52, NPM1, ATP5G2, GNB2L1, NME2, UQCRB o de una variante del mismo.

En algunas realizaciones, la molécula de ácido nucleico artificial comprende un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP de

vertebrado, tal como un mamífero, por ejemplo un gen TOP humano seleccionado de RPSA, RPS2, RPS3, RPS3A, RPS4, RPS5, RPS6, RPS7, RPS8, RPS9, RPS10, RPS11, RPS12, RPS13, RPS14, RPS15, RPS15A, RPS16, RPS17, RPS18, RPS19, RPS20, RPS21, RPS23, RPS24, RPS25, RPS26, RPS27, RPS27A, RPS28, RPS29, RPS30, RPL3, RPL4, RPL5, RPL6, RPL7, RPL7A, RPL8, RPL9, RPL10, RPL10A, RPL11, RPL12, RPL13, RPL13A, RPL14, RPL15, RPL17, RPL18, RPL18A, RPL19, RPL21, RPL22, RPL23, RPL23A, RPL24, RPL26, RPL27, RPL27A, RPL28, RPL29, RPL30, RPL31, RPL32, RPL34, RPL35, RPL35A, RPL36, RPL36A, RPL37, RPL37A, RPL38, RPL39, RPL40, RPL41, RPLP0, RPLP1, RPLP2, RPLP3, RPLP0, RPLP1, RPLP2, EEF1A1, EEF1B2, EEF1D, EEF1G, EEF2, EIF3E, EIF3F, EIF3H, EIF2S3, EIF3C, EIF3K, EIF3EIP, EIF4A2, PABPC1, HNRNPA1, TPT1, TUBB1, UBA52, NPM1, ATP5G2, GNB2L1, NME2, UQCRB o de una variante del mismo, donde preferentemente el elemento 5'UTR no comprende un motivo TOP o 5'TOP de dichos genes, y donde opcionalmente el elemento 5'UTR inicia en su extremo 5' con un nucleótido situado en la posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas abajo del tracto de oligopirimidina 5'-terminal (TOP) y donde opcionalmente además el elemento 5'UTR que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP termina en su extremo 3' con un nucleótido situado en la posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas arriba del codón de inicio (A(U/T)G) del gen del que se deriva.

En una realización particularmente preferente, la molécula de ácido nucleico artificial comprende además un tallo-bucle de histona.

Así, es particularmente preferente que la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprenda:

a) al menos un elemento de región no traducida 5' (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP como se describe anteriormente,
b) al menos un marco de lectura abierto (ORF) y
c) al menos un tallo-bucle de histona.

La combinación de un elemento 5'UTR como se describe anteriormente con un tallo-bucle de histona puede tener un efecto particularmente ventajoso, proporcionando una traducción prolongada y posiblemente también mejorada de una molécula de ARN.

En el contexto de la presente descripción, tal tallo-bucle de histona se deriva típicamente de un gen de histona y comprende un apareamiento de bases intramolecular de dos secuencias complementarias completa o parcialmente inversas vecinas, formando así un tallo-bucle. Un tallo-bucle puede presentarse en el ADN de hebra individual o, más comúnmente, en el ARN. La estructura también es conocida como horquilla o bucle de horquilla y consiste usualmente en un tallo y un bucle (terminal) dentro de una secuencia consecutiva, donde el tallo está formado por dos secuencias complementarias total o parcialmente inversas vecinas separadas por una secuencia corta, como una clase de espaciador, que construye el bucle de la estructura tallo-bucle. Las dos secuencias complementarias total o parcialmente inversas vecinas se pueden definir, por ejemplo, como elementos de tallo-bucle tallo 1 y tallo 2. El tallo-bucle se forma cuando dos secuencias complementarias total o parcialmente inversas vecinas, por ejemplo elementos tallo-bucle tallo 1 y tallo 2, forman pares de bases entre sí, que conducen a una secuencia de ácido nucleico de doble hebra que comprende un bucle no pareado en su terminal, formado por la secuencia corta situada entre los elementos tallo-bucle tallo 1 y tallo 2 en la secuencia consecutiva. Tal bucle no pareado representa típicamente una región del ácido nucleico que no es capaz del apareamiento de bases con cualquiera de estos elementos de tallo-bucle. La estructura en forma de piruleta resultante es un bloque de construcción clave de muchas estructuras secundarias del ARN. La formación de una estructura tallo-bucle es así dependiente de la estabilidad de las regiones tallo y bucle resultantes, donde el primer requisito es típicamente la presencia de una secuencia que pueda plegarse sobre sí misma para formar una hebra doble pareada. La estabilidad de los elementos de tallo-bucle pareados viene determinada por la longitud, el número de compatibilidades o protuberancias que contiene (un número pequeño de incompatibilidades es típicamente tolerable, especialmente en una doble hebra larga) y la composición de bases de la región pareada. En el contexto de la presente invención, la longitud de bucle óptima es 3-10 bases, de manera más preferente 3 a 8, 3 a 7, 3 a 6 o de manera aún más preferente 4 a 5 bases, y de manera mucho más preferente 4 bases.

De manera preferente, el al menos un tallo-bucle de histona se asocia funcionalmente al ORF. Esto significa que el al menos un tallo-bucle de histona se dispone preferentemente dentro de la molécula de ácido nucleico artificial de forma que es capaz de ejercer su función, por ejemplo su función de incrementar la producción de proteínas de ORF o de estabilizar la molécula de ácido nucleico artificial.

De manera preferente, el tallo-bucle de histona se sitúa 3' al ORF. Por ejemplo, el tallo-bucle de histona se puede unir al extremo 3' del ORF directamente o a través de un ligador, por ejemplo a través de un ligamiento de nucleótidos, tal como 2, 4, 6, 8, 10, etc., nucleótidos, por ejemplo que comprenden uno o más sitios de restricción, o el tallo-bucle de histona se puede situar dentro o entre o aguas abajo de las otras estructuras

situadas 3' al ORF, tal como dentro de un elemento 3'UTR, o entre una secuencia poli(A) y una secuencia poli(C), o aguas abajo de una secuencia poli(A) y/o poli(C), o el tallo-bucle de histona se puede situar en el extremo 3' de la molécula de ácido nucleico artificial. El término "situado en el extremo 3'" también incluye realizaciones donde el tallo-bucle de histona es seguido en la dirección 3' por algunos nucleótidos que permanecen, por ejemplo, después de una escisión con enzimas de restricción.

De manera preferente, el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona se eligen y disponen de forma que ejercen al menos una función aditiva, preferentemente una función sinérgica en la producción de proteínas desde el ORF de la molécula de ácido nucleico artificial. Preferentemente, la producción de proteínas del ORF se incrementa al menos aditivamente, de manera preferente de forma sinérgica, por el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona. Así, la cantidad de proteínas de la proteína codificada por el ORF, tal como una proteína reporter, por ejemplo luciferasa, en un cierto punto de tiempo después del inicio de la expresión de ORF, por ejemplo después de la transfección de una línea celular de ensayo, es al menos la misma, preferentemente más alta que aquella que sería de esperar si los efectos de incremento de la producción de proteínas del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona fueran puramente aditivos. El efecto aditivo, preferentemente el efecto sinérgico, puede determinarse, por ejemplo, con el siguiente ensayo. Se generan cuatro moléculas de ácido nucleico artificial, por ejemplo ARNm, que comprenden un ORF que codifica por ejemplo una proteína reporter tal como luciferasa, es decir (i) carecen de un elemento 5'UTR y un tallo-bucle de histona (E0), (ii) contiene un elemento 5'UTR derivado de una 5'UTR de un gen TOP o de una variante del mismo (E1), (iii) contiene un tallo-bucle de histona (E2), y (iv) contiene tanto el elemento 5'UTR como el tallo-bucle de histona (E1E2). La expresión del ORF contenido en las moléculas de ácidos nucleicos artificiales se inicia, por ejemplo, por la transfección una línea celular de ensayo, tal como una línea celular de mamífero, por ejemplo células HELA, o células primarias, por ejemplo células HDF. Las muestras se toman en puntos de tiempo específicos después del inicio de la expresión, por ejemplo después de 6 horas, 24 horas, 48 horas, y/o 72 horas y la cantidad de proteína producida por la expresión del ORF contenido en las moléculas de ácidos nucleicos artificiales se mide, por ejemplo, por un ensayo ELISA o una prueba de luciferasa, dependiendo del tipo de proteína codificada por el ORF. La cantidad predicha de proteína en un cierto momento después del inicio de la expresión obtenida por el constructo E1E2 si los efectos del elemento 3'UTR y el elemento 5'UTR fueran puramente aditivos (PPA) se puede calcular como sigue:

$$PPA_x = (E1_x - E0_x) + (E2_x - E0_x) + E0_x,$$

E0 es la cantidad de proteína obtenida para el constructo E0 (que carece de una 5'UTR y un tallo-bucle de histona), E1 es la cantidad de proteína obtenida del constructo E1, E2 es la cantidad de proteína obtenida para el constructo E2 y x es el punto de tiempo después del inicio de la expresión. El efecto en el incremento de la producción de proteínas es aditivo de $E1E2_x = PPA_x$, y sinérgico en el sentido de la presente invención si $E1E2_x > PPA_x$, en donde $E1E2_x$ es la cantidad de proteína obtenida del constructo E1E2 en el punto de tiempo x. De manera preferente, E1E2 es al menos 1,0, de manera más preferente al menos 1,1, de manera más preferente al menos 1,3, de manera más preferente al menos 1,5, de manera aún más preferente al menos 1,75 veces PPA en un punto de tiempo dado post-inicio de la expresión, tal como 24 horas, 48 horas o 72 horas post-inicio de la expresión.

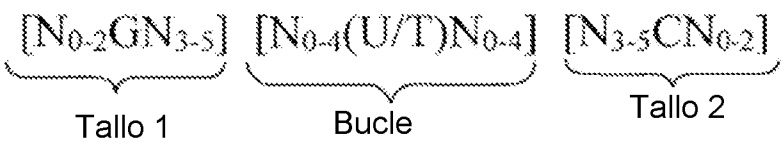
Así, en una realización preferente, la presente descripción proporciona una molécula artificial de ácido nucleico que comprende (a.) al menos un elemento de la región 5'-no traducida (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP como se describe anteriormente, (b.) al menos un marco de lectura abierto (ORF); y (c.) al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí, donde el tallo-bucle de histona y el elemento 5'UTR actúan al menos de manera aditiva, preferentemente de forma sinérgica, para incrementar la producción de proteínas a partir de ORF, preferentemente donde $E1E2 \geq PPA$, de manera preferente E1E2 es al menos PPA, de manera más preferente E1E2 es al menos 1,1 veces PPA, de manera más preferente E1E2 es al menos 1,3 veces PPA, de manera aún más preferente donde E1E2 es al menos 1,5 veces PPA en un lapso de tiempo dado post-inicio de la expresión del ORF, por ejemplo 24 horas, de manera preferente 48 horas post-inicio de la expresión, donde E1E2 y PPA son como se describe anteriormente.

Además, es preferente que el al menos un tallo-bucle de histona y el al menos un elemento 5'UTR tengan al menos un efecto aditivo, preferentemente un efecto sinergístico, sobre la producción proteica total a partir de la molécula de ácido nucleico artificial en un cierto lapso de tiempo, tal como dentro de 24 horas, 48 horas o 72 horas tras el inicio de la expresión. El efecto aditivo, preferentemente el efecto sinergístico, puede determinarse como se describe anteriormente, con la diferencia de que el área bajo la curva (AUC) para la cantidad de proteína con el tiempo predicha por E1E2 si los efectos son aditivos se compara con el AUC real medido por E1E2.

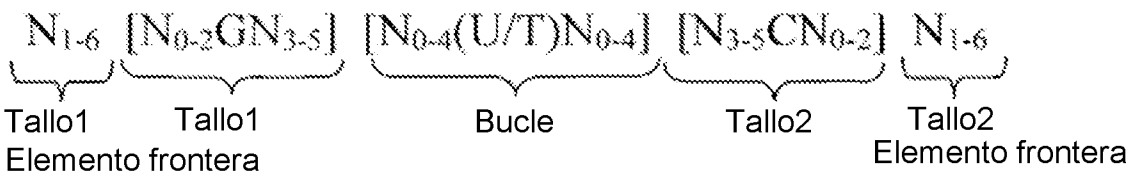
En una realización preferida aquí descrita, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende o codifica (a.) al menos un elemento 5'UTR como se describe arriba, (b.) al menos un marco de lectura abierto; y (c.) al menos un tallo-bucle de histona, preferentemente de acuerdo con al menos una de las siguientes

fórmulas (I) o (II):

fórmula (I) (secuencia de tallo-bucle sin elementos frontera de tallo):



fórmula (II) (secuencia tallo-bucle con elementos frontera del tallo):



donde:

elementos frontera del tallo1 o tallo2 N_{1-6}: es una secuencia consecutiva de 1 a 6, preferiblemente de 2 a 6, más preferiblemente de 2 a 5, aún más preferiblemente de 3 a 5, más preferiblemente de 4 a 5 o de 5 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de entre A, U, T, G y C, o un análogo de nucleótido del mismo;

tallo1 [$N_{0-2}GN_{3-5}$]: es complementaria inversa o complementaria parcialmente inversa con el elemento tallo2 y es una secuencia consecutiva de entre 5 a 7 nucleótidos; donde N_{0-2} es una secuencia consecutiva de 0 a 2, preferiblemente de 0 a 1, más preferiblemente de 1 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo; donde N_{3-5} es una secuencia consecutiva de 3 a 5, preferiblemente de 4 a 5, más preferiblemente de 4 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo, y donde G es guanosina o un análogo del mismo, y se puede reemplazar opcionalmente por una citidina o un análogo de la misma, siempre que su citidina de nucleótido complementario en tallo2 se reemplace por guanosina;

secuencia bucle [$N_{0-4}(U/T)N_{0-4}$]: se ubica entre los elementos tallo1 y tallo2 y es una secuencia consecutiva de 3 a 5 nucleótidos, más preferiblemente de 4 nucleótidos; donde cada N_{0-4} es independiente de otra secuencia consecutiva de 0 a 4, preferiblemente de 1 a 3, más preferiblemente de 1 a 2 N, donde cada N se selecciona de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo; donde U/T representa uridina, u opcionalmente timidina;

tallo2 [$N_{3-5}CN_{0-2}$]: es complementaria inversa o complementaria parcialmente inversa al elemento tallo1 y es una secuencia consecutiva de 5 a 7 nucleótidos;

donde N_{3-5} es una secuencia consecutiva de 3 a 5, preferiblemente de 4 a 5, más preferiblemente de 4 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo;

siendo N_{0-2} una secuencia consecutiva de 0 a 2, preferiblemente de 0 a 1, más preferiblemente de 1 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G o C o un análogo de nucleótido del mismo; y donde

C es citidina o un análogo de la misma, y se puede reemplazar opcionalmente por una guanosina o un análogo de la misma siempre que su guanosina de nucleósido complementario en tallo1 se reemplace por citidina;

donde tallo1 y tallo2 son capaces de apareamiento de bases entre sí formando una secuencia inversa complementaria, donde el apareamiento de bases puede ocurrir entre tallo1 y tallo2, por ejemplo por apareamiento de bases Watson-Crick de nucleótidos A y U/T o G y C o por apareamiento de bases no Watson-Crick, por ejemplo apareamiento de bases de tambaleo, apareamiento de bases Watson-Crick inverso, apareamiento de bases Hoogsteen, apareamiento de bases Hoogsteen inverso o son capaces de apareamiento de bases entre sí formando una secuencia complementaria parcialmente inversa, donde un apareamiento de bases incompleto puede ocurrir entre tallo1 y tallo2, en base a que una o más bases en un tallo no tienen una base complementaria en la secuencia complementaria inversa del otro tallo.

En el contexto anterior, un apareamiento de bases de tambaleo es típicamente un apareamiento de bases no de Watson-Crick entre dos nucleótidos. Los cuatro pares de bases de tambaleo principales en el presente contexto que se pueden utilizar son guanosina-uridina, inosina-uridina, inosina-adenosina, inosina-citidina (G-U/T, I-U/T, I-A y I-C) y adenosina-citidina (A-C).

Por consiguiente, en el contexto de la presente descripción, una base de tambaleo es una base que forma un par de bases de tambaleo con una base adicional como se describe anteriormente. Así, el apareamiento de bases no de Watson-Crick, por ejemplo de tambaleo, puede aparecer en el tallo de la estructura tallo-bucle de

histona de acuerdo con la presente invención.

En el contexto anterior, una secuencia complementaria parcialmente inversa comprende como máximo 2, de manera preferente solo un desajuste en la estructura de tallo de la secuencia tallo-bucle formada por el apareamiento de bases de tallo 1 y tallo 2. En otras palabras, preferentemente el tallo 1 y el tallo 2 son capaces de un apareamiento de bases (completo) entre sí en toda la secuencia completa de tallo 1 y tallo 2 (100% de los apareamientos de bases de Watson-Crick o no de Watson-Crick correctos posibles), formando así una secuencia complementaria inversa, donde cada base tiene su pendiente de base de Watson-Crick o no de Watson-Crick correcto como socio de unión complementario. Alternativamente, el tallo 1 y el tallo 2 preferentemente son capaces del apareamiento de bases parcial entre sí en toda la secuencia completa de tallo 1 y tallo 2, donde al menos aproximadamente un 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, o 95% de 100% de apareamientos de bases de Watson-Crick o no de Watson-Crick posibles correctos están ocupados los apareamientos de bases de Watson-Crick o no de Watson-Crick correctos en casi aproximadamente un 30%, 25%, 20%, 15%, 10%, o 5% de las bases restantes que no están apareadas.

De acuerdo con una realización preferida aquí descrita, la al menos una secuencia de tallo-bucle de histona (con elementos frontera de tallo) de la secuencia de ácidos nucleicos como se define aquí comprende una longitud de aproximadamente 15 a aproximadamente 45 nucleótidos, de manera preferente una longitud de aproximadamente 15 a aproximadamente 40 nucleótidos, de manera preferente una longitud de aproximadamente 15 a aproximadamente 35 nucleótidos, de manera preferente una longitud de aproximadamente 15 a aproximadamente 30 nucleótidos y de manera aún más preferente una longitud de aproximadamente 20 a aproximadamente 30 y de manera mucho más preferente una longitud de aproximadamente 24 a aproximadamente 28 nucleótidos.

Además, la al menos una secuencia de tallo-bucle de histona (sin elementos frontera de tallo) de la molécula de ácido nucleico artificial como se define aquí puede comprender una longitud de aproximadamente 10 a aproximadamente 30 nucleótidos, de manera preferente una longitud de aproximadamente 10 a aproximadamente 20 nucleótidos, de manera preferente una longitud de aproximadamente 12 a aproximadamente 20 nucleótidos, de manera preferente una longitud de aproximadamente 14 a aproximadamente 20 nucleótidos and de manera aún más preferente una longitud de aproximadamente 16 a aproximadamente 17 y de manera mucho más preferente una longitud de aproximadamente 16 nucleótidos.

De manera preferente, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender o codificar (a.) al menos un elemento 5'UTR como se describe en lo anterior; al menos un marco de lectura abierto; y (c.) al menos una secuencia de tallo-bucle de histona de acuerdo con al menos una de las siguientes fórmulas específicas (Ia) o (IIa):

fórmula (Ia) (secuencia de tallo-bucle sin elementos frontera de tallo):

$$\underbrace{[N_{0-1}GN_{3-5}]}_{\text{tallo 1}}\ \underbrace{[N_{1-3}(U/T)N_{0-2}]}_{\text{bucle}}\ \underbrace{[N_{3-5}CN_{0-1}]}_{\text{tallo 2}}$$

fórmula (IIa) (secuencia de tallo-bucle con elementos frontera de tallo):

$$\underbrace{N_{2-5}}_{\text{Elemento frontera de tallo 1}}\ \underbrace{[N_{0-1}GN_{3-5}]}_{\text{Tallo 1}}\ \underbrace{[N_{1-3}(U/T)N_{0-2}]}_{\text{bucle}}\ \underbrace{[N_{3-5}CN_{0-1}]}_{\text{Tallo 2}}\ \underbrace{N_{2-5}}_{\text{Elemento fronterade tallo 2}}$$

donde N, C, G, T y U son como se definen anteriormente.

Preferentemente, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender o codificar (a.) al menos un elemento 5'UTR como se describe en lo anterior; al menos un marco de lectura abierto; y (c.) al menos una secuencia de tallo-bucle de histona de acuerdo con al menos una de las siguientes fórmulas específicas (Ib) o (IIb):

fórmula (Ib) (secuencia de tallo-bucle sin elementos frontera de tallo):

$$\underbrace{[N_1GN_4]}_{\text{tallo 1}}\ \underbrace{[N_2(U/T)N_1]}_{\text{bucle}}\ \underbrace{[N_4CN_1]}_{\text{tallo 2}}$$

fórmula (IIb) (secuencia de tallo-bucle con elementos frontera de tallo):

$$\underbrace{N_{4\text{-}5}}_{\text{Elemento frontera de tallo 1}}\ \underbrace{[N_1GN_4]}_{\text{Tallo 1}}\ \underbrace{[N_2(U/T)N_1]}_{\text{Bucle}}\ \underbrace{[N_4CN_1]}_{\text{Tallo 2}}\ \underbrace{N_{4\text{-}5}}_{\text{Elemento frontera de tallo 2}}$$

donde N, C, G, T y U son como se definen anteriormente.

De manera preferente, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender o codificar (a.) al menos un elemento 5'UTR como se describe en lo anterior; al menos un marco de lectura abierto; y (c.) al menos una secuencia de tallo-bucle de histona de acuerdo con al menos una de las siguientes fórmulas específicas (Ic) a (Ih) o (IIc) a (IIh), mostradas alternativamente en su estructura de tallo-bucle y como una secuencia lineal que representa las secuencias de tallo-bucle de histona tal como se generan de acuerdo con el Ejemplo 1:

fórmula (Ic): (secuencia consenso tallo-bucle de histona de metazoarios y protozoarios sin elementos frontera de tallo):

N U
N N
N-N
N-N
N-N
N-N
G-C
N-N (estructura de tallo-bucle)

NGNNNNNNUNNNNNCN

(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1391)

fórmula (IIc): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de metazoarios y protozoarios con elementos frontera de tallo):

N U
N N
N-N
N-N
N-N
N-N
G-C
N*N*NNNN-NNNN*N*N* (estructura de tallo-bucle)

N*N*NNNNGNNNNNNUNNNNNCNNNN*N*N*

(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1392)

fórmula (Id): (sin elementos frontera de tallo)

N U
N N
N-N
N-N
N-N
N-N
C-G
N-N (estructura de tallo-bucle)

NCNNNNNNUNNNNNGN

(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1393)

fórmula (IId): (con elementos frontera de tallo)

N U
N N
N-N
N-N
N-N
N-N
C-G
N*N*NNNN-NNNN*N*N* (estructura de tallo-bucle)

N*N*NNNNCNNNNNNNUNNNNNGNNNN*N*N*

(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1394)

fórmula (Ie): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de protozoario sin elementos frontera de tallo)

N U
N N
N-N
N-N
N-N
N-N
G-C
D-H (estructura de tallo-bucle)

DGNNNNNNUNNNNNCH

(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1395)

fórmula (IIe): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de protozoario sin elementos frontera de tallo)

N U
N N
N-N
N-N
N-N
N-N
G-C
N*N*NNND-HNNN*N*N* (estructura de tallo-bucle)

N*N*NNNDGNNNNNNUNNNNNCHNNN*N*N*
(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1396)

fórmula (If): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de metazoario sin elementos frontera)

N U
N N
Y-V
Y-N
B-D
N-N
G-C
N-N (estructura de tallo-bucle)

NGNBYYNNUNVNDNCN
(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1397)

fórmula (IIf): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de metazoario con elementos frontera de tallo)

N U
N N
Y-V
Y-N
B-D
N-N
G-C
N*N*NNNN-NNNN*N*N* (estructura de tallo-bucle)

N*N*NNNNGNBYYNNUNVNDNCNNNN*N*N*
(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1398)

fórmula (Ig): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de vertebrados sin elementos frontera de tallo)

N U
D H
Y-A
Y-B
Y-R
H-D
G-C
N-N (estructura de tallo-bucle)

NGHYYYDNUHABRDCN
(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1399)

fórmula (IIg): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de vertebrados con elementos frontera de tallo)

N U
D H
Y-A
Y-B
Y-R
H-D
G-C
N*N*HNNN-NNNN*N*H* (estructura de tallo-bucle)

N*N*HNNNGHYYYDNUHABRDCNNNN*N*H*
(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1400)

fórmula (Ih): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de humano (Homo sapiens) sin elementos frontera de tallo)

Y U
D H
U-A
C-S
Y-R
H-R
G-C
D-C (estructura de tallo-bucle)

DGHYCUDYUHASRRCC
(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1401)

fórmula (IIh): (secuencia consenso de tallo-bucle de histona de humano (Homo sapiens) con elementos frontera de tallo)

Y U
D H
U-A
C-S
Y-R
H-R
G-C
N*H*AAHD-CVHB*N*H* (estructura de tallo-bucle)

N*H*AAHDGHYCUDYUHASRRCCVHB*N*H*
(secuencia lineal) (SEQ ID NO: 1402)

donde en cada una de las fórmulas anteriores (Ic) a (Ih) o (IIc) a (IIh):

N, C, G, A, T y U son como se definen anteriormente;
cada U se puede reemplazar por T;
cada G o C (altamente) conservada en los elementos de tallo 1 y 2 se pueden reemplazar por su base de nucleótidos complementaria C o G, con la condición de que su nucleótido complementario en el tallo correspondiente se reemplace por su nucleótido complementario en paralelo; y/o
G, A, T, U, C, R, Y, M, K, S, W, H, B, V, D, y N son bases de nucleótidos como se definen en la siguiente Tabla:

Abreviaturas	Bases de Nucleótidos	observaciones
G	G	Guanina
A	A	Adenina
T	T	Timina
U	U	Uracilo
C	C	Citosina
R	G o A	Purina
Y	T/U o C	Pirimidina
M	A o C	Amino
K	G o T/U	Ceto
S	G o C	(ligaciones 3H) potentes
W	A o T/U	(ligaciones 2H) débiles
H	A o C o T/U	No G
B	G o T/U o C	No A
V	G o C o A	No T/U
D	G o A o T/U	No C
N	G o C o T/U o A	Cualquier base
*	Presente o no	La base puede estar o no presente

En este contexto se prefiere particularmente que la secuencia de tallo-bucle de histona de acuerdo con al menos una de las fórmulas (I) o (Ia) a (Ih) o (II) o (IIa) a (IIh) de la presente descripción se seleccione de una secuencia de tallo-bucle de histona de origen natural, y más particularmente de secuencias de tallo-bucle de histona de protozoarios o metazoarios y aún de manera particularmente preferida de vertebrado y de manera mucho más preferida de secuencias de tallo-bucle de histona de mamífero, especialmente de secuencias de tallo-bucle de histona humanas.

De manera preferente además, la secuencia de tallo-bucle de histona de acuerdo con al menos una de las fórmulas específicas (I) o (Ia) a (Ih) o (II) o (IIa) a (IIh) de la presente descripción es una secuencia de tallo-bucle de histona que comprende en cada posición de nucleótidos el nucleótido que se presenta más frecuentemente, o cualquiera que sea el más frecuente o el segundo nucleótido que se presenta mucho más frecuentemente de las secuencias de tallo-bucle de histona de origen natural en los metazoarios y protozoarios (Figura 1), protozoarios (Figura 2), metazoarios (Figura 3), vertebrados (Figura 4) y humanos (Figura 5) como se muestra en las figuras 1-5. En este contexto se prefiere particularmente que al menos 80%, de manera preferente al menos 85%, o de manera mucho más preferente al menos 90% de todos los nucleótidos

correspondan al nucleótido que se presenta más frecuentemente de las secuencias de tallo-bucle de histona de origen natural.

También preferentemente, la secuencia de tallo-bucle de histona de acuerdo con al menos una de las fórmulas especificas (I) o (Ia) a (Ih) de la presente descripción se puede seleccionar de las siguientes secuencias de tallo-bucle de histona o secuencias de ARN correspondientes (sin elementos frontera de tallo) que representa la secuencias de tallo-bucle de histona tal como se generan de acuerdo con el Ejemplo 1:

VGYYYYHHTHRVVRCB (SEQ ID NO: 1403 de acuerdo con la fórmula (Ic))
SGYYYTTYTMARRRCS (SEQ ID NO: 1404 de acuerdo con la fórmula (Ic))
SGYYCTTTTMAGRRCS (SEQ ID NO: 1405 de acuerdo con la fórmula (Ic))
DGNNNBNNTHVNNNCH (SEQ ID NO: 1406 de acuerdo con la fórmula (Ie))
RGNNNYHBTHRDNNCY (SEQ ID NO: 1407 de acuerdo con la fórmula (Ie))
RGNDBYHYTHRDHNCY (SEQ ID NO: 1408 de acuerdo con la fórmula (Ie))
VGYYYTYHTHRVRRCB (SEQ ID NO: 1409 de acuerdo con la fórmula (If))
SGYYCTTYTMAGRRCS (SEQ ID NO: 1410 de acuerdo con la fórmula (If))
SGYYCTTTTMAGRRCS (SEQ ID NO: 1411 de acuerdo con la fórmula (If))
GGYYCTTYTHAGRRCC (SEQ ID NO: 1412 de acuerdo con la fórmula (Ig))
GGCYCTTYTMAGRGCC (SEQ ID NO: 1413 de acuerdo con la fórmula (Ig))
GGCTCTTTTMAGRGCC (SEQ ID NO: 1414 de acuerdo con la fórmula (Ig))
DGHYCTDYTHASRRCC (SEQ ID NO: 1415 de acuerdo con la fórmula (Ih))
GGCYCTTTTHAGRGCC (SEQ ID NO: 1416 de acuerdo con la fórmula (Ih))
GGCYCTTTTMAGRGCC (SEQ ID NO: 1417 de acuerdo con la fórmula (Ih))

Además, en este contexto, siguiendo a las secuencias de tallo-bucle de histona (con elementos frontera de tallo) como se generan de acuerdo con el Ejemplo 1 de acuerdo con una de las fórmulas específicas (II) o (IIa) a (IIh) y las correspondientes secuencias de ARN, se prefieren particularmente:

H*H*HHVVGYYYYHHTHRVVRCBVHH*N*N*
(SEQ ID NO: 1418 de acuerdo con la fórmula (IIc))

M*H*MHMSGYYYTTYTMARRRCSMCH*H*H*
(SEQ ID NO: 1419 de acuerdo con la fórmula (IIc))

M*M*MMMSGYYCTTTTMAGRRCSACH*M*H*
(SEQ ID NO: 1420 de acuerdo con la fórmula (IIc))

N*N*NNNDGNNNBNNTHVNNNCHNHN*N*N*
(SEQ ID NO: 1421 de acuerdo con la fórmula (IIe))

N*N*HHNRGNNNYHBTHRDNNCYDHH*N*N*
(SEQ ID NO: 1422 de acuerdo con la fórmula (IIe))

N*H*HHVRGNDBYHYTHRDHNCYRHH*H*H*
(SEQ ID NO: 1423 de acuerdo con la fórmula (IIe))

H*H*MHMVGYYYTYHTHRVRRCBVMH*H*N*
(SEQ ID NO: 1424 de acuerdo con la fórmula (IIf))

M*M*MMMSGYYCTTYTMAGRRCSMCH*H*H*
(SEQ ID NO: 1425 de acuerdo con la fórmula (IIf))

M*M*MMMSGYYCTTTTMAGRRCSACH*M*H*
(SEQ ID NO: 1426 de acuerdo con la fórmula (IIf))

H*H*MAMGGYYCTTYTHAGRRCCVHN*N*M*
(SEQ ID NO: 1427 de acuerdo con la fórmula (IIg))

H*H*AAMGGCYCTTYTMAGRGCCVCH*H*M*
(SEQ ID NO: 1428 de acuerdo con la fórmula (IIg))

M*M*AAMGGCTCTTTTMAGRGCCMCY*M*M*
(SEQ ID NO: 1429 de acuerdo con la fórmula (IIg))

N*H*AAHDGHYCTDYTHASRRCCVHB*N*H*
(SEQ ID NO: 1430 de acuerdo con la fórmula (IIh))

H*H*AAMGGCYCTTTTHAGRGCCVMY*N*M*
(SEQ ID NO: 1431 de acuerdo con la fórmula (IIh))

H*M*AAAGGCYCTTTTMAGRGCCRMY*H*M*
(SEQ ID NO: 1432 de acuerdo con la fórmula (IIh))

Una secuencia de tallo-bucle de histona preferida particular es la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 1433 (CAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA) o la secuencia de ARN correspondiente.

Así, en una realización particularmente preferida, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende (a.) al menos un elemento 5'UTR como se describe en lo anterior; (b.) al menos un marco de lectura abierto; y (c.) al menos un tallo-bucle de histona que comprende o consiste en una secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente un 75%, de manera preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera preferente al menos aproximadamente 85%, de manera más preferente al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente al menos aproximadamente 95% con la secuencia de acuerdo con SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente, donde preferentemente las posiciones 6, 13 y 20 de la secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente un 75%, de manera preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera preferente al menos aproximadamente 85%, de manera más preferente al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente al menos aproximadamente 95% con la secuencia de acuerdo con SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente están conservadas, es decir son idénticas a los nucleótidos en las posiciones 6, 13 y 20 de la SEQ ID NO. 1433.

De acuerdo con otra realización preferida, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende o codifica al menos una secuencia de tallo-bucle de histona que muestra al menos aproximadamente 80%, de manera preferente al menos aproximadamente 85%, de manera más preferente al menos aproximadamente 90%, o de manera aún más preferente al menos aproximadamente 95% de identidad de secuencia con no el 100% nucleótidos conservados en las secuencias de tallo-bucle de histona de acuerdo con al menos una de las fórmulas (I) o (Ia) a (Ih) o (II) o (IIa) a (IIh) o con una secuencia de tallo-bucle de histona de origen natural.

Adicionalmente, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender más de un tallo-bucle de histona como se describe aquí. Por ejemplo, la molécula de ácido nucleico artificial puede comprender uno, dos, tres, cuatro o más tallos-bucles de histona, donde los tallos-bucles de histona individuales pueden ser iguales o diferentes. Por ejemplo, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender dos tallos-bucles de histona, donde cada secuencia de tallo-bucle de histona se puede seleccionar del grupo que consiste en las SEQ ID NO. 1391-1433.

En una realización particularmente preferente, la presente descripción proporciona una molécula artificial de ácido nucleico que comprende:

a) al menos un elemento de región 5' no traducida (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP como se describe anteriormente,
b) al menos un marco de lectura abierto (ORF) y
c) al menos un tallo-bucle de histona, donde preferentemente la secuencia del tallo-bucle de histona se selecciona del grupo que consiste en las secuencias de acuerdo con la fórmulas (I) o (Ia) a (Ih) o (II) o (IIa) a (IIh), tal como una secuencia seleccionada del grupo consistente en las SEQ ID NO: 1391-1433, de manera preferente del grupo consistente en las SEQ ID NO. 1403-1433.

Así, por ejemplo, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender al menos un elemento 5'UTR que se deriva de la 5'UTR de una secuencia seleccionada del grupo consistente en las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, de un homólogo del mismo, de una variante del mismo, o de una secuencia de ARN correspondiente, tal como un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente el 40%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 50%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 60%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 70%, más preferiblemente de al menos aproximadamente el 80%, más preferiblemente de al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente de al menos aproximadamente el 95%, incluso más preferiblemente de al menos aproximadamente el 99% con una secuencia de ácido nucleico que se extiende desde la posición de nucleótido 5 hasta la posición de nucleótido

inmediatamente 5' al codón de inicio (ubicado en el extremo 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótido inmediatamente 5' con respecto a la secuencia ATG, de una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, o una secuencia de ARN correspondiente, o al menos un elemento 5'UTR que comprende o consiste en un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente el 40%, preferentemente de al menos aproximadamente el 50%, preferentemente de al menos aproximadamente un 60%, preferiblemente de al menos aproximadamente un 70%, más preferiblemente de al menos aproximadamente un 80%, más preferiblemente de al menos aproximadamente un 90%, incluso más preferiblemente de al menos aproximadamente un 95%, incluso más preferiblemente de al menos aproximadamente un 99% con una secuencia de ácido nucleico que se extiende desde la posición de nucleótido 5 hasta la posición de nucleótido inmediatamente 5' hasta el codón de inicio (ubicado en el extremo 3' de las secuencias), por ejemplo la posición de nucleótido inmediatamente 5' con respecto a la secuencia ATG, de una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461 o SEQ ID NO. 1462, o una secuencia de ARN correspondiente, preferiblemente que carece del motivo 5'TOP, donde, preferiblemente, el fragmento es como se describió anteriormente, es decir, un tramo continuo de nucleótidos que representa al menos el 20%, etc. de la 5'UTR de longitud completa del fragmento del que se deriva, (b.) al menos un marco de lectura abierto y (c.) al menos una secuencia tallo-bucle de histona seleccionada del grupo consistente en las SEQ ID NO: 1391-1433, preferiblemente del grupo consistente en las SEQ ID NO: 1403-1433, preferiblemente donde al menos un tallo-bucle de histona comprende o consiste en una secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente un 75%, preferiblemente de al menos aproximadamente 80%, preferiblemente al menos aproximadamente 85%, más preferiblemente al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente, donde preferiblemente las posiciones 6, 13 y 20 de la secuencia que tienen una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 75%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 80%, preferiblemente al menos aproximadamente el 85%, más preferiblemente al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente están conservadas, es decir, son idénticas a los nucleótidos en las posiciones 6, 13 y 20 de SEQ ID NO. 1433.

Además, por ejemplo, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender al menos un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosomal o de una variante de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosomal, por ejemplo que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico según cualquiera de las SEQ ID NO: 170, 232, 244, 259, 1284, 1285, 1286, 1287, 1288, 1289, 1290, 1291, 1292, 1293, 1294, 1295, 1296, 1297, 1298, 1299, 1300, 1301, 1302, 1303, 1304, 1305, 1306, 1307, 1308, 1309, 131 0, 1311, 1312, 1313, 1314, 1315, 1316, 1317, 1318, 1319, 1320, 1321, 1322, 1323, 1324, 1325, 1326, 1327, 1328, 1329, 1330, 1331, 1332, 1333, 1334, 133 5, 1336, 1337, 1338, 1339, 1340, 1341, 1342, 1343, 1344, 1346, 1347, 1348, 1349, 1350, 1351, 1352, 1353, 1354, 1355, 1356, 1357, 1358, 1359 o 1360, una secuencia de ARN correspondiente, un homólogo de la misma o una variante de la misma como se describe aquí, y al menos una secuencia tallo-bucle de histona seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 1391-1433, preferiblemente del grupo consistente en las SEQ ID NO: 1403-1433, preferiblemente donde el al menos un tallo-bucle de histona comprende o consiste en una secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 75%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 80%, preferiblemente al menos aproximadamente el 85%, más preferiblemente al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente, donde preferiblemente las posiciones 6, 13 y 20 de la secuencia que tienen una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 75%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 80%, preferiblemente al menos aproximadamente el 85%, más preferiblemente al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente están conservadas, es decir, son idénticas a los nucleótidos en las posiciones 6, 13 y 20 de la SEQ ID NO. 1433.

En una realización adicional, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender al menos un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosomal Large o de una variante de una 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosomal Large, por ejemplo que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 5'UTR de una secuencia de ácido nucleico según cualquiera de las SEQ ID NO: 67, 259, 1284-1318, 1344, 1346, 1348-1354, 1357, 1461 y 1462, una secuencia de ARN correspondiente, un homólogo de la misma o una variante de la misma como se describe aquí, y al menos una secuencia tallo-

bucle de histona seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 1391-1433, preferiblemente del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 1403-1433, preferiblemente donde al menos un tallo-bucle de histona comprende o consiste en una secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 75%, preferiblemente de al menos aproximadamente 80%, preferiblemente al menos aproximadamente 85%, más preferentemente al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferentemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente, donde preferiblemente las posiciones 6, 13 y 20 de la secuencia tienen una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 75%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 80%, preferiblemente al menos aproximadamente el 85%, más preferiblemente al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente están conservadas, es decir, son idénticas a los nucleótidos en las posiciones 6, 13 y 20 de la SEQ ID NO. 1433.

Como ejemplo preferente, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente el 90%, preferiblemente de al menos aproximadamente el 95%, incluso más preferiblemente de al menos aproximadamente el 99% con la secuencia de ácido nucleico según la SEQ ID NO: 1368 o las SEQ ID NO: 1452-1460 y una secuencia tallo-bucle de histona seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 1403-1433 , por ejemplo de acuerdo con la SEQ ID NO: 1433, o donde el tallo-bucle de histona comprende o consiste en una secuencia que tiene una identidad de secuencia de aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 1433 o la secuencia de ARN correspondiente, donde las posiciones 6, 13 y 20 de la secuencia que tienen una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 90%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 95% con la secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente están conservadas, es decir, son idénticas a los nucleótidos en las posiciones 6, 13 y 20 de la SEQ ID NO. 1433.

En algunas realizaciones, la secuencia tallo-bucle de histona de acuerdo con el componente (c.) no se deriva de un gen de histona de ratón, por ejemplo de un gen de histona de ratón H2A614. En una realización, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita no contiene una secuencia tallo-bucle de histona de ratón ni tampoco contiene un gen de histona de ratón H2A614. Adicionalmente, en una realización, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita no contiene una señal de procesamiento de tallo-bucle, de manera más específica, una señal de procesamiento de histona de ratón y, de manera mucho más específica, no contiene una señal de procesamiento de tallo-bucle de histona de ratón H2kA614. También, en una realización, la molécula de ácido nucleico aquí descrita puede contener al menos un gen de histona de mamífero. Sin embargo, en una realización, el al menos un gen de histona de mamífero no es la SEQ. ID NO. 7 de WO 01/12824.

De manera preferente, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita no comprende un elemento aguas abajo de histona (HDE).

El término “elemento aguas abajo de histona (HDE)” se refiere a un tramo polinucleótido rico en purina de aproximadamente 15 a 20 nucleótidos 3’ de los tallos-bucles de origen natural, que representa el sitio de unión del U7 snARN implicado en el procesamiento del pre-ARNm de histona en el ARNm de histona maduro. Por ejemplo en tales urquinas el HDE es CAAGAAAGA (Dominski, Z. y W. F. Marzluff (2007), Gene 396(2): 373-90).

De manera preferente, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende además una secuencia poli(A) o una señal poli(A).

Por tanto, se prefiere particularmente que la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprenda o codifique (a.) al menos un elemento 5’UTR como se describe anteriormente, (b.) al menos un marco de lectura abierto, que codifica preferentemente un péptido o proteína; (c.) al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí, y (d.) una secuencia poli(A) o una señal de poliadenilación.

Una señal de poliadenilación se define aquí como una señal que lleva la poliadenilación a un ARNm (transcrito) por factores de proteína específicos (por ejemplo factor de especificidad de escisión y poliadenilación (CPSF), factor de estimulación de escisión (CstF), factores I y II de escisión (CF I y CF II), poli(A) polimerasa (PAP)).

De manera preferente, la señal de poliadenilación comprende la secuencia consenso NN(U/T)ANA, con N = A o U, de manera preferente AA(U/T)AAA o A(U/T)(U/T)AAA. Tal secuencia consenso puede ser reconocida por la mayoría de los sistemas de células animales o bacterianas, por ejemplo por los factores de poliadenilación, tales como factor de especificidad de escisión/poliadenilación (CPSF) que cooperan con CstF, PAP, PAB2, CFI y/o CFII. Preferentemente la señal de poliadenilación se sitúa dentro de la molécula de ácido nucleico artificial

de forma que la maquinaria descrita anteriormente es capaz de llevar a cabo la poliadenilación de la molécula de ácido nucleico artificial. Por ejemplo, la señal de poliadenilación se puede situar a menos de aproximadamente 50 nucleótidos, de manera más preferente menos de aproximadamente 30 nucleótidos, de manera mucho más preferente menos de aproximadamente 25 nucleótidos, por ejemplo 21 nucleótidos, aguas arriba del extremo 3' de la molécula de ácido nucleico artificial.

Adicional o alternativamente a la señal de poliadenilación, en algunas realizaciones, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender además una secuencia poli(A). La longitud de la secuencia poli(A) puede variar. Por ejemplo, la secuencia poli(A) puede tener una longitud de aproximadamente 20 nucleótidos de adenina hasta aproximadamente 400 nucleótidos de adenina, tal como aproximadamente 20 nucleótidos de adenina hasta aproximadamente 300 nucleótidos de adenina, de manera preferente aproximadamente 40 a aproximadamente 200 nucleótidos de adenina, de manera más preferente aproximadamente 50 a aproximadamente 100 nucleótidos de adenina, tal como de aproximadamente 60, 70, 80, 90 o 100 nucleótidos de adenina. El término aproximadamente se refiere a una desviación de ± 10%.

Preferentemente, la secuencia poli(A) se sitúa 3' al ORF. Por ejemplo, la secuencia poli(A) se puede unir al extremo 3' del ORF directamente a través de un ligador, por ejemplo a través de un tramo de nucleótidos tal como 2, 4, 6, 8, 10, 20, etc., nucleótidos, tal como a través de un ligador de 1-50, de manera preferente 1-20 nucleótidos, por ejemplo que comprenden uno o más sitios de restricción, o la secuencia poli(A) se puede situar dentro o entre o aguas abajo de otras estructuras situadas 3' al ORF, tal como entre un elemento 3'UTR y una secuencia poli(C), o aguas abajo de un elemento 3'UTR y/o una secuencia poli(C), o la secuencia poli(A) se puede situar en el extremo 3' de la molécula de ácido nucleico artificial. El término "situado en el extremo 3'" también incluye realizaciones donde la secuencia poli(A) es seguida en la dirección 3' por algunos nucleótidos que permanecen, por ejemplo después de una escisión de la enzima de restricción.

Se prefiere particularmente que la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprenda en la dirección 5' a 3' o codifique en la dirección 5' a 3' para:

a) al menos un elemento 5'UTR derivado de un gen TOP como se describe aquí;
b) al menos un marco de lectura abierto, preferentemente codificando un péptido o proteína;
c) al menos un tallo-bucle de histona, opcionalmente sin un elemento aguas abajo de histona 3' al tallo-bucle de histona, como se describe aquí; y
d) una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación.

En otra realización particularmente preferida, la molécula de ácido nucleico aquí descrita comprende en la dirección 5' a 3' o codifica en la dirección 5' a 3' para:

a) al menos un elemento 5'UTR derivado de un gen TOP como se describe aquí;
b) al menos un marco de lectura abierto, que codifica preferentemente un péptido o proteína;
c) una secuencia poli(A); y
d) al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí.

Así, la secuencia poli(A) y el tallo-bucle de histona de una molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita se pueden colocar en cualquier orden deseado de 5' a 3'. Particularmente, la secuencia poli(A) se puede situar 5' así como 3' del tallo-bucle de histona.

Por consiguiente, en una realización, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende

a) al menos un elemento de la región 5'-no traducida (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP p que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP;
b) al menos un marco de lectura abierto (ORF);
c) un tallo-bucle de histona; y
d) una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación, donde la secuencia poli(A) se sitúa 5' o 3' del tallo-bucle de histona.

En una realización preferida adicional, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende además una secuencia poli(C). Una secuencia poli(C) en el contexto de la presente descripción consiste preferentemente en aproximadamente 10 a aproximadamente 200 nucleótidos de citidina, de manera más preferente de aproximadamente 10 a aproximadamente 100 nucleótidos de citidina, de manera más preferente de aproximadamente 10 a aproximadamente 50 nucleótidos de citidina, de manera aún más preferente de aproximadamente 20 a aproximadamente 40 nucleótidos de citidina, tal como de aproximadamente 20, aproximadamente 25, aproximadamente 30, aproximadamente 35, aproximadamente 40, de manera preferente aproximadamente 30 nucleótidos de citidina. La secuencia poli(C) se sitúa preferentemente 3' al ORF de la

molécula de ácido nucleico artificial. Por ejemplo, la secuencia poli(C) se puede conectar al extremo 3' de la ORF directamente o a través de un ligador de un tramo de nucleótidos, tal como 2, 4, 6, 8, 10, 20 etc., nucleótidos, tal como a través de un ligador de 1-50, de manera preferente de 1-20 nucleótidos, por ejemplo que comprenden uno o más sitios de restricción, o la secuencia poli(C) se puede situar dentro, entre o aguas abajo de cualquiera de las estructuras situadas 3' al ORF. Por ejemplo, la secuencia poli(C) puede ser una parte de un elemento 3'UTR o se puede situar entre una secuencia poli(A) y un tallo-bucle de histona, o la secuencia poli(C) se puede situar en el extremo 3' de la molécula de ácido nucleico artificial. El término "situado en el extremo 3'" también incluye realización es donde la secuencia poli(C) es seguida en la dirección 3' por algunos nucleótidos que permanecen, por ejemplo, después de una escisión de la enzima de restricción. En una realización particularmente preferida, la secuencia poli(C) se sitúa entre una secuencia poli(A) y un tallo-bucle de histona.

En una realización particularmente preferida, la secuencia poli(C) se sitúa 5' al tallo-bucle de histona.

Así, en una realización particularmente preferida, la molécula de ácido nucleico artificial de acuerdo con la presente solicitud comprende la estructura 5'-[ORF]-[ligador opcional]-[elemento 3'UTR]-[ligador opcional]-[secuencia poli(A)]-[ligador opcional]-[secuencia poli(C)]-[ligador opcional]-[tallo-bucle de histona]-3', donde los ligadores opcionales pueden estar presentes o ausentes independientemente y pueden ser un tramo de 1-50 nucleótidos, por ejemplo comprendiendo uno o más sitios de restricción.

En una realización adicional, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende además un elemento 3'UTR. Así, en algunas realizaciones, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender al menos un elemento 5'UTR como se describe anteriormente, al menos un marco de lectura abierto, al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí y al menos un elemento 3'UTR como se describe aquí. Adicionalmente, en algunas realizaciones, la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita puede comprender al menos un elemento 5'UTR como se describe anteriormente, al menos un marco de lectura abierto, al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí, al menos un elemento 3'UTR como se describe aquí y una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación como se describe aquí. En algunas realizaciones, el tallo-bucle de histona puede ser parte del elemento 3'UTR.

El término "elemento 3'UTR" se refiere a una secuencia de ácido nucleico que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico derivada de una 3'UTR o de una variante de una 3'UTR. Un elemento 3'UTR en el sentido de la presente descripción puede representar la 3'UTR de un ARNm, por ejemplo, en caso de que la molécula artificial de ácido nucleico sea un ARNm, o puede estar presente una secuencia en un constructo de ácido nucleico, tal como un constructo vector, que cuando se transcribe representa la 3'UTR del producto de transcripción, tal como el ARNm. De esta manera, en el sentido de la presente descripción, preferentemente un elemento 3'UTR puede ser la 3'UTR de un ARNm, de manera preferente de un ARNm artificial, o puede ser la plantilla de transcripción para una 3'UTR de un ARNm. Así, un elemento 3'UTR preferentemente es una secuencia de ácido nucleico que corresponde a la 3'UTR de un ARNm, de manera preferente a la 3'UTR de un ARNm artificial, tal como un ARNm obtenido por transcripción de un constructo vector genéticamente diseñado. De manera preferente, el elemento 3'UTR cumple con la función de una 3'UTR o codifica una secuencia que cumple con la función de una 3'UTR. El término "elemento 3'UTR" se refiere adicionalmente a un fragmento o parte de una 3'UTR de una secuencia de ácido nucleico artificial, tal como un ARNm artificial, o que codifica una parte o fragmento de una 3'UTR de una molécula artificial de ácido nucleico. Esto significa que el elemento 3'UTR en el sentido de la presente descripción puede estar comprendido en la 3'UTR de una secuencia de ácido nucleico artificial, tal como un ARNm artificial, o que codifica una 3'UTR de una molécula de ácido nucleico artificial.

En el contexto de la presente descripción, el elemento 3'UTR se puede derivar de cualquier 3'UTR de un gen de o de una variante de la misma, tal como de una 3'UTR que se asocia naturalmente con el ORF de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita o cualquier otra de 3'UTR de un gen de origen natural o de una variante del mismo.

De manera preferente, el elemento 3'UTR se liga funcionalmente al ORF. Esto significa preferentemente que el elemento 3'UTR se asocia al ORF de forma que puede ejercer una función, tal como una función de estabilización en la expresión del ORF o una función de estabilización en la molécula de ácido nucleico artificial. De manera preferente, el ORF y el elemento 3'UTR se asocian en la dirección 5'→3'. Así, preferentemente, la molécula de ácido nucleico artificial comprende la estructura 5'-ORF-ligador (opcional)-elemento 3'UTR-3', donde el ligador puede estar presente o ausente. Por ejemplo, el ligador puede ser uno o más nucleótidos, tal como un tramo de 1-50 o 1-20 nucleótidos, por ejemplo comprendiendo o consistiendo en uno o más sitios de reconocimiento de enzima de restricción (sitios de restricción).

De manera preferente, el al menos un elemento 5'UTR y el al menos un elemento 3'UTR se ligan funcionalmente al ORF. Esto significa preferentemente que el elemento 5'UTR y el elemento 3'UTR se asocian

con el ORF de forma que pueden ejercer una función, preferentemente de forma aditiva, en especial de forma sinérgica, tal como una función de estabilización en la expresión del ORF, una función de incremento de producción de proteínas para la proteína codificada por el ORF o una función de estabilización de la molécula de ácido nucleico artificial. Preferentemente, el elemento 5'UTR, el ORF, y el elemento 3'UTR se asocian en la dirección 5'→3'. Así, preferentemente, la molécula de ácido nucleico artificial comprende la estructura 5'-elemento 5'UTR-ligador(opcional)-ORF-ligador(opcional)-elemento 3'UTR -3', donde el ligador puede estar presente o ausente. Por ejemplo, el ligador puede ser uno o más nucleótidos, tal como un tramo de 1-50 o 1-20 nucleótidos, por ejemplo, comprendiendo o consistiendo en uno o más sitios de reconocimiento de enzimas de restricción (sitios de restricción).

En una realización particularmente preferida, el elemento 5'UTR y el elemento 3'UTR son heterólogos, por ejemplo preferentemente la 5'UTR y la 3'UTR se derivan de diferentes genes de la misma o diferente especie. De manera preferente, la 3'UTR no se deriva del gen TOP, la 5'UTR sí se deriva de él.

En una realización preferente, el elemento 3'UTR se elige de forma que ejerce al menos una función aditiva, de manera preferente sinérgica, con el elemento 5'UTR en la producción de proteínas del ORF de la molécula de ácido nucleico artificial. De manera preferente, la producción de proteínas se incrementa al menos de forma aditiva, preferentemente sinérgica, por el elemento 3'UTR y el elemento 5'UTR. Así, la cantidad de proteína de la proteína codificada por el ORF, tal como una proteína reporter, por ejemplo luciferasa, en un cierto punto de tiempo después del inicio de la expresión del ORF, por ejemplo después de la transfección de una célula o línea celular de ensayo, es preferentemente al menos la misma, de manera preferente más alta que la que se esperaría si los efectos de incremento de producción de proteínas del elemento 3'UTR y el elemento 5'UTR fueran puramente aditivos. El efecto aditivo, preferentemente sinérgico, puede determinarse, por ejemplo, por el siguiente ensayo. Se generan cuatro moléculas de ácido nucleico artificial, por ejemplo ARNm, que comprenden un ORF que codifica por ejemplo un proteína reporter, tal como luciferasa, es decir (i) carecen de elementos UTR (E0), (ii) contienen un elemento 5'UTR derivado de una 5'UTR de un gen TOP o de una variante del mismo (E1), (iii) contienen un elemento 3'UTR de prueba (E2), y (iv) contienen tanto el elemento 5'UTR como el elemento 3'UTR de prueba (E1E2). La expresión del ORF contenido en las moléculas de ácidos nucleicos artificiales se inicia, por ejemplo, transfectando una línea celular de prueba, tal como una línea de células de mamífero, por ejemplo células HELA, o células primarias, por ejemplo células HDF. Las muestras se toman en puntos de tiempo específicos después del inicio de la expresión, por ejemplo después de 6 horas, 24 horas, 48 horas, y 72 horas y se mide la cantidad de proteína producida por la expresión del ORF contenida en las moléculas de ácidos nucleicos artificiales, por ejemplo con un ensayo ELISA o una prueba de luciferasa, dependiendo del tipo de protección codificada por el ORF. La cantidad predicha de proteína en un cierto punto de tiempo después del inicio de la expresión obtenida por el constructo E1E2 si los efectos del elemento 3'UTR y el elemento 5'UTR fueran puramente aditivos (PPA) se puede calcular como sigue:

$$PPA_x = (E1_x - E0_x) + (E2_x - E0_x) + E0_x,$$

E0 es la cantidad de proteína obtenida por el constructo E0 (que carece de una UTR), E1 es la cantidad de la proteína obtenida del constructo E1, E2 es la cantidad de proteína obtenida para el constructo E2, y x es el punto de tiempo después del inicio de la expresión. El efecto en el incremento de la producción de proteínas es aditivo si $E1E2_x = PPA_x$, y sinérgico en el sentido de la presente descripción si $E1E2_x > PPA_x$, donde $E1E2_x$ es la cantidad de proteína obtenida del constructo E1E2 en el punto de tiempo x. De manera preferente, E1E2 es al menos 1,0, de manera más preferente al menos 1,1, de manera más preferente al menos 1,3, de manera más preferente al menos 1,5, de manera aún más preferente al menos 1,75 veces de PPA en un punto de tiempo dado post-inicio de la expresión, tal como 24 horas, 48 horas o 72 horas post-inicio de la expresión.

Así, en una realización preferida, la presente descripción proporciona una molécula de ácido nucleico artificial que comprende a.) al menos un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante del 5'UTR de un gen TOP; b.) al menos un marco de lectura abierto (ORF); c.) al menos un tallo-bucle de histona y al menos un elemento 3'UTR, donde preferentemente el elemento 3'UTR y el elemento 5'UTR actúan al menos aditivamente, de manera preferente sinérgicamente, para incrementar la producción de proteínas del ORF, preferentemente donde E1E2 ≥ PPA, de manera preferente E1E2 es al menos 1,0 veces PPA, de manera más preferente E1E2 es al menos 1,1 veces PPA, de manera más preferente E1E2 es al menos 1,3 veces PPA, de manera aún más preferente donde E1E2 es al menos 1,5 veces PPA en un punto de tiempo dado post-inicio de la expresión del ORF, por ejemplo 24 horas, de manera preferente 48 horas post-inicio de la expresión, siendo E1E2 y PPA como se describe anteriormente.

Adicionalmente, se prefiere que el elemento 3'UTR y el elemento 5'UTR tengan al menos un efecto aditivo, preferentemente sinérgico, en la producción de proteínas total de la molécula de ácido nucleico artificial en un cierto lapso de tiempo, tal como dentro de 24 horas, 48 horas, o 72 horas post-inicio de la expresión. El efecto aditivo o sinérgico se puede determinar como se describe anteriormente, con la diferencia que el área bajo la curva (AUC) para la cantidad de proteína en el tiempo predicha para E1E2 si los efectos fueran puramente

aditivos se compara a la AUC real medida para E1E2.

En una realización preferida, el elemento 3'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 3'UTR de un ARNm estable o de una variante de la 3'UTR de un ARNm estable. Así, en una realización preferida, el elemento 3'UTR comprende o consiste en una secuencia que se deriva de un gen que proporciona un ARNm estable o de una variante de una 3'UTR de un gen que proporciona un ARNm estable. El término "ARNm estable" preferentemente se refiere a un ARNm que tiene una vida media más prolongada en las células de mamífero que la vida media promedio de las moléculas de ARNm en las células de mamífero. De manera preferente, un ARNm estable en el sentido de la presente solicitud se refiere a un ARNm que tiene una vida media de más de 5 horas, de manera preferente más de 8 horas, en una célula de mamífero, tal como en una línea celular de mamífero, por ejemplo en células HELA, o en células primarias, por ejemplo en células HDF, preferentemente determinado empleando un inhibidor de transcripción tal como actinomicina D.

Por ejemplo, la vida media de un ARNm en células de mamífero, tales como células HELA o HDF, se puede determinar cultivando las células en presencia de un inhibidor de transcripción, por ejemplo actinomicina D, 5,6-dicloro-1-β-D-ribofuranosilbenzimidazol (DRB), o α-amanitina, recolectando las células en diferentes puntos de tiempo después de la inhibición de la transcripción, y determinando la cantidad de ARNm presente en las muestras de células por métodos bien conocidos por el experto en la técnica, por ejemplo por RT-PCR cuantitativa. La vida media de un ARNm particular se puede calcular en base a la cantidad del ARNm particular medido en los diferentes puntos de tiempo pos-inhibición de la transcripción. Alternativamente, se pueden emplear métodos de pulso-caza por ejemplo, utilizando nucleótidos radiactivamente etiquetados, o constructos que comprenden promotores inducibles para determinar la vida media de un ARNm en células de mamífero.

Se prefiere particularmente que la estabilidad mejorada de un ARNm estable en el sentido de la presente descripción se lleve a cabo por su 3'UTR. Así, preferentemente, el elemento 3'UTR comprende o consiste en la 3'UTR de un ARNm estable, o un fragmento funcional o una variante funcional de la misma, que tiene una vida media de más de 5 horas, de manera preferente más de 8 horas, en una célula de mamífero, tal como una línea celular de mamífero, por ejemplo en células HELA, o en células primarias de mamífero, tales como células HDF, determinada preferentemente utilizando un inhibidor de transcripción tal como actinomicina D, donde la estabilidad mejorada de la ARNm estable se lleva a cabo por su 3'UTR. La capacidad de una 3'UTR para mejorar la estabilidad se puede someter a prueba como se describe aquí, por ejemplo utilizando un marco de lectura abierto reporter tal como un marco de lectura abierto que codifica la luciferasa. Alternativamente, se puede generar un constructo artificial que codifica el ARNm estable de prueba donde la 3'UTR de la ARNm estable se reemplaza con una 3'UTR de referencia, tal como una 3'UTR de un ARNm de vida corta, por ejemplo una Myc 3'UTR. La estabilidad de un ARNm estable de tipo natural y del ARNm modificado con 3'UTR se puede determinar como se describe anteriormente. En caso de que el ARNm modificado con 3'UTR tenga una vida media más corta que el ARNm estable de tipo natural, se puede concluir que el efecto de aumento de la estabilidad se ejerce por la 3'UTR del ARNm estable.

En una realización particularmente preferida, el elemento 3'UTR comprende o consiste en una 3'UTR de un gen de seleccionado del grupo consistente en un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen de β-globina, un gen de tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa, y un gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), o de una variante de una 3'UTR de un gen seleccionado del grupo consistente en un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen de β-globina, un gen de tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa y un gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1(I). En una realización particularmente preferida, el elemento 3'UTR comprende o consiste en una 3'UTR de un gen de albúmina, de manera preferente un gen de albúmina de vertebrado, de manera más preferente un gen de albúmina de mamífero, de manera mucho más preferente un gen de albúmina humana. En otra realización particularmente preferida, el elemento 3'UTR comprende o consiste en una 3'UTR de un gen de α-globina, de manera preferente un gen de α-globina de vertebrado, de manera más preferente de un gen de α-globina de mamífero, de manera mucho más preferente un gen de α-globina humano. Por ejemplo, el elemento 3'UTR puede comprender o consistir en la porción de unión de α-complejo central de la 3'UTR de un gen de α-globina, tal como de un gen de α-globina humano.

Preferentemente, el al menos un elemento 3'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 3'UTR de un gen de albúmina de vertebrado, un gen de α-globina de vertebrado, un gen de β-globina de vertebrado, un gen de tirosina-hidroxilasa de vertebrado, un gen de lipoxigenasa de vertebrado, y un gen de colágeno-alfa de vertebrado, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I) de vertebrado, o de una variante de los mismos, preferentemente de la 3'UTR de un gen de albúmina de mamífero, un gen de α-globina de mamífero, un gen de β-globina de mamífero, un gen de tirosina hidroxilasa de mamífero, un gen de lipoxigenasa de mamífero y un gen de colágeno-alfa de mamífero, tal como un gen de colágeno-alfa 1(I) de mamífero, o de una variante del mismo, de manera más preferente de la 3'UTR de un gen de albúmina humana, de un gen de α-globina humana, de un gen de β-globina humana, un gen de tirosina hidroxilasa humana, un gen de lipoxigenasa humana, un gen de colágeno-alfa humano, tal como un gen de colágeno-alfa 1(I) humano, o de una variante del mismo, de manera aún más preferente de la 3'UTR del gen de albúmina humana de acuerdo

con el número de Acceso GenBank NM_000477.5 o de una variante del mismo. En una realización preferida, el elemento 3'UTR no se deriva de la 3'UTR de un gen de albúmina de *Xenopus*. De manera preferente, el elemento 3'UTR no comprende un elemento B limitante de poli(A) (PLEB) de una 3'UTR de un gen de albúmina de *Xenopus*. De manera preferente, el elemento 3'UTR no consiste en un PLEB de una 3'UTR de un gen de albúmina de *Xenopus*.

En una realización, el elemento 3'UTR y el al menos un marco de lectura abierto son heterólogos, por ejemplo preferentemente el elemento 3'UTR y el ORF se derivan de diferentes genes de la misma o diferente especie. De manera preferente, el ORF no codifica una proteína α-globina si el elemento 3'UTR se deriva de un gen de α-globina. De manera preferente, el ORF no codifica una proteína β-globina si el elemento 3'UTR se deriva de un gen de β-globina. De manera preferente, el ORF no codifica una proteína de albúmina si el elemento 3'UTR se deriva de un gen de albúmina. De manera preferente, el ORF no codifica una proteína tirosina-hidroxilasa si el elemento 3'UTR se deriva de un gen de tirosina-hidroxilasa. De manera preferente, el ORF no codifica una proteína de lipoxigenasa si el elemento 3'UTR se deriva de un gen de lipoxigenasa. De manera preferente, el ORF no codifica una proteína de colágeno-alfa si el elemento 3'UTR se deriva de un gen de colágeno-alfa.

En una realización, la molécula de ácido nucleico artificial puede consistir en al menos dos partes de secuencia que se pueden derivar de dos genes diferentes, el elemento 5'UTR que se deriva de un gen TOP y el marco de lectura abierto y la 3'UTR que se pueden derivar del gen de que codifica el producto de proteína deseado. De manera más preferente, la molécula artificial de ácido nucleico consiste en tres partes de secuencia que proceden de tres genes diferentes: el elemento 5'UTR que se deriva de un gen TOP, el marco de lectura abierto que se deriva del gen que codifica el producto de gen de deseado y el elemento 3'UTR que se puede derivar de un gen que se relaciona con un ARNm con una vida media aumentada, por ejemplo un elemento 3'UTR como se define y se describe a continuación.

En algunas realizaciones, el elemento 3'UTR consiste en un tallo-bucle de histona. En algunas realización es, el elemento 3'UTR de la molécula de ácido nucleico artificial puede comprender un tallo-bucle de histona además de la secuencia de ácido nucleico derivada de la 3'UTR de un gen, tal como de un gen que proporciona un ARNm estable, tal como un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen de β-globina, un gen de tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa, o un gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I) como se describe en lo anterior. Tal molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita, por ejemplo, puede comprender en la dirección 5' a 3' un elemento 5'UTR, un ORF, un elemento 3'UTR, que comprende preferentemente una señal de poliadenilación, un tallo-bucle de histona y una secuencia poli(A) opcional. También puede comprender en la dirección 5' a 3' un elemento 5'UTR como se describe en lo anterior, un ORF, un elemento 3'UTR, por ejemplo que comprende una señal de poliadenilación, una secuencia poli(A) y un tallo-bucle de histona.

El término "una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 3'UTR de un gen de […]" se refiere preferentemente a una secuencia de ácido nucleico que se basa en la secuencia 3'UTR de un gen de […] o en una parte del mismo, tal como en la 3'UTR de un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen de β-globina, un gen de tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa, o un gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), de manera preferente de un gen de albúmina o un gen de α-globina en un parte del mismo. Este término incluye secuencias que corresponden a la secuencia 3'UTR completa, es decir la secuencia 3'UTR de longitud completa de un gen, y las secuencias que corresponden a un fragmento de la secuencia 3'UTR de un gen, tal como un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen de β-globina, un gen de tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa, o un gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), de manera preferente de un gen de albúmina o α-globina. Preferentemente, un fragmento en este contexto es un tramo continuo de nucleótidos que corresponden a un tramo continuo de nucleótidos en la 3'UTR de longitud completa, que representa al menos el 20%, de manera preferente al menos 30%, de manera más preferente al menos 40%, de manera más preferente al menos 50%, de manera aún más preferente al menos 60%, de manera aún más preferente al menos 70%, de manera aún más preferente al menos 80%, y de manera mucho más preferente al menos el 90% de la 3'UTR de longitud completa. Tal fragmento, en el sentido de la presente descripción, es preferentemente un fragmento funcional como se describe aquí. El término "3'UTR de un gen de […]" se refiere preferentemente a la 3'UTR de un gen de origen natural, tal como de un gen de albúmina de origen natural, un gen de α-globina, gen de β-globina, gen de tirosina-hidroxilasa, gen de lipoxigenasa, o gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), de manera preferente de una albúmina de origen natural o un gen de α-globina.

Los términos "variante de la 3'UTR de un gen de […]" y "variante del mismo" en el contexto de una 3'UTR se refiere una variante de la 3'UTR de un gen de origen natural, tal como un gen de albúmina de origen natural, un gen de α-globina de origen natural, un gen de β-globina de origen natural, un gen de tirosina-hidroxilasa de origen natural, un gen de lipoxigenasa de origen natural, o un gen de colágeno-alfa de origen natural, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), preferentemente a una variante de la 3'UTR de un gen de albúmina de vertebrado, un gen de α-globina de vertebrado, un gen de β-globina de vertebrado, un gen de tirosina-hidroxilasa de

vertebrado, un gen de lipoxigenasa de vertebrado, y un gen de colágeno-alfa de vertebrado, tal como un gen de colágeno-alfa 1(I) de vertebrado, de manera preferente una variante de la 3'UTR de un gen de albúmina de mamífero, un gen de α-globina de mamífero, un gen de β-globina de mamífero, un gen de tirosina-hidroxilasa de mamífero, un gen de lipoxigenasa de mamífero, y un gen de colágeno-alfa de mamífero, tal como un gen de colágeno-alfa 1(I) de mamífero, o a una variante de la 3'UTR de un gen de albúmina humana, un ge de α-globina humana, un gen de β-globina humana, un gen de tirosina-hidroxilasa humana, un gen de lipoxigenasa humana, y un gen de colágeno-alfa humano, tal como un gen de colágeno-alfa 1(I) humano. Tal variante puede ser una 3'UTR modificada en un gen. Por ejemplo, una variante 3'UTR puede mostrar una o más deleciones, inserciones, adiciones y/o sustituciones de nucleótidos comparada con la 3'UTR de origen natural de la cual se deriva la variante. De manera preferente, una variante de una 3'UTR es al menos 40%, de manera preferente al menos 50%, de manera más preferente al menos 60%, de manera más preferente al menos 70%, de manera aún más preferente al menos 80%, de manera aún más preferente al menos 90%, de manera mucho más preferente al menos 95% idéntica a la 3'UTR de origen natural de la variante de que se deriva. Preferentemente la variante es una variante funcional como se describe aquí.

El término "una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una variante de la 3'UTR de un gen de […]" se refiere preferentemente a una secuencia de ácido nucleico que se basa en una variante de la secuencia 3'UTR de un gen, tal como una variante de la 3'UTR de un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen de β-globina, un gen de a tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa, o un gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), o en una parte del mismo como se describe anteriormente. Este término incluye secuencias que corresponden a la secuencia completa de la variante de la 3'UTR de un gen, es decir la secuencia 3'UTR variante de longitud completa de un gen, y secuencias que corresponden a un fragmento de la secuencia 3'UTR variante de un gen. Un fragmento en este contexto preferentemente es un tramo continuo de nucleótidos que corresponden a un tramo continuo de nucleótidos en la 3'UTR variante de longitud completa, que representa al menos 20%, de manera preferente al menos 30%, de manera más preferente al menos 40%, de manera más preferente al menos 50%, de manera aún más preferente al menos 60%, de manera aún más preferente al menos 70%, de manera aún más preferente al menos 80%, y de manera mucho más preferente al menos 90% de la 3'UTR variante de longitud completa. Tal fragmento de una variante, en el sentido de la presente descripción, preferentemente es un fragmento funcional de una variante como se describe aquí.

Los términos "variante funcional", "fragmento funcional" y "fragmento funcional de una variante" (también llamado "fragmento variante funcional") en el contexto de la presente descripción significan que el fragmento de la 5'UTR o la 3'UTR, la variante de la 5'UTR o la 3'UTR, o el fragmento de una variante de la 5'UTR o la 3'UTR de un gen cumple al menos una, de manera preferente más de una, función de la 5'UTR o 3'UTR de origen natural del gen del cual la variante, el fragmento o el fragmento de variante se deriva. Tal función puede ser, por ejemplo, estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteínas de un ARNm y/o incrementar la producción de proteínas de un ARNm, de manera preferente en una célula de mamífero, tal como en una célula humana. Se prefiere particularmente que la variante, el fragmento, y el fragmento de variante en el contexto de la presente descripción cumplan la función de estabilizar un ARNm, de manera preferente en una célula de mamífero, tal como una célula humana, comparado con un ARNm que comprende una 5'UTR de referencia o que carece de una 5'UTR y/o una 3'UTR, y/o la función de estabilizar y/o prolongar la producción de proteínas de un ARNm de manera preferente en una célula de mamífero, tal como una célula humana, comparado con un ARNm que comprende una 5'UTR de referencia o que carece de una 5'UTR y/o una 3'UTR, y/o la función de incrementar la producción de proteínas de un ARNm, de manera preferente en una célula de mamífero, tal como en una célula humana, comparado con un ARNm que comprende una referencia 5'UTR o que carece de una 5'UTR y/o una 3'UTR. Una 5'UTR de referencia puede ser, por ejemplo, una 5'UTR de origen natural en combinación con el ORF. Adicionalmente, una variante funcional, un fragmento funcional, o un fragmento variante funcional de una 5'UTR o de una 3'UTR de un gen preferentemente no tiene un efecto sustancial de disminución en la eficiencia de la traducción del ARNm que comprende tal variante de una 5'UTR y/o tal variante de una 3'UTR comparada con la 5'UTR y/o 3'UTR de tipo natural de la cual la variante se deriva. Una función particularmente preferida de un "fragmento funcional", una "variante funcional" o un "fragmento funcional de una variante" de la 3'UTR de un gen, tal como un gen de albúmina, gen de α-globina, gen de β-globina, gen de tirosina-hidroxilasa, gen de lipoxigenasa, o gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), en el contexto de la presente descripción es la estabilización y/o prolongación de la producción de proteínas por la expresión de un ARNm que lleva el fragmento funcional, variante funcional o fragmento funcional de una variante como se describe anteriormente. Una función particularmente preferida de un "fragmento funcional", una "variante funcional" o un "fragmento funcional de una variante" de la 5'UTR en el contexto de la presente descripción es la función de incremento de producción de proteínas.

De manera preferente, la eficiencia de la una o más funciones ejercidas por la variante funcional, el fragmento funcional o el fragmento variante funcional, tal como ARNm y/o la eficiencia de estabilización de producción de proteínas y/o la eficiencia de incremento de producción de proteínas, es al menos 40%, de manera más preferente al menos 50%, de manera más preferente al menos 60%, de manera aún más preferente al menos 70%, de manera aún más preferente al menos 80%, de manera mucho más preferente al menos 90% de ARNm y/o la eficiencia de estabilización de producción de proteínas y/o la eficiencia de incremento de producción de

proteínas mostrada por la 5'UTR y/o 3'UTR de origen natural de la cual la variante funcional, el fragmento funcional o el fragmento de variante funcional se deriva.

En el contexto de la presente descripción, un fragmento o parte de la 3'UTR de un gen, tal como un gen de albúmina, gen de α-globina, gen de β-globina, gen de tirosina-hidroxilasa, gen de lipoxigenasa o gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), o de una variante del mismo, preferentemente tiene una longitud de al menos aproximadamente 40 nucleótidos, de manera preferente de al menos aproximadamente 50 nucleótidos, de manera preferente de al menos aproximadamente 75 nucleótidos, de manera más preferente de al menos aproximadamente 100 nucleótidos, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 125 nucleótidos, de manera mucho más preferente de al menos aproximadamente 150 nucleótidos. De manera preferente, tal fragmento de la 3'UTR de un gen de o de una variante de la 3'UTR de un gen es un fragmento funcional como se describe anteriormente.

En el contexto de la presente invención, un fragmento o parte de la 5'UTR de un gen TOP o de una variante del mismo preferentemente tiene una longitud de al menos aproximadamente 20 nucleótidos, de manera preferente de al menos aproximadamente 30 nucleótidos, de manera más preferente de al menos aproximadamente 50 nucleótidos. Preferentemente, tal fragmento de la 5'UTR de un gen TOP o de una variante de la 5'UTR de un gen TOP es un fragmento funcional como se describe anteriormente.

En algunas realizaciones, el elemento 3'UTR de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende o consiste en un "fragmento funcional", una "variante funcional" o un "fragmento funcional de una variante" de la 3'UTR de un gen, tal como de un gen de albúmina, gen de α-globina, gen de β-globina, gen de tirosina-hidroxilasa, gen de lipoxigenasa, o un gen de colágeno-alfa, tal como un gen de colágeno-alfa 1 (I), o de una variante del mismo.

En algunas realizaciones, el al menos un elemento 5'UTR de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita comprende o consiste en una "fragmento funcional", una "variante funcional" o un "fragmento funcional de una variante" de la 5'UTR de un gen TOP.

Preferentemente, el elemento 3'UTR de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita incrementa la estabilidad de la molécula artificial de ácido nucleico, por ejemplo incrementa la estabilidad de un ARNm aquí descrito, comparado con un ARNm respectivo (ARNm de referencia) que carece de un elemento 3'UTR. De manera preferente, el al menos un elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita incrementa la estabilidad de la producción de proteína a partir de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, por ejemplo de un ARNm de acuerdo aquí descrito, comparado con un ARNm respectivo que carece de un elemento 3'UTR. De manera preferente, el al menos un elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita prolonga la producción de proteínas a partir de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, por ejemplo de un ARNm aquí descrito, comparado con un ARNm respectivo que carece de un elemento 3'UTR. De manera preferente, el al menos un elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita incrementa la producción de proteínas de la molécula artificial de ácido nucleico quí descrita, por ejemplo de un ARNm aquí descrito, comparado con un ARNm respectivo que carece de un elemento 3'UTR. De manera preferente, el al menos un elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita no influye negativamente en la eficiencia traduccional de un ARNm comparado con la eficiencia traduccional de un ARNm respectivo que carece de un elemento 3'UTR. El término "ARNm respectivo" en este contexto significa que - aparte de la 3'UTR diferente - la referencia a ARNm es comparable, de manera preferente idéntico, al ARNm que comprende el elemento 3'UTR.

De manera preferente, el al menos un elemento 5'UTR de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita incrementa la estabilidad de la molécula artificial de ácido nucleico, por ejemplo incrementa la estabilidad de un ARNm aquí descrito, comparado con un ARNm respectivo (ARNm de referencia) que carece de un elemento 5'UTR o que comprende un elemento 5'UTR de referencia, tal como una 5'UTR de origen natural en combinación con el ORF. De manera preferente, el al menos un elemento 5'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita incrementa la producción de proteínas de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, por ejemplo de un ARNm como se describe aquí, comparado con un ARNm respectivo que carece de un elemento 5'UTR o que comprende un elemento 5'UTR de referencia, tal como una 5'UTR de origen natural en combinación con el ORF. El término "ARNm respectivo" en este contexto significa que - aparte de la 5'UTR diferente - el ARNm de referencia es comparable, de manera preferente idéntico, al ARNm que comprende el elemento 5'UTR inventivo.

Preferentemente, el tallo-bucle de histona de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita incrementa la estabilidad de la molécula artificial de ácido nucleico, por ejemplo incrementa la estabilidad de un ARNm de como se describe aquí, comparado con un ARNm respectivo (ARNm de referencia) que carece de un tallo-bucle de histona. De manera preferente, el tallo-bucle de histona de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita incrementa la producción de proteínas de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, por

ejemplo de un ARNm como se describe aquí, comparado con un ARNm respectivo que carece de un tallo-bucle de histona. El término "ARNm respectivo" en este contexto significa que - aparte de tallo-bucle de histona - ARNm de referencia es comparable, de manera preferente idéntico, al ARNm que comprende el tallo-bucle de histona.

De manera preferente, el al menos un elemento 5'UTR y el al menos un elemento 3'UTR actúan sinérgicamente para incrementar la producción de proteínas a partir de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita, por ejemplo de un ARNm como se indica aquí, como se describe anteriormente.

De manera preferente, el al menos un elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona actúan sinérgicamente para incrementar la producción de proteínas a partir de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita invención, por ejemplo de un ARNm como se indica aquí, como se describe anteriormente.

Preferentemente, el término "estabilizar y/o prolongar la producción de proteínas de un ARNm" significa que la producción de proteínas del ARNm se estabiliza y/o se prolonga comparada con la producción de proteínas de un ARNm de referencia, por ejemplo que carece de un elemento 3'UTR.

Preferentemente, "expresión de proteína estabilizada" en este contexto significa que existe una producción de proteína más uniforme de la molécula de ácido nucleico artificial aquí descrita durante un período de tiempo predeterminado, tal como más de 24 horas, de manera más preferente más de 48 horas, de manera aún más preferente más de 72 horas, cuando se compara con una molécula de ácido nucleico de referencia, por ejemplo, que carece de un elemento 3'UTR. Así, el nivel de producción de proteínas, por ejemplo en un sistema de mamífero, de la molécula de ácido nucleico artificial que comprende un elemento 3'UTR como se describe aquí, por ejemplo de un ARNm como se describe aquí, preferentemente no desciende al grado observado para una molécula de ácido nucleico de referencia. Por ejemplo, la cantidad de una proteína (codificada por el ORF) observada 6 horas después del inicio de la expresión, por ejemplo 6 horas pos-transfección de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita en una célula, tal como una célula de mamífero, puede ser comparable con la cantidad de la proteína observada 48 horas después del inicio de la expresión, por ejemplo, 48 horas pos-transfección. Así, la relación entre la cantidad de proteína codificada por el ORF, tal como de una proteína reporter, por ejemplo luciferasa, observada a 48 horas post-inicio de la expresión, por ejemplo 48 horas pos-transfección, y la cantidad de proteína observada 6 horas después del inicio de la expresión, por ejemplo, 6 horas pos-transfección, está preferentemente por encima de 0,4, de manera preferente por encima de 0,5, de manera más preferente por encima de 0,6, de manera aún más preferente por encima de 0,7, por ejemplo entre aproximadamente 0,4 y aproximadamente 4, de manera preferente entre aproximadamente 0,65 y aproximadamente 3, de manera más preferente entre aproximadamente 0,7 y 2 para una molécula de ácido nucleico aquí descrita. Así, en una realización, la presente descripción proporciona una molécula de ácido nucleico artificial como se describe anteriormente donde la relación entre la cantidad de proteína (reporter) observada 48 horas después del inicio de la expresión y la cantidad de proteína (reporter) observada 6 horas después del inicio de la expresión, preferentemente en un sistema de expresión de mamífero, tal como en células de mamífero, preferentemente esta entre aproximadamente 0,4 y 4, de manera preferente entre aproximadamente 0,65 y aproximadamente 3, de manera más preferente entre aproximadamente 0,7 y 2.

En el contexto de la presente descripción, "expresión de proteína incrementada" puede referirse a la expresión de proteína incrementada en un punto de tiempo después del inicio de la expresión comparada con una molécula de referencia o a una producción de proteína total incrementada dentro de un cierto período de tiempo después del inicio de la expresión. Así, el nivel de proteína observado en un cierto punto de tiempo después del inicio de la expresión, por ejemplo después de la transfección, de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, por ejemplo después de la transfección de un ARNm como se describe aquí, por ejemplo, 24, 48, o 72 horas pos-transfección, o la proteína total producida en el lapso de tiempo de, por ejemplo 24, 48 o 72 horas, es preferentemente más alto que el nivel de proteína observado en el mismo punto de tiempo después del inicio de la expresión, por ejemplo después de la transfección, o la proteína total producida dentro del mismo lapso de tiempo, para una molécula de ácido nucleico de referencia, tal como un ARNm de referencia que comprende un elemento 5'UTR de referencia o que carece de un elemento 5'UTR y/o un elemento 3'UTR y/o un tallo-bucle de histona. Como se expone en lo anterior, es una función particularmente preferida del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona llevar a cabo un incremento en la producción de proteínas de la molécula artificial de ácido nucleico. De manera preferente, el incremento en la producción de proteínas llevada a cabo por el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona comparada con una molécula de ácido nucleico de referencia que carece de tal elemento 5'UTR y un tallo-bucle de histona en un punto de dado post-inicio de la expresión es al menos 1,5 veces, de manera más preferente al menos 2 veces, de manera más preferente al menos 3 veces, de manera más preferente al menos 4 veces, de manera más preferente al menos 5 veces, de manera aún más preferente al menos 10 veces, de manera aún más preferente al menos 15 veces la producción de proteínas observada para una molécula de ácido nucleico de referencia que carece del elemento 5'UTR y un tallo-bucle de histona. Lo mismo se mantiene de manera preferente para la producción de proteínas total en un período de tiempo dado, por ejemplo en un período de tiempo de 24, 48 o 72 horas post-inicio de la expresión.

Dicho incremento de la estabilidad de la molécula artificial de ácido nucleico, dicho incremento en la estabilidad de la producción de proteínas, dicha prolongación de la producción de proteínas y/o dicho incremento en la producción de proteínas se determina preferentemente por comparación con una molécula de ácido nucleico de referencia respectiva que carece de un elemento 5'UTR y/o un elemento 3'UTR y/o un tallo-bucle de histona, por ejemplo un ARNm que carece de un elemento 5'UTR y/o un elemento 3'UTR y/o un tallo-bucle de histona, o una molécula de ácido nucleico de referencia que comprende un elemento 5'UTR de referencia y/o o un elemento 3'UTR de referencia, tal como una 3'UTR y/o una 5'UTR de origen natural con el ORF o una 5'UTR y/o una 3'UTR de un gen de referencia.

El ARNm y/o el efecto de estabilización de la producción de proteínas y la eficiencia y/o el efecto de incremento de la producción de proteínas y la eficiencia de las variantes, fragmentos y/o fragmentos de variantes de la 3'UTR de un gen de albúmina, así como el ARNm y/o el efecto de estabilización de producción de proteínas y la eficiencia y/o el efecto de incremento de producción de proteínas y la eficiencia del elemento 3'UTR, el al menos un elemento 5'UTR, o el tallo-bucle de histona de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita se pueden determinar por cualquier método adecuado para este propósito conocido por el experto. Por ejemplo, se pueden generar moléculas de ARNm artificial que comprenden una secuencia de codificación para una proteína reporter, tal como luciferasa, y no 3'UTR y/o no 5'UTR y/o no tallo-bucle de histona, una 5'UTR derivada de un gen TOP y/o una 3'UTR derivada de un gen de como se describe en lo anterior y/o un tallo-bucle de histona como se describe arriba, una 5'UTR derivada de un gen de referencia y/o una 3'UTR derivada de un gen de referencia (es decir, una 3'UTR de referencia o una 5'UTR de referencia, tal como una 5'UTR o una 3'UTR de origen natural con el ORF), como una 3'UTR, una variante de una 3'UTR de un gen de como se describe arriba, como 3'UTR, un fragmento de una 3'UTR de un gen de como se describe en lo anterior, o como 3'UTR, un fragmento de una variante de una 3'UTR de un gen de como se describe en lo anterior, como 5'UTR una variante de una 5'UTR de un gen TOP, como 5'UTR un fragmento de una 5'UTR de un gen TOP, o como una 5'UTR un fragmento de una variante de una 5'UTR de un gen TOP. Tales ARNm se pueden generan, por ejemplo, por transcripción *in vitro* de los vectores respectivos, tales como vectores plásmidos, por ejemplo que comprenden el promotor T7 y una secuencia que codifica las secuencias de ARNm respectivas. Las moléculas de ARNm generadas se pueden transfectar en células por cualquier método de transfección adecuado para transfectar ARNm, por ejemplo se pueden electroporar en células de mamífero, tales como células HELA o HDF, y las muestras se pueden analizar en ciertos puntos de tiempo después de la transfección, por ejemplo 6 horas, 24 horas, 48 horas, y 72 horas pos-transfección. Las muestras se pueden analizar para las cantidades de ARNm y/o las cantidades de proteínas por métodos bien conocidos por el experto. Por ejemplo, la cantidad de ARNm reporter presente en las células de muestra en los puntos de tiempo se puede determinar por métodos PCR cuantitativa. La cantidad de la proteína reporter codificada por los ARNm respectivos se pueden determinar, por ejemplo, con ensayos ELISA o ensayos reportero, tales como ensayos de luciferasa, dependiendo de la proteína reporter utilizada. El efecto de estabilizar la expresión de proteína y/o prolongar la expresión de proteína puede analizarse, por ejemplo, determinando la relación del nivel de proteína observado 48 horas pos-transfección y el nivel de proteína observado 6 horas pos-transfección. Mientras más cercano sea el valor a 1, más estable es la expresión de la proteína en este período de tiempo. El valor también puede estar por encima de uno si el nivel de proteína es más alto en el último punto de tiempo. Tales mediciones, por supuesto, también se pueden llevar a cabo a 72 o más horas y la relación del nivel de proteína observada 72 horas pos-transfección y el nivel de proteína observado 6 horas pos-transfección se puede determinar para estudiar la estabilidad de la expresión de la proteína.

Preferentemente, el elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita comprende o consiste en una secuencia de ácidos nucleicos que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 95%, de manera más preferente de al menos aproximadamente un 99%, de manera mucho más preferente de un 100% con una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1369-1377 y 1434 y las secuencias de ARN correspondientes, donde las variantes de las secuencias de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369-1377 y 1434 son variantes funcionales como se describe anteriormente. Las SEQ ID NO. 1369, 1371 y 1434, variantes funcionales de las mismas y las secuencias de ARN correspondientes son particularmente preferentes.

El elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita también puede comprender o consistir en un fragmento de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos un 40%, preferentemente de al menos aproximadamente un 50%, preferentemente de al menos aproximadamente un 60%, preferentemente de al menos aproximadamente un 70%, más preferentemente de al menos aproximadamente un 80%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 90%, incluso con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 95%, de manera preferente de al menos aproximadamente un 99%, de manera más preferente de un 100% con la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369-1377 y 1434 y las secuencias de ARN correspondientes, donde el fragmento preferentemente es un fragmento funcional o un fragmento de una variante funcional como se describe anteriormente. De manera preferente, el fragmento es como se describe arriba, es decir un tramo continuo de nucleótidos que representa al menos 20%, etc., de la 3'UTR de longitud completa del fragmento del que se deriva. Tal fragmento preferentemente tiene una longitud de al menos aproximadamente 40 nucleótidos, de manera preferente de al

menos aproximadamente 50 nucleótidos, de manera preferente de al menos aproximadamente 75 nucleótidos, de manera más preferente de al menos aproximadamente 100 nucleótidos, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 125 nucleótidos, de manera mucho más preferente de al menos aproximadamente 150 nucleótidos.

Por ejemplo, tal fragmento puede tener una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1378-1390, tales como:

AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATT (SEQ ID No. 1378)

CATCACATTT AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG (SEQ ID No. 1379)

AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC (SEQ ID No. 1380)

CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT (SEQ ID No. 1381)

TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT (SEQ ID No. 1382)

AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT (SEQ ID No. 1383)

TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT (SEQ ID No. 1384)

AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA (SEQ ID No. 1385)

ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA AAAATGGAAA (SEQ ID No. 1386)

CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA A (SEQ ID No. 1387)

TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA A (SEQ ID No. 1388)

CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA A (SEQ ID No. 1389)

AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC (SEQ ID No. 1390)

o la secuencia de ARN correspondiente, o una secuencia de ácido nucleico que es al menos un 40%, preferentemente de al menos aproximadamente un 50%, preferentemente de al menos aproximadamente un 60%, preferentemente de al menos aproximadamente un 70%, más preferentemente de al menos aproximadamente un 80%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 90%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 95%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 99% idéntica a las secuencias de ácido nucleico o la secuencia de ARN correspondiente. Así, el al menos un elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender o consistir en un fragmento de ácido nucleico como se describe arriba. Obviamente, los nucleótidos de timidina comprendidos en los fragmentos de acuerdo con las SEQ ID NO. 1378-1390 se pueden reemplazar por nucleótidos de uridina.

Preferentemente, dichas variantes, fragmentos o fragmentos de variantes son variantes funcionales, fragmentos funcionales o fragmentos de variantes funcionales como se describe en lo anterior, que muestran al menos una función de la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369-1377 y 1434, tal como estabilización de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, la estabilización y/o prolongación de la expresión de la proteína a partir de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita y/o el incremento de la producción de proteínas, preferentemente con una eficiencia de al menos 40%, de manera más preferente de al menos 50%, de manera más preferente de al menos 60%, de manera aún más preferente de al menos 70%, de manera aún más preferente de al menos 80%, de manera mucho más preferente de al menos 90% de la eficiencia de estabilización y/o producción de proteína que incrementa la eficiencia mostrada por la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369-1377 y 1434. Preferentemente, las variantes, fragmentos o fragmentos de variante son variantes funcionales, fragmentos funcionales o fragmentos de variante funcionales que tienen la función de actuar sinérgicamente con el elemento 5'UTR para incrementar la producción de proteínas de la molécula artificial de ácido nucleico.

De manera preferente, el elemento 3'UTR de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita tiene una longitud de al menos aproximadamente 40 nucleótidos, preferentemente de al menos aproximadamente 50 nucleótidos, de manera preferente de al menos aproximadamente 75 nucleótidos, de manera más preferente de al menos aproximadamente 100 nucleótidos, de manera aún más preferente de al menos aproximadamente 125 nucleótidos, de manera mucho más preferente de al menos aproximadamente 150 nucleótidos. Por ejemplo, la 3'UTR puede tener una longitud de aproximadamente 50 a aproximadamente 300 nucleótidos, de manera preferente de aproximadamente 100 a aproximadamente 250 nucleótidos, de manera más preferente de aproximadamente 150 a aproximadamente 200 nucleótidos.

Adicionalmente, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender más de un elemento 3'UTR como se describe anteriormente. Por ejemplo, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender uno, dos, tres, cuatro o más elementos 3'UTR, donde los elementos 3'UTR individuales pueden ser iguales o diferentes. Por ejemplo, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender dos elementos 3'UTR esencialmente idénticos como se describe en lo anterior, por ejemplo dos elementos 3'UTR que comprenden o consisten en una secuencia de ácido nucleico derivada de la 3'UTR de un gen de albúmina o de un gen de α-globina o de una variante funcional de la 3'UTR de un gen de albúmina o de un gen de α-globina, como una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369, 1371, 1376, o 1434, variantes funcionales del mismo, fragmentos funcionales del mismo o fragmentos de variante funcionales del mismo como se describe anteriormente.

En una realización preferida, la molécula artificial de ácido nucleico comprende a.) al menos un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP que codifica una proteína ribosomal, como se describe anteriormente, por ejemplo que codifica una proteína ribosomal Large, o de una variante del mismo; b.) al menos un marco de lectura abierto (ORF); c.) al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí, tal como al menos un tallo-bucle de histona de acuerdo con las SEQ ID NO. 1391-1433, opcionalmente d.) una secuencia poli(A) o una señal poli(A), opcionalmente e.) una secuencia poli(C), y opcionalmente f.) al menos un elemento 3'UTR, preferentemente derivado de un gen de que proporciona un ARNm estable, por ejemplo que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 3'UTR de un gen de albúmina o un gen de α-globina, tal como una secuencia seleccionada del grupo consistente en las SEQ ID NO: 1369, 1371, y 1434 o una variante de la misma como se describe aquí.

Preferentemente, la secuencia de elementos de la molécula artificial de ácido nucleico en la dirección 5' a 3' es 5'-[al menos una 5'UTR]-[ORF]-[opcional al menos una 3'UTR]-[secuencia poli(A) opcional]-[secuencia poli(C) opcional]-[al menos un tallo-bucle de histona]-3'.

En una realización particularmente preferente, la molécula artificial de ácido nucleico puede comprender (a.) al menos un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen de proteína ribosomal Large 32 (RPL32), un gen de proteína ribosomal Large 35 (RPL35), un gen de proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP sintasa, un transportador de H+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardíaco (ATP5A1), un gen de hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 (HSD17B4), un gen 1 inducido por andrógeno (AIG1), un gen de subunidad Vic de citocromo c oxidasa (COX6C), o un gen 1 de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) (ASAH1) o de una variante de los mismos, de manera preferente de un gen de proteína ribosomal Large 32 de vertebrado (RPL32), un gen de proteína ribosomal Large 35 de vertebrado (RPL35), un gen de proteína ribosomal Large 21 de vertebrado (RPL21), una ATP sintasa de vertebrado, un transportador de H+, un complejo F1 mitocondrial, subunidad alfa, un gen de músculo cardíaco (ATP5A1), un gen 4 de hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa de vertebrado (HSD17B4), un gen 1 inducido por andrógeno de vertebrado (AIG1), un gen de Vic de subunidad de citocromo c oxidasa de vertebrado (COX6C) o un gen 1 de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) (ASAH1) o una variante de los mismos, en especial de un gen de proteína ribosomal Large 32 de mamífero (RPL32), un gen de proteína ribosomal Large 35 de mamífero (RPL35), un gen de proteína ribosomal Large 21 de mamífero (RPL21), una ATP sintasa de mamífero, complejo F1 mitocondrial, transportador de H+, subunidad 1 alfa, gen de músculo cardíaco (ATP5A1), gen de hidroxiesteroide deshidrogenasa 4 (17-beta) de mamífero (HSD17B4), gen 1 inducido por andrógeno de mamífero (AIG1), gen de subunidad VIc de citocromo c oxidasa de mamífero (COX6C) o gen 1 de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) de mamífero (ASAH1) o de una variante de los mismos, de manera mucho más preferente un gen de proteína ribosomal Large 32 (RPL32) humana, un gen de proteína ribosomal Large 35 (RPL35) humana, un gen de proteína ribososomal Large 21 humana (RPL21), una ATP sintasa humana, complejo F1 mitocondrial, transportador de H+, subunidad 1 alfa, gen de músculo cardíaco (ATP5A1), un gen de hidroxiesteroide deshidrogenasa 4 (17-beta) humano (HSD17B4), gen 1 inducido por andrógeno humano (AIG1), un gen de subunidad VIc de citocromo c oxidasa humano (COX6C), o un gen de N-acilesfingosina amidrolasa (ceramidasa ácida) humano (ASAH1) o de una variante de los mismos, donde preferentemente el elemento 5'UTR no comprende el 5'TOP de dicho gen, (b.) al menos un marco de lectura abierto, (c.) al menos un tallo-bucle de histona, tal como al menos un tallo-bucle de histona de acuerdo con las SEQ ID NO. 1391-1433, opcionalmente (d.) una secuencia poli(A) y/o una señal poli(A), opcionalmente (e.) una secuencia poli(C), y opcionalmente (f.) al menos un elemento 3'UTR como se define aquí que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de un gen de albúmina o un gen de α-globina, tal como una secuencia seleccionada del grupo consistente en las SEQ ID NO: 1369, 1371, y 1434 o una variante de las mismas como se describe aquí.

En una realización particularmente preferida, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita comprende:

a) al menos un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de secuencia de al menos un 40%, preferentemente de al menos aproximadamente un 50%, preferentemente de al menos aproximadamente un 60%, preferentemente de al menos aproximadamente un 70%, más preferentemente de al menos aproximadamente un 80%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 90%, incluso con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 95%, de manera más preferente de al menos aproximadamente un 99% con una secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la SEQ ID NO: 1368 o con las SEQ ID NO: 1452-1460, o una secuencia de ARN correspondiente,
b) al menos un marco de lectura abierto,
c) al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí, tal como una secuencia de tallo-bucle de histona de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO. 1391-1433, de manera preferente una secuencia de tallo-bucle de histona que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente 75%, de manera preferente de al menos aproximadamente 80%, de manera

preferente al menos aproximadamente 85%, de manera más preferente al menos aproximadamente 90%, de manera aún más preferente al menos aproximadamente 95% con la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO. 1433 o una secuencia de ARN correspondiente, donde preferentemente las posiciones 6, 13 y 20 de la secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 75%, de manera preferente de al menos aproximadamente el 80%, de manera preferente al menos aproximadamente el 85%, de manera más preferente al menos aproximadamente el 90%, de manera aún más preferente al menos aproximadamente 95% el con la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO. 1433 o la secuencia de ARN correspondiente se conservan, es decir son idénticas a los nucleótidos en las posiciones 6, 13 y 20 de la SEQ ID NO. 1433,

d) opcionalmente, una secuencia poli(A) o una señal poli(A) como se describe aquí,

e) opcionalmente, una secuencia poli(C), y

f) opcionalmente, un elemento 3'UTR, de manera preferente un elemento 3'UTR que se deriva de un gen que proporciona un ARNm estable, tal como un elemento 3'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente un 40%, preferentemente de al menos aproximadamente un 50%, preferentemente de al menos aproximadamente un 60%, preferentemente de al menos aproximadamente un 70%, más preferentemente de al menos aproximadamente un 80%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 90%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 95%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 99%, más preferente del 100% con la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369, 1371, o 1434 o una secuencia de ARN correspondiente.

Así, en una realización particularmente preferida, la presente descripción proporciona una molécula artificial de ácido nucleico que comprende un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 90% con la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con la SEQ ID NO. 1368 o las SEQ ID NO. 1452-1460, o una secuencia de ARN correspondiente, un tallo-bucle de histona que comprende una secuencia que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 90% con la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO. 1434 o una secuencia de ARN correspondiente, opcionalmente una secuencia poli(A) y/o una señal poli(A) como se describe aquí, opcionalmente una secuencia poli(C) y opcionalmente un elemento 3'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 90% con la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369, 1371 o 1434.

De manera preferente, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita no contiene uno o dos o al menos uno o todos, sino uno o todos los componentes del grupo consistente en: una secuencia que codifica una ribozima (de manera preferente a una ribozima de auto-empalme), una secuencia de ácidos nucleicos virales, una señal de procesamiento de tallo-bucle de histona, en particular una secuencia de tallo-bucle de histona derivada del gen de H2A614 de histona de ratón, un gen Neo, una secuencia promotora inactivada y una secuencia potenciadora inactivada. De manera aún más preferente, el ácido nucleico aquí descrito no contiene una ribozima, de manera preferente una ribozima de auto-empalme, y uno del grupo consistente en: un gen Neo, una secuencia promotora inactivada, una secuencia potenciadora inactivada, una señal de procesamiento de tallo-bucle de histona, en particular una secuencia de procesamiento de tallo-bucle de histona derivada del gen de H2A614 de histona de ratón. Por consiguiente, en una forma preferente el ácido nucleico puede no contener una ribozima, de manera preferente una ribozima de auto-empalme, ni un gen Neo o, alternativamente, ni una ribozima, de manera preferente una ribozima de auto-empalme, ni cualquier gen de resistencia (por ejemplo usualmente aplicado para la selección). En otra realización preferida, la molécula de ácido nucleico aquí descrita puede no contener una ribozima, de manera preferente una ribozima de auto-empalme, ni una señal de procesamiento de tallo-bucle de histona, en particular una secuencia de procesamiento de tallo-bucle de histona derivada del gen de H2A614 de histona de ratón.

Además, se prefiere que la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita no comprenda un intrón.

La molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede ser ARN, tal como ARNm, ADN, tal como un vector de ADN, o puede ser una molécula de ARN o ADN modificado. Se puede proporcionar como una molécula de doble hebra, con una hebra sentido y una hebra anti-sentido, por ejemplo como una molécula de ADN que tiene una hebra sentido y una anti-sentido.

La presente descripción también proporciona una molécula artificial de ácido nucleico que es una molécula de ARNm que comprende un elemento 5'UTR, un marco de lectura abierto, un tallo-bucle de histona como se describe aquí, un elemento 3'UTR opcional como se describe aquí y una secuencia poli(A) opcional.

La molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender además un cap 5'. El cap 5' opcional se une preferentemente al lado 5' del elemento 5'UTR.

La presente descripción proporciona una molécula artificial de ácido nucleico que puede ser una plantilla para una molécula de ARN, de manera preferente para una molécula de ARNm, que se estabiliza y optimiza con respecto a la eficiencia de traducción. En otras palabras, la molécula artificial de ácido nucleico puede ser un ARN o ARN que se puede utilizar para la producción de un ARNm. El ARNm obtenible puede, a su vez, ser traducido para la producción de un péptido o proteína deseada codificada por el marco de lectura abierto. Si la molécula artificial de ácido nucleico es un ADN, por ejemplo puede emplearse como una forma de almacenamiento de doble hebra para la traducción *in vitro* o *in vivo* continuada y repetitiva de ARNm.

Potenciales sistemas de transcripción son sistemas de transcripción *in vitro* o sistemas de transcripción celulares, etc. Por consiguiente, la transcripción de una molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, por ejemplo la transcripción de una molécula artificial de ácido nucleico que comprende un elemento 5'UTR, un marco de lectura abierto, un tallo-bucle de histona, un elemento 3'UTR y una señal de poliadenilación, puede dar por resultado una molécula de ARNm que comprende un elemento 5'UTR, un marco de lectura abierto, un tallo-bucle de histona, un elemento 3'UTR y una secuencia poli(A).

Por ejemplo, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender una secuencia de ácido nucleico que corresponde a la secuencia de ADN

CATCACATTT AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA
AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC
ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA AAAATGGAAA
GAATCTAGAT CTAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA
AAAAAAAAAA AAAAA (SEQ ID No. 1377).

La transcripción de tal secuencia puede resultar en una molécula artificial de ácido nucleico que comprende una secuencia de ARN correspondiente.

Tal molécula de ARN artificial también puede obtenerse *in vitro* por métodos habituales de síntesis química sin que se transcriba necesariamente de un progenitor de ADN.

En una realización particularmente preferida, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita es una molécula de ARN, de manera preferente una molécula de ARNm que comprende en la dirección 5' a 3' un elemento 5'UTR como se describe anteriormente, un marco de lectura abierto, un elemento 3'UTR opcional como se describe arriba, una secuencia poli(A) opcional, una secuencia poli(C) opcional y un tallo-bucle de histona como se describe aquí.

En algunas realizaciones, la molécula artificial de ácido nucleico comprende elementos adicionales, como un motivo IRES. Una secuencia lateral de entrada de ribosoma interna (IRES) o motivo IRES puede separar varios marcos de lectura abiertos, por ejemplo si la molécula artificial de ácido nucleico codifica dos o más péptidos o proteínas. Una secuencia IRES puede ser particularmente útil si el ARNm es un ARN bi- o multicistrónico.

Adicionalmente, la molécula artificial de ácido nucleico puede comprender elementos 5' adicionales, como una secuencia promotora o potenciadora. El promotor puede conducir y/o regular la transcripción de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, por ejemplo de una molécula de ADN artificial como se describe aquí.

En realizaciones preferidas, la presente descripción proporciona moléculas de ácido nucleico artificiales, preferentemente moléculas de ARNm, que comprenden en la dirección 5' a 3' al menos una de las siguientes estructuras:

Cap 5' – elemento 5'UTR – ORF – elemento 3'UTR – tallo-bucle de histona – secuencia poli(A)
Cap 5'- elemento 5'UTR – ORF – elemento 3'UTR – secuencia poli(A) – tallo-bucle de histona
Cap 5' - elemento 5'UTR – ORF – IRES – ORF –elemento 3'UTR - tallo-bucle de histona - secuencia poli(A)
Cap 5' – elemento 5'UTR – ORF – IRES – ORF –elemento 3'UTR – secuencia poli(A) – tallo-bucle de histona
Cap 5' – elemento 5'UTR – ORF –elemento 3'UTR – secuencia poli(A) – secuencia poli(C)– tallo-bucle de histona
Cap 5' – elemento 5'UTR – ORF – IRES – ORF –elemento 3'UTR – secuencia poli(A) – secuencia poli(C) – tallo-bucle de histona
Cap 5' – elemento 5'UTR – ORF – IRES – ORF –elemento 3'UTR – tallo-bucle de histona – secuencia poli(A) – secuencia poli(C)

De manera más preferente, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita comprende o codifica (a.) un elemento 5'UTR; (b.) un marco de lectura abierto, que codifica preferentemente un péptido o proteína; (c.) al menos un tallo-bucle de histona, opcionalmente (d.) una secuencia poli(A) y/o señal de poliadenilación; (e.) opcionalmente una secuencia poli(C); y (f.) opcionalmente un elemento 3'UTR, preferentemente para incrementar el nivel de expresión de una proteína codificada, donde la proteína codificada preferentemente no es una proteína de histona, una proteína reporter y/o una proteína marcadora de selección, como se define arriba. Los elementos (c.) a (f.) de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita pueden presentarse en la molécula artificial de ácido nucleico descrita aquí en cualquier secuencia, es decir los elementos (a.), (b.), (c.), (d.), (e.) y (f.) pueden, por ejemplo, presentarse en la secuencia (a.), (b.), (c.), (d.), (e.) y (f.), o (a.), (b.), (d.), (c.), (e.) y (f.), o (a.), (b.), (c.), (d.), (f.) y (e.), o (a.), (b.), (d.), (c.), (f.) y (e.), o (a.), (b.), (e.), (d.), (c.) y (f.), o (a.), (b.), (e.), (d.), (f.) y (c.), o (a.), (b.), (c.), (f.), (e.) y (d.) etc., donde los elementos adicionales como se describen aquí también pueden estar contenidos, como una estructura 5'-Cap, secuencias de estabilización, secuencias IRES, etc. Cada uno de los elementos (a.) a (f.) de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, particularmente b), pueden presentarse en constructos di- o multicistrónicos y/o cada uno de los elementos (a.), (c.) y (f.) también se pueden repetir al menos una vez, de manera preferente dos o más veces, en la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita. Como ejemplo, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita puede comprender sus elementos de secuencia (a.), (b.), (c.) y opcionalmente (d.) en por ejemplo el siguiente orden. En todos los casos, la molécula artificial de ácido nucleico puede comprender adicionalmente uno o más elemento(s) 3'UTR y/o una secuencia poli(C) como se definen aquí:

5'UTR – ORF – tallo-bucle de histona – 3'; o
5'UTR – ORF – ORF - tallo-bucle de histona – 3'; o
5' UTR – ORF – IRES - ORF - tallo-bucle de histona – 3'; o
5' UTR – ORF – tallo-bucle de histona – secuencia poli(A) – 3'; o
5' UTR – ORF – tallo-bucle de histona – señal de poliadenilación – 3'; o
5' UTR – ORF – ORF - tallo-bucle de histona – señal de poliadenilación - 3'; o
5' UTR – ORF – tallo-bucle de histona – tallo-bucle de histona – 3'; o
5' UTR – ORF – tallo-bucle de histona – tallo-bucle de histona – secuencia poli(A) – 3'; o
5' UTR – ORF – tallo-bucle de histona – tallo-bucle de histona – señal de poliadenilación – 3'; o
5' UTR – ORF – tallo-bucle de histona – secuencia poli(A) – tallo-bucle de histona – 3'; o
5' UTR – ORF – secuencia poli(A) – tallo-bucle de histona – 3'; o
5' UTR – ORF – secuencia poli(A) – tallo-bucle de histona – tallo-bucle de histona – 3'; etc.

Se prefiere que las secuencias anteriores comprendan una secuencia poli(C). De manera preferente, esta secuencia poli(C) se sitúa 5' al tallo-bucle de histona, de manera preferente entre la secuencia poli(A) y la secuencia de tallo-bucle de histona.

En este contexto, se prefiere particularmente que la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita comprenda o codifique para a) un elemento 5'UTR, b) un marco de lectura abierto, de manera preferente que codifica un péptido o proteína; c) al menos un tallo-bucle de histona, y d) una secuencia poli(A) o secuencia de poliadenilación; preferentemente para incrementar el nivel de expresión de una proteína codificada, donde la proteína codificada preferentemente no es una proteína de histona ni una proteína reporter (por ejemplo Luciferasa, GFP, EGFP, β-Galactosidasa, particularmente EGFP) y/o no es una proteína marcadora o de selección (por ejemplo alfa-Globina, Galactocinasa y Xantina:Guanina-fosforibosil-transferasa (GPT)).

El marco de lectura abierto de la molécula artificial de ácido nucleico no está particularmente limitado. Por ejemplo, el marco de lectura abierto puede codificar una proteína o péptido que se puede utilizar para la terapia de una enfermedad. La selección particular de la proteína o péptido depende de la enfermedad que se trata y no es objeto de la invención. Por consiguiente, la molécula artificial de ácido nucleico puede ser para uso en el tratamiento de una enfermedad que es tratable con la proteína o péptido que es codificado por el marco de lectura abierto. El marco de lectura abierto también puede codificar una proteína o péptido que se puede utilizar como antígeno para la vacunación. Nuevamente, la selección particular de la proteína o péptido depende de la enfermedad o infección que se previene. Por consiguiente, la molécula artificial de ácido nucleico puede ser para su uso en la prevención de una enfermedad induciendo una respuesta inmunitaria específica.

Sin embargo, preferentemente la proteína codificada no es una proteína de histona. En el contexto de la presente descripción, tal proteína de histona es típicamente una proteína fuertemente alcalina que se encuentra en los núcleos de células eucarióticas, que empacan y ordenan el ADN en unidades estructurales llamadas nucleosomas. Las proteínas de histona son los componentes proteicos principales de la cromatina, actúan como carretes alrededor de los cuales se enrolla el ADN, y desempeña una función en la regulación génica. Sin las histonas, el ADN desenrollado en los cromosomas sería muy largo (una relación longitud:ancho de más de 10 millones:uno en el ADN humano). Por ejemplo, cada célula humana tiene aproximadamente 1,8 metros de ADN, pero enrollado en las histonas tiene aproximadamente 90 milímetros de cromatina, que, cuando se duplican y condensan durante la mitosis, da por resultado aproximadamente 120 micras de cromosomas. De manera más preferente, en el contexto de la presente invención, tal proteína de histona se define típicamente como una proteína altamente conservada seleccionada de una de las siguientes cinco clases principales de

histonas: H1/H5, H2A, H2B, H3, y H4", preferentemente seleccionadas de histonas de mamífero, en especial histonas humanas o proteínas de histona. Tales histonas o proteínas de histona se organizan típicamente en dos superclases definidas como histonas núcleo, que comprenden las histonas H2A, H2B, H3 y H4, y las histonas ligadoras, que comprenden las histonas H1 y H5.

Preferentemente, en este contexto, las histonas ligadoras se excluyen del alcance de protección de la descripción pendiente, de manera preferente histonas ligadoras de mamífero, de manera más preferente histonas ligadoras humanas, seleccionadas típicamente de H1, incluyendo H1F, incluyendo particularmente H1F0, H1FNT, H1FOO, H1FX, y H1H1, incluyendo particularmente HIST1H1A, HIST1H1B, HIST1H1C, HIST1H1D, HIST1H1E, HIST1H1T.

Además, en algunas realizaciones preferentemente se excluyen las histonas núcleo del alcance de protección de la descripción pendiente, en especial las histonas núcleo de mamífero, en particular histonas núcleo humanas, seleccionadas típicamente de H2A, incluyendo H2AF, incluyendo de manera particular H2AFB1, H2AFB2, H2AFB3, H2AFJ, H2AFV, H2AFX, H2AFY, H2AFY2, H2AFZ, and H2A1, incluyendo de manera particular HIST1H2AA, HIST1H2AB, HIST1H2AC, HIST1H2AD, HIST1H2AE, HIST1H2AG, HIST1H2AI, HIST1H2AJ, HIST1H2AK, HIST1H2AL, HIST1H2AM, and H2A2, incluyendo de manera particular HIST2H2AA3, HIST2H2AC; H2B, incluyendo H2BF, incluyendo de manera particular H2BFM, H2BFO, H2BFS, H2BFWT H2B1, incluyendo de manera particular HIST1H2BA, HIST1H2BB, HIST1H2BC, HIST1H2BD, HIST1H2BE, HIST1H2BF, HIST1H2BG, HIST1H2BH, HIST1H2BI, HIST1H2BJ, HIST1H2BK, HIST1H2BL, HIST1H2BM, HIST1H2BN, HIST1H2BO, and H2B2, incluyendo de manera particular HIST2H2BE; H3, incluyendo H3A1, incluyendo de manera particular HIST1H3A, HIST1H3B, HIST1H3C, HIST1H3D, HIST1H3E, HIST1H3F, HIST1H3G, HIST1H3H, HIST1H3I, HIST1H3J, and H3A2, incluyendo de manera particular HIST2H3C, and H3A3, incluyendo de manera particular HIST3H3; H4, incluyendo H41, incluyendo de manera particular HIST1H4A, HIST1H4B, HIST1H4C, HIST1H4D, HIST1H4E, HIST1H4F, HIST1H4G, HIST1H4H, HIST1H4I, HIST1H4J, HIST1H4K, HIST1H4L, and H44, incluyendo de manera particular HIST4H4, y H5.

Preferentemente, la proteína codificada por el marco de lectura abierto no es una proteína reporter (por ejemplo Luciferasa, Proteína Fluorescente Verde (GFP), Proteína Fluorescente Verde Mejorada (EGFP), β-Galactosidasa) y no es una proteína marcadora o de selección (por ejemplo alfa-globina, Galactocinasa y Xantina:guanina fosforibosil-transferasa (GPT)). De manera preferente, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita no contiene una secuencia de gen Neo (bacteriana) (gen de resistencia a la Neomicina).

De manera preferente, el ORF no codifica una proteína seleccionada del grupo consistente en proteínas de albúmina, proteínas de α-globina, proteínas de β-globina, proteínas de tirosina-hidroxilasa, proteínas de lipoxigenasa y proteínas de colágeno-alfa.

En una realización preferida, el marco de lectura abierto no codifica para albúmina humana, con la condición de que el elemento 3'UTR sea idéntico a la 3'UTR de la albúmina humana. En alguna realización adicional, se prefiere que el marco de lectura abierto no codifique albúmina humana con el número de Acceso de GenBank NM_000477.5, con la condición de que el elemento 3'UTR sea idéntico a la 3'UTR de la albúmina humana. En algunas realizaciones adicionales, se prefiere que el marco de lectura abierto no codifique albúmina humana o variantes de la misma, con la condición de que el elemento 3'UTR sea una secuencia que sea idéntica a SEQ ID NO. 1369 o a una secuencia de ARN correspondiente.

Además, en algunas realizaciones, se prefiere que el marco de lectura abierto no codifique una proteína reporter seleccionada del grupo consistente en proteínas de globina, proteínas de luciferasa, proteínas GFP o variantes de las mismas, por ejemplo variantes que muestran al menos 70% de identidad de secuencia a una proteína de globina, una proteína de luciferasa o una proteína GFP.

De manera preferente, la molécula artificial de ácido nucleico, preferentemente el marco de lectura abierto, está al menos parcialmente modificado con G/C. De esta manera, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita se puede estabilizar termodinámicamente modificando el contenido de G (guanosina)/C (citidina) de la molécula. El contenido de G/C del marco de lectura abierto de una molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita se puede incrementar comparado con el contenido de G/C del marco de lectura abierto de una secuencia de tipo silvestre correspondiente preferentemente empleando la degeneración del código genético. Así, la secuencia de aminoácidos codificada de la molécula de ácido nucleico no se modifica preferentemente por la modificación G/C comparada con la secuencia de aminoácidos codificada de la secuencia de tipo natural particular. Los codones de una secuencia de codificación o una molécula de ácido nucleico completa, por ejemplo un ARNm, por tanto, se pueden variar en comparación con la secuencia de codificación de tipo natural de forma que incluyan una mayor cantidad de nucleótidos G/C, a la vez que la secuencia de aminoácidos traducida se mantiene. Con respecto al hecho de que varios codones codifican uno y el mismo aminoácido (la así llamada degeneración del código genético), pueden determinarse los codones más favorables para la estabilidad (el llamado uso de codón alternativo).

Dependiendo del aminoácido que es codificado por la región de codificación de la molécula de ácido nucleico como se define aquí, existen varias posibilidades para modificar la secuencia de ácidos nucleicos, por ejemplo el marco de lectura abierto, en comparación con su región de codificación de tipo natural. En el caso de los aminoácidos que son codificados por codones que contienen exclusivamente nucleótidos G o C, no es necesaria la modificación del codón. Así, los codones para Pro (CCC o CCG), Arg (CGC o CGG), Ala (GCC o GCG) y Gly (GGC o GGG) no requieren modificación, puesto que ninguna A o U/T está presente.

Por el contrario, los codones que contienen nucleótidos A y/o U/T se pueden modificar sustituyéndolos por otros codones que codifican los mismos aminoácidos pero no contienen A y/o U/T. Por ejemplo:
los codones para Pro se pueden modificar de CC(U/T) o CCA a CCC o CCG;
los codones para Arg se pueden modificar de CG(U/T) o CGA o AGA o AGG a CGC o CGG;
los codones para Ala se pueden modificar de GC(U/T) o GCA a GCC o GCG;
los codones para Gly se pueden modificar de GG(U/T) o GGA a GGC o GGG.

En otros casos, aunque los nucleótidos A o (U/T) no se pueden eliminar de los codones, sin embargo es posible disminuir el contenido de y A y (U/T) empleando codones que tienen un menor contenido de nucleótidos A y/o (U/T). Ejemplos de estos son:

Los codones para Phe se pueden modificar de (U/T)(U/T)(U/T) a (U/T) (U/T)C;
los codones para Leu se pueden modificar de (U/T) (U/T)A, (U/T) (U/T)G, C(U/T) (U/T) o C(U/T)A C(U/T)C o C(U/T)G;
los codones para Ser se pueden modificar de (U/T)C(U/T) o (U/T)CA o AG(U/T) a (U/T)CC, (U/T)CG o AGC;
el codón para Tyr se puede modificar de (U/T)A(U/T) a (U/T)AC;
el codón para Cys se pueden modificar de (U/T)G(U/T) a (U/T)GC;
el codón para His se pueden modificar de CA(U/T) a CAC;
el codón para Gln se pueden modificar de CAA a CAG;
los codones para Ile se pueden modificar de A(U/T)(U/T) o A(U/T)A A(U/T)C;
los codones para Thr se pueden modificar de AC(U/T) o ACA a ACC o ACG;
el codón para Asn se pueden modificar de AA(U/T) ato AAC;
el codón para Lys se puede modificar de AAA a AAG;
los codones para Val se pueden modificar de G(U/T)(U/T) o G(U/T)A G(U/T)C o G(U/T)G;
el codón para Asp se pueden modificar de GA(U/T) a GAC;
el codón para Glu se pueden modificar de GAA a GAG;
el codón de parada (U/T)AA se puede modificar a (U/T)AG o (U/T)GA.

En el caso de los codones para Met (A(U/T)G) y Trp ((U/T)GG), por otra parte, no existe posibilidad de modificación de secuencia sin alterar la secuencia de aminoácidos codificada.

Las sustituciones citadas anteriormente se pueden utilizar ya sea individualmente o en todas las combinaciones posibles para incrementar el contenido de G/C del marco de lectura abierto de la secuencia de ácido nucleico como se define aquí, comparado con su marco de lectura abierto de tipo natural particular (es decir la secuencia original). Así, por ejemplo, todos los codones para Thr que se presentan en la secuencia de tipo natural se pueden modificar a ACC (o ACG).

De manera preferente, el contenido de G/C del marco de lectura abierto de la molécula artificial de ácido nucleico como se define aquí se incrementa en al menos 7%, de manera más preferente al menos 15%, de manera preferente al menos 20%, en comparación con el contenido G/C de la región de codificación de tipo natural. De acuerdo con una realización específica al menos el 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, de manera más preferente al menos 70%, de manera aún más preferente al menos 80% y de manera mucho más preferente al menos 90%, 95% o aún el 100% de los codones sustituibles en el marco de lectura abierto de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita o de un fragmento, variante o derivado de la misma se sustituye, incrementando así el contenido en G/C de dicho marco de lectura abierto.

En este contexto, es particularmente preferible incrementar el contenido de G/C del marco de lectura abierto de la secuencia de ácido nucleico como se define aquí al máximo (es decir 100% de los codones sustituibles), comparado con el marco de lectura abierto de tipo natural.

Además, el marco de lectura abierto preferentemente está al menos parcialmente optimizado con codón. La optimización con un codón se basa en el descubrimiento de que la eficiencia de traducción se puede determinar por una frecuencia diferente en la ocurrencia de los ARN de transferencia (ARNt) en las células. De esta manera, si los así llamados “codones raros” están presentes en la región de codificación de la molécula artificial de ácido nucleico inventiva como se define aquí en a un grado incrementado, la traducción de la secuencia de ácidos nucleicos modificada correspondiente es menos eficiente que en el caso en que los codones que codifican ARNt relativamente “frecuentes” están presentes.

Así, el marco de lectura abierto de la secuencia de ácido nucleico aquí descrita preferentemente se modifica en comparación con la región de codificación de tipo natural correspondiente de forma que al menos un codón de la secuencia de tipo natural que codifica un ARNt que es relativamente raro en las células se intercambia por un codón que codifica un ARNt que es comparablemente frecuente en la célula y lleva el mismo aminoácido que el ARNt relativamente raro. Mediante esta modificación, el marco de lectura abierto de la molécula artificial de ácido nucleico como se define aquí se modifica de forma que los codones por los cuales los ARNts frecuentemente presentes están disponibles reemplazando los codones que corresponden a los ARNt raros. En otras palabras, de acuerdo con la presente descripción, mediante tal modificación, todos los codones del marco de lectura abierto de tipo natural que codifican una ARNt raro pueden intercambiarse por un codón que codifica un ARNt que es más frecuente en la célula y que lleva el mismo aminoácido que el ARNt raro. Los ARNt que se son relativamente frecuentes en la célula y aquellos que, en contraste, son relativamente raros son conocidos por el experto en la técnica, véase por ejemplo Akashi, Curr. Opin. Genet. Dev. 2001, 11(6): 660-666. Así, de manera preferente, el marco de lectura abierto se optimiza con codón, preferentemente con respecto al sistema en el cual la molécula de ácido nucleico aquí descrita se va a expresar, de manera preferente con respecto al sistema en el cual la molécula de ácido nucleico aquí descrita se va a traducir. De manera preferente, el uso de codón del marco de lectura abierto se optimiza por codón de acuerdo con el uso de codón de mamífero, de manera más preferente de acuerdo con el uso de codón humano. De manera preferente, el marco de lectura abierto se optimiza con codón y se modifica en el contenido G/C.

Para mejorar adicionalmente la resistencia a la degradación, por ejemplo a la degradación *in vivo* por una exo- o endonucleasa, y/o para mejorar adicionalmente la producción de proteínas de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, la molécula artificial de ácido nucleico puede comprender además modificaciones, como modificaciones de esqueleto, modificaciones de azúcar y/o modificaciones base, por ejemplo, modificaciones de lípidos o similares. De manera preferente, la transcripción y/o traducción de la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita no se deteriora significativamente por las modificaciones.

Análogos/modificaciones de nucleótidos que se pueden utilizar en el contexto de la presente descripción se pueden seleccionar de, por ejemplo, 2-amino-6-cloropurineribosida-5'-trifosfato, 2-aminoadenosina-5'-trifosfato, 2-tiocitidina-5'-trifosfato, 2-tiouridina-5'-trifosfato, 4-tiouridina-5'-trifosfato, 5-aminoalilcitidina-5'-trifosfato, 5-aminoaliluridina-5'-trifosfato, 5-bromocitidina-5'-trifosfato, 5-bromouridina-5'-trifosfato, 5-yodo-citidina-5'-trifosfato, 5-iodouridina-5'-trifosfato, 5-metilcitidina-5'-trifosfato, 5-metiluridina-5'-trifosfato, 6-azacitidina-5'-trifosfato, 6-azauridina-5'-trifosfato, 6-cloropurinaribosida-5'-trifosfato, 7-deazaadenosina-5'-trifosfato, 7-deazaguanosina-5'-trifosfato, 8-azaadenosina-5'-trifosfato, 8-azidoadenosina-5'-trifosfato, benzimidazol-ribosido-5'-trifosfato, N1-metiladenosina-5'-trifosfato, N1-metilguanosina-5'-trifosfato, N6-metiladenosina-5'-trifosfato, O6-metilguanosin-5'-trifosfato, pseudouridina-5'-trifosfato, o puromicin-5'-trifosfato, xantosina-5'-trifosfato. Son particularmente preferentes nucleótidos para las modificaciones de bases seleccionadas del grupo de nucleótidos modificados base que consisten en 5-metilcitidina-5'-trifosfato, 7-deazaguanosina-5'-trifosfato, 5-bromocitidina-5'-trifosfato, y pseudouridina-5'-trifosfato.

Además, las moléculas de ácido nucleico artificiales modificadas con lípido pueden comprender típicamente al menos un enlazador que se une covalentemente a la molécula artificial de ácido nucleico, y al menos un lípido que se une covalentemente a este enlazador. Alternativamente, una molécula artificial de ácido nucleico modificada con lípido puede comprender al menos una molécula artificial de ácido nucleico como se define aquí y al menos un lípido, de manera preferente bifuncional, que se une covalentemente, de manera preferente sin enlazador, a una molécula artificial de ácido nucleico. De acuerdo con una tercera alternativa, una molécula artificial de ácido nucleico modificada con lípido puede comprender una molécula artificial de ácido nucleico como se define aquí, al menos un enlazador que se une covalentemente a esa molécula artificial de ácido nucleico, al menos un lípido que se une covalentemente a este enlazador y adicionalmente al menos un lípido, preferentemente bifuncional, que se une covalentemente, preferentemente sin enlazador, a la molécula artificial de ácido nucleico.

En otro aspecto, la presente invención proporciona un vector que comprende

a) al menos un elemento de la región 5'-no traducida (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen de proteína ribosomal Large 32 (RPL32), un gen de proteína ribosomal Large 35 (RPL35), un gen de proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP sintasa, un transportador de H+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardíaco (ATP5A1), un gen de hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 (HSD17B4), un gen 1 inducido por andrógeno (AIG1), un gen de subunidad Vic de citocromo c oxidasa (COX6C), o un gen 1 de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) (ASAH1) o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR de tipo natural de un gen de proteína ribosomal Large 32 (RPL32), un gen de proteína ribosomal Large 35 (RPL35), un gen de proteína ribosomal Large 21 (RPL21),una ATP sintasa, un transportador de H+, un complejo F1 mitocondrial, una

subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardíaco (ATP5A1), un gen de hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 (HSD17B4), un gen 1 inducido por andrógeno (AIG1), un gen de subunidad Vic de citocromo c oxidasa (COX6C), o un gen 1 de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) (ASAH1), siendo la al menos una función estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir del ARNm; y

b) al menos un marco de lectura abierto (ORF) y/o al menos un sitio de clonación;

donde el elemento 5'UTR y el marco de lectura abierto son heterólogos.

También se describe aquí un vector que comprende:

a) al menos un elemento de la región 5'-no traducida (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP;
b) al menos un marco de lectura abierto (ORF) y/o al menos un sitio de clonación; y
c) opcionalmente, al menos un tallo-bucle de histona.

El sitio de clonación puede ser adecuado para aceptar un marco de lectura abierto, es decir un marco de lectura abierto que codifica una proteína o un péptido a expresar puede clonarse en el vector a través del sitio de clonación.

El al menos un elemento 5'UTR, el al menos un ORF y el al menos un tallo-bucle de histona opcional se describen aquí para la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita. El sitio de clonación puede ser cualquier secuencia adecuada para la introducción en un marco de lectura abierto o una secuencia que comprende un marco de lectura abierto, tal como uno o más sitios de restricción.

Así, el vector que comprende un sitio de clonación preferentemente es adecuado para insertar un marco de lectura abierto en el vector. De manera preferente, puede ser adecuado para insertar un marco de lectura abierto entre el elemento 5'UTR y una estructura 3' deseada, tal como un tallo-bucle de histona, una secuencia poli(A), una señal de poliadenilación y/o un elemento 3'UTR, de manera más preferente es adecuado para la inserción de la estructura 5' a 3' y el elemento 3' a 5'UTR. Por ejemplo la estructura 3' puede comprender un tallo-bucle de histona, una secuencia poli(A) o una señal de poliadenilación y/o un elemento 3'UTR como se describe en lo anterior. De esta manera el tallo-bucle de histona, la secuencia poli(A) y/o la señal de poliadenilación y el elemento 3'UTR puede presentarse en cualquier orden deseado. De manera preferente, el sitio de clonación o el ORF se sitúa en la estructura 5' a 3'UTR, de manera preferente en proximidad cercana al extremo 5' de tallo-bucle de histona, secuencia poli(A), señal de poliadenilación y/o un elemento 3'UTR como se describe en lo anterior. Por ejemplo, el sitio de clonación o el ORF se pueden conectar directamente al extremo 5' del tallo-bucle de histona, secuencia poli(A), señal de poliadenilación y/o un elemento 3'UTR o se pueden conectar a través de un tramo de nucleótidos, tal como un tramo de 2, 4, 6, 8, 10, 20, etc. nucleótidos como se describe arriba para la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita. De manera preferente, el sitio de clonación o el ORF se sitúa 3' al elemento 5'UTR, de manera preferente en proximidad cercana al extremo 3' del elemento 5'UTR. Por ejemplo, el sitio de clonación o el ORF se pueden conectar directamente al extremo 3' del elemento 5'UTR o se pueden conectar a través de un tramo de nucleótidos, tal como un tramo de 2, 4, 6, 8, 10, 20, etc., nucleótidos como se describe en lo anterior para la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita.

De manera preferente, el vector aquí descrito es adecuado para producir la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, preferentemente para producir un ARNm como se describe aquí, por ejemplo, insertando opcionalmente un marco de lectura abierto o una secuencia que comprende un marco de lectura abierto en el vector y transcribir el vector. Así, de manera preferente, el vector comprende los elementos necesarios para transcripción, tal como un promotor, por ejemplo un promotor de ARN- polimerasa. De manera preferente, el vector es adecuado para la transcripción utilizando sistemas de transcripción eucarióticos, procarióticos, virales o fago, tales como células eucarióticas, células procarióticas, o sistemas de transcripción *in vitro* eucarióticas, procarióticas, virales o fago. Así, por ejemplo, el vector puede comprender una secuencia promotora reconocida por una polimerasa, tal como por una ARN polimerasa, por ejemplo una ARN polimerasa eucariótica, procariótica, viral, o fago. En una realización preferida, el vector comprende un promotor de ARN polimerasa fago tal como un promotor SP6 o T7, de manera preferente T7. De manera preferente, el vector es adecuado para la transcripción *in vitro* utilizando un sistema de transcripción *in vitro* basado en fago, tal como un sistema de transcripción *in vitro* basado en T7 ARN polimerasa.

El vector puede comprender además una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación y/o una secuencia poli(C) como se describe anteriormente para la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita.

El vector puede ser un vector de ARN o un vector de ADN. De manera preferente, el vector es un vector de

ADN. El vector puede ser cualquier vector conocido por el experto, tal como un vector viral o un vector plásmido. De manera preferente, el vector es un vector plásmido, en especial un vector de ADN plásmido.

En una realización preferida, el vector aquí descrito comprende o codifica la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita.

De manera preferente, un vector como se describe aquí comprende una secuencia de acuerdo con las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461, SEQ ID NO. 1462 o una secuencia de acuerdo con las SEQ ID NO. 1368 o 1452-1460, un fragmento de las mismas como se ha descrito arriba o una secuencia de ARN correspondiente, o una secuencia que tiene una identidad de al menos aproximadamente un 40%, preferentemente de al menos aproximadamente un 50%, preferentemente de al menos aproximadamente un 60%, preferentemente de al menos aproximadamente un 70%, más preferentemente de al menos aproximadamente un 80%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 90%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 95%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 99% con una secuencia de acuerdo con las SEQ ID NO. 1-1363, SEQ ID NO. 1435, SEQ ID NO. 1461, SEQ ID NO. 1462 o una secuencia de acuerdo con las SEQ ID NO. 1368 o 1452-1460, un fragmento de las mismas como se ha descrito arriba, preferentemente un fragmento funcional de las mismas, o una secuencia de ARN correspondiente.

Preferentemente, un vector como se describe aquí comprende una secuencia de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO. 1369-1390 y 1434, un fragmento de las mismas como se describe anteriormente o una secuencia de ARN correspondiente, o una secuencia que tiene al menos una identidad de al menos aproximadamente un 40%, preferentemente de al menos aproximadamente un 50%, preferentemente de al menos aproximadamente un 60%, preferentemente de al menos aproximadamente un 70%, más preferentemente de al menos aproximadamente un 80%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 90%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 95%, de manera más preferente al menos aproximadamente un 99% con una secuencia de acuerdo con las SEQ ID NO. 1369-1390 y 1434, o un fragmento de las mismas como se ha descrito arriba, preferentemente un fragmento funcional de las mismas, o una secuencia de ARN correspondiente.

Preferentemente, un vector como se describe aquí comprende una secuencia de acuerdo con cualquiera de las SEQ ID NO. 1391-1433 o una secuencia de ARN correspondiente, o una secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente un 75%, preferentemente de al menos aproximadamente un 80%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 85%, incluso con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 90%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente un 95% con una secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO. 1433 como se ha descrito anteriormente, o una secuencia de ARN correspondiente.

De manera preferente, el vector es una molécula circular. De manera preferente, el vector es una molécula de doble hebra, tal como una molécula de ADN de doble hebra. Tal molécula de ADN preferentemente de doble hebra circular se puede utilizar independientemente como una forma de almacenamiento para la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita. Adicionalmente, se puede utilizar para la transfección de células, por ejemplo células cultivadas. También se puede utilizar para la transcripción *in vitro* para obtener una molécula de ARN artificial como se describe aquí.

De manera preferente, el vector, preferentemente el vector circular, es linealizable, por ejemplo por la digestión de enzimas de restricción. En una realización preferida, el vector comprende un sitio de escisión tal como un sitio de restricción, en especial un sitio de escisión único situado inmediatamente 3' al marco de lectura abierto o – si está presente, al tallo-bucle de histona, o - si está presente - a la secuencia poli(A) o la señal de poliadenilación, o - si está presente - al elemento 3'UTR, o - si está presente - a la secuencia poli(C). Así, preferentemente, el producto obtenido al linealizar el vector termina en el extremo 3' con el extremo 3' del marco de lectura abierto, o – si está presente –con el extremo 3' del tallo-bucle de histona, o - si está presente - con el extremo 3' de la secuencia poli(A) o el extremo 3' de la señal de poliadenilación, o - si está presente - con el extremo 3' de un elemento 3'UTR, más algunos nucleótidos opcionales, por ejemplo que permanecen del sitio de restricción después de la escisión.

En otro aspecto, la presente invención se refiere a una célula como se define en las reivindicaciones. Además, también se proporciona una célula que comprende la molécula artificial de ácido nucleico como se describe aquí o el vector aquí descrito. La célula puede ser cualquier célula, tal como una célula bacteriana, célula de insecto, célula de planta, célula de vertebrado, por ejemplo una célula de mamífero. Tal célula puede emplearse, por ejemplo, para la replicación del vector de la presente invención, por ejemplo en una célula bacteriana. Adicionalmente, la célula se puede utilizar para transcribir la molécula artificial de ácido nucleico o el vector como se describen aquí y/o traducir el marco de lectura abierto de la molécula artificial de ácido nucleico o del vector aquí descritos. Por ejemplo, la célula se puede utilizar para producir proteínas

recombinantes.

Las células aquí descritas se obtienen, por ejemplo, por métodos de transferencia de ácidos nucleicos estándar, tales como métodos de transfección estándares. Por ejemplo, la molécula artificial de ácido nucleico o el vector aquí descritos se pueden transferir en la célula por electroporación, lipofección, por ejemplo basada en lípidos catiónicos y/o liposomas, precipitación de fosfato de calcio, transfección basada en las partículas, transfección en virus, o basada en polímeros catiónicos, tal como DEAE-dextrano o polietilenimina, etc.

De manera preferente, la célula es una célula de mamífero, tal como una célula de un sujeto humano, un animal doméstico, un animal de laboratorio, tal como una célula de ratón o rata. De manera preferente la célula es una célula humana. La célula puede ser una célula de una línea celular establecida, tal como una célula CHO, BHK, 293T, COS-7, HELA, HEK etc., o puede ser una célula primaria, tal como una célula HDF, de manera preferente una célula aislada de un organismo. En una realización preferida, la célula es una célula aislada de un sujeto mamífero, de manera preferente de un sujeto humano. Por ejemplo, la célula puede ser una célula inmune, tal como una célula dendrítica, una célula cancerosa o tumoral, o cualquier célula somática etc., de manera preferente de un sujeto mamífero, de manera preferente de un sujeto humano.

En un aspecto adicional, la presente invención proporciona una composición farmacéutica como se define en las reivindicaciones. Además también se describe una composición farmacéutica que comprende la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito o la célula aquí descrita. La composición farmacéutica como se describe aquí se puede utilizar, por ejemplo, en una vacuna, por ejemplo, para la vacunación genética. Así, el ORF puede, por ejemplo, codificar un antígeno que se administra a un paciente para la vacunación. De esta manera, en una realización preferida, la composición farmacéutica aquí descrita es una vacuna. Adicionalmente, la composición farmacéutica descrita aquí se puede utilizar, por ejemplo, para la terapia génica.

Preferentemente, la composición farmacéutica comprende además uno o más excipientes, vehículos, cargas y/o diluyentes farmacéuticamente aceptables. En el contexto de la presente descripción, un vehículo farmacéuticamente aceptable incluye típicamente una base líquida o no líquida para la composición farmacéutica aquí descrita. En una realización, la composición farmacéutica se proporciona en forma líquida. En este contexto, preferentemente el vehículo se basa en agua, tal como agua libre de pirógenos, solución salina isotónica o soluciones amortiguadas (acuosa), por ejemplo soluciones tampón fosfato, citrato etc. La solución tampón puede ser hipertónica, isotónica o hipotónica en referencia al medio de referencia específico, es decir la solución tampón puede tener un contenido de sal más alto, idéntico, más bajo con respecto al medio de referencia específico, donde preferentemente se emplean concentraciones de las sales antes mencionadas que no produzcan daños a las células de mamífero por osmosis u otros efectos de la concentración. Medios de referencia son por ejemplo líquidos que se emplean en los métodos "*in vivo*", tales como sangre, líquidos linfáticos, citosólicos u otros líquidos corporales, o por ejemplo líquidos que se pueden utilizar como medios de referencia en métodos "*in vitro*", tales como soluciones tampón comunes o líquidas. Tales soluciones tampón o líquidos comunes son conocidos por el experto. La solución lactato de Ringer es particularmente preferente como base líquida.

Se pueden utilizar uno o más cargas o diluyentes sólidos o líquidos compatibles o compuestos encapsulantes adecuados para la administración a un paciente, así como en la composición farmacéutica aquí descrita. El término "compatible" como se utiliza aquí significa preferentemente que estos componentes de la composición farmacéutica aquí descrita son capaces de mezclarse con el ácido nucleico, vector o células como se definen aquí de manera que no aparece una interacción que reduzca sustancialmente la efectividad farmacéutica de la composición farmacéutica aquí descrita bajo las condiciones de uso típicas.

La composición farmacéutica aquí descrita puede comprender opcionalmente uno o más componentes farmacéuticamente activos adicionales. Un componente farmacéuticamente activo en este contexto es un compuesto que tiene un efecto terapéutico para sanar, mejorar o prevenir una indicación o enfermedad particular. Tales compuestos incluyen, sin limitación, péptidos o proteínas, ácidos nucleicos, compuestos orgánicos o inorgánicos de bajo peso molecular (terapéuticamente activo) (con un peso molecular inferior a 5.000, de manera preferente inferior a 1.000), azúcares, antígenos o anticuerpos, agentes terapéuticos ya conocidos en la técnica previa, células antigénicas, fragmentos celulares antigénicos, fracciones celulares, componentes de pared celular (por ejemplo polisacáridos), patógenos atenuados o desactivados, modificados (por ejemplo químicamente o por irradiación) (virus, bacterias, etc.).

Adicionalmente, la composición farmacéutica aquí descrita puede comprender un portador para la molécula artificial de ácido nucleico o el vector. Tal portador puede ser adecuado para mediar la disolución en líquidos aceptables y fisiológicos, para el transporte y la captación celular de la molécula artificial de ácido nucleico activa farmacéutica o del vector. Por consiguiente, tal portador puede ser un componente adecuado para el depósito y el suministro de una molécula artificial de ácido nucleico o de un vector como se describen aquí.

Tales componentes pueden ser, por ejemplo, portadores o compuestos catiónicos o policatiónicos que pueden servir como agentes de transfección o de formación de complejos.

Agentes de transfección o de formación de complejos particularmente preferidos en este contexto son compuestos catiónicos o policatiónicos, incluyendo protamina, nucleolina, espermina o espermidina, u otros péptidos o proteínas catiónicas, tales como poli-L-lisina (PLL), poli-arginina, polipéptidos básicos, péptidos penetrantes de células (CPPs), incluyendo péptidos de ligación a VIH, VIh-1 Tat (VIH), péptidos derivados de Tat, Penetratina, péptidos derivados de VP22 o análogos, HSV VP22 (Herpes simple), MAP, KALA o dominios de transducción de proteínas (PTDs), PpT620, péptidos ricos en prolina, péptidos ricos en arginina, péptidos ricos en lisina, MPG-péptido(s), Pep-1, L-oligómeros, péptido(s) de Calcitonina, péptidos derivados de Antennapedia (particularmente de *Drosophila antennapedia*), pAntp, plsl, FGF, Lactoferrina, Transportana, Buforin-2, Bac715-24, SynB, SynB(1), pVEC, péptidos derivados de hCT, SAP, o histonas.

Además, tales compuestos o portadores catiónicos o policatiónicos pueden ser péptidos o proteínas catiónicas o policatiónicas que preferentemente comprenden o están modificados adicionalmente para comprender al menos una porción –SH. De manera preferente, un portador catiónico o policatiónico se selecciona de péptidos catiónicos de la siguiente fórmula suma (III):

$$\{(Arg)_l;(Lys)_m;(His)_n;(Orn)_o;(Xaa)_x\};\ \text{fórmula (III)}$$

donde l + m + n + o + x = 3-100, y l, m, n u o independientemente uno de otro es cualquier número seleccionado de 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21-30, 31-40, 41-50, 51-60, 61-70, 71-80, 81-90 y 91-100 con la condición de que el contenido total de Arg (Arginina), Lys (Lisina), His (Histidina) y Orn (Ornitina) representen al menos el 10% de todos los aminoácidos del oligopéptido; y Xaa es cualquier aminoácido seleccionado de aminoácidos nativos (= de origen natural) o no nativos excepto de Arg, Lys, His u Orn; y x es cualquier número seleccionado de 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21-30, 31-40, 41-50, 51-60, 61-70, 71-80, 81-90, con la condición de que el contenido total de Xaa no exceda el 90% de todos los aminoácidos del oligopéptido. Cualquiera de los aminoácidos Arg, Lys, His, Orn y Xaa pueden estar en cualquier lugar del péptido. En este contexto, péptidos o proteínas catiónicas en el intervalo de 7-30 aminoácidos son particularmente preferentes.

Además, el péptido o proteína catiónico o policatiónica definidos de acuerdo con fórmula $\{(Arg)_l;(Lys)_m;(His)_n;(Orn)_o;(Xaa)_x\}$ (fórmula (III)) como se muestra en lo anterior y que comprende o se modifica adicionalmente para comprender al menos una porción –SH, puede seleccionarse, sin limitarse a, la subfórmula (IIIa):

$$\{(Arg)_l;(Lys)_m;(His)_n;(Orn)_o;(Xaa')_x\ (Cys)_y\}\quad \text{subfórmula (IIIa)}$$

donde $(Arg)_l;(Lys)_m;(His)_n;(Orn)_o$; y x son como se definen aquí, Xaa' es cualquier aminoácido seleccionado de aminoácidos nativos (= de origen natural) o no nativos excepto de Arg, Lys, His, Orn o Cys e y es cualquier número seleccionado de 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21-30, 31-40, 41-50, 51-60, 61-70, 71-80 y 81-90, con la condición de que el contenido total de Arg (Arginina), Lys (Lisina), His (Histidina) y Orn (Ornitina) represente al menos el 10% de todos los aminoácidos del oligopéptido. Además, el péptido catiónico o policatiónico se puede seleccionar de la subfórmula (IIIb):

$$Cys_1\ \{(Arg)_l;(Lys)_m;(His)_n;(Orn)_o;(Xaa)_x\}\ Cys_2 \text{subfórmula (IIIb)}$$

donde la fórmula empírica $\{(Arg)_l;(Lys)_m;(His)_n;(Orn)_o;(Xaa)_x\}$ (fórmula (III)) es como se define aquí y forma un núcleo de una secuencia de aminoácidos de acuerdo con la fórmula (semi-empírica) (III) y donde Cys_1 y Cys_2 son Cisteínas próximas a, o terminales a $(Arg)_l;(Lys)_m;(His)_n;(Orn)_o;(Xaa)_x$.

Compuestos catiónicos o policatiónicos preferidos adicionales que se pueden utilizar como agente de transfección o formación de complejo pueden incluir polisacáridos catiónicos, por ejemplo quitosano, polibreno, polímeros catiónicos, por ejemplo polietilenimina (PEI), lípidos catiónicos, por ejemplo DOTMA: cloruro de [1-(2,3-sioleiloxi)propil)]-N,N,N-trimetiamonio, DMRIE, di-C14-amidina, DOTIM, SAINT, DC-Chol, BGTC, CTAP, DOPC, DODAP, DOPE: Dioleil fosfatidiletanol-amina, DOSPA, DODAB, DOIC, DMEPC, DOGS: Dioctadecilamidoglicilspermina, DIMRI: bromuro de dimiristo-oxipropil-dimetil-hidroxietil-amonio, DOTAP: dioleoiloxi-3-(trimetilamonio)propano, DC-6-14: cloruro de O,O-ditetradecanoil-N-(α-trimetilamonioacetil)dietanolamina, CLIP1: cloruro de rac-[(2,3-dioctadeciloxipropil)(2-hidroxietil)]-dimetilamonio, CLIP6: rac-[2(2,3-dihexadeciloxipropil-oximetiloxi)etil]trimetilamonio, CLIP9: rac-[2(2,3-dihexadeciloxipropil-oxisucciniloxi)etil]-trimetilamonio, oligofectamina, o polímeros catiónicos o policatiónicos, por ejemplo poliaminoácidos modificados, tales como polímeros de β-aminoácido o poliamidas inversas, etc., polietilenos modificados, tales como PVP (bromuro de poli(N-etil-4-vinilpiridinio)), etc., acrilatos modificados

tales como pDMAEMA (poli(dimetilaminoetil metilacrilato)), etc., amidoaminas modificadas tales como pAMAM (poli(amidoamina)), etc., poli-beta-aminoésteres modificados (PBAE), como polímeros de 1,4-butanodiol-diacrilato-co-5-amino-1-pentanol modificados en el extremo con diamina, etc., dendrímeros, tales como dendrímeros de polipropilamina o dendrímeros basados en pAMAM, etc., poliimina(s), tal como PEI: poli(etilenimina), poli(propilenimina), etc., polialilamina, polímeros basados en la cadena principal de azúcar, tales como polímeros basados en ciclodextrina, polímeros basados en dextrano, quitosano, etc., polímeros basados en cadena principal de silano, tal como copolímeros PMOXA-PDMS, etc., polímeros en bloque que consisten en una combinación de uno o más bloques catiónicos (por ejemplo seleccionados de un polímero catiónico como se menciona en lo anterior) y de uno o más bloques hidrofílicos o hidrofóbicos (por ejemplo polietilenglicol); etc.

En este contexto, se prefiere particularmente que la molécula artificial de ácido nucleico o el vector aquí descritos estén complejados al menos parcialmente con un compuesto catiónico o policatiónico, de manera preferente proteínas o péptidos catiónicos. Parcialmente significa que solo una parte de la molécula artificial de ácido nucleico o del vector aquí descritos está complejada con un compuesto catiónico o policatiónico y que el resto de la molécula artificial de ácido nucleico o del vector aquí descritos está en forma no complejada (libre). De manera preferente, la relación entre el ácido nucleico complejado y el ácido nucleico libre se selecciona de un intervalo de aproximadamente 5:1 (p/p) a aproximadamente 1:10 (p/p), de manera más preferente de un intervalo de aproximadamente 4:1 (p/p) a aproximadamente 1:8 (p/p), aún de manera más preferente de un intervalo de aproximadamente 3:1 (p/p) a aproximadamente 1:5 (p/p) o 1:3 (p/p), y de manera mucho más preferente la relación entre el ácido nucleico complejado y el ácido nucleico libre se selecciona de una relación de aproximadamente 1:1 (p/p).

La composición farmacéutica aquí descrita puede comprender opcionalmente además uno o más adyuvantes, por ejemplo adyuvantes para estimular el sistema inmunitario innato, o para mejorar la captación celular de la molécula o el vector de ácido nucleico artificial. En este contexto, un adyuvante se puede entender como cualquier compuesto adecuado para iniciar o incrementar una respuesta inmunitaria del sistema inmunitario innato, es decir una respuesta inmunitaria no específica. En otras palabras, cuando se administra, la composición farmacéutica aquí descrita preferentemente induce una respuesta inmunitaria innata debida al adyuvante contenido opcionalmente la misma. De manera preferente, tal adyuvante puede ser un adyuvante que soporta la inducción de una respuesta inmunitaria innata en un mamífero. Tal adyuvante puede ser, por ejemplo, un ácido nucleico inmunoestimulador, es decir un ácido nucleico que puede ligarse a un receptor similar a Toll o similar, de manera preferente un ARN inmunoestimulante.

Tales adyuvantes, preferentemente tales ácidos nucleicos inmunoestimuladores, pueden inducir una respuesta inmunitaria innata, es decir inespecífica, que puede soportar una respuesta inmunitaria específica, es decir adaptativa, al péptido o proteína, es decir el antígeno codificado por una molécula artificial de ácido nucleico de la composición farmacéutica, preferentemente la vacuna.

La composición farmacéutica aquí descrita también puede comprender adicionalmente cualquier compuesto adicional conocido por ser inmunoestimulador debido a su afinidad de unión (como ligando) a receptores similares a Toll humanos TLR1, TLR2, TLR3, TLR4, TLR5, TLR6, TLR7, TLR8, TLR9, TLR10,o debido a su afinidad de ligación (como ligandos) a receptores similares a Toll murino TLR1, TLR2, TLR3, TLR4, TLR5, TLR6, TLR7, TLR8, TLR9, TLR10, TLR11, TLR12 o TLR13.

Otros aditivos que se pueden incluir en la composición farmacéutica aquí descrita son, por ejemplo, emulsificantes, por ejemplo Tween®; agentes humectantes, tales como laurilsulfato de sodio; agentes colorantes; agentes que imparten sabor, portadores farmacéuticos; agentes formadores de comprimidos; estabilizantes, antioxidantes; conservantes, etc.

La composición farmacéutica aquí descrita preferentemente comprende una “cantidad segura y efectiva” de los componentes de la composición farmacéutica, en particular de la secuencia de ácido nucleico, el vector y/o las células como se definen aquí. Como se utiliza aquí, una “cantidad segura y efectiva” significa una cantidad suficiente para inducir significativamente una modificación positiva de una enfermedad o trastorno como se define aquí. Al mismo tiempo, sin embargo, una “cantidad segura y efectiva” preferentemente evita efectos secundarios serios y permite una relación sensible entre ventaja y riesgo. La determinación de estos límites se sitúa típicamente dentro del alcance del juicio médico sensible.

En otro aspecto, la presente invención proporciona la molécula artificial de ácido nucleico como se define en las reivindicaciones, el vector como se define en las reivindicaciones, la célula como se define en las reivindicaciones o la composición farmacéutica como se define en las reivindicaciones para su uso como medicamento, preferentemente para su uso como vacuna en la terapia génica. Además, también se describe aquí la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita para su uso como medicamente, por ejemplo como una vacuna (en

vacunación genética), o en la terapia génica.

La molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita son particularmente adecuadas para cualquier aplicación medica que haga uso de la acción terapéutica o del efecto de péptidos, polipéptidos o proteínas, o cuando la complementación de un péptido o proteína particular sea necesaria. De esta manera, la presente descripción proporciona la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita para su uso en el tratamiento o la prevención de enfermedades o trastornos susceptibles de tratamiento por la acción terapéutica o el efecto de los péptidos, polipéptidos, o proteínas o susceptibles para el tratamiento por la complementación de un péptido, polipéptido o proteína particular. Por ejemplo, molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita se pueden utilizar para el tratamiento o la prevención de enfermedades genéticas, enfermedades autoinmunitarias, enfermedades cancerosas o relacionadas con tumores, enfermedades infecciosas, enfermedades crónicas o similares, por ejemplo, por vacunación genética o terapia génica.

En particular, tales tratamientos terapéuticos que se benefician de una presencia estable, prolongada y/o incrementada de péptidos terapéuticos, polipéptidos o proteínas en un sujeto a tratar son especialmente adecuados como aplicación médica en el contexto de la presente descripción, puesto que el elemento 5'UTR en particular en combinación con un tallo-bucle de histona proporciona una expresión de la proteína incrementada del ORF de la molécula de ácido nucleico aquí descrita. Así, una aplicación médica particularmente adecuada para la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita es la vacunación, por ejemplo contra infecciones o tumores. De esta manera, la presente descripción proporciona la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita para vacunar un sujeto, en especial un sujeto mamífero, en particular un sujeto humano. Los tratamientos de vacunación preferidos son vacunación contra enfermedades infecciosas, tales como bacterianas por protozoarios o infecciones virales, y vacunación anti-tumoral. Tales tratamientos de vacunación pueden ser profilácticos o terapéuticos.

Dependiendo de la enfermedad a tratar o prevenir se selecciona el ORF. Por ejemplo, el marco de lectura abierto puede codificar una proteína que tiene que ser administrada a un paciente que sufre de una falta total o al menos una pérdida parcial de la función de una proteína, tal como un paciente que sufre de una enfermedad genética. Adicionalmente, el marco de lectura abierto se puede elegir para un ORF que codifica un péptido o proteína que influye benéficamente en una enfermedad o afección de un sujeto. Adicionalmente, el marco de lectura abierto puede codificar un péptido o proteína que afecta a la regulación por decremento de una sobreproducción patológica de un péptido o proteína natural o eliminación de células que expresan patológicamente una proteína o péptido. Tal falta, pérdida de función o sobreproducción puede aparecer, por ejemplo, en el contexto tumoral y neoplasia, enfermedades autoinmunitarias, alergias, infecciones, enfermedades crónicas o similares. Adicionalmente, el marco de lectura abierto puede codificar un antígeno inmunógeno, por ejemplo un epítopo de un patógeno o para el antígeno tumoral. Así, en realizaciones preferidas, la molécula artificial de ácido nucleico o el vector aquí descritos comprende un ORF que codifica una secuencia de aminoácidos que comprende o consiste en un antígeno inmunógeno, por ejemplo un epítopo de un patógeno, o un antígeno asociado a tumor, un elemento 5'UTR como se describe arriba, de manera preferente un tallo-bucle de histona como se describe aquí, y componentes adicionales opcionales, tales como un elemento 3'UTR y/o una secuencia poli(A) y/o una secuencia poli(C), etc. como se describe aquí.

En el contexto de la aplicación médica, en particular en el contexto de la vacunación, se prefiere que la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita sea ARN, de manera preferente ARNm, puesto que el ADN tiene el riesgo de inducir una respuesta inmunitaria anti-ADN y tiende a insertarse en el ADN genómico. Sin embargo, en algunas realizaciones, por ejemplo si un vehículo de administración viral tal como un vehículo de administración adenoviral se utiliza para administración de la molécula artificial de ácido nucleico o del vector aquí descritos, por ejemplo en el contexto de tratamientos terapéuticos génicos, puede ser deseable que molécula artificial de ácido nucleico o el vector sea una molécula de ADN.

La molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita se pueden administrar vía oral, parenteral, por pulverización de inhalación, vía tópica, rectal, nasal, bucal, vaginal o vía un depósito implantado. El término parenteral como se utiliza aquí incluye la inyección subcutánea, intravenosa, intramuscular, intra-articular, intra-sinovial, intraesternal, intratecal, intrahepática, intralesional, intracraneal, transdérmica, intradérmica, intrapulmonar, intraperitoneal, intracardiaca, intraarterial, e inyección sublingual o técnicas de infusión.

Preferentemente, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita se administran vía parenteral, por ejemplo por inyección

parenteral, de manera más preferente por inyección subcutánea, intravenosa, intramuscular, intra-articular, intra-sinovial, intraesternal, intratecal, intrahepática, intralesional, intracraneal, transdérmica, intradérmica, intrapulmonar, intraperitoneal, intracardiaca, intraarterial, sublingual o vía técnicas de infusión. Es particularmente preferente la inyección intradérmica e intramuscular. Las formas inyectables estériles de la composición farmacéutica aquí descrita pueden ser suspensión acuosa u oleosa. Estas suspensiones se pueden formular de acuerdo con las técnicas conocidas en el campo, utilizando agentes de dispersión o humectantes y agentes de suspensión adecuados.

La molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita también se pueden administrar oralmente en cualquier forma de dosificación oralmente aceptable, incluyendo, sin limitarse a, cápsulas, comprimidos, suspensiones o soluciones acuosas.

La molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita también se pueden administrar vía tópica, especialmente cuando el objetivo del tratamiento incluye áreas u órganos fácilmente accesibles para la aplicación tópica, por ejemplo incluyendo enfermedades de la piel o cualquier otro tejido epitelial accesible. Las formulaciones tópicas adecuadas se preparan fácilmente para cada una de estas áreas u órganos. Para aplicaciones tópicas, la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita se pueden formular en un ungüento adecuado suspendido disuelto en uno o más portadores.

En una realización, el uso como un medicamento comprende la etapa de transfectar células de mamífero, de manera preferente transfección *in vitro* de células de mamífero, de manera más preferente transfección *in vitro* de células aisladas de un sujeto a tratar con el medicamento. Si el uso comprende la transfección *in vitro* de células aisladas, el uso como un medicamento puede comprender además la (re)administración de las células transfectadas al paciente. El uso de las moléculas de ácido nucleico artificiales o del vector como se describen aquí como medicamento puede comprender además la etapa de seleccionar de células aisladas exitosamente transfectadas. Así, puede ser ventajoso si el vector comprende además un marcador de selección. También, el uso como medicamente puede comprender la transfección *in vitro* de células aisladas y la purificación de un producto de expresión, es decir el péptido o proteína codificada a partir de estas células. El péptido o proteína purificada se puede administrar subsecuentemente a un sujeto que lo necesite.

La presente descripción también proporciona un método para tratar o prevenir una enfermedad o trastorno como se describe anteriormente, que comprende administrar la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita, el vector aquí descrito, la célula aquí descrita o la composición farmacéutica aquí descrita a un sujeto que lo necesite.

Tal como se ha descrito anteriormente, el elemento 5'UTR, preferentemente el tallo-bucle de histona, y opcionalmente la secuencia poli(A) y/o el elemento 3'UTR son capaces de incrementar la producción de proteínas a partir de una molécula artificial de ácido nucleico, tal como un ARNm o vector, que comprende estos elementos y un ORF, preferentemente al menos de forma aditiva, preferentemente de manera sinérgica. Así, en un aspecto adicional, la presente invención se refiere a un método *in vitro* para incrementar la producción de proteínas a partir de una molécula artificial de ácido nucleico, comprendiendo la etapa de proporcionar la molécula de ácido nucleico artificial con

i. al menos un elemento de región no traducida 5' (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR natural de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o u gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1, donde la al menos una función es estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir de un ARNm.
ii. Preferentemente al menos un tallo-bucle de histona y
iii. Opcionalmente una secuencia poli(A) o una señal de poliadenilación.

También se describe aquí un método para aumentar la producción de proteínas a partir de la molécula de ácido nucleico artificial que comprende el paso de asociar la molécula de ácido nucleico artificial, preferentemente un ORF contenido dentro de la molécula de ácido nucleico artificial con (i) al menos un elemento de región 5' no traducido (5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen TOP o que se deriva de una variante de la 5'UTR de un gen TOP como se describe anteriormente, preferentemente ii) al menos un tallo-bucle de histona como se describe aquí y opcionalmente uno o más elementos adicionales, tales como una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación y/o una secuencia poli(C) y/o un elemento 3'UTR de gen de cordado, preferentemente un gen de vertebrado, con mayor preferencia de un de mamífero, con total preferencia de un gen humano, o de una variante de la 3'UTR de un gen de cordado, preferentemente un gen de vertebrado, con mayor preferencia de un de mamífero, con total preferencia de un gen humano como se ha descrito anteriormente.

La asociación de la molécula artificial de ácido nucleico o del vector con un elemento 5'UTR y preferentemente un tallo-bucle de histona, así como elementos adicionales opcionales en el contexto de la presente descripción significa preferentemente asociar funcionalmente o combinar funcionalmente una molécula artificial de ácido nucleico, por ejemplo que comprende un ORF, tal como un ARNm o un vector, con el elemento 5'UTR y opcionalmente el tallo-bucle de histona y/o la secuencia poli(A) y/o el elemento 3'UTR. Esto significa que la molécula de ácido nucleico artificial, preferentemente el ORF contenido dentro de la molécula artificial de ácido nucleico, el elemento 5'UTR y preferentemente el tallo-bucle de histona y los elementos adicionales opcionales, tales como la secuencia de poli(A) y/o el elemento 3'UTR como se describe en lo anterior, se asocian o acoplan de forma que la función del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona y los elementos adicionales opcionales, por ejemplo la función que incrementa la producción de proteínas, es ejercida. Típicamente, esto significa que el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona y opcionalmente la secuencia poli(A) y/o el elemento 3'UTR se integran en la molécula artificial de ácido nucleico, de manera preferente en la molécula de ARNm o el vector, de forma que el marco de lectura abierto está entre el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona y la secuencia poli(A) opcional y/o el elemento 3'UTR opcional.

El producto de dicho método es preferentemente la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita o el vector aquí descrito. De esta manera, la naturaleza y secuencia de los elementos, tal como del elemento 5'UTR, el tallo-bucle de histona, la secuencia poli(A), la señal de poliadenilación, la secuencia poli(C), el elemento 3'UTR son como se describen anteriormente para la molécula artificial de ácido nucleico aquí descrita o para el vector aquí descrito.

En un aspecto adicional, la presente invención proporciona el uso de un elemento 5'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR natural de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o u gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1, donde la al menos una función es estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir de un ARNm y preferentemente al menos un tallo-bucle de histona para aumentar la producción de proteína a partir de una molécula de ácido nucleico.

También se describe aquí el uso de preferentemente al menos un tallo-bucle de histona y opcionalmente otros elementos, tales como una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación y/o una secuencia poli(C) y/o un elemento 3'UTR que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico derivada de la 3'UTR de un gen de cordado, preferentemente un gen de vertebrado, con mayor preferencia de un gen de mamífero, con total preferencia de un gen humano, o de una variante de la 3'UTR de un gen de cordado, preferentemente un gen de vertebrado, con mayor preferencia de un de mamífero, con total preferencia de un gen humano como se ha descrito anteriormente para aumentar la producción de proteína a partir de una molécula de ácido nucleico, tal como un ARNm o un vector.

El uso aquí descrito preferentemente comprende asociar la molécula artificial de ácido nucleico con el elemento 5'UTR, preferentemente el tallo-bucle de histona y los elementos adicionales opcionales, tales como una secuencia poli(A) o un elemento 3'UTR, etc., como se describe anteriormente.

Los compuestos e ingredientes de la composición farmacéutica aquí descrita también se pueden fabricar y comercializar por separado. De esta manera, la invención se refiere además de un kit o kit de partes como se define en las reivindicaciones, comprendiendo el kit o kit de partes una molécula artificial de ácido nucleico como se define en las reivindicaciones, el vector como se define en las reivindicaciones, la célula como se define en las reivindicaciones y/o la composición farmacéutica como se define en las reivindicaciones, comprendiendo además el kit o kit de partes preferentemente el kit o kit de partes instrucciones para el uso, células para transfección, un adyuvante, un medio para la administración de la composición farmacéutica, un vehículo farmacéuticamente aceptable y/o una solución farmacéuticamente aceptable para disolver o diluir la molécula artificial de ácido nucleico, el vector o la composición farmacéutica.

También se describe aquí un kit o kit de partes que comprende una molécula artificial de ácido nucleico como se describe aquí, un vector aquí descrito, una célula aquí descrita y/o una composición farmacéutica como se describe aquí, donde además el kit o kit de partes comprende instrucciones para el uso, células para transfección, un adyuvante, un medio para la administración de la composición farmacéutica, un vehículo farmacéuticamente aceptable y/o una solución farmacéuticamente aceptable para disolver o diluir la molécula artificial de ácido nucleico, el vector, las células o la composición farmacéutica.

Las siguientes Figuras, Secuencias y Ejemplos se proponen para ilustrar la invención. No se proponen para limitar el contenido de la invención a los mismos.

Figura 1: muestra la secuencia consenso tallo-bucle de histona generada a partir de secuencias tallo-bucle de metazoarios y protozoarios (como es reportado por Dávila López, M., & Samuelsson, T. (2008), ARN (Nueva York, N.Y.), 14(1), 1-10. doi:10.1261/rna.782308). 4.001 secuencias de bucle-histona de metazoarios y protozoarios se alinearon, indicándose la cantidad de nucleótidos que se producen para cada posición en la secuencia tallo-bucle. La secuencia consenso generada que representa todos los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas se proporciona utilizando el código de nucleótidos de una letra. Además de la secuencia consenso, se muestran secuencias que representan al menos 99%, 95% y 90% de los nucleótidos presentes en la secuencias analizadas.

Figura 2: muestra la secuencia consenso de tallo-bucle de histona generada de las secuencias de tallo-bucle de protozoarios (como es reportado por Dávila López, M., & Samuelsson, T. (2008), ARN (Nueva York, N.Y.), 14(1), 1-10. doi:10.1261/rna.782308). 131 secuencias de tallo-bucle de histona de protozoarios se alinearon, indicándose la cantidad de los nucleótidos que producen para cada posición en la secuencia de tallo-bucle. La secuencia consenso generada que representa todos los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas se proporciona utilizando el código de nucleótido de una letra. Además de la secuencia consenso, se muestran secuencias que representan al menos 99%, 95% y 90% de los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas.

Figura 3: muestra la secuencia consenso de tallo-bucle de histona generada de las secuencias de tallo-bucle de metazoario (como es reportado por Dávila López, M., & Samuelsson, T. (2008), ARN (Nueva York, N.Y.), 14(1), 1-10. doi:10.1261/rna.782308). 3.870 secuencias de tallo-bucle de histona de metazoario se alinearon y la cantidad de los nucleótidos que producen se indica para cada posición en la secuencia de tallo-bucle. La secuencia consenso generada que representa todos los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas se proporcionan utilizando el código de nucleótido de una letra. Además la secuencia consenso, se muestran secuencias que representan al menos 99%, 95% y 90% de los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas.

Figura 4: muestra la secuencia consenso de tallo-bucle de histona generada de las secuencias de tallo-bucle de vertebrado (como se reporta por Dávila López, M., & Samuelsson, T. (2008), ARN (Nueva York, N.Y.), 14(1), 1-10. doi:10.1261/rna.782308). 1.333 secuencias de tallo-bucle de histona de vertebrado se alinearon y la cantidad de los nucleótidos que producen se indica para cada posición en la secuencia de tallo-bucle. La secuencia consenso generada que representa todos los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas se proporciona utilizando el código de nucleótido de una letra. Además de la secuencia consenso, se muestran secuencias que representan al menos 99%, 95% y 90% de los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas.

Figura 5: muestra la secuencia consenso de tallo-bucle de histona generada de secuencias tallo-bucle de humano (Homo sapiens) (como es reportado por Dávila López, M., & Samuelsson, T. (2008), ARN (Nueva York, N.Y.), 14(1), 1-10. doi:10.1261/rna.782308). 84 secuencias tallo-bucle de histona de humanos se alinearon y la cantidad de los nucleótidos que producen se indica para cada posición en la secuencia de tallo-bucle. La secuencia consenso generada que representa los nucleótidos presentados en la secuencias analizadas se proporciona utilizando el código de nucleótidos de una letra. Además de las secuencia consenso, se muestran secuencias que representan al menos 99%, 95% y 90% de los nucleótidos presentes en las secuencias analizadas.

Figura 6: muestra la secuencia de nucleótidos de una molécula de nucleótido que codifica luciferasa de *Photinus pyralis* PpLuc(GC) – ag – A64. Este constructo artificial no comprende un elemento 5'UTR o un tallo-bucle de histona. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursiva. La secuencia representada en la Figura 6 corresponde a SEQ ID NO. 1364.

Figura 7: muestra la secuencia de nucleótidos de RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – C30 – histonaSL. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal se insertó 5' del ORF. Una histona SL se adjuntó 3' de A64 poli(A). La región de codificación para PpLuc(GC) en cursiva. La secuencia del elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 7 corresponde a SEQ ID No. 1365.

Figura 8: muestra que la combinación del elemento 5'UTR derivado de la 5'UTR del gen de TOP RPL32 y un tallo-bucle de histona incrementa la producción de proteínas del ARNm en gran medida. El efecto de la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona en la expresión de luciferasa del ARNm se examinó. Para este fin, diferentes ARNm se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF) por lipofección. Los niveles de luciferasa se midieron 24 horas después de la transfección. La luciferasa se expresó claramente del ARNm que no tiene el elemento 5'UTR ni histonaSL. Sorprendentemente sin embargo, la combinación del elemento 5'UTR e histonaSL incrementaron en gran medida el nivel de luciferasa. La magnitud del aumento del nivel de luciferasa debido a la combinación del elemento 5'UTR y la histonaSL en el mismo ARNm indica que están actuando sinérgicamente. Los datos se muestran como media RLU ± SD (unidades de luz relativas ± desviación estándar) para las transfecciones en duplicado. RLU se resume en el Ejemplo 5.1.

Figura 9: muestra la secuencia de nucleótidos de PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. Una histonaSL se adjuntó 3' de A64 poli(A). La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursiva. La secuencia de tallo-bucle de histona se subraya. La secuencia representada en la Figura 9 corresponde a SEQ ID No. 1464.

Figura 10: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl32 – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal se insertó 5' del ORF. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursiva. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 10 corresponde a SEQ ID No. 1463.

Figura 11: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal se insertó 5' del ORF. Una histonaSL se adjuntó 3' de A64 poli(A). La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursiva. La secuencia del elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 11 corresponde a SEQ ID No. 1480.

Figura 12: representación gráfica del efecto del elemento 5'UTR derivado de la 5'UTR del gen TOP RPL32, el tallo-bucle de histona y la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona en la expresión de ARNm de luciferasa. Una variedad de ARNm se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF) por lipofección. Los niveles de luciferasa se midieron a 8, 24, y 48 horas después de la transfección. Ambos, ya sea el tallo-bucle de histona o el elemento 5'UTR incrementan los niveles de luciferasa comparado con el ARNm que carece de ambos elementos. Sorprendentemente, la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona incrementan adicionalmente en gran medida el nivel de luciferasa, muy por arriba del nivel observado con cualquiera RLU ± SEM (unidades de luz relativa ± error estándar) para transfecciones en triplicado. RLU se resumen en el Ejemplo 5.2.

Figura 13: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl32 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 - C30 – histona SL. El elemento albumina 7 3'UTR reemplazó el elemento alfa-globina 3'UTR en el constructo mostrado en la Figura 7 (que contiene el elemento rpl32 5'UTR). El elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 13 corresponde a SEQ ID No. 1481.

Figura 14: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl35 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 - C30 – histonaSL. La 5'UTR de una proteína ribosómica humana grande 35 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 14 corresponde a SEQ ID No. 1436.

Figura 15: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl21 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 - C30 – histonaSL. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 21 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia del elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 15 corresponde a SEQ ID No. 1437.

Figura 16: muestra la secuencia de nucleótidos de atp5a1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 - C30 – histonaSL. La 5'UTR de la ATP sintasa humana, el transporte H+, el complejo F1 mitocondrial, la subunidad 1 alfa que

carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 16 corresponde a SEQ ID No. 1438.

Figura 17: muestra la secuencia de nucleótidos de HSD17B4 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 - C30 – histonaSL. La 5'UTR de la hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa humana 4 que carece del tracto oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 17 corresponda a SEQ ID No. 1439.

Figura 18: muestra la secuencia de nucleótidos de AIG1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 - C30 – histonaSL. La 5'UTR de 1 inducido por andrógeno humano que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 18 corresponda a SEQ ID No. 1440.

Figura 19: muestra la secuencia de nucleótidos de COX6C – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 - C30 – histonaSL. La 5'UTR de la subunidad de Vlc citocromo C oxidasa humana que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 19 corresponde a SEQ ID No. 1441.

Figura 20: muestra la secuencia de nucleótidos de ASAH1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 - C30 – histonaSL. La 5'UTR de la N-acilesfingosina amidohidrolasa humana (ácido ceramidasa) 1 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 20 corresponde a SEQ ID No. 1442.

Figura 21: representación gráfica del efecto del elemento 5'UTR derivado de los genes TOP RPL32, RPL35, RPL21, ATP5A1, HSD17B4, AIG1, COX6C y ASAH1 en la expresión del ARNm de luciferasa. Los ARNm se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF) por lipofección. Los niveles de luciferasa se midieron a 24, 48, y 72 horas después de la transfección. Los elementos 5'UTR incrementan en gran medida los niveles de luciferasa comparado con el ARNm que carece de un elemento 5'UTR. Los datos se grafican como media RLU ± SEM (unidades de luz relativa ± error estándar) para transfecciones en triplicado. Los RLU se resumen en el Ejemplo 5.3.

Figura 22: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl35 – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 35 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 10. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en Figura 22 corresponda a SEQ ID No. 1466.

Figura 23: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl21 – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 21 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la in Figura 10. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 23 corresponda a SEQ ID No. 1467.

Figura 24: muestra la secuencia de nucleótidos de atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de la ATP sintasa humana, complejo F1 mitocondrial, que transporte H+, subunidad 1 alfa que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 10. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 24 corresponde a SEQ ID No. 1468.

Figura 25: muestra secuencia de nucleótidos de HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de la hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 humana que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 10. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 25 corresponde a SEQ ID No. 1469.

Figura 26: muestra la secuencia de nucleótidos de AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de 1 inducido por andrógeno humano que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 10. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 26 corresponda a SEQ ID No. 1470.

Figura 27: muestra la secuencia de nucleótidos de COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de la subunidad VIc de citocromo c oxidasa humana que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 10. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 27 corresponde a SEQ ID No. 1471.

Figura 28: muestra la secuencia de nucleótidos de ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64. La 5'UTR de la N-acilesfingosina amidohidrolasa (ácido ceramidasa) 1 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 10. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 28 corresponde a SEQ ID No. 1472.

Figura 29: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl35 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 35 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 11. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 29 corresponde a SEQ ID No. 1473.

Figura 30: muestra la secuencia de nucleótidos de rpl21 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 21 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 11. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 30 corresponde a SEQ ID No. 1474.

Figura 31: muestra la secuencia de nucleótidos de atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de la ATP sintasa humana, el complejo F1 mitocondrial, que transporte H+, la subunidad 1 alfa que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 11. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 31 corresponde a SEQ ID No. 1475.

Figura 32: muestra la secuencia de nucleótidos de HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de la hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa humana 4 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 11. La región de codificación por PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 32 corresponde a SEQ ID No. 1476.

Figura 33: muestra la secuencia de nucleótidos de AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de 1 inducido por andrógeno humano que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la en el constructo mostrado en la Figura 11. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 33 corresponde a SEQ ID No. 1477.

Figura 34: muestra la secuencia de nucleótidos de COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de la subunidad VIc de citocromo c oxidasa humana que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 11. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 34 corresponde a SEQ ID No. 1478.

Figura 35: muestra la secuencia de nucleótidos de ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL. La 5'UTR de la N-acilesfingosina amidohidrolasa (ácido ceramidasa) 1 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 11. La región de codificación para PpLuc(GC) se representa en cursivas. La secuencia de elemento 5'UTR y la secuencia de tallo-bucle de histona se subrayan. La secuencia representada en la Figura 35 corresponde a SEQ ID No. 1479.

Figura 36: representación gráfica del efecto de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de los genes TOP RPL35, RPL21, ATP5A1, HSD17B4, AIG1, COX6C y ASAH1, el tallo-bucle de histona, y la combinación de elementos 5'UTR y el tallo-bucle de histona en la expresión del ARNm de luciferasa. Los diferentes ARNm se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF) por lipofección. Los niveles de luciferasa se midieron a 8, 24, y 48 horas después del transfección. Ambos, ya sea el tallo-bucle de histona o los elementos 5'UTR incrementan los niveles de luciferasa comparados con el ARNm que carece de ambos de estos elementos. Sorprendentemente, la combinación de los elementos 5'UTR y el tallo-bucle de histona incrementa además en gran medida el nivel de luciferasa, muy por arriba del nivel observado con cualquiera de los elementos individuales, actuando de esta manera sinérgicamente. Los datos se grafican como media RLU ± SEM

(unidades de luz relativa ± erros estándar) para las transfecciones en triplicado. La sinergia entre los elementos 5'UTR y el tallo-bucle de histona se resumen en el ejemplo 5.4.

Figura 37: muestra la secuencia de nucleótidos de mrpl21 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 - histonaSL. La 5'UTR de la proteína ribosómica murina grande 21 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 36 corresponde a SEQ ID No. 1443.

Figura 38: muestra la secuencia de nucleótidos de mrpl35A – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 - histonaSL. La 5'UTR de la proteína ribosómica murina grande 35A que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal reemplazó el elemento rpl32 5'UTR en el constructo mostrado en la Figura 13. La secuencia de elemento 5'UTR se subraya. La secuencia representada en la Figura 37 corresponde a SEQ ID No. 1444.

Figura 39: representación gráfica del efecto de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP de ratón en la expresión de ARNm de luciferasa. Los ARNm que contienen ya sea un elemento 5'UTR de ratón o humano se transfectaron en los fibroblastos dérmicos humanos (HDF) por lipofección. Los niveles de luciferasa se midieron a 24, 48, y 72 horas después de la transfección. Los elementos 5'UTR de ratón incrementan en gran medida los niveles de luciferasa comparados con ARNm que carece de un elemento 5'UTR, similarmente como el elemento 5'UTR humano. Los datos se muestran como media RLU ± SEM (unidades de luz relativa ± erros estándar) para transfecciones en triplicado. Los RLU se resumen en el Ejemplo 5.5.

SEQ ID No. 1-1363, 1435 Y 1461-1462 Secuencias que comprenden los 5'UTR de genes TOP

SEQ ID No. 1364	PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 6)
SEQ ID No. 1365	RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – C30 – histonaSL (Figura 7)
SEQ ID No. 1366	fragmento de la 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32
SEQ ID No. 1367	fragmento de la 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32
SEQ ID No. 1368	5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32 que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal.
SEQ ID No. 1369	3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1370	3'UTR de hemoglobina de Homo sapiens, alfa 1 (HBA1)
SEQ ID No. 1371	3'UTR de hemoglobina de Homo sapiens, alfa 2 (HBA2)
SEQ ID No. 1372	3'UTR de hemoglobina de Homo sapiens, beta (HBB)
SEQ ID No. 1373	3'UTR de tirosina-hidroxilasa (TH) de Homo sapiens
SEQ ID No. 1374	3'UTR de 15-lipoxigenasa de arachinodate de Homo Sapiens (ALOX15)
SEQ ID No. 1375	3'UTR de colágeno de Homo sapiens, tipo I, alfa 1 (COL1A1)
SEQ ID No. 1376	albumina7 3'UTR
SEQ ID No. 1377	3'UTR + secuencia poli(A) de albumina humana
SEQ ID No. 1378	fragmento 1 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1379	fragmento 2 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1380	fragmento 3 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1381	fragmento 4 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1382	fragmento 5 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1383	fragmento 6 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1384	fragmento 7 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1385	fragmento 8 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1386	fragmento 9 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1387	fragmento 10 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1388	fragmento 11 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1389	fragmento 12 3'UTR de albumina humana
SEQ ID No. 1390	fragmento 13 3'UTR de albumina humana
SEQ ID NO. 1391	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
SEQ ID NO. 1392	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc):
SEQ ID NO. 1393	secuencia de acuerdo con la fórmula (Id):
SEQ ID NO. 1394	secuencia de acuerdo con la fórmula (IId)
SEQ ID NO. 1395	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
SEQ ID NO. 1396	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
SEQ ID NO. 1397	secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
SEQ ID NO. 1398	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
SEQ ID NO. 1399	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
SEQ ID NO. 1400	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
SEQ ID NO. 1401	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)
SEQ ID NO. 1402	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)

SEQ ID NO. 1403	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
SEQ ID NO. 1404	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
SEQ ID NO. 1405	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
SEQ ID NO. 1406	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
SEQ ID NO. 1407	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
SEQ ID NO. 1408	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
SEQ ID NO. 1409	secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
SEQ ID NO. 1410	secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
SEQ ID NO. 1411	secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
SEQ ID NO. 1412	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
SEQ ID NO. 1413	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
SEQ ID NO. 1414	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
SEQ ID NO. 1415	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)
SEQ ID NO. 1416	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)
SEQ ID NO. 1417	secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)
SEQ ID NO. 1418	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc)
SEQ ID NO. 1419	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc)
SEQ ID NO. 1420	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc)
SEQ ID NO. 1421	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
SEQ ID NO. 1422	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
SEQ ID NO. 1423	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
SEQ ID NO. 1424	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
SEQ ID NO. 1425	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
SEQ ID NO. 1426	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
SEQ ID NO. 1427	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
SEQ ID NO. 1428	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
SEQ ID NO. 1429	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
SEQ ID NO. 1430	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)
SEQ ID NO. 1431	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)
SEQ ID NO. 1432	secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)
SEQ ID NO. 1433	ejemplo de secuencia de tallo-bucle de histona
SEQ ID NO. 1434	Porción de ligación a α-complejo, central de la 3'UTR de un gen de α-globina
SEQ ID NO. 1435	proteína de ligación a lípidos ATP sintasa mitocondrial (atp5g2)
SEQ ID NO. 1436	RPL35 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 14)
SEQ ID NO. 1437	RPL21 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 15)
SEQ ID NO. 1438	ATP5A1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 16)
SEQ ID NO. 1439	HSD17B4 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 17)
SEQ ID NO. 1440	AIG1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 18)
SEQ ID NO. 1441	COX6C – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 19)
SEQ ID NO. 1442	ASAH1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 20)
SEQ ID NO. 1443	mRPL21 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 37)
SEQ ID NO. 1444	mRPL35A – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 38)
SEQ ID NO. 1445	RPL35 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1446	RPL21 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1447	ATP5A1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1448	HSD17B4 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1449	AIG1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1450	COX6C – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1451	ASAH1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1452	5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 35 (RPL35) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1453	5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 21 (RPL21) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1454	5'UTR de la ATP sintasa humana, complejo F1 mitocondrial, que transporta H+, subunidad 1 alfa, músculo cardiaco (ATP5A1) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1455	5'UTR de hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 humana (HSD17B4) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1456	5'UTR de 1 inducido por andrógeno humano (AIG1) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1457	5'UTR de subunidad VIc de citocromo c oxidasa humana (COX6C) que carece del tracto oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1458	5'UTR de la N-acilesfingosina amidohidrolasa humana (ácido ceramidasa) 1 (ASAH1) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1459	5'UTR de la proteína ribosómica de ratón Grande 21 (mRPL21) que carece del tracto

	de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1460	5'UTR de la proteína ribosómica de ratón Grande 35A (mRPL35A) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
SEQ ID NO. 1461	Proteína ribosómica de ratón Grande 21 (mRPL21)
SEQ ID NO. 1462	Proteína ribosómica de ratón Grande 35A (mRPL35A)
SEQ ID NO. 1463	RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 10)
SEQ ID NO. 1464	PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 9)
SEQ ID NO. 1465	PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1466	RPL35 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 22)
SEQ ID NO. 1467	RPL21 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 23)
SEQ ID NO. 1468	atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 24)
SEQ ID NO. 1469	HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 25)
SEQ ID NO. 1470	AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 26)
SEQ ID NO. 1471	COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 27)
SEQ ID NO. 1472	ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 28)
SEQ ID NO. 1473	RPL35 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 29)
SEQ ID NO. 1474	RPL21 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 30)
SEQ ID NO. 1475	atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 31)
SEQ ID NO. 1476	HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 32)
SEQ ID NO. 1477	AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 33)
SEQ ID NO. 1478	COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 34)
SEQ ID NO. 1479	ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 35)
SEQ ID NO. 1480	RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 11)
SEQ ID NO. 1481	RPL32 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 13)

Ejemplos

1. Preparación de plantillas de ADN

Se construyó un vector para transcripción *in vitro* conteniendo un promotor T7 seguido por una secuencia enriquecida en GC que codifica luciferasa de *Photinus pyralis* (PpLuc(GC)) y una secuencia A64 poli(A). La secuencia poli(A) fue seguida por un sitio de restricción utilizado para la linealización del vector antes de la transcripción *in vitro*. El ARNm obtenido de este vector por la transcripción *in vitro* se designa como "PpLuc(GC) – A64".

Este vector se modificó para incluir las secuencias no traducidas 5' o 3' del marco de lectura abierto. En resumen, se generan vectores que comprenden las siguientes secuencias de codificación de ARNm:

SEQ ID No. 1364	PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 6)
SEQ ID No. 1365	RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – C30 – histonaSL (Figura 7):
SEQ ID NO. 1436	RPL35 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 14)
SEQ ID NO. 1437	RPL21 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 15)
SEQ ID NO. 1438	ATP5A1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 16)
SEQ ID NO. 1439	HSD17B4 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 17)
SEQ ID NO. 1440	AIG1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 18)
SEQ ID NO. 1441	COX6C – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 19)
SEQ ID NO. 1442	ASAH1 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 20)
SEQ ID NO. 1443	mRPL21 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 37)
SEQ ID NO. 1444	mRPL35A – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 38)
SEQ ID NO. 1445	RPL35 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1446	RPL21 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1447	ATP5A1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1448	HSD17B4 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1449	AIG1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1450	COX6C – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1451	ASAH1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1463	RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 10)
SEQ ID NO. 1464	PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 9)
SEQ ID NO. 1465	PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL
SEQ ID NO. 1466	RPL35 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 22)
SEQ ID NO. 1467	RPL21 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 23)
SEQ ID NO. 1468	atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 24)
SEQ ID NO. 1469	HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 25)
SEQ ID NO. 1470	AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 26)
SEQ ID NO. 1471	COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 27)

SEQ ID NO. 1472	ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64 (Figura 28)
SEQ ID NO. 1473	RPL35 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 29)
SEQ ID NO. 1474	RPL21 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 30)
SEQ ID NO. 1475	atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 31)
SEQ ID NO. 1476	HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 32)
SEQ ID NO. 1477	AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 33)
SEQ ID NO. 1478	COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 34)
SEQ ID NO. 1479	ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 35)
SEQ ID NO. 1480	RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL (Figura 11)
SEQ ID NO. 1481	RPL32 – PpLuc(GC) – albumina7 – A64 – C30 – histonaSL (Figura 13)

2. Transcripción *In vitro*

La plantilla de ADN de acuerdo con el Ejemplo 1 se linealizó y se transcribió *in vitro* utilizando T7-Polimerasa. La plantilla de ADN luego se digirió por tratamiento de DNasa. Los transcriptos de ARNm contenían una estructura 5'-CAP obtenida al agregar un exceso de N7-metilguanosina-5'-trifosfato-5'-guanosina a la reacción de transcripción. El ARNm así obtenido se purificó y se resuspendió en agua.

3. Expresión de luciferasa por la lipofección de ARNm

Fibroblastos dérmicos humanos (HDF) se sembraron en placas de 24 pocillos a una densidad de $5x10^4$ células por pocillo. Al siguiente día, las células se lavaron en opti-MEM y luego se transfectaron con 50 ng por pocillo de ARNm que codifica PpLuc formado en complejo con Lipofectamina2000 en opti-MEM. Como control, el ARNm que no codifica PpLuc se lipofectó separadamente. El ARNm que codifica la luciferasa de *Renilla reniformis* (RrLuc) se transfectó junto con PpLuc ARNm para controlar la eficiencia de transfección (20 ng de RrLuc ARNm por pocillo). 90 minutos después del inicio de la transfección, el opti-MEM se intercambió por el medio. 24, 48, 72 horas después de la transfección, el medio se aspiró y las células se lisaron en 200 µl de solución tampón de lisis (Tris 25 mM, pH 7,5 (HCl), EDTA 2 mM, 10% de glicerol, 1% de Tritón X-100, DTT 2 mM, PMSF 1mM). Los lisados se almacenaron a -20ºC hasta que se midió la actividad de luciferasa. Alternativamente, los HDF se sembraron en placas de 96 pocillos de uno a tres días antes de la transfección a una densidad de 10^4 células por pocillo. Inmediatamente antes de la lipofección, las células se lavaron en opti-MEM. Las células se lipofectaron con 25 ng de ARNm que codifica PpLu por pocillo formado en complejo con Lipofectamine2000. En algunos experimentos, el ARNm que codifica la luciferasa de *Renilla reniformis* (RrLuc) se transfectó junto con PpLuc ARNm para controlar la eficiencia de transfección (2,5 ng de RrLuc ARNm por pocillo). 90 minutos después del inicio de la transfección, el opti-MEM se intercambió por el medio. En varios puntos de tiempos pos-transfección, el medio se aspiró y las células se lisaron en 100 µl de solución tampón de lisis (Passive Lysis Buffer, Promega). Los lisados se almacenaron a -80ºC hasta que se midió la actividad de luciferasa.

4. Medición de Luciferasa

La actividad de luciferasa se midió como unidades de luz relativas (RLU) en un lector de placas BioTek SynergyHT. La actividad de PpLuc se midió a los 15 segundos del tiempo de medición utilizando 50 µl de lisado y 200 µl de solución tampón de luciferina (75 µM de luciferina, Glicilglicina 25 mM, pH 7,8 (NaOH), $MgSO_4$ 15 mM, ATP 2 mM). La actividad de RrLuc se midió a 15 segundos de tiempo de medición utilizando 50 µl de lisado y 200 µl de solución amortiguadora de coelenterazina (40 µM de coelenterazina en solución salina tampón fosfato ajustada a NaCl 500 mM).

Alternativamente, la actividad de luciferasa se midió como unidades de luz relativas (RLU) en un lector de palcas Hidex Chameleon. La actividad de PpLuc se midió a los 2 segundos de tiempo de medición utilizando 20 µl de lisado y 50 µl de solución amortiguadora de luciferina (Beetle-Juice, PJK GmbH). La actividad de RrLuc se midió a los 2 segundos del tiempo de medición utilizando 20 µl de lisado y 50 µl de solución tampón de coelenterazina (Renilla-Juice, PJK GmbH).

Resultados

5.1 La combinación de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP y del tallo-bucle de histona incrementa la expresión de la proteína en gran medida.

Para investigar el efecto de la combinación de un elemento 5'UTR derivado de la 5'UTR de un gen TOP y un tallo-bucle de histona (histonaSL) en la expresión del ARNm de la proteína, se sintetizaron ARNm con diferentes UTR: ARNm el elemento 5'UTR ni histonaSL, o con el elemento 5'UTR y la histonaSL. Los ARNm que codifican luciferasa o el ARNm de control se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF). Los niveles de luciferasa se midieron a la 24 horas después de la transfección (véase la siguiente Tabla 1 y la Figura 8).

Tabla 1:

ARNm	RLU a las 24 horas
ARN de control	588
PpLuc(GC) – ag – A64	12246
RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – C30 – histonaSL	319840

La luciferasa se expresó claramente del ARNm sin el elemento 5'UTR ni la histonaSL. Sorprendentemente sin embargo, la combinación del elemento 5'UTR y la histonaSL incrementó en gran medida el nivel de luciferasa. La magnitud del aumento del nivel de luciferasa debido a la combinación del elemento 5'UTR y la histonaSL en el mismo ARNm indica que están actuando sinérgicamente.

5.2 La combinación de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP y el tallo-bucle de histona incrementa la expresión del ARNm de proteína de forma sinérgica.

Para investigar el efecto de la combinación del elemento 5'UTR derivado de la 5'UTR de un gen TOP y el tallo-bucle de histona en la expresión de ARNm de proteínas, se sintetizaron ARNm con diferentes UTR: ARNm sin el elemento 5'UTR ni el tallo-bucle de histona, o con un elemento 5'UTR o un tallo-bucle de histona, o con el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona. Los ARNm que codifican luciferasas se transfectaron fibroblastos dérmicos humanos (HDF). Los niveles de luciferasa se midieron a 8, 24, y 48 horas después de la transfección (véase la siguiente Tabla 2 y la Figura 12).

Tabla 2:

ARNm	RLU 8 h	RLU 24 h	RLU 48 h
PpLuc(GC)–ag–A64	13110	25861	14362
PpLuc(GC)–ag–A64–histonaSL	88640	97013	57026
rpl32-PpLuc(GC)–ag–A64	155654	212245	102528
rpl32-PpLuc(GC)–ag–A64–histonaSL	301384	425825	161974

La luciferasa se expresó claramente del ARNm sin el elemento 5'UTR ni el tallo-bucle de histona. Ambos, ya sea el tallo-bucle de histona o el elemento 5'UTR incrementaron los niveles de luciferasa comparados con el ARNm que carece de ambos de estos elementos. Sorprendentemente sin embargo, la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona incrementaron además en gran medida el nivel de luciferasa, muy por arriba del nivel observado con cualquiera de los elementos individuales. La magnitud del aumento en el nivel de luciferasa debido a la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona en el mismo ARNm muestra que están actuando sinérgicamente.

La sinergia entre el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona se cuantificó dividiendo la señal del ARNm combinando ambos elementos entre la suma de la señal del ARNm sin ambos elementos más el aumento en la señal por el elemento 5'UTR más el aumento en la señal por el tallo-bucle de histona. Este cálculo se realizó en tres puntos de tiempo separados y para la proteína total expresada de 0 a 48 horas, calculada del área bajo la curva (AUC) (véase la siguiente Tabla 3).

Tabla 3:

8 h					
rpl32	histonaSL	RLU	Δ RLU	RLU predicha (aditiva)	sinergia
—	—	13110			
—	+	88640	75530		
+	—	155654	142544		
+	+	301384		231184	1,30
24 h					
rpl32	histonaSL	RLU	Δ RLU	RLU predicha (aditiva)	sinergia
—	—	25861			
—	+	97013	71152		
+	—	212245	186384		
+	+	425825		283397	1,50
48 h					
rpl32	histonaSL	RLU	Δ RLU	RLU predicha (aditiva)	sinergia
—	—	14362			
—	+	57026	42664		
+	—	102528	88166		
+	+	161974		145192	1,12
AUC 0 - 48 horas					
rpl32	histonaSL	RLU	Δ RLU	RLU predicha (aditiva)	sinergia

—	—	846881			
—	+	3688000	2841119		
+	—	7343000	6496119		
+	+	14080000		10184119	1,38

La sinergia así calculada específica que tan alto el nivel de ARNm de luciferasa que combina el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona es aquel que se esperaría si los efectos del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona fueran puramente aditivos. Este resultado confirma que la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona lleva a cabo un incremento notablemente sinérgico en la expresión de la proteína.

5.3 Elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP incrementan la expresión de la proteína a partir del ARNm

Para investigar el efecto de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de los genes TOP en la expresión del ARNm de la proteína, se sintetizaron ARNm con uno de los diferentes elementos 5'UTR. Además, los ARNm contenían el elemento albúmina7 3'UTR. Los ARNm que codifican Luciferasa se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF). Los niveles de luciferasa se midieron 24, 48, y 72 horas después de la transfección (véase la siguiente Tabla 4 y la Figura 21).

Tabla 4:

5'UTR	RLU a las 24 horas	RLU a las 48 horas	RLU a las 72 horas
ninguna	114277	121852	68235
rpl32	332236	286792	114148
rpl35	495917	234070	96993
rpl21	563314	352241	156605
atp5a1	1000253	538287	187159
HSD17B4	1179847	636877	299337
AIG1	620315	446621	167846
COX6C	592190	806065	173743
ASAH1	820413	529901	198429

La luciferasa se expresó claramente del ARNm que carece de un elemento 5'UTR. Sorprendentemente, sin embargo todos los elementos 5'UTR incrementaron en gran medida el nivel de luciferasa.

5.4 La combinación de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP y el tallo-bucle de histona incrementa la expresión del ARNm de la proteína de forma sinérgica

Para investigar el efecto de la combinación de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP y el tallo-bucle de histona en la expresión del ARNm de la proteína, se sintetizaron ARNm con diferentes UTR: ARNm sin el elemento 5'UTR ni el tallo-bucle de histona, o con un tallo-bucle de histona, o con uno de los diferentes elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP, o con uno de los diferentes elementos 5'UTR y un tallo-bucle de histona. Además, los ARNm contenían el elemento 3'UTR de alfa-globina. Los ARNm que codifican luciferasa se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF). Los niveles de luciferasa se midieron a 8, 24, y 48 horas después de la transfección (véase la Figura 36). La luciferasa se expresó claramente del ARNm que no tiene ni el elemento 5'UTR ni el tallo-bucle de histona. El tallo-bucle de histona incrementó el nivel de luciferasa. Todos los elementos 5'UTR también incrementaron el nivel de luciferasa. Sorprendentemente sin embargo, las combinaciones del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona incrementaron en gran medida además el nivel de luciferasa muy por arriba del nivel observado con cualquiera de los elementos individuales. La magnitud del aumento del nivel de luciferasa debido a la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona en el mismo ARNm muestra que están actuando sinérgicamente.

La sinergia entre el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona se cuantificó dividiendo la señal del ARNm combinando ambos elementos entre la suma de la señal del ARNm sin ambos elementos más el aumento en la señal por el elemento 5'UTR más el aumento en la señal por el tallo-bucle de histona. Este cálculo se llevó a cabo para la proteína total expresada de 0 a 48 horas, calculada el área bajo la curva (AUC) (véase la siguiente Tabla 5).

Tabla 5:

TOP 5'UTR	Sinergia con el tallo-bucle de histona
35L	2,50
21L	3,25
atp5a1	3,00
HSD17B4	3,55

AIG1	1,52
COX6C	3,19

La sinergia así calculada específica que tan alto el nivel del ARNm de luciferasa que combina el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona es aquel que se esperaría si los efectos del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona fueran puramente aditivos. El nivel de luciferasa del ARNm que combina el elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona fue hasta más de tres veces más alto que si sus efectos fueran puramente aditivos. Este resultado confirma que la combinación del elemento 5'UTR y el tallo-bucle de histona lleva a cabo un incremento notablemente sinérgico en la expresión de la proteína.

5.5 Elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP de ratón incrementan la expresión del ARNm de la proteína.

Para investigar el efecto de los elementos 5'UTR derivados de las 5'UTR de genes TOP de ratón en la expresión del ARNm de la proteína, se sintetizaron ARNm con dos diferentes elementos 5'UTR de ratón. Además, los ARNm contenían el elemento albúmina7 3'UTR. Los ARNm que codifican luciferasa se transfectaron en fibroblastos dérmicos humanos (HDF). Para comparación, el ARNm que contiene el elemento rpl32 5'UTR humano se transfectó. Los niveles de luciferasa se midieron a 24, 48, y 72 horas después de la transfección (véase la siguiente Tabla 6 y Figura 39).

Tabla 6:

5'UTR	RLU a las 24 horas	RLU a las 48 horas	RLU a las 72 horas
none	114277	121852	68235
rpl32	332236	286792	114148
mrpl21	798233	351894	139249
mrpl35A	838609	466236	174949

La luciferasa se expresó claramente del ARNm sin elemento 5'UTR. Ambos elementos 5'UTR de ratón incrementaron en gran medida el nivel de luciferasa, similarmente como el elemento 5'UTR humano.

Secuencias:

alfa-2-macroglobulina (A2M) de Homo sapiens: gctccttctttctgcaacatg (Seq ID No: 1)

Acil-CoA-deshidrogenasa de Homo sapiens, cadena lineal de C-4 a C-12 (ACADM):
ggctctctttccgcgctgcggtcagcctcggcgtcccacagagagggccagaggtggaaacgcagaaaaccaaaccaggactatcagagattgcccg gagaggggatg Seq ID No: 2)

Arilsulfatasa E de Homo sapiens (chondrodysplasia punctata 1) (ARSE):
cttcctcttcttgatcggggattcaggaaggagcccaggagcagaggaagtagagagagagacaacatg (Seq ID No: 3)

a-gammaglobulinemia tirosina cinasa de Bruton de Homo sapiens (BTK):
tgtccttcctctctggactgtaagaatatgtctccagggccagtgtctgctgcgatcgagtcccaccttccaagtcctggcatctcaatgcatctgggaagctac ctgcattaagtcaggactgagcacacaggtgaactccagaaagaagaagctatg (Seq ID No: 4)

Complemento 2 de componentes de Homo sapiens (C2):
tgacctttccctcccgcggctctctacctctcgccgcccctagggaggacaccatg (Seq ID No: 5)

Cinasa 4 dependiente de ciclina de Homo sapiens (CDK4):
gggcctctctagcttgcggcctgtgtctatggtcgggcccctctgcgtccagctgctccggaccgagctcgggtgtatggggccgtaggaaccggctccgggg ccccgataacgggccgcccccacagcaccccgggctggcgtgagggtctcccttgatctgagaatg (Seq ID No: 6)

Citocromo P450 de Homo sapiens, familia 17, subfamilia A, polipéptido 1 (CYP17A1):
agctcttctactccactgctgtctatcttgcctgccggcacccagccaccatg (Seq ID No: 7)

Endoglina de Homo sapiens (ENG):
cttcctctacccggttggcaggcggcctggcccagccccttctctaaggaagcgcatttcctgcctccctgggccggccgggctggatg (Seq ID No: 8)

Deficiencia de reparación de roedor de complementación cruzada de la reparación por escisión de Homo sapiens, grupo de complementación 3 (ERCC3): tcttctctctgctgctgtagctgccatg (Seq ID No: 9)

Deficiencia de reparación de roedor de complementación cruzada de reparación por escisión de Homo sapiens, grupo de complementación 5 (ERCC5):
ctgtctttcttccgggaggcggtgacagctgctgagacgtgttgcagccagagtctctccgctttaatgcgctcccattagtgccgtcccccactggaaaaccg tggcttctgtattatttgccatctttgttgtgtaggagcagggagggcttcctcccggggtcctaggcggcggtgcagtccgtcgtagaagaattagagtagaa gttgtcggggtccgctcttaggacgcagccgcctcatg (Seq ID No: 10)

Ferritina, polipéptido ligero de Homo sapiens (FTL):
cgtcccctcgcagttcggcggtcccgcgggtctgtctcttgcttcaacagtgtttggacggaacagatccggggactctcttccagcctccgaccgccctccg atttcctctccgcttgcaacctccgggaccatcttctcggccatctcctgcttctgggacctgccagcaccgtttttgtggttagctccttcttgccaaccaaccatg (Seq ID No: 11)

Galactosilceramidasa de Homo sapiens (GALC): ccgcctccctgggcgccggagtcatgtgacccacacaatg (Seq ID No: 12)
Proteína de unión de espacio de Homo sapiens, alfa 1, 43kDa (GJA1):
ttttctttcattaggggggaaggcgtgaggaaagtaccaaacagcagcggagttttaaactttaaatagacaggtctgagtgcctgaacttgccttttcattttactt catcctccaaggagttcaatcacttggcgtgacttcactacttttaagcaaaagagtggtgcccaggcaacatg (Seq ID No: 13)

Proteína de unión de espacio de Homo sapiens, beta 1, 32kDa (GJB1):
cattctctgggaaagggcagcagcagccaggtgtggcagtgacagggaggtgtgaatgaggcaggatg (Seq ID No: 14)

Glucosa-6-fosfato isomerasa de Homo sapiens (GPI):
cgctccttcctcctcggctcgcgtctcactcagtgtaccttctagtcccgccatg (Seq ID No: 15)

Hidroxiacil-CoA deshidrogenasa/3-cetoacil-CoA tiolasa/enoil-CoA hidratasa (proteína trifuncional), subunidad alfa de Homo sapiens (HADHA): ctgtcctcttcagctcaagatg (Seq ID No: 16)

Hidroxiacil-CoA deshidrogenasa/3-cetoacil-CoA tiolase/enoil-CoA hidratasa (proteína trifuncional), subunidad beta de Homo sapiens (HADHB):
gggcccttttctgggcaggacccgccccttggtcccgcagagccttggtacttggacctgaaccttgctccgagagggagtcctcgcggacgtcagccaag attccagaatg (Seq ID No: 17)

Factor H de complemento de Homo sapiens (CFH):
cttccttttgcagcaagttctttcctgcactaatcacaattcttggaagaggagaactggacgttgtgaacagagttagctggtaaatgtcctcttaaaagatcca aaaaatg (Seq ID No: 18)

Sarcoglicano, gamma (proteína asociada a distrofina de 35kDa) de (SGCG) de Homo sapiens:
agccctttctccagggacagttgctgaagcttcatcctttgctctcattctgtaagtcatagaaaagtttgaaacattctgtctgtggtagagctcgggccagctgt
agttcattcgccagtgtgcttttcttaatatctaagatg (Seq ID No: 19)

Lipasa A, ácido lisosómico, colesterol esterasa (LIPA) de Homo sapiens:
ggtcccctatccgcaccccggcccctgagagctggcactgcgactcgagacagcggcccggcaggacagctccagaatg (Seq ID No: 20)

Lipoproteína lipasa (LPL) de Homo sapiens:
ccccctcttcctcctcctcaagggaaagctgcccacttctagctgccctgccatccccttaaagggcgacttgctcagcgccaaaccgcggctccagccct
ctccagcctccggctcagccggctcatcagtcggtccgcgccttgcagctcctccagagggacgcgccccgagatg (Seq ID No: 21)

Homólogo 1 mutL 1, cáncer de colon, tipo 2 no de poliposis (E. coli) (MLH1) de Homo sapiens:
ggctcttctggcgccaaaatg (Seq ID No: 22)

Enfermedad de Niemann-Pick de Homo sapiens, tipo C1 (NPC1):
cttccttcctgaccggcgcgcgcagcctgctgccgcggtcagcgcctgctcctgctcctccgctcctcctgcgcggggtgctgaaacagcccggggaagta
gagccgcctccggggagcccaaccagccgaacgccgccggcgtcagcagccttgcgcggccacagcatg (Seq ID No: 23)

Factor 12 de biogénesis peroxisomal de Homo sapiens (PEX12):
gcgcctctcttccgccaggcatcccagaggtcctggtggtttcatttccgggtgcggcttctgtcataaagcggagacctcccttcaaacgtggcgtcgtgggtt
gtttgcgcctcgcctggggtcagcgagcaaggacgggcgcgggcggggatactcaaagccaacagctggagtcagcccttgtgtcccgggctcacagt
ggcacgactgaatcctcagagtcggctggcttttgagctctcacgattggggaggaggggcgtttctggttcgcagctccagaggattgcgttccttccccc
atacctgtcccccacagtcacgctctgccctgacgtgcagcatttgacaagttacccctcgccacatactacttccacccacgtccgagttaactttgttctta
accttcttgagactaccctcggcctccaggtctttttttcccagttcatttttgcccataagattgagtttcgagtttcagatatcatgcagaaagtttacctttaagact
gagcacccatctgatactcttcctcccgaaaaagttcatgctcacgagagagtttgtgggaaaagtgaaagccagtacacgcaggaaactatg
(Seq ID No: 24)

Factor 6 de biogénesis peroxisomal de Homo sapiens (PEX6): cgctccttcaccctcctcgttggtgtcctgtcaccatg
(Seq ID No: 25)

Fosfofructocinasa de Homo sapiens, músculo (PFKM):
gagccttcttgtcagcatctgttagtggaggttgggaagcctctcctccttccccctccctctttgcctccacctggctcctccccatgttcgtccatcacccctccc
ccctttcccaaggacaatctgcaagaaagcagcggcggaggagagctaagactaaaagagtggatcatg (Seq ID No: 26)

Inhibidor de serpin peptidasa de Homo sapiens, clado A (alfa-1 antiproteinasa, antitripsina), miembro 1
(SERPINA1): ctgtctcctcagcttcaggcaccaccactgacctgggacagtgaatcgacaatg (Seq ID No: 27)

Homólogo de fosfatasa y tensina de Homo sapiens (PTEN):
agttctctcctctcggaagctgcagccatgatggaagtttgagagttgagccgctgtgaggcgaggccgggctcaggcgagggagatgagagacggcg
gcggccgcggcccggagcccctctcagcgcctgtgagcagccgcgggggcagcgccctcggggagccggccggcctgcggcggcggcagcggcg
gcgtttctcgcctcctcttcgtcttttctaaccgtgcagcctcttcctcggcttctcctgaaagggaaggtggaagccgtgggctcgggcgggagccggctgag
gcgcggcggcggcggcggcacctcccgctcctggagcgggggggagaagcggcggcggcggccgcggcggctgcagctccagggaggggg
tctgagtcgcctgtcaccatttccagggctgggaacgccggagagttggtctctccccttctactgcctccaacacggcggcggcggcggcacatcca
gggacccgggccggttttaaacctcccgtccgccgccgccgcacccccgtggcccgggctccggaggccgccggcggaggcagccgttcggaggat
tattcgtcttctccccattccgctgccgccgctgccaggcctctggctgctgaggagaagcaggcccagtcgctgcaaccatccagcagccgccgcagca
gccattacccggctgcggtccagagccaagcggcggcagagcgaggggcatcagctaccgccaagtccagagccatttccatcctgcagaagaagcc
ccgccaccagcagcttctgccatctctctcctccttttttcttcagccacaggctcccagacatg (Seq ID No: 28)

Familia 3 portadora de soluto de Homo sapiens (transportadores de cistina, aminoácido dibásico y neutro,
activador de cistina, transporte de aminoácido dibásico y neutro), miembro 1 (SLC3A1):
cctcccttactgcaggaaggcactccgaagacataagtcggtgagacatg (Seq ID No: 29)

Familia 3 de aldehído deshidrogenasa de Homo sapiens, miembro A2 (ALDH3A2):
ccgcctcccactccccagcgccccggaccgtgcagttctctgcaggaccaggccatg (Seq ID No: 30)
Bleomicin-hidrolasa de Homo sapiens (BLMH):
gtttctcccagcctcagcctccccgccgccgccgccgccgccgccgccgagccggtttccttttccggcgctccgggtgcgagagacaggtcgggccccc
taggcagcgagccgcagcgcaatcccggcgctcgcccaaggaccctggaagctaccgttaccccgccgggcagcgtgggcgccatg
(Seq ID No: 31)

Catepsina K de Homo sapiens (CTSK):
cctcctcctcttacccaaattttccagccgatcactggagctgacttccgcaatcccgatggaataaatctagcacccctgatggtgtgcccacactttgctgcc
gaaacgaagccagacaacagatttccatcagcaggatg (Seq ID No: 32)

Activador de gangliosido GM2 de Homo sapiens (GM2A):
gcttctttgcgtaaccaatactggaaggcatttaaaggcacctctgccgccacagaccttgcagttaactccgccctgacccacccttcccgatg

(Seq ID No: 33)

Hidroxisteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 de Homo sapiens (HSD17B4):
ccgcctcctcctgtcccgcagtcggcgtccagcggctctgcttgttcgtgtgtgtcgttgcaggccttattcatg (Seq ID No: 34)

Factor 2 citosólico de neutrófilo de Homo sapiens (NCF2):
ctctctctgcttctttccttttctctctcatggtagggttatgagtcagttgccaaaaggtggggacatttcctgatgcatttgcaacactgagaagttatcttaaggg
aggctgggccccattctactcatctggcccagaaagtgaacaccttgggggccactaaggcagccctgctaggggagacgctccaacctgtcttctctctgt
ctcctggcagctctcttggcctcctagtttctacctaatcatg (Seq ID No: 35)

3-oxoácido CoA transferasa 1 de Homo sapiens (OXCT1): cagcctcctcctgcctcaccgcccgaagatg (Seq ID No: 36)

Sulfito oxidasa de Homo sapiens (SUOX):
ccgccccttctcgagaactcgcagagctgggctggtaaaattgcagtgctgaagacactggacccgcaaaaggctgtccctcccaaacctgggattctgg
gctcactgagttcacctgcgagtcagccctacctgcactgctctggtctagtacaaacaggctgctggcattgagggacggagtctccaactcctggcctcta
gcagtcctcctgtgtaggtctcccaaagtgctagtgtgtccggaattggtgggttcttggtctcactgacttcaagaatgaagccgcggaccctcgcagtctgct
acaatg (Seq ID No: 37)

Albúmina de Homo sapiens (ALB): ttttctcttctgtcaaccccacacgcctttggcacaatg (Seq ID No: 38)

Arilsulfatasa A de Homo sapiens (ARSA):
ctccctctagcgccttcccccggcccgactccgctggtcagcgccaagtgacttacgcccccgaccctgagcccggaccgctaggcgaggaggatcag
atctccgctcgagaatctgaaggtgccctggtcctggaggagttccgtcccagcccgcggtctcccggtactgtcgggccccggccctctggagcttcagg
aggcggccgtcagggtcggggagtatttgggtccggggtctcagggaagggcggcgcctgggtctgcggtatcggaaagagcctgctggagccaagta
gccctccctctcttgggacagacccctcggtcccatg (Seq ID No: 39)

Elastina de Homo sapiens (ELN):
ctccctccctctttccctcacagccgacgaggcaacaattaggctttggggataaaacgaggtgcggagagcgggctggggcatttctccccgagatg
(Seq ID No: 40)

Hemoglobina, alfa 2 de Homo sapiens (HBA2): cactcttctggtccccacagactcagagagaacccaccatg (Seq ID No: 41)

Hexosaminidasa B de Homo sapiens (polipéptido beta) (HEXB):
cttcctctgatccgggccgggcgggaagtcgggtcccgaggctccggctcggcagaccgggcggaaagcagccgagcggccatg
(Seq ID No: 42)

Mannosidasa de Homo sapiens, alfa, clase 2B, miembro 1 (MAN2B1):
cggcctttccagggccggggaaccccaggaggaagctgctgagccatg (Seq ID No: 43)

Gen 2 de activación de recombinación de Homo sapiens (RAG2):
cactctctttacagtcagccttctgcttgccacagtcatagtgggcagtcagtgaatcttccccaagtgctgacaattaatacctggtttagcggcaaagattca
gagaggcgtgagcagcccctctggccttcagacaaaaatctacgtaccatcagaaactatg (Seq ID No: 44)

Molécula CD53 de Homo sapiens (CD53):
tctccttttacacaaatagccccggatatctgtgttaccagccttgtctcggccacctcaaggataatcactaaattctgccgaaaggactgaggaacggtgc
ctggaaaagggcaagaatatcacggcatg (Seq ID No: 45)

Fragmento Fc de IgG, IIIa de baja afinidad, receptor (CD16a) (FCGR3A): de Homo sapiens
tggtcccttagggctccggatatctttggtgacttgtccactccagtgtggcatcatg (Seq ID No: 46)

Interleucina 1, beta (IL1B) de Homo sapiens:
aaacctcttcgaggcacaaggcacaacaggctgctctgggattctcttcagccaatcttcattgctcaagtgtctgaagcagccatg (Seq ID No: 47)

Molécula CD4 de Homo sapiens (CD4):
ctgtctctcttcatttaagcacgactctgcagaaggaacaaagcaccctccccactgggctcctggttgcagagctccaagtcctcacacagatacgcctgtt
tgagaagcagcgggcaagaaagacgcaagcccagaggccctgccatttctgtgggctcaggtccctactggctcaggccctgcctccctcggcaagg
ccacaatg (Seq ID No: 48)

Inhibidor de serpin peptidasa de Homo sapiens, clado A (alfa-1 antiproteinasa, antitripsilna), miembro 5
(SERPINA5):
agccctctgcccttctgagcccgagggactgccacctccactgtgtgcacactcagctacgggacacatttcaggtatccaaggcagcagaggtgagtgg
gtccccgagctctgtgaccttatgctccacactaactctggcagagcctccgtttcctcatagaacaaagaacagccaccatg (Seq ID No: 49)

Vitronectina de Homo sapiens (VTN):
tgccctccttccctgtctctgcctctccctcccttcctcaggcatcagagcggagacttcagggagaccagagcccagcttgccaggcactgagctagaagc

cctgccatg (Seq ID No: 50)

Familia de aldehído deshidrogenasa de Homo sapiens, miembro A1 (ALDH9A1):
ccgcccctcccgcggccccgcccctcccgcggcccgtcagcctctgccgcggagctgcgtccgccactcatg (Seq ID No: 51)

Anexina A1 de Homo sapiens (ANXA1):
cttcctttaaaatcctataaaatcagaagcccaagtctccactgccagtgtgaaatcttcagagaagaatttctctttagttctttgcaagaaggtagagataaa
gacacttttttcaaaaatg (Seq ID No: 52)

ATPasa de Homo sapiens, transporte de Na+/K+, polipéptido alfa 1 (ATP1A1):
ttttctctctgattctccagcgacaggacccggcgccgggcactgagcaccgccaccatg (Seq ID No: 53)

ATPasa de Homo sapiens, transporte de Na+/K+, polipéptido alfa 2 (ATP1A2):
ctttctctgtctgccagggtctccgactgtcccagacgggctggtgtgggcttgggatcctcctggtgacctctcccgctaaggtccctcagccactctgcccca
agatg (Seq ID No: 54)
Canal de calcio de Homo sapiens, subunidad beta 3, dependiente de voltaje (CACNB3):
ccctccttcgcgctctctcgctccctgccgccgcccgcagggctgcggggctcggtggcatctcccgggcgcggcccgcagtccttgcccctgcctccggg
ccgctcccgcccccggcgccgctcgctccccgacccggactcccccatg (Seq ID No: 55)

Receptor colinérgico de Homo sapiens, nicotínico, alfa 7 (neuronal) (CHRNA7):
gtgcctctgtggccgcaggcgcaggcccgggcgacagccgagacgtggagcgcgccggctcgctgcagctccgggactcaacatg
(Seq ID No: 56)

Citocromo P450 de Homo sapiens, familia 51, subfamilia A, polipéptido 1 (CYP51A1):
gcttctctcgttccgtcgattgggaggagcggtggcgacctcggccttcagtgtttccgacggagtgaatg (Seq ID No: 57)

Glutamato-descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kDa) (GAD1):
atctctctcttctcctggcgctcgcgtgcgagagggaactagcgagaacgaggaagcagctggaggtgacgccgggcagattacgcctgtcagggccga
gccgagcggatcgctgggcgctgtgcagaggaaaggcgggagtgcccggctcgctgtcgcagagccgagcctgtttctgcgccggaccagtcgagga
ctctggacagtagaggccccgggacgaccgagctgatg (Seq ID No: 58)

Gamma-glutamil-carboxilasa de Homo sapiens (GGCX):
aattctcctggcggcctccgttcagacgcggcagctgtgacccacctgcctcctccgcagagcaatg (Seq ID No: 59)

Receptor de glutamato de Homo sapiens, metabotrópico 3 (GRM3):
tcccctctttccccaacctcctccctctcttctactccacccctccgttttcccactccccactgactcggatgcctggatgttctgccaccgggcagtggtccagc
gtgcagccgggaggggcaggggcaggggcactgtgacaggaagctgcgcgcacaagttggccatttcgagggcaaaataagttctcccttggatttt
ggaaaggacaaagccagtaagctacctcttttgtgtcggatgaggaggaccaaccatgagccagagcccgggtgcaggctcaccgccgccgctgcca
ccgcggtcagctccagttcctgccaggagttgtcggtgcgaggaattttgtgacaggctctgttagtctgttcctcccttatttgaaggacaggccaaagatcca
gtttggaaatgagagaggactagcatgacacattggctccaccattgatatctcccagaggtacagaaacaggattcatgaagatg
(Seq ID No: 60)

Guanilato ciclasa 1 de Homo sapiens, soluble, alfa 3 (GUCY1A3):
ggttcctttggggtgatcaaagagggagacacagacacagagagacaaaggcaaggaggactgtctgggagccacgcgggcgatacagtttccgag
gcacgccgcgtcccgcctagcctgttgaacaggtagacatgagcgacccaagctgcggatttgcgaggcgcgccctggagctgctagagatccggaag
cacagccccgaggtgtgcgaagccaccaagtcaagttcctaacgagtcttcagaggaggcagcaggaagctcagagagctgcaaagcaaccgtgcc
catctgtcaagacattcctgagaagaacatacaagaaagtcttcctcaaagaaaaaccagtcggagccgagtctatcttcacactttggcagagagtatttg
caaactgattttcccagagtttgaacggctgaatgttgcacttcagagaacattggcaaagcacaaaataaaagaaagcaggaaatctttggaaagaga
agactttgaaaaaacaattgcagagcaagcagttgcagcaggagttccagtggaggttatcaaagaatctcttggtgaagaggttttaaaatatgttacga
ggaagatgaaaacatccttggggtggttggaggcacccttaaagatttttaaacagcttcagtacccttctgaaacagagcagccattgccaagaagcag
gaaaaaggggcaggcttgaggacgcctccattctatgcctggataaggaggatgattttctacatgtttactacttcttccctaagagaaccacctccctgatt
cttcccggcatcataaaggcagctgctcacgtattatatgaaacggaagtggaagtgtcgttaatg (Seq ID No: 61)

3-hidroxi-3-metilglutaril-CoA reductasa de Homo sapiens (HMGCR):
ggctccttccgctccgcgactgcgttaactggagccaggctgagcgtcggcgccggggttcggtggcctctagtgagatctggaggatccaaggattctgta
gctacaatg (Seq ID No: 62)

IMP (inosina 5'-monofosfato) deshidrogenasa 2 de Homo sapiens (IMPDH2):
aggtctctgcggcgcggtcctcggagacacgcggcggtgtcctgtgttggccatg (Seq ID No: 63)

Leucotrieno A4 hidrolasa de Homo sapiens (LTA4H):
acttcctttcccggcgtgcaccgcgaatccctcctcctcttctttacctctctcctcctcctcaggttctctatcgacgagtctggtagctgagcgttgggctgtag
gtcgctgtgctgtgtgatcccccagagccatg (Seq ID No: 64)

Receptor Y1 de neuropéptido Y de Homo sapiens (NPY1R):

ccttctttaataagcaggagcgaaaaagacaaattccaaagaggattgttcagttcaagggaatgaagaattcagaataattttggtaaatggattccaatat ggggaataagaataagctgaacagttgacctgctttgaagaaacatactgtccatttgtctaaaataatctataacaaccaaaccaatcaaaatg (Seq ID No: 65)

Piruvato-deshidrogenasa (lipoamida) beta de Homo sapiens (PDHB):
cggcccctctgttgtcgtttggcagcggatagaggacacgaccaagatg (Seq ID No: 66)

Proteína ribosómica similar a L36a de Homo sapiens (RPL36AL):
cttccctttcctgttaggcgagagctgcgaaaggcgagagctgcgaagggccaggtgtcgggcgctgtttctcgttttcatcatatagacaaaacagccctgc tgcaaagatg (Seq ID No: 67)

ATPasa de Homo sapiens, transporte de Ca++, tipo 2C, miembro 1 (ATP2C1):
gcttcttctcacgccgggagcaggctcccgcctcgcaccgctgccccgcgagcagctcctcttctcccgaggcgcgcggggcgcccccgcgagccccgc ggctgagaccccgcagcctggaggagggctgtccggggctttggatgctgctgctaggggtggtgggagcagccgtgggacgcgtggccgggagcgg gggtgacagcctgggattccgggggcttctcttccttgtcctcctcctctcctctctattcccagtgtggccgtggctgacactaaagactttgtagccatcaacc cgagtgcagtttcgatggaaaatg (Seq ID No: 68)

UDP-glucosa pirofosforilasa 2 de Homo sapiens (UGP2):
ccgcctctttcattgaagaaatttaagttcgtgtggttttacctttccgggagtctccagctggccctcatttgtgtccggagctcaggagttcccaaaccgactc agtcgcaccaagtttccgtctttggaattggggaaggagtttctttctttctttttctttttcttgagccagttttaatcgctttgaataaatactcccttaagtagttaaat ataggaggagaaagaatacatcggttgttaaagcaggagaggaagagagacctgccctgtagcgtgactcctctagaaaaaaaaaaaaaaaagccgg agtattttactaagcccctaaaatg (Seq ID No: 69)

ATPasa de Homo sapiens, transporte de Na+/K+, polipéptido beta 1 (ATP1B1):
cctcctcctgctcctgccttggctcctccgccgcgcgtctcgcactccgagagccgcagcggcagcggcgcgtcctgcctgcagagagccaggccggag aagccgagcggcgcagaggacgccagggcgcgcgccgcagccacccacccctccggaccgcggcagctgctgacccgccatcgccatg (Seq ID No: 70)

Glicoproteína M6B (GPM6B): de Homo sapiens
ctgtctttatggaccagtaggcagagcgaaattgacgctgacaagacttttgcatcttggaagggactgtaatctactgtagtgaagaacagagcctctcaat cagacgggtgtaaataagagacggaggggagtccaaaagaaaaggaagaggaggaaaaacaagtgtgtgttgggggggaacaggggggaaaagca tttttggtggatggtatg (Seq ID No: 71)

Homólogo de wntless de Homo sapiens (Drosophila) (WLS):
gctcctttaagcgtccacaggcggcggagcggccacaatcacagctccgggcattgggggaacccgagccggctgcgccgggggaatccgtgcgggc gccttccgtcccggtcccatcctcgccgcgctccagcacctctgaagttttgcagcgcccagaaaggaggcgaggaaggagggagtgtgtgagaggag ggagcaaaaagctcaccctaaaacatttatttcaaggagaaaagaaaaagggggggcgcaaaaatg (Seq ID No: 72)

Mono-oxigenasa 3 que contiene flavina de Homo sapiens (FMO3):
ttttctctttcaaactgcccagacggttggacaggacgtagacacacagaagaaaagaagacaaagaacgggtaggaaaattaaaaaggttaccatg (Seq ID No: 73)

Dominios C2 múltiples de Homo sapiens, transmembrana 1 (MCTP1):
cagcctcttttgccggtattcagtgaagaaagcaagtctaaatatgcagttctctcactggagtgaaagatgttttgttcatttctaatcaactatg (Seq ID No: 74)

Mantenimiento estructural de Homo sapiens de cromosomas 4 (SMC4):
ccgcctctcggcgagcccgccctcttctgaagaggcgtttctggaccactgagccccgcctcccactgtgagcggaaccctaccgtttttaaaaaaatctttttt caaaacttgccaggttgtctttccaaatatttttaataatagtgctgctgctgtagaccacagagaaaagaatccctcgctcttccttttcacttagtagaaacttct accgcgtaggtcccgccaggagttcgcgcatgcgcaggagcgacaataagatggcggtgataatcgccgcacttttttttcaaattagtggatcccagaaat cattgcgcgcatttgtaacgaatttccgttcgagtttgtattttaggcgccattttcgagtgaaggacccggagccgaaacaccggtaggagcggggaggtg ggtactacacaaccgtctccagccttggtctgagtggactgtcctgcagcgaccatg (Seq ID No: 75)

Homólogo mediador de exportación de GLE1 ARN de Homo sapiens (levadura) (GLE1):
tggccttcccggcggctgattcgagggcttgtttggtcagaaggggggcgtcagagaagctgccccttagccaaccatg (Seq ID No: 76)

Motivo tripartito de Homo sapiens que contiene 6 (TRIM6):
gagtctttcggcctgggtggaggacgcggctgcttcaagtccttggctctgatccaggccacagattccaggattctacaggcaggaaacatcttagaaatc agggttgggcaggcaggagccaggagagtagctacaatg (Seq ID No: 77)

Sitio 2A de integración viral ecotrópica de Homo sapiens (EVI2A):
tatccttttttactgcagatttactttaaggctcatattctccaagtctattctgctttaaaaagaagacaagaaaagaagtggtttatcaaaatcacgttataatca gattttgaccaagcattttgtaagtatacaaatgtcagccaatgacatataacaaccatttcttataaaaccttgatgttcaaaagcctgactagcagtggcatc catg (Seq ID No: 78)

Ribonucleoproteína L nuclear heterógena de Homo sapiens (HNRNPL):

tgctcttttcgatccgggacggccggtcaggctcgccgccgagctggagaactacgatgacccgcacaaaaacccctgcctccccagttgtccacatcagg ggcctgattgacggtgtggtggaagcagaccttgtggaggccttgcaggagtttggacccatcagctatgtggtggtaatg (Seq ID No: 79)

Factor 2 de inicio de traducción mitocondrial de Homo sapiens (MTIF2):
cattcttccgggtccagaaggtgatctccgcccgtgctcagaatccaggggcccggggctgtagattccttgacaaggatatcctagcggcgaaacaaca ccgtactgggagtcagaacgtctgggttctagtcttgactgccattaactagcggtatgacattggagaagctttttgacccttctggatttccgtttccttttctgta aaatgaggagcttggaagatccggaaaatgaggcccataggaaacaagtgacttgctgagtccagataacactgactgtcagagagaaacatg (Seq ID No: 80)

Factor nuclear de Homo sapiens de potenciador de gen de polipéptido ligero kappa en inhibidor de células B, zeta (NFKBIZ):
tggcctcctcttgccacgaggtcagacggcgagttcttagagaaaaaggctgcttagctgctgcttatcatgtaacctcaaaaggaaactgatcgtctttctca tgctgtcacgtacttgggttattatcgctgattacagctggaaacaattgatttgctcttacgtatttgtgtgacttgactcttcaaacacaaaggttaacaggaag atctcgagggccctggctgaacttcacctttggctttcttggcctgatgctgaactctcgaggttgagccccatatg (Seq ID No: 81)

Homólogo 3 de oncogen viral de leucemia eritoblástica v-erb-b2 de Homo sapiens (aviar) (ERBB3):
atccctccccggactccggctccggctccgattgcaatttgcaacctccgctgccgtcgccgcagcagccaccaattcgccagcggttcaggtggctcttgc ctcgatgtcctagcctaggggcccccgggccggacttggctgggctcccttcaccctctgcggagtcatg (Seq ID No: 82)

Podoplanina de Homo sapiens (PDPN): ccgcctcctcgggagagataaatg (Seq ID No: 83)

Ribonucleótido reductasa M1 de Homo sapiens (RRM1):
gcgcccctttgtgcgtcacgggtggcgggcgcgggaaggggatttggattgttgcgcctctgctctgaagaaagtgctgtctggctccaactccagttctttcc cctgagcagcgcctggaacctaaccttcccactctgtcaccttctcgatcccgccggcgctttagagccgcagtccagtcttggatccttcagagcctcagc cactagctgcgatg (Seq ID No: 84)

Familia 2 de portador soluto de Homo sapiens (transportador de glucosa facilitado), miembro 4 (SLC2A4):
gcgtcttttccccccagccccgctccaccagatccgcgggagccccactgctctccgggtccttggcttgtggctgtgggtcccatcgggcccgccctcgcac gtcactccgggacccccgcggcctccgcaggttctgcgctccaggccggagtcagagactccaggatcggttctttcatcttcgccgcccctgcgcgtcca gctcttctaagacgagatg (Seq ID No: 85)
Esteroide-5-alfa-reductasa de Homo sapiens, polipéptido 1 alfa (3-oxo-5 alfa-esteroid delta 4-deshidrogenasa alfa 1) (SRD5A1):
aacccttttctgcagagtcccggcagtgcgggactccggtagccgcccctccggtagccgcccctcctgcccccgcgccgccgccctatatgttgcccgccg cggcctctggggcatggagcacgctgcccagccctggcgatg (Seq ID No: 86)

Tromboxano A sintasa 1 de Homo sapiens (plaqueta) (TBXAS1):
gttccctttctacctgcagagcacggttcccataagggcggcgagatcagcctcctgtctcatctggaagaccaccactctggggtctcagaggaatg (Seq ID No: 87)

Tranesquetolasa de Homo sapiens (TKT): ctatctctgtgtgtccgcgtgtgcgcccggtccccgcctgccgcaccatg (Seq ID No: 88)

Superfamilia del receptor de factor de necrosis tumoral de Homo sapiens, miembro 1A (TNFRSF1A):
cctcctcctccagctcttcctgtcccgctgttgcaacactgcctcactcttcccctcccaccttctctccctcctctctgctttaattttctcagaattctctggactga ggctccagttctggccctttggggttcaagatcactgggaccaggccgtgatctctatgcccgagtctcaaccctcaactgtcaccccaaggcacttgggacgt cctggacagaccgagtcccgggaagccccagcactgccgctgccacactgccctgagcccaaatgggggagtgagaggccatagctgtctggcatg (Seq ID No: 89)

Tubulina de Homo sapiens, clase IIa beta 2A (TUBB2A):
aggtctctgcgcagcccagcccgccggtccacgccgcgcaccgctccgagggccagcgccacccgctccgcagccggcaccatg (Seq ID No: 90)

Actina, beta de Homo sapiens (ACTB): tcgcctttgccgatccgccgcccgtccacacccgccgccagctcaccatg (Seq ID No: 91)

Adenilosuccinato sintasa de Homo sapiens (ADSS):
ggctccttcttcctctgcatgtggctggcggccgcagagcagttcagttcgctcactcctcgccggccgcctctccttcgggctctcctcgcgtcactggagcca tg (Seq ID No: 92)

Alanil aminopeptiasa (membrana) de Homo sapiens (ANPEP):
cgttctctgcctggcctgaggctccctgagccgcctccccaccatcaccatg (Seq ID No: 93)

Proteína 1 estructural de filamento nucleado de Homo sapiens, filensina (BFSP1):
gcctcctttctttctcagcccagacctggccctctggagagggttttggagtcctgggtaggcagggtacctcaggcagcaggcagcacaccttggatgtga gctgaatggattttcaaatttcacagaaggagcctccatgctggagaaagtatgtatg (Seq ID No: 94)

Factor 3 de transcripción básico de Homo sapiens (BTF3):
cggcctccctttagctgccatcttgcgtccccgcgtgtgtgcgcctaatctcaggtggtccacccgagacccctgagcaccaaccctagtcccccgcgcgg
ccccttattcgctccgacaagatg (Seq ID No: 95)
Componente 1 de complemento de Homo sapiens, proteína de ligación de subcomponente q (C1QBP):
ttgtcctttgcatctgcacgtgttcgcagtcgtttccgcgatg (Seq ID No: 96)

Calsequestrina 1 de Homo sapiens (músculo esquelético, constracción rápida) (CASQ1):
tttcctttcttaatatggcgatgagctcttaggccagtgtggggaccggggctgaggtgccctggacactggaggaggggagggaaggagcccctggga
gcctggggtagaagtgtaggaggtgggaggattccggcccgcatggagctgtcctggcctcagaaggttatccgtctctcctgccaaccatggagacatat
ttagacaggaccaggtggggactgaggggtgccaatttcaggggcagctccggttcctccccgccccctgctcctattcctccacctgacccttttccctt
ggctctgtcggcagtttctccaggacccagcagtgccctctgtccactgctctgggccattccccaatccccctcccacttgagcccctaactcagaatctgg
gacccaggggcccctccctaccccagctaacctcttctggaccaggagagccaacccagatcccactacctccatg (Seq ID No: 97)

Caveolina 3 de Homo sapiens (CAV3):
gtctctctgcccctctctgccccaagtattttcagccccagccggccacacagctcggatctcctcctgtggatccccccagctctgcgatg (Seq ID No:
98)

Inhibidor de serpin peptidasa de Homo sapiens, clado H (proteína 47 de choque térmico), miembro 1,
(proteína 1 de ligación a colágeno) (SERPINH1):
aggtctttggctttttttggcggagctggggcgccctccggaagcgtttccaactttccagaagtttctcgggacgggcaggaggggggtggggactgccatat
atagatcccgggagcaggggagcgggctaagagtagaatcgtgtcgcggctcgagagcgagagtcacgtcccggcgctagcccagcccgacccagg
cccaccgtggtgcacgcaaaccacttcctggccatg (Seq ID No: 99)

Molécula CD68 de Homo sapiens (CD68):
tttcctcctttccaagagagggctgagggagcagggttgagcaactggtgcagacagcctagctggactttgggtgaggcggttcagccatg (Seq ID
No: 100)

Homólogo de ciclo 20 de división celular de Homo sapiens (S. cerevisiae) (CDC20):
gggtccctttctgtcccctgagcaccgtcgcctcctttcctccagggctccgtaggcaccaactgcaaggacccctcccccctgcgggcgctcccatg (Seq
ID No: 101)
Caderina 13 de Homo sapiens, H-caderina (corazón) (CDH13):
gagcctctcctcaaagcctggctcccacggaaaatatgctcagtgcagccgcgtgcatgaatgaaaacgccgccgggcgcttctagtcggacaaaatg
(Seq ID No: 102)

Homo sapiens regulador de la condensación de cromosomas (RCC1) y proteína 2 que contiene el dominio
BTB (POZ) (RCBTB2):
cgctcccttcgtttccgtctcggccgggcacccgagcgcatcccgccgaggccgggccgtttcaggggggaggcgccaactcatcgcggcgccgggcccc
tgaccgtgcagtaaccgctacccaggaggcggagcggacaaggctccggcctgcgaggagtcacattaactttgctctagaagacaactttacaaggat
ctaaaaggaacaggattaaagatgactgaatactgggttccagaaatttaaaacaatcagcttagcaaatcatatattcttctgtggagctgagaattgatgt
ccgctcttccccgtgatttggaactttccaatcccagagaaaagttgacaaagggactgcccaggactgagtccatatg (Seq ID No: 103)

Proteína de ligación a ARN inducible por frío de Homo sapiens (CIRBP):
ccccccctcactcgcgcgttaggaggctcgggtcgttgtggtgcgctgtcttcccgcttgcgtcagggacctgcccgactcagtggccgccatg (Seq ID
No: 104)

Ligación 2 de dominio LIM de Homo sapiens (LDB2):
cctcctctcctctccctctcctctcctgctatagagggctccgacagcagttcccagccagcgtgttcagcctgcctgcctgcctgcctctgtgtgtgtgtgagcgt
gtgtgcgtgcgtctactttgtactgggaagaacacagcccatgtgctctgcatggacgttactgatactctgtttagcttgattttcgaaaagcaggcaagatg
(Seq ID No: 105)
Canal de cloruro de Homo sapiens, sensible a nucleótido, 1A (CLNS1A):
ctgcctcttccagggcgggcggtgtggtgcacgcattgctgtgctccaactccctcagggcctgtgttgccgcactctgctgctatg (Seq ID No: 106)

Proteína 1 mediadora de respuesta de colapsina de Homo sapiens (CRMP1):
cctcctccttctcccgccctcctcgccgatccgggcggtgctggcagccggagcggcggcgggcgggccgagcagccggggcagccgcgcgtgggca
tccacgggcgccgagcctccgtccgtgtctctatccctcccgggcctttgtcagcgcgcccgctgggagcggggccgagagcgccggttccagtcagaca
gccccgcaggtcagcggccgggccgagggcgccagaggggccatg (Seq ID No: 107)

Catenina de Homo sapiens (proteína asociadsa a caderina), delta 1 (CTNND1):
ttgcctttggctgggtgcaacttccattttaggtgttggatctgagggggaaaaaaaagagagagggagagagagaaagaagagcaggaaagatcc
cgaaaggaggaagaggtggcgaaaaatcaactgccctgctggatttgtctttctcagcaccttggcgaagccttgggtttctttcttaaaggactgatttttaga
actccacatttgaggtgtgtggcttttgaagaaaatgtatgtactgacgggaaaaggaggataagcaagtcgaatttttgtcttacgctctctccttcctgcttcct
ccttgctgtggtggctgggatgcttcttccatgatttttgaatctagactgggctgttctctgtgttaaaccaatcagttgcgaccttctcttaacagtgtgaagtgag
ggggtctctctccctccttctccttcctctgtgattcaccttccttttttaccctgccctgcggcggctccgcccccttaccttcatg (Seq ID No: 108)

Diacilglicerol cinasa de Homo sapiens, alfa 80kDa (DGKA):
ccgtcccctccagcccagctcgggctccagctccagcgccggcgcttcagctgcgaccgcgagccctctcaagcaagatataacttccccaagtcacac
agtggtatcagagctaagaatgggacccagatatgactgatctagttctgttccaaaaccgtgctgtattatattaacgcctaccctctgaagaggtccaagc
aacggaagtactactacgaagctgccttttctggccatccttgagaaaaatagacagatgagttcctgccagtgagtccctaggcctccatctctctcccttgct
gtaccaccttcaccaccatccatgcgaccccaagagccttaatgactctagaagagactccaggcaggggaagctgaaaggacctttcactccctacttttt
ggccagggccttctgtgccacctgccaagaccagcaggcctaccctctgaagaggtccaagcaacggaagtactactacgaagctgcctttctggccatc
cttgagaaaaatagacagatg (Seq ID No: 109)

Aspartil-ARNt sintetasa de Homo sapiens (DARS):
cgatctttctggagccgcacctccacgcggagtccgagcgcgtgtgctgagaccccagggtcgggagggcggagactgggagggagggagaagccc
ctttggcctgccttacggaagcctgcgagggagggtggtgtccactgcccagttccgtgtcccgatg (Seq ID No: 110)

Dineina de Homo sapiens, cadena intermedia 2 citoplásmica 1, (DYNC1I2):
agttcttctcgatcgtgtcagtttgtaaggcgagggcggaagttggattcctggcctgagaatattaggcgtagttttccagtttttggcaaagcggaaatactta
aggcccctgggttgactgggttctttgttttatctaccggcttctgctttacgacaggtcacaaacatg (Seq ID No: 111)

Dedicador de citocinesis 1 de Homo sapiens (DOCK1):
tttcctccccatcctgtcgcggctcgaaaggaatggaaaatggcggcctagacgcggagtttcctgcccgacccgcggcggctccggcggcgccatg
(Seq ID No: 112)

similar a dihidropirimidinasa 2 de Homo sapiens (DPYSL2):
ctctctctttttttttccgccctagctggggctgtgttggaggagaggaagaaagagagacagaggattgcattcatccgttacgttcttgaaatttcctaatagca
agaccagcgaagcggttgcacccttttcaatcttgcaaaggaaaaaaacaaaacaaaacaaaaaaaacccaagtccccttcccggcagtttttgccttaa
agctgccctcttgaaattaatttttttcccaggagagagatg (Seq ID No: 113)

Proteína de ligación 2a GTP desarrolladamente regulada de Homo sapiens (DRG2):
tgttctctttggcttccgggcgcacgctactctgtcgccgccgtcagaccggaattgccggtgccgccgccaccgctgtctgtgcgcccacctctgctgctacc
atg (Seq ID No: 114)

Factor 1 de alargamiento de traducción eucariótica-alfa 1 de Homo sapiens (EEF1A1):
cgttctttttcgcaacgggtttgccgccagaacacaggtgtcgtgaaaactacccctaaaagccaaaatg (Seq ID No: 115)

Factor de alargamiento de traducción eucariótica-gamma de Homo sapiens (EEF1G):
tctcctctttccccctcccttctctcccgggcggcttactttgcggcagcgccgagaaccccaccccctttctttgcggaatcaccatg (Seq ID No: 116)

Factor 2 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens subunidad 3 gamma, 52kDa (EIF2S3):
atttccttcctctttggcaacatggcgggc (Seq ID No: 117)

Factor 4B de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens (EIF4B): gggtcttttgcgttctctttccctctcccaacatg
(Seq ID No: 118)

Factor 4 de inicio de traducción eucariótica gamma de Homo sapiens, 2 (EIF4G2):
tattcttttgaagattcttcgttgtcaagccgccaaagtg (Seq ID No: 119)

Proteína 1 de membrana epitelial de Homo sapiens (EMP1):
cttcccctcagtgcggtcacatacttccagaagagcggaccagggctgctgccagcacctgccactcagagcgcctctgtcgctgggacccttcagaactc
tctttgctcacaagttaccaaaaaaaaaaagagccaacatg (Seq ID No: 120)

Fibrillarina de Homo sapiens (FBL):
cgctcttttccacgtgcgaaagccccggactcgtggagttgtgaacgccgcggactccggagccgcacaaaccagggctcgccatg (Seq ID No:
121)

Similar a exostosas 2 (múltiple) de Homo sapiens (EXTL2):
ctgtcccttgctccaggcgctcactttgcgggcggcacttttccaggttgttaatccagctaatggagaaggatagatgcacgctacttggtttagaaaaaaa
aacaaaaatgagcaaacgagacgccccttccgttttatgataactaagctgcagggaaataaatcggctggccctactgcaatctactgcactcgagaaa
catcacagaaaattctttgatttatcttaatagtgacaagtgagcctgcttctgtcaattactgaagctataaggagatttttaaaaattaaacttcaacacaatg
(Seq ID No: 122)

Familia 37 de portador de soluto de Homo sapiens (transportador de glucosa-6-fosfato), miembro 4
(SLC37A4):
ccgcctctgttcaggacactgggtccccttggagcctccccaggcttaatgattgtccagaaggcggctataaagggagcctgggaggctgggtggagga
gggagcagaaaaaacccaactcagcagatctgggaactgtgagagcggcaagcaggaactgtggtcagaggctgtgcgtcttggctggtagggcctg
ctcttttctaccatg (Seq ID No: 123)

Inhibidor 2 de disociación de GDP de Homo sapiens (GDI2):

agccctcccctcctcgctccctcccctcctctccccgcccagttcttctcttcccgtctgaggtggcggtcggtctcgccttgtcgccagctccattttcctctctttct cttcccctttccttcgcgcccaagagcgcctcccagcctcgtagggtggtcacggagcccctgcgccttttccttgctcgggtcctgcgtccgcgcctgccccg ccatg (Seq ID No: 124)

1,4-galactosiltransferasa beta UDP-Gal:betaGlcNAc de Homo sapiens, polipéptido 1 (B4GALT1): cacccttcttaaagcggcggcgggaagatg (Seq ID No: 125)

GDP-manosa 4,6-deshidratasa de Homo sapiens (GMDS): ggccctccctgcacggcctcccgtgcgcccctgtcagactgtggcggccggtcgcgcggtgcgctctccctccctgcccgcagcctggagaggcgcttcgt gctgcacacccccgcgttcctgccggcaccgcgcctgccctctgccgcgctccgccctgccgccgaccgcacgcccgccgcgggacatg (Seq ID No: 126)

Histona desacetilasa 2 de Homo sapiens (HDAC2): ggccccctcctcgcgagttggtgccgctgccacctccgattccgagctttcggcacctctgccgggtggtaccgagccttcccggcgccccctcctctcctcc caccggcctgcccttccccgcgggactatcgccccacgtttccctcagccctttctctcccggccgagccgcggcggcagcagcagcagcagcagca gcaggaggaggagcccggtggcggcggtggccggggagcccatg (Seq ID No: 127)

Proteína arginina metiltransferasa 2 de Homo sapiens (PRMT2): gggccttcccggctgacggcctgcgtgcactgcgcttgcgcgggttgagggcggtggctcaggctcctggaaaggaccgtccacccctccgcgctggcg gtgtggacgcggaactcagcggagaaacgcgattgagagcagtgtgtggattacactatcactggaaaaatacgaattgagaagaaggaaaagactg gaagatgcagaccttggttcctgttagtggaaacactgtaaggtcccagaaatggaaaagaaaatgaaataaatcagcagttatgaggcagagcctaag agaactatg (Seq ID No: 128)

Proteína 1 de ligación a inmunoglobulina (CD79A) de Homo sapiens (IGBP1): gttcctctctccccaagatg (Seq ID No: 129)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad E (EIF3E): actccctttctttggcaagatg (Seq ID No: 130)

Molécula de adhesión de células de leucocitos activadas de Homo sapiens (ALCAM): gtccctctactcagagcagcccggagaccgctgccgccgctgccgctgctaccaccgctgccacctgaggagacccgccgccccccgtcgccgcctc ctgcgagtccttcttagcacctggcgtttcatgcacattgccactgccattattattatcattccaatacaaggaaaataaaagaagataccagcgaaaagaa ccgcttacacctttccgaattactcaagtgtctcctggaaacagagggtcgttgtccccggaggagcagccgaagggcccgtgggctggtgttgaccggga gggaggaggagttgggggcattgcgtggtggaaagttgcgtgcggcagagaaccgaaggtgcagcgccacagcccaggggacggtgtgtctgggag aagacgctgcccctgcgtcgggacccgccagcgcgcgggcaccgcggggcccgggacgacgccccctcctgcggcgtggactccgtcagtggccca ccaagaaggaggaggaatatg (Seq ID No: 131)

Aciloxiacil hidrolasa (neutrófilo) de Homo sapiens (AOAH): ttttctttatcctgcagtctttacctcagcagaaccgcacaccacagactccctccagctctttgtgtgtggctctctcagggtccaacaagagcaagctgtgggt ctgtgagtgtttatgtgtgcttttattcacttcacacttattgaaaagtgtgtatgtgagagggtggggtgtgtgtgtcaaagagagtgaggaagagaaggagag agagatcaattgattctgcagcctcagctccagcatccctcagttgggagcttccaaagccgggtgatcacttggggtgcatagctcggagatg (Seq ID No: 132)

Factor 1 de ADP-ribosilación de Homo sapiens (ARF1): ccgcccccttacccggcgtgccccgcgcccggaggcgctgacgtggccgccgtcagagccgccatcttgtgggagcaaaaccaacgcctggctcggag cagcagcctctgaggtgtccctggccagtgtccttccacctgtccacaagcatg (Seq ID No: 133)

Factor 6 de ADP-ribosilación de Homo sapiens (ARF6): gcgccttttccggcagcggcggcggcagaactgggaggaggagttggaggccggagggagcccgcgctcggggcggcggctggaggcagcgcacc gagttcccgcgaggatccatgacctgacggggccccggagccgcgctgcctctcgggtgtcctgggtcggtggggagcccagtgctcgcaggccggcg ggcgggccggagggctgcagtctccctcgcggtgagaggaaggcggaggagcgggaaccgcggcggcgctcgcgcggcgcctgcgggggggaag ggcagttccgggccgggccgcgcctcagcagggcggcggctcccagcgcagtctcagggcccgggtggcggcggcgactggagaaatcaagttgtg cggtcggtgatgcccgagtgagcgggggcctgggcctctgcccttaggaggcaactcccacgcaggccgcaaaggcgctctcgcggccgagaggctt cgtttcggtttcgcggcggcggcggcgttgttggctgaggggacccgggacacctgaatgcccccggccccggctcctccgacgcgatg (Seq ID No: 134)

Miembro A de la familia homóloga ras de Homo sapiens (RHOA): cgccctcccgccgccgcccgccctcgctctctcgcgctaccctcccgccgcccgcggtcctccgtcggttctctcgttagtccacggtctggtcttcagctacc cgccttcgtctccgagtttgcgactcgcggaccggcgtccccggcgcgaagaggctggactcggattcgttgcctgagcaatg (Seq ID No: 135)

Miembro G de la familia homóloga ras de Homo sapiens (RHOG): cggcctcccgctctcacttccttctcgagcccggagccgctgccgccgcccccagctcccccgcctcggggagggcaccaggtcactgcagccagagg ggtccagaagagagaggaggcactgcctccactacagcaactgcacccacgatg (Seq ID No: 136)

ATP sintasa, transporte de H+, complejo F1 mitocondrial, subunidad O de Homo sapiens (ATP5O):

ctctcttcccactcgggtttgacctacagccgcccgggagaagatg (Seq ID No: 137)

Linfoide B tirosina cinasa de Homo sapiens (BLK):
ccacctctgtctgctgccggcagaaagccacaagccatgaaaactgattgagatgagaagaattcatctgggactggcttttgctttaggatggtgttggaa
gttgctcgttgtcgctaggagcctgctccactgtaagggtgtcaggatctgaagagctatggtgaaacaccactgaagcattgccaaggatg (Seq ID No: 138)

Gen 1 de translocación de células B de Homo sapiens, anti-proliferativo (BTG1):
gcatctcttcgcctctcggagctggaaatgcagctattgagatcttcgaatgctgcggagctggaggcggaggcagctggggaggtccgagcgatgtgac
caggccgccatcgctcgtctcttcctctctcctgccgcctcctgtctcgaaaataacttttttagtctaaagaaagaaagacaaaagtagtcgtccgcccctca
cgccctctcttcctctcagccttccgcccggtgaggaagcccggggtggctgctccgccgtcggggccgcgccgccgagccccagccgccccgggccgc
ccccgcacgccgcccccatg (Seq ID No: 139)

Ligando modulador de calcio de Homo sapiens (CAMLG):
cggcctctagtcatcgccctcgcagcggcggccaacatcaccgccactgccacccctcccagactgtggacgggaggatg (Seq ID No: 140)

Calnexina de Homo sapiens (CANX):
aggcctcttggttctgcggcacgtgacggtcgggccgcctccgcctctctctttactgcggcgcggggcaaggtgtgcgggcgggaaggggcacgggca
cccccgcggtccccgggaggctagagatcatg (Seq ID No: 141)

Calpain 2 de Homo sapiens, subunidad grande (m/II) (CAPN2): cgacctttctctgcgcagtacggccgccgggaccgcagcatg (Seq ID No: 142)

Caveolina 1 de Homo sapiens, proteína caveolae, 22kDa (CAV1):
gcgccttttttcccccatacaatacaagatcttccttcctcagttcccttaaagcacagcccagggaaacctcctcacagttttcatccagccacgggccag
catg (Seq ID No: 143)

Molécula CD1d de Homo sapiens (CD1D):
cgacctctttgcagctcgcacagctaagggcgagggcgcccttcggcagaagcagcaaaccgccggcaagcccagcgaggagggctgccggggtct
gggcttgggaattggctggcacccagcggaaagggacgtgagctgagcggcgggggagaagagtgcgcaggtcagagggcggcgcgcagcggcg
ctccgcgaggtccccacgccgggcgatatg (Seq ID No: 144)

Molécula CD22 de Homo sapiens (CD22):
tctccttttgctctcagatgctgccagggtccctgaagagggaagacacgcggaaacaggcttgcacccagacacgacaccatg (Seq ID No: 145)

Molécula CD37 de Homo sapiens (CD37):
cttcctcttttggggttcttcctttctctctcagctctccgtctctctttctctctcagcctctttctttctccctgtctcccccactgtcagcacctcttctgtgtggtgagtgg
accgcttaccccactaggtgaagatg (Seq ID No: 146)

Molécula CD38 e Homo sapiens (CD38):
gcctctctcttgctgcctagcctcctgccggcctcatcttcgcccagccaaccccgcctggagccctatg (Seq ID No: 147)

Molécula CD48 de Homo sapiens (CD48):
cggccttttctagccaggctctcaactgtctcctgcgttgctgggaagttctggaaggaagcatg (Seq ID No: 148)

Cromogranina B de Homo sapiens (secretogranina 1) (CHGB): cttcctttccgcacaggggccgccgagcggggccatg (Seq ID No: 149)

Canal de cloruro de Homo sapiens, 3 sensible a voltaje (CLCN3):
ttcccctccgtgggtcagggccggtccggtccggaacctgcagccccttcccagtgttctagttcgcccgtgacccggaataatgagcaaggagggtgtg
gtgggttgaaagccatcctactttactcccgagttagagcatggattcagttttagtcttaaggggaagtgagattggagatttttatttttaattttgggcagaag
caggttgactctagggatctccagagcgagaggatttaacttcatgttgctcccgtgtttgaaggaggacaataaaagtcccaccgggcaaaattttcgtaac
ctctgcggtagaaaacgtcaggtatcttttaaatcgcgatagttttcgctgtgtcaggctttcttcggtggagctccgagggtagctaggttctaggtttgaaaca
gatgcagaatccaaaggcagcgcaaaaaacagccaccgattttgctatgtctctgagctgcgagataatcagacagctaaatg (Seq ID No: 150)

Colipasa de Homo sapiens, pancreática (CLPS):
ttcccctccgtgggtcagggccggtccggtccggaacctgcagccccttcccagtgttctagttcgcccgtgacccggaataatgagcaaggagggtgtg
gtgggttgaaagccatcctactttactcccgagttagagcatggattcagttttagtcttaaggggaagtgagattggagatttttatttttaattttgggcagaag
caggttgactctagggatctccagagcgagaggatttaacttcatgttgctcccgtgtttgaaggaggacaataaaagtcccaccgggcaaaattttcgtaac
ctctgcggtagaaaacgtcaggtatcttttaaatcgcgatagttttcgctgtgtcaggctttcttcggtggagctccgagggtagctaggttctaggtttgaaaca
gatgcagaatccaaaggcagcgcaaaaaacagccaccgattttgctatgtctctgagctgcgagataatcagacagctaaatg (Seq ID No: 151)
Isoforma 1 de subunidad IV de citocromo C oxidasa de Homo sapiens (COX4I1):
ctaccctttccgctccacggtgacctccgtgcggccgggtgcgggcggagtcttcctcgatcccgtggtgctccgcggcgcggccttgctctcttccggtcgc
gggacaccgggtgtagagggcggtcgcggcgggcagtggcggcagaatg (Seq ID No: 152)

Subunidad VIIc de citocromo C oxidasa de Homo sapiens (COX7C):
ctttcttttcagtccttgcgcaccggggaacaaggtcgtgaaaaaaaaggtcttggtgaggtgccgccatttcatctgtcctcattctctgcgcctttcgcagagc ttccagcagcggtatg (Seq ID No: 153)

Factor 2 de transcripción de activación de Homo sapiens (ATF2):
cagccttttcctccaggggtgctttgtaaacacggctgtgctcagggctcgcgggtgaccgaaaggatcatgaactagtgacctggaaagggtactagatg gaaacttgagaaaggactgcttattgataacagctaaggtattcctggaagcagagtaaataaagctcatggcccaccagctagaaagtattcttgccatg agaaaaagaatgtgataagttattcaacttatg (Seq ID No: 154)

Caseína cinasa 1, de Homo sapiens alfa 1 (CSNK1A1):
agatccctttcccagagtgctctgcgccgtgaagaagcggctcccggggactgggggcattttgtgttggctggagctggagtaacaagatggcgtcgtcc gcggagtgacaggggtccctctgggccggagccggcggcagtggtggcagcggtatcgccgccctagctcaccgcgccccttttccagcccgcgacgtc gccgcgcaagcgaggcagcggcggccgccgagaaacaagtggcccagcctggtaaccgccgagaagcccttcacaaactgcggcctggcaaaaa gaaacctgactgagcggcggtgatcaggttccctctgctgattctgggccccgaaccccggtaaaggcctccgtgttccgtttcctgccgccctcctccgta gccttgcctagtgtaggagccccgaggcctccgtcctcttcccagaggtgtcggggcttggccccagcctccatcttcgtctctcaggatg (Seq ID No: 155)
Catenin de Homo sapiens (proteína asociada a caderina), beta 1, 88kDa (CTNNB1):
aagcctctcggtctgtggcagcagcgttggcccggccccgggagcggagagcgaggggaggcggagacggaggaaggtctgaggagcagcttcagt ccccgccgagccgccaccgcaggtcgaggacggtcggactcccgcggcgggaggagcctgttcccctgagggtatttgaagtataccatacaactgtttt gaaaatccagcgtggacaatg (Seq ID No: 156)

dCMP desaminasa de Homo sapiens (DCTD):
ccgcctcctcccccgacttccttccctgagcacggcggcggcggggacgagcaccggcctgcgcgcggagccggcaccggatgacccaacatg (Seq ID No: 157)

Proteína 1 de ligación a ADN específico de daño de Homo sapiens (DDB1):
ctgtcttttcgcttgtgtccctctttctagtgtcgcgctcgagtcccgacgggccgctccaagcctcgacatg (Seq ID No: 158)

Desmina de Homo sapiens (DES):
ctgtctcccctcgccgcatccactctccggccggccgcctgcccgccgcctcctccgtgcgcccgccagcctcgcccgcgccgtcaccatg (Seq ID No: 159)

Desoxihipusina sintasa de Homo sapiens (DHPS):
cgttccctacttcctgtgctcttgcggagacgcgcgcgtcggggtttaacgcgtttctgggccgccgtaagcccggcctaggggcagctttgactcgagagcc ggctataggcgcatg (Seq ID No: 160)

Dihidrolipoamida S-acetiltransferasa de Homo sapiens (DLAT):
cacccttcggatgcctcccctagaaccctaccactttccacccctttccgtctgttatttctcccaaacttgcgcccgcacaggcccctctggaacactcctgcc ccgtagtgcccctcgtccccgctccgtagagaaagagcgtgcgtgccgcgcatttctggcctggggagcgggtggagtaaacctgcgggaaccattttac gacaacgtgcggctgtgcggtgtggctgacggcaacgccgctgctcttggagaggtcactccggagacggcgttggttttggggtgtgggggttggtggc actatg (Seq ID No: 161)

Regulador de decremento de Homo sapiens de transcripción 1, ligación TBP (cofactor 2 negativo) (DR1):
ccttccctggcatctggagggaccaccgttgccgcgtcttcggcttccacgatctgcgttcgggctacgcggccacggcggcagccactgcgactcccact gtgcctggctctgtccatattagttcccaggcggccgtcgccgttccagcagcggcagcggcagcggcagcggcggacatgttgtgaggcggcggcgcg ggtgtctgaaggatggtttggccgaggcggcggcaacggctgctggcggcggcggcagcggcagcggggcctcgggctctatagagccgagcccgct gggtacccgcccggtaccgcggcgaggccagtgcccctggatcttgcctctgctccgacgccgttggggaccagttaggcgacagcgcccgcccctctg aggagacacgaaggtggttccccagccgctcaaatttccggaccaccgcgctttcccctcctcagcctgggctgtgctctctctagaatcctcgggccccca ctttcttcccaaactcatcctaaatctctcacacacgcgagtgttcccagccctcaagccagctgctcctccgttcattttctgcaccctcttcgcaaagcacccc ccgggatcactctccgagggcgacttttgagaaatctcggtggagtagtggaccagagctggggagtttttaaaagccggggcgcgagaaacaggaag gtactatg (Seq ID No: 162)

Receptor de endotelina de Homo sapiens tipo A (EDNRA):
ttttcttttcgtgcgagccctcgcgcgcgcgtacagtcatcccgctggtctgacgattgtggagaggcggtggagaggcttcatccatcccacccggtcgtcg ccggggattggggtcccagcgagacctccccgggagaagcagtgcccaggaggttttctgaagccggggaagctgtgcagccgaagccgccgccgc gccggagcccgggacaccggccacctccgcgccacccaccctcgccggctccggcttcctctggcccaggcgccgcgcggacccggcagctgtctg cgcacgccgagctccacggtgaaaaaaaagtgaaggtgtaaaagcagcacaagtgcaataagagatatttcctcaaatttgcctcaagatg (Seq ID No: 163)

Factor 1 de alargamiento de traducción eucariótica alfa 2 de Homo sapiens (EEF1A2):
cagtcctctggctgagacctcggctccggaatcactgcagccccctcgccctgagccagagcaccccgggtcccgccagcccctcacactcccagca aaatg (Seq ID No: 164)

Factor 2 de alargamiento de traducción eucariótica de Homo sapiens (EEF2):

cgttctcttccgccgtcgtcgccgccatcctcggcgcgactcgcttctttcggttctacctgggagaatccaccgccatccgccaccatg (Seq ID No: 165)

Factor 4A2 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens (EIF4A2): ctgtcttttcagtcgggcgctgagtggtttttcggatcatg (Seq ID No: 166)

Similar a receptor de hormonas1, similar a mucina, que contiene módulo similar a egf de Homo sapiens (EMR1): gtttcttttctttgaatgacagaactacagcataatg (Seq ID No: 167)

Enolasa 2 de Homo sapiens (gamma, neuronal) (ENO2): gcgcctcctccgcccgccgcccgggagccgcagccgccgccgccactgccactcccgctctctcagcgccgccgtcgccaccgccaccgccaccgcc actaccaccgtctgagtctgcagtcccgagatcccagccatcatg (Seq ID No: 168)

Esterasa D de Homo sapiens (ESD): ccgccttttacttcggcccgcttcttctggtcactccgccaccgtagaatcgcctaccatttggtgcaagcaaaaagcaatcagcaattggacaggaaaaga atg (Seq ID No: 169)

virus de sarcoma de murino de Finkel-Biskis-Reilly de Homo sapiens (FBR-MuSV) ubicuamente expresado (FAU): cttcctctttctcgactccatcttcgcggtagctgggaccgccgttcagtcgccaatatg (Seq ID No: 170)

Integración 1 de virus de leucemia de Friend de Homo sapiens (FLI1): ctgtctctttcgctccgctacaacaacaaacgtgcacaggggagtgagggcagggcgctcgcaggggcacgcagggagggcccagggcgccaggg aggccgcgccgggctaatccgaaggggctgcgaggtcaggctgtaaccgggtcaatgtgtggaatattgggggctcggctgcagacttggccaaatg (Seq ID No: 171)

Fibromodulina de Homo sapiens (FMOD): gccccttttcacaatatttgattaggaatttggggcgggaccctggtctggcacaggcacgcacactctcagtagactctttcactcctctctctcttcctctctca cacgttctccaacccaaggaggccagacagagggacgtggtcactctctgaaaagttcaacttgagagacaaaatg (Seq ID No: 172)

Ferritina de Homo sapiens, polipéptido 1 pesado (FTH1): cgttcttcgccgagagtcgtcggggtttcctgcttcaacagtgcttggacggaacccggcgctcgttccccaccccggccggccgcccatagccagccctcc gtcacctcttcaccgcaccctcggactgccccaaggcccccgccgccgctccagcgccgcgcagccaccgccgccgccgccgcctctccttagtcgccg ccatg (Seq ID No: 173)

Gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa de Homo sapiens (GAPDH): cgctctctgctcctcctgttcgacagtcagccgcatcttcttttgcgtcgccagccgagccacatcgctcagacaccatg (Seq ID No: 174)

Glicil-ARNt sintetasa de Homo sapiens (GARS): caccctctctggacagcccagggccgcaggctcatg (Seq ID No: 175)

Transaminasa 2 glutámica- oxaloacética de Homo sapiens, mitocondrial (aspartato aminotransferasa 2) (GOT2): ctgtccttaccttcagcaggagccggttccctgtgtgtgtgtccgctcgccctctgctccgtcctgcggctgcccactgccctcctacggtccaccatg (Seq ID No: 176)

Factor IIF de transcripción general de Homo sapiens general IIF, polipéptido 1, 74kDa (GTF2F1): gcgcctcttccggttacctttttcccagcgccagaggcgcctagggttggggtcctcgctcaggcacagagacccgacaccgagcggcggcttccccggga tcgagggacgcgcacgccagaggagacgaaaggaacccgggtcggaccagatcggaaccactgaccattgcccatg (Seq ID No: 177)

Glicógeno sintetasa 1 de Homo sapiens (músculo) (GYS1): cggcctccttctgcctaggtcccaacgcttcggggcaggggtgcggtcttgcaataggaagccgagcgtcttgcaagcttcccgtcgggcaccagctactc ggccccgcaccctacctggtgcattccctagacacctccggggtccctacctggagatccccggagccccccttcctgcgccagccatg (Seq ID No: 178)

Complejo de histocompatibilidad mayor de Homo sapiens, clase I, C (HLA-C): cattctccccagaggccgagatg (Seq ID No: 179)

Complejo de histocompatibilidad mayor e Homo sapiens, clasa II, DP beta 1 (HLA-DPB1): gctccctttagcgagtccttcttttcctgactgcagctcttttcattttgccatcctttccagctccatg (Seq ID No: 180)

3-hidroxi-3-metilglutaril-CoA sintasa 1 de Homo sapiens (soluble) (HMGCS1): ctgtcctttcgtggctcactccctttcctctgctgccgctcggtcacgcttgctctttcaccatg (Seq ID No: 181)

Hipocalcina de Homo sapiens (HPCA): ccgccttccctgcgcagtcggtgtctccgcgtcgctgggtgggacttggctcggcggccatg (Seq ID No: 182)

Hidroxisteroide (17-beta) deshidrogenasa 2 de Homo sapiens (HSD17B2):
ctcccttcttgactctctgttcacagaactcaggctgcctccagccagcctttgcccgctagactcactggccctgagcacttgaaggtgcagcaagtcactga gaatg (Seq ID No: 183)

Proteína 1 de 60kDa de choque térmico de Homo sapiens (caperonina) (HSPD1):
ctgtccctcactcgccgccgacgacctgtctcgccgagcgcacgccttgccgccgccccgcagaaatg (Seq ID No: 184)

Molécula 3 de adhesión intercelular de Homo sapiens (ICAM3):
ccgccttttcccctgcctgcccttcgggcacctcaggaaggcaccttcctctgtcagaatg (Seq ID No: 185)

Inositol polifosfato-1-fosfatasa de Homo sapiens (INPP1):
cgtcctctggccgcgcctgcggccgcacgcccagcgcccctcgcctaacctcgcgcccgggccgcgcctcctcctcctcctgctccccgccgcttccgtttc tcgagggaaaggctgctgcctcctgctctgtcctcatccccggcttagctgacggcccagagggtgggtgccaattccaccagcagctgcaactgaaaag caaggttcagaaatg (Seq ID No: 186)

Factor 2 regulador de interferon de Homo sapiens (IRF2):
gtttcctctccttgttttgctttcgatctggactgttctcaggcaagccggggagtaacttttagttttgctcctgcgattattcaactgacgggctttcatttccatttcac ataccctagcaacacttatacctttgcggaattgtattggtagcgtgaaaaaagcacactgagagggcaccatg (Seq ID No: 187)

Cadena pesada 2 de inhibidor de inter-alfa-tripsina de Homo sapiens(ITIH2):
ttttcttctttttttcttctttcttaaagcgaactgtactcctctgctgttcctttgaacttggttcagtaggaagaagtgatatcctccccagaccatctgctttggggagct tggcaaaactgtccagcaaaatg (Seq ID No: 188)

Carioferina de Homo sapiens (importina) beta 1 (KPNB1):
ccgccttcctccctccctcgctccctccctgcgcgccgcctctcactcacagcctcccttccttctttctccctccgcctcccgagcaccagcgcgctctgagctg ccccccagggtccctcccccgccgccagcagcccatttggagggaggaagtaagggaagaggagaggaaggggagccggaccgactacccagaca gagccggtgaatgggtttgtggtgacccccgccccccacccccaccctccctttcccacccgacccccaaccccccatccccagttcgagccgccgcccgaa aggccgggccgtcgtcttaggaggagtcgccgccgccgccacctccgccatg (Seq ID No: 189)

Carioferina alfa 3 de Homo sapiens (importina alfa 4) (KPNA3):
ctctccccctcctcccccctcccgctccaagattcgccgccgccgccgccgcagccgcaggagtagccgccgccggagccgcgcgcagccatg (Seq ID No: 190)

Queratina 19 de Homo sapiens (KRT19): gctcctcccgcgaatcgcagcttctgagaccagggttgctccgtccgtgctccgcctcgccatg (Seq ID No: 191)

Laminina de Homo sapiens, beta 1 (LAMB1):
attcccttctttgggctcgggggctcccggagcagggcgagagctcgcgtcgccggaaaggaagacgggaagaaagggcaggcggctcggcgggcg tcttctccactcctctgccgcgtccccgtggctgcagggagccggcatg (Seq ID No: 192)

Proteína ribosómica SA de Homo sapiens (RPSA):
ctgtcttttccgtgctacctgcagaggggtccatacggcgttgttctggattcccgtcgtaacttaaagggaaatttttcacaatg (Seq ID No: 193)

Proteína 1 citosólica de linfocitos de Homo sapiens (L-plastina) (LCP1):
ttttctttcctggctgatgatttgtcattctagtcacttcctgccttgtgaccacacacccaggcttgacaaagctgttctgcagatcagaaagaaggggttcctggt catacaccagtactaccaaggacagctttttttcctgcaagatctgttacctaaagcaataaaaaatg (Seq ID No: 194)

Lectina de Homo sapiens, ligación de galactosido, soluble, 1 (LGALS1):
ccatctctctcgggtggagtcttctgacagctggtgcgcctgcccgggaacatcctcctggactcaatcatg (Seq ID No: 195)

Dominio SH2 que contiene 1A de Homo sapiens (SH2D1A):
ttctctctttttttgcacatctggctgaactgggagtcaggtggttgacttgtgcctggctgcagtagcagcggcatctcccttgcacagttctcctcctcggcctgcc caagagtccaccaggccatg (Seq ID No: 196)

Manosidasa de Homo sapiens, alfa, clase 2A, miembro 1 (MAN2A1):
tgttcctttcccctccgcttctctgacctagctgcgcggccccggcccgggagctgccgaacccgcgcctcccctgggtgaggaggacacgcctgccctcgt cgagaaaactttttcctgccgactcagttggggcggcggtggcaggaagtgcgggcagcgacctctcctccgcctgccccgcgcgccctgccggaggtcg gcgctgagcttgcgatcaagtttgtgggggccccccttcccagttgccggcgagtctcgcctcgagaggggcgcccgaccccggggagggcggcaggc cagggcgaaggccaagggcgtgtggtggcgccggagactaggtgcggagcaaggcggggactcgcacccgcatccgagagcgcggaggtcgcgc agcccgggagaagggagcctccggcggctgcttcctagagtccacagtgcgctgtctcctttggctgaggagagtgtcctggccccgagtctatcgagga aaatg (Seq ID No: 197)

Proteína básica de mielina de Homo sapiens (MBP):
ccgcctctttttcccgagatgccccggggagggaggacaacaccttcaaagacaggccctctgagtccgacgagctccagaccatccaagaagacagtg cagccacctccgagagcctggatgtgatg (Seq ID No: 198)

Receptor de melanocortina 1 de Homo sapiens (alfa receptor de hormonas estimulador de melanocitos) (MC1R):
cattcttcccaggacctcagcgcagccctggcccaggaaggcaggagacagaggccaggacggtccagaggtgtcgaaatgtcctggggacctgagc
agcagccaccagggaagaggcagggagggagctgaggaccaggcttggttgtgagaatccctgagcccaggcggtagatgccaggaggtgtctgga
ctggctgggccatgcctgggctgacctgtccagccagggagagggtgtgagggcagatctgggggtgcccagatggaaggaggcaggcatggggga
cacccaaggccccctggcagcaccatgaactaagcaggacacctggaggggaagaactgtggggacctggaggcctccaacgactccttcctgcttcc
tggacaggactatg (Seq ID No: 199)

Enzima 1 málica de Homo sapiens, dependiente de NADP(+), citosólica (ME1):
gggcctttcccagtgcggccgccgccgccacagctgcagtcagcaccgtcaccccagcagcatccgccgcctgcaccgcgcgtgcggcccgccccgg
cctgaccccgccgccgaacccggcgccagccatg (Seq ID No: 200)

Factor 2C potenciador de miocitos de Homo sapiens (MEF2C):
agctctctgctcgctctgctcgcagtcacagacacttgagcacacgcgtacacccagacatcttcgggctgctattggattgactttgaaggttctgtgtgggtc
gccgtggctgcatgtttgaatcaggtggagaagcacttcaacgctggacgaagtaaagattattgttgttatttttttttctctctctctctctcttaagaaaggaaa
atatcccaaggactaatctgatcgggtcttccttcatcaggaacgaatgcaggaatttgggaactgagctgtgcaagtgctgaagaaggagatttgtttggag
gaaacaggaaagagaaagaaaaggaaggaaaaaatacataatttcagggacgagagagagaagaaaaacggggactatg (Seq ID No:
201)

Manosilo de Homo sapiens (alfa-1,3-)-glicoproteína beta-1,2-N-acetilglucosaminiltransferasa (MGAT1):
agccttcttggggaagtcagctacccagcagcctgtagtcctcggctacccaccctcaccgcctggggtcccatggtgagacagctgggtgggcatcag
gcttctgcagagggccaggccggagggagctgggcgagggagtggggctggctcctggcttgcaccggcctcgtggaatccaggcctcagacctgatc
gctggcgaaactggctctgtgcgctggagcccctggtcttctgcgtctgtcctcctcccggccagactttactcctggctcagcgacaggtatttgctatggaag
agctgtccctccctcccctcggtgggcctgggtccacctccacctcctcttcaggtccgcaccttcctcccctttaaaacaccagccgggcgcagacccgttct
aggcttttccatggtgcttccgccaaagcttgtgaccgagtccttcccgcctagggctggtgggcctccctgctggtaggtctctcttcgctttctttactcagaa
ctgaagctctcattccccacccaccaaggaaaaacaaaagggaagaagccacagctggccccggcttgctttggcacaggtgtttccccccggcccccc
gtcgggcaccctggttcctgttctgtccctgccccacgcgaccctggggctcccacccgggctcctcagcctcccctgggttggggtgggggactggctcc
cagcccttggcctagggtttggtgaacgcctttcctggactgcgggcccacttcaggcgcggctccaggctgggcagctgcgctggagggccgagggca
ggggtggggtcgggcgtccaccctcagggttgcgccagggagccggaaagccgactcccgaagttggggtcctgggaaaacttgggtcctgggttgact
gagaagcggcggggaaaggaggcgggccaggaggaggggcctggcggacgccggccgggggcggggcgcggcggggctgtcggtcacgcc
cctcagtccgccccgccccgccccgcctgccggggaagggccacgttgcccgcccggccgtccggccccggcgcgccgcagaaagggctggcgagt
cgaaaggcgaggcggccgcggcagcgcttgggacgcgcctgggcaccgggctcgctccctgcgccccggagcaggccaagttcggggccaggacg
tcgggaggacctggtgcatggctgcctcctaatcccatagtccagaggaggcatccctaggactgcgggcaagggagccgggcaagcccagggcagc
cttgaaccgtccctggcctgccctccccggtgggggccaggatg (Seq ID No: 202)

Proteína cinasa-cinasa-cinasa 11 activadsa con mitógeno de Homo sapiens (MAP3K11):
ctgcctcccgcccccggggccaaagtacaaagggaggaggaagaagggagcggggtcggagccgtcggggccaaaggagacggggccaggaa
caggcagtctcggcccaactgcggacgctccctccacccccctgcgcaaaaagacccaaccggagttgaggcgctgcccctgaaggccccacccttacac
ttggcgggggccggagccaggctcccaggactgctccagaaccgagggaagctcgggtccctccaagctagccatggtgaggcgccggaggccccg
gggccccacccccccggcctgaccacactgccctgggtgccctcctccagaagcccgagatgcgggggccgggagacaacactcctggctccccag
agaggcgtgggtctggggctgagggccagggcccggatgcccaggttccgggactagggccttggcagccagcgggggtggggaccacgggcaccc
agagaaggtcctccacacatcccagcgccggctcccggccatg (Seq ID No: 203)

Proteína de membrana de Homo sapiens, palmitoilada 1, 55kDa (MPP1):
ccgccttctccgcagccccgcaggccccgggccctgtcattcccagcgctgccctgtcttgcgttccagtgttccagcttctgcgagatg (Seq ID No:
204)

Homólogo de oncogen viral de mielocitomatosis v-myc de Homo sapiens (aviar) (MYC):
ggcccttataatgcgagggtctggacggctgaggacccccgagctgtgctgctcgcggccgccaccgccgggccccggccgtccctggctcccctcctg
cctcgagaagggcagggcttctcagaggcttggcgggaaaaagaacggagggagggatcgcgctgagtataaaagccggttttcgggggctttatctaac
tcgctgtagtaattccagcgagaggcagagggagcgagcgggcggccggctagggtggaagagccgggcgagcagagctgcgctgcgggcgtcctg
ggaagggagatccggagcgaatagggggcttcgcctctggcccagccctcccgctgatcccccagccagcggtccgcaacccttgccgcatccacgaa
actttgcccatagcagcgggcgggcactttgcactggaacttacaacacccgagcaaggacgcgactctcccgacgcggggaggctattctgcccatttg
gggacacttccccgccgctgccaggacccgcttctctgaaaggctctccttgcagctgcttagacgctg (Seq ID No: 205)

Subunidad 1 de proteína de ligación de tapa nuclear de Homo sapiens, 80kDa (NCBP1):
tggcctctcggttccgcggcgcaccggagggcagcatg (Seq ID No: 206)

Homólogo de necdina de Homo sapiens (ratón) (NDN):
cttcctctccaggaatccgcggagggagcgcaggctcgaagagctcctggacgcagaggccctgcccttgccagacggcgcagacatg (Seq ID
No: 207)

NADH deshidrogenasa de Homo sapiens subcomplejo beta 1 (ubiquinona), 5, 16kDa (NDUFB5):
ccttcttcctcctgcccgtagtagccatg (Seq ID No: 208)

NADH deshidrogenasa de Homo sapiens (ubiquinona) Fe-S proteína 4, 18kDa (NADH-coenzima Q reductasa) (NDUFS4): ccgtcctttcatcctggcgtttgcctgcagcaagatg (Seq ID No: 209)

Factor nuclear de Homo sapiens de potenciador de gen de polipéptido ligero kappa en células B 2 (p49/p100) (NFKB2):
tgcccctttccccggccaagcccaactccggatctcgctctccaccggatctcacccgccacacccggacaggcggctggaggaggcgggcgtctaaaa ttctgggaagcagaacctggccggagccactagacagagccgggcctagcccagagacatg (Seq ID No: 210)

Células 2 no metastásicas de Homo sapiens, proteína (NM23B) expresada en (NME2):
gcccctcctccgccgccggctcccgggtgtggtggtcgcaccagctctctgctctcccagcgcagcgccgccgcccggcccctccagcttcccggaccat g (Seq ID No: 211)

Nucleofosmina de Homo sapiens (fosfoproteína B23 nucleolar, numatrina) (NPM1):
gcgtcctttccctggtgtgattccgtcctgcgcggttgttctctggagcagcgttcttttatctccgtccgccttctctcctacctaagtgcgtgccgccacccgatg (Seq ID No: 212)

5'-nucleotidasa de Homo sapiens, ecto (CD73) (NT5E):
cattccttttgtagaaaaacccgtgcctcgaatgaggcgagactcagagaggacccaggcgcggggcggacccctccaattccttcctcgcgcccccga aagagcggcgcaccagcagccgaactgccggcgcccaggctccctggtccggccgggatgcggccggtacccgctccccgccgggaacaacctctc cactcttcctgcagggagctggtgccagccgacagccgcgccagggccgctccgggtaccagggtcggatcgggtgacgtcgcgaacttgcgcctggc cgccaagccggcctccaggctgaagaaggacccgccccggccttgacccgggccccgcccctccagccggggcaccgagccccggccctagctgct cgcccctactcgccggcactcgcccggctcgcccgctttcgcacccagttcacgcgccacagctatg (Seq ID No: 213)

Proteína 1 de ligación a fosfatidiletanolamina de Homo sapiens (PEBP1):
gcgtcttcccgagccagtgtgctgagctctccgcgtcgcctctgtcgcccgcgcctggcctaccgcggcactcccggctgcacgctctgcttggcctcgccat g (Seq ID No: 214)

Proteína de ligación a poli(A) de Homo sapiens, citoplásmica 1 (PABPC1):
gcttccccttctccccggcggttagtgctgagagtgcggagtgtgtgctccgggctcggaacacacatttattattaaaaaatccaaaaaaaaatctaaaaaa atcttttaaaaaaccccaaaaaaatttacaaaaaatccgcgtctcccccgccggagacttttatttttttttcttcctcttttataaaatаacccggtgaagcagccg agaccgacccgcccgcccgcggccccgcagcagctccaagaaggaaccaagagaccgaggccttcccgctgcccggacccgacaccgccaccct cgctccccgccggcagccggcagccagcggcagtggatcgaccccgttctgcggccgttgagtagttttcaattccggttgatttttgtccctctgcgcttgctc ccgctcccctccccccggctccggcccccagccccggcactcgctctcctctctcacggaaaggtcgcggcctgtggccctgcgggcagccgtgccg agatg (Seq ID No: 215)

Subtisilina/quesina tipo 1 de proteína convertasa de Homo sapiens (PCSK2):
cgctctttctctccggtacacacagctccccacattcgcacccctgcccgcgcgccgggccgcctgactgcacggcttcccctccagccagatgctggaga acacacactgattcgctgctttccaagaccctgttcagtctctttctctatacaaagatttttttaaaaactatatataagaattctttatttgcaccctccctccgagt cccctgctccgccagcctgcgcgcctcctagcaccacttttcactcccaaagaaggatg (Seq ID No: 216)

Fosfogluconato deshidrogenasa de Homo sapiens (PGD):
gggtctttccctcactcgtcctccgcgcgtcgccgctcttcggttctgctctgtccgccgccatg (Seq ID No: 217)

Fosfoglucomutasa 1 de Homo sapiens (PGM1):
cgctcccctttcccctcccgccggacctgccaggaggtgggctggcgcggagggagggccctgtcccctgtcccttaaggaggagggccaaacgccgg cctagagtgcggcgtagcccccacccgccgtgccctcaccccagagcagctgcagcctcagccggccgcccctccgccagccaagtccgccgctctga cccccggcagcaagtcgccaccatg (Seq ID No: 218)

Familia 25 de portador de soluto de Homo sapiens (portador mitocondrial; portador de fosfato), miembro 3 (SLC25A3):
cggcctctgtgagccgcaacctttccaagggagtggttgtgtgatcgccatcttagggagtgagtgtggccgggccttctcctgtggcgggtgtggggagcg gagcccagagctcctgtggggccgctgctttggcggtgggcccagccgggagcagcctctttcgaaggccgccgtgacctcttcaagggcgtggagacg ggaaggaaaaggccccggttggggttccagggcgccggtaacgttaaccggcgccttgcctgtcctctaaccgtcgctccctcctcccctagaaagatg (Seq ID No: 219)

Oncogen pim-1 de Homo sapiens (PIM1):
cctcccctttactcctggctgcggggcgagccgggcgtctgctgcagcggccgcggtggctgaggaggcccgagaggagtcggtggcagcggcggcg gcgggaccggcagcagcagcagcagcagcagcagcagcaaccactagcctcctgccccgcggcgctgccgcacgagccccacgagccgctcacc ccgccgttctcagcgctgcccgaccccgctggcgcgcccctcccgccgccagtcccggcagcgcccctcagttgtcctccgactcgccctcggccttccgcgc cagccgcagccacagccgcaacgccacccgcagccacagccacagccccaggcatagccttcggcacagccccggctccggctcctgcg gcagctcctctgggcaccgtccctgcgccgacatcctggaggttgggatg (Seq ID No: 220)

Piruvato-cinasa de Homo sapiens, músculo (PKM2):
ggatctcttcgtctttgcagcgtagcccgagtcggtcagcgccggaggtgagcggtgcaggaggctacgccatcagtccccaccaagggccagtcgccc ggctagtgcggaatcccggcgcgccggccggccccgggcacgcaggcagggcggcgcaggatccagggcgtctgggatgcagtggagctcagaga

gaggagaacggctcctcacgcctggggcctgctcttcagaagtccccagcgccgttccttccagatcaggacctcagcagccatg (Seq ID No: 221)

Similar al gen de adenoma pleiomorfórfico 1 de Homo sapiens (PLAGL1):
cggcctcctcggcgcagccatcctcttggctgccgcgggcggcaaagcccacggcatctgccatttgtcattcagcccgtcggtaccgccccgagccttga
tttagacacggctggggcgtgctctggcctcactctccgggcgggtgctggacggacggacggacggggcagccgtgctcacagctcagcagcgcggg
gccttggcgcgcggggcgcttccccgggtcgccgtcatggccgcggaggtggcacgcccgagcggcctcgcctgagctccgggggtcgtcgccccgca
gggattgctgtcacgtctaatgtggctgctgcctcgtgtcacatctgaaactcatctgtacctcacttagaaagtggttctgattagacaagacttttcgttgcagt
cgacagaaacctaatgggaccattgaagaattccaaacaggtatttgcataggaatcagaggagttaatcttgtctcttctcacaggtttgaatcttcagaca
aacttctgggaggactcggtccctgcctcgcagcagatgttccctgtcactcagtaggcatatg (Seq ID No: 222)

Fosfolipasa D2 de Homo sapiens (PLD2): tgctctcttggctccggaacccccgcgggcgctggctccgtctgccagggatg (Seq ID No: 223)
proteína 1 proteolípida de Homo sapiens (enriquecida con epitelio colónico) (PLP2):
ccccctttcccggccagacggcgggcaagacagctgggtgtacagcgtcctcgaaaccacgagcaagtgagcagatcctccgaggcaccagggactc
cagcccatgccatg (Seq ID No: 224)

Proteína asociada a desmosoma, pinina de Homo sapiens (PNN):
cagtcctttcgcgcctcggcggcgcggcatagcccggctcggcctgtaaagcagtctcaagcctgccgcagggagaagatg (Seq ID No: 225)

Fosforibosil pirofosfato amidotransferasa de Homo sapiens (PPAT): ggtccttccacgtgctttcggcggcgacatg (Seq ID No: 226)

Proteína fosfatasa 1 de Homo sapiens, subunidad catalítica, gamma-isozima (PPP1CC):
tgttcttctcgtggttccagtggggagagaaggaggaagtagggagcggggtggcagggggggggacccgccgcggctgctgccaccgccgccaccac
cgcctctgctcgtggcgtgggaaaggaggtgtgagtcccgggcgcgagccggcggcggcgccgctgcgggagggtcggcggtgggaaggcgatg
(Seq ID No: 227)

Proteína fosfatasa 1 de Homo sapiens, subunidad 8 reguladora (PPP1R8):
cggtcttccagtttcccggcgtgcttagggcgcgccaaatgggaggggggagacgcaagatg (Seq ID No: 228)

Proteína fosfatasa 6, de Homo sapiens subunidad catalítica (PPP6C):
cggcctccgccgctgccgccgccgctgctacagccgccgccgccgctgttgccgcggcttgttattcttaaaatg (Seq ID No: 229)

Sustrato 80K-H de proteían cinasa C de Homo sapiens (PRKCSH):
ctttctttctgcagcaggaaccgcggctgctggacaagaggggtgcggtggatactgacctttgctccggcctcgtcgtgaagacacagcgcatctccccgc
tgtaggcttcctcccacagaacccgtttcgggcctcagagcgtctggtgagatg (Seq ID No: 230)

Proteína cinasa 6 activada con mitógeno de Homo sapiens (MAPK6):
cgccccctcttcctcgccctctctcgcgggtcggggttacatggcggcgactgcggcaaagcgagagcctcggagacgccgctgccgccagcacagcc
ggagacctgagccgacactgggggcagtccgcgagccccgcactctctcgatgagtcggagaagtcccgttgtatcagagtaagatggacggtagcttt
gattgtgattgtggtgagctggagccacctgatcactaacaaaagacatcttctgttaaccaacagccgccagggcttcctgttgaaataaatatatagcaac
aaaggaaaaaaagaagcaaaacggaaatagtgcttaccagcaccttagaatgatgctgctcaggaccagtccaacactgaatgtatctgcactgtgag
gagaatgttcatagaagcctgttgtgtgcatatttattcacatttttgttaaatgttaaatcgtttagcacggtaatctgagtgcacagtatgtcatttcattccgtttga
gtttcttgttttcgttaaatgtctgcagagttgctgccccttttcttgaactatgagtactgcaatctttttaattctcaatatgaatagagctttttgagctttaaatctaag
gggaactcgacaggcctgtttggcatatgcaatgaacatcaagaaaccatcttgctgtggaagcataattatttttttcttctccctttttgaaagatctttccttttgat
gccagttttcttccttgtttacacaagttcaatttgaaaggaaaaggcaatagtaagggtttcaaaatg (Seq ID No: 231)

Fosforibosil pirofosfato sintetasa 2 de Homo sapiens (PRPS2):
cctccccttccctacatctagccgccgcgctttcccgctcccgcagcagcagcctcccgcgtcgctgtcgctgttgcctccgccacctcctccgccgccgcgc
gcccctcggagttccgcgccccaccatg (Seq ID No: 232)

Proteína 1 asociada a fosforibosil pirofosfato sintetasa de Homo sapiens (PRPSAP1):
ttgcctctggctctgaggcggcggcgccgggcgctgcgaaggctcggccgctgtagtcagtggtgtggggtgcgcaagggcacggacctcggagctctc
cccgcttgcgccgagtttctcagcgccttccccacccaaaccggggtctcgcagtcggaagcactcagagtgcagccccgcgcggggccggtcgtaacc
gcgccgcgggccggacgatg (Seq ID No: 233)

Subunidad de proteasoma (prosoma, macropaína) de Homo sapiens, tipo beta, 5 (PSMB5):
agttctttctgcccacactagacatg (Seq ID No: 234)

Subunidad 26S de proteasoma de Homo sapiens (prosoma, macropaína), no-ATPasa, 13 (PSMD13):
tgttcttctgtgccgggggtcttcctgctgtcatg (Seq ID No: 235)

Proteína tirosina fosfatasa de Homo sapiens, tipo receptor, N (PTPRN):
cagcccctctggcaggctcccgccagcgtcgctgcggctccggcccgggagcgagcgcccggagctcggaaagatg (Seq ID No: 236)

RAB3A fe Homo sapiens, familia de oncogen de miembro RAS (RAB3A):
ctccctttgcaggacgtcacggaggactgcaggggcctgagccgctgctgccgccgccgccgcagccccacatcaacgcaccggggtcctgtcacc
gccaccgccaaaaaagtcaccgccgctagggtcgccgttgcatcggtgcagggcaagatg (Seq ID No: 237)

Motivo de ligación a ARN de Homo sapiens, proteína 2 de interacción de hebra individual (RBMS2):
ctctctctctctctctctcgctcgttccctaacattaaagagaaaatg (Seq ID No: 238)

Reticulocalbina 1 de Homo sapiens, dominio de ligación a calcio EF-mano (RCN1):
gcgcccctctgctccggctcggggcgggcactggcggagggactggccagtcccctcctccgcgccggccccaaccctgtcgctgccgccgcgctccg
agtccccattcccgagctgccgctgttgtcgctcgctcagcgtctccctctcggccgccctctcctcgggacgatg (Seq ID No: 239)

Radixina de Homo sapiens (RDX):
ccgccttttcccgcggaggcgccgagcggccatattgcggagctgtctgcggtggcggcggcgcctctcgtctcccgcggcccagcgctcgcaccaccgc
ttctccctccctgtcgcagccgcgccgccgcgcagcgccccagccacacgccggcgggcagaagccgcccgctctccggaaagtgataacagaattca
ttgaagtggagaatttttaaagaaggtaacaaaaagagaaagaaaatg (Seq ID No: 240)

Factor C 1 (activador 1) de replicación de Homo sapiens, 145kDa (RFC1):
tcgccttcttgcacttcgcgggagaagttgttggcgcgaatggatcctgagcctcgataacagattcctcaaccggcccacccgccagccagccagcgcct
tcatcctggggctgcgatg (Seq ID No: 241)

Proteína 4 de dedo de anillo de Homo sapiens (RNF4):
gcatctttctcgaggagctctcctgggcggctgaagaaggagcttcttctccggagtgcgccggcggtggcgcctgcggacctaactagctccaggttagg
ccgagctttgcgggaaagcagcggacttgaaaatactggaaatctgtccggatccaaattattttgcaagccagatgagtaaccagagggcatgaaaggt
tgagaacatttgacttccctgcaaaccttggtatagatcacttccttttctgtaggaaaggaaaggcaccaaagagcacaatg (Seq ID No: 242)

Riboforina I de Homo sapiens (RPN1): tgctcttcccggtcatg (Seq ID No: 243)

Proteína S27a ribosómica de Homo sapiens (RPS27A): cgttcttccttttcgatccgccatctgcggtggagccgccaccaaaatg
(Seq ID No: 244)

Transmembrana 1 secretada de Homo sapiens (SECTM1):
cttcctttagcgtgaaccgcgggtgcggtgcctcccgtgaaaataataaattcaccgtcacgcttgttgtgaacgcgggtggttcccgaaacttggaggcttcc
cgtaaacccagctccttcctcatctgggaggtgggtcccgcgcgggtccgccgcctcctccctggcccctccctctcgtgtctttcattttcctggggctccggg
gcgcggagaagctgcatcccagaggagcgcgtccaggagcggacccgggagtgtttcaagagccagtgacaaggaccaggggcccaagtcccacc
agccatg (Seq ID No: 245)

Alfa que contiene repetición de tetratricopéptido rico en glutamina pequeña de Homo sapiens (TPR) (SGTA):
ctttcttttgcgcaggcgtcgcgccctggggccggggccgggcggcaccgcggtgcgcaagcgcaaccgtcggtgggtcggggatcggtcgcctgaga
ggtatcacctcttctgggctcaagatg (Seq ID No: 246)

Similar a proteína rica en ácido glutámico de ligación a dominio SH3 de Homo sapiens (SH3BGRL):
agttctccttccaccttcccccaccctctctgccaaccgctgtttcagcccctagctggattccagccattgctgcagctgctccacagccctttcaggaccca
aacaaccgcagccgctgttcccaggatg (Seq ID No: 247)

Familia 1 de portador de soluto de Homo sapiens (transportador de aminoácido glutamato/neutro), miembro 4
(SLC1A4):
cgccctcctacttccccgtctgcgtccgcgttcgcggctcccgtttgcatcatccccgtctgcgtccgcgttcgcggctcccgtttgcatcatctccagccggcgg
ctgctccagggaggctgggcgcgatcctctccgcccgcggctccaacccgcactctgcgcctctcctcgcctttctcgcacctgctcctgcgccaggcccgg
agacccccggggcggcttcccagaacctgcggagcacaactggccgaccgacccattcattgggaaccccgtcttttgccagagcccacgtcccctgcc
acctctagctcggagcggcgtgtagcgccatg (Seq ID No: 248)

Complejo de activación de ARN nuclear pequeño de Homo sapiens, polipéptido 2, 45kDa (SNAPC2):
ctgcctctttctgagcggcatg (Seq ID No: 249)

Nexina 1 de clasificación de Homo sapiens (SNX1): ctatctctcgataaagttgttgttgcggcttccgccgcgggtggaagaagatg
(Seq ID No: 250)

Partícula de reconocimiento de señal de Homo sapiens particle 54kDa (SRP54):
ctatctctcatctttccgctcttagctgggagtgctccgcctagtcacttttcttaaggtggctcgtcgaggcctgacttcttccccgaaatcacgtccctagacag
cctcctattttaccactaactttactcctgcagttattcagcggtaggaaactgaaaccaaaaaccagtgtaagcaagtaaacatctaaactgtttcaggagc
cgcgtagaaggaacgcggcggtgtgccccggaagcggaagtagattctcctatagaaaggctggactacgcggagtggtgacgtttcctcattgggcgg
aaggttcgctggcactccgttggtcttccagctggtgggagttgacgacgtggtgctgggcgttgggaccctactttatctagttcgggaagttgggttgtgggg
tcatacctgtctgtctgctcccagctttcttgggtttcttccgacggcgtggggcctcgctaaggaattcccggcccctcagggccacggctttagcggtgtctttt
gcgagttcttcgtaagtacatcttaaagctgtcaagatg (Seq ID No: 251)

Receptor de secuencia señal de Homo sapiens, beta (proteína asociada a translocon beta) (SSR2): cggtctttcggatgctgacgctctcttcctgtctttgtggctccggaaaggcgtttgggatgccaacgatg (Seq ID No: 252)

Transductor de señal y activador de transcripción 6, de Homo sapiens inducida por interleucina-4 (STAT6): ttttctttttggtggtggtggaagggggggaggtgctagcagggccagccttgaactcgctggacagagctacagacctatggggcctggaagtgcccg ctgagaaagggagaagacagcagaggggttgccgaggcaacctccaagtcccagatcatg (Seq ID No: 253)

Supresor de homólogo 1 Ty 4 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SUPT4H1): tgttcttcccatcggcgaagatg (Seq ID No: 254)

Factor 7 de transcripción de Homo sapiens (específico de células T, HMG-caja) (TCF7): ggtccttcccctaaaacttggcactgccgatactcccagcccgttccttcccaagtcaggaacttgcaggggacccccttggcaattctttttctctcaagagca gacagccttcagtcccagccgctgccagggctggtgtgtctgacccagctgtggtttttccaggcctgaaggccccggagtgcaccagcggcatg (Seq ID No: 255)

Miembro 4 de la familia de dominio TEA de Homo sapiens (TEAD4): cagtctcctccccgaggtgccggtggccccgccgccactccctccggctccctcctcccgccgcggcgcgcatctcattccagccctcattccgcgcattc cagcgtcctcctcgcacactcgaggccaggggcgggagggccgcagctccggcgccgccgcgtcccgccaggtgagaggcgcccgcgcccgccg cacccgccggcgccctcacgggccgcgcgccccacgccgccgcagccgaccgctcgcgccgcgtgctcggctgctcttttctttccgccgcccgcgttcc cgccttggacctctgcgctccgacgcgctccgtcccgacctctggcttccctccgcgctccggcgctgctcgctgcccctctcccgcttccctcctgtccgccc cgcgctcccctcctcgctcccggttgactcactcctccaggaatagggatccccgtgttttcccgtcagtcccattctgggaaaactcctccctccgcgcgctc cgctccgctccgctgggcgcaccggggccggtcggcgcggggtgggcttggccccgcggccccgccttcactgcgccgcccgtcggccccggccgga gcccggctctgcgcgctgacgccctgtcgtccccgcagaacgatcgccgcggccggaagagttggcgctcggggcggactccttggaactggcttagcg cacccatcccaccttcccgcaccctgggaccggtcggaacgagctgattgcccgctacatcaagctccggacagggaagacccgcaccaggaagcag gtctccagccacatccaggtgctggctcgtcgcaaagctcgcgagatccaggccaagctaaaggaccaggcagctaaggacaaggccctgcagagc atg (Seq ID No: 256)

Receptor 137B acoplado a proteína G de Homo sapiens (GPR137B): ttttctttcctccagtctcggggctgcaggctgagcgcgatgcgcggagacccccgcgggggcggcggcggccgtgagccccgatg (Seq ID No: 257)

1 transduccionalmente controlado, proteína tumoral de Homo sapiens (TPT1): cggccttttccgcccgctccccccctccccccgagcgccgctccggctgcaccgcgctcgctccgagtttcaggctcgtgctaagctagcgccgtcgtcgtctc ccttcagtcgccatcatg (Seq ID No: 258)

Producto 1 de fusión de proteína ribosómica de residuo A-52 de ubiquitina de Homo sapiens (UBA52): ctatcttctttttcttcagcgaggcggccgagctgacgcaaacatg (Seq ID No: 259)

Proteína II de núcleo de ubiquinol-citocromo c reductasa de Homo sapiens (UQCRC2): cggcctccgccaccatcttgctttcctttaatccggcagtgaccgtgtgtcagaacaatcttgaatcatg (Seq ID No: 260)

Peptidasa 1 específica de ubiquitina de Homo sapiens (USP1): ctgcctttcgtgtctctgcagcgtggagactggaaccggcaatttcaaaggacgccacgttcaatcgcagcgctggcgcgggcggaggctaaaacacgg gggtcctgagactgaggaaaacgcgccaagttcccctcggtggcggagtgctaaagaccctagcggttcaggcgttcggcgagcggggccgctgcttgtt gcgctcctggctctcccggggcgggcgcagatgggcgccgctcccgggatgtagttggtgttggtgcaagacgggagcgagcggcggtcggggttcccg ctcttgggagcggatggtcactcccccgcggggagggcgagccgaccagattttcctggggccggggacccggcgggctcggggcagggactcacct gtcgcacccacactcattcgggttggacttgccggcgtcaccgccgcggacttcgctttgggccatgaccagatataattggtgattacaactttcctctataa attaactcttgacactccttgggatttgaagaaaaaaatg (Seq ID No: 261)

Canal 2 de anión dependiente de voltaje de Homo sapiens (VDAC2): gtgtctccttcacttcgccctccagctgctggagctgcagcccgaccgcgagcgtgccaagcggcttcagcagctagcggagcggtggcggcggccccc ctcaggacaccaccagattcccctcttcccgcggcctcgccatg (Seq ID No: 262)

Vimentina de Homo sapiens (VIM): gcctcttctccgggagccagtccgcgccaccgccgccgcccaggccatcgccaccctccgcagccatg (Seq ID No: 263)

Receptor de lipoproteína de muy baja densidad de Homo sapiens (VLDLR): ccccctccccgctgctcaccccgctctccggccgccgccggtgcgggtgctccgctaccggctcctctccgttctgtgctctcttctgctctcggctccccaccc cctctcccttccctcctctcccctttgcctccccctcctctgcagcgcctgcattattttctgcccgcaggctcggcttgcactgctgctgcagcccggggaggtggct gggtgggtggggaggagactgtgcaagttgtaggggaggggggtgccctcttcttccccgctccctttccccgccaactccttccccctccttctccccctttccc ctccccgcccccaccttcttcctcctttcggaaggactggtaacttgtcgtgcggagcgaacggcggcggcggcggcggcggcggcaccatccaggcgg gcaccatg (Seq ID No: 264)

Familia del sitio de integración MMTV de tipo sin alas de Homo sapiens miembro 10B (WNT10B): agtcctttgctcgccggcttgctagctctctcgatcactccctcccttcctccctcccttcctcccggcggccgcggcggcgctggggaagcggtgaagagga

gtggcccggccctggaagaatgcggctctgacaaggggacagaacccagcgcagtctccccacggtttaagcagcactagtgaagcccaggcaaccc
aaccgtgcctgtctcggaccccgcacccaaaccactggaggtcctgatcgatctgcccaccggagcctccgggcttcgacatg (Seq ID No: 265)

Proteína de ligación a ácido nucleico, dedo de zinc tipo CCHC de Homo sapiens (CNBP):
cagcctctaccttgcgagccgtcttccccaggcctgcgtccgagtctccgccgctgcgggcccgctccgacgcggaagatctgactgcagccatg (Seq ID No: 266)

Proteína 43 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF43):
gggcctttgtctctggctgcagttggagctctgcgtctcgtcttcgttcttctgtgtcctctgctgctagaggtccagcctctgtggctctgtgacctgcgggtattgg
gggatccacagctaagacgccaggacccccccggaagcctagaaatg (Seq ID No: 267)

Proteína 74 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF74):
cagtcctttgtgggagtccggtctgtccacttgccggtccctcagaccgtcggcggtctctgtccgcttcgggacctgtccgctggtcgctccgcgtccgatgg
ctcctggccgcggaaccttaggcctggccctggtctccgagcgcgggttcgccgggaggagcgtgtggcgggggtgtgccggggcgtgagtgcgccga
gcatggggctgagcctggtgtggggagtgggtatctgcggagccggcctgaaccccacctcagccgggcgcggggaggggctccgtgcgtgtgatcg
tgcagctgtgagcgcgtggccgccccgcggggctccgctgcaggcccctcagccccaggagcagtactcgctcttcagggcctgccctggatcctggag
gctacacagctgcccactcctcctggggaggctgccgtggaggccatg (Seq ID No: 268)o

Proteína 85 de dedo de zinc de Homo sapiens 85 (ZNF85):
gggcctttgtctctcgctgcagcctgagctctaggtcttgttttccctgctttgtgttttctgctcgtggacgcccagcctctgtggccctgtggcctgcaggtattggg
agatccacagctaagacgccgggacccccctggaagcctagaaatg (Seq ID No: 269)

Proteína 91 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF91):
gggcctttgtctctcgctgccgccggagtttccaggtctcgacttcactgctctgtgtcctctgctccaggaggcccagcctgtgtggccctgtgacctgcaggt
attggagagccacagctaagatg (Seq ID No: 270)

Proteína 141 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF141):
gggtctttgcgtctggctactaccagaccgcgggttaggggcttcatctctctgcgttctcagttgtgggaggccttggtgattcggccacagcctcagcctccg
tcgctctgtgacctgcgggtattggatgattggtagctaagactcccgaatacttcagaagtggggaaatg (Seq ID No: 271)

Proteína 205 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF205): tgttctttctagctctgaaatagaaaatg (Seq ID No: 272)

Proteína 87 transmembrana de Homo sapiens (TMEM187):
ctccctttttcggagatttgaatttcccccagcgaggcgagtgaggcgaaatacccgtatggtgatagctggccttttcgcgccaatactgaaaaaggcagaa
cgttcctccgctggcgccagccaatcagcaggactcctgccttccttcggggcaaggtcgcagcatctgcctcggaaatcacgaaatcacggggcttctttc
tgctggctcagccgggaggcccagagtgttctgcagaggctgcgtattgaaggctgctctctgaagctccctgccccaggtcacgccgccggttccagatg
(Seq ID No: 273)

Agrupamiento de histona 2 de Homo sapiens, H2be (HIST2H2BE):
acttcttttcttggctaagccgcgtttgtactgtgtcttaccatg (Seq ID No: 274)

Familia 25 de portador de soluto de Homo sapiens (portador mitocondrial ; portador de oxoglutarato), miembro 11 (SLC25A11):
ccgcctttgcgctgcgcgcctgcgcccgcgccggcttccagcgggtgtcggacctgagagctggaggggcgtgcgcgcgccctcgctctgttgcgcgcgc
ggtgtcaccttgggcgcgagcggggccgcgcgcgcacgggacccggagccgagggccattgagtggcgatg (Seq ID No: 275)

Tirosilproteína sulfotransferasa 2 de Homo sapiens (TPST2):
cctccccctccccggctggggcggctggagagccgggagtcgctgggtgcgtggggctgcctcgccgcgtctcgccacgggctctgccagcagacagc
cttggcacacaggcacaagggctggagcccagagatgagagtgcccaagggagatgtgagcctggcgggctgcccgctaacctgtcgctgaagcccc
agaagcgggccctcaggccaggcctaccctgcctccggcccagcatg (Seq ID No: 276)

Dominio de sorbina SH3 2 de Homo sapiens (SORBS2):
aagcctcttttatacatctcttcagggaagagagaagcaatgggcatgttagtatacaatgatcacagccacgcaggcctgcaagctgccttttggacaggc
tgttgactgccgttccaattagctgattggagaatgtggaatgcagagtgataatgctgcatatctgctatcaggcagcagcaaaggtttttgtcttgggaaggc
aagctttccctgcaatattatctcagcagctccctagctgcttaccctgaaaacgagggatccaaacggagggtgttgcactctgctaacgctggtcctgtgc
gtggctgtggcatatgagcggcaggtctgaaaaagcaggtgtgtgctgggacgggcactggactggaacgcaggcggacgctctcgggtttacctgcttc
ctgttaacagattgtgggctcccagggcatatgtctgcacgctgaggccgaggcggagaaggggcttcctgagcgtcccagtacactgacagagacactt
ggattggacttaatcttaaacctctggagttcaagacctttaaaaagggctaaataaacaatctctacatgtaaaaggccactgactcctacttcctctgtata
gagcaactgttgaactcagctgcctgtaggaaaactgaagactttaataacaaactctccaaggtgaaaatg (Seq ID No: 277)

Receptor 65 acoplado a proteína G de Homo sapiens (GPR65):
gtttctcttcttgacttgatgcaggcacagatttatcaagctcctcagtcaacaaacacatcaccggaagaaatatggaaggaaaggaattttaaaaggaaa
taccaatctctgtgcaaacaaagccttgtatattcatgtttgcaccaatctactgtgagatttatgaagaaaaacaaattgcggacaactctctatgtacacttac
aaatgcctcagttgatgcttgtgggctgtttgtcagcgttctgtgataatgaacacatggacttctgtttattaaattcagttgacccctttagccaattgccaggag
cctggatttttacttccaactgctgatatctgtgtaaaaattgatctacatccaccctttaaaagcattgatgaattaattagaactttagacaacaaagaaaaatt

gaaaaagaattctcagtaaaagcgaattcgatgttcaaaacaaactacaaagagacaagacttctctgtttactttctaagaactaatataattgctaccttaa aaaggaaaaaatg (Seq ID No: 278)

Homólogo 1 de nipsnap de Homo sapiens (C. elegans) (NIPSNAP1): gggccttcctgcaacctttgcggctccaacatg (Seq ID No: 279)

Inhibidor de potenciador de gen de polipéptido ligero kappa de Homo sapiens en células B, proteína asociada a complejo de cinasa (IKBKAP):
gcttctttgcagcgcttcagcgttttcccctggagggcgcctccatccttggaggcctagtgccgtcggagagagagcgggagccgcggacagagacgcg tgcgcaattcggagccgactctgggtgcggactgtgggagctgactctgggtagccggctgcgcgtggctggggaggcgaggccggacgcacctctgttt gggggtcctcagagattaatgattcatcaagggatagttgtacttgtctcgtgggaatcacttcatcatg (Seq ID No: 280)

Subunidad 3 de homólogo fotomorfogénico constitutivo COP9 de Homo sapiens (Arabidopsis) (COPS3):
ctgccttcgccgctcgggccgcccgggggaaaacatg (Seq ID No: 281)

Pirina de Homo sapiens (proteína nuclear de ligación a hierro) (PIR):
ccgcctcctctaggccgccggccgcgaagcgctgagtcacggtgaggctactggacccacactctcttaacctgccctccctgcactcgctcccggcggct cttcgcgtcacccccgccgctaaggctccaggtgccgctaccgcagcgtgagtacctggggctcctgcaggggtccactagccctccatcctctacagctc agcatcagaacactctcttttagactccgatatg (Seq ID No: 282)

Complejo 5 de THO de Homo sapiens (THOC5):
ccttccttacttccggttctctatggtgcgcgggcaagctttgctccgcctccggcagtggcttactcccggtgccaggttcttggagctgtgaggaggaacaac catg (Seq ID No: 283)

similar a RuvB 1 de Homo sapiens (E. coli) (RUVBL1):
gggcctttgcaaaattgccctagtaacggccgcatggtaactcaggcgccgggcgcactgtcctagctgctggttttccacgctggttttagctcccggcgtct gcaaaatg (Seq ID No: 284)

Factor 7 similar a Kruppel de Homo sapiens (ubicuo) (KLF7):
tttccttttagttgactgaaacaaaacaaaacaaaagggccactggatgtctgccttcttgggggtgagccagacagactgacaaacaaacagcccca actgtgttcgggggagggtttcgcctcccgttttgcccggcagcagcagcatg (Seq ID No: 285)

Homólogo de proteína de acoplamiento de vesícula USO1 de Homo sapiens (levadura) (USO1):
gctccccttttgccttcaaccttcgagccgccacgtaatgccacgtccccgcgcatgcgcatcttggccgctgctggcggctgtttccgggcttagagggctgg agtggccgccgagttggaggcggtggtggcagcagtaggagtgtgtagagtgcgggattgggggccaggccctgcggagggcgggggaagttgtcttct ttttttccggaggggccggtaaacctggtggctgaacggcaagatg (Seq ID No: 286)

Homólogo C de unc-5 de Homo sapiens (C. elegans) (UNC5C):
ccccctttggcccctgcctttggagaaagtggagtgtggcgcttggttgtcgttatttcttcggactgcttcgcggtgcacggattcagcttctgcccagtggggc tttcagctgtttgcgcgtctctctgtccccctccctccccccggcacacctctgtctacgatg (Seq ID No: 287)

Dominio 1 de fosfato ciclasa terminal ARN de Homo sapiens (RTCD1):
gcttcttccgctttctcgtcaggctcctgcgccccaggcatgaaccaaggtttctgaactactgggcgggagccaacgtctcttctttctcccgctctggcggag gctttgtcgctgcgggctgggccccagggtgtcccccatg (Seq ID No: 288)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad A (EIF3A):
ggctccttcctttccgtctctggccggctgggcgcgggcgactgctggcgaggcgcgtgggaccttacgctggttccccttcgtctcctctcccggcccgggc cactagagagttcgctgacgccgggtgagctgagcctgccgccaagatg (Seq ID No: 289)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad D (EIF3D):
gtttcctcttttcctggtttctcaagagtgctgctgctaacgcggtccccggcacgcaccatctgttgccatcccggccggccgaggccattgcagattttggaa gatg (Seq ID No: 290)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad F (EIF3F):
ccgcctccttctttctcgacaagatg (Seq ID No: 291)
Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad G (EIF3G):
cgctctctggccgggcttgggctgcgtggagaatacttttgcgatg (Seq ID No: 292)
Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad H

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad I (EIF3I):
aaacctttccggtcttactcacgttgcggccttcctcgcgtcacagccgggatg (Seq ID No: 294)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad J (EIF3J):
ctccctctcacacacgctcacacccggctcgagatg (Seq ID No: 295)

Proteína de ligación a poli(A) de Homo sapiens, citoplásmica 4 (forma inducible) (PABPC4):
ccgcctctctccgccccgggtcgctgccgcctccgccgctttcgggcttcgcagcctgaggaaaaaaagagaaaaagataaaaaaaatctgaaaacgct
tcaaaatcctgaaaaaaaaaaaggaaaagaaaaaacgaatcctcggagaacccgcggggaagtcactttcgtacgcttccggcctgccccgcgcccg
ccgccgcagcgcttggcgtccgtcggtctccgtccgtcggtccgggggtgagccgcccgcccggcccgccgtgccctccccccgctcgggccccgagcc
ccgcgccccgcgcctgccccggcgcaccacgtgtccgtgctgcccttcgccgcccgcccggggctcgccgagtcggcgcccacaaagatttggtttccct
ctgccccggcggttgtaatcttaaaccgccggagcccgaggcctatatttatagagaaacgcgtgtccccgaggccgccgtgggcagcgtccggtcgcct
cttaaaggatttttaccccttcggaaggggattccccgtttaatttttttcctactttgatttttttgaaatttggagcttcgcaccaggaccgcggagaagtgcaaagtc
gcggggagggccgtattgtgcggagagccttttgtctgcggtgctgcggccgtgggagccggcccccgcctcccgtttccgtcccgtctccaagcccgccg
actccagctcgtcctcgccgcgccggtgccacctgtgagccgcggcgcgggcccgggctccgaaggcgccccttttgtcctgcggcgggcccgataaga
agtcctcctggcggggctcggggtggtgggggggcggggagatg (Seq ID No: 296)

Serina-treonina-cinasa 2 de interacción con receptor de Homo sapiens (RIPK2):
agctctttcgcggcgctacggcgttggcaccagtctctagaaaagaagtcagctctggttcggagaagcagcggctggcgtgggccatccggggaatgg
gcgccctcgtgacctagtgttgcggggcaaaaagggtcttgccggcctcgctcgtgcaggggcgtatctgggcgcctgagcgcggcgtgggagccttggg
agccgccgcagcaggggcacacccggaaccggcctgagcgcccgggaccatg (Seq ID No: 297)

Neuropilina 1 de Homo sapiens (NRP1):
ctttcttttctccaagacgggctgaggattgtacagctctaggcggagttggggctcttcggatcgcttagattctcctctttgctgcatttccccccacgtcctcgtt
ctcccgcgtctgcctgcggacccggagaagggagaatg (Seq ID No: 298)

Guanina monfosfato sintetasa de Homo sapiens (GMPS):
tggtcttctctcccgcggcgctggggcccgcgctccgctgctgttgctccattcggcgcttttctggcggctggctcctctccgctgccggctgctcctcgaccag
gcctccttctcaacctcagcccgcggcgccgacccttccggcacccctcccgccccgtctcgtactgtcgccgtcaccgccgcggctccggccctggccccg
atg (Seq ID No: 299)
proteína 1 de ligación a elemento cadena arriba lejado de Homo sapiens (FUSE) (FUBP1):
ttttctttctttcttagctgttagctgagaggaagtctctgaacaggcggcagcggctcttatagtgcaaccatg (Seq ID No: 300)

Factor 2B de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad 5 epsilon, 82kDa (EIF2B5):
gatccttttgtcccctactgcgtgcggtggcagcttccttgcggaagtggtgaccgtgagagaagaagatg (Seq ID No: 301)

Factor 2B de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad 2 beta, 38kDa (EIF2S2):
gtttcctttcgctgatgcaagagcctagtgcggtggtgggagaggtatcggcaggggcagcgctgccgccggggcctggggctgacccgtctgacttcccg
tccgtgccgagcccactcgagccgcagccatg (Seq ID No: 302)

Complejo 1 de proteína relacionada con adaptador de Homo sapiens, 2 subunidad sigma (AP1S2):
cctcccctctccgcctaagcctgccctatgccagccgggtgtcctccccacagcaccacggcttctcttcctcagcacggcgacaggggcttccccttcgcc
gccgccgccgccgccggccaagctccgccgcgcccgcggcccgcggccgccatg (Seq ID No: 303)

Supresión de tumorigenicidad 13 de Homo sapiens (carcinoma de colon) (proteína de interacción Hsp70)
(ST13): cgccccctctgcgcggtcacgccgagccagcgcctgggcctggaaccgggccgtagccccccccagtttcgcccaccacctccctaccatg
(Seq ID No: 304)

Familia 7 de portador de sluto de Homo sapiens (transportador de aminoácido catiónico, sistema y+),
miembro 7 (SLC7A7):
ctccctttcttaaatgcttggggtgagagagaagagaggctagggtggggcatggaggacacagagagagagagtgctgtgtattccttccccgctactgt
cctgtcctcagctaacttgctctgggacagcttccccagggctacagatactgcactcagctgactgtcctttcttctgggcccctggtcccagagcagagctg
acaaaggagattcctgagagagcaccttcttatcacagaaagtgctgagccaagagctcctagctgccccttttgcagatgtgaagggccagtgaaccttg
gacccagatggttgcttaatactcctttcccctcctcactccttcctttgcgggctgcctcacctcctccacccttcttgcttaaatccataggcatttgtctggcct
tccctttactgctggctgggaaggaggagcatcagaccacagatcctggaaggcacttctctccctgactgctgctcacactgccgtgagaacctgcttata
tccaggaccaaggaggcaatgccaggaagctggtgaagggtttcctctcctccaccatg (Seq ID No: 305)

Caja 2 pareada de Homo sapiens (PAX2):
ctccctttctcctcaagtcctgaagttgagtttgagaggcgacacggcggcggcggccgcgctgctcccgctcctctgcctccccatg (Seq ID No:
306)

Ribonucleótido de 5-aminoimidazol-4-carboxamida de Homo sapiens para formiltransferasa/IMP
ciclohidrolasa (ATIC): agccctcctacctgcgcacgtggtgccgccgctgctgcctcccgctcgccctgaacccagtgcctgcagccatg (Seq
ID No: 307)

ATP sintasa de Homo sapiens, H+ transporte complejo F1 mitocondrial, subunidad 1 alfa, músculo cardíaco
(ATP5A1): ccttctttgcggctcggccattttgtcccagtcagtccggaggctgcggctgcagaagtaccgcctgcggagtaactgcaaagatg (Seq
ID No: 308)

Ciclina G1 de Homo sapiens (CCNG1):
cggccccttcggctccgagctgaccctgatcagggccgagttgtctcggcggcgctgccgaggcctccacccaggacagtccccctccccgggcctctct

cctcttgcctacgagtcccctctcctcgtaggcctctcggatctgatatcgtggggtgaggtgagcaggcccggggagggtggttaccgctgaggagctgca gtctctgtcaagatg (Seq ID No: 309)

Caderina 16 de Homo sapiens, KSP-caderina (CDH16):
agctctcttcttgcttggcagctggaccaagggagccagtcttgggcgctggagggcctgtcctgaccatg (Seq ID No: 310)

inhibidor de cinasa 1B dependiente de ciclina de Homo sapiens (p27, Kip1) (CDKN1B):
ttttcttcttcgtcagcctcccttccaccgccatattgggccactaaaaaaaggggctcgtcttttcggggtgtttttctccccctcccctgtccccgcttgctcacg gctctgcgactccgacgccggcaaggtttggagagcggctgggttcgcgggacccgcgggcttgcacccgcccagactcggacgggctttgccaccctc tccgcttgcctggtcccctctcctctccgccctcccgctcgccagtccatttgatcagcggagactcggcggccgggccggggcttccccgcagcccctgcg cgctcctagagctcgggccgtggctcgtcggggtctgtgtcttttggctccgagggcagtcgctgggcttccgagaggggttcgggctgcgtaggggcgcttt gttttgttcggttttgttttttgagagtgcgagagaggcggtcgtgcagacccgggagaaagatg (Seq ID No: 311)

Quimerina 2 de Homo sapiens (quimaerina) (CHN2):
tctcctcttcttcctttgtgtgtgcgcgagcggagttggggcggagggagaaggggggaggtcgctctgtctgtccgtctcccgccgcctctgcccggtctactcg aagtgcggcgggagaggcgggagcccaggagagggtgcgggagctggcggggcggctcggagctgccaggacgccctggtcccagccgcgcaca ggggagcgtggacggcagaggggctcggcgggagccgagatccgcccgtcccggctgcccctcggcctccctctgctcccacctacccccgacaccc atagaaaagcgtgcaaaggcgcggagcgggacggaaaccacaaataaatagcggcggcggcagcgcgtcatctggtggagcaggaagtgcaggc agagtccggaggctggtgctttctgcgcgtccccaggactttgccatgggctgggggccgcggaggctgcgagcggccgggcgagggcagcggcggc ggcgtccgcaccggggctgagcgagcagcgacgcgaggggcgcgcggagatg (Seq ID No: 312)

Citrato sintasa de Homo sapiens (CS):
gggcctccttgaggaccccgggctgggcgccgccgccggttcgtctactctttccttcagccgcctcctttcaaccttgtcaacccgtcggcgcggcctctggt gcagcggcggcggctcctgttcctgccgcagctctctccctttcttacctccccaccagatcccggagatcgcccgccatggctttacttactgcggccgccc ggctcttgggaaccaaggcacccagtggcaagtactagctgagcatttgggagatgcttgtcttacttggctgttgcttctcctgctgctggggaaaaggaatg catcttgtcttgttcttgcagcccggcatgccagtgcttcctccacgaatttgaaagacatattggctgacctgatacctaaggagcaggccagaattaagactt tcaggcagcaacatggcaagacggtggtgggccaaatcactgtggacatg (Seq ID No: 313)

Catepsina S de Homo sapiens (CTSS):
atttcttttcaagtcaattgaactgaaatctccttgttgctttgaaatcttagaagagagcccactaattcaaggactcttactgtgggagcaactgctggttctatc acaatg (Seq ID No: 314)

Desoxinucleotidiltransferasa de Homo sapiens, terminal (DNTT):
cagtctccctcccttctggagacaccaccagatgggccagccagaggcagcagcagcctcttcccatg (Seq ID No: 315)

Fosfatasa 3 de especificidad doble de Homo sapiens (DUSP3):
cgctctccgcctcgcttgctcctgccgggcgtgcagggccccgccgccgccatg (Seq ID No: 316)

Similar a receptor 2 de Factor II de coagulación de Homo sapiens (trombina) (F2RL2):
catcctttccctgcggaggaccagggcaagtttcctgcctgcacggcacaggagagcaaacttctacagacagaccaaggcttccatttgctgctgacaca tggaactgaggtgaaattgtgctccatgattttacagatttcataacgtttaagagacgggactcaggtcatcaaaatg (Seq ID No: 317)

Fragmento Fc de Homo sapiens de IgG, receptor, transportador, alfa (FCGRT): cgtcctctcagcatg (Seq ID No: 318)

Proteína 2 de ligación a guanilato de Homo sapiens, inducible por interferon (GBP2):
ttacctctttttcttgtctctcgtcaggtctctgacattgacagagcctggacgttggaggaagccccaggacgttggaggggtaaagtaaaagtccacagtta ccgtgagagaaaaaagagggagaaagcagtgcagccaaactcggaagaaaagagaggaggaaaaggactcgactttcacattggaacaaccttct ttccagtgctaaaggatctctgatctggggaacaacaccctggacatg (Seq ID No: 319)

Supresor de ruta 1 de proteína G de Homo sapiens (GPS1):
cgctctttctcccttcagcagccagccagctctgtgtcagggtcgggggtgcagaaagtcaggacagaatg (Seq ID No: 320)

Factor IIF de transcripción general de Homo sapiens general, polipéptido 2, 30kDa (GTF2F2):
gttcctcttttcctcggttcccagtgttctggcaggtaaggaacgccggctcttcgcctctcagcgcggcttgtcctttgttccggacgcccgctcctcagccctgc ggctcctggggtcgctgctgcatcccgcacgcctccaccggctgcagacccatg (Seq ID No: 321)

Glicogenina 1 de Homo sapiens (GYG1):
cgctccctcccggtgccggcttctctgagtcaccaacctgaggctgccccggccgcctgcgcacccggcagcaccatg (Seq ID No: 322)

Proteína 9 70kDa de choque térmico de Homo sapiens (mortalina) (HSPA9):
agctctttgccgtcggagcgcttgtttgctgcctcgtactcctccatttatccgccatg (Seq ID No: 323)

Proteína 2 de ligación a elemento sensible a hierro de Homo sapiens (IREB2):
cttccttctttcctcccttgccagtccgcctgtcttcctccccgtcttccctgcccggcctcccccttcttcccccgctggccccctccccggagggataatatggtct

ccggcgatg (Seq ID No: 324)

Complejo de reconocimiento de origen de Homo sapiens, subunidad 1 (ORC1):
ccaccttcttttcatttctagtgagacacacgctttggtcctggctttcggcccgtagttgtagaaggagccctgctggtgcaggttagaggtgccgcatccccc
ggagctctcgaagtggaggcggtaggaaacggagggcttgcggctagccggaggaagctttggagccggaagccatg (Seq ID No: 325)

RAB1A de Homo sapiens, miembro de la familia de oncogen RAS (RAB1A):
cattcctttctttcgattacccgtggcgcggagagtcagggcggcggctgcggcagcaagggcggcggtggcggcggcggcagctgcagtgacatg
(Seq ID No: 326)

Citohesina 2 de Homo sapiens (CYTH2):
gagtcttttcagcgctgaggactggcgctgaggaggcggcggtggctcccggggcgtttgagcgggctcacccgagcccgcgggccaacgcggatcca
ggcccgactggcgggaccgccccggattccccgcgggccttcctagccgccatg (Seq ID No: 327)

Subunidad 2 homóloga fotomorfogénica constitutiva COP9 de Homo sapiens (Arabidopsis) (COPS2):
atttctcctccccctcccggccaagatg (Seq ID No: 328)

Familia 9 de portador de soluto de Homo sapiens (intercambiador de sodio/hidrógeno), regulador 1 de miembro 3 (SLC9A3R1):
ggtcctctctcggctcctcgcggctcgcggcggccgacggttcctgggacacctgcttgcttggcccgtccggcggctcagggcttctctgctgcgctcccgg
ttcgctggacgggaagaagggctgggccgtcccgtcccgtccccatcggaaccccaagtcgcgccgctgacccgtcgcagggcgagatg (Seq ID No: 329)

Peptidasa beta (procesamiento mitocondrial) de Homo sapiens (PMPCB): ctaccttccttctagcagaaatg (Seq ID No: 330)

RAB3D de Homo sapiens, miembro de la familia de oncogen RAS (RAB3D):
cggcccttcctccgccttctgggcggagcccgcgcgggatccgggtggctgcaggctgctggcttctgcggctgcggggtcggggtcgcggccagggcc
aagccgcagcgagttcacaggcggaacccctgcaggcggcgccccctacgcgaggtcacccctgggaaggagcgcagcccacccggccccctccgc
atccgagcaggacgcccgtctcctctccctgaggatttcaggtctccctgtcccaggaggcttgtgccaagatg (Seq ID No: 331)

Casete de ligación a ATP de Homo sapiens, sub-familia B (MDR/TAP): tcttctctcggttcctctttcctcgctcaagatg (Seq ID No: 332)

N-acilsfingosina amidohidrolasa de Homo sapiens (ácido ceramidasa) 1 (ASAH1):
ggctcttctttgcctctgctggagtccggggagtggcgttggctgctagagcgatg (Seq ID No: 333)

Subunidad Vic de citocromo c oxidasa de Homo sapiens (COX6C):
ttttcctttagtcaggaaggacgttggtgttgaggttagcatacgtatcaaggacagtaactaccatg (Seq ID No: 334)
Homólogo COX15 de Homo sapiens, proteína de ensamblaje de citocromo c oxidasa (levadura) (COX15):
gcttctcttttccttggcggaggagggagaccacagagccctgggttgtggaagaggtggctgttccctgtcatcagtatg (Seq ID No: 335)

C-src tirosina cinasa de Homo sapiens (CSK):
ccccctccccccgcctttcttccctccgcgacccgggccgtgcgtccgtcccccctgcctctgcctggcggtccctcctcccctctccttgcacccatacctctttgt
accgcacccccctggggacccctgcgcccctccccctcccccctgaccgcatggaccgtcccgcaggccgctgatgccgcccgcggcgaggtggcccgg
accgcagtgccccaagagagctctaatggtaccaagtgacaggttggctttactgtgactcggggacgccagagctcctgagaagatg (Seq ID No: 336)

Versican de Homo sapiens (VCAN):
gagcctttctggggaagaactccaggcgtgcggacgcaacagccgagaacattaggtgttgtggacaggagctgggaccaagatcttcggccagcccc
gcatcctcccgcatcttccagcaccgtcccgcaccctccgcatccttccccgggccaccacgcttcctatgtgacccgcctgggcaacgccgaacccagtc
gcgcagcgctgcagtgaattttccccccaaactgcaataagccgccttccaaggccaagatg (Seq ID No: 337)

Distroglicano 1 de Homo sapiens (glicoprotéina 1 asociada a distrofina) (DAG1):
gcgcctcttaggcttggcggtggcggcggcggcagcttcgcgccgaatccccggggagcggcggtggcggcgtcctggggccaggaggagcgaaca
cctgccgcggtcctcccgccggcgctgggctctgtgtgctccgggatggagcaggtgtgcagagggtgagaacccagctctgggaccaagtcacttgcttc
cttacttagcaagactatcgacttgagcaaacttggacctgggatg (Seq ID No: 338)

DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) caja helicasa 5 de Homo sapiens (DDX5):
ccccctcttttggttacagacgtgagggctctttggagacgtaaacatctccgagtggcgagggtgggcggggctgggcttgggaaagggcggggtggctt
gcttgaggtgtggaaagaccagaagaaggtgaggtcaagagagtgcagaatgaggcattccaatggtgggtgggccctgacctgagagagtggcgcg
gggaggggtgaaagcgcggcgatcctggaacgccagcgggcgttgcggcctatgcgcgaggggcggggcgattaggtcatagagcggctcccagcg
ttccctgcggcgtaggaggcggtccagactataaaagcggctgccggaaagcggccggcacctcattcatttctaccggtctctagtagtgcagcttcggct
ggtgtcatcggtgtccttcctccgctgccgcccccgcaaggcttcgccgtcatcgaggccatttccagcgacttgtcgcacgcttttctatatacttcgttccccg
ccaaccgcaaccattgacgccatg (Seq ID No: 339)

Desmoplaquina de Homo sapiens (DSP):
gctcctctgcgcccttgccgccctccgagccacagctttcctcccgctcctgcccccggcccgtcgccgtctccgcgctcgcagcggcctcgggagggccc
aggtagcgagcagcgacctcgcgagccttccgcactcccgcccggttccccggccgtccgcctatccttggccccctccgctttctccgcgccggcccgcc
tcgcttatgcctcggcgctgagccgctctcccgattgcccgccgacatg (Seq ID No: 340)

Glutamil-prolil-ARNt sintetasa de Homo sapiens (EPRS):
cttcctttcgcggggtcctccgtagttctggcacgagccaggcgtactgacaggtggaccagcggactggtggagatg (Seq ID No: 341)

Miembro 4 de la familia de cadena larga de acil-CoA sintetasa de Homo sapiens (ACSL4):
gctcctcctcgtcccagcgctagcgggcacgcggttccttttgcgagctttccgagtgccaggcgccggccggctgcgaagacgcggtgggccgcccctc
cgattgaaatcacagaagatattcgtgttcttcttaagagaaaaagaggacattttagctttctcagttgaaggcgtactttattgtcggcttccaaagattactaa
cttttatctgtatcactaagattgaactgccttggctgtactgctattcttactgctgcttctattattgccttcttcagcacaataaggctttcaaaagccaaagaata
acaagaaataagcaccattttagaagcctttccactatg (Seq ID No: 342)

Proteína de activación de fibroblastos de Homo sapiens, alfa (FAP):
tggtcctttcaacggttttcacagatccagtgacccacgctctgaagacagaattagctaactttcaaaaacatctggaaaaatg (Seq ID No: 343)

UDP-N-acetil-alfa-D-galactosamina:polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 3 de Homo sapiens (GalNAc-T3) (GALNT3):
ctgcctctccaggcaacgcgggaggcccagcgggaaggcaggaggcggcggcggaggaggagctctactgagccgcaactgtggcgacagcaac
cggagtcgcagccgccgccacctgcacctggcgcctagcccacgtccagcgcctgcccggccgccgcttcccgccaccctgccctgcccacccgccag
gtactaccattaaagataccttcttctcagcaaatctatgataaaaaatataagtaacagaagaagaaataactgttatttgtcaagtgacaagcttttaatgtc
agaatg (Seq ID No: 344)

Glipican 3 de Homo sapiens (GPC3):
acgtctcttgctcctcagggccactgccaggcttgccgagtcctgggactgctctcgctccggctgccactctcccgcgctctcctagctccctgcgaagcag
gatg (Seq ID No: 345)

Factor 2 de ligación a potenciador de interleucina de Homo sapiens, 45kDa (ILF2):
acgcctcttcagttgtctgctactcagaggaaggggcggttggtgcggcctccattgttcgtgttttaaggcgccatg (Seq ID No: 346)

Similar 1a proteína 1 de ensamblaje a nucleosomas de Homo sapiens (NAP1L1):
gggtctttttagcgccatctgctcgcggcgccgcctcctgctcctcccgctgctgctgccgctgccgccctgagtcactgcctgcgcagctccggccgcctgg
ctccccatactagtcgccgatatttggagttcttacaacatg (Seq ID No: 347)
Asparaginil-ARNt sintetasa de Homo sapiens (NARS):
cgctctctgatgcaacgccggaatcgcggaaaccgccggtgcacgttggagtcataagacggcgtcggtgttgcagtctgtgtccttggaggtgaccagg
gccactgcaggcatg (Seq ID No: 348)

Subcomplejo de NADH deshidrogenasa 1 alfa (ubiquinona) de Homo sapiens, 10, 42kDa (NDUFA10):
cgtcccttgggtccttgatcctgagctgaccgggtagccatg (Seq ID No:
349)

Proteína 2 de NADH deshidrogenasa Fe-S (ubiquinona) de Homo sapiens, 49kDa (coenzima NADH Q reductasa) (NDUFS2): ttctccttcccgcagtctgcagccggagtaagatg (Seq ID No: 350)

Proteína 5 de NADH deshidrogenasa Fe-S (ubiquinona) de Homo sapiens, 15kDa (coenzima NADH Q reductasa) (NDUFS5):
catcctttacggcaggcgtccgcgtcgctagctagtcgttctgaagcggcggccagagaagagtcaagggcacgagcatcgggtagccatg (Seq ID No: 351)

Fosfoenolpiruvato carboxicinasa 2 de Homo sapiens (mitocondrial) (PCK2):
ccctccttttttaagcgcctcccgccagcctctgctgtggctcgcttcgccgcgctccctccttccccgccttccatacctccccggctccgctcggttcctggcca
ccccgcagcccctgcccaggtgccatg (Seq ID No: 352)

Inhibidor de serpin peptidasa de Homo sapiens, clado B (ovalbumina), miembro 6 (SERPINB6):
ctcccttcgcgctccggacgggcgacggtagctcgagacccgggactccgcccgcctccccgcgagtatttgaggtccggggcggctccggcgcctctg
cccgccgttctgctcgctcgctccccgctctggagtctgccatcatg (Seq ID No: 353)

Rab geranilgeraniltransferasa de Homo sapiens, subunidad alfa (RABGGTA):
ttctctcctcagacttcaagggctaccactggacccttcccctgtcttgaaccctgagccggcaccatg (Seq ID No: 354)

Rab geranilgeraniltransferasa de Homo sapiens, subunidad beta (RABGGTB): ctctctcctttccctgttagacatg (Seq ID No: 355)

Polipéptido A de ribonucleoproteína nuclear pequeña de Homo sapiens (SNRPA):
agttctctccgcacgcgggctggagaagcgggtcctacgcacgctttgttgtcgcgctttgcctccgtccttgcccctactcccgccttacctgacttccttttcgg
aggaagatccttgagcagccgacgttgggacaaaggatttggagaaacccagggctaaagtcacgtttttcctcctttaagacttacctcaacacttcactcc
atg (Seq ID No: 356)

Factor 2 de transcripción de ligación a elemento regulador de esterol de Homo sapiens (SREBF2):
cgccctttctgtgcggcgcccgggcgcaacgcaaacatggcggcgggtggcacccgtcggtgaggcggtgccgggcgggggttgtcgggtgtcatggg
cggtggcgacggcaccgccccgcgtctccctgagcgggacggcaggggggcttctgcgctgagccgggcgatg (Seq ID No: 357)

Translina de Homo sapiens (TSN):
ctgccctttggacgcgcgcctcggttccgaacgcagcggacggcgcctcaggcagcgcggcggacagcccgtcctccggcgcgccgcgagcctcgga
ggaccctagcgacggtcgtggcgtaagaccgggggggacgcggcggtagcggcggccgttgcgattgattgcgctggttgcctgcggcgtccacttccttg
gccgcccttgctacactggctgattgttgtgcagccggcgccatg (Seq ID No: 358)

Anemia de Fanconi de Homo sapiens, grupo G de complementación (FANCG):
ccacccttctcgaggctgtggcctccgcgagagccgagcgggccgcaccgccggccgtgcgactgccccagtcagacacgaccccggcttctagccc
gcctaagcctgtttggggttgctgactcgtttcctccccgagtttcccgcgggaactaactcttcaagaggaccaaccgcagcccagagcttcgcagacccg
gccaaccagaggcgaggttgagagcccggcgggccgcggggagagagcgtcccatctgtcctggaaagcctgggcgggtggattgggaccccgag
agaagcaggggagctcggcggggtgcagaagtgcccaggcccctccccgctggggttgggagcttgggcaggccagcttcacccttcctaagtccgctt
ctggtctccgggcccagcctcggccaccatg (Seq ID No: 359)

Polipéptido 39B de caja DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) de Homo sapiens (DDX39B):
ttccctccttcgtcgctgttgctgccgccatacgcgctctccctgtttagctcttctgttagaaatagtatctttgttttcctttgctgttcctcaatcccctactcttcaccc
cttgttttcacctattttgcgagaacccatccagatccccctttcccttcttcccctgccggcccagttatg (Seq ID No: 360)

RAB11A de Homo sapiens, miembro de la familia de oncogen RAS (RAB11A): ccgcccttcgctcctcggccgcgcaatg (Seq ID No: 361)

Similar 1 a SPARC de (hevina) (SPARCL1):
agctctttccctttggtttgcaagcactgcctgtaaagccctcgcatgagaggccagcctgctagggaaatccaggaatctgcaacaaaaacgatgacagt
ctgaaatactctctggtgccaacctccaaattctcgtctgtcacttcagacccccactagttgacagagcagcagaatttcaactccagtagacttgaatatgc
ctctgggcaaagaagcagagctaacgaggaaagggatttaaagagtttttcttgggtgtttgtcaaacttttattccctgtctgtgtgcagaggggattcaacttc
aatttttctgcagtggctctgggtccagccccttacttaaagatctggaaagcatg (Seq ID No: 362)

Ciclina B2 de Homo sapiens (CCNB2): ctccctttcagtccgcgtccctccctgggccgggctggcactcttgccttccccgtccctcatg (Seq ID No: 363)

Similar a polipéptido 2 de subunidad VIIa de citocromo c oxidasa de Homo sapiens (COX7A2L):
ggtccttctctggggcggtcgcgttggcagcggatgcgggaagccggactctgggcgtcatg (Seq ID No: 364)

Receptor 2 de ácido lisofosfátidico de Homo sapiens 2 (LPAR2):
cgccctctcagcaacccgcacagggcgcacccggacgctctaccgctcccgccgcagtcgccgggccatgggcctcgagcccgccccgaaccccg
cgagcccgccttgtctgcggcgtgactggaggcccagatg (Seq ID No: 365)

Complejo 4 de proteína relacionada con adaptador de Homo sapiens, subunidad mu 1 (AP4M1):
cgttcttttgttccggggccgcagggcggggcaggcccgactttcgccgtcttcttgtctactctccagaacggccatg (Seq ID No: 366)

Gemación de Homo sapiens inhibida por homólogo de benzimidazoles 3 (levadura) (BUB3):
cttcctctccgcctccttcgcctagcctgcgagtgttctgagggaagcaaggaggcggcggcggccgcagcgagtggcgagtagtggaaacgttgcttctg
aggggagcccaagatg (Seq ID No: 367)

Caja helicasa 21 de DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) de Homo sapiens 21 (DDX21):
ctacctcttcctctccacgcggttgagaagaccggtcggcctgggcaacctgcgctgaagatg (Seq ID No: 368)

Familia 33 de portador de soluto de Homo sapiens (transportador de acetil-CoA), miembro 1 (SLC33A1):
tgctctctgccgcattgatagcagcgagagctggaggtgttgggtcgggagaccagccgttcgatcccgccgcaggtaggagctggtttccatcctggcac
cacggcacacacctccagcctcgagcccggcgctgctgcccgggggtctccttcaggctctttgacgccgttccagggggcacctatccaggcatcctctg
ggcctctagccagaggactggctcccggcttcagcactccgggctgcagtaagaagtgcccttatcgctctgagccctgccaccatcccgtgaaccaccg
aaaccctggtccagcgcgacagccttggacctgggactggacggatccaaaacgctcagcctcggccccccacagacggggctctgcatcgtctctgat
atg (Seq ID No: 369)

Similar 1 a receptor 37 acoplado a la proteína G de Homo sapiens (GPR37L1):
tgctcttcctgggctggctgtctcctgctcatccagccatg (Seq ID No: 370)

Homólogo de proteían relacionada con regeneración neuronal de Homo sapiens (rata) (NREP):
ctgtctttctagcatgttgccctttttcaaccacatttgtgtttcaggtgtagagaggagagagagtgaacagggagcggggcttttgtctgttggtctccctggac
tgaagagagggagaatagaagcccaagactaagattctcaaaatg (Seq ID No: 371)

Proteína 3 de membrana asociada a vesícula de Homo sapiens (celubrevina) (VAMP3):
gcttctctgctgaccctctctcgtcgccgctgccgccgccgcagctgccaaaatg (Seq ID No: 372)

Proteína asociada a sinaptosomal de Homo sapiens, 29kDa (SNAP29):
cctccttctgtttcccagaccgagagccgcgccggcaccatg (Seq ID No: 373)

Ion peptidasa 1 de Homo sapiens, mitocondrial (LONP1):
ccccctcttctccgcgtaggcccagctccctgaagcggctgtttcgagccacgcgcccatcgggtaccgaggcacgcgccgggcgtcacgtgcgtttcgc
ggcgagcggaaatgacgcgagttgtgtgagccgccagtatggccgggctatg (Seq ID No: 374)

Miembro 3B de la familia de cinesina de Homo sapiens (KIF3B):
ctgtctctccccatccggggcagcggggaatggctgagccaggggttcgccgcccccgccgccgccgccgccgccgccgccgccgccgcttt
cggctcgggcctcaggaccgtagcatcctgagacattttgaattgacacttctcaagatttgactggatcagagttcatcatg (Seq ID No: 375)

Miembro 2 de la superfamilia de transmembrana 9 de Homo sapiens (TM9SF2):
cttcctttatctctggcggccttgtagtcgtctccgagactccccacccctccttccctcttgacccccctaggtttgattgccctttccccgaaacaactatcatg
(Seq ID No: 376)

Ensamblaje 1 de proteína de hierro-azufre citosólica de Homo sapiens (CIAO1):
gagcctctgtcggccgcggaagcctggagtgggcggtacgcagacgcgcgcggtgagacccgctgtctgctcagcggactctgcccgcccccacctcc
ccctgcgtcgggccgacatg (Seq ID No: 377)

Proteína 2 adaptadora relacionada con GRB2 de Homo sapiens (GRAP2):
caccctctttcagagtggtacatggaagacagcacaaagtggatccatactctgaaatgcagtaactctgatgcttgaatttgtctcccttcttgccagaaagg
attctaataactcggtgtcaaagccaagacataaactcaaccccttctcttccaaaagcttcacgttacagcatg (Seq ID No: 378)

Leupaxina de Homo sapiens (LPXN):
gtacctttctcggggtgtctgcgtaactgcccagacttgccttggtttggtcagatgacacctcctctgggactggctagccagcgttcatg (Seq ID No:
379)

Proteína 5 de ligación a dominio SH3 de Homo sapiens (BTK-associated) (SH3BP5):
tttcctctgctccgccgcggccggaggtatccgcatcggcgagctgcgtctcccgggtgtcggccccggcggctccccgaccgtgcccggctgtggcgag
gcggctccagcccagcctgtggcagccgcgacccccggggcgctccggagcccactgcgcggcgcgcgtgccggctgcctgcatg (Seq ID No:
380)

Biosíntesis de anclaje de fosfatidilinositol glicanano de Homo sapiens, clase B (PIGB):
ctttcttccgccttaggaaggtggcggccagggatg (Seq ID No: 381)

Factor TNF inducido lipopolisacárido de Homo sapiens (LITAF):
cggccctttttctcggggcgcccgagaggccagctcagacctcccggctcgacaggcggcgcgggcggcggtgagtgcggcgcggggacgccggggc
gcggggaccagcgggagacagcgggggggccggtggcgccagcacctgctgggggccccgggcactgagcccttggctggggcctcctgggatgcc
agggggcgcgggtcgggtcgcgggcatcgaggcgcggcggagggcgtgggggcccggccggggcggggtccggcctcccagcgctggtcccggc
cgcgtctccggttgggttcagctcctgcgtcccagagtggcccgatcgcgcgtggcggggtcgtccggcccccacccgaacgagcgcccttcgcggccc
gccgcgtccccctccccggagaggacggcccctgggctttttagaaaaaggcgcgattctctctagtgactcaggttgagatttccagaaatatcccccggg
ggttcagaaacaaaaccaaaacaaacaaaaaaaccccaacgaattcccaaatgctatttgccaaacatttgacttctaggggcgcgggtacccgcgtttc
tctccctgcccccgcgacttcgcgcaagatccgggaaggacacccgaggcccctgggagaccctggggaggtgaaaatcagagagcgaagcgggcc
gtggcccctaggcctgaccctccccgcggggtaaggcgggcaccccgcgagcgcaggggtcctcttactgctgatggcacccagctctgggcccaga
cgccgctcaccgtccaccgccggtgctgggtaaaatg (Seq ID No: 382)

ARNm 2.4 inducido por etoposido de Homo sapiens (EI24):
ccacccctcggctctgggccccgcctcgtggtgccggctggttcttcgcgctcgcccgacttcccagcggccccgtgcggcccgggcatgcccagtgcgg
gcgcagcggccccggccctggaagcgccccggcggagctggcctgcggtgggctaggggcagggccggagccgcggcggcggagctgtggatcctt
catgatgagagatttggggacacttctctctcctgtgtgtagttgatagtttggtggtgaagagatg (Seq ID No: 383)

Marco de lectura abierto 2 de cromosoma 14 de Homo sapiens (C14orf2):
tgacctttccgagttggctgcagatttgtggtgcgttctgagccgtctgtcctgcgccaagatg (Seq ID No: 384)

Peroxiredoxina 6 de Homo sapiens (PRDX6):
attcctccgcgcgctgggacaggctgcttcttcgccagaaccaaccggttgcttgctgtcccagcggcgccccctcatcaccgtcgccatg (Seq ID No:
385)

Familia 29 de portador de soluto de Homo sapiens (transportadores de nucleósido), miembro 1 (SLC29A1):
ctctcttccgcccggcggcccacaccggtcaggcccggcgcgggctgcgctctccagctgtggctatggccccagccccgagatgaggagggagagaa
ctaggggcccgcaggcctgggaatttccgtcccccaccaagtccggatgctcactccaaagtctcagcaggcccctgagggagggagctgtcagccag

ggaaaaccgagaacaccatcaccatg (Seq ID No: 386)

Ribonucleoproteína F nuclear heterógena de Homo sapiens (HNRNPF):
cgaccttcctgccgggccgggcggtccgaggctgctggagtgccgtgagcaggccgcgggaacgtcgccgtcaccttgtctcggggcctcggcgctgctt
cccgccaaaacacgtttaccgcgcgcccgggcctcccaccttgcggaagggaccccaccaccacttggatttctgttgcaggttgagaacaaaaacatg
cacctggagtttccccggagccctctgcgtggttgagcttcggtggaatttcggggctcttggctgccagccgcgcttgcctggtagcaacagaaaccagtcc
tgctcgcctccgtggacatttcattaccatccagaagtgtctcccactgaaggcatccgtggttgtttttaagccacaaaaaagccacacccaagatcacctg
acacccaccctgacaagtgtccatg (Seq ID No: 387)

Autoantígeno 1 de células de islotes de Homo sapiens, 69kDa (ICA1):
ccgccccttccctcgccttcggctgacgctgacgtcggatgagtgatccggagggacgctccgaccgcggccgggaggctcctgggggccggggctcc
gaggttataatataacttatcctctcatgctttttcctgccccttctccccaaatcatcaacaatagaagaagaagaaaacatg (Seq ID No: 388)

Homólogo de proteína de triptófano periódica PWP2 de Homo sapiens (levadura) (PWP2):
gtgtctctgtgggcggccgccgggttgagctgcggcacacgtgcgacggccgtgatg (Seq ID No: 389)

Glutaminil-ARNt sintetasa de Homo sapiens (QARS): gtttcttttagtttccggtgtctctgcaatg (Seq ID No: 390)

Estearoil-CoA desaturasa de Homo sapiens (delta-9-desaturasa) (SCD):
cggcctctgtctcctcccctcccgcccttacctccacgcgggaccgcccgcgccagtcaactcctcgcactttgcccctgcttggcagcggataaaaggg
ggctgaggaaataccggacacggtcacccgttgccagctctagcctttaaattcccggctcggggacctccacgcaccgcggctagcgccgacaacca
gctagcgtgcaaggcgccgcggctcagcgcgtaccggcgggcttcgaaaccgcagtcctccggcgaccccgaactccgctccggagcctcagccccct
ggaaagtgatcccggcatccgagagccaagatg (Seq ID No: 391)

Retraso mental X frágil de Homo sapiens, homólogo autosómico 1 (FXR1): cggcctttgcggttccaacatg (Seq ID No: 392)

Musculina de Homo sapiens (MSC):
tagccttttcaaaaggcgcagcttaccgcggtgcgcgcggattctggacttgggcgccaactcgtagtccacgctccccggggtcagcagaggggcgctc
acgctctcgccacccacctcgctttctcaccccgcgcttcccggcctgggtttttagtcttccttggagcgctctctggcctccgcctccgccagggagcggaa
ggcggagacagcgagactggccaggggggaggaaagaggacgcgtgtgggcaaggggggacaacgggatg (Seq ID No: 393)

Proteína 8A de motivo de ligación a ARN de Homo sapiens (RBM8A):
cgacctttcccctctgcgacagtttcccgaggtacctagtgtctgagcggcacagacgagatctcgatcgaaggcgagatg (Seq ID No: 394)

3-O-sulfotransferasa 1 de sulfato de paran de Homo sapiens (glucosamina) (HS3ST1):
ggtcctctgcgccctggcagccaggagtcgccgccacgaccgccgggtctcagtgggtgcctgcgccttctccccgcccgcctgccccgggccatccag
aaacttgctctacccgccgcgggtgctcggcagtgctgcccatggcccagcccaggagcctatttagggcgccggacgggctggacagaggcgcggct
cagtaattgaaggcctgaaacgcccatgtgccactgactaggaggcttccctgctgcggcacttcatgacccagcggcgcgcggcccagtgaagccacc
gtggtgtccagcatg (Seq ID No: 395)

Familia 12 de portador de soluto de Homo sapiens (transportares de potasio/cloruro), miembro 6 (SLC12A6):
ctgtctcttgtaggcagggatcacagtctgaaacgacagcaaggaagaggtaggcagggaaaactaactggaaggaagtttaaatacagaaagagca
aagtattatctaactataacaatg (Seq ID No: 396)

Receptor de apelina de Homo sapiens (APLNR):
cttcctccagggtctggagaacccagaggcagctcctcctgagtgctgggaaggactctgggcatcttcagcccttcttactctctgaggctcaagccagaa
attcaggctgcttgcagagtgggtgacagagccacggagctggtgtccctgggaccctctgcccgtcttctctccactccccagcatg (Seq ID No:
397)

Calpaina 1 de Homo sapiens, (mu/l) subunidad grande (CAPN1):
cgctcttcctggttgggccctgccctgagctgccaccgggaagccagcctcagggactgcagcgacccccaaacacccctcccccaggatg (Seq ID
No: 398)

Ciclina C de Homo sapiens (CCNC):
cttcctttcgccgtcgccgccgcggagcggagtcgagccgagctgatttgatcgaggagcgcggttaccggacgggctgggtctatggtcgctccgcggg
ccgctccgccggctggtgctttttttatcagggcaagctgtgttccatg (Seq ID No: 399)

Glutamato deshidrogenasa 1 de Homo sapiens (GLUD1):
cttcctccctagtcgcggggagtctgagaaagcgcgcctgtttcgcgaccatcacgcacctcccctccgcttgtggccatg (Seq ID No: 400)
Similar a proteína de ligación a nucleótido de guanina de Homo sapiens 1 (GNL1):
cctccttcctcgccgccggggcgccctctcggtgccactggctctcacgtgccagtagcccaccccgcatcatcctctcgcctcgctcctggagggaagtga
ctatatctcccccgtccgccttccatcgccgccgcggcggtaattctgtcgggcccgcccgctgacgtcacctgctagccccgcctcctctagggtcccgggc
ccctgcggcgggggctgccccgggggggcagtcagttgaggcggcgggagctcggcggagggcgggccaggtgactggtccgggccatg (Seq ID
No: 401)

Receptor 4 de ácido lisofosfátidico de Homo sapiens (LPAR4):
aggccttttgtgtcctgtttgctaaaggcatgcgggctacagcattcaagagagggagtcgttaacaaagggaaagagataaatgtaaataagctcacatt
tacagaatgagcggtttgcagtaaaaagctgcggcagcccagagtctgctactttaggctgggctaacctttccctgtaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaatggataaaaatatgcacttccaaagggcgagttgcccatttacatgtttattagctaattatctacaggcatcagcacattctctcatctagca
cactctttcttggggaggaaaatatttcctaccggtccatagtgtcagagtggtgaacccctgcagccagcaggcctcctgaaaaaaaagtccatg (Seq ID No: 402)

Receptor acoplado a proteína G cinasa 5 de Homo sapiens (GRK5):
gctcctctttgcagagggggaaactcttgggctgagagcaggaataatgcggtaggcaaggcgggctgctggctcccccggctccggcagcagcggcg
gcagcccgagcagcggcagcagcagcggcagcaccccaggcgctgacagccccgccggccggctccgttgctgaccgccgactgtcaatg (Seq ID No: 403)

Piruvato glutámico transaminasa de Homo sapiens (alanina aminotransferasa) (GPT):
agccctttctgtccctcccagtgaggccagctgcggtgaagagggtgctctcttgcctggagttccctctgctacggctgccccctcccagccctggcccact
aagccagacccagctgtcgccattcccacttctggtcctgccacctcctgagctgccttcccgcctggtctgggtagagtcatg (Seq ID No: 404)

Hidroxiacil-CoA deshidrogenasa de Homo sapiens (HADH): gggtctcctcgctgtcgccgccgctgccacaccatg (Seq ID No: 405)

Proteína de ligación a lipoproteína de alta densidad de Homo sapiens (HDLBP):
tcttctcctttaccaagatggcggcttgtccctgtttcgccacagttcctaccttatgagctcggttttcttatgcttataagagtggaacagcaaaagctggcagg
ctgacagaggcggcctcaggacggaccttctggctactgaccgttttgctgtggttttcccggattgtgtgtaggtgtgagatcaaccatg (Seq ID No: 406)

Proteína 1 de ligación a nucleótido triada de histidina de Homo sapiens (HINT1):
gttcctcccttcttccgagcctctcctctggccgccgcgcgggagagaggccgagatg (Seq ID No: 407)

Proteína 1A 70kDa de choque térmico de Homo sapiens (HSPA1A):
ctacctttttcgagagtgactcccgttgtcccaaggcttcccagagcgaacctgtgcggctgcaggcaccggcgcgtcgagtttccggcgtccggaaggac
cgagctcttctcgcggatccagtgttccgtttccagcccccaatctcagagcggagccgacagagagcagggaaccggcatg (Seq ID No: 408)

Nucleolina de Homo sapiens (NCL):
cagtctttcgcctcagtctcgagctctcgctggccttcgggtgtacgtgctccgggatcttcagcacccgcggccgccatcgccgtcgcttggcttcttctggact
catctgcgccacttgtccgcttcacactccgccgccatcatg (Seq ID No: 409)

Factor nuclear de Homo sapiens, interleucina 3 regulada (NFIL3):
ccgccccttttctttctcctcgccggcccgagagcaggaacacgataacgaaggaggcccaacttcattcaataaggagcctgacggatttatcccagacg
gtagaacaaaaggaagaatattgatggattttaaaccagagtttttaaagagcttgagaatacggggaaattaatttgttctcctacacacatagatagggta
aggttgtttctgatg (Seq ID No: 410)

Proteína fosfatasa 1 de Homo sapiens, subunidad 3C reguladora (PPP1R3C):
cagtctctcccagcgaccgccgcgggggcaaggcctggagctgtggttcgaatttgtgcaggcagcgggtgctggcttttagggtccgccgcctctctgcct
aatg (Seq ID No: 411)

Proteína tirosina fosfatasa de Homo sapiens, tipo 14 no receptora (PTPN14):
agttctttccaacttttctcggcggagtgagcgcagcgggcgcagactcgggggcaggttgctgtgcttctccgggctcagccgcctgctctcctggctcagg
tcctcggggagccctagacagacatcaagtggccactggcgctccttcccctcccagctgagccatcctccccggcctcctcgggcgggacagccccgtg
cttaggtttttctcctttctcccccggtgcgcctctgctcggactctcgcgccgggatcgcggcggaaacctcctcccctttcgcctcctgcggctccttccttc
gcccctcctccgccagtcactggaatcaattccgtggggaatcggctccgccgccgcgaaggacagcctttccgcgcgggactccggggcgccacggg
ggccatgtaagcagctatcttccagagggccacactgggcatggacacccttttccctgcctggaggagcacaggtgatagtgtaattttccagtcacgaaa
ctgctaaggccatctcaggggcgtgtgcgccaggataggcgggcggcgtccgaggaccacatagccatg (Seq ID No: 412)

Selenoproteína P de Homo sapiens, plasma, 1 (SEPP1):
ctttcttttaagttgataacaatcagctcaggggtttgctctgcttgcaaggtcactgcaagaatgaacattgaactttggactatacctgaggggtgaggtaaa
caacaggactataaaatatcagagtgtgctgctgtggctttgtggagctgccagagtaaagcaaagagaaaggaagcaggcccgttggaagtggttgtga
caaccccagcaatg (Seq ID No: 413)

Serina hidroximetiltransferasa 2 de Homo sapiens (mitocondrial) (SHMT2):
agctcttctcgcgcatgcgttctccgaacggtcttcttccgacagcttgctgccctagaccagagttggtggctggacctcctgcgacttccgagttgcgatg
(Seq ID No: 414)
Tirosina cinasa de Homo sapiens con dominios 1 similares a inmunoglobulina y similares a EGF (TIE1):
tttcctcttcctccccagcaccgacccacactgaccaacacaggctgagcagtcaggcccacagcatctgaccccaggcccagctcgtcctggctggcct
gggtcggcctctggagtatg (Seq ID No: 415)

Dominio 6 de superhélice de Homo sapiens (CCDC6): cctcctttccccagcccgccgcggccatg (Seq ID No: 416)

Coactivador 4 de receptor nuclear de Homo sapiens (NCOA4): ggacctttcgcactcgggtcaggggtaaagcagcctgtcgcttgccgggcagctggtgagtcggtgacctggcctgtgaggagcagtgaggagaatg (Seq ID No: 417)

Factor 1 de ensamblaje de cromatina de Homo sapiens, subunidad B (p60) (CHAF1B): gtgcctctgactgtccgggtccctccagcattttgcagctttctcctgtcttgaagaagtagaacggtgcccgagaaacgtttttccccttcgagactcaggagg atgaaagtcatcacttgtgaaatagcctggcacaacaaggagcccgtgtacagcctggacttccagcatg (Seq ID No: 418)

3'-fosfoadenosina 5'-fosfosulfato sintasa 1 de Homo sapiens (PAPSS1): agccccgccccgctcgctggcctgccctcctcttgctaccctcccggcgcagagaaccccggctgctcagcgcgctccgcggtcatg (Seq ID No: 419)

Molécula 3 inhibidora apoptótica Fas de Homo sapiens (FAIM3): tgccctcctcttgctaccctcccggcgcagagaaccccggctgctcagcgcgctccgcggtcatg (Seq ID No: 420)

Dipeptidasa 2 acídica ligada a alfa-N-acetilada de Homo sapiens (NAALAD2): cagcctcctgccagcgcgctctctgtttctctgcagccccgaagctcgcgaatgtagcaggcgccccaagctcggtcctcaagaagccatggcggaatcc aggggccgtctgtacctttggatgtgcttggctgctgcgctggcatctttcctgatgggatttatggtgggtaagt (Seq ID No: 421)

Interctor 1 abl de Homo sapiens (ABI1): ctgtctctttaacgcgagaggaagcgatgcagaggggtggaaaatg (Seq ID No: 422)

Canal de compuerta de voltaje de potasio de Homo sapiens, familia relaciona a Isk, miembro 3 (KCNE3): cttccttttctgccttctctcctgctttctagctctgggctttcccagctccgaagtcaatactgagatcccagatgtgtccagagacatcctgaagaggctcgggg gtggaggagccttagtgtgtccacaaagggactcctgaaactgactgagagccagt (Seq ID No: 423)

Objetivo de Homo sapiens de 1 similar a myb1 (pollo) (TOM1L1): ggccctctggcgctaccatg (Seq ID No: 424)

Enzima 2 de activación de modificador similar a ubiquitina de Homo sapiens (UBA2): cgcccttcccccacccgcttccggccgcggctcggttctcccgcctccgcctccgccgcggctcgtggttgtcccgccatg (Seq ID No: 425)

Clase B de receptor depurador de Homo sapiens, miembro 2 (SCARB2): ctccctccttgcagttggatccctggcgggtgcggcccggcccggcccgtgagcggcgcacagaatg (Seq ID No: 426)

Gen 1 inducido por insulina de Homo sapiens (INSIG1): actcctcctttcccccgccccgcctccgttcggagagccggcgggcgggcgcctctcggccaggaagcgcctcttggacgcgtgtgaccgatg (Seq ID No: 427)

Miembro C3 de la familia de quinesina de Homo sapiens (KIFC3): aggcctcttctgaggctctaggtgccccagtagcagggccttctgcagcaaggccgggaactgctgcaccattggtgtgttttaccttaagggactccaggc agcttccttgctgggaagatattcatttgctggggtggggctgggggtgcagaggtaggaagtgctgtggctagaaggcggcctggccagcgagtaggtg gtggagcgagtgagagcgtgtgcgctgtaaacagtgtgagtgcatg (Seq ID No: 428)

Dominio LIM cinasa 2 de Homo sapiens (LIMK2): aggcctcttctgaggctctaggtgccccagtagcagggccttctgcagcaaggccgggaactgctgcaccattggtgtgttttaccttaagggactccaggc agcttccttgctgggaagatattcatttgctggggtggggctgggggtgcagaggtaggaagtgctgtggctagaaggcggcctggccagcgagtaggtg gtggagcgagtgagagcgtgtgcgctgtaaacagtgtgagtgcatgtgcgccagcgcgtgcaaggacacggtaagggatgtacatgtattgtctcgtgagt aagagcttgtgtgtgttgggatgggaagacacgtactggtatgagagcccgcgtgagaagtgtatgtgtgagtactcgcgtggaagttttgcactcgggttt gaggctgtgcaaaagtacgcatggctcaccaggtgtggggctgtgtgggctgcctcgtgtgtgccagcccgtgtgcaggcctgttttgtgagagccttcagg gaacgcatgagcacgtgtgccagtgcgagtgcgggacgcggggaggcgggagagaccgagtgggaggccccgcgaaggagtgggagtgggagtg ggagtgccggcgggagacctgcgggggcgcgcccgggctgacgcgtgcgcgccagtgcgcgtgagtgcgggcgcgcgccgccgccccccgccgg ggtcggagccggttgccatgggaacgcgccgcggcccgagttaatcatttcctgtggaaagtgtgcgggaggggcgcgagcgggctggccgaggagg aggcggcggcgtggagctgcctcctgccggcgggccgggccgggccgagccccgggcgctgcggcgacgcctggatcctgcctccgccaggccggc tgcctggtgccccgaggaggctgctgagccccaggccatg (Seq ID No: 429)
Lectina de Homo sapiens, ligación a manosa, 1 (LMAN1): cctcctccgcgttccagaatccaagatg (Seq ID No: 430)

Homólogo A de recombinación 1 meyótica MRE11 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (MRE11A): cgttctctcccgcggaattcaggtttacggccctgcgggttctcagaggcaagttcagaccgtgttgttttcttttcacggatcctgccctttcttcccgaaaagaa gacagccttgggtcgcgattgtggggcttcgaagagtccagcagtgggaatttctagaatttggaatcgagtgcattttctgacatttgagtacagtacccagg ggttcttggagaagaacctggtcccagaggagcttgactgaccataaaaatg (Seq ID No: 431)

Subunidad alfa de complejo asociado con polipéptido naciente de Homo sapiens (NACA): cttccttctgcaacaggcgtgggtcacgctctcgctcggtctttctgccgccatcttggttccgcgttccctgcacagtaagtactttctgtgccgctactgtctatcc gcagccatccgcctttctttcgggctaagccgccccggggactgagagttaaggagagttggaggctttactgggccacagggttcctactcgcccctggg

cctccggacaaaatggggtctgcggttggtgtcctggcaaaagcagggtagaagggctgcggggcgggcccagaatccgagcctgcagagatgggag cagttgcagtgttgagggcggaagaggagtgcgtcttgttttgggaactgcttcacaggatccagaaaaggaaatg (Seq ID No: 432)

Claudina 11 de Homo sapiens (CLDN11):
cgcccttcgccgctgagctcgcagcctccggcgcccacctccacctccagtgtcccgcctcgggccgtcgccctccagcggctcgcgagcgtgggagac gtacctgggcaggcactgtccagcccaggcccaggcacagccgtgaggggcgaggcacggggacatcctggcggccaccatg (Seq ID No: 433)

Proteína 4 de ligación a retinoblastoma de Homo sapiens (RBBP4):
ccgcccctcccgcaacgctcgaccccaggattcccccggctcgcctgcccgccatg (Seq ID No: 434)

Miembro 3 de la familia de cadena media de acil-CoA sintetasa de Homo sapiens (ACSM3):
ccctcttctttagactgccacgaggaaaaagcagatgtgagaactcaaggttcagggctgctcttctaagaaacaagtctgccataatctccatctgtgttgg aatctgttaactaatgaactggtctctgtgcaaatcctgagtgctaaagcttccaacaagactgatg (Seq ID No: 435)

Proteína de ligación a sindecano de Homo sapiens (sintenina) (SDCBP):
cgctctcttacactcgggcctcagaagtccgtgccagtgaccggaggcggcggcgagcggttccttgtgggctagaagaatcctgcaaaaatg (Seq ID No: 436)

Cinasa 1 regulada por suero/glucocorticoide de Homo sapiens (SGK1):
agtccttctcattccttgcccccgcccaaggctctcttcaccttccccgcgggggtcctctcgttttctgtctcccaaatgctggcttcccgcctttcctcccccgctt atttacttaattaaggccctggggctgcaccccaccggcagctccttcgggggtgtggccgaagagctccgagggcggggctgaccgagccatattcggg cgtggccggtggtgattggtgagggcggggcctgccgcaggggggcggggcctgcaggtttggcccccgcagggagcgcagctggcgccgctgggagc tggtggcgcggcgcaggtcccggccgagtgtggcgcagcagtggcggcgcttcccattcgccatgcgccgggggtgggtgcccgaaggttgcatgatgg aatttgaacattacttcaagaggttttgtattttggattagttaattgggtttgtcctctgctgactgtttcttcggatgcatttttggtgtgctcttgagggattaaatg (Seq ID No: 437)

Candidato 2 de síndrome de Wolf-Hirschhorn de Homo sapiens (WHSC2):
cgtccttccggctctcggctttgccacaaagcttcccgaagacgcggccgctacccggagacgcggtcgccacccagaagcgctctcccgggaagcccc gctcgtgggaccgcgccacctgcgccgcctctgcggcccgcagcccgacgggcgccgccatgttggggtcctagcgagggacgcgtaggtgtcttcata agatg (Seq ID No: 438)
Subfamilia 1 de receptor nuclear de Homo sapiens, grupo H, miembro 3 (NR1H3):
cagtccttttgcaagagctgctaagagcgctgggtaaggagaggaaggggagagacatggaacttggctggtctgcagggaaatgccactgttttggccg ggagtaggggggcgggagtggcgggagaggggggtggccggctggggaggagccagcctggtggagaagctgccctgtgggcgggggtgaggaggg gagggctgtggtcaccaggcaggaaggaggggtggcctgacccctcggcagtccctcccctcagcctttccccaaattgctacttctctggggctccaggt cctgcttgtgctcagctccagctcactggctggccaccgagacttctggacaggaaactgcaccatcctcttctcccagcaaggggctccagagactgcc cacccaggaagtctggtggcctggggatttggtgggtctgctccttag (Seq ID No: 439)

Glipicana 6 de Homo sapiens (GPC6):
cctcctttctccttccctcttgcctccagtgactgtctccaggatttctctcttcctatttcaggaggactctcacaggctcccacagcctgtgttaagctgaggtttcc cctagatctcgtatatccccaacacatacctccacgcacacacatccccaagaacctcgagctcacaccaacagacacacgcgcgcatacacactcgct ctcgcttgtccatctccctcccgggggagccggcgcgcgctcccacctttgccgcacactccggcgagccgagcccgcagcgctccaggattctgcggct cggaactcggattgcagctctgaaccccccatggtggtttttaaacacttcttttccttctcttcctcgttttgattgcaccgtttccatctgggggctagaggagcaa ggcagcagccttcccagccagcccttgttggcttgccatcgtccatctggcttataaaagtttgctgagcgcagtccagagggctgcgctgctcgtcccctcg gctggcagaaggggggtgacgctgggcagcggcgaggagcgcgccgctgcctctggcgggctttcggcttgaggggcaaggtgaagagcgcaccggc cgtggggtttaccgagctggatttgtatgttgcaccatg (Seq ID No: 440)

Peptidilprolil isomerasa F de Homo sapiens (PPIF):
cggccttctgggcgcgcgcgacgtcagtttgagttctgtgttctccccgcccgtgtcccgcccgacccgcgcccgcgatg (Seq ID No: 441)

Homólogo A de proteína 1 relacionada con ARP1 actina de Homo sapiens, centractina-alfa (levadura) (ACTR1A): agttccttccccagaaggagagattcctctgccatg (Seq ID No: 442)

Motivo tripartita de Homo sapiens que contiene 28 (TRIM28):
ggctctttctgcgagcgggcgcgcgggcgagcggttgtgcttgtgcttgtggcgcgtggtgcgggtttcggcggcggctgaggaagaagcgcgggcggcg ccttcgggaggcgagcaggcagcagttggccgtgccgtagcagcgtcccgcgcgcggcgggcagcggcccaggaggcgcgtggcggcgctcggcct cgcggcggcggcggcggcagcggcccagcagttggcggcgagcgcgtctgcgcctgcgcggcgggccccgcgcccctcctccccccctgggcgccc ccggcggcgtgtgaatg (Seq ID No: 443)

Aminoadipato-semialdehído sintasa de Homo sapiens (AASS):
cggccttccatcccagtttcttctaggaattcggagcctcccctgcagcgactcggaagattcgaggcggcgggggacaagtcggcgccccagagcgga cgagtcaccaggtgtcaagatg (Seq ID No: 444)

Homólogo cornicón de Homo sapiens (Drosophila) (CNIH):
ccgcctttctccgctggcaacggcgccgctccccgctcctcctccccagccatg (Seq ID No: 445)

Fosfoproteína 10 M-fase de Homo sapiens (ribonucleoproteína nucleolar pequeña U3) (MPHOSPH10): ctcccttcccttgcatgctgcattgtgtcgggagttgctgacagccatg (Seq ID No: 446)

Similar a peptidasa específica de ubiquitina 1de Homo sapiens (USPL1): ccgccttcctagtggagacgcgagtgggggaggagcagtccgaggggaacgtgggttgaacgttgcaactagggtggagatcaagctggaacaggag ttccgatcgacccggtaccaagaaggggagtgcccgcggcagggttcattgaaaaaatccttagtgatattgacatgtctcaagtgacataaattagccaat gactcggaatg (Seq ID No: 447)

Familia 23 de portador de soluto de Homo sapiens (transportadores de nucleobase), miembro 1 (SLC23A1): tggcctttgtcaagtcatcccctcttctcctcaggaactgctcaaacctgtgccccaaagatg (Seq ID No: 448)

Factor 3b de empalme de Homo sapiens, subunidad 4, 49kDa (SF3B4): ggatctctttcgccatg (Seq ID No: 449)

Homólogo DnaJ de Homo sapiens (Hsp40), subfamilia A, miembro 2 (DNAJA2): ctgtctccctcggcctgtgccgccgccgacgccgcttgtgggcccgactccgctctgtctgcttcgccaccttctccccgagcactgcccggccggccgccat g (Seq ID No: 450)

Calicina de Homo sapiens (CCIN): catcctctcttccaccctctcttctccctggtcaaccgctctgcaaacaaccatcaatctgatcccacaggcctgagaaagtctgctctccagtacctgctgctg atctgtttcagccgacaagaggcaccatg (Seq ID No: 451)

Manosidasa de Homo sapiens, beta A, lisosomal (MANBA): ctgcctttcgatctctccacatctcggtggcgcgggatctcaagatg (Seq ID No: 452)

Proteína 1B asociada a microtúbulos de Homo sapiens (MAP1B): aatcctttctcctgccgcagtggagaggagcggccggagcgagacacttcgccgaggcacagcagccggcaggatg (Seq ID No: 453)

Malato deshidrogenasa 1 de Homo sapiens, NAD (soluble) (MDH1): gagccttttctcgctaacaccgctcgccctctccgagtcagttccgcggtagaggtgacctgactctctgaggctcattttgcagttgttgaaattgtccccgcag ttttcaatcatg (Seq ID No: 454)

Proteína 1 asociada microfibrilar de Homo sapiens (MFAP1): gtttctctatcagtcgcgcagctgtgttcgcggactcaggtggaaggaatttcttctcttcgttgacgttgctggtgttcactgtttggaattagtcaagtttcgggaa tcaccgtcgctgccatcaacatg (Seq ID No: 455)

TCP1 que contiene chaperonina de Homo sapiens, subunidad 3 (gamma) (CCT3): ggttctctctctccagaaggttctgccggttcccccagctctgggtacccggctctgcatcgcgtcgccatg (Seq ID No: 456)

Tubulina de Homo sapiens, alfa 1a (TUBA1A): caacctctcctcttcgtctccgccatcagctcggcagtcgcgaagcagcaaccatg (Seq ID No: 457)

Molécula CD164 de Homo sapiens, sialomucina (CD164): ctttctcccgaacgccagcgctgaggacacgatg (Seq ID No: 458)

Proteína 3 secretora rica cisteína de Homo sapiens (CRISP3): ctctctctgcaccttccttctgtcaatagatg (Seq ID No: 459)

Miembro 5 de la familia SMYD de Homo sapiens (SMYD5): cggcctccatgtgcgacgtgttctccttctgcgtgggcgtggcgggccgcgcgcgggtctccgtggaagtccgtttcgtgagcagcgccaaggtgaggtcg gggcgggtcctgccgggagcctctccccagtccggccatg (Seq ID No: 460)

Dominio repetición kelch y dominio BTB (POZ) de Homo sapiens 10 (KBTBD10): ctgccttttacagctagacctgtgtgctgcaaggagctaaggccttcagtgtccccttccttacccaggtttctcacagaatg (Seq ID No: 461)

Familia 1 de aldo-ceto reductasa de Homo sapiens, miembro A1 (aldehído reductasa) (AKR1A1): ccgccccttgcaccgcccacgtggccagcgccacctgcctcattgtgcccaggagttctccaaacccgcgctgcggagtgagtgaccaagttccggcca gttcgacctcgaggatccagaggtggagacggtactacctcccagctctgttttccatccccttcaggtccttcctcgggaggcggcgaaggcggtccaccc tgcgcgtgatcctttatgcccggcccctgcccctccctccgggtggaacttcccccctcaccgccagacttaagctgaggatcgttggatctctggcggggtgc agaactgagcccaggccacagtaccctattcacgctctgtgcttgtgccaaggtttcaagtgatcctcccgcctcagcctgcccaggtgctgagattacatgt atgagccactgcacctggaaaggagccagaaatgtgaagtgctagctgaaggatgagcagcagctagccaggcaaaggggggcaatg (Seq ID No: 462)

Gen fusionado a TRK de Homo sapiens (TFG): tgttcttcccccacctgccacgtacagagcccaagttctcgctaggcttgttgggtcagcgcgattggccggggcccgcgcgagcctgcgagcgaggtgcg gcggtcgcgaagggcaaccgaggggggccgtgaccaccgcctccccgcgacgccccagtccagtggcctcgcgtccgcccattcagcggagacctgc

ggagaggcggcggccgcggcctccgcaagccgtctttctctagagttgtatatatagaacatcctggagtccaccatg (Seq ID No: 463)

3'(2'), 5'-bisfosfato nucleotidasa 1 de Homo sapiens (BPNT1):
catccttctcaaaagacttattgacagtgccaaagctcggtactggacacaacgagggacctgggtctacgataacgcgcttttgctcctcctgaagtgtcttt
ggtccaacgttgttccagagtgtaccatg (Seq ID No: 464)
Proteína de ligación a nucleótido de guanina de Homo sapiens (proteína G):
ttttctctctctctttcactgcaaggcggcggcaggagaggttgtggtgctagtttctctaagccatccagtgccatcctcgtcgctgcagcgacacacgctctcg
ccgccgccatg (Seq ID No: 465)

Complejo de histocompatibilidad mayor de Homo sapiens, clase II, DM alfa (HLA-DMA):
caccctctcggggagggagttggggaagctgggttggctgggttggtagctcctacctactgtgtggcaagaaggtatg (Seq ID No: 466)

Proteína 50B transmembrana de Homo sapiens (TMEM50B):
tctccttcctgcgcgcgcgcctgaagtcggcgtgggcgtttgaggaagctgggatacagcatttaatgaaaaatttatgcttaagaagtaaaaatg (Seq
ID No: 467)

Lactoperoxidasa de Homo sapiens (LPO):
cagtctttcctgctaagcctcagcgtctcctccaagccacatcaaaatctttccttctgggcctttcccagaagtgaattcttgctggaaggtataaaagaccag
ctcctccaagcagagcaactccctggctgccgtgaaaagacaaggcactgggcagtgatg (Seq ID No: 468)
Similar a NEL de Homo sapiens 2 (pollo) (NELL2): ctgcctttacaacagagggagacgatggactgagctgatccgcaccatg
(Seq ID No: 469)

Nucleobindina 1 de Homo sapiens (NUCB1): cgccctctgcggtgaaggagagaccacactgccatg (Seq ID No: 470)

Caja 9 pareada de Homo sapiens (PAX9):
aagcctctttcatcggggcacagacttccttttacttcttccttttgccctctcgcctcctcctcctgggaagaagcggaggcgccggcggtcggccgggatag
caacaggccgggccactgaggcggtgcggaaagtttctgtctgggagtgcggaactggggccgggttggtgtactgctcggagcaatg (Seq ID No:
471)

Cinasa 16 dependiente de ciclina de Homo sapiens (CDK16):
cgcccttattcttgctcggcctcgccacagagagcaaatcagattggctgggcgacaacctcaaagggcggggctgcacacgttcactacgggaatgag
gtagcggtggaggggggcagttgggcggggataggccgtcctagctaaggtggtaaaggccaataactcttcaggctgcctctcctcgaaaagtcatcttct
cgcgaacctttaaaatgccttcctccccaagcacctcaagggactagaactgagtgcttcatttgtctttttttcctccttgcaaaagtcccgtttgccaccatggg
gatgtaccaagtgagaccgagtaggggggaacgagtggtgattgacgcgccaggttactggccactgctcacctaggcgctagcaaacttctgccaagat
cggaactgagtactaaacagcctccacagttctccctggtgccgtctccggcttggcgccgcatcctcctctgggctcgcgatggccgcgtcccctcccgctg
cggacgggtcctttggtacatg (Seq ID No: 472)

Inhibidor de serpina peptidasa de Homo sapiens, clado E (nexina, tipo 1 de inhibidor activador de
plasminógeno), miembro 2 (SERPINE2):
ctgcctctttccggctgtgaccctcctcgccgccgccgcttggctgcgtcctccgactccccgcgccgccgagaccaggctcccgctccggttgcggccgca
ccgccctccgcggccgccccctggggatccagcgagcgcggtcgtccttggtggaaggaaccatg (Seq ID No: 473)

Proteína 1 relacionada a lipasa pancreática de Homo sapiens (PNLIPRP1):
aactcctttccccctgctgtgacgtacaggtgaggtaaacagtactgaagtccagggcgtcggtgctcactgctctggcaatgcccggtgagactgaattatg
tttaaatttattgtagatg (Seq ID No: 474)

Periferina de Homo sapiens (PRPH): ggctccttcccagcccccggcctagctctgcgaacggtgactgcccatccttggccgcaatg (Seq
ID No: 475)

Homólogo RAD21 de Homo sapiens (S. pombe) (RAD21):
gacccttttcccctccccgggccacccagcccgcccaactcccagcggagagcaaggttttcttctgttttcatagccagccagaacaatg (Seq ID No:
476)
Receptor de secuencia señal de Homo sapiens, delta (SSR4): ttttcttttcctctaggcagagaagaggcgatg (Seq ID No:
477)

Inhibidor de ruta de factor de tejido de Homo sapiens (inhibidor de coagulación asociado a lipoproteína)
(TFPI):
ctccctctttgctctaacagacagcagcgactttaggctggataatagtcaaattcttacctcgctctttcactgctagtaagatcagattgcgtttctttcagttact
cttcaatcgccagtttcttgatctgcttctaaaagaagaagtagagaagataaatcctgtcttcaatacctggaaggaaaaacaaaataacctcaactccgttt
tgaaaaaaacattccaagaactttcatcagagattttacttagatg (Seq ID No: 478)

Proteína ligación a ubiquinol-citocromo c reductasa de Homo sapiens (UQCRB): gcttctctttctggtcaaaatg (Seq
ID No: 479)

Proteína activada a mitógeno cinasa-cinasa-cinasa 12 de Homo sapiens (MAP3K12):

ccgccttttgtgctgcggccgcggagcccccgagggcccagtgttcaccatcataccaggggccagaggcgatg (Seq ID No: 480)

Proteína que contiene la repetición sushi de Homo sapiens, ligada a X (SRPX):
tggtctcttcggtctcctgccgcccccgggaagcgcgctgcgctgccgaggcgagctaagcgcccgctcgccatg (Seq ID No: 481)

Sensible a puromicina aminopeptidasa de Homo sapiens (NPEPPS):
ccccctctccctccctccttgcgggccctcctcccctccctccccctccgccccctttccccgtaggcagcccgcccgccagtccgcccgcaccgcctccttcc
agcccctagcgctccggctgggtctctccccgccccccaggctccccggtcgctctcctccggcggtcgcccgcgctcggtggatg (Seq ID No: 482)

Fibulina 5 de Homo sapiens (FBLN5):
tcgccttctgcccgggcgctcgcagccgagcgcggccggggaagggctctcctcccagcgccgagcactgggccctggcagacgccccaagattgttgt
gaggagtctagccagttggtgagcgctgtaatctgaaccagctgtgtccagactgaggccccatttgcattgtttaacatacttagaaaatgaagtgttcatttttt
aacattcctcctccaattggtttaatgctgaattactgaagagggctaagcaaaaccaggtgcttgcgctgagggctctgcagtggctgggaggaccccgg
cgctctccccgtgtcctctccacgactcgctcggcccctctggaataaaacacccgcgagccccgagggcccagaggaggccgacgtgcccgagctcct
ccgggggtcccgcccgcgagctttcttctcgccttcgcatctcctcctcgcgcgtcttggacatg (Seq ID No: 483)

Lisofosfolipasa I de Homo sapiens (LYPLA1): cgctcttccttccgcttgcgctgtgagctgaggcggtgtatg (Seq ID No: 484)
Dominio 4 de ligación nucleosomal del grupo de movilidad alta de Homo sapiens (HMGN4):
tcgtcttctctgtcttagggctggtgctggccctgcccacgcctagggctccggcgcgtcacgggcctcagctgggattcccgcgcccctcggacggccacg
agactcggacatctttccaggaacagcgtgaggaggacagaagcacccaacaggactgctcaagccacctgcgaacactgctgctaccatg (Seq ID No: 485)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad M (EIF3M):
agttccctttccggtcggcgtggtcttgcgagtggagtgtccgctgtgcccgggcctgcaccatg (Seq ID No: 486)

Homólogo A Sec23 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SEC23A): cctcctcttgacgtggcagaggcggcgccagccatg (Seq ID No: 487)

Proteína asociada a cartílago de Homo sapiens (CRTAP):
cgtcctctttccttttccttctccctccccttttcccttccttcgtcccttccttccttcctttcgccgggcgcgatg (Seq ID No: 488)

Homólogo de proteína 1 de transporte de amina de vesícula de Homo sapiens (T. californica) (VAT1):
ccgcccctcccgctggatcccgcagccgcggctcttcccgacgcgttccgccttccccagctgtgcactctccatccagctgtgcgctctcgtcgggagtccc
agccatg (Seq ID No: 489)

Importina 7 de Homo sapiens (IPO7):
gcttctctttcctttcgcgccggttgccgctgcggagcgcggcgggtccatgtgcgcagtgagtggcgctattcctggcccagtagcacccgagccccgggtt
tgaccgagtccgcgctgcgatg (Seq ID No: 490)

Homólogo 7 relacionado autofagia ATG7 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (ATG7):
gctcctttgcgcacgcgcgccgcttcccagtggcaagcgcgggcaggaccgcgttgcgtcatcggggcgcgcgcctcagagagagctgtggttgccgga
agttgagcggcggtaagtgagccgcggcgggcgagggtgtagtggggtcttgctgggccggttttggaggcctggagtcaaggggcgagctcgccagg
gagggcgagggtcacagcaagtctcaggatcctcctctgccagtttctgggtggtccttcctcctccagggactcactgattccggctggcgcccttcgtctgt
agccgcgtcccctcagactggttcagtccggggtcttctgacttggaagctcgtgctgatttcctaagtcagcccctcctgtcctcttggtaggcagtgctcaga
atcttcagtgttggaacacgggagatgggacatttggattcccagcctggctgtgtctggatttgctgtctctggcacgttccttccccatctaagctgcttttccat
ctgcaaaatgggaatgataatccgccatttgtttaagtgaggaggttaaataagtttactttctgagaaagaagattctcgattccttggttacagggttagaaa
ctaatg (Seq ID No: 491)

Dinactina 2 de Homo sapiens (p50) (DCTN2):
cgctccctttgccgccgccttagcccgggacccgaacccagcctctcccctacccgaacaccggccccggctccaccgaggcccgggtcccccagccc
gtctcgccgccgccatg (Seq ID No: 492)

Familia de fosfoproteína 32 nuclear ácida de Homo sapiens (rica en leucina), miembro B (ANP32B):
agccccctttccctccatggtttctctccgctcccgtgagtaacttggctccgggggctccgctcgcctgcccgcacgccgcccgccacccaggaccgcgc
cgccggcctccgccgctagcaaaccttccgacggccctcgctgcgcaagccgggacgcctctccccctccgccccgccgcggaaagttaagtttga
agagggggggaagaggggaacatg (Seq ID No: 493)

Receptor de proteína C de Homo sapiens, endotelial (PROCR):
acttctcttttccctagactgcagccagcggagcccgcagccggcccgagccaggaacccaggtccggagcctcaacttcaggatg (Seq ID No: 494)

Complejo de proteína 2/3 relacionado a actina de Homo sapiens, subunidad 1A, 41kDa (ARPC1A):
cgctccctctgggcttccgtcctccgcccgcgcccgacggagcctgttcgcgtcgactgcccagagtccgcgaatcctccgctccgagcccgtccggactc
ccccgatcccagctttctctcctttgaaaacactaagaataatg (Seq ID No: 495)

TCP1 que contiene chaperonin de Homo sapiens, subunidad 4 (delta) (CCT4):
aggccccttctccgcctccgcctcctcccgacgccggcgccgctttctggaaggttcgtgaaggcagtgagggcttaccgttattacactgcggccggcca
gaatccgggtccatccgtccttcccgagccaacccagacacagcggagtttgccatg (Seq ID No: 496)

Enfermedad de Niemann-Pick de Homo sapiens, tipo C2 (NPC2): gcttctttcccgagcttggaacttcgttatccgcgatg (Seq ID No: 497)

Fosforibosilaminoimidazol carboxilasa de Homo sapiens, fosforibosilaminoimidazol succinocarboxamida sintetasa (PAICS): acccctcttttctagagttctgcctcgcttcccggcgcggtcgcagccctcagcccacttaggataatg (Seq ID No: 498)

ST6 de Homo sapiens (alfa-N-acetil-neuraminil-2,3-beta-galactosil-1,3)-N-acetilgalactosaminida alfa-2,6-sialiltransferasa 2 de Homo sapiens (ST6GALNAC2):
ctcccttctgcctgggacgtcagcggacggggcgctcgcgggccggggctgtatg (Seq ID No: 499)

Polipéptido C (dirigido a ADN) de polimerasa III (ARN) de Homo sapiens (62kD) (POLR3C):
aagcccttccgaggatggcaaaggatctgggaatgcttctccaaagatatgtggatggacgaaataggtctctggtgatactgaggcggggtggggacg
gggaggcaaagacttggcttcttaggaattggaagaaataagtaaacaatgtttggtagcaatttgtaataaggaagtaatcataaaattaactacgtccgtt
tctgattgtgtcaactttgtcaaggagtagaagtttaagaattgaatactgtcctgcaaacaacgtaacctcatctcctgtttgacacaccctgttgagaagcagt
cctttacctcctaaatttctttttcgaaattatcatttcctttatggactgagaataacactgcctgttcactcccaccgagctgtgaacagtgaccttaattcttccaa
gcagggaagtgtagaaactaaggtctgtgacagaccgcaaaatcatctcccaatctttaaggaaaatcagaatcacgcataatcccatagagataaattt
gatgcatagtctttcctatgcatacatttttccttttttttacaataattgaatttttatatttttcagcttgcttctgtcacttaatatattatgagtaatttttttggttttttttgt
tttggagacagaatctcgcactgtcgcccgggttggagtgcagtggcgcgatctcggctcactgcaacctctgcctcccggcttcaagcgattctcctgtctca
gcctccctagtagctgggattacaggcacccgccaccacgcccagctaatttttttgtgtgtttttagtagagaaggggtttcactatattggccaggctggtctc
aaactcctgacctcatgatacgcccacctcggtctcccaaagtgctaggattacaggcctgagccaccgcgccagcctattatgaataattttctacatgaat
acgcatcgtactaaataactttaaatgttggtgtagtatgccattgtatgggtatggcatcatttattgttagacgttagattgtttccactaagtcggtattataaag
agaactaatgacttcattattattagcttttttctttctttggacacaatatccaaaaagaaattgttgtttcaaagatatgcaagatttttaaggcttttgatatgtattgt
caaattgccctccagaaagaatacatgaatttacactcagcagctctgcttccagcgtgaaagactttctattgtaccattttggtgtttttccctagctctcagac
tccccagtacaatg (Seq ID No: 500)

Proteína de ligación a NS1A de virus de influenza de Homo sapiens (IVNS1ABP):
gtgtctcccggtcgcgcgtggaggtcggtcgctcagagctgctgggcgcagtttctccgcctgctgcttcggcgcggctgtatcggcgagcgagcgagttcc
cgcgagttctcggtggcgctccccctttcctttcagtctccacggactggcccctcgtccttctacttgaccgctcccgtcttccgccgccttctggcgctttccgttg
ggccgattcccgcccgcttcctcctgcttcccatcgaagctctagaaatgaatgtttccatctcttcagagatgaaccagattatgatgcatcattatcacagaa
gaaattcgtgtctatagcttttaaggacttgattacatcattttcaagcctgatagttttggaatcaccattagagcttaagacacacctgccttcatttcaaccacc
tgtcttcataccctgacgaagtgcacctttttaacactcctttgtccttggattacttaagagttcccagaaatacatttgccaccaacagagtagccaaatttataa
ggaaaaatg (Seq ID No: 501)

Proteína de interacción a tioredoxina de Homo sapiens (TXNIP):
acccctctttttctccaaaggagtgcttgtggagatcggatcttttctccagcaattgggggaaagaaggctttttctctgaattcgcttagtgtaaccagcggcgt
atatttttttaggcgccttttcgaaaacctagtagttaatattcatttgtttaaatcttatttttatttttaagctcaaactgcttaagaatacctttaattccttaaagtgaaat
aatttttgcaaaggggtttcctcgatttggagctttttttttcttccaccgtcatttctaactcttaaaaccaactcagttccatcatg (Seq ID No: 502)

Sitio 2B de integración viral ecotrópicode Homo sapiens (EVI2B):
ttttccttttcttagccaaatcaccaaaatgtccagttagaacaagaatttagcattctgcaaaagaagttaacagctgagataacgaggaaatattctgaaatg
(Seq ID No: 503)

Proteína de ligación a nucleótido de guanina de Homo sapiens (proteína G), polipéptido 3 de actividad de inhibición alfa (GNAI3):
ggttcttctgggcgctaagggagctgacggagagggccaccgcccagcaatagacggtgcctcagcctgccgagccgcagtttccgtggtgtgagtgagt
ccgggcccgtgtcccctctcccgccgccgccatg (Seq ID No: 504)

Polimerasa de Homo sapiens (dirigida a DNA), eta (POLH):
cggcccttcgcagcgggcgcgctgtcagacctcagtctggcggctgcattgctgggcgcgccgctctcgtctgatccctgctggggacggttgcccgggca
ggatcctttacgatcccttctcggtttctccgtcgtcacagggaataaatctcgctcgaaactcactggaccgctcctagaaaggcgaaaagatattcaggag
cccttccattttccttccagtaggcaccgaacccagcattttcggcaaccgctgctggcagttttgccaggtgtttgttaccttgaaaaatg (Seq ID No:
505)

Familia 2 de portador de soluto de Homo sapiens (transportador de glucosa facilitada), miembro 1 (SLC2A1):
cgctctctggcaagaggcaagaggtagcaacagcgagcgtgccggtcgctagtcgcgggtccccgagtgagcacgccagggagcaggagaccaaa
cgacgggggtcggagtcagagtcgcagtgggagtccccggaccggagcacgagcctgagcgggagagcgccgctcgcacgcccgtcgccacccgc
gtacccggcgcagccagagccaccagcgcagcgctgccatg (Seq ID No: 506)

Proteína 138 de dedo de zin de Homo sapiens (ZNF138):
gggtctttgtctcgctgcagcgggtgctgcaggtctggccttcacttttctgcgtcctcttactcctagaggcccagcctctgtggcgctgtgatctggttattggga
gattcacagctaagacgccaggatcccccggaagcctagaaatg (Seq ID No: 507)

Peptidasa 3 específica de ubiquitina de Homo sapiens (USP3):
ctttctttgacgcaagggctcgagacgcagccgccgtcggccgagcgcccggctagaagcgacaccagacggagcctccggagttcctccgccccccac
ctcgccgggtcctggagccgcagtcctcccagctgccctcctcgtggccatg (Seq ID No: 508)

Canal de calcio de Homo sapiens, dependiente de voltaje, subunidad 3 gamma (CACNG3):
ctgtcttttctccagtttgagcgggggtgtcgggagcaggcggagagctttcctgcgaggctgtggaagcagtgaacactcttctcagcggctcgcctcccag
cagtgctatttttttgccatccgccctcacccccagcacacgcgctcgcacacacacgcacgcacgcacacacacacacacacactcacacagagac
ctctctgggtttctttgccttgagtctcccggggctgtgagaagccaggcgcatctcaaaccgagctggcagctccaggctccggagccatgccctgcacgg
accctcgtctttaccacgctcctgaggaatgaaaggaacccagggaccctcagaaggcagcagtgatgcggaccaaccccccggagcctgcacccttc
cgagggccataggcgacccagggaactggagagagctccagaaaggaaatcccagctttcccaaagtccctgtggatgctgacaaaaggagacctg
aatttttggaagagcctgtactaggttacccggctgcagagtgattttcccctccggcactgactctccccctccaaccccccagccgtccagagtaccatgaa
gaattatg (Seq ID No: 509)

Proteína de ligación a nucleótido de guanina de Homo sapiens (proteína G), beta 5 (GNB5):
ttccctctccgctgcgtccccgcgcgaagatg (Seq ID No: 510)
TCP1 que contiene chaperonina de Homo sapiens, subunidad 8 (teta) (CCT8):
cttcctccgcggtcttccgagcggtcgcgtgaactgcttcctgcaggctggccatg (Seq ID No: 511)

Prostaglandina E sintasa 3 de Homo sapiens (citosólica) (PTGES3):
cgctctttccgcgcggtgcattctggggcccgaggtcgagcccgccgctgccgccgtcgcctgagggaagcgagaagaggccgcgaccggagagaaa
aagcggagtcgccaccggagagaagtcgactccctagcagcagccgccgccagagaggcccgcccaccagttcgcccgtcccctgccccgttcaca
atg (Seq ID No: 512)

Proteína 266 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF266):
ttttcttcctggtggcgtttgggcttaatacagctttggcgaggtcggatgacgggtgggagccagcggtggaaggggtggcgaaagtaccggtttgcccca
ggccgccgaggggcctccttagagagaccttgcctgctccgctcgcgtccgccggggccgcgcgggtcctcctggcgccgccaggttcaaaaagccact
cgagttgtcactgcgacggccctgggccaggagccgtttcgggatctgtcaaacaacgagttttcgtcgttcgaatcaggttgactggtccttcatcccccca
atctcccgtacctggcgagtccagctcgtcgcggcaatgctaagaaaagagtgatatgcaagctgagaccaaaaatatggtatgatttagccatactgaag
gggaaggaaataagagctgggcaaagcattctgtgaattggctgactccacttctatggtgagagagaggagtgcatcaaagattactcccagtagagat
ggtttcagcatgttggccagtctggtctcagactcctgacctcaagtgatccacccacctcggcctcccaaaatgctgggattacaggtataagccactgtgc
ctggccaaagataccgttaaccctggataaagagaatggaggttacctctgtccgtgtagattcctaagctgtcctggagtgatccttggagtaaaggaaag
gtgctttgaagcacattcagccatcagccctgtgggatggcagccactgatttgtcctatggtctttacagggacccagtctgccttcaagaaaagacagaa
gtagaaagggtggtggctgactgtctgacaaattgttatcaggtatgcaggaagtatatccttctccaaaatatcatacttgcatcaccaggtagacacatttc
cttctacacagaattatcttcagagcttcttaaagcaaataaagcctgcttcaaggactgagtccctagtcgaattcccggaaggagtggagcctgtcatattg
tgtttatctagcatctgctcaagagtgtgctgcagtggagggaaatcagatgacctcccagtctggttgtgttacatacaatcatgtgtaagaagtgccattcaa
gccgtgtcactggaggggactgacagtgagattcagtgacttttgatgatctggctgtggacttcaccccagaagaatggactttactggacccaactcaga
gaaacctctacagagatgtgatg (Seq ID No: 513)

Metilenetetrahidrofolato deshidrogenasa 2 (dependiente de NADP+) de Homo sapiens, meteniltetrahidrofolato ciclohidrolasa (MTHFD2): gcttccctcccggcgcagtcaccggcgcggtctatg (Seq ID No: 514)
Receptor 9 de quemiocina de Homo sapiens (motivo C-C) (CCR9):
cttcctttctcgtgttgttatcgggtagctgcctgctcagaacccacaaagcctgcccctcatcccaggcagagagcaacccagctctttccccagacactga
gagctggtggtgcctgctgtcccagggagagttgcatcgccctccacagagcaggcttgcatctgactgacccaccatg (Seq ID No: 515)

Proteína 1 105kDa/110kDa de choque térmico de Homo sapiens (HSPH1):
cctccccttttgggtcggtagttcagcgccggcgccggtgtgcgagccgcggcagagtgaggcaggcaacccgaggtgcggagcgacctgcggaggct
gagccccgctttctcccagggtttcttatcagccagccgccgctgtccccgggggagtaggaggctcctgacaggccgcggctgtctgtgtgtccttctgagt
gtcagaggaacggccagaccccgcgggccggagcagaacgcggccagggcagaaagcggcggcaggagaagcaggcaggggggccggagga
cgcagaccgagacccgaggcggaggcggaccgcgagccggccatg (Seq ID No: 516)

Proteína 10 que contiene el dominio de transferencia de lípidos relacionado a StAR de Homo sapiens (STARD10):
tggtcctttcttttatgattcacaaggaatgaccctcttcatcgcctctcctaattcagtcctcacaacagtccttttacaaatgggacaacaggttagaggaagtc
aggcagatttccagcatcatagagagtaaaggaccagggaaggatcaggattcaaggactgcacccaggctctgcttccagcttgctgtgtgactttgggt
aattttgttcccttagggaactgagctttctcatttgtaaatgcaaacaggctgttgggaggatcaaatgagatccaggggtgaaaacagcttagtttacttcag
gaatttacccacgcggtatataaaggcaaaatattattatagtcaggtgattgtagattgaggaacccatttcctcattctgcaaattgcaaacctgagggccc
aaagagggacaggggcttgccccaggtctcagcaggctgtgagcaagagctaaagcctaatcctcctgcctttgggcctggagcccttccttgtacccca
ggggtcagtgtctttgttggatacaggcttagattgactgactgtaccctgagaacctaggggagtccctgttcccaattcttctcctacccccaccttggcctga
tggaggaagaccctgctgtgttgagatgagcaccagagccaagaagctgaggaggatctggagaattctggaggaagaggagagtgttgctggagctg
tacagaccctgcttctcaggtcccaggaaggtggcgtcagcatctgcagccgcgtcgacgttgtcggagcctccgcggaggacccaggagagccggact
aggaccagggccctgggcctccccacactccccatg (Seq ID No: 517)

UTP14 de Homo sapiens, ribonucleoproteína nucleolar pequeña U3, homologo A (levadura) (UTP14A):
ctttccttcggcttccgttcttggtccatgtgagagaagctggctgctgaaatg (Seq ID No: 518)

Homólogo de SUB1 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SUB1):
ggttctctgtcagtcgcgagcgaacgaccaagagggtgttcgactgctagagccgagcgaagcgatg (Seq ID No: 519)

Componente 5 de complejo de mantenimiento de microsomas de Homo sapiens (MCM5):
ccgcctcttgtttttcccgcgaaactcggcggctgagcgtggaggttcttgtctcccctggtttgtgaagtgcggaaaaccagaggcgcagtcatg (Seq ID No: 520)

Proteína 3 de motivo de ligación a ARN de Homo sapiens (RNP1, RRM) (RBM3):
tactctttatcaatcgtcttccggcgcagccccgtccctgtttttgtgctcctccgagctcgctgttcgtccgggtttttacgttttaatttccaggacttgaactgccatg (Seq ID No: 521)

Receptor 1 de retención de proteína de retículo endoplásmico KDEL de Homo sapiens (Lys-Asp-Glu-Leu) (KDELR1):
ctccccctctcgctctcctccctcttcccggctccagctccgccgccagctccagcctttgctccccctcccaaagtccctccccggagcggagcgcacctagggtcctcttccgtccccccagcccagctacccgttcagaccagcagcctcgggggcacccccccgccagcctgcctccctcccgctcagccctgccagggttccccagccatg (Seq ID No: 522)

StAR de Homo sapiens relacionado (START) que contiene dominio de transferencia de lípido (STARD3):
agatcttcttccgctctgaggcgctactgaggccgcggagccggactgcggttggggcgggaagagccggggccgtggctgacatggagcagccctgctgctgaggccgcgccctccccgccctgaggtgggggcccaccaggatg (Seq ID No: 523)

Ribonucleproteína A0 nuclear heterógena de Homo sapiens (HNRNPA0):
cggcctctttgtgtggtgcccagataggggagcggaggtggcggcggcggcggtagcggtggccttggttgtcttccagtctcctcggctcgcccttagccggcaccgctccccttccctcccccttcctctcttccttccttccctcccctcccttttcccttccccgtcggtgagcggcgggggtggctccagcaacggctgggccccaagctgtgtagaggccttaaccaacgataacggcggcgacggcgaaacctcggagctcgcagggcgggggcaaggcccgggccttggagatg (Seq ID No: 524)

Cromobox homologo 1 de Homo sapiens (CBX1):
ggctcttttgttcggctgaggggagggccgttggccggggcctgcggtacgccgcttcagtgagggacgccactgcggccacccggcttgctgccttcctggggcgccactcccccaggcgacccgacgcgacgcgccagcagcgcagcaccgattcctctcgggctcttgggcgctgctctgaggtgaggagcccgctgggaggcgggagagctgggggaggggcgcggcggcggcggcggcgggagccctgcgtgagggaacgcgctttcgaggcggaggttaggagcggggagcgcgcccgggtccagcgtcctgcttctccgcttcccgcgctgagctcttcgcctgtcgctgaggcgtcggtgccagctgcgtgaaggatggagagggcggggcgcgaatcctgagccagagactgagtgcttgggggtgggccgagcacttgggggccgctcttcggggcccgggtggtctggaacaatgttgcttggctgggcggctgcgggataggggcggaaggggacaggcttgaggcttggataggcgtgaggaggcgcatacgaccgcacaacccgaggtttgtaactgtattcggaagacgccgggtccggctgggactgccagaggaacctggctttgcaggactacggaggagtaacgtcgagtgaattggaagagggcccagggccgcacaagcagcgtcacccttacaccagaaagctggcgggcactatg (Seq ID No: 525)
Leucemia mieloide/linfoide o de linaje mezclado de Homo sapiens (homólogo de tritorax, Drosophila); translocado a, 11 (MLLT11):
cgcccttcttaggaggggctgcattgcaggggagagtgaactgacagactcagtcactgaagagggaaaaggagtgagaagacaaagccgtcaaagccccaacagctttgtatttctccagcccggcgcagaccccggagctcccgaggcactccctccatctttggaacacgccagtaattgattgataacaggaagctatg (Seq ID No: 526)
Similar a proteína 44 inducido por interferon de Homo sapiens (IFI44L):
ttttctttctttcctagagtctctgaagccacagatctcttaagaactttctgtctccaaaccgtggctgctcgataaatcagacagaacagttaatcctcaatttaagcctgatctaacccctagaaacagatatagaacaatg (Seq ID No: 527)

Ciclina I de Homo sapiens (CCNI):
acttcttcctcccttccctctcttcccctccctccccagccttccccgcgagcggacgcggcagcgcctctgtctcgctttttcttatttttcccccctttcccctttctttttttttttctttttctttttctccccctccccccctttcaccatttcccctcggaggcgctttccccgggcaggggcagagccggtctcaccccccgcctctccccggcccccgccgccctatggcgagagggagccccctcccaacccgggctcgagcggcggcggcctcaggccgggggtcatcatggaactaattcgctgaccgacccagcggccgcagccgtgcgtcccgctcgagcgccagcgcccgcgcccgcgccccccgatccgcttcccctttctccctcctcagttggccgagtcgtcccgcgcgcaccgcctccgcgcgcctatgagaatgaggtggtaacgggcccccggatgaccccgcgtcaccactgtgaggcctacagctctgccgggggaggaggaggaggaggaagaggaggagaaggtagctacagcaagctgggtagcaggcagatccaaaggatatcatg (Seq ID No: 528)

Metionil aminopeptidasa 2 de Homo sapiens (METAP2): cattccctcgcgctctctcgggcaacatg (Seq ID No: 529)

Receptor similar a inmunoglobulina de leucocitos de Homo sapiens, subfamilia B (con dominios TM y ITIM), miembro 4 (LILRB4): gtctctttgtcctgccggcactgaggactcatccatctgcacagctggggcccctgggaggagacgccatg (Seq ID No: 530)

Destrina de Homo sapiens (factor de despolimerización de actina) (DSTN):
gggtctctcggtcccgcagccgtgaggaggacggtctgcatactcgctgcccgccggctccctcccccgcgtccctgcgaccgccgcggcgaagatg (Seq ID No: 531)

Factor 2D de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens (EIF2D):

gggccctttcgcggccgggccccagcatggctgcccccacggctgagggcctggcagctgctgcgccctcgctttcttgacattccctggcttctgtgctctc ttccccaggccaccccagcagacatg (Seq ID No: 532)

Histamina N-metiltransferasa de Homo sapiens (HNMT): ctgtctttctcagaaaaccaaatatg (Seq ID No: 533)

Sustrato 1 de toxina de botulinio C3 relacionada con ras de Homo sapiens (familia rho, proteína Rac1 de ligación a GTP pequeña) (RAC1):
gtttctctgcagttttcctcagctttgggtggtggccgctgccgggcatcggcttccagtccgcggagggcgaggcggcgtggacagcggccccggcaccc agcgccccgccgcccgcaagccgcgcgcccgtccgccgcgccccgagcccgccgcttcctatctcagcgccctgccgccgccgccgcggcccagcg agcggccctgatgcaggccatcaagtgtgtggtggtgggagacggaaacaagaatctcagtgtaacccgagcaaaatcgcgcgtctcagcgttgcttgta tagagctgtaggtaaaacttgcctactgatcagttacacaaccaatgcatttcctggagaatatatccctactgtctttgacaattattctgccaatgttatg (Seq ID No: 534)

Partícula de reconocimiento de señal de Homo sapiens 72kDa (SRP72): tcgtctcctccaagatg (Seq ID No: 535)

Proteína 33B de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF33B):
ccgcctttccttttgtttgtctcacgttttgcgtgggaggcggtcccgggatttcaggggtctaccggctctcttatggcgaatgcaacccgaagagagagtgag ctgtatcttcagagttgtctccgtctttccaagaacagaacaaaatg (Seq ID No: 536)

Proteína 16 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF16): gcctcctttccaagcgcgacccgttgaggtccttgtcatg (Seq ID No: 537)

Proteína 33A de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF33A):
ccgcctttccttttgtttttctcaggttttgcgtgggaggcggtcccgggatttcaagggtctacgcgcttttctatggcgaatgcaacccgacgagggagtgggc tgtatcttcagagttgtctccgtctttccaagaacagaacaaaatg (Seq ID No: 538)

Butirofilina de Homo sapiens, subfamilia 3, miembro A3 (BTN3A3):
ctttctttttcctttcttcggaatgagagactcaaccataatagaaagaatggagaactattaaccaccattcttcagtgggctgtgattttcagaggggaatact aagaaatggttttccatactggaacccaaaggtaaagacactcaaggacagacatttttggcagagctgctcactccttgctcagctcagttttctgtgcttgg accctctgggcccatcctggccatg (Seq ID No: 539)

Butirofilina de Homo sapiens, subfamilia 2, miembro A2 (BTN2A2):
ctctttgggatgctttgttgtctggtggtgactgtgcccatgggtgagttgtatcggaaaatcgtcatgtgaggatcagaggggaaaagaaaacagaggcctc tggtctctgcctgccctgggtgctcatg (Seq ID No: 540)

Motivo 21 tipo nudix (motivo X ligado a difosfato de nucleósido) de Homo sapiens (NUDT21):
acgcctcctcttgcgctgtcctgttaatggcgggcagtagccgctgaggggattgcagataaccgcttcccgcacggggaaagtctaccctgcctgccacttt ctgctcgccgtcagcgccggagctcgccagcatg (Seq ID No: 541)

Similar a estatmina 2 de Homo sapiens (STMN2):
tgctctttctctagcacggtcccactctgcagactcagtgccttattcagtcttctctctcgctctctccgctgctgtagccggacccttttgccttcgccactgctcag cgtctgcacatccctacaatg (Seq ID No: 542)

Subunidad A1 de catanina p60 de Homo sapiens (que contiene ATPasa) (KATNA1):
caccctcttccgccgctcccgcccagcgacctcgctcccggggcgacgccccgcgtgcgccagagtcgccgaggtcgtccccggcaccggaagtgacc ctggcgggtttgtcttcaaattctcggcgagcaggagccgcgccggcaggtggtgttgacgattgaactgggcagtactggggccgtgagcggagagcaa agtgggctggactgggtcaggccctccttcctcgctgccgggatctccactccgccaatcccctgtgcctggcgttgggcggtttcccgaggagcttgggcc gccgcagcttacagttgaacatg (Seq ID No: 543)

Butirofilina de Homo sapiens, subfamilia 3, miembro A2 (BTN3A2):
ctttctcttttccctttcttccggatgagaggctaagccataatagaaagaatggagaattattgattgaccgtctttattctgtgggctctgattctccaatgggaat accaagggatggttttccatactggaacccaaaggtaaagacactcaaggacagacatttttggcagagcatagatg (Seq ID No: 544)

Proteína rica en serina/arginina que se asocia a CLK4 de Homo sapiens (CLASRP):
cggcctttcatttccgcttccggtgcgggccgcgcgcgagcgcagcggtgggaggcggcgaccagccggttgaggccccaggcttggcctcaccacaat g (Seq ID No: 545)

Clatrina de Homo sapiens, cadena ligera A (CLTA):
ctccctcctggcgcttgtcctcctctcccagtcggcaccacagcggtggctgccgggcgtggtgtcggtgggtcggttggtttttgtctcaccgttggtgtccgtg ccgttcagttgcccgccatg (Seq ID No: 546)

Flavoproteína 1 de NADH deshidrogenasa (ubiquinona) de Homo sapiens, 51kDa (NDUFV1):
gcgtctctatcgcgccagttcctcagcctcagtgctatgaaggtgacagcgtgaggtgacccatctggcccgccgcgatg (Seq ID No: 547)

Receptor de secuencia señal de Homo sapiens, gamma (proteína gamma asociada a translocon) (SSR3):
gggcctttgcccgccttggcggccggctctacgttccctgttctcgcctgcagctccgccatg (Seq ID No: 548)

Proteína que contiene valosina de Homo sapiens (VCP):
gcttcccttccgatgattcggctcttctcggctcagtctcagcgaagcgtctgcgaccgtcgtttgagtcgtcgctgccgctgccgctgccactgccactgccac
ctcgcggatcaggagccagcgttgttcgcccgacgcctcgctgccggtgggaggaagcgagagggaagccgcttgcgggtttgtcgccgctgctcgccc
accgcctggaagagccgagccccggcccagtcggtcgcttgccaccgctcgtagccgttacccgcgggccgccacagccgccggccgggagaggcg
cgcgccatg (Seq ID No: 549)

Proteína 195 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF195):
gggcctttgtcccgacagagctccacttcctgtccccgcggctctgtgtcccctgctagccgtaggtcgtgtgacccgcaggcaccgggagatccagaagt
gaaacgccaggctctctggaggccaggagatg (Seq ID No: 550)

Cinasa 2 específica de testículos de Homo sapiens (TESK2):
cagtctttcgcggcccgggagctcagcagagctaccagctgccctgttggcttcgctggtcggatcgtcctcctggccccgccaaacaggcgggggagc
ggccccgactgtggggccatggcagtagtctcctcgttcgccgccgccgctagcctagctgagtcgccggcttctgcgctaggggctcccaccgcctccgc
aggctaaggagccgctgccaccaacgagctgtgagggttactatgctccctctttgccgccgtctcctcctcttgcccgcgcaggcacccctctggctgctca
gtcctgcctcagtgtcaaaccagaagagaagtaaaattcaacaaaaatttatgtgtggagttccttcttaaaagaagaaaaaagtgattatttagactatg
(Seq ID No: 551)

Familia de Homo sapiens con similitud 107 de secuencia, miembro A (FAM107A):
agccctccttgctagtctgggacttcccggtggagtgaggaacccagcaacacgctcctgacttcccttcccaaggactcgacctgagaaggacacagca
gtctctgaatttcatgctctcctctttgatgtgaagaaaatgaaaagctgaacagttgtggaactgtggatagagttagacaataaggccgccatg (Seq ID
No: 552)

Proteína asociada a receptor de serina/treonina cinasa de Homo sapiens (STRAP):
ccctccctcccttttccctccctcgtcgactgttgcttgctggtcgcagactccctgacccctccctcacccctccctaacctcggtgccaccggattgcccttctttt
cctgttgcccagcccagccctagtgtcagggcgggggcctggagcagcccgaggcactgcagcagaagagagaaaagacaacgacgaccctcagc
tcgccagtccggtcgctggcttcgccgccgccatg (Seq ID No: 553)

Proteína L3 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPL3):
ctttctttccgtcgcagagagcatcggccggcgaccgttccggcggccattgcgaaaacttccccacggctactgcgtccacgtggcggtggcgtggggac
tccctgaaagcagagcggcagggcgcccggaagtcgtgagtcgagtcttcccgggctaatccatg (Seq ID No: 554)

Dedos de zinc y cajas homeóticas 1 de Homo sapiens (ZHX1):
ctcccttcccccctccgcccccggacggccgctggggcgcgcgcctctcctcgcacccccacccctgagtccccacactccgcggggccaccgagctgctg
aggcccctttgcgggcccgccgagcggttccgggtttagggttcacaggtcagagttgactccctgaaaagtgcagccggtttgaaatgcaagatggcgg
cggcgtggcgctgagaggcgcggcggcccctgcaggagaagacagactgctgctttggacctgttggtaatgatggcctgagctaaacatctaactaga
agggataccttccatttcaaagaacagaatgctaaggaagctgtggcaagtgattggagttgtgcttcaaaaatttcagaaattcagcagtattttatctgcc
aacaataagctctttacttgattgcaccatgagaaagctgctaatgagacttgttgagcacaaaaatggacttgaagaaccaaaagccattgttttcaaatga
agaacactgaacagttttaagcctcgatgcttttaatcaccactgagcttttcctcataacatcagaatg (Seq ID No: 555)

Proteína P22 de ligación a calcio de Homo sapiens (CHP):
ccttccttccctccctccttccctcctgtcgccgtctcttctggcgccgctgctcccggaggagctcccggcacggcgatg (Seq ID No: 556)

Homólogo de ecdisoneless de Homo sapiens (Drosophila) (ECD):
ctttctctcaggatttccgctggcttcaggttccggtcaggcgtcgggacagagcctgatccaggcttcggcggccggtggcagctctcgatcagctctcgca
gtcggagaggcggctaaggaaaggtgccacagcagagacgcgaaggagaggccctagaacctttcaaagaagaatg (Seq ID No: 557)

Dominio de conjunto V e inmunoglobulina 4 de Homo sapiens (VSIG4):
gagcctctttggtagcaggaggctggaagaaaggacagaagtagctctggctgtgatg (Seq ID No: 558)

Prohibitina 2 de Homo sapiens (PHB2):
tgcccttctttcgccagccttacgggcccgaaccctcgtgtgaagggtgcagtacctaagccggagcggggtagaggcgggccggcacccccttctgac
ctccagtgccgccggcctcaagatcagacatg (Seq ID No: 559)

Transductor y activador de señal de transcripción 1 de Homo sapiens, 91kDa (STAT1):
ctgccttttctcctgccgggtagtttcgctttcctgcgcagagtctgcggaggggctcggctgcaccgggggggatcgcgcctggcagaccccagaccgagc
agaggcgacccagcgcgctcgggagaggctgcaccgccgcgcccccgcctagcccttccggatcctgcgcgcagaaaagtttcatttgctgtatgccatc
ctcgagagctgtctaggttaacgttcgcactctgtgtatataacctcgacagtcttggcacctaacgtgctgtgcgtagctgctcctttggttgaatccccaggcc
cttgttggggcacaaggtggcaggatg (Seq ID No: 560)

Proteína de choque térmico de Homo sapiens 90kDa alfa (citosólica), clasa B miembro 1 (HSP90AB1):
agctctctcgagtcactccggcgcagtgttgggactgtctgggtatcggaaagcaagcctacgttgctcactattacgtataatccttttctttttcaagatg (Seq
ID No: 561)

Candidato 3 de suceptibilidad a cáncer de Homo sapiens (CASC3): cgttctccgtaagatg (Seq ID No: 562)

Subunidad 1 de proteína de ligación a tapa nuclear de Homo sapiens, 20kDa (NCBP2): gcttctctgcactatg (Seq ID No: 563)

Ligación de optámero, que contiene el dominio no de POU de Homo sapiens, (NONO):
cgctcttttctcgggacgggagaggccgtgtagcgtcgccgttactccgaggagataccagtcggtagaggagaagtcgaggttagagggaactgggag gcactttgctgtctgcaatcgaagttgagggtgcaaaaatg (Seq ID No: 564)

Lectina de Homo sapiens, ligación a galactosido, soluble, 9 (LGALS9):
atttctttgttaagtcgttccctctacaaaggacttcctagtgggtgtgaaaggcagcggtggccacagaggcggcggagagatg (Seq ID No: 565)

TCP1 que contiene chaperonina de Homo sapiens, subunidad 5 (epsilon) (CCT5):
cggtctccgccggttgggggggaagtaattccggttgttgcaccatg (Seq ID No: 566)

dominio de hidrolasa similar haloácido deshalogenasa 1 de Homo sapiens (HDHD1):
cttcctcctcgccccccacccagacccagaaggcgccaccatg (Seq ID No: 567)

Glutamato deshidrogenasa 2 de Homo sapiens (GLUD2):
cttccttcctagtcgcggggagtctgagaaagcgcacctgttccgcgaccgtcacgcacccctcctccgcctgccgcgatg (Seq ID No: 568)

Factor IIIC de transcripción general de Homo sapiens, 102kDa (GTF3C3):
ggttctctgtcccggttcctggggttgcacagacagaccctgtaaacatg (Seq ID No: 569)

Factor IIIC de transcripción general de Homo sapiens, polipéptido 5, 63kDa (GTF3C5):
gggtccctcgctggctagtaggagagactggtgcttgccccgcccggtggactaactcgcttaattttaaataaaaagtcgaggacacggcggtcgttttccc gaagacatgggccctcccatgggccatttgctccctggaggccctcgcgtcttgctgagcccggggagttaggatgacgcgagcggtgagggagcccgg aacgattccttcgcggaacaattgaggcgaggcctttgggagtactttgtgggacggaccctggcgggccctgccagacgcacagggatg (Seq ID No: 570)

Proteína 1 ubicua antigua de Homo sapiens (AUP1):
ccgccttcccaagagcccctgcggccgggcgcgaaaatggcggcggcggcgacggccgggcgctcctgaagcagcagttatg (Seq ID No: 571)
complejo de proteína coatomer de Homo sapiens, subunidad gamma 2 (COPG2): cggccttcctgcagcctcttccgctcgccggctgcggcgcctgggacggttgcggtgggtctgggcgctgggaagtcgtccaagatg (Seq ID No: 572)

Factor de transcripción de antagonización de apoptosis de Homo sapiens (AATF):
cggtctctggcggagtcggggaatcggatcaaggcgagaggatccggcagggaaggagcttcggggccgggggttgggccgcacatttacgtgcgcg aagcggagtggaccgggagctggtgacgatg (Seq ID No: 573)

Subunidad 6 de complejo integrador de Homo sapiens (INTS6):
tctcctctttctccaccacctcgggccccggtgtccccggccagcactatg (Seq ID No: 574)

Proteína 4 de repetición rica en leucina F-caja de Homo sapiens (FBXL4):
tcttccttccgggtcgcgctaggccgggcttgcggcggttgtgccgcatctagagagtcggggagccgcccccgcacccaggccttctcgcgctgcctggtc gctggtgaagcccgcggcgcgcgcctctcccggaccctgcagggtaaaagaatgtcacatgtcagcatttgtacctgaagtcagcatgcaaagttcaggg tacctggatgaatgccaacttttgcatttcccatgtgtatcctgtgaccattctatctgggaacatccttcaaagagttcatgcatcttactgaggacacctgaccttt ttgaagcttcataattcacatctagatg (Seq ID No: 575)

Proteína de ligación a nucleótido de guanina de Homo sapiens (proteína G), gamma 3 (GNG3):
gctccttctagcatccttcatccttcaggtaccagccatccagacagtgcttgagctgcagaaactgagaccagacctctggcctggccctccccaggggcc tcctttcgtatagtcactgcttctgcatcagatactttcagctgcaactccctactgggtggggcacccatttcaggcagaaggttttggtaccctccactgaccct acacccagggctgctactgccgcttgtggcttcaggatg (Seq ID No: 576)

Histidil-tRNA sintetasa 2, de Homo sapiens mitocondrial (putativa) (HARS2):
aggccttttgttcctgtcccggaaagccggcgtcctgccgcgcgatg (Seq ID No: 577)

Factor 3 de ligación a potenciador de interleucina de Homo sapiens, 90kDa (ILF3):
cctcctcctcctcttctcgccattgcagttggacccagcagcccggcgcgcaccgcgtggcttttgggggcagaccccggcgggctgtggcaggagggcg gcggcggcggctgcggtcgaagaaggggacgccgacaagagttgaagtattgataacaccaaggaactctatcacaatttgaaaagataagcaaaag tttgatttccagacactacagaagaagtaaaaatg (Seq ID No: 578)

Polimerasa I y factor de liberación de transcripto de Homo sapiens (PTRF):
gtttcctctgctctccgctctcgcccgctagctctcctcccttccgctcctgcttctctccgggtctcccgctccagctccagccccacccggccggtcccgcacg gctccgggtagccatg (Seq ID No: 579)

5'-3' exoribonucleasa 2 de Homo sapiens (XRN2):
tgccctctgccgctgctcccgtctctttggttacgctcgtcagccggtcggccgccgcctccagccgtgtgccgctatg (Seq ID No: 580)

2-hidroxiacil-CoA liasa 1 de Homo sapiens (HACL1):
ccgcctcttccttcccgttgtttaaggcagttggttgccctcctgtccgtcagaggtgcagtaccagaggtggcgtgctgccgatttcgcgtttgccttgctggatg
attccgcttgtttgccggctgcgtgagtgcttagagcttttcggtggaagatg (Seq ID No: 581)

Proteína 346 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF346): ggctctctaccggtgagggtttgcggggaagatg (Seq ID No: 582)

Proteína asociada a microtúbulos de Homo sapiens, familia RP/EB, miembro 3 (MAPRE3):
cagtctctgtgcgttgaagccggagaccgcggcggcctcagcgaggaccctccgccccggagccgccggccggagccgcagcctctgccgcagcgc
ccccgccacctgtcccctcccctccgcctccgccggagccgcctcgtgc
actctggggtatg (Seq ID No: 583)

Factor 3b de empalme de Homo sapiens, subunidad 3, 130kDa (SF3B3):
gtgccttttccgccgcgcgccaccagaatgtccctgtcttgaggtctaatggcggacgccagtatgttggagttggtggtggcttaagttttgaagggaggtag
catccgttggatatccacaccatccttctcgctgcaggctttcttggactccgtactgttggtgtaaccaaggcctggaggtctgggtggctcaggtttcctgcag
ccatg (Seq ID No: 584)

Espondina 2 de Homo sapiens, proteína de matriz extracelular (SPON2):
ctgcctctcgctggaggccaggccgtgcagcatcgaagacaggaggaactggagcctcattggccggcccggggcgccggcctcgggcttaaatagg
agctccgggctctggctgggacccgaccgctgccggccgcgctcccgctgctcctgccgggtgatg (Seq ID No: 585)

Familia 13 de portador soluto de Homo sapiens (sin portadores de sodio/sulfato), miembro 4 (SLC13A4):
ttttcttttctgctttgcaggcccaggctcaaggcaaattataagtagggaaccaatttgagggaaagacatgtgaacagagttaaggtaccacgtcctggga
gcgaccagcagccccacctgaagtccgcatgcaactctgacaagctcaggtgcttgttttaaggaaaggggctactagagtcttaccaacagcgagccc
aggtgggagatgaaacaggtactccccaaaataggtcatccgagggaggaaaactgatggagagcacaatgtgctctgagcgtttttaatgtttttaagctt
ttaaatgatttcttcaaggccgagcagcagcagcaaaggtgtggcttaaaggattaaggggggtttctgctgacacctagaatgaagttactctattactaatca
agccgagaggaggcccactatgcccccgtttatcatcctttcccagttccttttgctggtcacaaaacgatgctcatcaatcccacctaaagcaggaggcca
ggagcccagcctcttgtagaaacagcgagggtataactgccctcccgttctgcccccaagacgaaggaggactctcggaagccaagaaaggtttaaga
agtctttctggatagagagcagtgcccaggcaggaagcctttcgccggcagagcggggtccaaggacgagctggagaggacagaggcgcgatg
(Seq ID No: 586)

Homólogo de factor 6 de procesamiento de pre-ARNm PRP6 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (PRPF6):
attcctttccttcctagccttggtcgtcgccgccaccatg (Seq ID No: 587)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad K (EIF3K):
ccacctcttcctgttcccgtccttgaggacgccgtgccgggtcagtgttagcctccagccctggttgtggaaggcgacagaagtcatg (Seq ID No:
588)

Ataxina 10 de Homo sapiens (ATXN10):
ccccctcccccgcggcgccgtctcctcctcccgcctgaggcgagtctgggctcagcctagagctctccggcggcggcgcagcttcagggcagcgcgggc
tgcagcggcggcggcggttagggctgtgtagggcgaggcctccccttcctcctcgccatcctactcctccctcctcgtcatcctcccccttcgtcctcctcgcc
ttcctcctcctcgtcaggctcgacccagctgtgagcggcaagatg (Seq ID No: 589)

Secretogranina III de Homo sapiens (SCG3):
cttccttcctcacttcctctgcaggagggagcgagagtaaagctacgccctggcgcgcagtctccgcgtcacaggaacttcagcacccacagggcggac
agcgctcccctctacctggagacttgactcccgcgcgccccaaccctgcttatcccttgaccgtcgagtgtcagagatcctgcagccgcccagtcccggcc
cctctcccgccccacacccaccctcctggctcttcctgtttttactcctcctttttcattcataacaaaagctacagctccaggagcccagcgccgggctgtgacc
caagccgagcgtggaagaatg (Seq ID No: 590)

Polimerasa de Homo sapiens (dirigida a ADN), mu (POLM):
cttccttccgtctcgctcggagtttccctctgcgttcgctccgcgctgctggaggctgtcgtcccaatg (Seq ID No: 591)

Epsina 1 de Homo sapiens (EPN1):
cctccttctgttgcttcccgtctcctcggcggctcccctccccgcccggctctccgcgccccttctgggcggcggggcggcggagccgtcggcgtgcggcc
ctccttgcgttcgtgcgtgcgcccgtggcccggcgcacgtcccgcgacaccgaggccgagcggggcaggggggctgaccgccatgacccccagagcc
cggcgtgaggggggccgagatgcggtgacctgccagcacctgccgcagccttcgtccgggagtcgccccatctctccacgcatcggggccctgtgcccctt
gctgctgcagccgggcaccatg (Seq ID No: 592)

Subunidad alfa 1 Sec61 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SEC61A1):
gtgtctctcggcggagctgctgtgcagtggaacgcgctgggccgcgggcagcgtcgcctcacgcggagcagagctgagctgaagcgggacccggagc
ccgagcagccgccgccatg (Seq ID No: 593)

ATPasa 1 similar a Obg de Homo sapiens (OLA1):
cgttctctcctccttcctccccgcctccagctgccggcaggacctttctctcgctgccgctgggaccccgtgtcatcgcccaggccgagcacgatg (Seq ID No: 594)

Nexina 12 de clasificación de Homo sapiens (SNX12):
aggcctctgtcccccacccccttttccccggtcccaggctctccttcggaaagatg (Seq ID No: 595)

Homólogo 2 de aseguramiento de longevidad LAG1 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (LASS2):
cggcctttttttcccggctgggctcgggctcagctcgactgggctcggcgggcggcggcggcgccggcggctggcggaggagggagggcgaggg
cgggcgcgggccggcgggcgggcggaagagggaggagaggcgcggggagccaggcctcggggcctcggagcaaccacccgagcagacggag
tacacggagcagcggccccggccccgccaacgctgccgccggctactccctcttgatgccctccccttgcccctcactcaggatg (Seq ID No: 596)

Citohesina 4 de Homo sapiens (CYTH4): tcatcttttccccagaggcgtcggaatg (Seq ID No: 597)

Transportina 2 de Homo sapiens (TNPO2):
aattctctctctttggctccctccttccgcgcgagtctctggagaagccgcagcgcgagttgccgccgctgctgcccggggccgggtaagtgggcctcactca
gagcccgaccctcttggccccggcttgcgtcgacccccgccgggcaccgagcctgcgccgcgcgcggcccgggcgtcggggccgcgcccgaccggg
aaaggccgggaagccggttgggcccgatcctcctggcagctagaacgggccgggcgggggaggggggaaccgagcagagcttagggggtggggc
ctcggagccaggccatgtcggggctcctcaagaagagggccagtgggactgctggggtcgggctggaggggatctgattgggggaagcgtctgggga
ctgcttggggcctgattgggggacgtcgcgaggatcggcttgccttgcgccatg (Seq ID No: 598)

Proteína 1 de dedo de anillo de makorina de Homo sapiens (MKRN1): gggcctttgctgtgtgggataaacagtaatg (Seq ID No: 599)

Vinculina de Homo sapiens (VCL):
ctgtctcttcgccggttcccggccccgtggatcctacttctctgtcgcccgcggttcgccgccccgctcgccgccgcgatg (Seq ID No: 600)

Polipéptido 38 de caja de DEAH (Asp-Glu-Ala-His) de Homo sapiens (DHX38):
cctccttttcctgcccccagactagaggcgggatgtagtctcttaggctaagagtgattggtcacaaggagactcggaagtgtctgatcagagccccagag
gaggccttgagagcctgttggcgtaccgttccacacttggatccaggaatcgggcgtgttccaggctgctctctatggtagctttgggcggatagagggggc
gcgcaaagtattaagggacaataatggccgctttcaaggtgtggattttggctccttgagcctgtctgagcgaggggtggcagcgccggcgccccagaatc
cgggacagaagggtcccaagagtcgcgcttggtgagagaaatcccagatcctgtgatg (Seq ID No: 601)

Osteoglicina de Homo sapiens (OGN):
catcctctaagcttttaaatattgcttcgatggtctgaatttttatttccagggaaaaagagagttttgtcccacagtcagcaggccactagtttattaacttccagtc
accttgatttttgctaaaatg (Seq ID No: 602)

Homólogo de proteína 1 de ligación a NIN1/RPN12 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (NOB1):
gctcccctctcacgcagccaacatg (Seq ID No: 603)

Motivo 5 de tipo nudix (porción X ligada a difosfato nucleósido) de Homo sapiens (NUDT5):
catccttttagcaccgcgagaggcgccggtgtttcgagccgtggcaccggcatcggctgacactgctgcctccagctagttatttcgtcctcttccgttcttcacc
cctacaccttggaggtgaacttctcacctgagggctgtaaagactcgtttgaaaatg (Seq ID No: 604)

Dominio 91 de repetición WD de Homo sapiens (WDR91): cgtccctcaccgcaccacccctaaagacgctagcgctgcgatg (Seq ID No: 605)

Factor Y de transcripción nuclear de Homo sapiens, gamma (NFYC):
gggcctctgcattgcccgactccgtaggagcgcgggggcggctcctgctcttcctggactcctgagcagagttgtcgagatg (Seq ID No: 606)

Proteína fosfatasa 2 de Homo sapiens, subunidad A reguladora, alfa (PPP2R1A):
ccgcccttccttcttctcccagcattgccccccccacgtttcagcacagcgctggccgcagtctgacaggaaaggggacggagccaagatg (Seq ID No: 607)

Proteína 2 de membrana asociada a vesícula de Homo sapiens (sinaptobrevina 2) (VAMP2):
ccatctttccgtcccgggcagccagcgccagtcggagccagcgcgagccgccgccgccatcactgccgctgccaagtcctccacccgctgcccccgcc
atg (Seq ID No: 608)

Proteína 5 transmembrana de Homo sapiens (TMEM5):
gattctctttccgcccgctccatggcggtggatgcctgactggaagcccgagtgggatg (Seq ID No: 609)
UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetilglucosaminiltransferasa 3 de Homo sapiens (B3GNT3):
aactctttcttcggctcgcgagctgagaggagcaggtagaggggcagaggcgggactgtcgtctgggggagccgcccaggaggctcctcaggccgacc
ccagaccctggctggccaggatg (Seq ID No: 610)

Homólogo A SEC11 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SEC11A):
gcgccctttcccctgccggtgtcctgctcgccgtccccgccatg (Seq ID No: 611)

Dominio RUN y SH3 1 de Homo sapiens 1 (RUSC1):
ctcctccccgcgccccgtcctctcccgccctacaggccctagcagggcaggcgggaggtgagcgcggccatcccgctcccggagttccgggatcctgg
agtccgtagttcgtggtccttcgccggtgtccccggagcccagcggctgtggatg (Seq ID No: 612)

Similar a proteína de interacción 1 con receptor de hidrocarburo de arilo de Homo sapiens (AIPL1):
cctccctttctcctgcagccatg (Seq ID No: 613)

Factor de necrosis tumoral de Homo sapiens, proteína 8 inducida por alfa (TNFAIP8):
cctccttttctcccgccggctctaacccgcgcttggctaaggtccgcgggaacccgtgagccaccgagagagcagagaactcggcgccgccaaacagc
ccagctcgcgcttcagcgtcccggcgccgtcgcgccactcctccgatg (Seq ID No: 614)

Dominio nucleasa y tudor de estafilococo 1 de Homo sapiens (SND1):
gcgtctctttcgctccgtgtcccgctgctgctcctgtgagcgcccggcgagtccgtcccgtccaccgtccgcagctggtagccagcctgcccctcgcctcgac
tccctttcaccaacaccgacacccacattgacacctccagtccggccagccgctccactcgttgcctttgcatctccacacatg (Seq ID No: 615)

Secuencia expresada 234 (única) de segmento de ADN en el cromosoma 4 de Homo sapiens (D4S234E):
cgccctcttttggtcgccccctccccaacccagcactaaggagcaccctgctctggtctccgccaccacccagcgcctcctggacccatccccccaaaccc
ttgaacgtcctcaggacccccaggtgagcgcggcgcgctgcgggcggggaccctctctgcacctccccgcacccctgggggtcgctctgtccctacggtc
cccgcctccccttctcctttctaagcgcctcgcgcccaggccgccgcccggggtggcgcagcccgcagccctcccgctccgggcgccctccgccgctcc
gagacccccctgggggcgcgtcctctcccgctcccctgttccctccccggctcagggcgggcgcgtggtcccaggggaggctcccgcccagccccgcac
tcctttgtgcggccgggcgggcgctgcgtcaaggtggaggcgcggccacacgcgcgcacccacccgcgcgcacccagcccccgggagaggcagga
agggaggcggcggcgcgaggaggagggagcggccgtggagcccaatcgttcgctccccttcccgggtccgcgcgcggcgccgcctccgccattgctg
cgagcaggagcaggagacgcggagctcggagcgctcagctgacctgccggagccgggcgtgggctgcagcctcggagctcccggaacgatg
(Seq ID No: 616)

Proteína transmembrana inducible por hormona de crecimiento de Homo sapiens (GHITM):
acgtcctttcgatgttgcgtcatgcagtgcgccggaggaactgtgctctttgaggccgacgctaggggcccggaagggaaactgcgaggcgaaggtgac
cggggaccgagcatttcagatctgctcggtagacctggtgcaccaccaccatg (Seq ID No: 617)

Proteína 1 de retículo endoplásmico asociada a estrés de Homo sapiens (SERP1):
tttccttcctctttcactccgcgctcacggcggcggccaaagcggcggcgacggcggcgcgagaacgacccggcggccagttctcttcctcctgcgcacct
gccccgctcggtcagtcagtcggcggccggcgcccggcttgtgctcagacctcgcgcttgcggcgcccaggcccagcggccgtagctagcgtctggcct
gagaacctcggcgctccggcggcgcgggcaccacgagccgagcctcgcagcggctccagaggaggcaggcgagtgagcgagtccgaggggtggc
cggggcaggtggtggcgccgcgaagatg (Seq ID No: 618)

Proteína 1 de interacción de factor de ADP-ribosilación de Homo sapiens (ARFIP1):
cggtctcctcacttccggcttcgctgctcttggttctggttctggaggctgggttgagaggtcgccggtccgactgtcctcggcggttggtcagtgtgaatttgtga
cagctgcagttgctccccgcccccgagcagccgaggagtctaccatg (Seq ID No: 619)

Superfamilia del receptor de factor de necrosis tumoral de Homo sapiens, miembro 21 (TNFRSF21):
ccgcccccttcggcgccaccacgtgtgtccctgcgcccggtggccaccgactcagtccctcgccgaccagtctgggcagcggaggagggtggttggcagt
ggctggaagcttcgctatgggaagttgttcctttgctctctcgcgcccagtcctcctccctggttctcctcagccgctgtcggaggagagcacccggagacgc
gggctgcagtcgcggcggcttctccccgcctgggcggccgcgccgctgggcaggtgctgagcgcccctagagcctcccttgccgcctccctcctctgccc
ggccgcagcagtgcacatggggtgttggaggtagatgggctcccggcccgggaggcggcggtggatgcggcgctgggcagaagcagccgccgattc
cagctgccccgcgcgccccgggcgcccctgcgagtccccggttcagccatg (Seq ID No: 620)

Proteína que contiene la repetición sushi de Homo sapiens, 2 ligado a X (SRPX2):
ccccctcttctgcagcagacggactgagttcctctaatccctgtgttccttctcccccatctttctaaaaccccttctctgagagaggaataactatagcttcaggg
ataatatagctttaaggaaacttttggcagatgtggacgtcgtaacatctgggcagtgttaacagaatcccggaggccgggacagaccaggagccactcg
ttctaggaatgttaaagtagaaggttttttccaattgatgagaggagcagagaggaaggagaaagaggaggagagagaaaaagggcacaaaatacca
taaaacagatcccatatttctgcttcccctcactttagaagttaattgatggctgacttctgaaagtcactttcctttgccctggtacttcaggccatatacatcttttc
ttgtctccataatcctcccctttcaaggatg (Seq ID No: 621)

Factor 1 específico de HIV-1 Tat de Homo sapiens (HTATSF1):
acctccctttctctgctcagctccagcgtcatttcggcctcttagttcttctgaaccctgctcctgagctaggtaggaaacatg (Seq ID No: 622)

Complejo 2 de partículas de proteína de tráfico de Homo sapiens (TRAPPC2):
gggtctcttccgcggaaactgacattgcgtttccgttgtcggcctcccactgcaggagccatatattgaagaccatg (Seq ID No: 623)

UDP-N-acetil-alfa-D-galactosamina:polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 5 de Homo sapiens (GalNAc-T5) (GALNT5):
ccacctttttcttgggcttgtaggaaggtggacatgggctcccggagacaagacaagtgatatgttgaactgttcggtggctggaatcaactgctcctggagtg

acctaaggccagtgtttatcagaacttagccagggccagccaagcaggcacagatgctctgctatgaaatgccacgcaggcagagactgacaagcggt aggaactgagctttccccttggactgctgcttcctgctgtgttcaggggaggggtcactttctggcaactctgctgctgctgctgctgctgctacttcagctt cctctccactcaaggtaagcaggctaagggagggcaggctgctagggaaagctttgtaccatg (Seq ID No: 624)

Proteína 97 transmembrana de Homo sapiens (TMEM97):
tggcccctcttctcacatcagcgggtccaggcccaaccgacagactatg (Seq ID No: 625)

Dominio EH 2 de Homo sapiens (EHD2):
cgtcctccccgctccgggccccacccggctcagacggctccggacgggaccgcgagcacaggccgctccgcgggcgcttcggatcctcgcgggaccc cacctctcccagcctgcccagcccgctgcagccgccagcgcgccccgtcggcagctctccatctgcacgtctctccgtgaaccccgtgagcggtgtgca gccaccatg (Seq ID No: 626)

Familia similar a tubulina tirosina ligasa de Homo sapiens, miembro 4 (TTLL4):
cgcctcttcttccagactctcggtctgtccgctgggggcgcgcgcggtgtgtggcaggcggcagcggcgctggcggccgagtgcgcttgtcacgcgtggc ggtgcgtggttgctaggggcgcctgaggctgccgggtagcccagcaggccgagggaggaagtagcgtggagccggtgccgagccggggcgaagctg gatcccctagatagactgtcttcaagctcactgatattttcctctgcttgatccattgtgctgttgagagcctctagtaaatttttcagactgacagacttcaaggat gcagctgctactaccggaggtgtgtggcaccttacctcagcaaggccatgagaccgtgtggccatgatgtgggcccctcatg (Seq ID No: 627)

Dominios de cremallera y W2 de leucina básica 1 de Homo sapiens (BZW1):
acctctccctcctcctggcgttagttccggtcgcagaggagacaccgccgcagttgccggtacatcggggatttctggctctttcctcttcgccttaaattcgggt gtcttttatg (Seq ID No: 628)
Proteína centrosómica de Homo sapiens 57kDa (CEP57):
ttgccctttctgtgtaagctgtgagcgtaggcggccctgaggggtgtgttgcaggggtttccaagcccagcaccagcacccttgccctttccatcaggggtt cagcctagggtccccgctggtgggcggctcccgagtcttggagaagagcacgagaacctagaccgcccccgaagtgcggagacccccctgggcaggct gaaagatg (Seq ID No: 629)

Familia de Homo sapiens con similitud 115 de secuencia, miembro A (FAM115A):
ctgcccttgcctcctgggcggagaagctgcttcctcctgggaacaaccgcctcccgctcctagcaggttgctactgccccgaacccgcgctgcagggaac agcggggcaaacagtgagtggggttcagcgtagactctggaccaggagaggcccgcggtgaccgaggcctgggccccggaaaccaatagagccat g (Seq ID No: 630)
Homólogo 13 relacionado con autofagia ATG13 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (ATG13):
agccctctttcacccccccccccggccattaccgaagcggatgaaaacaaacactaacgatggcggcgccgggaagcgaccggctgctgggcttaa ggcgggagtgaccgcttaaccagtgagggaagcactgaagagcgccagtcgacgtgggtgcgacaactcgcggagtcttaggagcaaaacgtctggg gcctgcgagccaggacccttctgaagccttaggtgtctatcggcgacgtgtacggtcactgcagctccggagcgcggaaccctcagccaggaggcgcgg ctggtcggtcccaggtcccggcctccgtaatgagagcccggaaccactctttgtgccgcagcttcgcagcatcttggactcaagtgattctcctgcctcagcct cctgagtagctgggactacagattcctataggcaatg (Seq ID No: 631)

Nexina 17 de clasificación de Homo sapiens (SNX17):
ccgccttcccacatcggatcgcagggctcccaaaatggcgagtgaggctgcggggactcgctgagcagcggaggggagcgtgcagagccgctgcg gccctcacagtccggagcccggccgtgccgtgccgtagggaacatg (Seq ID No: 632)

Proteína de interacción de fitanoil-CoA 2-hidroxilasa de Homo sapiens (PHYHIP):
cgttctttctcccttctctgcctctctctcctccacgctgctttgatttcgctcttgcctctcttcttgcgctgctcagctgggaacatcgtctcaccaggggcagcagc gacgcgctgcacagccagacaggagctggctgcggggcatggaagcagcctccttggcagccgggagaggagcaagcgcacgccactgcccgtga cccaggcgtccggctgctgtcccctgccggggagctcatccacgcagaggtctctccctgtcctccctgcgagcttttcctctgcagagcccagtggagcca gtccccacaggagacaaccctgacgggagcatg (Seq ID No: 633)

Translocasa de Homo sapiens del homólogo 20 de membrana mitocondrial exterior (levadura) (TOMM20):
cggcctttctgtgttcctggcccgcggccgtcgggtgtgagctgcgccgaccgctctgagggttcgtggcccaccgctccttcgcggtccctgccgccaccgt ccacgctcagcgttgtagagaagatg (Seq ID No: 634)

KIAA0141 de Homo sapiens (KIAA0141):
cggcctttctagccgctgtcccaagggttggtctcgcgctttcggctgcgagctctctgtggtgctggcagcgacatg (Seq ID No: 635)

Proteína 2 de interacción con janus cinasa y microtúbulo de Homo sapiens (JAKMIP2):
ctccctcctttaaacagcttctccgggtctcagcatgggcttccagggcagcgattgaggagaccttaccaaggagcaccacacagtagatgctgagacat cgtactccaggataagaaacagtaacatggcagcacctgcttgaaagaaattaaaaaccaacagactccatttagaaaggaacaatg (Seq ID No: 636)

Proteína 2 de interacción con EPM2A (laforina) de Homo sapiens (EPM2AIP1):
cctcctctcccctgcggcctttctaacgttggccctgctcttgtggcctcccgcagaatg (Seq ID No: 637)

Proteína centrosómica de Homo sapiens 170kDa (CEP170):
cggtctttgccgttaccgctatgtgtggggcgtgtgtggaataacgttattgcccagcggagctgagggccccggagctcgaccgcagcggcagcgacga caacagcggcgacgacgacgacgacgaggtgggggggaggacggcgtgcgagagactcacgggacgcgacgcgccccgcctcccccgtccggtcc

ctctctccacggtaaggggatgacgtagctttgccaaagacttagaagctaagcagaaaatg (Seq ID No: 638)

Supresor de Homo sapiens similar a Ty 7 (S. cerevisiae) (SUPT7L):
aggcctctcgaggtccagacagccgcccagcccgctctgcgacgcagcagtgaatagtgtggtacctccttgtctcggttcaggtccagacctccccgtctt
ccggctgccctgaacgtcaggcgacctcaggaccctgtgattggcgcctgcgccggcggaccgtgaccgaggaaacccctggagggacttgggcattc
cttgggctccgtgcctgttcttcgtgctcctttcgggcaaggatctcacattatcagtctttgaccgacacagaatgcctggcatttgataaatgtttgttgaacttg
aagagacatatggacaatg (Seq ID No: 639)

Complejo de condensina I no de SMC de Homo sapiens, subunidad D2 (NCAPD2):
ttttccttttcatttcagcctgactgccggaatcagagccgcgggtgagatccccagccctgtgagcctgtaggagtagaatg (Seq ID No: 640)

Proteína 10 de dedo de anillo de Homo sapiens (RNF10):
ggttctttgagatgctgtttggcgactcgtcgccattcccggagcaggtcggcctcggcccaggggcgagtatccgttgctgtgtcggagacactagtccccg
acaccgagacagccagccctctcccctgcctcgcggcgggagagcgtgtccggccggccggccggcggggctcgcgcaacctccctcgcctccccttc
ccccgcagcctccgccccgccaggcccggcccggactcccgagccccggcctcctcgtcctcggtcgccgctgccgccgggcttaacagccccgtccg
ccgcttctcttcctagtttgagaagccaaggaaggaaacagggaaaaatgtcgccatgaaggccgagaaccgctgccgccgccgacccccgccggcc
ctgaacgccatgagcctgggtccccgccgcgcccgctccgctccgactgccgtcgccgccgaggcccccgttgatg Seq ID No: 641)

Homólogo de subunidad de ribonucleasa específica de poli(A) PAN2 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (PAN2):
agcccttcttgattggaagaagcgcctcggaccccggtccttggcgccgtagtggttaggttgagccctaggcgtgggggagaactggggaaactggaatt
tcccgcggagctgacagcgcttgcgctccccctactcgttctaattccacgcgctccaaaatatccgccatggagaaatcttggccaggatgtccattctagg
cccatcggtgctgtcttgctgaaggttgggtcaggcatctaaagggactgtggtaagggagggtgtgacacaggtgtaagctgccatcgtcatcatg (Seq
ID No: 642)

Molécula CD302 de Homo sapiens (CD302): gctcctctccggccgcgcagccgctgccgcccacccgcacccgccgtcatg (Seq ID No: 643)

Homólogo de biogénesis de ribosoma NSA2 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (NSA2):
gactctttcctgtcccggcctgcgtggtgtgggcttgtgggtctttgagacccgaaaattgagagcgttttcgcactccagcggctgctcctggcggctctgcgg
ccgtcaccatg (Seq ID No: 644)

Homólogo de control mitótico DIS3 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (DIS3):
acgccttttgctggaagagcgctgctggggttaggattctgcgcggcgaggcaagatg (Seq ID No: 645)

Familia de dominio de reclutamiento de caspasa de Homo sapiens, miembro 8 (CARD8):
cctcctctgcgagcgttatttcaaaagaagttgagaaccagagaaaccgacctaaggggattctcccatttggcccgtcctaccctaaagtcaccacctgct
gcttttctggagcgcttaccagtgaccaagaggaacagaacacagagcagcctggcagtgtccaagcaacaagcctccgctcctccttcctgcaccctgg
ggctcctgaaactcacatgggtaaaaaagatacagtaaagacataaataccacatttgacaaatg (Seq ID No: 646)

Epsina 2 de Homo sapiens (EPN2):
ccgcctctcgagcgctgccggtggccgcagcggcgcacccacgccggcccggaggagcagagtgttcatttctgtgtcgggcacagtgctaagtgctgg
gtgctcactggtgatgaggcagatgaaggttaccaaacttgtggacaggagcctcatatcagagacgtggacctcactgtagcctggtcatggcttccagct
tttcgaatctgaggctccaaaggaggaaatgaccattcagggatcttactccagcttgattacggagactgaaccttcatagggtgcgcacttaccaaggac
aggaaggtttctctgtttgaagggctttaaacttataacaaagaaaataaaaatg (Seq ID No: 647)

Dominio de descarboxilasa dependiente de piroxal 1 de Homo sapiens (PDXDC1):
ccgcctctcaaccatcaggttcggcagcccgcggcgccgcctggcagctcctcctcttctccgccccgccggccgcgggcgcgggggacgtcagcgctg
ccagcgtggaaggagctgcggggcgcgggaggaggaagtagagcccgggaccgccaggccaccaccggccgcctcagccatg (Seq ID No:
648)

Nicotinamida nucleotido adenililtransferasa 2 de Homo sapiens (NMNAT2):
ccttcctttctccctctgcagacacaacgagacacaaaaagagaggcaacccctagaccaccgcgaaggacccatctgcaccatg (Seq ID No:
649)

Proteína S27 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPS27): tgttccttttggtacgctccaagatg (Seq ID No:
650)

Repeticiones ricas en leucina de Homo sapiens y 1 que contiene dominio de homología de calponina (CH)
(LRCH1):
tcccctccttccagcgcctttcggtggagcactgcggcactcagcccgagctgccgttttcccctcgcggggaacgctgtgacccccccgcaggagcggcg
gggcggggtgggggggcccgggagaagatg (Seq ID No: 651)

Serina/treonina cinasa que contiene dominio PAS de Homo sapiens (PASK):
gctcctttccgtggtgtgtagccggcttggcgtgaccctcgcctgatccagttgttagagttggaagcttggcagttggcctcccttcttcccatg (Seq ID

No: 652)

Leucoencefalopatía megalencefálica de Homo sapiens con quistes 1 subcorticales (MLC1): cttcctttcctagttgggttctgacagctccgaggcagtggtttacacaaccaacacgaaacatttctacgatccacccgattcctcccctcattgatattcagga agcagctctccttcccctgccttcagctcaagtttgctgagcttttgtttcatttgtgaatacttcttgctggaagtccctcacccagagaccagtgctcccaacgg cagagcagcgggggagataaagaactggtgacacgtggctgtacattcagcacagctgtggtgtccccaagtgccatg (Seq ID No: 653)

Homólogo de regulador de biogénesis de ribosoma RRS1 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (RRS1): ctttcttttccggattgggcatcccggcatctgcacgtggttatgctgccggagtttgggccgccactgtaggaaaagtaacttcagctgcagccccaaagcg agtgagccgagccggagccatg (Seq ID No: 654)

Proteína 4 de ligación a formina de Homo sapiens (FNBP4): cgctctctgctcgcgcttgggctcgcgatg (Seq ID No: 655)

Dominio de peptidilprolil isomerasa de Homo sapiens y 1 que contiene repetición WD (PPWD1): gcgccttttctgacgatgcgaacaacatg (Seq ID No: 656)

Homólogo de componente 50 de maquinaria de clasificación y ensamblaje de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SAMM50): ccgccttctgccctcagcagcagacgctctgtcccgcccgggcagctctgcgaggcagcggctggagagggaaccatg (Seq ID No: 657)

Familia de dominio Yip1 de Homo sapiens, miembro 3 (YIPF3): gcttctccttttttgtgttccggccgatcccacctctcctcgaccctggacgtctaccttccggaggcccacatcttgcccactccgcgcgcggggctagcgcgg gtttcagcgacgggagccctcaagggacatg (Seq ID No: 658)

Repetición de beta-propulsor de tectonina 1 de Homo sapiens (TECPR1): caccctcttgcccggtccccgggagggccggtccgctcctcccggacgccgaggacctaccaccgcgacttcgccccgcccggcgcgggcccaggac cctgatgtcgcttttgaacagcccctgcacctggcagccagcgagctactgtagtaggcattgccgactgtttgcataccggatgggagtgacagtgtaata gaaaaacaagcaagaaacctttaggtaggactcctaaggctcagaggaagttacctccagccgctgccatg (Seq ID No: 659)

Factor 12 asociado a DDB1 y CUL4 de Homo sapiens (DCAF12): ccttccctttcccggctcaagtccttcctctctctttccttttctttccgcctatctttttttctgctgccgctccgggtccgggccattttccgggccgggcgcactaaggt gcgcggccccggggcccagtatatgacccgccgtcctgctatccttcgcttcccccgccccatgtggctgcggggccgcggcggcgctgcccactatg (Seq ID No: 660)

Marco de lectura abierto 17 de cromosoma 3 de Homo sapiens (C3orf17): ccgcctttcgtaagtccccccgcctcgcatg (Seq ID No: 661)

Dominio LETM1 1 de Homo sapiens (LETMD1): caacctcttctctcccgcttctctcgctgtgaagatg (Seq ID No: 662)

Similar a cordina 2 de Homo sapiens (CHRDL2): ctcccttctgctggaccttccttcgtctctccatctctccctcctttccccgcgttctctttccacctttctcttcttcccaccttagacctcccttcctgccctcctttcctgc ccaccgctgcttcctggcccttctccgaccccgctctagcagcagacctcctggggtctgtgggttgatctgtggcccctgtgcctccgtgtccttttcgtctccctt cctcccgactccgctcccggaccagcggcctgaccctggggaaaggatg (Seq ID No: 663)

Complejo de transcripción CCR4-NOT de Homo sapiens, subunidad 10 (CNOT10): actcctctagccggaacctgggggcccggagccggggtaggcacagagttgtcctcggaggtccaggacagcggccagcccggcggcgggagtcag ggccacgccacctgcagggaagaacccgagtcgaagcgggaagatg
(Seq ID No: 664)

Dominio THUMP 3 de Homo sapiens (THUMPD3): cttcctcttgcagttgaggccggcgccgagccggacttcaggcggatctcgtggcggagcccatcttgctccctctcccaggcctttacccgctccctaggatt cccgggccctgtaggtgggagttgggagacgacagtactgcttttaaagagacagtgttagggatcttggaagcacagccaacatg (Seq ID No: 665)

Homólogo 3A de nipsnap de Homo sapiens (C. elegans) (NIPSNAP3A): gctcctttccactcgggaaaccttcagaggagtctcagaaaggacacggctggctgcttttctcagcgccgaagccgcgccatg (Seq ID No: 666)

Proteína 3 ligadora que contiene dominio CAP-GLY de Homo sapiens (CLIP3): gcccctccctctccgcccccaccccctgtcggcgtctgggcctcgtcccctctctctgtctccctgcctccccatcacgtccctgacaccgacaccccatt gctcccacagtctccccagtctccactttggtccccagcgctgtctgcccgaggatttgcctgaaggctgcccccaactctgcacccgcccccgagggcc accgaggaccatg (Seq ID No: 667)

Proteína 167 de dedo de anillo de Homo sapiens (RNF167): caccctcccgaagtttttctgtcacctgtgttaggctccgtccccctttccgcgttttatccccgtaccagaaaaggatacatttagtgcctcccacccagctccac taaacgggttggatatctcattctttgagttggtgttccttccccggcgcccccatgtagctgggaagtgggacctgggggtggttggacccctgggatcctaa aggaggggcagggagggcgcagaactccgcttctgctccttgctaccaggacgcgcggcctcctcagcctctttcctcccgctgccatg (Seq ID No:

668)

Polipéptido M (Dirigido a ADN) de polimerasa II (ARN) de Homo sapiens (POLR2M):
cgttcttccgggaaaatggcgactcccgctcgtgccccggagtcaccgccgtccgcggatccggcgctagtagcggggcctgccgaggaagccgagtg
cccgccgccgcgccagcctcagcccgcgcagaatg (Seq ID No: 669)

Homólogo de dihidroxiacetona cinasa de Homo sapiens (S. cerevisiae) (DAK):
tcgcctctttccgccagcgcccgcaggacccggatgagagcgcacgcttcggggtctccgggaagtcgcggcgccttcggatgtggcggatgcggccgt
gagccggcgggggaggtgctgctgctgcctccactgtactcagacccaggtagcacaggattgtccatcctccagcagctcagtgcaacggtgtgaactc
agcctgtttcagagcctccacaccatg (Seq ID No: 670)

Proteína 1 asociada a ARN polimerasa II de Homo sapiens (RPAP1):
cgatctctgcggggcaagatggcggcgcccagacaggcctggagcacggatgaataagagggaacccccacacggagacactgctggagagagtc
gtactggggaggcagctggagcagcaagatg (Seq ID No: 671)

Proteína de interacción a torsin A de Homo sapiens (TOR1AIP1):
cctcctctttggtgcctccagccaggaggcgggagcgatccacagcagctgacccagctcaggcactgcctctctcacagccctcaagacacaccatgg
gcccagaggcaggtttgctacacagcagcgacgacgcaggcggcggccccagcgactcgcaactgcctccctgaccacagcggccaccgcccaac
acccccgagaagccatcgccaccaccggcaggagaacctagggtccataaagccatcttcgcgatcgactaaagctacgtcaacaactatg (Seq
ID No: 672)

Proteína 1 de ligación a SERPINE1 ARNm de Homo sapiens (SERBP1):
ccccctctctcggcccggccatcttgtgggaagagctgaagcaggcgctcttggctcggcgcggcccgctgcaatccgtggaggaacgcgccgccgagc
caccatcatg (Seq ID No: 673)

N-acetiltransferasa 9 de Homo sapiens (putativa, relacionada GCN5) (NAT9):
caccctttctgcgggggacgatttcgtcggtggtaggctgctaccatg (Seq ID No: 674)

Dominio ribosómico 1 L1 de Homo sapiens (RSL1D1): gcgcctcttcacgaggtggaaacaagatg (Seq ID No: 675)

Similar a Ysc84 1 que contiene el dominio SH3 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SH3YL1):
cttcctcttcctgggcagcctcgggacggggcgccgcggccgggcgggcagcatg (Seq ID No: 676)

Tipo cblD de aciduria metilmalónica de Homo sapiens (deficiencia de cobalamina), con homocistinuria
(MMADHC):
acttcctttgcctgctcaccgccagcgtaggtgctaccaccgctgccgtcgccgccgccattttgatggcaggaagagtccggttctgggacagctggagac
agtggtggtgactgaaataactttaccaaaggaaagctattttgcgaactatcttctccagcggagatg (Seq ID No: 677)

Gen 2 de región candidato supresor de tumor de glioma de Homo sapiens (GLTSCR2): agttcttcctttgacaagatg
(Seq ID No: 678)

Factor 8 asociado a DDB1 y CUL4 de Homo sapiens (DCAF8):
cagtcttctcgagcacatcgtcgcaaacggggccggaaagcgtggcagcgcaggcgcaagcgcagagagcggaggcggtggtggtggcggccgct
ggccagttccttcagtgaatctacagacctattttctcaggagctcagcctggccttacttcagtgataaaaggaggaaaggctggctacagcaaacatcatt
caagatg (Seq ID No: 679)

Proteína 1 de dominio UBX e de Homo sapiens (UBXN1):
ctttcttctcgtcggtgttcccggctgctatagagccgggtgagagagcgagcgcccgtcggcgggtgtcgagggcgggttgcctcgcgctgacccttcccg
ccctccttctcgtcacacaccaggtccccgcggaagccgcggtgtcggcgccatg (Seq ID No: 680)

Inhibidor 1 de antizima de Homo sapiens (AZIN1):
ccgccttctcacactttcaggctctgatcgcggccgcagtttttccttttttcttctgccgtcgccttctctgcctcttctcatcctttctcgctctgctgctctgcagtgtga
cgagtccgaatcctcttcccacccagcccgcgccttttcttcttttgcctgcgctgttctatttctccttcggccgccgccgccactgctgcacacagctggtgtcgg
tgccgcgcttttacccccaagtcgttcccgcagcctatggcccaggccgccttgggtatttctgctcaaggtaaccacatccctctttaaaaattccgccgaaa
aagagaagacgctttacccgactctttgggccgttatctcacggcgaactttctgaccaagtatacaactacccagagggcctaggagaagtgctgtatag
agagcagttcgacttcaacgctgagccaccttgggaacctagctgatgataggggggttccatctcccaacttgtccatggaggtcttcacttcagaaatcca
agactcatattcatccagcttggtgtcaagtgggctgttgctgccagaattatcttgtgattatttgagagatgtatcagtttcttctgaagtacaatcaactgtaga
agcctttgtagcagtttgttgcatattctaaggacccagacataggcttggtggcccgtctcttgtctttcctggtttatgactttcggctttgtggaatacggctgag
atg (Seq ID No: 681)

Homólogo de ciclo 40 de división celular de Homo sapiens (S. cerevisiae) (CDC40):
gcctcttcttcttccgccctggcagggtctccgcagaagatttgttgccgtcatg (Seq ID No: 682)

Similar 3 a estathmina de Homo sapiens (STMN3): gcgcctctccagcctccgcaggcccaaccgccgccagcaccatg (Seq ID
No: 683)

Motivo 13 de tipo nudix (porción X ligadas a nucleósido difosfato) de Homo sapiens (NUDT13):
tttcctcttttgtgctgattcctgaggactaggaaggtgccccgaaaagaattcagagacctgacaatg (Seq ID No: 684)

Modulador 2 de homeostasis de calcio de Homo sapiens (CALHM2):
ctctcttttctggagttagattagtctgaagccgccaccagccccaggcccccgtgcagaagaaaagcgggagggaacggcggaggccgccgctgccct
gcaccgccctcctggaggccacttggagagtccggccccgaggaggccatggccacaagtgcccacagctggccccaggttgccagcgtcgctacag
cccagaccaaggcagaataatctccggatgagctggtggcaccgctgagcctttggtctcaccagggcttcctgttgctggcaggcggggtggagcggag
ctgctgggaggctgctggataggagaggggtcacggctgcggaagaggaggttcttcgggacacccgtggatggacacggcaaggaaacaccaggc
caaccacagctggggataaaatagcacaaccacaccctgccgtccagcgcctcccagcctgtgccccttcctagtaccaccagcaaccatcaatcccgt
ctcctcctgcctcctctcctgcaatccaccccgccacgactatcgccatg (Seq ID No: 685)

Homólogo NMD3 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (NMD3):
tcttctctgtggcggagacagccaggttggcagctgacgggacagccggggtctattttgttgcgggttttcagcaaatccagggctggtctggaggcgcga
aaacttaaggcatacagaacgatg (Seq ID No: 686)

ATPasa de Homo sapiens, H+ transporte, 50/57kDa lisosomal, subunidad H V1 (ATP6V1H):
gcgcctctgtcattctactgcggccgccctggcttccttctacctgtgcggccctcaacgtctccttggtgcgggacccgcttcactttcggctcccggagtctcc
ctccactgctcagacctctggacctgacaggagacgcctacttggctctgacgcggcgccccagcccggctgtgtccccggcgccccggaccaccctcc
ctgccggctttgggtgcgttgtggggtcccgaggattcgcgagatttgttgaaagacattcaagattacgaagtttagatg (Seq ID No: 687)

Homólogo de DPH5 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (DPH5):
gggccttttctctgcacggagccggcgcttttgcagttgcttctgcggaaaggtggtagttaagaatttgtaaaggccagagaactacctacgattctctcagc
ggtctctcttctcctcaagtttgaaatg (Seq ID No: 688)

Polipéptido D de polimerasa I (ARN) de Homo sapiens, 16kDa (POLR1D):
cctcctccctccttccgtcctccgcgccttccgtcggtcggtccttgcttcctgcttcgcctccgcgcctcgcgctatgggacagagcccccgatccgccagca
ccacctgaggatccagaaaccgccccagcgatg (Seq ID No: 689)

Proteína HMP19 de Homo sapiens (HMP19):
ctgtcctttcagcaccacaagctcgggctgaggagggaggactcctggccgtcctcctcctcttcaaattggcttgaatcttctctgacccccccacgagtgca
gcacagtctgggaagaaaggcgtaaggatg (Seq ID No: 690)

Receptor 1 de adiponectina de Homo sapiens (ADIPOR1):
gcgcccctccggcgcggggagggcgctgaagatcggggccgctcggccgcaggccgcctccagcgccgcgggatgtagcgcgggggaccgcggc
ccccagcagagcccgcctgcccggcttgtctaccatcagagggagatctctgccccctggggctgagagaccccaacctttccccaagctgaagctgca
gggtattgaggtaccagccagatg (Seq ID No: 691)

B1 de endofilina similar aGRB2 de dominio SH3 de Homo sapiens (SH3GLB1):
ttttcccttgggacccgggtccacacggcggggtcgcccgtccatctccggctcgcccgcggggcccatcgtcgacgttagcggccgttctccgagccgac
tgacccatccttggcgctgccgccgcgcgcttgttctcctccctcgccccgccttcatcctccccgttcacggaaacgacagctgcggctgcggggctggcg
ccgcctccctccacctaccacgtctgccctcgccgctctagccctgcgccccagcccggccgcggcacctccgcctcgccgccgctaggtcggccggctc
cgcccggctgccgcctaggatg (Seq ID No: 692)

Homólogo A de faringe anterior defectuosa 1 de Homo sapiens (C. elegans) (APH1A):
gtcccctcttcggcttccgtagaggaagtggcgcggaccttcatttggggtttcggttccccccttcccctccccggggtctgggggtgacattgcaccgcgc
ccctcgtggggtcgcgttgccaccccacgcggactccccagctggcgcgcccctcccatttgcctgtcctggtcaggcccccaccccccttcccacctgacc
agccatg (Seq ID No: 693)

Proteína de motivo de ligación a AN de Homo sapiens, 2 ligado a X (RBMX2):
ctgcctttcccgggcgctgattcctgagtgctgagcgcgaacccgaggagatg (Seq ID No: 694)

Familia de Homo sapiens con similitud de secuencia 82, miembro B (FAM82B):
atctcctttagccccgcccgcctccgtagctgcctgaagtagtgcagggtcagcccgcaagttgcaggtcatg (Seq ID No: 695)

Ribonucleoproteína nucleolar pequeña U3 similar a UTP11 Homo sapiens UTP11-like, U3 small nucleolar (levadura) (UTP11L): tgatcttttccaaggctgtacagacatg (Seq ID No: 696)

Marco de lectura abierto 166 de cromosoma 1 4 de Homo sapiens (C14orf166):
cgccctctcgccgcgtcgccggtgcctgcgcctcccgctccacctcgcttcttctctcccggccgaggcccgggggaccagagcgagaagcggggacca
tg (Seq ID No: 697)

Dominio de transporte de proteína emp24 transmembrana 5 de Homo sapiens (TMED5):
gcttctctttcggagggagtgttcgccgccgccgcggccgccacctggagtttcttcagactccagatttccctgtcaaccacgaggagtccagagaggaaa
cgcggagcggagacaacagtacctgacgcctctttcagcccgggatcgccccagcagggatg (Seq ID No: 698)

Complejo de proteína de cuatómero de Homo sapiens, subunidad zeta 1 (COPZ1): gtttcttttgcggctccacgtcggcaccagctgcggggcaagat (Seq ID No: 699)

Proteína S16 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPS16): ggttctttctgtgtttgttctctgccctgccaaggccgtagagctggtgcgtgcgggtagcggggctctccgaggagccgcacgccggcggcaccatg (Seq ID No: 700)

Proteína 3 de cuerpo multivesicular cargado de Homo sapiens (CHMP3): ctacctccttttccgcgggccccgcccaggcggctgcccgtgacctgcctgggcgcggggaactgaaagccggaaggggcaagacgggttcagttcgtc atggggctgtttggaaagacccaggagaagccgcccaaagaactgatatccaaagagaagaagaaaaagtgaaacgatctgtgaaagatgctgcca agaagggccagaaggatgtctgcatagttctggccaaggagatg (Seq ID No: 701)

Proteína 7 de motivo de ligación a ARN de Homo sapiens (RBM7): cgacctttggccaggttagggaggggcgacgctgagatg (Seq ID No: 702)
Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad L (EIF3L): cgctctttccggcggtgctcgcaagcgaggcagccatg (Seq ID No: 703)

Proteína 706 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF706): ccttcctttccctccggcgtcctctcccggccctctcgcgctgcactgtctctccgacgcaagactgtcccggcccggatatg (Seq ID No: 704)
Inducido por andrógeno 1 de Homo sapiens (AIG1): cgccctccttgccgcccagccggtccaggcctctggcgaacatg (Seq ID No: 705)

Cinasa 4 asociada a receptor de interleucina-1 de Homo sapiens (IRAK4): cgcccctttcgcggcgcttcctagttcggctggttcttctgtcgccggcttcagcagcccgcgcccgggcaggaatagaagatg (Seq ID No: 706)

Proteína 66 transmembrana de Homo sapiens (TMEM66): cgttccttcgccgccgccaggggtagcggtgtagctgcgcagcgtcgcgcgcgctaccgcacccaggttcggcccgtaggcgtctggcagcccggcgcc atcttcatcgagcgccatg (Seq ID No: 707)

Carboxipeptidasa Q (CPQ): ccgcctctcggcccgcggcctggccggcaagcagggctgcagtcacggggcggcgcggagggccccagcccagtcaggggtgtggccgccgcca ccgtaaggctaggccgcgagcttagtcctgggagccgcctccgtcgccgccgtcagagccgccctatcagattatcttaacaagaaaaccaactggaaa aaaaaatg (Seq ID No: 708)

Hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 12 de Homo sapiens (HSD17B12): cgctcttttcattcacgaaggtagtgaggcctagtggaaagccatg (Seq ID No: 709)

Proteína fosfatasa metilesterasa 1 de Homo sapiens (PPME1): cctcccctcgatg (Seq ID No: 710)

Miembro 1 de la familia HemK metiltransferasa de Homo sapiens (HEMK1): ccccctttccggcaggctactgggctccgcccacacacctcccggcctggttcctaaacgccagctcggagcaatcccccttgggctggagccaaatccctg ctgtgattttaaggaagaccggcaggtccgggccccccaagggtcaaccccacacacatccccgcactttcctgtatgcaggcctgcgagcgtagaggga gtggaattcacagcctccccacccatccgcaggggtctcctgggaggaacccaccagcgataggaacactgaagctgggctacggcgtccgcccgag ccttttcttaaaggcgccgaccccggaagcggggcgtccgagggagcgcgcgacgggccacgcacgtccgggcgtccagttcggggcagcttctccgg ctggtgggtgggtggggcagcctttcaggcagggtggcaaccaactatatctgaggaccagagccattttggggcaccagagcttgtgacctctccatctcc acccagctgggtccaggggccactctcagcactcacctcagcagctgacatcataaagcagacttgggaacctggaagcactctggagaaccctttccctg agacatg (Seq ID No: 711)

N(alfa)-acetiltransferasa 38 de Homo sapiens, subunidad auxiliar NatC (NAA38): cgcccttcagttctgcttgctgtcggcaccgctgcgttacccggaaccgccgggccgaacagcatg (Seq ID No: 712)

Factor 3 específico de escisión y poliadenilación de Homo sapiens, 73kDa (CPSF3): ggttcttcctttttttatttaccggtggctgtgcttccaatttaggaagaccccggcgacctgttcctcacccccgcttcgccctcacactttcgggatg (Seq ID No: 713)

Dinactina 4 de Homo sapiens (p62) (DCTN4): tcgcctcctccctccccaagatg (Seq ID No: 714)

Hidroxiesteroide (17-beta) deshidrogenasa 11 de Homo sapiens (HSD17B11): gttcctccttgctctcgcccctactctttctggtgttagatcgagctaccctctaaaagcagtttagagtggtaaaaaaaaaaaaaaaacacaccaaacgctcg cagccacaaaagggatg (Seq ID No: 715)

Familia de dominio YTH de Homo sapiens, miembro 2 (YTHDF2): tagtctttccaggtgttagtcgaaacctcgtggtgcgaccctggtcgtcccaaaccccctaggccttaatcctggggcggtgggggcggggaggccgtgag cacggcttccgctcctccaatccgccagagggcgcagcggccggcctctcccttcccggggttcttcgcgccgggcccctccgcgtgggtgagtgaatgt gagagtcagcgctcgcgccgcgcgcgccgcccgcctccgctgttcggcgctctgctttaggcggtgggggcgggcgcgcgcgtaaaagcatagagac

gggcattgagctcttgggctagagcgtcgccgagtcggagccggagcctgagccgcgcgctgtgtctccgctgcgtccgccgaggcccccgagtgtcag
ggacaaaagcctccgcctgctcccgcagccggggctcatctgccgccgccgccgcgctgaggagagttcgccgccgtcgccgcccgtgaggatctgag
agccatg (Seq ID No: 716)

Tubulina de Homo sapiens, epsilon 1 (TUBE1):
agctctctagcagagcgccgttgctgggggaatgcagaagcggccgcgggctagcaagctcccggagccggcggcgcaccaccatg (Seq ID
No: 717)

Motivo que contiene de interacción de ubiquitina 1 de Homo sapiens (UIMC1):
cctccttttcttcctcagcgggtccgcggcccgctactctccgggaggggcgcttcccgacgccaaggtaggcctctcccgacgccggggcggcccttcctg
atgccggggtgtgtctctcgcgacgcgggggtgggctccggacgccggggctggccttgccgaagtcgggggtgggtccctccggacgccgaagtggg
ctcgggatgcggggctgggaccctcccgattccggggcggattccggacgccgggaccggccattactggtgccgggttgggcttctccagatgccggg
gctgggtccttcccaaggttgagacaaaaggatg (Seq ID No: 718)

Proteína 1 asociada a receptor de TNF de Homo sapiens (TRAP1):
ccgcccctcccatcgtgtacggtcccgcgtggctgcgcgcggcgctctgggagtacgacatg (Seq ID No: 719)

Cereblon de Homo sapiens (CRBN): cagcctcctttgcgggtaaacagacatg (Seq ID No: 720)

Dominio L24 ribosómico 1 de Homo sapiens (RSL24D1):
cttcctctcaagcttggcgtttgtttggtggggttacacgcgggttcaacatg (Seq ID No: 721)

Leucina carboxil metiltransferasa 1 de Homo sapiens (LCMT1):
taccctcttctgttgctttctccctgtggctcgcgccgtcccccgccgcccgtcgaccccgcttccatgtccctggcggacacagctcccaggaacctccacgc
ccatggccactaggcagagggaatcctctatcacctcctgctgttccacctcgagctgcgacgcagacgacgagggcgtgcgcggcacctgcgaagatg
(Seq ID No: 722)

RAB14 de Homo sapiens, miembro de la familia de oncogen RAS (RAB14):
ccccctttctttgtggtccggcccattgcgagggtgacaggaaaccctgtgcagggagcgccgccatcttggaccagcccgaggaagatactgagggag
cacaggagcagtcaccgctgccactgctactgccgctactgctgccggcgcgtctgcacctctcggcctgccagtgtacctgccggcgcctcggtcgaccg
cccccgccccctctcccgctgcgtccgcactcctgttcctggtcctgacgccccctcccgcccggaaagctgcccagccaccagcaaccccccagtgcc
accatg (Seq ID No: 723)

Similar a Enah/Vasp de Homo sapiens (EVL):
cttccttttcctgtttggtttaagtaggctataaaaatcaagttgctgtcttcagagggtctgtggtcctctgatcaacataggctggtgggagtacaggactcgcc
tcctcagggttccctgtgctgccacttttcagccatg (Seq ID No: 724)

Dominio LIM de Homo sapiens y ligación a actina 1 (LIMA1):
ctctcttcccctctccctctcctctgccgggtggatgctttctccatgtggcaaggctgtaactgttcacagctgtctgaaacagcagtggaccaggagcagct
tggagttttaactttcattttacaaagaacaacatgtttgaatgtttcagcaggcaagttataactggcatctacttcttgttcttctagaacaccgaaaatctctccc
agcactttagaaaggggaccctgactgtgttaaagaagaagtgggagaacccagggctgggagcagagtctcacacagactctctacggaacagcag
cactgagattaggcacagagcagaccatcctcctgctgaagtgacaagccacgctgcttctggagccaaagctgaccaagaagaacaaatccacccc
agatctagactcaggtcacctcctgaagccctcgttcagggtcgatatccccacatcaaggacggtgaggatcttaaagaccactcaacagaaagtaaaa
aaatg (Seq ID No: 725)

Enzima 1 de conjugación a modificador de plegamiento de ubiquitina de Homo sapiens (UFC1):
gtttctcttgcgccctggtccaagatg (Seq ID No: 726)

Complejo de proteína de coatómero de Homo sapiens, subunidad beta 1 (COPB1):
caccccctccacgtcagccaaggactctggagccgccgccgccgctgctgcggttcatagccggagtagacggagccgcagtagacggatccgcggc
tgcaccaaaccactgcccctcggagcctggtagtgggccacaagcccccagtcccagaggcgtggtgggtcgggcagagtcggaagaactggctttct
agctggaagatgcggaaggggagcgactaggccgcttgcgtctgggcctggcagaagggaccggattttctggcatccttaaatcttgtgtcaaggattgg
ttataatataaccagaaaccatg (Seq ID No: 727)

Proteína 9 transmembrana de Homo sapiens (TMEM9):
gggtcttttgcggctgcagcgggcttgtaggtgtccggctttgctggcccagcaagcctgataagcatg (Seq ID No: 728)

Homólogo 5 de shisa de Homo sapiens (Xenopus laevis) (SHISA5):
ctttctttttctccaaaaggggaggaaattgaaactgagtggcccacgatgggaagaggggaagcccaggggtacaggaggcctctgggtgaaggcag
aggctaacatg (Seq ID No: 729)

Proteína 69 transmembrana de Homo sapiens (TMEM69):
gtgcctttccagtggacctgggctgttgttgcggttgttttccttctctccgtgcaacgctggcaagtctcaaagtcgccacagaaacatgcccctgattcagtgc
ctctgcttagctgtaacatgttaatcagaactacctggcatcttcctgaacaagactttcaataggggccagtatg (Seq ID No: 730)

Dominio de repetición kelch y BTB (POZ) 4 de Homo sapiens (KBTBD4): agatcttcttccgggcggacgtggagccggaagcggaggttccgggctccgggatg (Seq ID No: 731)

Ácido oxidasa pipecólica de Homo sapiens (PIPOX): cgtcctttagccgggagcctgtctttgcttgcctttgcctttgaggctctgtggctgtggggctgagtggcatcatg (Seq ID No: 732)

Homólogo de transporte 1 bloqueado temprano en similar a (S. cerevisiae) de Homo sapiens (BET1L): agctctttccccgcgactgcgccacgtctgaggcggctgtggccgcgtcggtgtccgcgtcgaggagccggggcagggcacgatg (Seq ID No: 733)

Proteína 581 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF581): ttctctctttcggccggcgccgccagttcctggggcacacccagaggtcccccttctcgccgccgcctgcaactgcgagggtagcccggggccgcttggagt cgcccggacctgagaggctgctgcactgggcctcagccagccctccggatg (Seq ID No: 734)

Similar a X, que contiene la repetición de armadillo 1 de Homo sapiens (ARMCX1): cgtccttctaatcctagtcttcgtttggtccggttgcactcttcctatagcccagagggcgagagggcctgtggcctgggggaaggaggacgaggttctgcctg gatcccagcagtaggacgctgtgccatttgggaacaaaggaatagtctgcctggaatccctgcagatcttggggccggaggccagtccaacccttggagc aggaagaaacgcaaagttgtcaagaaccaagtcgagctgcctcagagccggcccgcagtagctgcagactccgcccgcgacgtgtgcgcgcttctctg ggccagagcgagcctgttttgtgctcgggttaagagatttgtcccagctataccatg (Seq ID No: 735)

Paraplegia 21 espástica de Homo sapiens (síndrome Mast, recesivo autosómico) (SPG21): cggcctcccgcacgcaccgcgcagcctgctgtgcccgtgggtcccgagtgctccgccgcccgccccgacccgggcccagccgcctccacggcccgcg ctcgtactggagcgaagagcggcctcctgaaggaggggaagggacgtgggggcggccacggcaggattaacctccatttcagctaatcatg (Seq ID No: 736)

Estaufeno de Homo sapiens, proteína de ligación a ARN, homólogo 1 (Drosophila) (STAU1): tctccctttttttccttcttccttcccctcctcgccgccaccgcccaggaccgccggccgggggacgagctcggagcagcagccagagtttattaaccacttaac ctctcagaactgaacaaagacaacattgttcctggaacgccctcttttttaaaaaagaaagcataacccctactgtagaactaaatgcactgtgcatg (Seq ID No: 737)

Aducina 2 de Homo sapiens (beta) (ADD2): cggccttttgtcagcgcgcagggccaggagagctctcatttcctcccagcctcgtgcgggaaatggctttaattctgacggcagggctgtgagggactagcg ggaacccgagccttttgtcaaggaactgcggcgtcggtggccagtcatccccgccgccgcggagccgctgcactgctgggggatctcccagcagctctg acgagcgcgggctgcagcatgggcagaaaacgctgccctgcagattagctgggtggatttttttaagcgcaccccaccccccaaacccataaaataaca aaaccaacccgcagtggccgaccggagatagctaagatgccgcgcaggagtttccacctggatgtttgaggttgtgtagatgtggccggcaccccttgaga gtggagctaggggggtgcagactgagcagtgaacagaaggagccttggacagggctgggccagcctcccgagttccaggagcgaattgcaaacccac cgggaaaatg (Seq ID No: 738)

Dominio 1 de repetición WD de Homo sapiens (WDR1): ccgccttccggctccagtccccgggctcggcctcggcgaggtgtaattcgcagcgcgggccggccccggaggctctcggcgagcgcggcgcggtaaca agtgggcgaggatg (Seq ID No: 739)

Familia de Homo sapiens con similitud de secuencia 20, miembro A (FAM20A): cgacctctacttccacctctggccccaagtacagcgccagctgcggcctcgggagcgcccgcgggggtgcccgtgcaccggccgcgcctcctccctggc gcgggactcggccgcagctgcctcggaccccggcacgatcgtgcacaacttttcccgaaccgagccccggactgaaccggctggcggcagccacagc gggtcgagctccaagttgcaggccctcttcgcccacccgctgtacaacgtcccggaggagccgcctctcctgggagccgaggactcgctcctggccagc caggaggcgctgcggtattaccggaggaaggtggcccgctggaacaggcctcagttcctgcttttgaaaggaagaggggagtctgtgacccctgaggc ctccttgcaactctgttttccaagctttgcacatcttccgaatttcttcttcaaagtctaccctaatgaaatatcagacaattttccaagtgtgcttcatgaacttctgg gaggtgcttcacagtttctgcaaatgattgattgaattttcactttgaaaaaatatactttaaggcgacacaagatg (Seq ID No: 740)

Dominio kelch 4 de Homo sapiens (KLHDC4): ttttctttcctggtgtcccgtcgcggcttgggacccggcaagatg (Seq ID No: 741)

Dominio de flor de canal de calcio 1 de Homo sapiens (CACFD1): tgctccctctcccacaaggcagcgcgccggctcggacgcggccggctaccgagcccttgtgagggctgtgagctgcgcctgacggtggcaccatg (Seq ID No: 742)

Dedo de zinc de Homo sapiens, 8 que contiene el dominio CCHC (ZCCHC8): gaatcttttccacagcccaaaatg (Seq ID No: 743)

Similar a kelch 24 de Homo sapiens (Drosophila) (KLHL24): gtttcctttgttgtgagctgcggcagagactggtggctggaggagacgccggcgctggagagtgcgctgcgccgcccgccgctgagggaccgcggggtt agccactgctggctgcttccagtgttcgccgagaggtaccgggggtgacagctccgggaccggccgaaaggcgaggaaccggtgtggaaattaaaag aacacacatattttgactggggctttgatcaaccaaatgctaaaaagccacataaagaagatccctaatagtcatttctcaacaattatatagtcaactgatgt aacaatg (Seq ID No: 744)

Homólogo 3 FtsJ de Homo sapiens (E. coli) (FTSJ3): ctccccctttccaccatg (Seq ID No: 745)

Dimeclina de Homo sapiens (DYM):
gcttccctcttctctcgccgcctcctggcctccgcaccgacgcggcccgggctggagccgagccggggccgagctgcaggccggaccggagccggatct
gtacccgctgagacgtggaaacatggaggcctgagccggtgtgcgccacctgggctgcggcggcgacagcgacttctcctgacccctctgccaccctcc
catccgtccgcgggtccgtggagctggagcagatcccccagccggctgagacaggttgtcttttggaaatgcaggtttaaggacaaattatctgcttaagct
agaagatg (Seq ID No: 746)

Proteína 280D de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF280D):
cctcctctttctcctcctcctcagggctccagtcaggccgatccgctccgctcacggaaggaaaacagaaataacttgctggcttgtctggagtcacatgtact
taggtgacaatttacagaaagtcatctctgcagcttgatg (Seq ID No: 747)

Dominio 10 de repetición de ankirina de Homo sapiens (ANKRD10):
cgttcctttgtgctgcggcggcggcttctcgagtcctccccgacgcgtcctctaggccagcgagccccgcgctctccggtgacggaccatg (Seq ID No:
748)

Homólogo de SWT1 ARN endoribonucleasa de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SWT1):
ctctcctttggcttggggctccggagttgccactgccgccggcgctggtaagcttttcaggatg (Seq ID No: 749)

Repetición rica en leucina 49 de Homo sapiens (LRRC49):
tgacctctttcgggtctctttgaatctccgctgtagcgtcacctggaaggcagatctaacagagaacctggactgtctcctatcatg (Seq ID No: 750)

Proteína 12 de repetición rica en F-caja y leucina de Homo sapiens (FBXL12):
ccgccttctggacttggtcttagttcccagtcgcggccaaatcacgcctcagccacctcccgcaagcctctcactgcctcagccacgctttccaggctggtttct
ggtccccatccgcggctggtccggccctgggaccgaatcacttcccagcgagaggaaggtcaaatttctcgaccggctacgggaaggtcgcggccgcc
gccctgtcagccgcctcggcgcccccaggacccctcgggtctctttaaccggaagcggaagtgcgtgtcggcgggatcatg (Seq ID No: 751)

Dominio 55 de repetición WD de Homo sapiens (WDR55): cagtccttctcagcatg (Seq ID No: 752)

Proteína 3 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF3):
cgttctttgttctgtccccggtgtgtgggtctgtgacagggtccaacagggcctggtccgtgtccggtcccccaaatctgtcgtccctgcccccaggcattggca
tcaacaaaagtcagaattcccgggaacttgaacagaggctgctaaattcccagtaattgctcctttggccttctagggactgacttcaaagaaggaaggaa
agaatcaggcagtgcttcctcattctcttttaaaacccgcttcccgctgagtctgcacccaggagaccagagagcaccttgcccttccatg (Seq ID No:
753)

Dominio 27 de repetición de tetratricopéptido de Homo sapiens (TTC27):
ggttcttctcctaggcggaagccagaccagagagcgtgcgtgtttttcccagggtgccccgcgctgctgttatggccgcctccttgaggtagtatccgcacat
ggaattctagggccgcaggtgtatttacggtaactgtcgccactagatttcagcgcctttggactctcctgttttcactttcttttgttgactcccgtgtggccctcgtg
ggagcctgttttggctgcagcggtgtctggggtgatg (Seq ID No: 754)

Dominio THUMP 1 de Homo sapiens (THUMPD1): gtttctctttcctctcagtttgcgcacaccatg (Seq ID No: 755)

Repetición de anquirina y dominio KH 1 de Homo sapiens (ANKHD1):
tgctcttctcgttcccgagatcagcggcggcggtgaccgcgagtgggtcggcaccgtctccggctccgggtgcgaacaatg (Seq ID No: 756)

Sintabulina de Homo sapiens (syntaxin-interacting) (SYBU):
cctcctcctggacggcggcagcggcggcgcgaggagccggcgggcagcggcgcgatg (Seq ID No: 757)

Dominio hélice-bovina-enrollada-hélice-bovina-enrollada 3 de Homo sapiens (CHCHD3):
gcgccttctccttgcttctgggggtcgtggccttgctcccgctgtgcgggaaaagaatccaggcccttccacgcgcgtgtgggtgcgggggccccgaagtgc
tcgtggttccccgctaggtctccgctggggcaggaaccggaatcatg (Seq ID No: 758)

Complejo similar a augmin HAUS de Homo sapiens (HAUS4):
cctccttcgtcgcggcctctagtgcactttcggctccttcccctcccgggcctttcagcttggtctttccgggcctcgcttcccccagcccctgcgcccggcccg
aacgagaggttccggagccccggcgcgggcgggttctggggtgtagacgctgctggccagcccgccccagccgaggttctcggcaccgccttgagagc
ttcagctgccccaggattagaatcccaagaaaatcaaatg (Seq ID No: 759)

Familia 41 de portador de soluto de Homo sapiens, miembro 3 (SLC41A3):
ccgcctctttcccgccgccgcctgggaggggacccgggctgccaggcgcccagctgtgcccagatg (Seq ID No: 760)

Biosíntesis del anclaje de fosfatidilinositol glicano de Homo sapiens, clase V (PIGV):
cttcctttccagcctcccgccctcgtctgcttccggccctgtggcctggtggggctctgcaggctccctcgggagtggtccttgggccgtggcccctctgggag
gcctgagggagctcaatcctggtagcaacacccctgaattcctggtggtgaaaggatg (Seq ID No: 761)

Familia de poli(ADP-ribosa) polimerasa de Homo sapiens, miembro 16 (PARP16):

agttcctttatccctgggcccaacctccccgccgacccgcggtccaggcctcggtctctctcttcggcggcgagccgcggcccagaccccggcagaggac
acttgtcggcacgttctcacccctgtcatctcagccccctgcctagctccaccccaggcttgggaacccggcccctgacggcccattgtccgcgggcccag
cccccgcgctgaacgcacgctcgcccttgcccctaaccagcgcgtctaccccggcaacgcgcagtgacctgggatg (Seq ID No: 762)

4B similar a tioredoxina de Homo sapiens (TXNL4B):
gtttcttttctgcgcttgtgcgttttctgttcggtttccttcccgctagcggggccacgagggttgctaggcaacagcccctgggtgacttggtcttagggtcctgtcc
ggcttggggctgatgaaaggagctgtccgcgcccgggctcttccgagaagtggttgctgacagccacaaagtgaaagggagtgaggcggcgtggacg
agtaaggagtgacagtgaggattcacatttgggttatttcaagatg (Seq ID No: 763)

Homólogo 3 de honda de Homo sapiens (Drosophila) (SSH3):
cgtccttcctggtcctgcgggtccaggactgtccgcggggttgagggaaggggccgtgcccggtgccagcccaggtgctcgcggcctggctccatg
(Seq ID No: 764)

Proteína 692 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF692):
ctccctctggggcgcgggcctcagttccgggctacagcagccgacgccgagaggcaccgtttcttcttaaaagagaaacgctgcgcgcgcgaggtgggc
ccctgtcttccagcagctccgggcctgctcgctaggcccgggaggcgcaggcgcaggcgcagtgggggtgagggcgcgtgggggcgcacagcctctg
gtgcacatg (Seq ID No: 765)

Similar a ARNt-histidina guanililtransferasa 1 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (THG1L):
tggccctttcctttccgcgtgtagaatg (Seq ID No: 766)

Familia 25 de portador de soluto de Homo sapiens, miembro 38 (SLC25A38):
tctcccttctacagagttcctccggcgcttcctccaccccgggatacacagaacctcatctcctacggtgctgaagcctgcagcagggcaggatgggcag
gagagcagagccgcggagtctgcggcgcgggtgaagagcggcgcgtaattcccgcagcaagattgttccgcgcccgcagcccctggactagcaggat
ccgaaccccggcggctgcgtgcttataggcgcagacgtcagagagcccgcggcttaaagcgcgtcgcctggctagcgccacccccctagccttcttcaag
gcctccagggctgggcccaagcgcccgtcgacggcaccctgggcccagaggactcgcgggcctcatctccaatg (Seq ID No: 767)

Dominio 13 de repetición de WD de Homo sapiens (WDR13):
agttctttctgatagcaggcagccatcttgcctggagcctgagaaagggaggagagacagaaggaaccggcgacagtggtctcagggccgctccgggg
ggcctcaagaaccggaggcagccccggaggtggtccccgatcccgggctatgctcttggatctgagaagggaaggcggagggcggcggggacaag
atgggtggagaatgtcaagcaaggaatgctaggcgggggaggggcgttgctatggcgactggggaggggcggtgtctgttctgaatcgctgtgtgtcacc
cgggcgctgcccaggaagggcagggctggggtgatgaccatggtaacacccgggggggagttcgtgacatctccggcgcggagggactcgatgtctat
ggcaatggtcgcctggtggaagggacggaactagatcccttcgctcgggacgctcacattccaggcccttgtcctgcaggctgccgcgggcggacacgc
cagaggaggaggccggggaatg (Seq ID No: 768)

Marco de lectura abierto 123 de cromosoma 1 de Homo sapiens (C1orf123):
ccgccttttacgacgcgccggaaagcaacggcaagggcggcagccagcaccgggcggagagggctaccatg (Seq ID No: 769)

Marco de lectura abierto 11 de cromosoma 20 de Homo sapiens (C20orf11):
ctgcctccttctactcgggcgccccggcggccgccacctctccccagcccaggagaggctgcggagccgcagccgcccagaccgcgcagcgcggga
ggcaggttccgcacgaaataaatcagaatg (Seq ID No: 770)

Proteína 446 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF446):
ttccccttttggggacagatcccgaagttcgagcatccctcggataggccgggtgtcaggcctggtctctcaggcccgtccaggcccatcttgacgattccaa
gaccacccccttgagcaagaatg (Seq ID No: 771)

Mitofusina 1 de Homo sapiens (MFN1):
ccgcccttgccactcccctgcctcctctccgcctttaacttctcgggaagatgaggcagtttggcatctgtggccgagttgctgttgccgggtgatagttggag
cggagacttagcataatg (Seq ID No: 772)

Dominio de interacción de fosfotirosina 1 de Homo sapiens (PID1):
agtcctctcgcagctgcgccaggacagccggcgcgcggccgtgcccacaagttgccggcagctgagcgccgcgcctcctcctgctcgcagcccctac
gcccacccggcggcggtggccagcgccaggacgcacatcccgcggacaccgaccccagatgtaaagcgggaccccagcccctcgccccccggcg
cgatcgacagtctcgccagcgtctcctctgccaaaacccagggctggaagatgtggcagccggccacggagcgcctgcaggagagatttgcagacac
agaagcggcacagagaaggccattgtgaagatcaaggcagaaaccggagttatggcatcataagccaaggaatg (Seq ID No: 773)

Proteína de interacción de dominio de homología de pleckstrina de Homo sapiens (PHIP):
tttcctcctcctcctcctccgcctccgccgccgttgcttgaatggtggagccgaagctcggctcgtgaacacacactgacagctatagggcaggcggcggca
ccgtccccgcttcccctcggcggcggggtgtcccgtcggcggccctgaagtgacccataaacatg (Seq ID No: 774)

Dominios 2 similares a antígeno de células LIM y senescente de Homo sapiens (LIMS2):
tggccttttttgggcgtctccctgctccgcggcccgggctggcgggcgggcgctcggctggcggctgcagcagcagagggagacccgcggcaaccccg
gcaacccagggctcggcgtcgctgccaccatg (Seq ID No: 775)

Similar 2 a SCY1 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (SCYL2):

aggtcttttagtctttttccccctcccttactcttcgtccccggtccctcccctccccacccctttccttctagctccgacgtttgcggccgcgggggcggcggagg
atatggagtaaagccagagtcagtggccaggcacgaaggcagagcaggaacagccaggaggcgtttattagggggggcgggggggaaagagcccca
gcaccgcccctcctggaagaaggaagaggtaagtgaccggccgccggcaccgaccgacctccctcaccggcggctctctcgcctgggctcccggagc
cggcgaggagggaatggaggactcgcgcccgggttaggcctcccagggccgctcaggctggtgggtgttgcctggtgacgggcctgccggcggccgg
ccgggcgatcggcggtcggcgcccgcgcaaagcggggctggacgagcagcgagctccggggagcggatccgagagggccgagtcctcgaaagag
gccttgaggcgacgggagacccgggatcgaagtcagctgccggagggagagccccccatgccggctcgagagctcgggtttcggtggtggagaacgt
agtacctttcggggacattggacactactctaggaccgggtaactataactacccaatattgcagccatg (Seq ID No: 776)

Proteína 31 de dedo de anillo de Homo sapiens (RNF31):
caccctctctcctagtacttcctgttctcggctaaccctggcgctgggccgggggctggagagtgaccgtggtctgagtgacctggggcggctgcgtgggcc
ggggtgggcctcaaagccgggcaccagacgggaggggcggcgctcgggccgcgcgctgcccgcgccgggtcctggcgggcggcgaggctggggc
tgactcctgcctcaggatg (Seq ID No: 777)

Subunidad 9 de complejo mediador de Homo sapiens (MED9): cgacctctggctaacctacccccggagccatg (Seq ID No: 778)

Similar a ATP5S de Homo sapiens (ATP5SL):
cggccccttccggttacgaaaccttagcaagatg (Seq ID No: 779)

GPN-bucle GTPasa 2 de Homo sapiens (GPN2):
tctccttttgcgcgacacggtctcagctgttccgcctgaggcgagtgacgctggccgccaacgaggtatacgtactgggaccctcgccctcagtctcgtctcc
ggcgcggctacctgccccgttttccctgtgagttgacctgctccgggccgcgggccgccaatg (Seq ID No: 780)

Proteína 48 transmembrana de Homo sapiens (TMEM48): cggtctcctgtacgccctagactaggggccgccatctccatg (Seq ID No: 781)

Dominio de repetición de anquirina y dedo de zinc 1 de Homo sapiens (ANKZF1):
ttgtcctcttcgctgctccgtagtgacggggattgttgtgttgcagaaatccggcaatcgacctgaggacttgcgagccgctcagctcccgggacgtttggagc
tgctgctaaataatttctgctcagccatg (Seq ID No: 782)

Homólogo 1 de notchless de Homo sapiens (Drosophila) (NLE1): ggctctttctcctccacgtggggacgcaggatg (Seq ID No: 783)

Asociado al ciclo de división celular 8 de Homo sapiens (CDCA8):
cgctctctctcactggcacagcgaggttttgctcagcccttgtctcgggaccgcagcctccgccgagcgccatg (Seq ID No: 784)

Polipéptido E (dirigido a ADN) de polimerasa III (ARN) de Homo sapiens (80kD) (POLR3E):
cgctcccccccacgtgtccgccggagtttctccaccagcaacatggccgccgcctgagaggagagccgggccgccgccgtctctgcagcccgcgggta
actgggccgttgccgccgtccgcgctcggcccccgcggagagatcgagctgaaggactgcgcggctggctctcctctagtatg (Seq ID No: 785)

Repetición de armadillo 1 de Homo sapiens (ARMC1):
gagcctttgcccgccagcgccttcgctctttggctccctgagttagtccggttgcttgcgatcgccgcggccggggctgcgaaccgaagggctcgctccgcg
ccgcctgggtctctacctcatccgtaggtgtggccctgatggtgtggcaggctctggactcctaaagctctggagcgaatttaagattttattcatgtgcatggc
atagaagatg (Seq ID No: 786)
Proteína 33 transmembrana de Homo sapiens (TMEM33):
ccgtctttctggaaacaccgctttgatctcggcggtgcgggacaggtacctcccggctgctgcgggtgccctggatccagtcggctgcaccaggcgagcga
gacccttccctggtggaggctcagagttccggcagggtgcatccggcctgtgtgtggcgcgaggcagggaagccggtacccgggtcctggccccagcgc
tgacgttttctctcccctttcttctctcttcgcggttgcggcgtcgcagacgctagtgtgagccccccatg (Seq ID No: 787)

Piridoxamina 5'-fosfato oxidasa de Homo sapiens (PNPO):
ccttccttccccggggtagaagtccagggtgagaaattggttccgaactcaaaggaacccagtgccgggccacagccgggtcacgtggccggcggccc
cccatg (Seq ID No: 788)

Similar a golgi fosfoproteína 3 de Homo sapiens (GOLPH3L):
attccttctctgcatcgaaggatcaggaagtttgtgctctctgcgtggctaagtttttcacctactaggacgggggtggggtggggagaacaggtgtccttctaa
aatacagcacaagctacagcctgcgtccagccataacccaggagtaacatcagaaacaggtgagaatg (Seq ID No: 789)

Regulador de condensación de cromosoma de Homo sapiens (RCC1) y proteína 1 que contiene dominio BTB (POZ) (RCBTB1):
cgctcctcctcttcgctgccggtgggcaccgccgctcgctcgcacttctgcgcccattggagcttcggagatccctgcggtcccgcgggacggcgcggcag
cagctgacctcgcagacaggatcttgctctcttgcccagactggaatacagtggtgtgaacacggctcactgcagcctcaacctcctggactcagagatgtc
ggcttatttataggaattgcttgaagccagagtcatg (Seq ID No: 790)

Similar 1 a leprecan de Homo sapiens (LEPREL1):
cgtccctttaagagcggctggccaggcacggcctccgcctctcagtacgcggagcgccggcggtcacctggggctcgcggagcggccagatcgcggc

ggagtcggcgcgcttccccgagggaaggtgggagaggggacccggacgcgaggtgccccgaagccctctcgagcgtaaccgtcccgcgcctctctga
ggcggaggatg (Seq ID No: 791)

Aciltransferasa de erizo de Homo sapiens (HHAT):
ctgtctcttggctcaggcttggaggcctccgagcagcaacatcgtcccaattataccccgttggagcatcttcagatcttccactcttttcacaacgcaatcaaa
atcttcgtacccatttttgcagtagtgatctctgtaagttgctttacaattcataaagtttattctatttgatcttcactctaatttacaaagaaaagcagggaagtctatt
tctgttttacagaggtgtacagggaggctcacaggggctaagttcacacagtaagccctcgaagctgccagggctgcaaagcccaccctctttccaccgc
accgaactacctcctttcgcctacaaaacgtaggtggggaccactggtgttggaatgacggcccacctcgagtttcaggtgacttccactctgcaattaactt
gcaggcagccccagacctgcaatgaacacacgggtgggggagagatatgcacgccagggtcagtgggaaccaacagccgaggggtgagcggggc
tagggggccccgggccgccggcggggcaaacgcggttcagaaacgcaggccgcgctctggcccgccccctgcagcagcacggcctgctcgccatcgc
ccggagagcgccgcgggttcccgagtccgggcgcggagggcgcgcgggcacggcggcaggggcgtgctcggaggacgcgcgctgcgctgctcctc
caaagggcagctccgggggaaagagggtggcgtcccggggaagcccgcagccgccgccgatgtcgctgggactcggaagtgccgaaagaggggt
gttgggaactcgcggcgcgcgtgaacgttgccgtcgccgccgcccgggacagcccggagaaactctcagcgtaggcatcgggaaccttcgtgccaagg
agccatg (Seq ID No: 792)

Marco de lectura abierto 57 de cromosoma 11 de Homo sapiens (C11orf57):
cctccttttctcccaaaccacttcttccccccctacccccccgccacgcgaggctgcggcgcacggtatgggtgtgtttgtgtgtatttgtgtggggagggcgtttg
gagggaaggttaccgggagctccgaggccgctggggaacagggatcccggtgacaaagatggggatatttcctctgtcttccacttggaaacctcaacc
cccgcttcaggctccctagatactttctggggcccaaccgaaggccgtagccatccaaagcgttcccagcctttctggggagtgaaacttacccccggggtt
cgtcctagaggagcgtgagcggggaatgcccaggtcaaccgggctgtccgaattccgccccggctcagcctccggcctcagtccgggagagagatctg
cctgtcggtctgggctgggggaaacgcggcagtggcctgggccacaggtgagggcagagtaaccagtgggaaggctgcgttttcacgaaggactcggg
tgaagctgcagagctgcctttgagccctgactccttggcttcctgggtcggaggagatcttgtaatggagtggttcttcgtctcactagcaagatgcctgatttcc
tcaggatcaagggattgaagaatg (Seq ID No: 793)

Grupo 20A de movilidad alta de Homo sapiens (HMG20A):
agtccttcgccgcattggggcaaaataatcccttcatttttgtgaaggtaccgtggaaaatatttcatttttcttctcaccggagcaattgtaaatgctatgcggtaa
gaggagttacctgtggaaaggtggttaagagattaggtaaagaaaaggaaaggacaccaaaataaagtgctgcggaagaatttttgtccagctgtgaga
cgacgagtgcgtgaagtgaaggcgattgagaggggctgagggaattgtcctctgtggaagggactttcttttggccctaggccccttcctgcccctgtcgtca
gcagagtctctacaaggaagataacggactgtaaaattctataaagcaaagctacacatcacttgacaccatacaccatcttggttacataatgaagaga
gatg (Seq ID No: 794)

Punto de verificación con dominios de cabeza de horquilla y dedo de anillo de Homo sapiens, ubiquitina E3 proteína ligasa (CHFR): atgtctcttgacagcggcggcggcgcagccggttccgggttcggcgcggggcggggatgtgaatcccgatg (Seq ID No: 795)

Nucleoporina 133kDa de Homo sapiens (NUP133):
ccatctcttcccttaggtgtttaagttccgcgcgcaggccaggctgcaacctgacggccagatccctcgctgtcctagtcgctgctccttggagtcatg (Seq ID No: 796)

CNDP dipeptidasa 2 de Homo sapiens (familia de metalopeptidasa M20) (CNDP2):
cttccttccaagaaccttcgagatctgcggtctggggtctggttgaaagatg (Seq ID No: 797)

Similar a oxoglutarato deshidrogenasa de Homo sapiens (OGDHL):
gcacccccttccgcgcagccccctgacctgcagcctccggacctcgctgcagcgcggacccggcccgcccgcccgaatg (Seq ID No: 798)

Proteína 30A transmembrana de Homo sapiens (TMEM30A):
ccgcctcttccgctctacagcggaggtggctgtggcggtggcgctggtggctgcggcggcggcggcagcggcgctcgagcggttcctgtcagggtc
agccggcgggccccctgggtggtccacctgcaaatcgcggagcggcgccccagggatcgatg (Seq ID No: 799)

Homólogo de proteína 2 de alargamiento de Homo sapiens (S. cerevisiae) (ELP2):
gcgtctcttgtttgtgcggctgaccagttggcgacatg (Seq ID No: 800)

Dominio 12 de repetición WD de Homo sapiens (WDR12):
cgttcttttctttgtatttccgcctctcgcctctctctaaaagccgcagttagaggcgagatttaggaaaaacctctgccgagtgagcctctggttgggaatatgta
tgagaaaaaaaaactggcaaggcgttagtcaagcaaagctgaaggcagaggaaatttgatatctggctggagtctagaggatttaatgcaaataagata
ctctgagggcagcgtggcaaaaaaagactacaattcccggtggtcacagcgtttgagaagcgatgctttctgagacttgtagtaactaggagctgtgtttga
actatccaggctcaggacagcctcttgaaaaaaaattttttattaataaagcggatttgagtgggatcttttcctaatcgattacgggcccacacgtatgggaa
gaattctaacaatgattaaagggacatgctacctttacgactatccttttctaatcgatgactcctaaatctaggagtaggtagtcgatgtttgtggtctgggcgtc
tgtagaagggcaacctcgtgctttctgcagaggagaccggagggcagaaggcagagtccaggcttagactgcagttcctcgcttacctgtgcagtctaattt
tgagctgcctctttgtagtcttaaaaggcaggagcttcgtgttgtgggtctgctaacccgtacgtttccgtgggcaagtcgtgtgtactcctcgccatg (Seq ID No: 801)

Dominio 17 de repetición de tetratricopéptido de Homo sapiens (TTC17):
cgacctcttcaagatggcgggcgccggagactagcttccgcttccggtgtgagcggcccggccgggggggcaagatg (Seq ID No: 802)

Rico en prolina 11 de Homo sapiens (PRR11):
ttttctttatggcgtgggagaggccacagcccggactccatcgactcccccggctcttagactaaaatcatg (Seq ID No: 803)

Familia de dominio TBC1 de Homo sapiens, miembro 23 (TBC1D23):
ctccctctttcttcccctctggggaagctcagtgctggacttccgaagacctttttacgacattgagtctcggagttggtctcagcgccggatccacttttcggcaa
agtgacgtggacgtcaacagcaatg (Seq ID No: 804)

Neuronal de repetición 3 rico en leucina de Homo sapiens (LRRN3):
gctcctctctggggagtggagggtgttcagttattaatgaccgctgagcaggcagcaccatgtcagtgtgacaactgatcgggtgaacgatgcaccactaa
ccaccatggaaacaaggaaaaataaagccagctcacaggatctctcttcactggattgagagcctcagcctgccgactgagaaaaagagttccaggaa
aaagaaggaatcccggctgcagcctcctgccttcctttatattttaaaatagagagataagattgcgtgcatgtgtgcatatctatagtatatattttgtacactttg
ttacacagacacacaaatgcacctatttataccgggcaagaacacaaccatgtgattatctcaaccaaggaactgaggaatccagcacgcaaggacatc
ggaggtgggctagcactgaaactgcttttcaagcatcatgctgctattcctgcaaatactgaagaagcatgggatttaaatattttacttctaaataaatgaatta
ctcaatctcctatgaccatctatacatactccaccttcaaaaagtacatcaatattatatcattaaggaaatagtaaccttctcttctccaatatgcatgacatttttg
gacaatgcaattgtggcactggcacttatttcagtgaagaaaaactttgtggttctatggcattcatcatttgacaaatgcaagcatcttccttatcaatcagctcc
tattgaacttactagcactgactgtggaatccttaagggcccattacatttctgaagaagaaagctaagatg (Seq ID No: 805)

Proteína 1 de ligación MIS18 de Homo sapiens (MIS18BP1):
ggccctctctccgcgcggagccgagccggaactgcggcagtctctccctgccaggctcttcatccaaggtttctgtggatcccttctgaagttctatctgaaaa
ttgcgcttaagtgaattttctgttagaagaacttggttgctactttcttgtcaagatg (Seq ID No: 806)

Dominio LMBR1 1 de Homo sapiens (LMBRD1):
ccgccccttaacctttagggtgcgcgggtgcagtatatctcgcgctctctcccctttcccctcccctttccccacccgggcgctcaggttggtctggaccgg
aagcgaagatg (Seq ID No: 807)

ST6 de Homo sapiens (alfa-N-acetil-neuraminil-2,3-beta-galactosil-1,3)-N-acetilgalactosaminide alfa-2,6-sialiltransferasa 1 (ST6GALNAC1): cttcctctagaacccgacccaccaccatg (Seq ID No: 808)

Asociado a espermatogénesis 7 de Homo sapiens (SPATA7):
gctcctcttttccagtcctccactgccggggctgggcccggccgcgggaaggaccgaaggggatacagcgtgtccctgcggcggctgcaagaggactaa
gcatg (Seq ID No: 809)

Proteína 5 de acoplamiento de Homo sapiens (DOK5):
cctcctccttcctcctcctcctccttcttctcctccttctcggccgggaggaggcagggctggatccctcagccgccgccgctcctcctcctggcaggccgg
ccgcggagtcagctgacgccggcgctccagcctcgcctccccgcgccgcgctctgcgctccccgaaagtggctgcaagccggccgcccactgtcaggg
ttgggggacagagaaagtgatgtgcgccttctaaagcctcgcccagcgccgccgaagcagcttcacctctccaactttctcccaccgactgcttgtcttga
ccctgccctccaccctccccagagccacttcgggtgcgcgctcttgggtaaaggggggtcaccggctgtctgggatg (Seq ID No: 810)

Dominio 1 de glicosiltransferasa 8 de Homo sapiens (GLT8D1):
tctcctccatcgcctgcagtaagggcggccgcggcgagcctttgaggggaacgacttgtcggagccctaaccaggggtatctctgagcctggtgggatcc
ccggagcgtcacatcactttccgatcacttcaaagtggttaaaaactaatatttatatgacagaagaaaaagatg (Seq ID No: 811)

Disasociado 1 a nedilación y asociado a culina de Homo sapiens (CAND1):
tggccttttgccctagggagcgagtgcggagcgagtgggagcgagacggccctgagtggaagtgtctggctccccgtagaggcccttctgtacgccccgc
cgcccatgagctcgttctcacgcgaacagcgccgtcgttaggctggctctgtagcctcggcttaccccgggacaggcccacgcctcgccagggaggggg
cagcccgtcgaggcgcctccctagtcagcgtcggcgtcgcgctgcgaccctggaagcgggagccgccgcgagcgagaggaggagctccagtggcgg
cggcggcggcggcagcggcagcgggcagcagctccagcagcgccagcaggcgggatcgaggccgtcaacatg (Seq ID No: 812)

Subunidad t de complejo de nucleación a actina BRICK1, SCAR/WAVE de Homo sapiens (BRK1):
cgctcttcctcaggcggcggccatg (Seq ID No: 813)

Tipo CCCH 15 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZC3H15):
cggtcttcctcctcgtcctgccgcagggccagaaccccgacggtattcagctgcgcgtaagtctggccggtgccatctgtctccgcaatg (Seq ID No: 814)

Sustrato 1 polo-similar cinasa 1 de Homo sapiens (PLK1S1):
cggtctccttcggcaaccccggccgaacggccacccagaggctgtgctgagctggcgcagcggcagcagcatg (Seq ID No: 815)

Dominio 2 de disbindina (proteína 1 de ligación a distrobrevina) de Homo sapiens (DBNDD2):
gtttctttcctacgcagccgctcctgccgccgtggtcgctggagctttgcctctctaggccggcagcgcctctcctccatggtcctgtctgtcagcgctgttttggg
agcccgccggtgaggccgggccacgctcagacacttcgatcgtcgagtctgtcactgggcatg (Seq ID No: 816)

KIAA1704 de Homo sapiens (KIAA1704):
gattctttttggatagggttgacgttcgtggatagactcatatctgtgaccagtgtccgccaccgcggatg (Seq ID No: 817)

Familia 25 de portador de soluto de Homo sapiens, miembro 37 (SLC25A37):
ccccctccctgcccacctcctgcagcctcctgcgccccgccgagctggcggatg (Seq ID No: 818)

Mioneurina de Homo sapiens (MYNN):
cgtcctcccaagatggcggagacagagtgaagaaactgtgttccccccttgggttgctatcgatcaagggtaaaattccattctgatatcaaaatg (Seq ID No: 819)

Homólogo B de clasificación 33 de proteína vacuolar de Homo sapiens (levadura) (VPS33B):
gcttctttttctggtagaaggcggggttctcctcgtacgctgcggagtctctgcggggtgtagaccggaatcctgctgacgggcagagtggatcagggaggg
agggtcgagacacggtggctgcaggtctgagacaaggctgctccgaggtagtagctctcttgcctggaggtggccattcattcctggagtgctgctgagga
gcgagggcccatctggggtctctggaagtcggtgcccaggcctgaaggatagccccccttgcgcttccctgggctgcggccggccttctcagaacgaagg
gcgtccttccaccccgcggcgcaggtgaccgctgccatg (Seq ID No: 820)
Dedo de zinc de Homo sapiens zinc, que contiene dominio C4H2 (ZC4H2):
aggcctctccaagcccctaccgcacaggctcatagccccaagcccggaggaggtggctacattgtgtctattgtatcccttggctggtgtatttgtacatctctc
gggacgtgaaattgacagtgaaaagtatg (Seq ID No: 821)

Similar 1 a proteína 2 asociada a BAI1 de Homo sapiens (BAIAP2L1):
cttcctctggcggcgtccggccgcttctcctctgctcctcgaagaaggccagggcggcgctgccgcaagttttgacattttcgcagcggagacgcgcgcgg
gcactctcgggccgacggctgcggcggcggccgaccctccagagcccccttagtcgcgccccggccctcccgctgcccggagtccggcggccacgagg
cccagccgcgtcctcccgcgcttgctcgcccggcggccgcagccatg (Seq ID No: 822)

Familia 25 de portador de soluto de Homo sapiens, miembro 40 (SLC25A40):
cgtccttctcgcgcctcgctctggccctgcaggttgtgtttccgcctctaccccgcctccattccgttgctctctcagtctcagacccgggctctcggtccgccgctt
caggtcttggcgcagcctcagagagttggcgcggctctgtgttgaccaaacctagtggatgcagttagcgccggagcccggccccgcccgtcaccagggt
tattcccgccttctaggtttgccaggactgccggccctgcagctgccttctgccccaggtttttggctactgatgttacaaacaataaaatattggagcatagagt
tgaagaacagactcaaaccaggttttatttaattagttaaaaatatg (Seq ID No: 823)

Subfamilia C protocaderina alfa de Homo sapiens, 2 (PCDHAC2):
tttccttttccctccccctggagctgtagcggcagcagcagcaggaagccgagccgggttgagcgactcggaggcgagcggaggagctggaatatggg
gagtcagcgaggacggtggggccaggagcccttgggagggcctacggagggagcggccccaggcgctttctagagcgtgagcggtgggggagcag
gcgcagggtggcacgagcggaggcggggcccgggcgtggggcacggctggggaagctgccgcctccggccctgcccggctgcctccgccgcggcc
agtggctatg (Seq ID No: 824)

Factor 2 de polimerización de condroitina de Homo sapiens (CHPF2):
gttccttttgggttagctttggcagtattgagttttacttcctcctctttttagtggaagacagaccataatcccagtgtgagtgaaattgattgtttcatttattaccgttt
tggctgggggttagttccgacaccttcacagttgaagagcaggcagaaggagttgtgaagacaggacaatcttcttggggatgctggtcctggaagccag
cgggcctcgctctgtctttggcctcattgaccccaggttctctggttaaaactgaaagcctactactggcctggtgcccatcaatccattgatccttgaggctgtg
cccctggggcacccacctggcagggcctaccaccatg (Seq ID No: 825)

Proteína 3 transmembrana relacionadas con tioredoxina de Homo sapiens (TMX3):
gcttctcttccgctccgggtcggctccgtttccctttccgggcgggcaggcggcggaccccagtgtctttatccctcttttgcacagtcagcttctgcagctctccc
gggctagcatg (Seq ID No: 826)

Miembro F de familia de homólogo ras de Homo sapiens (en filopodia) (RHOF):
cgacctcttggctccgctagtgcccggcgcgccgccgccagtgctgcgggctccgggcaatg (Seq ID No: 827)

Proteína de interacción de miembro 1, familia B, deligación a proteína precursora beta amiloide (A4) de Homo sapiens, (APBB1IP):
ctttctctcaggaaactccactcccaactgacaggtgctatttccagccagtcctatgctgttgcaaatagtgagtccatgaatgccctctgccgtgtgcattactt
attttcatcagcagatcttcgtaacacactcctggaagtgggatgacggggtcaaaaggcgaatccatacataagttaaatagatattgctcaattctcttcca
cggggttcagaccattttggatttctacgagcaatgaagacagtgctattcctctacaccctggccggccaactgagcgtggttaaacgtggggagggagg
agggtgaggttaccaacctgatggttgagaaagggcctccgcccagcgcgcccttcctccacccccacccgagagacagctgaactccggccgggac
gcgcgtgttgccagtccagccctgcaccgcgtcccctgagggcgggctgcaggcggccgggaagccttgcacaaccggcccaaaagaggaagccca
gaaagtgctgaagtaaacactttgggagaccgttgcaacataaagcggcctctcagtctttggtggaaccatcactaggccccaatcccttagtccctcttgc
gtcgaggctgcaaaatggttccattcgccaggagacgctcctgagagaagggcgcgcgcggcacaggggccttccttgcacctcggagcaaagcagct
cggatagcgccacacgtctgcgcgctgcgtgggaagggcagggctgacagcacttcctccccggggcagcgacctggagcccgggtgcggcagtctg
caccgcgcgtcgctttcccggccggagtctcgccgccttcccgcgccccgcagcgccccgcagagcagtcgagatg (Seq ID No: 828)

Roundabout de Homo sapiens, receptor guía de axones, homólogo 4 (Drosophila) (ROBO4):
ccttccctcttcactgtgagctcagagcagcaggacaaagtgctcgggacaaggacatagggctgagagtagccatg (Seq ID No: 829)

Translocación de Homo sapiens del homólogo de membrana 7 mitocondrial exterior (levadura) (TOMM7):
acctcctttcccttcggattcccgacgctgtggttgctgtaaggggtcctccctgcgccacacggccgtcgccatg (Seq ID No: 830)

Complejo de histocompatibilidad mayor de Homo sapiens, clase II, DR alfa (HLA-DRA):

ttttcttttattcttgtctgttctgcctcactcccgagctctactgactcccaacagagcgcccaagaagaaaatg (Seq ID No: 831)
Proteína arginina metiltransferasa 8 de Homo sapiens (PRMT8):
cctcctctactatctcggtatcaccaaaacccttgccggctcttatg (Seq ID No: 832)

Aducina 3 de Homo sapiens (gamma) (ADD3):
ctgcctcttatgaagcaatactagagaggaaaaacaaaacccattcctttaagaaagattccgcctcctctcataagcaagcgcctaatggtaattgtagag
tttactaagtcaaacacttactactcagcattgagagaagctgctgctgctaatgctgctgctgctgctgccgccgccgccgctgctgctgctgttggtctg
aggctgcagtaggtttctgtgcagcattgcagaatccacacctagagaacagaagacacagacacgtacgtctactacccttgttagaaggaagctttgga
tcttcggtggataacaagagtaatccacagacttaaaacatg (Seq ID No: 833)

Caja homeótica 1 similar a BarH de Homo sapiens (BARHL1):
agccctttggatctaatgcgcagaggaggttggcccagagctcccgggctcccccaaggctgaactccgtccaaggtgcccgcaggctccctgcccgcc
ttccccatgccagcccgcagctaggggcaggggcagcggcggctggggttgggggtgggtggggagcttttggggaggacaggtcgcagcttggctatg
(Seq ID No: 834)

Homólogo de transporte 46 intraflagelar de Homo sapiens (Clamidomonas) (IFT46):
ttatctttttgcctagcgactgacaacaggctggttgcttggcgtggaatcctaaagtggcctggctttgagactggagtgagaccccagccctaggctggggt
tctttccattatagaggagacggattcagaagggctacagaccaaggttgttgaaaaccagacatatgatgagcgtctagagattaacgactccgaagag
gttgcaagtatttatactccaaccccaagacaccaaggacttcctcgttctgcccatcttcctaacaaggctatg (Seq ID No: 835)

Anhidrasa X carbónica de Homo sapiens (CA10):
ccccctttttcgggaggagggaggcagggacttgcaggcaagagttgcacctggtctaggaacctgcagagaaaagaactctggggtaagtagtgttctg
gcactggcacggaaaggggtaaagggtgggggcatgagagggacgaaatggagagggcagggaatgaattatgcaaaaaaatctccaatatttcg
cagcggagggagagcacagcacagcactcccaggatgagtcctgcctgggtctcccgcgccgaacccgcagcacgaagttctttttaagaagagaaa
ctcgaaaatcctggagggtaacagaggcagccagggcggggcggagtgcggaggcggctgccagggactggggccgaggcggcggccaaggtgg
cctgaagctgtgacacccagcctcctcctcctcctcatggccgcgctcagcctcacctccccgcccgggcctcctgcctccgccccgggtgccgggct
gcggagctgacgctgggacgcccggcggcggcgaggacgctcacctggccaagcctccttctcctcctcccccctcccgcccccacctgtcctcctcctc
tgagttgggaagcgtagggatccgtaggcgaggaaataacgacccctgcagttgtattgcggaaaatctcgacagcggcgctagttgcgggcgatggaa
gccaggcaactgggggttctggggagttcaggaaaatagcagaggagcaggaagggcgcgcgcgacctggagagtctgtgtgcccccaccgcgccc
cagtccccggggcccagcccttcccctcggcgccctggacgcactgccggaacccggctgagaggctgcaggctgcgcgcggacctggggagcagg
gagggtcggcggaggctgccggcggctggcggtttcgggcaataatccctgcctctctttctctgtgtgtctgctgtgtctgctccttccccgcccccccggaag
caggagaagaactgccccggagcgcagcagccaccctccgaccatgccccggtgaggggggcggacttcgagggcaacttgccgcggactgcctgg
gcttagccagcgagctacgcgctcccgggagcccggaattgcacggcgcagcccggcgggggctatcgtctatgtcttcttggggcgccagacgaatc
ggggtctcgtttttgctggaagagcccagtgttggtggcttcaggtggctgctgccgccgccgccgccgccgctgctagtgcggtttccgccgctggtgc
gaagagaagagacacgcgagcggggagacctccaaggcagcgaggcatcggacatgtgtcagcacatctggggcgcacatccgtcgagcccgag
gggagatttgccggaacaattcaaactgcgatattgatcttgggggtgactgtccctggccggctgtcgggtgggagtgcgagtgtgcactcgctcggaagt
gtgtgcgagtgtgtatgtgtgtgccgtgtcgggctccccccttcccccgttttcccgtcgagtgatgcacttggaatgagaatcagaggatg (Seq ID
No: 836)

Fosfatasa 22 de especificidad doble de Homo sapiens (DUSP22):
cctcctccctgtaacatgccatagtgcgcctgcgaccacacggccggggcgctagcgttcgccttcagccaccatg (Seq ID No: 837)

Similar 3 a olfactomedina de Homo sapiens (OLFML3): gttccttctactctggcaccactctccaggctgccatg (Seq ID No:
838)

Dominio 1 de fosforibosil transferasa de Homo sapiens (PRTFDC1): ccgtcttcccttcccgcgttccccgggagaaacatg
(Seq ID No: 839)

Translocación de Homo sapiens de homólogo 22 de mitocondrial exterior (levadura) (TOMM22):
cctcctttccgcttccggtgtcccctacagtcatg (Seq ID No: 840)

Arrestina de Homo sapiens, beta 1 (ARRB1):
gctcctcctgctggctggggattttccagcctgggcgctgacgccgcggacctccctgcgaccgtcgcggaccatg (Seq ID No: 841)

Inhibidor 1 de apoptosis inducida por citocinas de Homo sapiens (CIAPIN1):
cctcctctcgcgagaggcgcaaggcgtggagtcgacggctggagagaagccgggagcgagcccaggcggcagtcttgattccctttggccagcagtttt
taggtctgtcagtactgcactgcaagaatg (Seq ID No: 842)

Similar 1 a factor de transcripción de cremallera de leucina de Homo sapiens (LZTFL1):
taccctccttccccatttctgtggtccaactaccctcggcgatcccaggcttggcggggcaccgcctggcctctcccgttccttaggctgccgccgctgcctg
ccgccatg (Seq ID No: 843)

Fosfolípido escramblasa 4 de Homo sapiens (PLSCR4):
agccctcccttccgcgcgcttactttgtttataacttgaaaaatcctctccgtctcccttccctgcctcctttccttcccttttcctctgccagtacaactagacccggc
gtctggcgtccccggtgcccagcattctgcggggcaggcggattaattggaattcttcaaaatg (Seq ID No: 844)

Ectonucleosido trifosfato difosfohidrolasa 7 de Homo sapiens (ENTPD7):
cctccttccggctgggcaaggggccgcggggagcagctcgggactgaaccgagaggtgccgaaggaaccggcgggccgcttgatcccgctgcagac
gtaggagatgcctgggacaaggaggccaccttctcagggcaaaagaaaaagaaggtgacaggcgttgagaccaccgaagggaacccatg (Seq
ID No: 845)

Homólogo 3 de fascina de Homo sapiens, proteína de agrupación de actina, testicular (Strongylocentrotus
purpuratus) (FSCN3):
agttctctctgggaacatctggtgggtactacaggccctattccaggccctatggcctgtggaacctcaccacgggggggagggctgggccagacggaga
catcacctgtggtgtcagccccatg (Seq ID No: 846)

X-prolil aminopeptidasa de Homo sapiens (aminopeptidasa P) 1, soluble (XPNPEP1):
cctccttcgcgccggcccttccgcgggtgatcagctggtctgcgctcccctgacgtgggctggggcacgtcaccgccgaatg (Seq ID No: 847)

REX4 de Homo sapiens, homólogo de ARN exonucleasa 4 (S. cerevisiae) (REXO4):
gggtctcttccggagtcttttcctggacggggtccctgcggtgggtgtgtttcggcctggcctgggcaggcgcttgtgctgccagggcgccgggcccgggga
ggccggggtctcgggtggccgccggcccaggcgctggacggcagcaggatg (Seq ID No: 848)

Motivo LYR 4 de Homo sapiens (LYRM4): ttttctttccaaaatg (Seq ID No: 849)

Polipéptido 24 de caja DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) de Homo sapiens (DDX24):
ggttcttcactcgcgactgacggagctgcggtggcgtctccacacgcaaccatg (Seq ID No: 850)

Proteína 159 transmembrana de Homo sapiens (TMEM159):
ccttcttcctcttgttcctcctcctgcctctcttcgcttcgcctgcaaacgcggtgggggctgctcggcggtcaggagcaggttaccctccgtctgcatgcccacc
atcaaggtatgaggatggtagaagctctcgtcgaaccagatggatgaagaccactaacggcttttgtttcctctggtaacagcaagagacagagcgacat
gagagattggaccgcgggctgcactggagaatttactggtaggataattcatccctaaagagattgaagtgagcttcagaatg (Seq ID No: 851)

Miembro 4 de la familia NDRG de Homo sapiens (NDRG4):
cggcctccgcccctgcagccgcgggcacgcggaggggctcctggctgcccgcacctgcacccgcgcgtcggcggcgccgaagccccgctccccgcct
gcgcgtctgtctcgtccgcatctccgcggcctcctgctccacgacgtgaccatg (Seq ID No: 852)

Proteína 1 de interacción a caja homeótica de loeucemia de células pre-B de Homo sapiens (PBXIP1):
ttttcttctcgggctgcaaacaaagggaagcctgcaacaagttaagctgaagaccgaagcaagagctggttcaggtggcagccacagcagcctcaggg
acctcagcaactatg (Seq ID No: 853)

Homólogo 1 de gastrulación trenzado de Homo sapiens (Drosophila) (TWSG1):
ctgtctctttaaggtgcccgaggctcgcgggcgctgcgctgaggggacggcgggaggcgcggcctggcctcgcactcaaagccgccgcagcgcgccc
cgggctcggccgacccggcggggatctaggggtgggcgacttcgcgggaccgtggcgcatgtttcctgggagttactgatcatcttctttgaagaaacatg
(Seq ID No: 854)

Proteína 286A de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF286A):
gtccccttgtgaggcccgggatgggaggtgcccggttcccccagggacagcttcaagcggtagggacagacatctgaggacccagcctcagggatgct
gtccccgggcttccaggctccagcgccgtaggactgaggcagactccacggtgagaaagagacccgatctaacccaggcctttcatcagagcccagga
gggaaggcaggaagtgggaccacgaggcccgggggggcttctaactcgtctggccagggagatctgaattggggtgaagagcagaatctccagaaca
aggaggaggtggtgatcatg (Seq ID No: 855)

Proteína A14 de ligación a calcio S100 de Homo sapiens (S100A14):
gctcctcctgtcttgtctcagcggctgccaacagatcatgagccatcagctcctctggggccagctataggacaacagaactctcaccaaaggaccagac
acagtgggcaccatg (Seq ID No: 856)

Translectura ANKHD1-EIF4EBP3 de Homo sapiens (ANKHD1-EIF4EBP3):
tgctcttctcgttcccgagatcagcggcggcggtgaccgcgagtgggtcggcaccgtctccggctccgggtgcgaacaatg (Seq ID No: 857)

KIAA1143 de Homo sapiens (KIAA1143): ctgtctttacccagagctaccatg (Seq ID No: 858)

Neuroligina 4 de Homo sapiens, ligada a X (NLGN4X):
ctctcttttttcttgcagaaccgtctctctcccttctctgtctcttagcacagagctcttattcagccactagcttggcccttcctgcttcaattgtaatgcttgttctgcccg
tccacagactattggcggcagaaacaacgaatttcctccaaactaggcggtgttggtggctcttgcattcctctggatgaggaaatctagttgggggttcca
gaaggggaaggctcctgggctttcaatacatcctcctgaatcatacctcgtttcgggttccctagaaaaatctggacgtgtaaaaagaactcttaacggccg
atgcagctcttccaaagctaaggctgccttggagttttcataagaaattgtccctggaggtgttggatgatcacagcttccttggagcattgcagttgctggaatc
cagtttcaggattaagggagggctgcctccttgcaatgggctgccaagaaaacggctgtgcttgttcttaacctcaggctctgtctgtgatcagtctgagagtct
ctcccaggtctactgctccctggaaagccctatctctctgcaggctcgcctctgggctttgtctccttggagccacatcactgggacagctgtggatgtggatgc
agatttgaaccatg (Seq ID No: 859)

Proteína de señalización antiviral mitocondrial de Homo sapiens (MAVS):

ccgcctcctcgctgcgggaagggtcctgggccccgggcggcggtcgccaggtctcagggccgggggtacccgagtctcgtttcctctcagtccatccacc cttcatggggccagagccctctctccagaatctgagcagcaatg (Seq ID No: 860)

Incorporador 1 de serina de Homo sapiens (SERINC1): ctgtctccatcttgtctgtatccgctgctcttgtgacgttgtggagatg (Seq ID No: 861)

KIAA1324 de Homo sapiens (KIAA1324):
cctccccttttttttccgccttctgccagcagaagcagcagccgcagcacctgagccgctactgccgctcactcaggacaacgctatg (Seq ID No: 862)

Sinaptotagmina IV de Homo sapiens (SYT4):
ggacctccctctttgcctcctccctgttccaggagctggtgccctgggctctgcgctgttgttttcagcgctccgaaagccggcgcttgagatccaggcaagtg aatccagccaggcagttttcccttcagcacctcggacagaacacgcagtaaaaaatg (Seq ID No: 863)

Subunidad 2 catalítica de piruvato deshidrogenasa fosfatasa de Homo sapiens (PDP2):
cttccttctggagctgggtcctgactagggaccgcctgggtgaggtgaggacctggtggccgcagttgtggcactgtgcgcaggcgctgaactgaccggac ggagcgggcggctgtggcctcgccagctggtttaaaaatatccttttttgctgaaggaacacatttgctggtatagtttcagaatg (Seq ID No: 864)

Gefirina de Homo sapiens (GPHN):
ctatcctttcctctcagtcctgccatctagctgccttgggtctcgcgctccgcagagcgttccgacactctccggcctcgttctgccgcctccgcgcgctctcccc gtgcggccaccgcgccccccaagcttgcctccttcttgccggacttggggccgcgcgccctgactccttccccctcccgcggacccgcgcactcccggcgc ggcctctcccccacgcaggccaccgtgcactctgtggcctcccctccttccccgctctcctcgcgcttctctggctccctagctgtcgcgctctcctcggcgag cgcgctcccggcccgcgcgctccgggctccggtttctcccggctcctgtcagtgcggtgactgcgctgggaaacatg (Seq ID No: 865)

Homólogo 2 deltex de Homo sapiens (Drosophila) (DTX2):
ccttctcctgagagtcggagccacagccagagccctgcccaggccgagccggagctgcagcccgagcgcggtggtgccctcagccccgtcctcttgtcc tcctcagcctcggtgccttggaatttgtgtcgctgagtcagcaagcctttcagatttgcccggtttttgttgtttgtggtttgtatcaagatgggaactcaaacaagtc attcctcctaaggagctggtgtcttcatccagaagggacagtttgtgccagctctccagagagaaaaggatctggtactgttctggagtggcctgtagcagac actgaaccaccagccagctgcatttgttgtcctggaagtcattgccaactctgccagtcacactggggtccccagagaagtcaagatctgccggaggcgct gggcaatgaccccgggactccaggccagaggggtctgaagctgtttgggaaagcagcgggactccttgggaagatg (Seq ID No: 866)

Familia E de antígeno de melanoma de Homo sapiens, 1 (MAGEE1):
ctgccttttcaccacctctaatttcagcttcagcagttgcttggaactttggttctggcagcagcagcaacatcattaccgctagcggcagttttgtgccgaggc acctacacacctcccgtcctctctgccagatcgcgggcctgtcggtgtctgctcctacacgccaacgccggtgggcaggaccatg (Seq ID No: 867)

Receptor 107 acoplado a proteína G de Homo sapiens (GPR107):
cgcccttcaccccggacgtgggcgggagaggaagcggctggtgatgctggaacaaacatg (Seq ID No: 868)

Dominio 1 PDZ y LIM de Homo sapiens (PDLIM1):
cgctctttctccgacagctgccgggggtgccctgcaagctgttccgcgcgtcctgcccgtctgtccccgcgggtcgtcgcccgccacagccgcgccatg (Seq ID No: 869)

Timosina beta 10 de Homo sapiens (TMSB10):
cgctcttttgtttcttgctgcagcaacgcgagtgggagcaccaggatctcgggctcggaacgagactgcacggattgttttaagaaaatg (Seq ID No: 870)

Fosfolípido escramblasa 1 de Homo sapiens (PLSCR1):
agacccttttcagacccttttccggctgacttctgagaaggttgcgcagcagctgtgcccggcagtctagaggcgcagaagaggaagccatcgcctggcc ccggctctctggaccttgtctcgctcgggagcggaaacagcggcagccagagaactgttttaatcatg (Seq ID No: 871)

Factor 1 de alargamiento de traducción eucariótica beta 2 de Homo sapiens (EEF1B2):
gggtccttttttcctctcttcagcgtggggcgcccacaatttgcgcgctctctttctgctgctccccagctctcggatacagccgacaccatg (Seq ID No: 872)

Pirofosfatasa de Homo sapiens (inorgánica) 1 (PPA1):
ggctctctccttgtcagtcggcgccgcgtgcgggctggtggctctgtggcagcggcggcggcaggactccggcactatg (Seq ID No: 873)

Reparación defectuosa de complementación de reparación por rayos X de Homo sapiens en células 5 de hámster chino (reintegración de hebra doble rota) (XRCC5):
ggctctttccgctatctgccgcttgtccaccggaagcgagttgcgacacggcaggttcccgcccggaagaagcgaccaaagcgcctgaggaccggcaa catg (Seq ID No: 874)

Dominio de dedo de zinc 1 GATA de Homo sapiens (GATAD1):
gatcccttcccagtcctgcttcccagtgcctcgggccagggaatcctggcctccgcctgcggagccggcggaacccgcttcccgcctccacggggcagc gccagcggcctggtcctttcaccggcagctccgtgccgacgctctcaccgctcttcctatcgccgggagtggcgggccgaccaggggcggccgggcta

ccgtccgccattcccgtgtctctgcgcccgcgggggccgcccgagccggccaccatg (Seq ID No: 875)

Enolasa-fosfatasa 1 de Homo sapiens (ENOPH1):
ccgccttttccagttccaggtgtgcagaagtgtcctctccccacgcgcggcgggctgcacttggtcgctggctccgagatcgcgcggggccgccggaagcc
caagacggtaccgggggccgcagccgcagccggcgccgccctccgccctccccaacagcaggccgagtcccgtagcatccggtagggaaatg
(Seq ID No: 876)

Regulación de 1B que contiene el domino pre-ARNm nuclear de Homo sapiens (RPRD1B):
agctctttccgggggcccggggaactactctccttgcctcgctctgtctccttcgaagtgctctgcgcgaggttcagagcggccgccgcctccaaagggacg
gttttctagagctccgacgcctctcggtgcccctctgctccggcccttgccctttgacctcgctctcgcggcagggtgagaggtcgggtggccatcttgtggcg
gcggcgcgggcggctgttactgcggagacccatcccctccccttctcgcacccctggcagtctgtcagtcggtaaaaagtcccgcagcctgtcaggtgag
gccccggcctcgtgccgtcgctcttcccgccgcactgggcggcccaggccgctccctgccgggcctcactgccgccaccatg (Seq ID No: 877)

Familia con similitud con secuencia 60 de Homo sapiens, miembro A (FAM60A):
ctatctttctagacaaggcagttgaggaggagggagcgcttgaggggactggcctggcgtgcactccgcacctcggggacattattgcgcgtggaacgg
ctgcttttggaaggcacaacttcctgaatggaccatgactcccaccaaagatccctgtctctgattcaccaaacagcttcaaccctgaaaccaggacgaga
agttgacaacatctgagtggacagctaattgacctaagacttcagaccagactattgcccagaagaaaagatg (Seq ID No: 878)

Proteína 1 que interactúa con MID1 de Homo sapiens (MID1IP1):
gggccttttatctcggtgctgccgggggaggcgggaggaggagacaccaggggtggccctgagcgccggcgacacctttcctggactataaattgagca
cctgggatgggtaggggccaacgcagtcaccgccgtccgcagtcacagtccagccactgaccgcagcagcgcccttgcgtagcagccgcttgcagc
gagaacactgaattgccaacgagcaggagagtctcaaggcgcaagaggaggccagggctcgacccacagagcaccctcagccatcgcgagtttccg
ggcgccaaagccaggagaagccgcccatcccgcagggccggtctgccagcgagacgagagttggcgagggcggaggagtgccgggaatcccgcc
acaccggctatagccaggcccccagcgcgggccttggagagcgcgtgaaggcgggcatccccttgacccggccgaccatccccgtgcccctgcgtccc
tgcgctccaacgtccgcgcggccaccatg (Seq ID No: 879)

Proteína 35 transmembrana de Homo sapiens (TMEM35):
ctctccctttgtcattctagctgcctgctgcctccgcagcgtccccccagctctccctgtgctaactgcctgcaccttggacagagcgggtgcgcaaatcagaa
ggattagttgggacctgccttggcgaccccatg (Seq ID No: 880)

Fragmento Fc de IgG de Homo sapiens, IIa de baja afinidad, receptor (CD32) (FCGR2A):
cttcctcttttctaagcttgtctcttaaaacccactggacgttggcacagtgctgggatg (Seq ID No: 881)

Homólogo 2 de tribles de Homo sapiens (Drosophila) (TRIB2):
ctttctcttttttgtttggcttctaacgcgttgggactgagtcgccgccgtgagctccccgaagactgcacaaactaccgcgggctcctccgccccgtctgcgattc
ggaagccggcctgggggtcgcgtcgggagccctggcgctgcagctccgcaccttagcagcccgggtactcatccagatccacgccggggacacacac
acagagtaactaaaagtgcggcgattctgcacatcgccgactgctttggggtaacaaaaagacccgagttgcctgccgaccgaggacccccgggagcc
gggctcggagcagacgaggtatccggcggcgcccatttgggggcttctaactctttctccacgcagcccctcttctgtcccctcccctctcgctccctttaaaa
tcagtggcaccgaggcgcctgcagccgcactcgccagcgactcatctctccagcgggttttttttgtttgtcgtgtgcgatcctcacactcatg (Seq ID
No: 882)

Familia con similitud de secuencia 3 de Homo sapiens, miembro A (FAM3A):
cgtcctctccgggggcggagcgggtcggcgggcctgacagggaacctccctgaccgagcccacgtctccccacggccagagaaatctccggcccggc
ccgcatcgccagccccccaggcccggaggaacggcccgagcccaggagaaccacatcttcgtcccagccccggaggctcctgtgggcaagatcgtga
gccaacgggttcctgaggcccctcctggccaggcagggtttccccgcgcgtttccgaggagccctgcctggccgggcggctggacaaacaggtcgtagc
accgatcgcgcccgccccccagcaggggtcccgcacaggcttgcccctgacccccacccaaacctgtccttccgctttgcccccaaacagtgcacttgccg
gcggtcccaacccagcaggagaagtggacatg (Seq ID No: 883)

Componente 4 de complejo de exoquiste de Homo sapiens (EXOC4): ggctctccccgcgtccaagatg (Seq ID No: 884)

Ácido graso elongasa 5 ELOVL de Homo sapiens (ELOVL5):
gcgccttcctcttcccatcgcgcgggtcctagccaccggtgtctccttctacatccgcctctgcgccggctgccacccgcgctccctccgccgccgccgccttg
ctgctgctcaaagctgctgccgccccttgggctaaaaggttttcaaatg (Seq ID No: 885)

Enzima de edición de ARNm de apolipoproteína B de Homo sapiens, 3G similar a polipéptido catalítico (APOBEC3G):
ctttctctttcccttgcaattgccttgggtcctgccgcacagagcggcctgtctttatcagaggtccctctgccaggggagggccccagagaaaaccagaa
agagggtgagagactgaggaagataaagcgtcccagggcctcctacaccagcgcctgagcaggaagcgggaggggccatgactacgaggccctgg
gaggtcactttagggagggctgtcctaaaaccagaagcttggagcagaaagtgaaaccctggtgctccagacaaagatcttagtcgggactagccggcc
aaggatg (Seq ID No: 886)

Receptor de ácido gamma-aminobutírico B (GABA) de Homo sapiens, 1 (GABBR1):
gctcctcctcctcccctccgtcggtcagtcagtccgcgaggagagtccgcggtggcggcgacggtggcgagagccgcgggggccgtaggaagccaac
cttccctgcttctccggggccctcgccccctcctccccacaaaatcagggatggaggcgcctccccggcaccctcttagcagccctccccaggaaaagtgt

ccccccctgagctcctaacgctccccaacagctacccctgccccccacgccatg (Seq ID No: 887)

Cofilina 2 de Homo sapiens (músculo) (CFL2):
cctccttctcctcccagtgccacagagccgaagcccgagctgccgccgcagccacagccgagggcactatg (Seq ID No: 888)

Polipéptido 35 de caja DEAH (Asp-Glu-Ala-His) de Homo sapiens (DHX35): tgacctttttaccccaacatg (Seq ID No: 889)

Resistencia a inhibidores de homólogo A de colinesterasa 8 de Homo sapiens (C. elegans) (RIC8A):
ccgccttccccggcgcgccatg (Seq ID No: 890)

Proteína 10 de ligación a FK506 de Homo sapiens, 65 kDa (FKBP10):
agttctttgtagtgcctccctcagactctaacacactcagcctggccccctcctcctattgcaaccccctccccgctcctcccggccaggccagctcagtcttc
ccagcccccattccacgtggaccagccagggcgggggtagggaaagaggacaggaagagggggagccagttctgggaggcgggggggaaggagg
ttggtggcgactccctcgctcgccctcactgccggcggtcccaactccaggcaccatg (Seq ID No: 891)

ArfGAP 1 pequeña de Homo sapiens (SMAP1):
cctcctcccgttccagctgccgctgccgcttcctgggctgagtccgcccgcggtcccggcggcgccaggtgcgttcactctgcccggctccagccagcgtcc
gccgccgccgtagctgccccaggctccccgccccgctgccgagatg (Seq ID No: 892)

Marco de lectura abierto 93 de cromosoma 14 de Homo sapiens (C14orf93):
cctccttttgcacacacacgaatacaaagagccatacgaccttcggatgccggaaggtccttctgaatcccttccctgttccttaggttgcactagtcgggggt
tccatgctgggggggcagaaggaatgctctctaccgtctgaaaccgttcatcaggaaggccttgatttgtgatgtgctaggagagcacaggatctgcaaata
gaaggcacctgtctcccttctgcaggccgaggagaggccgccatggactgtgtgcttcttcatggcttgtttactcttctttcacagaccctacagcttggggcct
gggctcctctgaccatcctcattgagaaaggaaagtgagtccagagaagttgatgcttcctacctgttggagcggcccagcagtgtaagcgtggttgttactg
ccccatccgccatg (Seq ID No: 893)

Brevican de Homo sapiens (BCAN):
cgccctcttccgaatgtcctgcggccccagcctctcctcacgctcgcgcagtctccgccgcagtctcagctgcagctgcaggactgagccgtgcacccgga
ggagacccccggaggaggcgacaaacttcgcagtgccgcgacccaaccccagccctgggtagcctgcagcatg (Seq ID No: 894)

Caja homeótica similar a H2.0 de Homo sapiens (HLX):
cggcctctcttcctcagtgcgggcggagaagcgaaagcggatcgtcctcggctgccgccgccttctccgggactcgcgcgcccctccccgcgcgcccac
ccacccagtccggctggactgcggcagccgcgcggctcaccccggcaggatg (Seq ID No: 895)

Homólogo A de oncogen viral de reticuloendoteliosis v-rel (aviar) de Homo sapiens (RELA):
ccgcctctggcgaatggctcgtctgtagtgcacgccgcgggcccagctgcgaccccggccccgcccccgggaccccggccatg (Seq ID No: 896)

Proteína 277 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF277): cctccctttttcttttctgccgggtaatg (Seq ID No: 897)
globoside alfa-1,3-N-acetilgalactosaminiltransferasa 1 de Homo sapiens (GBGT1):
cttcctcttttctgtctggcccgcggccccgctgcctgccctgctccaggctccacctgcgccgccgatcgcccgggtatcgcgggggcccaggccagctga
gtccgttttccgcgccgggggtggcgcccctccaaccgtcctaacgccgggccggcagcaaggagtgttcctgggacctcagagaccaggctcagagcct
gacatccctgcgaggggacagcctcatccgcccaggccagtgggggtctctacaagtgcccaggctcaggtgcagcccccagcaatg (Seq ID No: 898)

Regulador 6 de transporte de iones que contienen el dominio FXYD de Homo sapiens (FXYD6):
ggtcctcctgggagtctcggaggggaccggctgtgcagacgccatg (Seq ID No: 899)

Factor 3 de exportación de ARN nuclear de Homo sapiens (NXF3):
tcctctctatgcttggggaaggaacttcctgtaagcaaggcttgaggcttgctctcgccttcgtcagcagccctcctcaatcttctccaaactcccgtccccagg
ccacacagattctcctcaagagagccctataaggacattggtaaaatg (Seq ID No: 900)

Marco de lectura abierto 133 de cromosoma 14 de Homo sapiens (C14orf133):
attcccttccgcccccttctctaagctgcacagcctgaatagaagggctggtccagcggcggcggaggctggcgctgtcctgagagggagggctctgtgc
ggaagagtcagggcgaccctgggcgctggagtacgcttgggactggggctgcgagtgagcaccagcgattggttcggaagcggacatttggttcagaa
cgagcatttaactctgccagggatccgctgggctctgacgactgcggtagatccatggcttcctggacgttcacccgtagagtcatcctagcttaactcttgttc
cctggtctcagttcacaagcctcacctgtatcttcctggctcggaagataattgaaaccaagtctgacttctcaatg (Seq ID No: 901)
X-prolil-aminopeptidasa 3 (aminopeptidasa P) de Homo sapiens, putativa (XPNPEP3):
ctttctcttcccgacgcgtgagttaggccgtaatg (Seq ID No: 902)

Inductor-obliterador de muerte 1 de Homo sapiens (DIDO1):
ggccctctggcaagatggctgctgcggaggcgttggagcgcggaaatctggaaccgggatggcgacgtctacactgagtcggaggcgaaggagcttac
tccacgggaacagcctctagataatctgagttgttgaaaatacgaagcctgttactcgtgaacagtggctgacaacagtgttgttgtgagcctggctgtctgctt
ggacccagaggtttcgtctgccagggtttttggttgtatttaggatttcagggaaaagtgtccaagctttcagtgttggagcaggtatg (Seq ID No: 903)

Efector de apoptosis PERP, TP53 de Homo sapiens (PERP):
cggcctcttcgcttttgtggcggcgcccgcgctcgcaggccactctctgctgtcgcccgtcccgcgcgctcctccgacccgctccgctccgctccgctcggcc
ccgcgccgcccgtcaacatg (Seq ID No: 904)

Similar a antígeno de nefritis tubulointersticial 1 de Homo sapiens (TINAGL1):
tcctctcttgactttgagcgtccggcggtcgcagagccaggaggcggaggcgcgcgggccagcctgggccccagcccacaccttcaccagggcccagg
agccaccatg (Seq ID No: 905)

Factor 4H de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens (EIF4H): ggttcctctcggagcggagacggcaaatg
(Seq ID No: 906)

Complejo de condensina I no de SMC de Homo sapiens, subunidad G (NCAPG):
ccccctctcgcgggaattatttgaacgttcgagcggtaaatactccctggggctgtcatagaagactactcggagagcgctgcctctgggttggcgggctgg
caggctgtagccgagcgcgggcaggactcgtcccggcagggttccagagccatg (Seq ID No: 907)

Homólogo de reparación de escisión de nucleótidos MMS19 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (MMS19):
tatcccctcccacggtctctagttcgcgttatg (Seq ID No: 908)

Homólogo DnaJ (Hsp40) de Homo sapiens, subfamilia C, miembro 1 (DNAJC1):
ctgcctctacagctgtgtgtaggcctgggggcgagggtcttcggaacgtagcgctggctgcggccccgcccgcctacccacccgcccgtccggcagccg
gctcccgccgcctccgcgctctgtctggggccagccacctggcgggccgctccggtgcgcctgcccgcgcttttcactgacaggcgctgttccccacagcc
agcgccgcccgccacgtcccagctctcggccaacggagctgcgcggcgggtgacctttccgagcccagcgcgatg (Seq ID No: 909)

Homólogo estimulado por gen de ácido retinoico 6 (ratón) de Homo sapiens (STRA6):
ctacccttcatctctgcaactccttcctccctgggcctcccttctggtgtgtctgtgggtctgtctaggtgggcttgggaaaggggaaggaaggggcgtctcttta
ggcagctcagactggacaagccttctttgaaaatggtcctttgaacacacgcctgctggtggttggtcagacagatgcgccagcgggagccccggggccc
caaggggacagctatctctgcaggaccagtgcgatg (Seq ID No: 910)

Homólogo inducido por 5-azacitidina de Homo sapiens (AZI2):
cagccccttttccggctgagagctcatccacacttccaatcactttccggagtgcttcccctccctccggcccgtgctggtcccgacggcgggcctgggtctcg
cgcgcgtattgctgggtaacgggccttctctcgcgtcggcccggcccctcctgcctcggctcgtccctccttccagaacgtcccgggctcctgccgagtcaga
agaaatgggactccctccgcgacgtgcccggagcagctcccttcgctgtggaagcggcggtgtcttcgaagaaaccggaagcccgtggtgacccctggc
gacccggtttgttttcggtccgtttccaaacactaaggaatcgaaactcggcggccttgggggcggccctacgtagcctggcttctggttgtcatg (Seq ID
No: 911)

Polipéptido E de polimerasa I (ARN) de Homo sapiens, 53kDa (POLR1E):
acgccttttccggcccgcagcgcggcctgggctcccgcgtgtttaaaagtgcgcttgtggctgctgctgtcttaactcctgtgcttggcggacagacaggcga
gatg (Seq ID No: 912)

Proteína S25 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPS25):
agtcctttctcgtcgctgctcggctcgcggcccgtggggtcggccccgccaccgttgccgccatg (Seq ID No: 913)

Homólogo A de TRM2 ARNt metiltransferasa 2 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (TRMT2A):
cggcctccgccgcacgcgctggcggactaagagtggctggcgaagcgagcggccggcgcgggcccctggcgggcgggcggtacagccccaagcct
gagacccggacctgagcatcgcaggttcgagtcccgccccgcctggggcgaagccgggggtggcggcgacctcgcggcgttgcaccggctctgtgag
cacctcccctctgagcacttcccttgtgacaggccacttcccttgtgacaggcccaggacgaggtggccaggcggcccccatggcgtccctggtctaggcg
gagaaccgcctgggcgatg (Seq ID No: 914)

Proteína relacionada a lípido fosfato fosfatasa tipo 2 de Homo sapiens (LPPR2):
ccctccctccacctcggagtctgcgcggcgcggccaggcccggccgaccgcgtctcggtcttcgcgtctgccagcctggctggcagtccgtctgtccatcc
cgccgcgccggggcagtctaggcggagcgggggctcaggcggcggcggcctcgacgcgagtgagtgtcgtggttggggtgctggacccagagtgcct
accctcgcctgcctgggcctcagtttccacatctgcacaatgggggtgaccatccctgccctgctggctgccaggagcggctgtgagtcttcaggcgtggat
gcagcctgggggaagccatagggcgctttcacaggcctggccttcaccatg (Seq ID No: 915)

Marco de lectura abierto 1 de cromosoma 11 de Homo sapiens (C11orf1): gaacctttttttcacctcgtctgaaatg (Seq ID
No: 916)

Monoxigenasa asociada a microtúbulos de Homo sapiens, 1 que contiene el dominio de calponina y LIM
(MICAL1):
cgccctcccacccgctcagacctggttgccagcccaacaggaagcggcccctcccggcttcggagccgccgccactcatctctgcccagctgctgccctc
ccaggaggcctccatg (Seq ID No: 917)

Cadena ligera 2 de quinesina de Homo sapiens (KLC2):
gctcctttaaggcagcgaacgggccaagagaagcgtgtttcgccccctccgacgccaccgaggtagcggcttcacctttaaggcggcgcgggggctgct

gggaaggccggcgggatggaggcggcgggaccggctcgcgggtgcgggtccgggtgaagcgggaggcagccagagtcggagccgggcccgagc
accaggcgcaggcccggcgcccgcctgcccgcaccctcgtcctcacagacgccacagccatg (Seq ID No: 918)

Reparador 1B de reticulación de ADN de Homo sapiens (DCLRE1B):
acttccttttctgcccactctggtaacttattgctctgctgggctctttcccttagggtctctggccctgttcttgccccagcatgacttttatcgggacgccgttgtgg
aagcctcacgcaggagccctgcccccgtggagaagatcccactggtgactccaaccctaccaccatg (Seq ID No: 919)

Repetición de armadillo de Homo sapiens ligado 5 a X, que contiene la (ARMCX5):
gctcctcccactgccgttgtgggtaacgcggacgtggaagaacctcgtctgcggaggaaaaggtagatgttaaatggtaactacgcgcgaggttctgagg
agccctgggaacaggaaggagaaaagaataccaaaagtgacaacagtttgccaatcgcagtctttaatctgataaagcggttatctcgtcttgagtccca
ggtgccgagtcaatccccatacacagccgccgccattgcctcgagtccttgtgtctgactgtctgttcctgctgctgtatgacacagcacctcgaggcaagga
aataagaaaactgcctctgatccaagcagagaaggtctgcctgtagatctgctgtagggcttgtcaccattggaagcaaggtcctacttcagtggcagatct
ggtggccttggagtggctgaagaccaccaccctccacagggctgggcccatgcacagccatccttccctaccttgagtgagcttcctctgcatgttttctatat
cactggcagagcctgtagttggaaaggggacagagtgactactggactttgtgtgaaaacaccaaccgggacaaaacttcagtcaaggctgagacggg
tgggggtatataacttgtccttacgttaaacttggaacatg (Seq ID No: 920)

Marco de lectura abierto 43 de cromosoma 12 de Homo sapiens (C12orf43): aatcctttgcggtggttcaagatg (Seq ID No: 921)

Homólogo A de clasificación de proteínas vacuolares 33 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (VPS33A):
ggtcctcccgtaggaaccggcggactcggttggcgttgtggggcagggggtggtggagcaagatg (Seq ID No: 922)

Superhélice 2 rica en arginina/serina de Homo sapiens (RSRC2):
gggcctcctcgcctttgtgccatccgggtctctcgcgcgagcgatttagtctgaggcgaagcttcggagcggccggtactgttgaaagcgacaagtggagg
cgccgctctagcggccgggactctgaactatggcggctagtgatacagagcgagatggactagccccagaaaagacatcaccagatagagataagaa
aaaagagcagtcagaagtatctgtttctcctagagcttcaaaacatcattattcaagatcacgatcaaggtcaagagaaagaaaacgaaagtcagataat
gaaggaagaaaacacaggagccggagcagaagcaaagagcgtgcttatgcgcgaagagactgaactgaagacgctgcagactcagatagcaaaa
taataagcctacttcatgataagggaagaagacatgaatccaaagataaatcctctaagaaacataagtctgaggaacataatgacaaagaacattcttct
gataaaggaagagagcgactaaattcatctgaaaatggtgaggacaggcacaaacgcaaagaaagaaagtcatcaagaggcagaagtcactcaag
atctaggtctcgtgaaagacgccatcgtagtagaagcagggagcggaagaagtctcgatccaggagtagggagcggaagaaatcgagatccagaag
cagagagaggaagaaatcgagatccagaagcagggaaagaaaacggcggatcaggtctcgttcccgctcaagatcaagacacaggcataggacta
gaagcaggagtaggacaaggagtaggagtcgagatagaaagaagagaattgaaaagccgagaagatttagcagaagtttaagccggactccaagt
ccacctcccttcagaggcagaaacacagcaatg (Seq ID No: 923)

Subunidad 3 de complejo integrador de Homo sapiens (INTS3):
ccgccttcccacccccgcccttccactatggccgcttctgtgtggtgtggggagacgctggtcctccccgtcctcccatagcgcttattgcctcaccctcaccc
cctaggggccggatccaaaggcgctgcactccccaagccttggggcatcagccaggaaggtttcctacctcctaattcaggggcaggactcctcttttccc
cccacggggaaaagaggcagaaacttaggggtttccctccttttcttagggtcagacgctcttagggtccacttcttcaggggcggaagcctctcctaccttc
ccataggggcacaggcctttaccccactgtacttcggagccaacgcctttccctcagcactgccaccccagagtcaggacccagaggactgtgccttcgc
ccccaacgcaggcgcggccttttggagaggagggaggagtggagaggacaggggcccttgctctcccctccccaacttgttcctcttgccccccagtccct
ggcaatccagagatcccgatatctaggactgtccatccatccactccctgacctttttcccggctcctggctgcagccatg (Seq ID No: 924)

Serina-rica 2 asociada a espermatogenesis de Homo sapiens (SPATS2):
tctcctttcctcttctcagacccgggagcgtccgggacgcggagcccggagctggggcgacgaggcgattgcgggggcctgggctagctgctggctacca
atattctactttctgtctctatgaatgtgactaccctggttacctcatataatctccctggaaaaggagacatgaatgtctgcaatgatacttcctgacaagaagtt
gatacaagaaaaggaaaggagattaacagctagtgagcagaatttcgaacagcaggatttcgtatttttttgcttccaactgcacacttccgttgcccacttta
aatcagagatacctacactcaaaacccagacaaggcaaaaggatacttttcttgtatatttttttgagatcgaagaaacgacaatg (Seq ID No: 925)

Receptor de factor de crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (FGFR1):
ccgccccttttcacctcctggctccctcccgggcgatccgcgcccctttgggtctcccctccctttcctccgtccgcgtctcctgcgcccccctccctgcgctcgtcc
cgccgctcttcccgccgcccaacttttcctccaactcgcgctcgggagctggcgaggcggcggcggctcctcaggtcagtttgaaaaggaggatcgagct
cactgtggagtatccatggagatgtggagccttgtcaccaacctctaactgcagaactgggatg (Seq ID No: 926)

Dominio FUN14 2 de Homo sapiens (FUNDC2): ctccctcttccgctgccgccgtgggaatg (Seq ID No: 927)

Similar 1 a proteína 1 asociada a diferenciación inducida por gangliosido de Homo sapiens (GDAP1L1):
cctccttctttcctgcctctgattccgggctgtcatg (Seq ID No: 928)

Marco de lectura abierto 43 de cromosoma 19 de Homo sapiens (C19orf43):
agtcctttgcgcggcacctggcgacaaaatg (Seq ID No: 929)

Componente complejo de quinetocor MIS12, MIND de Homo sapiens, homólogo (S. pombe) (MIS12):
ccctctcttctccaccagccaacgtccgggaaaaacgagtaagtacaggttccttctgccaatccccgccggccacagctaactttcccgcccggccccttt
ctgtcataattgaggtgtccacaaccagccaatcaggaacgcgagagtatcccgcgtttgctttcgctcgccgaggcgcgtatcagtcggaattttggggag
ccaaccgcgccgtctgtccctggcaagccagcggcggtttaaaggaggtggcgggaagcctgtgtgtgcttcaaatcgtcaccctcatggtcgctccggta

agtgctgcggggcagcattttctctgaggaggagcggggacgggcgagactggcataagcgtcttcgcgagggagcaaggcggcctgtgggtcggcct
caccccggcctccgacctgaagatcccagcatgcagcgcgggcgcggggcccgacggaagccgggagccggccggaagcagttcctgcgctctggc
ttctgggtcctgtcctgcgcgatcgcggggtcttagacagctcaactcgccgagatgacctgggcacctctgcgttgaatcggcaaatactgatcaagccgc
atttattctgctctcaggaactctaagtctagcagagaagatgaggcggtagaagttcatcaatggcttggctggaggacaagcaaattgaggacattggca
acggagtgatcaaaatgatagatcatgaggcctaaaatgaataaggaaagaagagaagtggcagaggctgagaacagaaagagagggtggaggg
gctgtaaatcttgaagattagggtataatatgagtatatgggtaagaattggaagaattgtgtaggaggcagtagtcaaaaagtagaagcagtttggaaga
gtagttacaaatatcaagagccaggtggctaaaaggtggagctataggtcattgaagctcaagaaactgagtctctagggcattggttaagtcatctgtcta
gacttcaaagttgtctaggatgataattcagaagactgatctgtgccaaagtcacaggtttttcacgactgaaaacaacatagcaaaataagccaagatg
(Seq ID No: 930)

Polipéptido 50 de caja DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) de Homo sapiens (DDX50):
cttcctttcacgctgtcgctgcccgtaggtggttgtggccactgtgcccggagggaggcggcggtggccagtaatg (Seq ID No: 931)

Marco de lectura abierto 25 de cromosoma 7 de Homo sapiens (C7orf25):
cggcctctgcgtgcacgcgcctgcgtgctcgcgctcgcggttctggcgctgccggaataatgctgacagcatg (Seq ID No: 932)

Motivo que contiene KxDL 1 de Homo sapiens (KXD1):
ccgcccttcctgtcgtgacttaacgcacgcaagcggctccagggtacgtccccgccacgcgcgctcgcaggatcggtgcgtggtgacgtttcgccggcgc
gggcgccatcccggaagcgcgagcaaggccgccagatgtgcaggcagcggaggaggagaaagagatg (Seq ID No: 933)
Homólogo defectuoso en la cohesión cromátidas hermas 1 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (DSCC1):
acttctttcttgcccgccaagcccgcagccacccgggcgcggcgggactcctagacccggcgctgcgatg (Seq ID No: 934)

Proteína 426 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF426):
cgttccttttgtgacgccggctgtgagcgcctgagagtctttttgcctttcagagttaaggcctcactggcctgggaaaataattgctgccttttgcatccgcgttgg
ctccgtccccaggatcttcccggttcagggacctggcgatttctgagtgttccggaatcccaataaccctgtttaaagaggaatggagattgccactgtccattt
agattaatgaggtgtcctgaagtgatggtgacatcaatgaaaggagggttctgacacgttctcacctcgcgggatg (Seq ID No: 935)

Factor asociado a proteína de ligación a caja TATA a (TBP) de Homo sapiens, ARN polimerasa I, D, 41kDa (TAF1D):
caaccctttttcttccgcacggttggaggaggtcggctggttatcgggagttggagggctgaggtcgggagggtggtgtgtacagagctctaggacaccagg
ccagtcgcgggttttgggccgaggcctgggttacaagcagcaagtgcgcggttggggccactgcgaggccgttttagaaaactgtttaaaacaaagagca
attgatg (Seq ID No: 936)

Proteína 1 de dedo de PHD de Homo sapiens (PHF1):
ccgcctcctcctcctgccgctgccgctgctttggctgctgcgtcatacgccccagagccgccgggacggaggggctgggcctggggacccccccggcctcc
gcctgcacgcccccccacgcccggacgtgccctctccgcgcgggggactcgcctaggtctcctacgtctgcccctgcccggctcccggcggccccagct
gtcaccggcccccccaggatgcaatg (Seq ID No: 937)

Familia con similitud de secuencia 134 de Homo sapiens, miembro A (FAM134A):
ccccctccgcctgacgcgcccccggcggcggccgcgcagccctggctcctcgcgggctcgggcggcggctgcggcggggctatg (Seq ID No: 938)

Dominio O-aciltransferasa ligado de membrana 7 de Homo sapiens (MBOAT7):
ccgcctcctttccggagcccgtctgttcccctcgggtccaaagcttttggctcctccttgttccgagcccgaaggcccgcccctcacgtactcggagctcgga
tcccagtgtggacctggactcgaatcccgttgccgactcgcgctctcggcttctgctccggggcttcttccctgcccgcccggggccctgaccgtggcttcttcc
ccggcctgatctgcgcagcccggcgggcgcccagaaggagcaggcggcgcgggggcgcgctgggcgggggaggcgtggccggagctgcggcgg
caagcgggctgggactgctcggccgcctcctgcccggcgagcagctcagaccatg (Seq ID No: 939)

Dominio de superfamilia facilitador mayor 11 de Homo sapiens (MFSD11):
acgcccctttttgctcagccgtcagccccgtctccgtctgaagagtgcttctgccctcatttgcctctccctgtgaccccggccccctcagactccgctgcgtcg
tctctcggccccgtccagccgttcctgactgctcttcgccggagtccgcttcccaaccccctttcgccagagcccgagagctccgtcggctctgcgtcctggc
ggattgtcagtggcttcgccccgaggagagctgactgccctgggctgctgcctccggcagagctgagccaaaatg (Seq ID No: 940)

Tiamina trifosfatasa de Homo sapiens (THTPA):
ctcccttcccccctctgtgggtcccgcgaggagactctcgggctttgaggtgagacctgaagttccgctggccggtagtgtagcaggaaagggcaggtcctc
ccgggtcgtgagccagtagcctcctggggtggcaaggtgtagagaggggggcgttgaaaggacacccgctacccggcctgctttctaggggtctctttgg
attgaggacatcagcagcagtggaagggattttactggagacctgtcactgtcagagccttaaaatatcaccgacggggccttaatgtcaccgaggtaga
gagaaaagggcagtagccctagagactattgcgacacagtgtgcccctcataagtttttccagggaggggttctgtactgagttgacgccccaggagctga
gcaccaggctttgcatccttgggaactcagcaaacgtttgttcagccaattgcaggtagcatg (Seq ID No: 941)

Miembro 3 de la familia de cadena corta de acil-CoA sintetasa de Homo sapiens (ACSS3):
tactcccttccctcaggccccaggaagttgcaagagtaccatttgtcgcacactcggggaccgcgggtggccggaggagatg (Seq ID No: 942)

Marco de lectura abierto 211 de cromosoma 6 de Homo sapiens (C6orf211):
gctcctccttcgcggcggtaccgcctctgtttctgcggcgattgaacagccgagctttgcggccgggatcgcggaaagtgatg (Seq ID No: 943)

Proteína 204 transmembrana de Homo sapiens (TMEM204):
atttcctctctgctgagagccagggaaggcgagctctgcgcacacgggcgtccctgcagcagccactctgctttccaggaccggccaactgccctggagg
catccacacaggggcccaggcagcacagaggagctgtgaacccgctccacaccggccaccctgcccggagcctggcactcacagcaggccggtgct
aaggagtgtggcgcgggctcgactcccactgctgccggcctcccgagtgactctgttttccactgctgcaggcgagaagaggcacgcgcggcacaggcc
ggcctccgcttcccgggaagacggcgcactcctggccctgggttcttgctgctgcccaccctctgctccctgggatgggccccgaggcgagcagcttcagc
acaggcctggccctgctccaggtgcaggaaggaggataaggccgggccgagaggcggcacacctggaccatcccatgggcctccgcccgcgccgc
cccgaggatgagtggtgatgtcctctagccacccctagcagcgtcggctctccctggacgtgcggccgcggactgggacttggctttctccggataagcgg
cggcaccggcgtcagcgatg (Seq ID No: 944)

Polipéptido 40 de caja DEAH (Asp-Glu-Ala-His) de Homo sapiens (DHX40):
tcgtctttcccctcccatctcctcagatcggtggacgtgctcgcctccactcggggccaggtctatg (Seq ID No: 945)

Importina 4 de Homo sapiens (IPO4): cctccccttttcggcccagtagcggcggctcagttgctgccatg (Seq ID No: 946)

N-acetiltransferasa 10 de Homo sapiens (relacionada a GCN5) (NAT10):
ccttctctttcggagttgttccgtgctcccacgtgcttccccttctccactggctgggatcccccgggctcggggcgcagtaataatttttcaccatg (Seq ID
No: 947)

Homólogo A de lin-28 de Homo sapiens (C. elegans) (LIN28A):
aacccttgccttcggacttctccggggccagcagccgcccgaccaggggcccggggccacgggctcagccgacgaccatg (Seq ID No: 948)

Familia de proteína ligadora que contiene el dominio CAP-GLY de Homo sapiens, miembro 4 (CLIP4):
cggcctttcctccgcgcccccgcgtccccagccggccgctccgagaggacccggaggaggcaggtggctttctagaagatg (Seq ID No: 949)

Dedo de zinc de Homo sapiens, dominio 1 tipo AN1 (ZFAND1): ccgcccccttacggcgccggagagatg (Seq ID No:
950)

Miembro 6 de la familia GTPasa, IMAP de Homo sapiens (GIMAP6):
cctccctttttctacttccgaggctgcaaagtgcaacagcagactcttctgactcaggaaggccggtgctcctacccacttcctgttcctccatctccagcggac
actgctctttcaagggcaggtctccagcccagctctctgaaaacattttgctgaaaatataagcaaacatcggccttgtcctccttgtgttcatacactgtggaa
gcttttctctgcctcctccgtgagagtgcgtggccgggagaccagaaacgtggtcctttctcttgcctgtgagctggtgcagagatg (Seq ID No: 951)

Dominio de tioredoxina 15 de Homo sapiens (TXNDC15):
cttcctccggctggcagcacgactcgcgtagccgtgcgccgattgcctctcggcctgggcaatg (Seq ID No: 952)

Glicosilación 9 ligada a asparagina de Homo sapiens, homólogo alfa-1,2-mannosiltransferasa (S. cerevisiae)
(ALG9): aattctttttttccccaggcttgccatg (Seq ID No: 953)

Glutation S-transferasa de Homo sapiens, que contiene el dominio C-terminal (GSTCD):
acttccctttttccggtccgccggattatgaatgacggccggcgcgagtattttccacataaggtggctgtcgtttttctcctggcgtctgtggaggcgagtggtct
gcgggcagcagctcccagaggcagccttggaattccagctcggactgggcgggaaggcgcaggcggcccaggtcgccgacacgctcacgcaccctc
cctgcctggccgcgcctctgcgaccaggtgacccaatgaaagaagaaaatg (Seq ID No: 954)

Proteína de membrana similar a CXADR de Homo sapiens (CLMP):
actccttttctttccaaacagggaaaagtgttccacgaagcggtagcgcctttccgcctcgcgttttcctccctgaccctggtcccggctcccgtccgggcgcc
agctggtggggcgagcgccgggagcccatctgccccaggggcacggggcgcggggccggctcccgcccggcacatggctgcagccacctcgcgc
gcaccccgaggcgccgcgcccagctcgcccgaggtccgtcggaggcgcccggccgccccggagccaagcagcagctgagcggggaagcgcccg
cgtccggggatcgggatg (Seq ID No: 955)

Factor 1 de unión terminal no homólogo de Homo sapiens (NHEJ1):
cctcctcttgcggtgggggaaagcggcctcttactctaggcctttcggtttgcgcgagcgggcaggaaagcgtgcgtgcggctaagagagtgggcgctct
cgcggccgctgacgatg (Seq ID No: 956)

Proteína 2 de ligación a gametogenetina de Homo sapiens (GGNBP2):
cctccttcttccactccccgcggcgcgagcggctgactgcccgtagaggaaacgacattcggagctgcgctcccgcccaggccggccctgacgcgggcc
tcgtcagccagtaacagggagcagaggtgggagttagcgaggcgaccacgaaaacggtgaaggtcggaaccgacagcctcctccgagaagggcag
gagctgggaggaggcggcagcggcggcggcagaaacagcagcggcggcggcggcagctgggaggaggtggtgacggtggcaacggcagc
gtcggggacgatg (Seq ID No: 957)

Proteína 672 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF672):
ctttctcttttagccccgcctgcttcccggctccagctggggccggagaggctgagtggttggtacgctgctcgctggcctcccagtcttcccagcaaccggtg
acactgcccgcgccagactgaccactagccgacgcgggcgagagggacaggagcgtgacctccccatcccgaggggccggacgctcgggcgcctc
cccgctcccccactcggaggccgcgcgcgccgttagcccctcctcgctccccgccccagtcccgcagtccgggaggcgggggtcggcagccggct
gagtgggaaccgcgcggtgtctgaggaggcagtcggcgaccggtttccacttcaagcgtgacccttttgcctgtgggatgagctccagcatggggtgaggt

acagaagagagacttgaagagcgtgccttgggactcaagcgccaaacctgtaccctagcgagtgtcctactccgcatccgtaatggaaggaaatgcac
atcttactccagaggcacaagaggaggacatcccatgcggctactcctgcccagcgtggtggggcagcagaagctccagagcccagacttgcaggctc
acggtgcagggtgaacctggccacagctcaccctggaacagccacaatgtctgccccttagagaagaaccctgaaatcagaccagtttttgcggcctccc
cctttcctctctgttacagtgccctttccaggccttaagagaagtaaaacttagctgcagcgccaggaggtggaccccagagtgtgagtggcacgcttccctg
tgaacccgtcctcaccatg (Seq ID No: 958)

N(alfa)-acetiltransferasa 60 de Homo sapiens, subunidad catalítica NatF (NAA60):
ccgcctccgtcccggctgcggcccctgccggttacataactcgttgcgggctccgcgcggtcccacttcccggctcccttcgcctccaggatgcgctgagcc
ctacaacacccccagcggccgccggctcccccacgaggtgtgaatg (Seq ID No: 959)

Similar 4 a factor A de alargamiento de transcripción de Homo sapiens (SII) (TCEAL4):
tgccctctgtcccgcggctgggtctcgtctgctccggttcctgggctcctaattcttggtccagcttcttccaggtcagtgtgcgggccttccacgctgccagcg
gaacactggaatggcggaaggggaacgggtctgcgcgtctgttgttcccagcgctctgcgaagcctgaaaaggaggagcaacctgtccagaatccccg
caggacaggaaaaggaggggaaatctcgacatg (Seq ID No: 960)

Miembro VI de la familia de receptor de progestina y adipoQ de Homo sapiens (PAQR6):
tccccttgtctccccactccccgcccaggcctggcccgcctgcctggccactcttcctccatcagcctggctggcagcagccttggactccgcccgtggagc
cctgggcctgttgacccaccagcttaggagcacccaccaagctctgggtaaggaagctcaccttctggggctcttctgggaaaatagaggtcaacgtgga
ggtaccaggccaccatgctcagtctcaagctgccccaacttcttcaagtccaccaggtcccccgggtgttctgggaagatggcatcatgtctggctaccgcc
gccccaccagctcggctttggactgtgtcctcagctccttccagatgaccaacgagacggtcaacatctggactcacttcctgcccacctggtgaggggag
gctctgccccaggccgcggccttgagctcagaggggtacccaggcgggcagggaccgtccaggcccacgggctgcagcggcagtcgcgggggtcc
gcggcggcctgagcacgcgcccgccgcaggtacttcctgtggcggctcctggcgctggcgggcggccccggcttccgtgcggagccgtaccactggcc
gctgctggtcttcctgctgcccgcctgcctctacccttcgcgtcgtgctgcgcgcacaccttcagctccatg (Seq ID No: 961)

2D que contiene el dominio DENN/MADD de Homo sapiens (DENND2D):
catccttcttgctcaaccactgggtgcacaggatggaaacttctattccctctctggaagacagcgcgtggcttggcttcacagagttgtggctggagaccga
agcagccccttttctcaggcttactgtcaccagtctgtctgtgttaggggagaggggagtccgctctgtcctgaaggcccagagatg (Seq ID No: 962)

Familia con similitud de secuencia 188 de Homo sapiens, miembro A (FAM188A):
ccttcttctttcctgcctcaccttccaattcgtttgccgccgccgtcccgcagctgctgtttccggagttgccccttccccatgttccggggcaggagtccgcaaag
cgaagatccgcccgccggttcctcatcatg (Seq ID No: 963)

Neurensina 2 de Homo sapiens (NRSN2):
ccgcctttgctcggcggagacagcaggcagagagatgaggaaactgagacccagaaaggtggaagcacttgtctaaggtcacgcctccaggaagca
gtgtgtccacgactccagtccaagtggtcaggctccagagcccacagtcccaggggtccatg (Seq ID No: 964)

Motivo tripartito 46 de Homo sapiens (TRIM46):
agccctcctcacacccccactgggctcctgcattaagcccggggttcgcagccgcagccgggatcgggcacccaggggcgggcgggcacggtagggc
catg (Seq ID No: 965)

Objetivo de EGR1 de Homo sapiens, miembro 1 (nuclear) (TOE1):
catcctctctgggaatttaccgatgcccagaacgcccttctttccccccacacgaccctctcctagtctaactcctgggcgtgctttaagctcagctcaggcagc
gtcaccttctctggaaagcccaaacccagccaccccactacccgctacccgcggcccacgctgatgaagacagcagaacacggaggccccgcgttcc
cgccgcgagagcaggagagaaagattacctcccgcgagctctagcgcgcccggctttccggcgcactccaggggcgtggctcgggtccacccgggc
tgcgagccggcagcacaggccaataggcaattagcgcgcgccaggctgccttccccgcgccggacccgggacgtctgaacggaagttcgacccatcg
gcgacccgacggcgagaccccgccccatccccgactgcctgaaccgcgccaggagacggaccgcaagtccagcgtacccacagacgactcaggc
gggagacgagcggtgtcatg (Seq ID No: 966)

Homólogo B de DBF4 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (DBF4B):
cgttcttttaggggtggagccggcaggaaatttaaactgaagccgcggccgaaaacgccaagagattgatgctgtagctgccctgagataaccaggactg
tggaatcgggaagagctcatggagctcgcgaatgtaatacggaggcctctgaggaaggagtacggaggccgagaaggagccggcatttgatg (Seq
ID No: 967)
Objetivo 1 myc de Homo sapiens (MYCT1): atttccttttatg (Seq ID No: 968)

Miosina XIX de Homo sapiens (MYO19):
ggttcctttcctcactgcacgctcttgcccctcctcttttctctcctgcccgtgttcttcccgccgcctgacctggcccgcccgcctttccagtctggccgggcgggg
gcctgaagcacggcggctcgggccgtgggaccgtgttcacacccttccagaaattcttggctggtaaccgcgaaaccgactggagcaggagctgggag
aactggagaaaactgctctaatctcacttgactccagctaggagctgatgctgcatcgtaataacatttgcagagcgctttcacaggcgctggagtgacttgt
ctgagattcctccagaactgagccctttgttggaaccataccccagcccatggtcccatgactaggtggatagtactccttgtacctcctgcaacccagaacc
ctggctgaccactttgaaggaggatg (Seq ID No: 969)

Similar a KIAA0226 de Homo sapiens (KIAA0226L):
cctccccttctgctgttaccgggagcgcggtggccacggaacgctgcccggagccgcgcgagggaggacccgacgcgcggcgtttacccagcgcagc
gttccaccgctcgggtttggctggataaaataaaaaatggggatattgacctcctgtcactactgcatggactttgatggtttccaatcattactttctcctctgtgt
caatctgcctcttcgagaaattcatactcctgaatagctctccagacccccagctggccatgtggtgagttcagggcccaaatcaagtagtaccagcaatca

gggaactcctatctgttttgaatggattcacaccagccacaagcctggaaagatg (Seq ID No: 970)
Homólogo de MUS81 endonucleasa de Homo sapiens (S. cerevisiae) (MUS81): ctccctcttcccccgccccgccctgggccaggtgttcgaatcccgactccagaactggcggcgtcccagtcccgcgggcgtggagcgccggaggacccg ccctcgggctcatg (Seq ID No: 971)

Proteína 430 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF430):
gggcctttgtccctcgctgtggcctgagctccaggtctcgtcttcagcgctctgtgtcctctgctcctagaggtccaggctctgtggccctgtgacccgcaggtat tgggagatctacagctaagacgccaggaacccctggaagcctagaaatg (Seq ID No: 972)

Homólogo 5 mutS de Homo sapiens (E. coli) (MSH5):
gctccttttgcaggctcgtggcggtcggtcagcggggcgttctcccacctgtagcgactcaggttactgaaaaggcgggaaaacgctgcgatggcggcag ctgggggaggaggaagataagcgcgtgaggctggggtcctggcgcgtggttggcagaggcagagacataagacgtgcacgactcgccccacagggc cctcagacccctccttccaaaggagcctccaagctcatg (Seq ID No: 973)

Rico en prolina 3 de Homo sapiens (PRR3): gccccttcctcactaccctccaaatcccgctgcagccattgccgcagacacgatg (Seq ID No: 974)

Sirtuina 2 de Homo sapiens (SIRT2):
cgcccttaccaacatggctgctgacgccacgccttctgggactcgtagtccggtcctcgcgcgctttcttacctaactggggcgctctgggtgttgtacgaaa gcgcgtctgcggccgcaatgtctgctgagagttgtagttctgtgccctatcacggccactcccatttctggtgccgtcacgggacagagcagtcggtgacag gacagagcagtcggtgacgggacacagtggttggtgacgggacagagcggtcggtgacagcctcaagggcttcagcaccgcgcccatggcagagcc agaccgactcagattcagactctgagggaggagccgctggtggagaagcagacatg (Seq ID No: 975)

KIAA1715 de Homo sapiens (KIAA1715):
ttgtctctctgtcagtggcggctgctgcctgctctggaggcaggctgggcggtggcggccgagactggcgggggtggacgcccgggccgggctgcgccc gcttcttgcagctgtgaattcctttggacaattgatgatatttatcattgtgcccagtttctacaaataaaagatg (Seq ID No: 976)

Proteína 1 transmembrana rica en prolina de Homo sapiens (PRRT1):
ctgccttcatctctccatctctgcgctgctgccggctgcgccatccagcacccagactccagcaccggccgaggacccccactccggctgcagggaccct gtcccagcgagaccgcaggcatg (Seq ID No: 977)

T-complejo 1 de Homo sapiens (TCP1):
ccgccccttccccggagcctcacttccgtcacagtcctgtttctctccctgttgtccctgcctctttttccttcccgccgtgccccgcggccgggccggggcagcc gggaagcgggtggggtggtgtgttacccagtagctcctgggacatcgctcgggtacgctccacgccgtcgcagccactgctgtggtcgccggtcggccga ggggccgcgatactggttgcccgcggtgtaagcagaattcgacgtgtatcgctgccgtcaagatg (Seq ID No: 978)

Familia de dominio Yip1 de Homo sapiens, miembro 5 (YIPF5):
cgttctttggccctgtgacacgtagcaacggggctggttcagggtctgaaacagagtttgggggttgtttgggattagtgaagctactgcctttgccgccagcg cagcctcagagtttgattatttgcaatg (Seq ID No: 979)

Dominio glucosa-fructosa oxidoreductasa 3 de Homo sapiens (GFOD2):
cctccctttccagagcccccagttccttagaaaccaggcggcgcgttcccggtggcggcgccctggactcccgggcccgcgcatccccgccagccttcctt aaggcggatgggtggcccccgagaccccgtcggacccatggtttccagtgcagcgcggagtgggcgatgccagcgtgccaggagccatgtctgacca ggacgtttggaagatcatatccatgccagaggctcttgtgaggagatgagttggtaaagagagaggctgggatg (Seq ID No: 980)

Apolipoproteína L de Homo sapiens, 2 (APOL2):
ttcccttcgaattccagggtatatctgggaggccggaggacgtgtctggttattacacagatgcacagctggacgtgggatccacacagctcagaacagtt ggatcttgctcagtctctgtcagaggaagatcccttggacaagaggaccctgccttggtgtgagagtgagggaagaggaagctggaacgagggttaagg aaaaccttccagtctggacagtgactggagagctccaaggaaagcccctcggtaacccagccgctggcaccatg (Seq ID No: 981)

Proteína 4 asociada a microtúbulos de Homo sapiens (MAP4):
ccgcctccctgcgccccgcccctccggctagctcgctggctcccggctcctcccgacgtctcctacctcctcacggctcttcccggcgctctcctggctcccttc tgccccagctccgtctcggcggcggcgggcagttgcagtggtgcagaatg (Seq ID No: 982)

Exonucleasa NEF-sp de Homo sapiens (LOC81691):
cttccttctttgccaggcagacgcccgttgtagccgttggggaaccgttgagaatccgccatg (Seq ID No: 983)
ST6 de Homo sapiens (alfa-N-acetilneuraminil-2,3-beta-galactosil-1,3)-N-acetilgalactosaminida alfa-2,6-sialiltransferasa 5 (ST6GALNAC5):
ctgtctctaatctctgcaacagccgcgcttcccgggtcccgcggctcccgcgcgcgatctgccgcggccggctgctgggcaaaaatcagagccgcctccg ccccattacccatcatggaaaccctccaggaaaaagtggccccggacgcgcgagcctgaggattctgcacaaaagaggtgcccaaaatg (Seq ID No: 984)

Ribonucleoproteína nuclear heterógena A1 de Homo sapiens (HNRNPA1):
tgctcctttctgcccgtggacgccgccgaagaagcatcgttaaagtctctcttcaccctgccgtcatg (Seq ID No: 985)

Proteína 93 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF93):
gggtcctttgtctctcggtgcagccggagctccaggtctcctcttcactactctgtgtcctgtgctcctacaggcccagcctctgtggccctgtgacctgcaggtat tgggagatccacagctaagacaccaggacccctggaagcctagaaatg (Seq ID No: 986)

Proteína 3 de ligación a calcio EF-mano N-terminal de Homo sapiens (NECAB3):
cggcctctagccacaccgagtccgccgcggcgtccagggtcggcagcaaccgcagccgagcccgagcgggtggcggcgccatg (Seq ID No: 987)

Factor de empalme 3b de Homo sapiens, subunidad 5, 10kDa (SF3B5):
cattcttctgcgacggcgcggacctggagcttccgcgcggtggcttcactctcctgtaaaacgctagagcggcgagttgttacctgcgtcctctgacctgaga gcgaaggggaaagcggcgagatg (Seq ID No: 988)

Subunidad B de complejo INO80 de Homo sapiens (INO80B): gtccccttttcctcgcaggacctcatg (Seq ID No: 989)

Proteína 1 de ligación a factor 1 modulado por poliamina de Homo sapiens (PMFBP1):
ctttcttcctcttggcttatattagggataggggatgtggtttgttacaaaggatgagtattttgatagcttctcattccttgaactattctgcaggtttataacaaagct cagaaaatactaaaggttaaaggagaattgagagctgccaaggaaatg (Seq ID No: 990)

Pseudouridilato sintasa 3 de Homo sapiens (PUS3):
cttcctttctcggaaacgcggcgcggccggctgccggaaaacagggcagacctgtatggttcgtttattcctggggttgtcatatcatg (Seq ID No: 991)

Ribonucleoproteína D nuclear heterogénea de Homo sapiens (proteína 1 de ligación a ARN de elemento rico en AU, 37kDa) (HNRNPD):
tattctttttttagtgcagcgggagagagcgggagtgtgcgccgcgcgagagtgggaggcgaaggggggcaggccagggagaggcgcaggagcctttgc agccacgcgcgcgccttccctgtcttgtgtgcttcgcgaggtagagcgggcgcgcggcagcggcggggattactttgctgctagtttcggttcgcggcagcg gcgggtgtagtctcggcggcagcggcggagacactagcactatg (Seq ID No: 992)

Similar 1 a proteína asociadas a receptor GABA(A) de Homo sapiens (GABARAPL1):
atttctccatctggctctcctctacctccaggcaggctcacccgagatccccgccccgaacccccccctgcacactcggcccagcgctgttgccccccggagc ggacgtttctgcagctattctgagcacaccttgacgtcggctgagggagcgggacagggtcagcggcgaaggaggcaggccccgcgcggggatctcg gaagccctgcggtgcatcatg (Seq ID No: 993)

Marco de lectura abierto 13 de cromosoma 22 de Homo sapiens (C22orf13):
ccttcctttccccagtgttgagcgcggtctcgcctccgcttcctcctcactccgcctgccggctgggaaactagggcaccagtacgatagttccggcaccgga aaagagggctgatgactgggcccgggggccgccgcaacgacccttggggccggcaaagagccagagagggtgctcacacttccaagcaccccaca ccaaggacaggctggacggcaaggcggagacgcggggcttgggccctcagaccggggacagcaggaggttgggccaagggccaggacttcccgtc acaatttcatttgttgatcccggcaccgccaggtaagggggccctgagtgaggctaggtatctggtacggataaagttaggtatagagtagagcggctgc ccgctcagggttatccctaaagacagttggaggagagttgcttggggcctcggggatgcactgggcgggatcagggcttacacctaggactggcaaaag agcgggacccggcagaggcggggcttgccgaagggacgagcctctattcaggaaatgcacgagctttggggcggggctcaaagaaaggggcgggg cttccggggcccgcgtcctggtgagctgcgcgtctgcgcgaggattgggcgagagggtggggccactcaacgctgaggcggcgaatggccggagcag acttaaatcaagaggctggggacctctaagatcaaagtttggggcggggcctaaggaggggggcggggcctccagattcgagacctggaagggctggg gcggcgcttggggcggccctgccgccgcctcccgttctcccctccgcagcggcggcggtggcggagaaggaactcgacacgcaccgaccgccctccc gccccagccgaagcggaagctgtagcccgctctgggccggggccatgggcgccccgcgccgcccgggtcatg (Seq ID No: 994)

Ion peptidasa 2 de Homo sapiens, peroxisomal (LONP2): ggctctttttgacagcccccagtgcgaaaggctgccagcatg (Seq ID No: 995)

Proteína 4B de motivo de ligación a ARN de Homo sapiens (RBM4B):
ggttctctctgacgtgggagccgccgtcgctgccgccacccggaggctcttgtcaggatg (Seq ID No: 996)

Protocaderina alfa 3 de Homo sapiens (PCDHA3):
aggtctttctccacaaaagaaataacagcgtgcattacgtattcagatactgctttgcttcatcctctctaaaatttaacaccgaggagtttaagaaatgaagat aaggaactcgaattatttttaaactttggatcaatgtaaaggcaatctaatatttggaaaatacttgcaatg (Seq ID No: 997)

Miembro de la familia de oncogen RAS RAB34 de Homo sapiens (RAB34):
gcctctccttgggcccctttctctccccctttccctccctgctggttcctggcatcgccagatgctgcgcagcagtctccgattccccatcaccaattcggctggc gtctccgagaccgcggactcccgtagggtccccgtggccccgagttgtagtcgggacaccccggccgcgggtgatcgtcgggtctccacgcgcccgggt cgctgacgcggatccggcctcggcgccttctcagggcgccctgcaaggccgcaggcaggatg (Seq ID No: 998)

Asociada a ciclo de división celular de Homo sapiens 7 (CDCA7):
gctcctcctgctgtgggaccgctgaccgcgcggctgctccgctctccccgctccaagcgccgatctgggcacccgccaccagcatg (Seq ID No: 999)

ArfGAP co dominio GTPasa de Homo sapiens, repetición de anquirina y dominio 3 PH (AGAP3):

gggtcttttaggagagcactgctgcagccggcagtggagagcctgggcagggagacagggagaaaactccggcagcagggtggtctctagggctgac
ctcggagcctggggacaggggagcctatgccgcactgaaggcgggacgctgtaagcgaggagcagctgggcctgggcggactcctcggccaatcag
cctcggtcagcagcaccctcaggcgcagggcactgtttgggcattgcctagagatccgacaccccgcccagatcagcgcagggaggcgaaagcgaca
gccgggcgcgggaggagaccagggcagctgtcccctccgcgagggtggccctcgaggcaatgcgggtgggggctggtgaggaggcggaagggcc
gaggctgagtgggaggggccggggcgccagggctggagcgcgcggctcgggggtggaggctgcagagccagcgagcgagcgaggggcggggg
cgcccgggccggcgcgcaggaggggcgggggcggcggggaggggggctcgggctgcgtgtgccggagccggcgggggcggcggtgcgtgcgca
tgacgcgggggggagggcctgggccgcgcgctcccggtcccgttgttgttgccgctggaggctgctccgaggcagcgggatcacggcgctgggaagcgc
tcggcagcggcggccacagcgtgcgcggcggcgcctcctggcctcggcctccggcccccggcccccggctccatgcgctagccccgcgccgccagcc
cagtagtcccggccccgccagccccgcgctcccgctcgccgctgccgccgccgccgccgcctccgccgcgccgccccgggcccgcctcggg
ccccacggctccgaagccatg (Seq ID No: 1000)

Dominio de tetramerización de canal de potasio 10 de Homo sapiens (KCTD10):
ctgcctctctcagtccgggtttggagactcctgcgtcctccgacttttcatg (Seq ID No: 1001)

Ciclina B1 de Homo sapiens (CCNB1):
cattctctgcgaccggcagccgccaatgggaagggagtgagtgccacgaacaggccaataaggagggagcagtgcggggtttaaatctgaggctagg
ctggctcttctcggcgtgctgcggcggaacggctgttggtttctgctgggtgtaggtccttggctggtcgggcctccggtgttctgcttctccccgctgagctgctg
cctggtgaagaggaagccatg (Seq ID No: 1002)

Factor 2A de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, 65kDa (EIF2A): gtttctctttccgggacaacatg (Seq ID No: 1003)

Subfamilia B gamma de protocaderina de Homo sapiens, 7 (PCDHGB7):
cagcctctagcctgggattccctgcgcagccaacaacagaaaagaaaaccagctcccacacagaggctcccggctgcgcagaccttgcccagcacac
cagattgccagctccgagacccgggactcctcctgtcctgggccgaatgctcttttagcgcggtagagtgcactttctccaactggaaaagcggggaccca
gcgagaacccgagcgaacgatg (Seq ID No: 1004)

Familia de acil-CoA deshidrogenasa de Homo sapiens, miembro 11 (ACAD11):
ggctctttcggcttccttcctcgctgggccggctaaacccggccgcagcagcaccggggtgataagtgtccagggcaggaggccagcgatgttgccttgct
aaccgggtatctaagagaaacagggtctttttattcttaggctcgacagtctgacggccctttttctgaacgggaccctgcaggtcttccgcctgctgttgcatta
aatttgggggtggaagaggcttctgcgttgttccttacccgcaacgatgaccatggctttgccttctttaaaattgaggcctccaactctgacgctgactggaga
attgaaacccgaacacacattgggctcttttggcacttgactagagctaaaacctcgggattcagcgggcaagcgttgctcagcaacggcgcgtaggctgt
gtgcggttggctggagccagaccccaccccggcctcggcccatgctctagaggggacgttgccccaatcctgaaggacttcggcactcgagacctgtgg
atgccgcgttgctgtggcctgcgggggtgatcatg (Seq ID No: 1005)

Dedo de zinc de Homo sapiens, 7 que contiene el dominio CCHC (ZCCHC7):
ccgtccctctacgcgttttggttcccggttggtgcttcctgttcgcagctgcggcacttcaaggttactgacttttttatg (Seq ID No: 1006)

Dedo de zinc de Homo sapiens, 12 que contiene el tipo MYND (ZMYND12):
gggcctttctggacttggactccttgggagtcgtttctcggccatttgacccgtgggacttgtgggttttgtgctgctttttctttcttcttcccctttttccaacttcagca
atacacccagatgttagtcgagtcacgtcccgccgccctctgcccttgaaatgctggcaagtacgcagccccgcgatcgtcacgtgacgccggggttcag
cgtatccttgctgggcaaccgtcttagagaccagcactgctggctgcaccatg (Seq ID No: 1007)

Dominio cuarenta-dos-tres de 1 Homo sapiens (FYTTD1):
cgctccctcggtgcggcgggctgcgtgcgcgagtgggaggtggcaggcctgcgactccggccttgtccgcgcccgctctcggcgcgacgtctccagccat
g (Seq ID No: 1008)

Proteína 1 de interacción (endofilina) similar a GRB2 de dominio SH3 de Homo sapiens (SGIP1):
ctccctttctctcagcatcttcttggtagcctgcctgtaggtgaagaagcaccagcagcatccatggcctgtctttggcttaacacttatctcctttggctttgacag
cggacggaatagacctcagcagcggcgtggtgaggacttagctgggacctggaatcgtatcctcctgtgttttttcagactccttggaaattaaggaatgcaa
ttctgccaccatg (Seq ID No: 1009)

Similar a dominio Rap/RanGAP de activación a GTPasa 3 de Homo sapiens (GARNL3): cagccctttttgcaaatg (Seq ID No: 1010)

DCN1 de Homo sapiens, defectuosa en 5 que contiene el dominio de nedilación de culina 1 (S. cerevisiae) (DCUN1D5):
gagcctcttgcttgctgtgactggtggagctgccgcgctgtccgcgttatctcctcccggtgagaacgaaccgcagtgtccaccggcgaggagccagccct
gtcccggtcagagaaagacgacgaggatacctgggagcgggcggcggccgggctgggccgcgccggtgcgggctggcgactctgctcctccgcttgc
tgctgtctctgggaactgggtgccagcgctgaggggcttccagcggacagggacccccttcccggctcccctgcccacctgccgggggagggcggaa
gatg (Seq ID No: 1011)

Homólogo 7 de reparación de alquilación, alkB de Homo sapiens (E. coli) (ALKBH7):
tgccctctctcatgaccccgctccgggattatg (Seq ID No: 1012)
1 asociado a óxido nítrico de Homo sapiens (NOA1): ccgccccttggagctacttcctcatg (Seq ID No: 1013)

Dominio BTB (POZ) 10 de Homo sapiens (BTBD10):
tcgcctcttcgcattgtgagctctcgcggtaagaggctgaggagccggcctgcaacctgccggggcggctccgctacgcgcagccgcctcagtggcttcct
ccacagccacctccggagggatctggctgaggaggaagtggaggtgtcactggccccggcctttgccccaatcttgtgtgggcactgaagggggactac
aggttcgagagttatgggtgctacatgtgtgctttcagagcagtagtgtgaggaagcttggagtgggatg (Seq ID No: 1014)
Proteína 397 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF397):
cggtctttgtggcttgcagctcggggtgggtggctcatttcctggccgctcctgggcttcgcggaaagaagagattactcacactccttcgcaagcacagaac
cagttgtactgagctttttgctaagctgtttcagccaagaatg (Seq ID No: 1015)

Proteína L45 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPL45): gctcccttcccggcggcctttgcgggaacaagatg (Seq ID No: 1016)

Sustrato 1 AKT1 de Homo sapiens (proline-rich) (AKT1S1):
cttccttctccatattgtatactggaattgaagccaaggaggtaccattttgctcgagggcatggcctaagccggtcagctaaggccatgttaatacggggctg
tcccatctctctgcggggcgcgacagctggaagagccgaacggataagagaagaggaggtgagaggagctgtacaccacaagaggcactgaggga
ctcaggataacgggatgaagccgtcagtgcccccagaaacgaagcggccccggacgaatttctgagtcaccgtcgcgagaaagcgggctgagccgc
cattttgaagcctggcaaaccgaagcaagaaatgctgccgtgttggatctttgccagccttcgtgccgaatgggagcaggttggagggagggagagcca
atatacactatgggctgattaagcccggttggctgccatgttgttaacgagcaccgatttcctctacttttgtcgaagaagtttattgtgggtcagggacgtcagg
tcgcttgccttcgtttactgtggtcatgattgagcatatgaggacggccattattgttgggggcaaatggaaatgctctaggcggggccatttttcttaggggcaa
gctgtcgtcaccttgtcaactggttcggatgaagcccctgtggccgccatcttgatctcgggcggccccgataagggaggcggagtgtgcggagaggag
gcggggcaactgcgcggacgtgacgcaaggcgccgccatgtcttttgagggcggtgacggcgccgggccggccatgctggctacgggcacggcgcg
gatg (Seq ID No: 1017)

Proteína 101 transmembrana de Homo sapiens (TMEM101): ctgcccttcccaagatg (Seq ID No: 1018)

Factor 1 de alargamiento de traducción eucariótica delta de Homo sapiens (proteína de intercambio de nucleótidos de guanina) (EEF1D):
ggccctccctttcatcagtcttcccgcgtccgccgattcctcctccttggtcgccgcgtccttggctggcgttagagacagggtttcaacgtgttagccaggatg
gtctcagtctccagaccctgtgatccgcccgcctcggcctcccaaagtgttgggattacaggtgtgagccaccgtgcctggccgaggctccttcttttatg
(Seq ID No: 1019)

Proteína 2 de activación de GTPasa de factor de ADP-ribosilación de Homo sapiens (ARFGAP2):
cgccctccccgccgtggattggcccgcggcgggacccgtcagccgcggttgtgtctgggaaggagagaaaatg (Seq ID No: 1020)

Junctofilina 4 de Homo sapiens (JPH4):
atttctctcctccctgggggtctcagtgcatctccttctcctctctgcctgcctcctccctcaccgaagggttagcggacacccatccttttctgcttggggacccca
ccaccacccgcaacactgccgctgtctcttcttcaccgtatccttctctacccacccttcttctctcttctttctccctgccccttttaaatctgcctggcccagcctcc
cccgtgatgctgggatggagcaaacattgatttgtgctgggatggaatcggaattttgatttatttttcctctcccaaccataagaagaaaaaaataataaaaa
caccccctcttgagagcccccctccccctttgcatccagctcccagctcttcttccctatctccatccaaggcagatttttttcccctacactattctcatcttccccca
cccttgccactacctcgcccccccacccagcctgctcctccagctggggagagaggggactctccggactcccccaccttttcctctctgggttggagcagtc
tctccggaaggggaggggcttggcttgtccgggcgaggtgggagtggaggtatcctgccatggatgctgtgccggggaggcagcctgagccccagcc
cacatgagacgccgaagaaccggggcagaggggtcctgacagcagccagggaaacgggtgccctacgattctgcccagccccctctcaggaccccc
aaactgccatccacactcgacacttcggggttctagccactcaggatgagggtccggccctgcctgccctcgctggggccccccccgcccggccccggtct
aactgcccccgccccgaggcctcgcccggctccaaggcccccagcaggctctccagtcccaggatgcgctgagccgccgggggggctgaggccgcgc
caactacatgcatg (Seq ID No: 1021)

Sustrato asociado a Fyn embrional de Homo sapiens (EFS):
ttttctttctcctcctccaaccttggcggaggccacgactcaggcgccacagctgggggctagaggccgcggaccatggtgcggggcagccaccgctgaa
gtcagcaaaaccgagcctggcctgaggcaggctgcgcgggaggccaaagccatg (Seq ID No: 1022)

Dominio GH3 de Homo sapiens (GHDC):
cgctccttctttctggccggatgtgtgctgagacccagagtcacccaggggtctccgtcacgtgccaggagtaggcagaagtgggctgtgacagatcagga
aacagagctcagtgcagcccactaaattgctcagggccctacagctaacaagcggcagaggcaggatctgcactcaggagctgcttggagatg (Seq
ID No: 1023)

Proteína de ligación a acrosina de Homo sapiens (ACRBP):
ggctctctctgcggcttggcccgttagaggcggcttgtgtccacgggacgcgggcggatcttctccggccatg (Seq ID No: 1024)

Homólogo 1 jagunal de Homo sapiens (Drosophila) (JAGN1):
agttctcttcacggagccgcgcggctgcgggggcgcaaatagggtcagtgggccgcttggcggtgtcgttgcggtaccaggtccgcgtgaggggttcggg
ggttctgggcaggcacaatg (Seq ID No: 1025)

Ligando de numb-proteína X1 de Homo sapiens, E3 ubiquitin-proteína-ligasa (LNX1):
gttcctttcctgggcatcagcttgcctgctctcagcctaagctctctcgccaaccgtggtggctccttgcgttcctacatcctctcatctgagaatcagagagcat
aatcttcttacgggcccgtgatttattaacgtggcttaatctgaaggttctcagtcaaattctttgtgatctactgattgtgggggcatggcaaggtttgcttaaagg

agcttggctggtttgggcccttgtagctgacagaaggtggccagggagaaggcagcacactgctcggagaatg (Seq ID No: 1026)

Proteína de interacción a cinasa 2 dependiente de ciclina de Homo sapiens (CINP): tctccttctacggatatctgtggaccttatg (Seq ID No: 1027)

Dominio de receptor splA/rianodina y caja SOCS 2 de Homo sapiens (SPSB2): gcttctttccgcccggctccttcagaggcccggcgacctccagggctgggaagtcaaccgagctcccttccaggtcaatccaaactggagctcaactttcag aagagaaagacgccccagcaagcctctttcggggagtcctctagctcctcacctccatg (Seq ID No: 1028)

Lipodistrofia 2 congenita de Berardinelli-Seip de Homo sapiens (seipina) (BSCL2): cctcctcctttcctccctctactctgacacagcacttagcacctgaatcttcgtttctctcccagggaccctccattttccatatccaggaaaatgtgatgcgccac aggtatcagcgtctggatcgccacttcacgttttagccacaagtgactcagtggaagatccagagtcaacagaggctcgtcaggaagatg (Seq ID No: 1029)

Tubulina de Homo sapiens, alfa 1c (TUBA1C): caccctttcactacttctccccggactccttggtagtctgttagtgggagatccttgttgccgtcccttcgcctccttcaccgccgcagacccctttcaagttctagt catg (Seq ID No: 1030)

1-acilglicerol-3-fosfato O-aciltransferasa 9 de Homo sapiens (AGPAT9): tttccttcctctcttcccttcgcagaggtgagtgccgggctcggcgctctgctcctggagctcccgcgggactgcctggggacagggactgctgtggcgctcg gccctccactgcggacctctcctgagtgggtgcgccgagtcatg (Seq ID No: 1031)

1-acilglicerol-3-fosfato O-aciltransferasa 1 de Homo sapiens (ácido lisofosfatídico aciltransferasa, alfa) (AGPAT1): gccccttttctttccttcgcttcctcttttagagaatgtccggattgctattggactttggagcgtatggctccaaatcaactcattggctaaaacttgacggaaaatg gtggttaggtggccagaatg (Seq ID No: 1032)

Dominio 14B abhidrolasa de Homo sapiens (ABHD14B): cggcctcttcccagcgttcctcctccggccccaggtcaccgccagcacgcgcctgcttcccgtctgcgcgagtccacgcagctccccagatcaagaagct gaggccccaggttacacactaaagtaaatggcagaggcagaaataacacctatgtcctcctgaccccaaggcatgttcttaaagttctggaaacctcctgg aggcttccttgctgctcctctgggactgccaccctgggcagggtgttctgtggcccctcatcatcgtggttttgaaccacaggcccttcaccagcacagcagc agcaggcatg (Seq ID No: 1033)

Proteína tirosina fosfatasa de Homo sapiens, tipo 5 no receptor (enriquecido con estriato) (PTPN5): catcctcccgccagcctgcccgcctgctcgccggcgcccggagcccgctctggccgcttgctttttgctgagaaagcttcctgccctggaagatggcaccctt ccccatccagacaccttgggaatg (Seq ID No: 1034)

Carbonil reductasa 4 de Homo sapiens (CBR4): cttcctccttttcacggcgtcttgcattactattgtgcggctgcaggaggtgtcgagcggcgttatttttttttgcggtttgccttttttttctttttttttttttggaaccgcgg ttgtttaaaagcctgagggaacctggagaggggctcccactccctaccctctttcctccgagtttgtgactccgagatg (Seq ID No: 1035)

Tipo CCCH de dedo de zinc 10 de Homo sapiens (ZC3H10): ggctctttgtcgaagctagaggaccggcaggcggcagcagcaactacggcggcggcggcagaacccagcagcgatgtggaggtggagacccacag gagccccggacttcacctgagctacctcagtggtcaccaagagtggcaagataaagaaaaccctgagttgggcgggaccaggatg (Seq ID No: 1036)

Familia de poli (ADP-ribosa) polimerasa de Homo sapiens, miembro 10 (PARP10): ccgtctttcagtttcacttttgttttcctgctcccagcagggttaggcttgctgaggggcaggcacaggagtcctggctgagctcatggcctgaggctgcctagc ggccacggggaatg (Seq ID No: 1037)

Dominio ARN pseudouridilato sintasa 4 de Homo sapiens (RPUSD4): ccgcccttccttgtaagatg (Seq ID No: 1038)

Familia con similitud de secuencia 73 de Homo sapiens, miembro B (FAM73B): ctgcccttccgcagcgatggcatcccgggtgagtatcggccccggccgagcccccaaggcgggcgggcagcgcggcagggccgggacttgagcgga ggaccgagtaggcgcaggtgtccgggcccaacaggaccaggaaggtgtcggggttggaatgagtgggtacccgggccggggacggtgcgagaggg tgccttgcttgggagcggaacgagaaggtacttgggtcagggaggtgatgcccgggcctggaacgtggcggggattggagcaggcgcgcaggtaccc gatccgaggcggggagagcacccgggatggaaggagcaggcgtgcgggccgtgagcggcgccagagggtacctggctctgtggaggggccctctg gtatgtgtgtccctgtccttctggggcgtggatggtgcctgggacccagctggcaaccagttgaagacgttctccttggaagctcttggccctgaggactttgcc tggggcattggccctgccatg (Seq ID No: 1039)

Proteína fosfatasa 1 de Homo sapiens, subunidad reguladora 15B (PPP1R15B): gcgtctcttccggcgtctaggggggtgtcctgccggcgcgcgggccctgcggccattttgggcttcgcttccaccgcaccagccggcctacccagtccttcc ggtatcgcgttgctcaggggcttttcaaccctctgtcagtcggaaaaccatcgccgaggccgtgggggggactcctatccatggtgttgaagcgtcgagccga ctagggaacctccttccccgccaggatggaagtcgcatcagtcgccgcctattgcgcgggctgttcttccctgtgttctgccgcccgctgccgcattcgctgcc ctctgtggcttttctgctggctcgaagatcggcctggagcagcgacgccaccgctgggcaaggccgagactctgtaggcttcctccgaatcccgtcgacctc

cagccgctgagcgccgcggccctacctgagagactgtcaagaaaaaggagatg (Seq ID No: 1040)

Familia con similitud de secuencia 104 de Homo sapiens, miembro A (FAM104A): ccctctcttcgcggagcggcgccgcgtagcttccatccgccagctgccatg (Seq ID No: 1041)

Dominio A de factor 38 (levadura) de procesamiento de pre-ARNm PRP38 de Homo sapiens (PRPF38A): agccctttacactacggtgtttccggcttcaagatggtcgcctaagctgtttagtgaaacttcttccacctttctccattcctctaggtgctttttctgaacctggatgt gaggcattaaaggatccgacggaaatagaattgaaggcattctaaaatg (Seq ID No: 1042)

Similar 1 a sinaptotagmina de Homo sapiens (SYTL1): cctcctccgtgtggggcagctgctggctgggctgcctgttgagtcagccttcttccctcacggctcttctcccggtccctgaaactcggctgccaggggagctg gagccacctgcgaaggtgtcctcccatactggacccctacaggaagctccgtgtgcccagctggggcacagccccagctgatg (Seq ID No: 1043)

Dominio B SH3 y asociado a ubiqutina de Homo sapiens (UBASH3B): gctccttttccttttttgatccattcaaaaattactcattgcaaattcccggactgctaggcgaggagagggaaggggcggaggagacagggctactgcagg cgcagagctgggggcagccgggggcccgagtggctgaggctggtcccgcagcggccgcttgccggcgttctggctcctgtggcctcaccaggaagcgt cagagtcccgacactggggaagctcggagcgccgcctccgctgccgccgcctcctgcctggctctgggtccccgagccccctccctggcccagcccga ctccctcctccttcccgaaccatccggctcgggctccttccctggcgatggctggccgctgagccatg (Seq ID No: 1044)

Proteína 241 transmembrana de Homo sapiens (TMEM241): ccgtctctgggcggctgctgccgctgccgctgctgctgctgcgggggtcgggcggcggccaggggatttgggcaggcaccgtggatccccgagaaggg gacgagttgacagatg (Seq ID No: 1045)

Ataxia de Homo sapiens, cerebelar, tipo Caimán (ATCAY): gagcctctgccagccctgagctgggaagaagcagctacctcggaggcagggcgcgcaggcgggcggcgatgagagggggcgcagccgcagcccc gcgctggggagcccaccgctaaccctgcaccccacccaccccctgcacaaaagagctggcgggcgctggccacgtcgccctgggtgaccttcctcggat gcagaatccgcccctgcgagcatcctcttcctcctaggctctgaaggcccggggagcgtgagcgatgcccagctgcacccgggcagggctcgcctttgttt gccagtaaggaggagaggctgtctcagctgcagaggggtcatccctgcttcaagccagtgcctcttcccagctcccatg (Seq ID No: 1046)

Factor 1 asociado a ELL de Homo sapiens (EAF1): attcctctctcacccccacgcagaggagagaacttgcttctggacccgggtgggtgccggctcggctctccttgtcttccagagcggtggcccggaagcac agtcctcccagacgccagcgccagaagctcggatcgcggctgcaccgggagagcgccgatctgggtgcgaggcaggtgcggggccatg (Seq ID No: 1047)

Motivo 5 tripartito de Homo sapiens (TRIM5): gttcctctaggaaaattcctttgtgcagatcaggcccgtggattggtgagtgaatcctaaccacgtcttccctggcctgtcttcactcttctccccagaatcacca cttctgcactggtgtctgaaggtgtattgagtgattttgtggagggcagaagtaggaagtctttgggacaaaactgtatttaccttgggatctgtgaacaagagg aacctcagcagccaggacaggcaggagcagtggaatagctactatg (Seq ID No: 1048)

Familia de sitio de integración MMTV tipo sin alas de Homo sapiens, miembro 3A (WNT3A): cgccctctcgcgcggcgatg (Seq ID No: 1049)

Marco de lectura abierto 45 de cromosoma 16 de Homo sapiens (C16orf45): ctccctccctgcagcccgcaacgggaatggagtaaagggagacccgtcgacctggccacggggatcagcgatg (Seq ID No: 1050)

Proteína 502 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF502): cattcttccggtttcagaagttaaggctggtgtcctggccccagtccacctctgggagcgcctgcgccgctccgcggagagtccgtggatctcacagtgaaa aatgtttgctgacccttgacattgacaaactgctgacagctcagatgatccatgattggaaggatgtggtcatcaccaagatgtctttctttctccggttcccagtt ttccagacctgaagtgttttccaatcaaagcgaagagacgatctgtggatg (Seq ID No: 1051)

Repetición 6 de armadillo de Homo sapiens (ARMC6): ggctctcttgcgcaagcgcgctgtccgcttcttctgggcggacgctctggaggcaaaacatttccctgctgggggcggcgaccaccgtgagcgtcccggaa ggggcggcaaagacgcctccgtcgcgcacgaggtggcctcgttggctttaccttggttcgcggtcgtccttggttatcgtgagcgtccgcgagtctctgggag gccaagcctaggggcgccacagcgcctgcgcgcgtacggcggccggaaggggctagaggcggctccctgggtgacaaccgcgcgccccaccttccc ccacgtggccgcgaagaccggctcaggagcatctatcggctgcacgccaacatcaacacaggcgaagatg (Seq ID No: 1052)

Unión pos-GPI a proteínas 3 de Homo sapiens (PGAP3): gctcctcccccggcggcgagccagggagaaaggatg (Seq ID No: 1053)

Agrupación 3 de histona de Homo sapiens, H2a (HIST3H2A): tgccctcttgtttttagtctcgcttttcggttgccgttgtctttttttccttgactcggaaatg (Seq ID No: 1054)

Etanolaminefosfotransferasa 1 de Homo sapiens (específica de CDP-etanolamina) (EPT1): ggctctcctaccttctcgggcagcccagtctttgccatccttgcccagccggtgtggtgcttgtgtgtcacagccttgtagccgggagtcgctgccgagtgggc gctcagttttcgggtcgtcatg (Seq ID No: 1055)

Proteína 5 de repetición rica en F-caja y leucina de Homo sapiens (FBXL5):
ccgcctctgccccgcggcgagggtgtctatggagaggcggcggccgcggctgctgaggcggaggctgaggcagtggcgatggcgccctttcctgaaga
agtggacgtcttcaccgccccacactggcggatgaagcagctggtggggctctactgcgacaagctttctaaaaccaatttttccaacaacaacgatttccg
tgctcttctgcagtctttgtatgctactttcaaggagttcaaaatgcatgagcagattgaaaatgaatacattattggtttgcttcaacaacgcagccagaccattt
ataatgtacattctgacaataaactctccgagatgcttagcctctttgaaaaggactgaagaatgttaagcctactactgttgactggaagccttaccaataa
cataaaacaatcgaataacaattatttcatgtattatatgtaaaatatatatactggattcttacagtaagaatgaatatgaacagttaaattatgcaaaacaact
gaaagagagattggaggcttttacaagagattttcttcctcacatg (Seq ID No: 1056)

Complejo de histocompatibilidad mayor de Homo sapiens, clase II, DP alfa 1 (HLA-DPA1):
ctgcctccactcggcctcagttcctcatcactgttcctgtgctcacagtcatcaattatagaccccacaacatg (Seq ID No: 1057)

Proteína 1 de membrana portadora secretora de Homo sapiens (SCAMP1):
tcgtctctctctctgcgcctgggtcgggtgggtgacgccgagagccagagagatg (Seq ID No: 1058)

Marco de lectura abierto 57 de cromosoma 15 de Homo sapiens (C15orf57):
ccgcccctcccgatttcctccgggctacaggcgacagagctgagccaagcgtttactgggcagctgttacggtaagtgaggaggggctggggtgcccag
cgttttggatctcccactctggcccggccccggaataccacatagaggccttgggacctgattcatcccgtccagacagccctagagacctgagcgactga
ggcctgggatctggacgccggaatttcctgcgtggttctggacgccctgccctgggctcagattccaaatg (Seq ID No: 1059)

Dominio 2 de repetición WD y FYVE de Homo sapiens (WDFY2):
cctcctcttgtagtggcgccggcttgcatcccaggtcgtggcggttttggtgcctgaagcagggagcgcggagtcgttcccgagagaggcggccaggctat
gctcgccggtttccggcgttccgctccggccagccagagtctctgtctcaacctgtgtccgtgctccagcagtctcctcagcccggccccgcggcgcggttgg
cggcggcgccccaggcgcgccccctcctccgatg (Seq ID No: 1060)

Topoisomerasa T (ADN) de Homo sapiens, mitocondrial (TOP1MT): cgctctttcccggaggctggcagatg (Seq ID No: 1061)

Homólogo de transporte 122 intraflagelar de Homo sapiens (Chlamydomonas) (IFT122):
ctttccctttcggacatgcgcgctcggagcaaggcgccctcgcactcagcttaccgcgcatgtacgttgccaggggtaacgcaggtagccaaagtggcttgt
ggagtggcgaccgttagtgaggcggttgctgagacagacgctgaggcgggtaggaggagcccgagccgtaagggaagccgtgatg (Seq ID No: 1062)

Proteína L53 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPL53): agttcttccggggcggaggtcaccatg (Seq ID No: 1063)

Proteína de activación RhoGTPasa de activación de células T de Homo sapiens (TAGAP):
ccgccccttcgcttataatgcagagcatgtgaagggagaccggctcggtctctctctcccagtggactagaaggagcagagagttatgctgtttctcccatt
ctttacagctcaccggatgtaaaagaactctggctagagaccctccaaggacagaggcacagccacacgggagtgaaatccacccctggacagtcag
ccgcaatactgatgaagctgagaagcagccacaatgcttcaaaaacactaaacgccaataatatggagacactaatcgaatgtcaatcagagggtgat
atcaaggaacatcccctgttggcatcatgtgagagtgaagacagtatttgccagctcattggacattctcactattctatgccttaaaggcccttcaacggaag
ggatattcaggagagcagccaacgagaaagcccgtaaggagctgaaggaggagctcaactctggggatgcggtggatctggagaggctccccgtgc
acctcctcgctgtggtctttaaggacttcctcagaagtatcccccggaagctactttcaagcgacctctttgaggagtggatg (Seq ID No: 1064)

Fosfoserina aminotransferasa 1 de Homo sapiens (PSAT1): ggtcctccttggctgactcaccgccctggccgccgcaccatg (Seq ID No: 1065)

Molécula CD97 de Homo sapiens (CD97):
ccccctccttcataaagtcctggcctcgggacagcctgcacagctgcctagcctgtggagacgggacagccctgtcccactcactctttcccctgccgctcct
gccggcagctccaaccatg (Seq ID No: 1066)

Proteína tirosina fosfatasa de Homo sapiens, tipo 2 no de receptor (PTPN2):
cgctctccccggatcgtgcggggcctgagcctctccgccggcgcaggctctgctcgcgccagctcgctcccgcagccatg (Seq ID No: 1067)

Marco de lectura abierto 122 de cromosoma 20 de Homo sapiens (C20orf112):
gcccctctccccgggcagccgcggcggcagcagcagcagcagctggagctgtggggctgtcaccgccgcccgccccgctcactcgcggatcccg
accgcccatctccgcctcgcttccagcccaggatgagacttctgtgagcagcgaggattttgatatg (Seq ID No: 1068)

APEX nucleasa 1 (enzima de reparación de ADN multifuncional) de Homo sapiens (APEX1):
caccttctttgtgctcgggttaggaggagctaggctgccatcgggccggtgcagatacggggttgctcttttgctcataagaggggcttcgctggcagtctga
acggcaagcttgagtcaggacccttaattaagatcctcaattggctggagggcagatctcgcgagtagggcaacgcggtaaaaatattgcttcggtgggtg
acgcggtacagctgcccaagggcgttcgtaacgggaatg (Seq ID No: 1069)

Familia de filamento intermedio huérfano 1 de Homo sapiens (IFFO1):
tttcctcttgagccatcatgcacatctgactgcagccccagcgagcccttccttccttgtctgactgctcttcttctcgatttcttcttgttctgccttctcggtttgcagc

cctgacccccgctgtgtgtctggcccttggtgactgtccgtgtttctgttcctgtcattgtaactgtgacttttctctctgtctgcccccccttcctactggttcatgcttct
cccccattcccaccctctctgcccggcctcccgctcccgccctttctcctcatgcacccggcctcgtctctgtagtctctgcacttgtctcccattaaggtcccatc
catg (Seq ID No: 1070)

Homólogo 2 neuralizado de Homo sapiens (Drosophila) (NEURL2):
cagtcttcctcccgcccctttctttggtccctacggacctgggggggcggtggcggtcaatgccgggtcaaggtccgcgggcctcgcagatcgtagcccgggc
gcacgcgatcagatgatcctgttgtggacggctaagttgtaggcgggatggctgagaaagcggcgctaggacccccgggcagaggctcggggaaggg
agtcaggggggaaatgccttacaaggtcgccttgcggtcaccatcattgcccgccgcccaaaatagcccccggcgccagctggcctgccctatggccga
gagatg (Seq ID No: 1071)

Drebrina 1 de Homo sapiens (DBN1):
ctccctctttccctccctcctcctccgtccgcccgtccgtccgcgcgtctgtccgttcggcccggtccggcccgaagcatg (Seq ID No: 1072)

Adaptador que contiene dominio WW con superhélice (WAC) de Homo sapiens:
cagcctcccttatttagtccgcgatggcttccctcgcgccccaccgtcctcttccggaaggcggctccctccctgcgcagcccggagcccctgagatcagcc
tcgagcaggcgcccgagcgagactatccctaaacgggaacggcggtggccgactcgcgagtgaggaaaagaaggaaagggcagactggtcgcga
agagaagatccaggcctcagaggaggagaaaggccggagccagccgaggtttgccgagggcggtgttccggacccgcgcggtgcggggaggaag
gccgagggtgggagaggaggggcccggcggaaactgccgaggtttcccgaaggcggcagcgtccgagttgcccggatgtagttggtggagcggcag
cggcggcaccagcggcggcggcggcggcgggaggaggaggaggagaagaaggaccaggcggcggcagcagcggcggcggcgggggggagg
aggggaggaggcggcggagcaggaggaggagaaggcggaggaggcagtcgctctccgcggggctgagccggacgcgtcgtcttgccccctcccc
ccggttcgcggtgccgccgtgtagttggcgccgctgccccggctgagagtgagcgtggtgtcgacggagggagatggcccgggagcgccggcgccagt
aactgggagctgatgagagtcgccgagggcgcgccgggcccaggtgccggggctgcccgccgcccgccgccgccgccgcctgcgcgcccgcccgc
ctttcgcggccgctctccccctccccgacacacactcacaggccgggcattgatg (Seq ID No: 1073)

Similar a kelch 6 de Homo sapiens (Drosophila) (KLHL6): cgctccttcagtctcgatg (Seq ID No: 1074)

Miembro 1 de la familia IMAP GTPasa de Homo sapiens (GIMAP1):
cagccttctgcactcacagccgaagggaaagcagcaggttggggcttcttgtggccaacttcagagcctgtcaccaggaaaggtaagcatg (Seq ID
No: 1075)

Miembro de la familia de oncogen RAS, RAB24 de Homo sapiens (RAB24):
cgccctctagccccctcccgcgggagtcgcggcgctgcgggtaggagccgggttgcgggagaccccaggttcggttgggattcccagccagaacggag
cttaagccgggcaggcgagcgaatgacggagtagcgagctgcacggcggcgtgctgcgctgttgaggacgctgtcccgcgcgctcccaggccgcccc
gaggcttggggtcttcgaaggataatcggcgcccggggccgaacagcgggggcacacggggcgctgccgaagtgcaaggccacggccagagctcg
agcccgacgcgctgtctggagtcgtaggaccctgacgtggctgaagcggccccgggagcatg (Seq ID No: 1076)

Complejo 2 de proteína relacionada con adaptador de Homo sapiens, subunidad alfa 1 (AP2A1):
agccctccccgcggccggctcggctccttggcgctgcctggggtcctttccgcccggtccccgcttgccagcccccgctgctctgtgccctgtccggccagg
cctggagccgacaccaccgccatcatg (Seq ID No: 1077)

Copina IV de Homo sapiens (CPNE4):
ctccctcttttctcagtaccctcctctttactctccgagttaactgagagccgacctgacatctccaacattttcaccctcttcccccaccccatcaccgagaatg
gagtcagggtttccggagagaccgaactctgctctcagcacctttcccagccgctgttgctaaactgacctcggaggacgagaggggaaggaggtgcga
cgcccttacatcagtacataactaccacaccaaccacctccacttcaaagccggattttgcatcctgggggcgggacagacctcgtcccgggctgaattct
ctctccactcttcgagattggcacacccagaatg (Seq ID No: 1078)

Proteína asociada a sinaptosomal de Homo sapiens, 25kDa (SNAP25):
ctgtctttccttccctccctgctcggcggctccaccacagttgcaacctgcagaggcccggagaacacaaccctcccgagaagcccaggtccagagcca
aacccgtcactgacccccagcccaggcgcccagccactccccaccgctaccatg (Seq ID No: 1079)

Similar 4 a proteína 3 de ligación a elemento sensible a cAMP de Homo sapiens (CREB3L4):
aggtctcttgactctttccgcctttgtttacaaccctgccatgatctccctcttgcaaaagcgagggctacagaacaggcattcaggagtcctgtgctccagtca
cagccttttctgttcttcagctaggagacaccaaaccctcaggaagatttactatagctaagagaaaactgcagcagaaagggcgcggctacctacttctta
aattccgtttgtggaccctcagactcttagtcccctactcccagatacagcggccctaccgtggctcctggcaaggtggcatccacttttgtagtaagcatg
(Seq ID No: 1080)

Pentatricopéptido rico en leucina repetición de Homo sapiens (LRPPRC):
ctgtccttctggcggagcgtgcttcccgctgcggggacgttcgagcaatg (Seq ID No: 1081)

Proteína 418 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF418):
cgttctctggtagcgaccattttggttaatgttgggtgtgtttctgcggtttgtgaggtgagaggcgctggagctatgggtccgaaccgcggtgtctgaacccag
aaggtgaagagtccttcttgctgcacagaggcagatcttaggccccgtaacggcgcccgccgctcccggcagtgctttccccgcgtactcgggatggcgg
cggccgcgctgaggctcccggctcaggcatcatctggctgcaaagaagagaacacactgtgtttgagggaggaggaaggaggatcagagtttaaactc
ctgccataatg (Seq ID No: 1082)

Dominio 14 de repetición de tetratricopéptido de Homo sapiens (TTC14):
gtttcttccgcttcctgtaccacccggctcaagtagcggacacggaacagggaactatcagcccgtcggcctccgggccctgcattctctagccatg (Seq ID No: 1083)

Regulador endotelial de regulación a BMP de Homo sapiens (BMPER):
agccctttcgactgtgagctgcggcagctgagcagaggcggcggcgcgggacctgcagtcgccagggattccctccaggtgacgatg (Seq ID No: 1084)

Proteína 384 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF384):
ccccctttcgtttccggcgctcccgccttctctccgcagagctcttctctgagcctgttgggggagggaggggggcgtggaggaactggggttcgcggga
gcacgagctgcagcaccacttccgggtgagtgcaaggggagggcagcaaggaggggggccacccactacctcgcgcccccgccctgcgggtgtct
cgcgcgcgttccgtgcgtgtgagtgtgtgggtctgtctcgctccagaagtgcgtgcccgcgcgctgcgccttgcgctttttccctcctcgcccctcctggtcc
tcccaccctcctcggctccctcctttcccagcaaacgccgcccctcccgcgccctggctcaggctctggcgccgccgcagccgtcgccgcccgaaagttca
ggagccctggaaaggagaaggaataagacggcaggaggaagagagagagagggtagaatg (Seq ID No: 1085)

Similar 3 a RAD51 de Homo sapiens (S. cerevisiae) (RAD51L3):
ctctcctttctcctccggcagccagcgcgcctgtgtcctctctaggaaggggtaggggaggggcgtctggagaggacccccccgcgaatgcccacgtgacg
tgcagtccccctggggctgttccggcctgcggggaacatg (Seq ID No: 1086)

Similar 2 a molécula CD99 de Homo sapiens (CD99L2):
gctcctcctcccgctcctcctcggcctccccttcgggcgctctcgcgctaactgtgctcctccggggccctccgcctgctcccagccatg (Seq ID No: 1087)

Glucosamina-6-fosfato desaminasa 2 de Homo sapiens (GNPDA2):
gcgcctttatctgcatccgggtccgtgggattcgcgctccactggtcagctggggtcgctctcgggtggttgggtgttgcttgttcccgctgttccagcgtcgaag
aaccattgggtctgccggtttgaacttgttctggaagctgtgcgtcaccgtaatg (Seq ID No: 1088)

Metionil-ARNt sintetasa 2 de Homo sapiens, mitocondrial (MARS2): ccgcctcctccgcttgcggccggtctgcaccatg (Seq ID No: 1089)

Marco de lectura abierto 57 de cromosoma 12 de Homo sapiens (C12orf57):
tttcctttccgctcccaggggcgttgggaacggttgtaggacgtggctctttattcgtgagttttccatttacctccgctgaacctagagcttcagacgccctatg (Seq ID No: 1090)

Homólogo de proteína 3 de sintetización ARNt-yW de Homo sapiens (S. cerevisiae) (TYW3):
ggacctttttcggccaccgctcgcttcaatatggctgcccccagggagagacgaggctaccatgaaggagccgagcgcagaccctgagtccgtcacccat
g (Seq ID No: 1091)

Factor de transcripción Sp1 de Homo sapiens (SP1):
ctccctcctccttaccccccctccctgtccggtccgggttcgcttgcctcgtcagcgtccgcgtttttcccggccccccccaaccccccccggacaggaccccc
ttgagcttgtccctcagctgccaccatg (Seq ID No: 1092)

Proteína 3 de ligación a nucleótidos triada de histidina de Homo sapiens (HINT3):
cgccctctagtggcagccggttttgaggccggcctccggctttgaagttcctcaccgcgtctccttccctctccccaaagcctggatcaccgcccagcgtcag
gcgaggggcgacgtctcgaggtaaaacggaggaggtgcgggacgcggagactgcgcgggcccggtagccctggagaggccgaggctctaggccg
cgaggggcgggtgcaatg (Seq ID No: 1093)

Proteína de interacción a PLK1 específica de fase M de Homo sapiens (MPLKIP):
agttctctgcggagggccggttgatacagttccggtgggagaacgcggctgcgaggttttcggctttggctcctgatatg (Seq ID No: 1094)

Palmitoil-proteína tioesterasa 2 de Homo sapiens (PPT2):
caccctttccccccgccaccgtgggttccagacttgggataagtaaacagcgggtggagcgaggcctacggacccaggccaggtgggagtctgcactctt
caaggggcctgggctgctgctcacgggtattaaagaactccgcgttgttcatggctgaggcgatgcattaggaagatcctggacctagagaacaagtccc
ccgaacgctgagttggaggcgggacttcgggtgcgcgttggcgggagcatg (Seq ID No: 1095)

Similar 14 a BCL2 de Homo sapiens (facilitador de apoptosis) (BCL2L14):
aagcctcttttcaggctgagtcctaaacctgaagaaagtttagagcctggggctctaaactacctgagtctttccaaacgacaagccaagaagacctgttga
aagtttcctcttaagtttcgtggagagagactcaggtatagaaatatccttactgccacctgacctgaagcagaagaaatcacagacagcttccagaccag
gcccaacatg (Seq ID No: 1096)

Galactosa mutarotasa de Homo sapiens (aldosa 1-epimerasa) (GALM):
acgcccttctcctgtaaacttgggtcgcctctagcttagcgagcgctggagtttgaagagcgggcagtggctgcacacgccaaactttccctatg (Seq ID No: 1097)
Homólogo de carboximetilenbutenolidasa de Homo sapiens (Pseudomonas) (CMBL):
cttccttcccttccccgactttgcagatttctcttcccccaggcctccctcctccacctctccgcccccctccgggcttggctctcccaggaggctacgactggagc
cactggtcccgcaggatccccgcgtcctcggtcgccgcgtccacgtccctctcgcgtccccgcccggcgccacgccgcctcctctgggttcggcctccgcg

cggtgcagcgcagtctcaggccgcgggacaagcccgacttaaatctctgcaatg (Seq ID No: 1098)

Marco de lectura abierto 31 de cromosoma 7 de Homo sapiens (C7orf31):
cgtccttctcccgcccccgccctgcctgccagctccaccgggccgtaggtgcggacgacctcaaaattcctcggcccgcgaaggccgccagctgcggg
gaggggaggggaggcgcggtcccgcagcgcccccaggctcatgtcccaggtatgtccagacccccgaggcaccgcttgcagggcagtgacagcccg
tgaggctcggcctcgacccctggcacccttggtcccagctacgccggctcctggccttcccccaagtccgagagagaggtgggattctccccgacgcagtt
ggaaaccgggaatccccttagggtcccgttcgtgctgcactactgactccaccatctgcaaagggattcttgtccagaatccccgaaggctttaggacagc
gcttattttgttgaatgaagagtctctaattttcggaaagaccacaggctaaaagtcaagttgtgccttttagccaagaagcatg (Seq ID No: 1099)

Proteína 5 de membrana portadora secretora de Homo sapiens (SCAMP5):
cggcctttcggcagccgaacggccgcggcagttcaggacaaagaggtgtgggcaggccactgggccagctggtaacatcatg (Seq ID No: 1100)

Proteína cinasa 10 activada con mitógeno de Homo sapiens (MAPK10):
tgctcctttcggttgccatagcaaccccattccccaagccctctgtccgtctcctctggtaggttccacaatggtacaggcagcatcacgctgcacaatggtttc
caggcagtgaaagagggtgattcagcaagccactcttcttctattttctttaacctccccttcacttttttattttatgggggtgggtggtgcttgctatatgcttaccttt
ttcttttctttttttcatttttacaaatttccttttttgtcctcaccctcaattcctaggggcttgagtgagtttaagattgggttttcttggaaatcacctgtccatcgttaatttt
aaacaatctccatatctccaaagaatctcttccatgttagtctggaatgtggttaatgaaaaacaagtagggaggatttctggggcaaacactgccggatca
ggatcgtagttctcaggcacggaatggctagtgtgagaaacaccaacagcaggcccatctcagatcttcactatggcaacttatgcaagaaactgttgaatt
agacccgtttcctatagatgagaaaccatacaagctgtggtatttatgagcctccatttcttatactactgcagtgaaccaacattggatgtgaaaattgccttttg
tcaggtgtgtgttccttacaggtaaaacaagggattcgataaacaagtggatgtgtcatatattgccaaacattacaacatg (Seq ID No: 1101)

Enzima 2 de escisión a APP de sitio beta de Homo sapiens (BACE2):
cgtcctccccgccgccgccggtcccggtgcgcgcccatccctgcccgcagccccgcgcgccggccgagtcgctgagccgcggctgccggacgggacg
ggaccggctaggctgggcgcgccccccgggccccgccgtgggcatg (Seq ID No: 1102)

Regulador dependiente de actina, asociado a matriz, relacionado a SWI/SNF de cromatina de Homo sapiens, subfamilia d, miembro 1 (SMARCD1):
acgccttttccgctagtcgccccgctctatcccatagtctcgctgccctgagcctcccgtgccggccggccggccgggggaacaggcgggcgctcggggg
gcgctcgggggcgggggggagttccggttccggttctttgtgcggctgcatcggcggctccgggaagatg (Seq ID No: 1103)

Familia con similitud de secuencia 175 de Homo sapiens, miembro A (FAM175A):
cgtcctcttgtgtagcctgaggcggcggtagcatg (Seq ID No: 1104)
Dominio 1 de adenosina desaminasa de Homo sapiens (específica de testículos) (ADAD1):
aggcctcttttgaaagatgcggccctgaccctgtgaacctcgcgcagagcggcctgaagcgagaggttgaggctgggaggtgagaaaatg (Seq ID No: 1105)

Miembro 2 de la familia de la cadena corta de acil-CoA sintetasa de Homo sapiens (ACSS2):
gcccctctacggaggccccgcctctagttcggcctgttttctcagtcccggcacccgccgcgaccgcaaaggcggccgcggttctaggaacttgacgtgat
g (Seq ID No: 1106)

Deficiencia 2 de factor de coagulación múltiple de Homo sapiens (MCFD2):
cttcccttactcaccggtgtccggaaaggtgaacgctgcgctcgggctgcctcgcctgttacctccgccgccgggcatg (Seq ID No: 1107)

Dominio 1 SPOC de Homo sapiens (SPOCD1):
gctccttttcagctagtgggtggaaccccaggagggaaaactcagggaagcccagggcccgtgttgtgcttttggcccaggtaggtggacagacatg
(Seq ID No: 1108)

Dominio 1 LY6/PLAUR de Homo sapiens (LYPD1):
agttccttcagtctcagccgccaactccggaggcgcggtgctcggcccgggagcgcgagcgggaggagcagagacccgcagccgggagcccgagc
gcgggcgatgcaggctccgcgagcggcacctgcggctcctctaagctacgaccgtcgtctccgcggcagcagcgcgggccccagcagcctcggcagc
cacagccgctgcagccggggcagcctccgctgctgtcgcctcctctgatgcgcttgccctctcccggccccgggactccgggagaatg (Seq ID No: 1109)
Dominio 1 b5 de citocromo de Homo sapiens (CYB5D1):
cattctttcatactgcctcctcccttgtttttctgtctcagagagatagtctgtcctaaatatcccatgtagcccaggccactgaattaaaacggagcgtattcgttct
ctgccccacccccgcaactcctgaaagcggcgcaactcaattacttgatccttatatgccccacgcgggactcatactacgtttcccgtgaacacgtgcagtc
caaaccccgcccctgatatttatctcagtggacggtggccggaaaaggacaatggtttccatgtcagcggataaacgctctcccctcggctcccggacgcg
acggaggtcgtagtagtagtgagtacgtgctgaggagcaaaggagtaaccaagagatccagtgaccgacagagcaagagccatg (Seq ID No: 1110)
Sinaptoporina de Homo sapiens (SYNPR):
tctcctcctttgcttcataaaaagagggacaagtggctggtgctgtggacagagaagctttatttttagtatgagacaacctctattttctttcaggagagggaag
ttggattatcaattcttttgtaaatg (Seq ID No: 1111)

Similar 1 a ribonucleoproteína U nuclear heterógena de Homo sapiens (HNRPUL1):
ccccccctttcccccttcgcctcctgacaggaaaggtttaaggggggacagagccctgggaggccgggccgggctcgggggccaccccgggggcccgg

gccatg (Seq ID No: 1112)

Miembro 5 de la familia de eschlafeno de Homo sapiens (SLFN5):
ggttctctgctctggacttgggaggctccgttgcctgctcccggagggagacgcgctgccgaggagaacccagcgggagaacatttcaggataggaata
ggccaagtgctgagaagatg (Seq ID No: 1113)

GPR relacionado con MAS de Homo sapiens, miembro F (MRGPRF):
ccatctcttccagcaggagagggctctactctgagctcctattttccaaggctccgggccgcgctcggcgctggcctgctgccccggcgggtccgccggcc
ggaggcgggagtcacaggaagagccctccacaaaaggaggcctcggcggatcaggacagctgcaggtgggtgtgcagactggtgagctgccagca
ggggcccagacgcgccaggcctggagatg (Seq ID No: 1114)

CTD fosfatasa 1 que contiene el dominio 1 similar a ubiquitina de Homo sapiens (UBLCP1):
cggtctctcagcggccggtttctgcgtccgctgccgcaggttccaccgcgctccaggtatttttttttctgaaggaaagctgcttcctcatatgtttcaagaatg
(Seq ID No: 1115)

Similar 2 a proteína lisosomal de interacción a Rab de Homo sapiens (RILPL2):
cctccttttccgttgtccttcgcgccccaaaccacatcctggagcgcactctccagcgtggctggcagcggggacggtgcgccggggcgcaggcccaag
agtcgcgtgcgcggcccctgcaccatcccccgggcccacccccgggccgcgctgattgggcaggtagggactctgcccagcggaaagttttgggtgc
cgggaggaagtctaacctttgggagactccaagacagcagctccgaggtcggcgggggtctgggtggccatg (Seq ID No: 1116)

Dedo de zinc de Homo sapiens con dominio de peptidasa específico de UFM1 (ZUFSP):
acttcttttccgtgggagtaaggaagtgcttttgaatgaggtactgagggccaaggtgttggaagttcctaattctttcctcggttaactgtgaaactctgcgtattg
ggaaggcctggcctcagtcatcaggccaggagaggtactggacgccgcgcacgcactcgtctgccagcgaggcccaaaggggaagcctagcggag
ctcagtgtggcagctgctggcctctgggccgctacttgtcaataccatg (Seq ID No: 1117)

Proteína cinasa-cinasa 5 activada con mitógeno de Homo sapiens (MAP2K5):
ccgccttcctcctcctctctcgccgctaccgccgtcgccgccgccgcagccgccgccggtccgcgcggcctcgggtggccggagctcagcctgcgcgc
gccgcgccctgtgtctccgggtggggcagaagactcgccccttgaacctcccgcggggactctccgtggtgtggcggccctggggctctttcttaatagccc
cggactgagtcccctccagtcgaggaccctctcctagtccactgacgagcggtggacacctgccgctgtatctccccaaaccgagtccttgccctgctgcc
tcctcatacccacacggcggcagagaccttcaccatagcgttcgctcaactccagaaccttccgacctccgctagttcctgcgggcctttgcccgcttcccgg
tgcacctccccgggagacacctcagacccccgacagcctgggcaggctcggtgcctgcgggtgcgttcctgatcacccctccctcttccctcccctcat
cctccattcccttgttttcaccctctgtctctgcccgtcactccccttgtcacctcttggagcccccctcctaaccagcggccagtgggtttcccataccccaggat
gtgagcctctttaacctgtaatg (Seq ID No: 1118)

Familia 2 de portador de soluto de Homo sapiens (transportador de glucosa facilitado), miembro 12 (SLC2A12):
cactcttctttagcatgctattatggggaaagtgaccactcctgggagcgggggtggtcggggcggtttggtggcggggaagcggctgtaacttctacgtga
ccatg (Seq ID No: 1119)

Proteína L30 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPL30):
cttcctctgctctgcttcccttcggaggaaaatttcaggctgaaggtttagcgggtgccgcctctaaagagagcaatcactacacttatg (Seq ID No: 1120)

Motivo 11 tripartito de Homo sapiens (TRIM11):
gctcctcttcctgccggcatccgggatccctacgtcccgcgtcccccgagcgctcggagcctacgcgcccagcgctaccgaaacccagagtcctgcgccc
tggagtccccgcgccccggagcccgagcacccgggagtcccgagcctcgcgccccggagtgcccgagcctgcgccgccgcacccggataccccgc
gtccccgcgagctgccgaggccgcccgccgccgccccgcggacagtaccgccttcctcccctctgtccgcgccatg (Seq ID No: 1121)

Proteína 2 transmembrana rica en prolina de Homo sapiens (PRRT2):
ctccctccctagctgacttgctccctcccgggctgcggctgctgcaaaagccagcagcggcagcgggagctgtccggaggccggcgtcgagggtttgcc
gctgtctctgctattccatcctccccataggggctctctcccctctcccatctcaagatg (Seq ID No: 1122)

Proteína 626 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF626):
cggcctttgtctctcgctgcagtcagagctccaggtctggttcttctcctaaaggcccaggctgtgtggccccgtgtcctgcaggtattgggagatccacagcta
agacaccgggacctcctggaagccaaaaatg (Seq ID No: 1123)

Familia 25 de portador de soluto de Homo sapiens, miembro 43 (SLC25A43):
cggtcttccgggcccgggtcggggctcgatg (Seq ID No: 1124)

Similar 1 a zeta (quinona reductasa), cristailna de Homo sapiens (CRYZL1):
ggctctctgacgaaggactggaaggtggcggtggtgaaggtgcaggccgttggggcggctcagaggcaggtgactatg (Seq ID No: 1125)

Proteína cinasa-cinasa-cinasa 7 activada con mitógeno de (MAP3K7):
ctgcctctacccccgccacggatcgccgggtagtaggactgcgcggctccaggctgagggtcggtccggaggcgggtgggcgcgggtctcacccggatt
gtccgggtggcaccgttcccggccccaccgggcgccgcgagggatcatg (Seq ID No: 1126)

Septina 6 de Homo sapiens (SEPT6):
ctttctctttgtcggaggagctcctctgtttcctgtgcagtagctcccgttgcggcggcacccgtggcagccctggcggacgcaggagcgatg (Seq ID No: 1127)

Miotrofina de Homo sapiens (MTPN):
ctgcctctcctcggccaggcggaacctctctgctgggcccggtggccgcaaaagaactttctttctcccgcccgaacggtcgccgcggccaactgcctcgc ccgcctggcagcctaaccctccttctcttcttctcctctccggcttcgcgcggccctgcctccctctcgcccggcggcatccgcttgctgctgccaccgcctcctc atcttctgcccggccaaccggcctgccccgctgcagtgatg (Seq ID No: 1128)

Anexina A11 de Homo sapiens (ANXA11):
ccctcccttgcactgcctctggcacctggggcagccgcgcccgcggagttttccgcccggcgctgacggctgctgcgcccgcggctccccagtgccccga gtgccccgcgggccccgcgagcgggagtgggacccagcccctaggcagaacccaggcgccgcgcccgggacgcccgcggagagagccactccc gcccacgtcccatttcgcccctcgcgtccggagtccccgtggccagggattattggacctgcctggtttaaactattgtcttagttaattttgtgctgctctaacaa aatatcacagactgagtaatttataagcaatagtagcttatttggctcacagttctggaggctgagaagatcgtgaggctgcatctggcaagggccttcttgct gcttcataacatggcagaagacatcatgcgggtgtgtgtctggggaagagacttacagaagtggagttgctgagtcaaagatctaaccatg (Seq ID No: 1129)

Proteína de ligación ARN de Homo sapiens RNA, homólogo 1 fox-1 (C. elegans) (RBFOX1):
ttttctttctttcctctcccggcgttgatgagtgcttggctcctgacagaagggatttggctcccagctttgtagttcggaagaagttgggtctatagatttccccta actctccattgatgtgttgagcttcagagggaataataactctacgtaaagcatg (Seq ID No: 1130)

Subunidad 5 de prefoldina de Homo sapiens (PFDN5): cttcctcttcgttaagtcggccttcccaacatg (Seq ID No: 1131)

AT-gancho de grupo de movilidad alta 1 de Homo sapiens (HMGA1):
cgctctttttaagctcccctgagccggtgctgcgctcctctaattgggactccgagccggggctatttctggcgctggcgcggctccaagaaggcatccgcatt tgctaccagcggcggccgcggcggagccaggccggtcctcagcgcccagcaccgccgctcccggcaacccggagcgcgcaccgcaggccggcgg ccgagctcgcgcatcccagccatcactcttccacctgctccttagagaagggaagatg (Seq ID No: 1132)

Proteína 323 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF323):
cggcctttgcggttgatcggtcattggggtgctgcagccccgccacctgttccgtagcttgccggtgccccgaaggtgtcttctcctaaggaagattaaatcag aaaattttaaatcacagttatccctttacttaaagccagagtaagccttccaaattaaccccaggaatg (Seq ID No: 1133)

Proteína 3 inducible p53 de proteína tumoral de Homo sapiens (TP53I3):
ctttctcttctcttagcagcacccagcttgcccacccatgctcaagatgggcgggatgccagcctgttacataaatgtgccaaaagcctggccatgcctggaa aatggaccaatccgcccgccaagaggttgggtctcgttccctagagagaaggaagtttcctctccttgaagtgagagctagaatcgcactttctgtcaagct gagagaaagactcttttccagaggctaaaaggacaagaaaatctgatttgcttgcttctaactttgcgttttaaaggggaaggaggaaaggaaagaggg ggagggtggttctgcttagccccacccctccggctaccccaggtccagccgtccattccggtggaggcagaggcagtcctggggctctggggctcgggctt tgtcaccgggacccgcaggagccagaaccactcggcgccgcctggtgcatgggaggggagccgggccaggaacaatatg (Seq ID No: 1134)

Ceramida sintasa 5 de Homo sapiens (CERS5):
ccgcctccccgcgggttccgttggctgtggcggcagctgacgcttgtggcggcggtggcttcggggtgggcgtaagatg (Seq ID No: 1135)

Proteína 2 de interacción a TRAF3 de Homo sapiens (TRAF3IP2):
tgttcttctacttacctgggcccggagaaggtggagggagacgagaagccgccgagagccgactaccctccgggcccagtctgtctgtccgtggtggatct aagaaactagaatg (Seq ID No: 1136)

Región de cromosoma de síndrome de Smith-Magenis de Homo sapiens, candidato 7 (SMCR7):
ggtccttcacgttccattcccaggctggtctgagctccggggccgtggtcccgctgcctcctccggtcgtcgtgcggaagctgcgacgcaggcagaccatg (Seq ID No: 1137)

Proteína L10 ribosómica mitocondrial de Homo sapiens (MRPL10):
cattcttccggtggagatggctgcggccgtggcggggatgctgcgagggggtctcctgccccaggcgggctagagtgcagtggcatg (Seq ID No: 1138)

Subunidad de proteasoma de Homo sapiens (prosoma, macropaina), tipo alfa, 1 (PSMA1):
acttctctgtagatcgctgagcgatactttcggcagcacctccttgattctcagttttgctggaggccgcaaccaggcccgcgccgccaccatg (Seq ID No: 1139)

Nexina 5 de clasificación de Homo sapiens (SNX5):
cggtctttctctagacgcgtcttgctgggagagtgtccgttgcttcccgtccgtgtcgcggccctgcggttggcggcctcctcgtggagcggagcaaggccag gcggcccctgctcgagtcccgcgtcgccatg (Seq ID No: 1140)

Proteína 276 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF276):
gggccccctccgcgcgtactgcgggccccacgggtgttagtggcgggggcggcagagtccgggtgggttgtcgcgacggagccgggcctcttcgccgtc

ttgagacggggctggcgagaagggcccctcacggagttgccatgggcgtctaaccgcggcagccaggcccctctctacgtgagaccccggccccctc
ccctttctgcagcccgcccgccacctgcgcgccgcgtggcctccgccggcgcctgcccgccccgcgcctccgtctcccacggagcaggccgggctctcg
ccatg (Seq ID No: 1141)

Proteína 561 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF561):
ccatcttttccggcgctggctcctctccgtcagtgcggtttcgcctttatggtggtggagtctgcccaggctgtggaccgcaaataaccctgtacaaagaggaa
tggagattgcctctatccacctagattcataagctggcctgaggtgatcttggcatcaaggaagggatgcacatcatcacaccatcagcttcagagaatg
(Seq ID No: 1142)

Mucina 7 de Homo sapiens, secretada (MUC7):
ctttctcttcttttgcttctagttaccatcctcaaaggattggctaaaagcaagcaactggattgaacaccctaagaagaaagattcacactgcaccaggaga
catcagaaagaatg (Seq ID No: 1143)

Treonil-ARNt sintetasa de Homo sapiens (TARS):
gcgcctttcgattgcatcagctggtccagccgaggccaagtcccgggcgctagcccacctcccacccgcctcttggctcctctcctctaggccgtcgctttcg
ggttctctcatcgcttcgtcgttcgccaatg (Seq ID No: 1144)

ATPasa de Homo sapiens, Na+/K+ transporte, polipéptido alfa 3 (ATP1A3):
cagcctctgtgcggtgggaccaacggacggacggacggacgcgcgcacctaccgaggcgcgggcgctgcagaggctcccagcccaagcctgagcc
tgagcccgccccgaggtccccgccccgcccgcctggctctctcgccgcggagccgccaagatg (Seq ID No: 1145)

Marco de lectura abierto 46 de cromosoma 11 de Homo sapiens (C11orf46):
cgtcctctcagtggtagcgcggggactggctgggaagcggtcggtcgagtgtggcctgtgtggactcgcatcttgcccgaagccgggcggaggagagct
caagctaagggtgatcagcccatgacctaaacctccagacaaaataaaacggaaaatttgctagaatcaagaatg (Seq ID No: 1146)

Marco de lectura abierto 45 de cromosoma 17 de Homo sapiens (C17orf45):
tgacctttcattcccgttgttatggaggtaggctctctaggaatctgggagtagtagctgggggggcaagagcaaataaagagctcgagcttctgtggtctctg
gggagatg (Seq ID No: 1147)

AHA1, activador de homólogo 2 de ATPasa de proteína 90kDa de choque de calor de Homo sapiens
(levadura) (AHSA2):
gggccttctggcagtttctgggagctgcgaacgcgccgccccggggctcggcggccggaaacgctggcttcggagccttaggcgccgcggcctttccttgt
tttccgcccagtccacgccgccatggccaagtggggccaggggaacccccactggatcgtggaggagcgggaggacgggaccaacgtgaacaactg
gcgctggcgcggctggcggcggcctccttccgggatctggggagggccgggccgcgggagccggggctgccctggggtctgtgcggggccgcgggg
ccaggggtcaggggccgccccccctcagctgctggacgcagggctcggccttcgcctctcggctcgggagagtccttgagtacggagaccggctag
gagggttgcagctgcctcttttgaaagttgggttgggccccaagagtgacttccgacagacctttccactcccaccgtctgtggcctgagggccttcccttctc
ctcccgcccacccctctggatgtttcggggagttagaagggagctggattgagagactgtgttaggggcgggggtatggaacgtagtggaaagggcaga
aatttggatctcagttcgcgcccaccccgcaggcgcctcccgcgagccgggccctctgtgagtgagacaagctccccttcctttacgcgcctcacctggcgc
gtggggagaggtcggcagccctccgccgcagaacctccggaagggatgtcctctgccctgcgcctctggccggggctgtggtccctccaggccgtcgag
gggatgctgaggccggtccccagaggagcatgacttggctggtccggaggagctctgagggcatgggcaatcttggctcgctgcaacctcagcttccaga
gttcaagcgagtctcctgcttcagcctcatgagtagctgggactacagatgcgtgccactacgtccgtctgatgtttgtatttttagtagagacagggtttcacca
tgttggtcaggctgctctcgaactccagatctcgtgatccgcccgcctgggcctactaaagtgctgggattacaggcgtgagctagatctgactttctagtgtcc
tagccttggcccgatggacatgtcatttctctcagctcgtttctgtcccctaaagtgagaatattgcctgggaagattacattagacgatgtatatgcgaagaca
cttgatagctggtattgtcatgattctgattagttcactactgctactttccctgtggcctaggctttgcctatttccagtgggcgagctagctagatcctcctcccctta
aataagccagtgtttttaagacagaatactacttgcatagtggacaataatatcttaaagaactgagcaggatgaaaagaatttgatagaaagcaggtttga
ggagcacattggaggttggcaggtttcgaggctgcttgagaggacttgggccgatctgggctgggcttggacgtgaccctggcacccaggcaggtggatc
ccagctggggcttccattcacgactttctggtccctggcaggacagagcgggatgccaccagcttgtccaaagggaagttccaggagctcctggtgggcat
cgttgtggagaatgacgctggccgcggcgagatcaacgagttgaagcaggtggaaggggaggcttcgtgcagcagccgcaaaggaaagctgattttctt
ctatgagtggaacatcaaactgggctggaaaggcatcgttaaagaatctggagtgaagcacaagggattgattgaaatacccaatctttctgaggaaaat
gaagtagatgacactgagaatttacaacgggaatg (Seq ID No: 1148)

Similar 2 a GrpE de Homo sapiens, mitocondrial (E. coli) (GRPEL2): ctgcctctcagcccaaattggaaacatg (Seq ID No: 1149)

Xilosido xilosiltransferasa 1 de Homo sapiens (XXYLT1):
ccgcccctttcatggccgccgcctggcgccggggctaagtggccgccggcgtccgggtacccgagggctctcccgcgttgctggcaccgctggcgccgc
ggtctcgtagcgcatg (Seq ID No: 1150)

Marco de lectura abierto 60 de cromosoma 7 de Homo sapiens (C7orf60):
cctcctctggctgctgcctccgcagctcccctcctcctaccccacctcctccatctggggagcgtctgcgggggcctgaggggcggcggcggcggcggcgg
ctgcgatatg (Seq ID No: 1151)

Dominio de repetición de tetratricopéptido 39B de Homo sapiens (TTC39B):
ccctcctttgcgctgggctgagcccagagccgagagcaggggtcggctctgagttccctgcttggtttttgggtggcagcagccagaggaggaatatg
(Seq ID No: 1152)

Dominio de espermatozoides móviles 2 de Homo sapiens (MOSPD2):
caccctttctctgtctacctctgggcgggactgccgggtgatgagatactcggtcggcgacggtagaacgggcgacggcgacaaccgcaatcacatccac gacggtgatcatg (Seq ID No: 1153)

Similar 6 que contiene el dominio de superfamilia de facilitador mayor de Homo sapiens (MFSD6L):
ggcccctttcggtccaacggcaggacctgggggctgtggccgggggcggccgttgacctggtgaccgcggcgccgccccagaccgggggcgcagtcc cactcgctccgagccccggtcccccaagcctccctcccgggtacctggggccgcgcccgccctgcgcccagctccgccctccgtcggcccaggcctgac agagcccggcagccatg (Seq ID No: 1154)

Proteína de clasificación de conexina, consortina de Homo sapiens (CNST):
cttcctctctagccgccagtgctctatgctccgcggtcgcgggccgccagcctccagccggccagccgcgaggggtgcgcagagggaggcggggcgg aaaggcgagaggtgtctcctccaccggagccaggggagacccgagcaagctccgtgacagcacgtcggccgccatgtcgccgagtggggctggaaa cagacccggcgcccagcggtagccctccttgcgcctccgattcccagacatggaaggtctttaatgtaactttaaatggttcaccaaaggatgctctaatg (Seq ID No: 1155)

Proteína 92 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF92):
gggcctttgtctctcgctgcagccggcgctccacgtctagtcttcactgctctgcgtcctgtgctgataaaggctcgccgctgtgaccctgttacctgcaagaac ttggaggttcacagctaagacgccaggacccccctggaagcctagaaatg (Seq ID No: 1156)

Homólogo DnaJ (Hsp40) de Homo sapiens, subfamilia C, miembro 18 (DNAJC18):
ccccctctctttcagcctcgggcacgggggaggctcggcggacctgctgattgggaaccgatatg (Seq ID No: 1157)

Polipéptido D de polimerasa I (ARN) de Homo sapiens, 16kDa (POLR1D):
cctcctccctccttccgtcctccgcgccttccgtcggtcggtccttgcttcctgcttcgcctccgcgcctcgcgctatgggacagagcccccgatccgccagca ccacctgaggatccagaaaccgccccagcgatg (Seq ID No: 1158)

Proteína 182 de dedo de zinc de Homo sapiens (RNF182):
acctccctcccctcccaggcgccgccgcagccggagcggctcccgggccctgggccgccgccggccaggaagaaatacttgtgttggctgcatttccag ggatgctaccagagctcaaggctgtcacctggtcttgcccagaagagccgttcttagaggcaggacttgatgaaggctttcctgctgatggaataggtttgct agagctggccttggaattagaacccttcatgtggcctttataaatatgcgtttgagacagagttatatgcagaagttgaaaatgcctggaagatttctggtttcttt cactacttatcctgccttttgcatcgctgccagatttggatgatatgatattcagaggggcaccttaatcaaagccattcttcaacaagacccacctggcataa gattgcacacataattcaagatg (Seq ID No: 1159)

Proteína 18 transmembrana de Homo sapiens (TMEM18):
cctcctctgtggattctggccaggccgggttcggcggttgctgtgagagcgggcttcccaacaccatg (Seq ID No: 1160)

Síndrome de Hermansky-Pudlak 4 de Homo sapiens (HPS4):
aggcctctctgccgcgcgcgcaggtacggggcagaagtcgcaggtacccagctgctgcccacatttctggtccagagtcccgaaccccgagcactggg atgcctggctactccgagccaaggcactgatgtttgaactggaaacttcaaaacgtttaataagagtcttcaggatgggtttgaactagacaagctagaaatt tctttagaacaccagctctagcatgcatctcccacttttggctttcctggagaggagcttgaagaggtggttctgcagacagccacagtgatacttaggaaac cagaggaatggatttgacttttctgctaggattctctgttatagtttctccctgagttgtaagaggcatggaaatatacatgaaactgaagaacctgcaaggaa gggaagtggaactttccatgctgagtgaaaactaaccaagtggcagttgtgactgaaaacactgaaacctaccacgtccagattcactggattgggggat agaggaacggtcacagctagggagaaagaagtgataccggaaaagaaaacctaaatgaagagaatgaggatgactgcacagtagatg (Seq ID No: 1161)

Proteína tirosina cinasa 7 PTK7 de Homo sapiens (PTK7): agctccttttcctgagcccgccgcgatg (Seq ID No: 1162)

Dominio 6 de repetición kelch y BTB (POZ) de Homo sapiens (KBTBD6):
agttctcctgggcgcctagcattgtcgcccacgctgcagtagcggcttctgcggctccaagccagcgggtcctgtgaaggcgagcagacgcggagaaag gacgcgggagtgagagagggtgagtcagccactgtctaaacgataacgggaggcggctctgcggggtagggttgaattcagtaaatgggctcgtgctgc tgtctcttcggagacgctgctatcttagcgtcagcgagggaaggttgaggaggagccagagccgggtcctgcagcgtttctcgccatcagcgcccgtcgcc atctccaccatg (Seq ID No: 1163)

Antígeno de espermatozoides con dominios 1 de homología de calpoina y superhélice de Homo sapiens (SPECC1):
ctttctttgactggagcggacccgccggacgcaaccgcctcgccagccggagccagcgcgagctcggcacggtggacacccggtccgaggccggcaa gccggctggtgcccgagtcggccaagcatg (Seq ID No: 1164)

ST6 de Homo sapiens (alfa-N-acetil-neuraminil-2,3-beta-galactosil-1,3)-N-acetilgalactosaminide alfa-2,6-sialiltransferasa 3 (ST6GALNAC3):
ggtcccttatttggatctgcgggaatgtgggctggagaggtcctgccgtggtaccagcctccagcctgcccccaggactgcccctgacccaggcgcgccc gctgctcggtggcaggagggccggcggagcgccatg (Seq ID No: 1165)

Transportina 1 de Homo sapiens (TNPO1):

gattctctttgttccgcagccatttcaggccccggacaggaggcagtgccgcttcggccgaaggcccgagcgcccgaggcgtctgggatg (Seq ID No: 1166)

Proteína 8 70kDa de choque térmico de Homo sapiens (HSPA8):
cttccttcgttattggagccaggcctacaccccagcaaccatg (Seq ID No: 1167)

Hialuronoglucosaminidasa 1 de Homo sapiens (HYAL1):
ggctccttcctccaggagtctctggtgcagctggggtggaatctggccaggccctgcttaggccccatcctggggtcaggaaatttggaggataaggccct
tcagccccaaggacatcctggctgccatacctgctcctgacttctcagggctggcagtcatcgactgggaggcatggcgcccacgctgggccttcaactgg
gacaccaaggacatttaccggcagcgctcacgggcactggtacaggcacagcaccctgattggccagctcctcaggtggaggcagtagcccaggacc
agttccagggagctgcacgggcctggatg (Seq ID No: 1168)

Adaptador de cinasa relacionado con STE20 alfa de Homo sapiens (STRADA):
agtcctcccggtcgccccactgcgcatggcacgttgcgtactcccctcccagcaaccggtctggcggcggcgcggcagtaaaactgaggaggcggagc
caagacggtcggggctgcttgctaactccaggaacaggtttaagtttttgaaactgaagtaggcctacacagtaggaactcatg (Seq ID No: 1169)

Proteína 161B transmembrana de Homo sapiens (TMEM161B):
ccctctctttcgctgtttgagagtctctcggctcaaggaccgggaggtaagaggtttgggactgccccggcaactccagggtgtctggtccacgacctatcct
aggcgccatg (Seq ID No: 1170)

Síndrome de Usher 1C de Homo sapiens (recesivo autosómico, grave) (USH1C):
ggctctttccagctcctggcagccgggcacccgaaggaacgggtcgtgcaacgacgcagctggacctggcccagccatg (Seq ID No: 1171)

Receptor de interleucina 12 de Homo sapiens, beta 1 (IL12RB1):
cagtcttttctccttgctcagcttcaatgtgttccggagtggggacggggtggctgaacctcgcaggtggcagagaggctcccctggggctgtggggctctac
gtggatccgatg (Seq ID No: 1172)

Caja homeótica 2 Meis de Homo sapiens (MEIS2):
atcccttcctctcttttctgttcgccctcttctccctgctctttttcccttccaccccccctcctctgttctccctcacctcctgcgcccccctcccccttcccgggttctgaca
gtacgatgagctgccccattacggcgggatg (Seq ID No: 1173)

Factor de alargamiento G de Homo sapiens, mitocondrial 2 (GFM2):
ttttcttttcgtttagatacattgccttttgcctaggctggcgtcgagacttgaggccgttgcagactttggcgcggctcgcgcctcctgcttcaagagcccagcgg
tgagagctggcctgcggcacgcggcctaatgccagacagtaacagtttggaggatcaagatg (Seq ID No: 1174)

Lámina A/C de Homo sapiens (LMNA):
gagcctttgccccggcgtcggtgactcagtgttcgcgggagcgccgcacctacaccagccaacccagatcccgaggtccgacagcgcccggcccagat
ccccacgcctgccaggagcaagccgagagccagccggccggcgcactccgactccgagcagtctctgtccttcgacccgagccccgcgcccttccgg
gacccctgccccgcgggcagcgctgccaacctgccggccatg (Seq ID No: 1175)

Proteína cinasa II dependiente de calcio/calmodulina delta de Homo sapiens (CAMK2D):
cgctctttctctcgccgcgccgtcttgaagccgcgcgggctcgtgagcagcgcgaggccgccaaggtgcctcgcttcgccggagccgctgccgcccgccg
gagggaagccggcctcgggcgcgcacgctcgtcggagccccggcgcgccccgcgcctgagcctgctgacagcggccgctgggctcaggctgtccgct
ctgggctccgcggcctcggccccgctgcactccacctccgccccctcggactccctcccctctgcttctactcctcctgctccagtgcggatcgtttcgcaact
gcttgccactcgtcccgtgcctggctgtttttccatttcccggcccccttcttcttgagtactttacccccctgcatttggggacagggactggaaaaggggcgggtg
gagcgtccagtggagaagaaggaagcgaggcccgcaggaggaggaggatcggcggactgtggggaggagaccccacgccacccttttctggtcatct
cccctcccgccccgccccctgcgcacactccctcgcgggcgagctactttcggaccaggaaagtaagagcggccctgggtgacagcgccgcggggcca
gtcccggggttagccgcgcgtctgctcgcttctggtccgtcgcgctcccagccagggcacagcccggaccgaggatg (Seq ID No: 1176)

Proteína cinasa II dependiente de calcio/calmodulina gamma de Homo sapiens (CAMK2G):
ccgtctcctcctcttgctccctcggccgggcggcggtgactgtgcaccgacgtcggcgcgggctgcaccgccgcgtccgcccgcccgccagcatg (Seq
ID No: 1177)

Interleucina 15 de Homo sapiens (IL15):
ttttcttttcgccaggggttgggactccgggtggcaggcgcccgggggaatcccagctgactcgctcactgccttcgaagtccggcgccccccgggaggga
actgggtggccgcacctcccggctgcggtggctgtcgcccccacctgcagccaggactcgatggagaatccattccaatatatggccatgtggctctttt
ggagcaatgttccatcatgttccatgctgctgacgtcacatggagcacagaaatcaatgttagcagatagccagcccatacaagatcgttttcaactagtgg
ccccactgtgtccggaattgatgggttcttggtctcactgacttcaagaatgaagccgcggaccctcgcggtgagtgttacagctcttaaggtggcgcatctgg
agtttgttccttctgatgttcggatgtgttcggagtttcttccttctggtgggttcgtggtctcgctggctcaggagtgaagctacagaccttcgcggaggcattgtgg
atggatggctgctggaaaccccttgccatagccagctcttcttcaatacttaaggatttaccgtggctttgagtaatgagaatttcgaaaccacatttgagaagt
atttccatccagtgctacttgtgtttacttctaaacagtcattttctaactgaagctggcattcatgtcttcattttgggatgcagctaatatacccagttggcccaaa
gcacctaacctatagttatataatctgactctcagttcagttttactctactaatgccttcatg (Seq ID No: 1178)

Proteína O-fucosiltransferasa 1 de Homo sapiens (POFUT1):
gtccctccttccctccccgactgtgcgccgcggctggctcgggttcccgggccgacatg (Seq ID No: 1179)

Calpaina 3 de Homo sapiens, (p94) (CAPN3):
cactctctttctctctccctctggcatgcatgctgctggtaggagacccccaagtcaacattgcttcagaaatcctttagcactcatttctcaggagaacttatggc
ttcagaatcacagctcggtttttaagatggacataacctgtacgaccttctgatgggctttcaactttgaactggatgtggacacttttctctcagatgacagaatt
actccaacttccccttttgcagttgcttcctttccttgaaggtagctgtatcttattttctttaaaaagctttttcttccaaagccacttgccatg (Seq ID No:
1180)

Proteína tirosina cinasa 2 beta PTK2B de Homo sapiens (PTK2B):
agccctttttactcagccacagcctccggagccgttgcacacctacctgcccggccgacttacctgtacttgccgccgtcccggctcacctggcggtgcccga
ggagtagtcgctggagtccgcgcctccctgggactgcaatgtgccgatcttagctgctgcctgagaggatg (Seq ID No: 1181)

Beta-galactosamida alfa-2,6-sialiltranferasa 1 ST6 de Homo sapiens (ST6GAL1):
cttccttccttctccagtcccttccactgtgcgtcttctgtccccgttcttccccagcggacccctctttcgagactccctagtggggtccccagctcccgggcgat
cctgcccttgccgagcgcgtttttctggagtcacctgggggaggggagtcctgggcagggccgggctggggaagacgcctggggcactgcccggcgttaa
caaagggagccgataccgaccggcgtgggcgcggagcgggcggccgccaccgagcgtgctgagcaaccgcagcctccgcggccgagagtgcagc
gagcaaggggagagccagttgcgcagagccctgcaaccagcagtccagggagaagtggtgaatgtcatggagcccagctgaaatggactggccccc
ttgagcctgtcccaagccctggtgccaggtgtccatccccgtgctgagatgagttttgatcatcctgagaaaaatgggccttggcctgcagacccaataaac
cttccctcccatggataatagtgctaattcctgaggacctgaagggcctgccgcccctgggggattagccagaagcagatgatcatgacgcagtcctgagg
tttaatggggcacccacagccaacttccaacaagatgtgggcacaaaaactaccattcgcctgatg (Seq ID No: 1182)

Miembro 2 de la familia de enzima E2Q de conjugación a ubiquitina de Homo sapiens (UBE2Q2):
ctccccttccgcgcccggctccccttccgcgcccctcccgccggagatgaggggaagatg (Seq ID No: 1183)

Transportador 1 de magnesio de membrana de Homo sapiens (MMGT1): gcttcttttgctgggctgctgctccttcggcatcatg
(Seq ID No: 1184)

Dominio 4 asociado a PAP de Homo sapiens (PAPD4):
cggtcttccgggtgtctttgacagggttttctacgccgctttttcggcgacttttgctcttccgctttttgccaccgcccccaaccttctatatccttgcagcccctacc
ttttcttgtgttgctcctcccctggcagccgtgaggggggttagatctcagccggagccggagctgggcctagctgtcccacgggccaccactacctcctttgg
ttcgggagaaagctacgaccaagtacgcccagctcgggccttagaacttctgaacgggcagtgcgggtaggccctgcttagcccttcccggaggacacc
tgaccaaaagaggaagatagtcttgggacccttgcatggtgtttcaaagggtggtgaagaactaaggtagaagaatacatgttcacttccagtgaacaag
agcatg (Seq ID No: 1185)

Marco de lectura abierto 23 de cromosoma 3 de Homo sapiens (C3orf23):
ctcccttctggtgtactgggtgggaggtggaactagtcggacaaagccctcgcgtcggacccttgccagaactcaattaatggatgcctcgaagttgacgta
catatatattcagaaatg (Seq ID No: 1186)

Gen 1 de translocación de linfoma de tejido linfoide asociado a mucosa de Homo sapiens (MALT1):
cgccccttgcgcggctggcgcggccagccggccaggctcccctcggcaaacctgtctaattggggcggggagcggagcttcctcctctgagggccgtgc
cgcgctgccagatttgttcttccgcccctgcctccgcggctcggaggcgagcggaaggtgccccggggccgaggcccgtgacggggcgggcgggagc
cccggcagtccggggtcgccggcgagggccatg (Seq ID No: 1187)

Familia de glicosiltransferasa 3 UDP de Homo sapiens, polipéptido A2 (UGT3A2):
ctacctctacccacagccagtgcctttggcgcactgaggtgcacagggtcccttagccgggcgcagggcgcgcagcccaggctgagatccgcggcttcc
gtagaagtgagcatg (Seq ID No: 1188)

Subunidad beta tipo IV, de compuerta de voltaje de canal de sodio de Homo sapiens (SCN4B):
cctcctctcgctctctgcccgctaactttcccgagccccgaccggcggcgcagagctccggggtagctttgtggccgaacgccgacctcgggcggagagc
gcggctgtgcccagtatcccatccccgcgacccccgcgcgctccggagagaacaggactatg (Seq ID No: 1189)

Dedo de zinc JAZF 1 de Homo sapiens (JAZF1):
tcccctctgcctcccggtggctcctcgctctccttccatctctctcgccccctctccctccgtcccgtcctcgccgctcccctcaccccgcctctctccccctccccc
agccctcctctctcctcaccccaccggcctccctccctccctcgcccgcccggcgctcgcagagccgacaccaggggggctctcgatgtagcaccatg
(Seq ID No: 1190)

Marco de lectura abierto 55 de cromosoma 15 de Homo sapiens (C15orf55):
ttcccttccttggatccctgtgcacctactggagccaggttactctgggtcctggacctgactgcctcattctggaggcttccagacagccacagttagtgccca
aacctgagaggatg (Seq ID No: 1191)

Miembro C de la familia homóloga ras de Homo sapiens ras (RHOC):
cgccctctcttcctgcagcctgggaacttcagccggctggagccccaccatg (Seq ID No: 1192)

CTP sintasa II de Homo sapiens (CTPS2):
cattctctttccttttccttctctcctgagcgctcctgcagttcctggggcgtagtaggggatccacaagcgtttgtgaccagtgaagttctttacaagggtgagatc
tgcacgggaggacccgagcgagggtctcggcttgccaggaagccggggttccccgggaagcgtggagttcacccgcgcactcgaagtgcctttgcaaa
attatatctgggtgttggcacccagccactattctgccaatg (Seq ID No: 1193)

Homólogo B del factor de procesamiento de pre-ARNm 4 PRP4 de Homo sapiens (levadura) (PRPF4B): agctcttttccttcttcctccacttcccctaccctccaccgtccgggagccgccgccaccgccgccgaggagtcaggaagttcaagatg (Seq ID No: 1194)

Síntesis de co-factor de molibdeno 2 de Homo sapiens (MOCS2): gcgcctttgcggccgtgattcggtcccgctgtcctaggcgggatggtgccgctgtgccaggtaagggtggcgggtgtgcgtgcgggcctgggtgcggagcc ctcctcgacgtgtctctcccgccctttccctccacatacccagccttggtcagtcggacctccccactagcccccaacctggccggcgtcttgggttcggggg cgcccccgcccccgcccccgggcccttcctgtctccgggctttactgcgactgccccagcagaagtcgggtcctctccgagaactcttgtcagctcacggc agcaaggacggactcgttctgaaggcgcctccacctttttatgaccacctctttcccagattattcgttttgatgaagctaaaatttttaatctaaaaagaaatgca cctcatggagaattcttgtgaagaactgtgcttcatctgtggatttctacaccttgatcatttgcaaacctgtaattatttcgtaaagagttgtttgcacggagtga caggttgaagtattgtatttttgcaaaaagtgctgaaataacaggagttcgttcagagaccatttctgtgcctcaagaaataaaagcgttgcagctgtggaagg agatagaaactcgacatcctggattggctgatgttagaaatcagataatatttgctgttcgtcaagaatatg (Seq ID No: 1195)

Región de cromosoma de síndrome de ojo de gato de Homo sapiens, candidato 1 (CECR1): tttccttttccggaggggagatg (Seq ID No: 1196)

Familia 13 de portador de soluto de Homo sapiens (transportador de citrato dependiente de sodio), miembro 5 (SLC13A5): ctgcccctcactcgtctcgcccgccagtctccctcccgcgcgatg (Seq ID No: 1197)

Repetición 3 ligado a X de armadillo de Homo sapiens (ARMCX3): agtccttcttgtcctggtcgttgttcccgtctgagtaccagctccccactgccctgagggcgggccggcctgcggcggagggaaaaaggaagaggagaag gaaattgtcccgaatccctgcagtgggtccaagcctctcccgggtggccagtctttctgtaggttgcggcacaacgccaggcaaaagaagaggaaggaa tttaatcctaatcggtggaggtcgatttgagggtctgctgtagcaggtggctccgcttgaagcgagggaggaagtttcctccgatcagtagagattggaaaga ttgttgggagtggcacaccactagggaaaagaagaaggggcgaactgcttgtcttgaggaggtcaacccccagaatcagctcttgtggccttgaagtggc tgaagacgatcaccctccacaggcttgagcccagtcccacagccttcctcccccagcctgagtgactactctattccttggtccctgctattgtcggggacgat tgcatg (Seq ID No: 1198)

Repetición 2 ligado a X de armadillo de Homo sapiens (ARMCX2): cgtcctcctctgggtaccaactctattgcgcagctcgctgccgtgcgtttaacccaggcgaggaggaggaggagaaaattcccccagattcgggcaggcc cgcaccccacattccgtcctgttttgagaggaggagggaagagaaataaacgtggcagcgcatagaaggccagcagggagactgctttccagacacct ccggcccacacagccgttcacccccgtcttttcagtcctggaaaaggaattcggtctgtccttaggatgaagctctaactgaactgaagtaaggagaaac agccttgaatctttggagggtctgtcttccttttgggctctgtgcaactgcagctacagtggaaaaaagcaaactgctcttgatcccaggccctgcctaagcctc agcagaacttgtaagcctaaactgaagagcctcacccggacgagcaggcatcccttaaccttaagcaatccagttccacgccctggatcagtgaataac cccagctgcaccatg (Seq ID No: 1199)

Dominio 2 UBA de Homo sapiens (UBAC2): cgccctctggggctccgagcccggcgggaccatgttcaccagcaccggctccagtgggctctgtgagtaccggcctccgccatcctggctgccccctaca cgccaccctaggcacctctttgaggaggctggggcagcggggaccctcgggtttgccggaggtggtggggccgaccctccagacccgcgtccgaaccc tgctagttcccggtcttgggggtcagcggaaaccgcccccatttcggcctggaggggcgaatggggacaaagccccgccgcccgccccgaccccacct ggtatccccaggtgctctgcccaggagtctcttggggccgctgcaagtgggcaggtgccctggtgttctcgtgggccggccccaggccctttgcggagcgtg tgccgcgctgaaggaaggggccgtccccttaccatgccccattcttttaggcttgggggaccgaactaactccccccgcccccacttgcaaagttcagcct ccgctttagaagctgacctctcagtttcacttggatg (Seq ID No: 1200)

Candidato 4 de susceptibilidad al cáncer de Homo sapiens (CASC4): cctcctccctcggccggccctggggccgtgtccgccgggcaactccagccgaggcctgggcttctgcctgcaggtgtctgcggcgaggcccctagggtac agcccgatttggccccatg (Seq ID No: 1201)

Proteína fosfatasa de Homo sapiens, dependiente de Mg2+/Mn2+, 1G (PPM1G): cgctccctcacagctcccgtcccgttaccgcctcctggccggcctcgcgcctttcaccggcaccttgcgtcggtcgcgccgcggggcctgctcctgccgcgc gcacccccggggcttcggctccggcacgggtcgcgcccagctttcctgcacctgaggccgccggccagccgccgccatg (Seq ID No: 1202)

Dominio 13 de transferencia de lípidos relacionado con StAR (START) de Homo sapiens (STARD13): ctttctttttaaaaatcgctgggtctgttgagctgtcctgggctgggtgccttgctctttgactgagactggagacagacggcaacagccacaggcagactgag gtggcaataggaaatctgccgagatg (Seq ID No: 1203)

Tubulina de Homo sapiens, clase I beta (TUBB): gattctcccgcctcccagccccggcgcacgcgcgccccgcccagcctgctttccctccgcgccctcccctctccttttctcctctcagaaccttcctgccgtcg cgtttgcacctcgctgctccagcctctggggcgcattccaaccttccagcctgcgacctgcggagaaaaaaaaattacttattttcttgccccatacatacctga ggcgagcaaaaaaattaaattttaaccatg (Seq ID No: 1204)

P450 de citocromo de Homo sapiens, familia 4, subfamilia X, polipéptido 1 (CYP4X1): tttccttcttcccgcgagtcagaagcttcgcgagggcccagagaggcggtggggtgggcgaccctacgccagctccgggcgggagaaagcccaccctct cccgcgccccaggaaaccgccggcgttcggcgctgcgcagagccatg (Seq ID No: 1205)

Doublecortina de Homo sapiens (DCX):
ttttctttctctcagcatctccacccaaccagcagaaaaccggtgagtggggcttttaagtgattttcaagaagaatgtaacagatgtcaaacgggaaaagca
caaggcaaagcctgctctctctgtctctctgtctcctcttctccttttttgccttattctatccgatttttttccctaagcttctacctgggattttcctttggaaaagtctctga
ggttccaccaaaatatg (Seq ID No: 1206)

Proteína fosfatasa 2 de Homo sapiens, subunidad B' reguladora, gamma (PPP2R5C):
ttgtctttttttttttaaactaaaatggaggctggtttcttgccttaaggagcccattgcctttcccgctgaagtctagatg (Seq ID No: 1207)

Familia 9 de portador de soluto de Homo sapiens, subfamilia B (2 antiportador de protones catiónicos), miembro 2 (SLC9B2):
ccacctttccgggggaagccacgcgcaccaggcatcgcacgcggctctgcacccgcgccgccggacctgaaacccggcggagggcacacggggct
gccgctgcgggccccggaccaacccatgcttactccggagcctgtaccggcgccgacgggtcggacctccctgcgcggtgtcgcccagcgggttcgtgc
gaaaggcggggccgactacacgcggtgccgcgccctgagaccgtttatctgcagtcaacgcagcctcccggctcagcctgggaagatgcgcgaatcgg
gaaccccagagcgcggtggctagaccgggctccgccgcctccccacagccccttcctaatcgttcagacggagcctggtcgacttcgccggagactg
ccagatctcgttcctcttccctgtgtcatcttcttaattataaataatg (Seq ID No: 1208)

Factor inducible de hipoxia de Homo sapiens, subunidad alfa (factor de transcripción hélice-bucle-hélice básico) (HIF1A):
cacctcttcgtcgcttcggccagtgtgtcgggctgggccctgacaagccacctgaggagaggctcggagccgggcccggaccccggcgattgccgccc
gcttctctctagtctcacgaggggtttcccgcctcgcacccccacctctggacttgcctttccttctcttctccgcgtgtggagggagccagcgcttaggccgga
gcgagcctgggggccgcccgccgtgaagacatcgcggggaccgattcaccatg (Seq ID No: 1209)

Receptor de interleucina 21 de Homo sapiens (IL21R):
cctcctcttcctccccactctgcacatgcggctgggtggcagccagcggcctcagacagacccactggcgtctctctgctgagtgaccgtaagctcggcgtc
tggccctctgcctgcctctccctgagtgtggctgacagccacgcagctgtgtctgtctgtctgcggcccgtgcatccctgctgcggccgcctggtaccttccttg
ccgtctctttcctctgtctgctgctctgtgggacacctgcctggaggcccagctgcccgtcatcagagtgacaggtcttatgacagcctgattggtgactcgggc
tgggtgtggattctcaccccaggcctctgcctgctttctcagaccctcatctgtcaccccacgctgaacccagctgccacccccagaagcccatcagactg
cccccagcacacggaatggatttctgagaaagaagccgaaacagaagatgaggcaatgaggctgcgagaggtagagtgattttccctcggtgactcaa
ctgggacgtagcaggtcgggcagtcaagccaggtgaccccatg (Seq ID No: 1210)

Factor 4 asociado a DDB1 y CUL4 de Homo sapiens (DCAF4):
tggtctttccgggtccttgcacgcttcgctccaactcctgcagagctgagccggaggggaatccggaagggacacgctgaacaggtctgactcccgggca
gcacagcccgctcacgattccggccacggtgatgacgagtctccgtcaacctcgtctggcacagctgggacctcctctgtgccagagctacctgggttttac
tttgaccctgaaaagaaacgctacttccgcttgctccctggacataacaactgcaacccccctgacgaaagagagcatccggcagaaggagatg (Seq
ID No: 1211)

Resistencia a la oxidación 1 de Homo sapiens (OXR1):
ccgcctcttgtgaggcgcgcggagccgcctcccctgggtcaggtctgatgggccggtgggcgcgctagtggtggccgccaccgccgaaaccgtcgacct
cctgggccccagttccgcgtccagccccgcggcagcatg (Seq ID No: 1212)

Caja homeótica 1 similar a corte de Homo sapiens (CUX1): ccccctctctatcagccgctcactccgtctcaatatgtctcaagatg (Seq ID No: 1213)

Atlastina GTPasa 1 de Homo sapiens (ATL1):
ctccctttcctccccactccttcccaccagcgccacagcaacatcctcagagtctgagcgaactgcgcccagcgcgggcacggagcctcccaccgccag
caacctgcggccccggagaaggcagcgagcgcagtgacagcgcctcaccgccaccagctcctggaccaccatg (Seq ID No: 1214)

Superfamilia 5 de factor similar a quimiocina de Homo sapiens (CKLFSF5):
ctgccttctctcccggggccctgtgggcaagcctcctgcttcactttcaggtttctcgaagtgccttcttgctcctgtctgtttccccatcctgccagatttctgtttctct
tgctgggcttttggcagtagggggctgtgttggtgggccctacgaagatg (Seq ID No: 1215)

Dominio 7 de transporte de proteína emp24 transmembrana de Homo sapiens (TMED7):
aggccttttccgcttctcttttacctccccaggtccgcccgtctgcgcccctcacaggaagccggagggtcgctctgatcccgaatctcccacaggcgtgaac
ctgctctgctgtgtatctttgcggggtggcctgcgctgaggcctgccgcgcgcggtgagtccgcgcagacctgaccctgcgtctcgcagctcggttgaggcc
gccgccgccttctcgggatg (Seq ID No: 1216)

Enzima de conjugación de ubiquitina E2D 3 de Homo sapiens (UBE2D3):
cttcctttaccttcctcccatggtctccttccggttctcgatgcttctctgagcctaagggtttccgccactcgttcaccctccccccagctcatgatcctcctccctcc
cccgccctcctggtccaatctccgatctgtttagtaagaaggtgctgttccgagaagaaggaaaagggcttgacacgtattcactcggccccggacgtggg
aagcaagccgtctggcttcggcctcacatcggtcttgtgctcgggacggcggcgttggcggactgatccgcggcggtgaagagaggccgggaagttaaa
cttgtagccaccacctccgctcttcccgtcaccctcgcccccacttcgggccgaaagcacggtacagaggctgttggtggctttgccacgccaccccaccc
accccggatcgcggctgtcttaagggacctggattcatcaggggctcttcggggcctgtgcgagtgctgatctgctccgtttttgcaaaaggcgcctgtgtctg
gcagagctggtgtgagacgagacaatcctgccccgccgccgggataatcaagagttttggccggacctttgagcatacaccgagagagtgaggagcca
gacgacaagcacacactatg (Seq ID No: 1217)

Proteína 595 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF595):
tttcctctggctcctgcgagggcttggtttagggcttcagctctctgcgttctcggctccgggaggcctcggtgattcagccacagcctctgcctcccgttgctctg
tgacctgagggtattggacaatttgtagctaagactcccggataccctgaagtcgggaaatg (Seq ID No: 1218)

Miembro 2B de la familia de cadena media de acil-CoA sintetasa de Homo sapiens (ACSM2B):
tgctctcttccaaggctgtaggagttctggagctgctggctggagaggagggtggacgaagctctctccagaaagacatcctgagaggacttggcagcctg
cagatggcctattgtgggaccttgtgatcatgcctgaacatg (Seq ID No: 1219)

Proteína cinasa 2 SRSF de Homo sapiens (SRPK2):
tttccctttatagcaccattgaatcccagtcctaacagaagtactgcgaatcttgtggcctcattctgaacaaaagggattagagaagaaaaatctcttgatata
aggcttgaaagcaagggcaggcaatcttggttgtgaatattttctgatttttccagaaatcaagcagaagattgagctgctgatg (Seq ID No: 1220)

Similar 1 a sinaptofisina de Homo sapiens (SYPL1):
tgcccttcctcgccaccgggctgctctggtctcgtcggtcccctcctccgccccgtcgtcctgactctctctccctcctttcctcagaggatg (Seq ID No:
1221)

Tioredoxina reductasa 1 de Homo sapiens (TXNRD1):
aacccttcacctcagttttcttcactccggcatttgcagcagagcgaaaggtggtcgagtcctgaaggagggcctgatgtcttcatcattctcaaattcttgtaa
gctctgcgtcgggtgaaaccagacaaagccgcgagcccagggatgggagcacgcgggggacggcctgccggcggggacgacagcattgcgcctgg
gtgcagcagtgtgcgtctcggggaagggaagatattttaaggcgtgtctgagcagacggggaggcttttccaaacccaggcagcttcgtggcgtgtgcggt
ttcgacccggtcacacaaagcttcagcatgtcatgtggcttatcaggagggcagacttcaaaagctactaaaaatg (Seq ID No: 1222)

Componente 7 de complejo de mantenimiento de minicromosoma de Homo sapiens (MCM7):
tgtccttccgcgcggcggccgcggagagagctgcggcccgggggggcgtgcctgggatccggagcttcgctcgggcccgggaaaggcggcagtggg
ctgggatcgcggtgtctctgggtgtgatggccaatggctggactggctcccgccctgggcggaggaatcccgagctgtgaagcggctggaatccgggccc
atgtgcttctttgtttactaagagcggaagcgatggcgggagcgggggtggggtgcggtggcggggtgcggtggcggaggtcccggtgaaatcaggggc
taaggggacccaaagaaggcgggggatcataggggtggaaagaaagctgagaaccttgagaccggagtgtgaggggccaacggggaagggcgct
agaattttaaactaaagtagggaccggaattcccctggggagatgttggatggccctgtgcactgccacgggctctttattcttcgctggttagaaacagactt
gtgaaaaagagttatgcccactttggggagacttcgaaaaggttaagaagttcttacaagagttctaccaggatgatgaactcgggaagaagcagttcaa
gtatgggaaccagttggttcggctggctcatcgggaacaggtggctctgtatgtggacctggacgacgtagccgaggatgaccccgagttggtggactcaa
tttgtgagaatgccaggcgctacgcgaagctctttgctgatgccgtacaagagctgctgcctcagtacaaggagagggaagtggtaaataaagatgtcctg
gacgtttacattgagcatcggctaatgatggagcagcggagtcgggaccctgggatggtccgaagccccccagaaccagtaccctgctgaactcatgcgc
agattgtgagtggtctctgtcgggaaagatgtagggattggttctccaggatcttgtttgtgactgttttctcccccttagtgagctgtattttcaaggccctagcagc
aacaagcctcgtgtgatccgggaagtgcgggctgactctgtggggaagttggtaactgtgcgtggaatcgtcactcgtgtctctgaagtcaaacccaagatg
(Seq ID No: 1223)

Factor 1 de mejora de colonia de células pre-B de Homo sapiens (PBEF1):
tttccccctctcccctcctccgccgaccgagcagtgacttaagcaacggagcgcggtgaagctcatttttctccttcctcgcagccgcgccagggagctcgc
ggcgcgcggcccctgtcctccggcccgagatg (Seq ID No: 1224)

Proteína 1 de interacción a ciclina B1 de Homo sapiens, ubiquitina proteína ligasa E3 (CCNB1IP1):
ctttctttccctctccgttttggtgggctggttgaagatgaaatccactgaggagggaagtccagcaccctgtgtgccagtccagaactggcccatctgtagac
cccctgaaaatcatatgggcttggatttggatattctcaacagaaagggttaaaggctgatggtacctaaagcctggtacttgaattttgatcaagataagctg
ccttaagttctcttcattacacaaatgatcctagataattgatagatcctgtggttcaactggatttctagatagaagctggattcatgtgatgccagaggagtaa
aatttcaagagactgaaaccagatctgagtttcgctgttccagtctggacctctttggtgctgtaaatcctggatatactgtagatgagtactgcgtttttctttatg
gcctctcttcagcttctggagacctcactatcctattatg (Seq ID No: 1225)

Miembro 3 de la familia STEAP de Homo sapiens, metaloreductasa (STEAP3):
ccgccttcgccgcggaccttcagctgccgcggtcgctccgagcggcgggccgcagagatgacatttattcattttatgcatcctgggttctactggtcgtccca
cctcagttcctgtagcaaagagacttgagtctgagccactaattatcacccgtgaggtttcctccccgagcaggaagcagcaggccagagctgcgctctctc
agtgcactctccaaccaagcatcagtcaccactcccggtccagcccctgtggccaagagctggcgtgcaggctgcgggaggcagctggctgtgcaaga
ccctggcagggccctcgcctcctgagaaaccgagagtcagaaccaaagccaggctgtcctggttggagactgagccagaaagggtggctcacctcac
ggtgaggctgtcgagtgacctgagagcctcagaccctcacgtcagccggatg (Seq ID No: 1226)

Nicotinamida nucleótido transhidrogenasa de Homo sapiens (NNT):
tgttcttccgggttggaggcgcagcgccgcggggcccaagcccgggtctgccagcgcgacgtcctctcgcggccctcagggcacagcccaaggctgtca
gcctcccggcccagtgatttgccttcaaggaaactggggagtcagaaaattgggaactcatatcaacatg (Seq ID No: 1227)

Proteína de transformación SHC (que contiene el dominio 2 de homología Src) de Homo sapiens (SHC1):
gtcctctccctccccaggacttctgtgactcctgggccacagaggtccaaccaggctaagggcctggggataccccctgcctggcccccttgcccaaact
ggcaggggggccaggctgggcagcagcccctctttcacctcaactatg (Seq ID No: 1228)

Bromodominio 8 de Homo sapiens (BRD8): cggcccttccagaccgtctctcctcagggttggagacttcggggccaagatg (Seq ID
No: 1229)

Proteína 13 de dedo de zinc de Homo sapiens (RNF13):
tcgcctctttagtaggtcgggtgagtgtagtgtgcagggaagagacgcgtcagcgccagggccaggcccgcccgggggcagcccggcagccgaatctt
gggctactctgtcccaacagccggagcagatcagaccgaccggccctgcccgctcggtcccgcgccctccagaccctacggtctccgtttctaggggcac
atggttagcggcaggcgcccacagccaatccactttgccagcctgccccttcctctgccaagagcagcttcttcagccgcgctccagttccgcagacgcct
gccccaccctgctcttcccttccagggaagacggatcacgcggccaagaacgagactcgcaaactgggcatttctccgagccgggctagagcaagtag
cgagactccgcgtgagagtgggaaagagccttaacaggcaaccatgttgcccagtgggttttctgtgcctttgggtgcggaccaatgaggcgcgtggggc
gggacttccgcttcgcctaggtgttgtcgtccctgctagtactccgggctgtgggggtcggtgcggatattcagtcatgaaatcagggtagggacttctcccgc
agcgacgcggctggcaagactgtttgtgttgcgggggccggacttcaagagagaaagagagagtgggcagacatcgaagccaaacagcagtatccc
ggaagcactcatgcaactttggtggcggccactcagttttctctgccagtgtctggtgattttacaacgagatg (Seq ID No: 1230)

Aldolasa A de Homo sapiens, fructosa-bisfosfato (ALDOA):
ccgcctcctgcgccgccccttccgaggctaaatcggctgcgttcctctcggaacgcgccgcagaaggggtcctggtgacgagtcccgcgttctctccttgaa
tccactcgccagcccgccgccctctgccgccgcaccctgcacacccgcccctctcctgtgccaggaacttgctactaccagcaccatg (Seq ID No:
1231)

Dominio 6 LY6/PLAUR de Homo sapiens (LYPD6):
cgctccttccctgagctcccgggctccggcagcgcgctggcggggcgccgcattgcacactctgggggcgccgcagtgttcgtgggatggggcagcggg
ctgcagctggcggccggaatccgcgcgcagcccgggtgcaagttctctcctgttgccctgagtgcccactcccaggccctctgtatgagtgacacttcagtct
gccatg (Seq ID No: 1232)

Butirofilina de Homo sapiens, subfamilia 3, miembro A1 (BTN3A1):
cagtctctgctttctttttccttttcttccagaaggagatttaaccatagtagaaagaatggagaactattaactgcctttcttctgtgggctgtgattttcagaggggga
atgctaagaggtgattttcaatgttgggactcaaaggtgaagacactgaaggacagaatttttggcagaggaaagatcttcttcggtcaccatacttgagtta
gctctagggaagtggaggtttccatttggaattctatagcttcttccaggtcatagtgtctgccccccaccttccagtatctcctgatatgcagcatgaatg (Seq
ID No: 1233)

Ácido lipoico sintetasa de Homo sapiens (LIAS):
ctgtcctttcccgggagttagcgatccctcaacccctgcactgcgctagtcctaaagaggaaatg (Seq ID No: 1234)

Familia 7 de dominio de lectina tipo V de Homo sapiens, miembro A (CLEC7A):
gattctcttttgtccacagacagtcatctcaggagcagaaagaaaagagctcccaaatgctatatctattcaggggctctcaagaacaatg (Seq ID No:
1235)

Molécula CD247 de Homo sapiens (CD247):
actccttttctcctaaccgtcccggccaccgctgcctcagcctctgcctcccagcctctttctgagggaaaggacaagatg (Seq ID No: 1236)

Dedo de zinc 1 mieloide de Homo sapiens (MZF1):
aagcctttctccattttgcggtctaggaagtagcagaggccccttcctgtagggagttgccatggagacgcggtggggcaccgacggagttctaatgacgg
ccgtgattggtgcaggatcctgctaatctcaggaaggcccgtagagaagtgaggaaaacgtggtgggggcatgcgcgatctggtaggcggtgctgccg
tctgttgtacctgagaggcttgcgcatgccgacgcacggattcgaggcggggagcatgggaagaagcggccaggagtatgacctgatcattgcgaccac
cgctaggggaagggaggagagggtgtagaaacggggacgagggtgggggaagggcaaggaggcgctcgagctggtgcgcggagcatcctggga
gacgtagtccagcgggaggggaagtcgaagactgcgcgtgctcaggagcgcggagcggcccgctgagcgcagaggggcagacactggcctcag
atacctgacctggtaccctctatg (Seq ID No: 1237)

Factor 6 de transcripción E2F de Homo sapiens (E2F6):
cctcctctttttccgtctgcgtcgggagctcccgggcacgtgaggccgtgccgcgtttactggcgggcgggacggcctagccgggcggcgcctcggagga
agccgcggacccctaggtgctgggcccttggaaatcggcgcgtgggggcggtgctcgagctgagcgcgagagggcgggagagctcgtggggtgcg
aggggagcaggacgcccggccgggcagcatg (Seq ID No: 1238)

Receptor purinérgico P2Y de Homo sapiens, acoplado a proteína G, 10 (P2RY10):
cttcctctttcaacaacaaatgtgtcagttatcagcaggatccatgccgccagagtaaagctttctacccttactccctgcaaagaaacaagagtgcttatcc
cagctaagctccagggtaatgttatcatgacagcttcaacttttagaccacaggcaaatgctttgttaaaactctatgctggtcattcccttcaggatttggcact
caccaacatacccttctttcaagtgaaaaggcatctcttttaatggtcctgaccttggaataggaagcatgtaccctggacagagcacttcaaactagagga
accataaatccatg (Seq ID No: 1239)

Marco de lectura abierto 85 de cromosoma 9 de Homo sapiens (C9orf85):
catccttttgcctgctcccggcgaggggtggctttgatttcggcgatg (Seq ID No: 1240)
3 ERGIC y golgi de Homo sapiens (ERGIC3): cgtccccttttccggccggtccccatg (Seq ID No: 1241)

Dominio de repetición de anquirina 46 de Homo sapiens (ANKRD46):
ccctcccctccgcccgtcaccgcctccttgaagctgccgctgtcgctgctgctcgttcgagtcgcagatccttgccagcacattacagaatatttttgttgaacct
tcttgagaattcagagaaactgctgagtgaccactgaacgaaaagatctaatcttaaggcttacgcctcactttgatgcccaggctggagtgctgtggctcaa
tcacagctcatcgcaacctcgacctcccgggctcaagtgatcctctcacctcagcgtcccgaacaggcgtgttccatccaccacatcagaacaatg (Seq
ID No: 1242)

Similar a interactor Ras y Rab de Homo sapiens (RINL):
tcctctctccacttcctgctactgcaggcctctcctccgagaacagaggccaggtcatgactcactggcttcctgcaacctgacgatggcccagccagaaga
caaggcacctgaagtccccacagaggggtgaggtgaacaaagcagacaggacccctctaggggtcctcagcaccctagagccacttactcgcctgc
agaggacatgggggtgtggcatgtgccagagctggatacccaggatgcggaggcccttgtggggctgtggccactagggagtttcttggtcacaggac
gtgaccccagccaggccctggtgttgaggtcaggacctttaccaggagaagtcaatacctaccagatccagaagattcccagaggtgtgtccctggaatc
ctccaacctctgcatg (Seq ID No: 1243)

Embigina de Homo sapiens (EMB):
ccgccttttcttcagcgtcctacccgcggcactggctgcgagcgccgggccacctgcgagtgtgcgcagggactctggacacccgcggcggcgagctga
gggagcagtctccacgaggacccaggcggaccctctggcgccatg (Seq ID No: 1244)

Proteína reparadora de ADN similar a MMS22 de Homo sapiens (MMS22L):
ccgcctttccggagcgcgggcgcgcggtggcgggaatttcgcctgtttgcggtttagaccccaaagattcctgttggtggtctgggtcacaggaggcaggttt
cgggagctggaaatgtgagcgggtacgacaggcaccgcgggtaaccgacgccccgggtccttgctgcagccgggtacgcgggataccggcacccg
ccttctccgcccgagtgctgccaggcgtgggcctggaatctcttcacaccttctctttggagcccttaatgatacgacgaaccccaagtgtttcagaacatgaa
gtaaacaatg (Seq ID No: 1245)

Marco de lectura abierto 54 de cromosoma 19 de Homo sapiens (C19orf54):
actcctttccttttttccagtggttatcgcggcgcccaccggcctctgatctctgagtcttctccaacccacagacgttttttgttgctctggttccaggaccttctccac
aactaggccattttccctgccaggtgtccttttgacctcttgacctctgactcaaagggcctgctccccctcatgtcttcggcctggagaagagccagctcctg
aaggaggcctttgataaggccggcccggtccccaagggcagagaagatgtgaagaggcttctgaaactacacaaggaccggttccgaggtgacctgc
ggtggatcctcttctgtgcagacctgccgtccctcatccaagaaggccctcaatg (Seq ID No: 1246)

Proteína 621 de dedo de zinc de Homo sapiens (ZNF621):
cgcccttccggctcggcctttagttagtgaccagctcctcggcgttctgcagagcgtgggtttcagcgagttctacgtgccaggtccgcccggtgccggcttcc
tcgctgcccctggcggctcgtcagcccccactaccctgaacttggtcccaatggcggcccgcccctccttcacccggaccgtgggcatctgggcctcgcc
gaagccgtcaaggtggctgctcgggcttctagagcccgtgtccagccctttgccaccgaggcctgatcctcttttctgccctaaagaacttgccctgacagcc
tctggctcccgctcttgaggatcttgcttgtccaaacccagaagacagtgcatgaagccaggggacatccgccatg (Seq ID No: 1247)

Familia con similitud de secuencia 73 de Homo sapiens, miembro A (FAM73A): ccgccttctccatg (Seq ID No: 1248)

Proteína 43 de motivo de ligación a ARN de Homo sapiens (RBM43):
ccgccctttttcttcgtagcctccaagggagctggaacaaaaaacgaaaccaaaacctgcctgctcgctcctctccccatcgcctgcgttccgctggttgtggg
ctttctgcggccgctgagggcgcgtctcccctccgccatg (Seq ID No: 1249)

Espermatogénesis de Homo sapiens y 1 asociado a centriol (SPATC1):
caccctccttcagcccaggcaaggcctggggccctgggcagcctccaggtgcagtgccctcccgtgggccgcacccttgccactgccccagggcatg
(Seq ID No: 1250)

Anhidrasa XIII carbónica de Homo sapiens (CA13): ctttctcttccttccaccccgagggaccatg (Seq ID No: 1251)

Transglutaminasa 2 de Homo sapiens (polipéptido C, proteína-glutamina-gamma-glutamiltransferasa) (TGM2):
cgctctccgcctcggcagtgccagccgccagtggtcgcacttggagggtctcgccgccagtggaaggagccaccgcccccgcccgaccatg (Seq ID
No: 1252)

Familia de dominio NOP2/Sun de Homo sapiens, miembro 4 (NSUN4):
atttcctttccctttttttcgctcgtgtcccgccgggtggcgctcaccacctccccggaacacgcgagtctcctgtcgcggttccggtcggaattaccccgtggag
cacgccgatatg (Seq ID No: 1253)

Factor de reciclaje de ribosoma mitocondrial de Homo sapiens (MRRF):
gagtctttccttagtaacctgggcgatagctgtggatgtttccaaggattgtcttcagtcatg (Seq ID No: 1254)

Proteína 17 de dedo de PHD de Homo sapiens (PHF17):
cttcctccataacaagccaaacgccagaccgagagtgcctccgtgcgcgagtgcccggtgtgtgcgcgccggcgagagcaggggcccgcccggctcc
ccgcccgccgcggcccgaactcatgcagctccgagcgagcgagcggcgcccagcccagcgcctcggccgaacccctccgcagcaggctgcctgctg
tttcccggggagatcatg (Seq ID No: 1255)

Prolilcarboxipeptidasa de Homo sapiens (angiotensinasa C) (PRCP):
cctccttttcgccctcccacccgcactgcagtctccagcctgagccatg (Seq ID No: 1256)

Proteína 1 de proteolípido de Homo sapiens (PLP1):
aagccctttttcattgcaggagaagaggacaaagatactcagagagaaaaagtaaaagaccgaagaaggaggctggagagaccaggatccttccagc
tgaacaaagtcagccacaaagcagactagccagccggctacaattggagtcagagtcccaaagacatg (Seq ID No: 1257)

Dominio 80 de superhélice de Homo sapiens (CCDC80):
cagccttctcactcctcactgagtccactctgaacgtgctaaaatgggaaggaggcggtgttttgctgatctgttaaattcttagtgaagtttccttgatttccagtg
gctgctgttgtttgagtttggtttggagcaaaactgaggtagtcctaacatttctgggactgaatccaggcaagagaaagaagaaaaagaagaagaaaaa
gaggaggaaaaaggtagggagaaataaagggaggagagaagcacagtgaaagaaaaaaaaagtccctttttcgacatcacattcctgtgttttccctca
gcctggaaaacatattaatcccagtgcttttacgcccggaaacaaagagactaagccagactatgggggaaagggagataagaaggatcctggaacttt
aaagagggaaagagtgagattcagaaatcgccaggactggactttaagggacgtcctgtgtcagcacaagggactggcacacacagacacacgaga
ccgaggagaaactgcagacaaatggagatacaaagacttagaaggacagctcctttcacctcatcctacttgtccagaaggtaaaaagacacagccag
aaagaaaaggcatcggctcagctctcagatcaggacaggctgtggatctgtggcggtactctgaaagctggagctgcagcacaccccttttgtattgctca
ccctcggtaaagagagagagggctgggaggaaaagtagttcatctaggaaactgtcctgggaaccaaacttctgatttcttttgcaaccctctgcattccatc
tctatgagccaccattggattacacaatg (Seq ID No: 1258)

Marco de lectura abierto 44 de cromosoma 20 de Homo sapiens (C20orf44):
cgacctctttgcgcctgcgccccccttgccagtctttcgccggcaaaaggaggacgtagaaaaggggacaccggaaactcactcttcacccggaaatggt
tattgaggaacatg (Seq ID No: 1259)
Triptofanil ARNt sintetasa 2 de Homo sapiens, mitocondrial (WARS2): cgcccttctcaagatg (Seq ID No: 1260)

Proteína 2 relacionadas con miotubularina de Homo sapiens (MTMR2):
ctttccctgtgctgcccctgccgcgcgatggagaagagctcgagctgcgagagtcttggctcccagccggcggcggctcggccgcccagcgtggactcctt
gtccagttaatgtgttaagagccattgacatttgaagatcatcagaagtgaagataaaacatctcaaaaattataattgcctccacttctcattcagagaattca
gtgcatacaaaatcagcttctgttgtatcatcagattccatttcaacttctgccgacaacttttctcctgatttgaggagggagtctcgctctatcccctaggctgga
gtgcattggcgccatctcggctcatttgcaacctctgtctcccgggttcaagcgattctcctgcctcagcttcccgaggagctgggattacaggtcctgaggga
gtctaacaagttagcagaaatg (Seq ID No: 1261)

Reticulon 3 de Homo sapiens (RTN3):
cgccctctagctgcgctcggctgagtcagtcagtctgtcggagtctgtcctcggagcaggcggagtaaagggacttgagcgagccagttgccggattattct
atttcccctccctctctcccgccccgtatctctttcacccttctcccaccctcgctcgcgtagccatg (Seq ID No: 1262)

Receptor 56 acoplado a proteína G de Homo sapiens (GPR56):
gtccctccctctccgcactagctgtctgccctgccctgccgtaggagatgggctgggagcctcccacgctctccagctcactcggcaggcagcggggacc
agggctggcaggttaagcctctgggggtggatcctgaaaggtggtccagccgcctggccctgcgtgggaccctccacctggcagcagacagggtctcgc
tctgtcacacaggctggagtgcagtggtgtgatcttggctcatcgtaacctccacctcccgggttcaagtgattctcatgcctcagcctcccgagtagctggga
ttacaggtggtgacttccaagagtgactccgtcggaggaaaatg (Seq ID No: 1263)

Repetición rica en leucina que contiene la superfamilia de inmunoglobulina de Homo sapiens (ISLR):
gctcctccctgccgcctcctctcagtggatggttccaggcaccctgtctggggcagggagggcacaggcctgcacatcgaaggtggggtgggaccaggct
gcccctcgccccagcatccaagtcctcccttgggcgcccgtggccctgcagactctcagggctaaggtcctctgttgctttttggttccaccttagaagaggct
ccgcttgactaagagtagcttgaaggaggcaccatg (Seq ID No: 1264)

Glicoproteína M6A de Homo sapiens (GPM6A):
atttcttttccccatttaaatgcaaagcaagacttgtgaatcatagtgtctctgctcctgggattcagaccaaatttccccccaaaattctcaggctatttgtttgaa
tacctgcttacagtggtacacaatgggcagctttgagaagaaaaattgataatcttcacggaagagtaatttgaatgaaattacacttgacagcctgtctcca
agcaaacaagaggaacgagggagcctgagctaagctctgaggacttgcccaagccactgctgttggagcttcccaggaaaaaaaaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaacaccagtttttccaacatctaattgagcttttgattaattccgtgtaccagattctactgaagaaaggtagccatg
(Seq ID No: 1265)

Factor 1 de empalme de Homo sapiens (SF1):
ctccctctttgtgcgtctcgcgccgccgccgcccgccgcgtgagaggacgggctccgcgcgctccggcagcgcattcgggtcccctcccccccgggaggct
tgcgaaggagaagccgccgcagaggaaaagcaggtgccggtgcctgtccccgggggcgccatg (Seq ID No: 1266)

Proteína 1 asociada a ciclo celular de Homo sapiens (CAPRIN1):
ccgcccctcgcgacccagagggctgctggctggctaagtccctcccgctcccggctctcgcctcactaggagcggctctcggtgcagcgggacagggcg
aagcggcctgcgcccacggagcgcgcgacactgcccggaagggaccgccacccttgccccctcagctgcccactcgtgatttccagcggcctccgcgc
gcgcacgatg (Seq ID No: 1267)

Proteína FLJ90297 hipotética de Homo sapiens (LOC388152):
ctgccctcttgcgtgccccggccacccccgggcggcttgtagccggtgcgcggggtggctggggctacgtgcagagctgtcgcggagccggaacagca
gcggtgaagcccctcggctcggccgagaccgccgtgcccattgctcgcctcggttgccgccgctttagccgcagccgctgctgccgccgccgggggaga
ggcagcctattgtctttctccgcggcgaaggtgaggagctgtctcggctcggcccgcgggggagccccgggagccgcacggagatggaggaggacatc
tggacagtgagcaggaggcgcctcggcccatg (Seq ID No: 1268)

Proteína 1 asociada a ECH similar a kelch de Homo sapiens (KEAP1):
cgccctctccccgcctcctttttcgggcgtcccgaggccgctccccaaccgacaaccaagaccccgcaggccacgcagccctggagccgaggcccccc
gacggcggaggcgcccgcgggtcccctacagccaaggtccctgagtgccagaggtggtggtgttgcttatcttctggaaccccatg (Seq ID No:
1269)

Proteína 38 F-caja de Homo sapiens (FBXO38):
ctccctctcaaccacaataacaggcggagggtcggcgtaggtactttgaactcaagtaaacaaaagggaagattttctcgttgatactggagactgcacaa
caatg (Seq ID No: 1270)

Proteína 1 nuclearembriónica, musculoesquelética de Homo sapiens (MUSTN1):
agatcttttccagcagctgctgcctgccagagaggcgccttcagagacccagcgcttacacaatacccaccatg (Seq ID No: 1271)

Ligación a ARN que contiene domino QKI, KH de Homo sapiens (QKI):
cctcctctccggcggcggcggcggcggcgggcggagtgagctgcggagcctggaatatg (Seq ID No: 1272)

Proteína fosfatasa 1 de Homo sapiens, subunidad catalítica, isoforma beta (PPP1CB):
gggcctctcttgtttatttatttattttccgtgggtgcctccgagtgtgcgcgcgctctcgctacccggcggggaggggtgggggggagggcccgggaaaagg
gggagttggagccggggtcgaaacgccgcgtgacttgtaggtgagagaacgccgagccgtcgccgcagcctccgccgccgagaagcccttgttcccgc
tgctgggaaggagagtctgtgccgacaagatg (Seq ID No: 1273)

Similar 21B a metiltransferasa de Homo sapiens (METTL21B):
cagcctctaccccgctccggatccgggatctgagcgccggccgcggtgcccaggcactcccttggcgggccggatg (Seq ID No: 1274)

Complejo 3 de proteína relacionada a adaptador de Homo sapiens, subunidad mu 1 (AP3M1):
cggccttctcggcttctccagcttcggtaggagaggatccggcgccgaatcactgactggcacaggtgttgggatagtgtctcacttggtcacccaggctgg
agtgcagtggcgcaatcttagctctctacagcgtcgatcttcctcctgggctcaagcaattctcctgcttcatcctcctgagtacctaggactacagaaaatg
(Seq ID No: 1275)

Regulador 1 de empalme similar a enlace musclebind de Homo sapiens (MBNL1):
cagtcttttcactgcagctgaatgagttgtggcgcccacaatgctcccatgacaaggagctgacaagttccatttttccgtcgcgggcatcttggaatcatgact
cccacaatgccttgggcacttggtcgacagtggggccgcctctgaaaaaaaaatgtgagaggttggtactaagaagtgcctttcctgacgtctctgctgcttg
gaaccgcttctagagcagtctctgcttttgccttgcttgctgccagctagactgtgacgacagcacatccaccctccacctctagcccagacacccccatttct
acttataatcaagagaaaagctctaagtatctggcattgccctaggctgctttagtgttaaaagaaaagtttgctgaaaaagtaagatatcttctgccaggaa
atcaaggaggaaaaaaaaaaatcattttctcgattttgctctaaactgctgcatctgtctatgccaaactaatcaataccgattgcaccaccaaactccattgca
aattcagctgtgaggagattccctttcagacaactttgctgaaagcagcttggaaattcggtgtcgaagggtctgccacgttttcatgcttgcattttgggctcca
aattggcactgggaaggggttactgagagcacaaggctgataccaggccctacttttaaacgttcatctacttacaatcctagtatttctctaaaaaccaaaa
cctctttgaattaacagtttcatgctgtgaatttctagtgggagatcttttccttgatattgacgacacaattttccatgtacttttaaagcagggagtggggaaaagt
attttgaggggacattttcatcatcagttcagctttttttttttggttgttgctctttttgggggggttgggtttgttggtttcactgaaacatttaactacctgtaaaatcta
aacatg (Seq ID No: 1276)

Proteína relacionada a lípido fosfato fosfatasa tipo 1 de Homo sapiens (LPPR1):
cagccttttgctctttcctttcattaaacaaacaggagatcctgaaacctggaccctgtgcaagctgcagcgccaggaggaggcagcggaggaagcaga
gcgcgggatgggcgcccagcggcatctgtgatcccgcgcacctccgccccacgggcgcgcgcacaaacacggacacacacatacacacactcgcg
cacacactcgcacaaacacacactcgtacacgcccgcgccgctcgctcgccggcttgctctcccacgcaagcggaatgcagcagcgcctggagagcg
tgtctcggaccgccgcctgaatgtacctcgctcccgggagccggacggcccagtagggcgcactggaggacgctccgctgcgggagcctggacagttttt
gacggtgcagtcttgctatatggtgtgagaaatg (Seq ID No: 1277)

Regulador 2 de empalme similar a muscleblind de Homo sapiens (MBNL2):
ctgtctttgcttcatcatctgaaggtaaaattttccagatacggcagacggctttcagagtacaataaacagggaatgagaactatttacatggaagtttctttct
catgatgcggtggagaagcctcggccacttggttctgccagatgttcctggggttactgtaaatgggaaggacaggcagagctaaacaaggtttatcattta
aaagtgcctgtgtgaagtcacttttgctggaaaactgcagcttgggagctttctttgtattcacatcccactcttctgtcaagtacactttaccctgaccttatgagt
ggatgaagatacctcagttgtctgactttgccaattgcttaatttcagaatttaaaaaggggaaagaaaaacatcctgctaaaatatgaacatctgagtgtctt
attttccaacatcgtcaatagctgtgagcgtcagcattaaatattctcccaaggagtgccatgatattgaagtcactttattaataacagctgtatctgcaaaaca
gtcaagagactcggacgttgaaagccagagatgacactgagcatgcttttattgcggcctaccatctttaagtgggacatattgattgatgagtgattgcctgt
ccatacactctctcatcatcctgttccttggattggacttcactaagcaatttatcactcaccttcagacttacatgtgggagttttcacaacagtagttttggaatca
ttagaacttggattgatttcatcatttaacagaaacaaacagcccaaattactttatcaccatg (Seq ID No: 1278)

Marco de lectura abierto 25 de cromosoma 3 de Homo sapiens (C3orf25):
gcgcctttcgcacgacttggagttacggtttatctgataccgcggtacccctacgcaagcaagcccacatcgacacacattcacacacgcccttcagcacc
ccctcccagcaccacgaccatg (Seq ID No: 1279)

Testis 19 expresado de Homo sapiens (TEX19):
cctcctcctttccctgggtgcccacatgaacagagacaccaggatgctctcctgagaccacagcaactgcagaagctgaagacatttccagaagttcaag
cttccaccctctgcaggtccccactgagctgggacccaggtcatccaccccaccccaaatccctggataggaaaccccttttctcctcctgctccttgtcccctt
catccctgccgcccagcatcctactggcctcagcacctgtggccagaccgtccaagatcctctgaaggcccagctcttgctgtccaccccggcagtaggca
ggcagcctggccatg (Seq ID No: 1280)

Proteína cinasa C de Homo sapiens, beta (PRKCB):
gcctccctcccccgcagctggggccagcggtgccaagcgcagctggacgagcggcagcagctgggcgagtgacagccccggctccgcgcgccgcg
gccgccagagccggcgcaggggaagcgcccgcggccccgggtgcagcagcggccgccgcctcccgcgcctccccggcccgcagcccgcggtccc

gcggccccggggccggcacctctcgggctccggctccccgcgcgcaagatg (Seq ID No: 1281)

Proteína cinasa N1 de Homo sapiens (PKN1): ccctccctccgcgcggggacccctggcgggcggcaggaggacatg (Seq ID No: 1282)

Hemocromatosis tipo 2 (juvenil) de Homo sapiens (HFE2): ccttctctggttccctgacctcagtgagacagcagccggcctggggacctgggggagacacggaggacccccctggctggagctgacccacagagtaggg aatcatggctggagaattggatagcagagtaatgtttgacctctggaaacatcacttacagggcttccggtcaaaattcactaggtaggagggtcatcagc tgggaagaaccggcgcctgggaaacctggctggataggtatg (Seq ID No: 1283)

Proteína L9 ribosómica de Homo sapiens (RPL9): cgttctttctttgctgcgtctactgcgagaatg (Seq ID No: 1284)

Proteína L3 ribosómica de Homo sapiens (RPL3): cggcctctaccggcgggatttgatggcgtgatg (Seq ID No: 1285)

Proteína L4 ribosómica de Homo sapiens (RPL4): acttccttttcctgtggcagcagccgggctgagaggagcgtggctgtctcctctctccgccatg (Seq ID No: 1286)

Proteína L5 ribosómica de Homo sapiens (RPL5): tggccctttcccacccccctagcgccgctgggcctgcaggtctctgtcgagcagcggacgccggtctctgttccgcaggatg (Seq ID No: 1287)

Proteína L6 ribosómica de Homo sapiens (RPL6): aattctctttcccatcttgcaagatg (Seq ID No: 1288)
Proteína L7 ribosómica de Homo sapiens (RPL7): cttcctctttttccggctggaaccatg (Seq ID No: 1289)

Proteína L7a ribosómica de Homo sapiens (RPL7A): ctttcctttctctctcctcccgccgcccaagatg (Seq ID No: 1290)

Proteína L11 ribosómica de Homo sapiens (RPL11): ctttctcttcctgctctccatcatg (Seq ID No: 1291)

Proteína L12 ribosómica de Homo sapiens (RPL12): cggcctctcggctttcggctcggaggaggccaaggtgcaacttccttcggtcgtcccgaatccgggttcatccgacaccagccgcctccaccatg (Seq ID No: 1292)

Proteína L13 ribosómica de Homo sapiens ribosomal (RPL13): gcttcctttccgctcggctgttttcctgcgcaggagccgcagggccgtaggcagccatg (Seq ID No: 1293)

Proteína L23 ribosómica de Homo sapiens (RPL23): acttccttttttctttttttccggcgttcaagatg (Seq ID No: 1294)

Proteína L18 ribosómica de Homo sapiens (RPL18): cgttctctctttccggacctggccgagcaggaggcgccatcatg (Seq ID No: 1295)

Proteína L18a ribosómica de Homo sapiens (RPL18A): acttccttttgcgggtggcggcgaacgcggagagcacgccatg (Seq ID No: 1296)

Proteína L19 ribosómica de Homo sapiens (RPL19): agctctttcctttcgctgctgcggccgcagccatg (Seq ID No: 1297)

Proteína L21 ribosómica de Homo sapiens (RPL21): gcctctttcctttcggccggaaccgccatcttccagtaattcgccaaaatg (Seq ID No: 1298)

Proteína L22 ribosómica de Homo sapiens (RPL22): acctccctttctaactccgctgccgccatg (Seq ID No: 1299)

Proteína L23a ribosómica de Homo sapiens (RPL23A): agacccttttcacaagatg (Seq ID No: 1300)

Proteína L17 ribosómica de Homo sapiens (RPL17): cgctcttcctctttccctaagcagcctgagggttgactggattggtgaggcccgtgtggctacttctgtggaagcagtgctgtagttactggaagataaaaggg aaagcaagcccttggtgggggaaagtatggctgcgatgatggcatttcttaggacacctttggattaataatgaaaacaactactctctgagcagctgttcga atcatctgatatttatactgaatgagttactgtaagtacgtattgacagaattacactgtactttcctctaggtgatctgtgaaaatg (Seq ID No: 1301)

Proteína L24 ribosómica de Homo sapiens (RPL24): ttctctctttctttttcgccatcttttgtctttccgtggagctgtcgccatg (Seq ID No: 1302)

Proteína L26 ribosómica de Homo sapiens (RPL26): agttctcttccctttttgcggccatcaccgaagcgggagcggccaaaatg (Seq ID No: 1303)

Proteína L27 ribosómica de Homo sapiens (RPL27): ctttccttttttgctggtagggccgggtggttgctgccgaaatg (Seq ID No: 1304)

Proteína L30 ribosómica de Homo sapiens (RPL30): aagtctttcctttctcgttccccggccatcttagcggctgctgttggttgggggccgtcccgctcctaaggcaggaagatg (Seq ID No: 1305)

Proteína L27a ribosómica de Homo sapiens (RPL27A): ccttccttttcgtctgggctgccaacatg (Seq ID No: 1306)

Proteína L28 ribosómica de Homo sapiens (RPL28): cttcctctttccgtctcaggtcgccgctgcgaagggagccgccgccatg (Seq ID No: 1307)

Proteína L29 ribosómica de Homo sapiens (RPL29): cagccccttttctcttccggttctaggcgcttcgggagccgcggcttatggtgcagacatg (Seq ID No: 1308)

Proteína L31 ribosómica de Homo sapiens (RPL31): cgctcttcctttccaacttggacgctgcagaatg (Seq ID No: 1309)

Proteína L32 ribosómica de Homo sapiens (RPL32): ccgtcccttctctcttcctcggcgctgcctacggaggtggcagccatctccttctcggcatcatg (Seq ID No: 1310)

Proteína L35a ribosómica de Homo sapiens (RPL35A): cgtccttctcttaccgccatcttggctcctgtggaggcctgctgggaacgggacttctaaaaggaactatg (Seq ID No: 1311)

Proteína L37 ribosómica de Homo sapiens (RPL37): ccttctcttccggtctttctggtctcggccgcagaagcgagatg (Seq ID No: 1312)

Proteína L37a ribosómica de Homo sapiens (RPL37A): gcgtctcttcctttctgggctcggacctaggtcgcggcgacatg (Seq ID No: 1313)

Proteína L38 ribosómica de Homo sapiens (RPL38): cgttctttttcgtccttttccccggttgctgcttgctgtgagtgtctctagggtgatacgtgggtgagaaaggtcctggtccgcgccagagcccagcgcgcctcgtcgccatg (Seq ID No: 1314)

Proteína L39 ribosómica de Homo sapiens (RPL39): ccctcctcttcctttctccgccatcgtggtgtgttcttgactccgctgctcgccatg (Seq ID No: 1315)

Proteína ribosómica de Homo sapiens, grande, P0 (RPLP0): aggcccttctctcgccaggcgtcctcgtggaagtgacatcgtctttaaaccctgcgtggcaatccctgacgcaccgccgtgatg (Seq ID No: 1316)

Proteína ribosómica de Homo sapiens, grande, P1 (RPLP1): cggtccttccgaggaagctaaggctgcgttggggtgaggccctcacttcatccggcgactagcaccgcgtccggcagcgccagccctacactcgcccgcgccatg (Seq ID No: 1317)

Proteína ribosómica de Homo sapiens, grande, P2 (RPLP2): ccttccttttcctccctgtcgccaccgaggtcgcacgcgtgagacttctccgccgcctccgccgcagacgccgccgcgatg (Seq ID No: 1318)

Proteína S3 ribosómica de Homo sapiens (RPS3): acttcctttccttcagcggagcgcggcggcaagatg (Seq ID No: 1319)

Proteína S3A ribosómica de Homo sapiens (RPS3A): ccgccctttggctctctgaccagcaccatg (Seq ID No: 1320)

Proteína S4 ribosómica de Homo sapiens S4, ligada a X (RPS4X): ggtcctctttccttgcctaacgcagccatg (Seq ID No: 1321)

Proteína S4 ribosómica de Homo sapiens, ligada a Y 1 (RPS4Y1): gattctcttccgtcgcagagtttcgccatg (Seq ID No: 1322)

Proteína S5 ribosómica de Homo sapiens (RPS5): ttttcttcccagttaaaagtgttggcccgcggcgcgcggcctcttcctgtctgtaccagggcggcgcgtggtctacgccgagtgacagagacgctcaggctgtgttctcaggatg (Seq ID No: 1323)

Proteína S6 ribosómica de Homo sapiens (RPS6): ggccctcttttccgtggcgcctcggaggcgttcagctgcttcaagatg (Seq ID No: 1324)

Proteína S7 ribosómica de Homo sapiens (RPS7): gggtctcttcctaagccggcgctcggcaagttctcccaggagaaagccatg (Seq ID No: 1325)

Proteína S8 ribosómica de Homo sapiens (RPS8): gtttctctttccagccagcgccgagcgatg (Seq ID No: 1326)

Proteína S9 ribosómica de Homo sapiens (RPS9): gcgcctctttctcagtgaccgggtggtttgcttaggcgcagacggggaagcggagccaacatg (Seq ID No: 1327)

Proteína S10 ribosómica de Homo sapiens (RPS10): gctccttcctttccagccccggtaccggaccctgcagccgcagagatg (Seq ID No: 1328)

Proteína S11 ribosómica de Homo sapiens (RPS11): ctgccccttttctttttttcaggcggccgggaagatg (Seq ID No: 1329)

Proteína S12 ribosómica de Homo sapiens (RPS12): aggcctctttccctgccgccgccgagtcgcgcggaggcggaggcttgggtgcgttcaagattcaacttcacccgtaacccaccgccatg (Seq ID No: 1330)

Proteína S13 ribosómica de Homo sapiens (RPS13): cgctctcctttcgttgcctgatcgccgccatcatg (Seq ID No: 1331)

Proteína S15 ribosómica de Homo sapiens (RPS15): cgatctcttctgaggatccggcaagatg (Seq ID No: 1332)

Proteína S15a ribosómica de Homo sapiens (RPS15A): cgtcctctttccgccatctttccgcgccggtgagtagcactctctgagagctccaatttcatccgtctgccatcggcgccatcctgcaatctaagccacaatg (Seq ID No: 1333)

Proteína S16 ribosómica de Homo sapiens (RPS16): ctttccttttccggttgcggcgccgcgcggtgaggttgtctagtccacgctcggagccatg (Seq ID No: 1334)

Proteína S 19 ribosómica de Homo sapiens (RPS19): cgttccctttcccctggctggcagcgcggaggccgcacgatg (Seq ID No: 1335)

Proteína S20 ribosómica de Homo sapiens (RPS20): ccacccctttcttttttgaggaagacgcggtcgtaagggctgaggatttttggtccgcacgctcctgctcctgactcaccgctgttcgctctcgccgaggaacaagtcggtcaggaagcccgcgcgcaacagccatg (Seq ID No: 1336)

Proteína S21 ribosómica de Homo sapiens (RPS21): gcttcctttctctctcgcgcgcggtgtggtggcagcaggcgcagcccagcctcgaaatg (Seq ID No: 1337)

Proteína S23 ribosómica de Homo sapiens (RPS23): gcttctctctttcgctcaggcccgtggcgccgacaggatg (Seq ID No: 1338)

Proteína S25 ribosómica de Homo sapiens (RPS25): gcttccttttttgtccgacatcttgacgaggctgcggtgtctgctgctattctccgagcttcgcaatg (Seq ID No: 1339)

Proteína S26 ribosómica de Homo sapiens (RPS26): ccgtctcctctctccggtccgtgcctccaagatg (Seq ID No: 1340)

Proteína S27 ribosómica de Homo sapiens (RPS27): cgctcctttccggcggtgacgacctacgcacacgagaacatg (Seq ID No: 1341)

Proteína S28 ribosómica de Homo sapiens (RPS28): actcctctccgccagaccgccgccgcgccgccatcatg (Seq ID No: 1342)

Proteína S29 ribosómica de Homo sapiens (RPS29): gcttcttccttttacctcgttgcactgctgagagcaagatg (Seq ID No: 1343)

Proteína L15 ribosómica de Homo sapiens (RPL15): agctctttcctttccgtctggcggcagccatcaggtaagccaagatg (Seq ID No: 1344)

Proteína S2 ribosómica de Homo sapiens (RPS2): cgttcttcttttccgacaaaacaccaaatg (Seq ID No: 1345)

Proteína L14 ribosómica de Homo sapiens (RPL14): gggtcttcttccttctcgcctaacgccgccaacatg (Seq ID No: 1346)

Proteína S14 ribosómica de Homo sapiens (RPS14): ctctctttccggtgtggagtctggagacgacgtgcagaaatg (Seq ID No: 1347)

Proteína L10 ribosómica de Homo sapiens (RPL10): gcgcctctttcccttcggtgtgccactgaagatcctggtgtcgccatg (Seq ID No: 1348)

Proteína L10a ribosómica de Homo sapiens (RPL10A): tagtctcttttccggttagcgcggcgtgagaagccatg (Seq ID No: 1349)

Proteína L35 ribosómica de Homo sapiens (RPL35): tcctctttccctcggagcgggcggcggcgttggcggcttgtgcagcaatg (Seq ID No: 1350)

Proteína L13a ribosómica de Homo sapiens (RPL13A): cctcctccttttccaagcggctgccgaagatg (Seq ID No: 1351)

Proteína L36 ribosómica de Homo sapiens (RPL36): cagcccttccgccacggccgtctctggagagcagcagccatg (Seq ID No: 1352)

Proteína L36a ribosómica de Homo sapiens (RPL36A): gtttctttctttccgcgccgatagcgctcacgcaagcatg (Seq ID No: 1353)
Proteína L41 ribosómica de Homo sapiens (RPL41): tcgcc tttctctcggccttagcgccatttttttggaaacctctgcgccatg (Seq ID No: 1354)

Proteína S18 ribosómica de Homo sapiens (RPS18): cgctctctcttccacaggaggcctacacgccgccgcttgtgctgcagccatg (Seq ID No: 1355)

Proteína S24 ribosómica de Homo sapiens (RPS24): ggttctcttttcctccttggctgtctgaagatagatcgccatcatg (Seq ID No: 1356)

Proteína L8 ribosómica de Homo sapiens (RPL8):
tttcctctttcggccgcgctggtgaacaggtaggtcatccttgcggccttgcggcatg (Seq ID No: 1357)

Proteína L34 ribosómica de Homo sapiens (RPL34): cttcctcttccggggacgttgtctgcaggtatg (Seq ID No: 1358)

Proteína S17 ribosómica de Homo sapiens (RPS17): gtttcctcttttaccaaggacccgccaacatg (Seq ID No: 1359)

Proteína SA ribosómica de Homo sapiens (RPSA):
ctgtcttttccgtgctacctgcagaggggtccatacggcgttgttctggattcccgtcgtaacttaaagggaaattttcacaatg (Seq ID No: 1360)

Factor 3 de inicio de traducción eucariótica de Homo sapiens, subunidad C (EIF3C):
cttctctctcggcgtttccgctgtcagggccctgcggtgtgactcgcgggctcagctggtccggccgtagcacctccgcgccgtcgccatg (Seq ID No: 1361)

Proteína de ligación a poli(A) de Homo sapiens, citoplásmica 1 (PABPC1):
cgctctcctcctctcacggaaaggtcgcggcctgtggccctgcgggcagccgtgccgagatg (Seq ID No: 1362)

Tubulina de Homo sapiens, beta 1 clase VI (TUBB1):
cactcccttccaaaagcatgacaggcagaaagcagagaagggccaggactggctgagggcggggagctgggcctctggggtggacacacccttggt
cacattgtgagggtagcttggttggccagtcccaccactgcagtgaccacagttgtgttgggctcacaccagtgaaccgaagctctggattctgagagtctg
aggattccgtgaagatctcagacttgggctcagagcaaggatg (Seq ID No: 1363)

PpLuc(GC)-ag-A64
GGGAGAAAGCTTGAGG*ATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTA*
CCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCT
GGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGA
GTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAA
CCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGC
CCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCT
GAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAA
GATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAA
GACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGG
CTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGAT
CATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGC
CTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACAC
CGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTA
CCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCG
GAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTT
CGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGG
GGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGG
CATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGG
GGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGA
CCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCC
GATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGA
CGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGT

CGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGA
GAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGA
CGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGA
GAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGG
CGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGAT
*CCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA*GACTAGTTATA
AGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTA
ATAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAA (SEQ ID No: 1364)

RPL32-PpLuc(GC)-ag-A64-C30-histonaSL
GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGG*ATGGAG*
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
*AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA*GACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAGATCTAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT(SEQ ID No: 1365)

Fragmento de la 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32
ACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATC (SEQ ID No: 1366)

Fragmento de la 5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32
GGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCT (SEQ ID No: 1367)

5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 32 que carece del tracto de oligopirimidina 5' terminal
GGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATC (SEQ ID No. 1368)

3'UTR de albúmina humana
CATCACATTT AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA AAAATGGAAA GAATCT (SEQ ID No: 1369)

3'UTR de hemoglobina de Homo sapiens, alfa 1 (HBA1)
gctggagcctcggtggccatgcttcttgcccctgggcctccccccagcccctcctccccttcctgcacccgtacccccgtggtctttgaataaagtctgagtgg gcggc (SEQ ID No: 1370)

3'UTR de hemoglobina de Homo sapiens, alfa 2 (HBA2)
gctggagcctcggtagccgttcctcctgcccgctgggcctcccaacgggccctcctcccctccttgcaccggcccttcctggtctttgaataaagtctgagtgg gcag (SEQ ID No: 1371)

3'UTR de hemoglobina de Homo sapiens, beta (HBB)
Gctcgctttcttgctgtccaatttctattaaaggttcctttgttccctaagtccaactactaaactgggggatattatgaagggccttgagcatctggattctgccta ataaaaaacatttattttcattgc (SEQ ID No: 1372)

3'UTR de tirosina-hidroxilasa de Homo sapiens (TH)
gtgcacggcgtccctgagggcccttcccaacctccccctggtcctgcactgtcccggagctcaggccctggtgaggggctgggtcccgggtgccccccatg ccctccctgctgccaggctcccactgcccctgcacctgcttctcagcgcaacagctgtgtgtgcccgtggtgaggttgtgctgcctgtggtgaggtcctgtcctg gctcccagggtcctgggggctgctgcactgccctccgcccttccctgacactgtctgctgccccaatcaccgtcacaataaaagaaactgtggtctcta (SEQ ID No: 1373)

3'UTR de araquidonato 15-lipoxigenasa de Homo sapiens (ALOX15)
gcgtcgccacccttggttatttcagcccccatcacccaagccacaagctgacccttcgtggttatagccctgccctcccaagtcccaccctcttcccatgtcc caccctccctagaggggcacctttttcatggtctctgcacccagtgaacacattttactctagaggcatcacctgggaccttactcctctttccttccttcctccttttc ctatcttccttcctctctctcttcctctttcttcattcagatctatatggcaaatagccacaattatataaatcatttcaagactagaataggggggatataatacatatt actccacacctttttatgaatcaaatatgatttttttgttgttgttaagacagagtctcactttgacacccaggctggagtgcagtggtgccatcaccacggctcact gcagcctcagcgtcctgggctcaaatgatcctcccacctcagcctcctgagtagctgggactacaggctcatgccatcatgcccagctaatatttttttatttttcg tggagacggggcctcactatgttgcctaggctggaaataggattttgaacccaaattgagtttaacaataataaaaagttgttttacgctaaagatggaaaag aactaggactgaactattttaaataaaatattggc (SEQ ID No: 1374)

3'UTR de colágeno de Homo sapiens, tipo I, alfa 1 (COL1A1)
actccctccatcccaacctggctccctcccacccaaccaactttccccccaacccggaaacagacaagcaacccaaactgaaccccctcaaaagccaa aaaatgggagacaatttcacatggactttggaaaatatttttttccttgcattcatctctcaaacttagtttttatctttgaccaaccgaacatgaccaaaaaccaa aagtgcattcaaccttaccaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaagaataaataaataactttttaaaaaaggaagcttggtccacttgcttgaagacccatgcgg gggtaagtccctttctgcccgttgggcttatgaaaccccaatgctgccctttctgctcctttctccacaccccccttggggcctccctccactccttcccaaatct gtctccccagaagacacaggaaacaatgtattgtctgcccagcaatcaaaggcaatgctcaaacacccaagtggcccccacccctcagcccgctcctgcc cgcccagcacccccaggccctgggggacctggggttctcagactgccaaagaagccttgccatctggcgctcccatggctcttgcaacatctccccttcgtt tttgaggggtcatgccgggggagccaccagcccctcactgggttcggaggagagtcaggaagggccacgacaaagcagaaacatcggatttgggga acgcgtgtcaatcccttgtgccgcagggctgggcgggagagactgttctgttccttgtgtaactgtgttgctgaaagactacctcgttcttgtcttgatgtgtcacc ggggcaactgcctgggggcggggatgggggcagggtggaagcggctccccattttataccaaaggtgctacatctatgtgatgggtggggtggggaggg aatcactggtgctatagaaattgagatgcccccccaggccagcaaatgttccttttgttcaaagtctatttttattccttgatatttttctttttttttttttttttgtggatg gggacttgtgaatttttctaaaggtgctatttaacatgggaggagagcgtgtgcggctccagcccagcccgctgctcactttccaccctctctccacctgcctct ggcttctcaggcctctgctctccgacctctctcctctgaaaccctcctccacagctgcagcccatcctcccggctccctcctagtctgtcctgcgtcctctgtcccc gggtttcagagacaacttcccaaagcacaaagcagtttttcccccctaggggtgggaggaagcaaaagactctgtacctattttgtatgtgtataataatttgag atgtttttaattattttgattgctggaataaagcatgtggaaatgacccaaacataa (SEQ ID No: 1375)

Albúmina7 3'UTR
CATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCA TCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCC TCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCT (SEQ ID No: 1376)

Secuencia albúmina 3'UTR + poli(A) humana
CATCACATTT AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA AAAATGGAAA GAATCTAGAT CTAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAA (SEQ ID No: 1377)

Fragmento 1 de albúmina 3'UTR humana
AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATT (SEQ ID No: 1378)

Fragmento 2 de albúmina 3'UTR humana
CATCACATTT AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG (SEQ ID No: 1379)

Fragmento 3 de albúmina 3'UTR humana
AAAAGCATCT CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC (SEQ ID No: 1380)

Fragmento 4 de albúmina 3'UTR humana
CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT (SEQ ID No: 1381)

Fragmento 5 de albúmina 3'UTR humana
TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC

CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT (SEQ ID No: 1382)

Fragmento 6 de albúmina 3'UTR humana
AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT (SEQ ID No: 1383)

Fragmento 7 de albúmina 3'UTR humana
TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT (SEQ ID No: 1384)

Fragmento 8 de albúmina 3'UTR humana
AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA (SEQ ID No: 1385)

Fragmento 9 de albúmina 3'UTR humana
ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA AAAATGGAAA (SEQ ID No: 1386)

Fragmento 10 de albúmina 3'UTR humana
CAGCCTACCA TGAGAATAAG AGAAAGAAAA TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA A (SEQ ID No: 1387)
Fragmento 11 de albúmina 3'UTR humana

TGAAGATCAA AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA A (SEQ ID No: 1388)

Fragmento 12 de albúmina 3'UTR humana
CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC ATAAATTTCT TTAATCATTT TGCCTCTTTT CTCTGTGCTT CAATTAATAA A (SEQ ID No: 1389)

Fragmento 13 de albúmina 3'UTR humana
AAGCTTATTC ATCTGTTTTT CTTTTTCGTT GGTGTAAAGC CAACACCCTG TCTAAAAAAC (SEQ ID No: 1390)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
NGNNNNNNUNNNNNCN (SEQ ID NO: 1391)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc):
N*N*NNNNGNNNNNNUNNNNNCNNNN*N*N* (SEQ ID NO: 1392)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Id):
NCNNNNNNUNNNNNGN (SEQ ID NO: 1393)
Secuencia de acuerdo con la fórmula (IId)
N*N*NNNNCNNNNNNUNNNNNGNNNN*N*N* (SEQ ID NO: 1394)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
DGNNNNNNUNNNNNCH (SEQ ID NO: 1395)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
N*N*NNNDGNNNNNNUNNNNNCHNNN*N*N* (SEQ ID NO: 1396)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
NGNBYYNNUNVNDNCN (SEQ ID NO: 1397)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
N*N*NNNNGNBYYNNUNVNDNCNNNN*N*N* (SEQ ID NO: 1398)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
NGHYYYDNUHABRDCN (SEQ ID NO: 1399)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
N*N*HNNNGHYYYDNUHABRDCNNNN*N*H* (SEQ ID NO: 1400)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)

DGHYCUDYUHASRRCC (SEQ ID NO: 1401)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)
N*H*AAHDGHYCUDYUHASRRCCVHB*N*H* (SEQ ID NO: 1402)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
VGYYYYHHTHRVVRCB (SEQ ID NO: 1403)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
SGYYYTTYTMARRRCS (SEQ ID NO: 1404)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ic)
SGYYCTTTTMAGRRCS (SEQ ID NO: 1405)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
DGNNNBNNTHVNNNCH (SEQ ID NO: 1406)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
RGNNNYHBTHRDNNCY (SEQ ID NO: 1407)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ie)
RGNDBYHYTHRDHNCY (SEQ ID NO: 1408)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
VGYYYTYHTHRVRRCB (SEQ ID NO: 1409)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
SGYYCTTYTMAGRRCS (SEQ ID NO: 1410)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (If)
SGYYCTTTTMAGRRCS (SEQ ID NO: 1411)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
GGYYCTTYTHAGRRCC (SEQ ID NO: 1412)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
GGCYCTTYTMAGRGCC (SEQ ID NO: 1413)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ig)
GGCTCTTTTMAGRGCC (SEQ ID NO: 1414)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)
DGHYCTDYTHASRRCC (SEQ ID NO: 1415)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)
GGCYCTTTTHAGRGCC (SEQ ID NO: 1416)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (Ih)
GGCYCTTTTMAGRGCC (SEQ ID NO: 1417)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc)
H*H*HHVVGYYYYHHTHRVVRCBVHH*N*N* (SEQ ID NO: 1418)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc)
M*H*MHMSGYYYTTYTMARRRCSMCH*H*H* (SEQ ID NO: 1419)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIc)
M*M*MMMSGYYCTTTTMAGRRCSACH*M*H* (SEQ ID NO: 1420)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
N*N*NNNDGNNNBNNTHVNNNCHNHN*N*N* (SEQ ID NO: 1421)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
N*N*HHNRGNNNYHBTHRDNNCYDHH*N*N* (SEQ ID NO: 1422)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIe)
N*H*HHVRGNDBYHYTHRDHNCYRHH*H*H* (SEQ ID NO: 1423)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
H*H*MHMVGYYYTYHTHRVRRCBVMH*H*N* (SEQ ID NO: 1424)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
M*M*MMMSGYYCTTYTMAGRRCSMCH*H*H* (SEQ ID NO: 1425)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIf)
M*M*MMMSGYYCTTTTMAGRRCSACH*M*H* (SEQ ID NO: 1426)
Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
H*H*MAMGGYYCTTYTHAGRRCCVHN*N*M* (SEQ ID NO: 1427)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
H*H*AAMGGCYCTTYTMAGRGCCVCH*H*M* (SEQ ID NO: 1428)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIg)
M*M*AAMGGCTCTTTTMAGRGCCMCY*M*M* (SEQ ID NO: 1429)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)
N*H*AAHDGHYCTDYTHASRRCCVHB*N*H* (SEQ ID NO: 1430)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)
H*H*AAMGGCYCTTTTHAGRGCCVMY*N*M* (SEQ ID NO: 1431)

Secuencia de acuerdo con la fórmula (IIh)
H*M*AAAGGCYCTTTTMAGRGCCRMY*H*M* (SEQ ID NO: 1432)

Secuencia de tallo-bucle de histona específica
CAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA (SEQ ID NO: 1433)

Porción de ligación a α-complejo-central de la 3'UTR e un gen de α-globina
GCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCG (SEQ ID NO: 1434)

Proteína de ligación a lípido de ATP sintasa, mitocondrial (atp5g2)
tagttt ctcctctcga acgccaggtg gagcaaccgg ccggataccg ccacagccct ggcaggcggc gctgtgatg (SEQ ID NO: 1435)

RPL35 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA

GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGA
GAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGT
GTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTC
TGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1436)

RPL21 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGA
GAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGT
GTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTC
TGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1437)

ATP5A1 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCT
GCGGAGTAACTGCAAAGAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCG
GCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAG
CGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATC
ACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGC
CTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCG
GTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAG
CGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAG
GGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATC
ATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCAC
CTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACC
ATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCG
CACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATC
ATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACG
ACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAG
CTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTG
TTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAG
ATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTC
CACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATC

ACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCC
AAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGC
GTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTC
ATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCAC
TTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCG
GCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGG
CTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAG
ACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAG
CTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGAC
GCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA
GACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATG
AAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTC
TAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAA
AATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC
AAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1438)

HSD17B4 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTT
ATTCAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACC
CGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGG
TGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGT
ACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACC
ACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCC
TCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGA
ACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGA
TCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGA
CCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCT
TCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCA
TGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCT
GCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCG
CCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACC
TCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGA
GCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCG
CCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGG
GCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCA
TCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGG
ACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACC
TGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGA
TGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACG
GCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCG
ACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGA
GCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACG
ACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGA
AGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCG
TGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCC
GCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCA
CATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCT
TATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAA
TTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACC
TAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTC
AGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1439)

AIG1 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAACAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAA
CATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCT
CCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCA
CATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGC
CATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCT
GCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAA
CGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGT
GTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCAT
CCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACAC
GTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTT

CGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAA
GGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCAT
CTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGG
CTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTA
CCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCT
GCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCT
GTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGC
CGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCAC
GAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGT
CCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCA
GCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGA
GGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTG
GGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGG
CTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGA
CGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGT
GCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGT
GACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCT
GACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGG
CAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAA
TAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTA
AAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGT
GCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1440)

COX6C – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGAGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACCAA
GCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGG
AGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGG
GCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCG
AGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGA
TCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCA
TCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCA
TGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGA
ACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACT
ACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACG
AGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACA
GCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGC
GCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCC
TGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCT
GCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGC
AGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGA
GCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCC
CGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCC
AGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACA
AGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACA
CCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCA
TGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGC
TGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGC
TGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCC
TGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCG
GCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGA
TCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGT
TCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGA
TCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTA
AAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCA
TCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTT
TAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATC
TAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCC
ACCAGAATT (SEQ ID NO: 1441)

ASAH1 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCGAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC

GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCC
TACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTT
TCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCT
CTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1442)

mRPL21 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL

GGGGCCGCCGCAGCCATCTTCCAGTAACTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGA
GAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGT
GTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTC

TGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1443)

mRPL35A – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGCCATCTTGGCGCCTGTGGAGGCCTGCTGGGAACAGGACTTCTAACAGCAAGTAAGCT
TGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGG
ACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCA
CGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGA
TGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCG
TGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCG
GCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGG
GGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACG
TGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACC
AGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGT
ACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCA
GCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCT
TCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGA
GCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCG
GCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGG
ACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCA
CCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGC
TGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGG
GCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGC
CGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCG
GCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGA
GCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGC
ACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGA
AGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGC
TCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCG
AGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCG
TCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCG
TGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCC
TGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAA
GCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCT
CTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAA
TCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACC
AGAATT (SEQ ID NO: 1444)

RPL35 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
GGGGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA

GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1445)

RPL21 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
GGGGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1446)

ATP5A1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
GGGCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCT
GCGGAGTAACTGCAAAGAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCG
GCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAG
CGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATC
ACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGC
CTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCG
GTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAG
CGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAG
GGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATC
ATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCAC
CTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACC
ATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCG
CACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATC
ATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACG
ACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAG
CTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTG
TTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAG
ATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTC
CACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATC
ACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCC
AAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGC
GTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTC

ATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCAC
TTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCG
GCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGG
CTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAG
ACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAG
CTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGAC
GCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA
GACTAGTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCT
CTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1447)

HSD17B4 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
GGGTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTT
ATTCAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACC
CGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGG
TGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGT
ACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACC
ACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCC
TCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGA
ACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGA
TCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGA
CCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCT
TCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCA
TGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCT
GCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCG
CCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACC
TCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGA
GCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCG
CCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGG
GCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCA
TCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGG
ACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACC
TGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGA
TGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACG
GCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCG
ACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGA
GCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACG
ACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGA
AGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCG
TGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCC
GCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTAGATCT
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCA
CCAGAATT (SEQ ID NO: 1448)

AIG1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
GGGCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAACAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAA
CATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCT
CCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCA
CATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGC
CATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCT
GCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAA
CGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGT
GTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCAT
CCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACAC
GTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTT
CGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAA
GGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCAT
CTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGG
CTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTA
CCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCT
GCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCT
GTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGC
CGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCAC
GAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGT

CCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCA
GCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGA
GGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTG
GGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGG
CTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGA
CGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGT
GCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGT
GACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCT
GACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGG
CAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1449)

COX6C – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
GGAGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACCAA
GCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGG
AGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGG
GCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCG
AGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGA
TCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCA
TCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCA
TGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGA
ACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACT
ACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACG
AGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACA
GCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGC
GCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCC
TGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCT
GCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGC
AGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGA
GCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCC
CGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCC
AGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACA
AGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACA
CCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCA
TGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGC
TGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGC
TGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCC
TGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCG
GCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGA
TCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGT
TCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGA
TCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTAGATCTAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATG
CATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAA
TT (SEQ ID NO: 1450)

ASAH1 – PpLuc(GC) – A64 – C30 – histonaSL
GGGCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCGAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG

GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1451)

5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 35 (RPL35) que carece del tractor de oligopirimidina 5'-terminal
GGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCA (SEQ ID NO: 1452)

5'UTR de la proteína ribosómica humana grande 21 (RPL21) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal GGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAA (SEQ ID NO: 1453)

5'UTR de ATP sintasa humana, H+ transporte complejo F1 mitocondrial, subunidad 1 alfa, músculo cardíaco (ATP5A1) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
GCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCTGCGGAGTAAC
TGCAAAG (SEQ ID NO: 1454)

5'UTR de la hidroxisteroide (17-beta) deshidrogenasa 4 humana (HSD17B4) que carece del tracto de oligopirimidina 5'-terminal
GTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTTATTC (SEQ ID NO: 1455)

5'UTR de 1 inducido con andrógeno humano (AIG1) que carece del tractor oligopirimidina 5'-terminal
GCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAAC (SEQ ID NO: 1456)

5'UTR de la subunidad VIc de citocromo c oxidasa humana (COX6C) que carece del tractor oligopirimidina 5'-terminal AGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACC (SEQ ID NO: 1457)

5'UTR de la N-acilsfingosina amidohidrolasa 1 humana (ácido ceramidasa) (ASAH1) que carece del tractor oligopirimidina 5'-terminal
GCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCG (SEQ ID NO: 1458)

5'UTR de la proteína ribosómica de ratón Grande 21 (mRPL21) que carece del tractor oligopirimidina 5'-terminal GGCCGCCGCAGCCATCTTCCAGTAACTCGCCAAA (SEQ ID NO: 1459)

5'UTR de la proteína ribosómica de ratón grande 35A (mRPL35A) que carece del tractor oligopirimidina 5'-terminal GCCATCTTGGCGCCTGTGGAGGCCTGCTGGGAACAGGACTTCTAACAGCAAGT (SEQ ID NO: 1460)

Proteína ribosómica de ratón Grande 21 (mRPL21)
TCCTCCTTTCGGCCGCCGCAGCCATCTTCCAGTAACTCGCCAAAATGCCATCTTCCAGTAACTCGCCAAA
ATG (SEQ ID NO: 1461)

Proteína ribosómica de ratón 35A (mRPL35A)
CTTCCTCTTTCCGCCATCTTGGCGCCTGTGGAGGCCTGCTGGGAACAGGACTTCTAACAGCAAGTATG
(SEQ ID NO: 1462)

RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64
GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC

GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAGATCTAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (SEQ ID NO: 1463)

PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTT
TTCAGAGCCACCA (SEQ ID NO: 1464)

PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC

CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCC
TACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTT
TCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCT
CTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1465)

RPL35 – PpLuc(GC) – ag – A64
GGGGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (SEQ ID NO: 1466)

RPL21 – PpLuc(GC) – ag – A64

GGGGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (SEQ ID NO: 1467)

atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64
GGGCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCT
GCGGAGTAACTGCAAAGAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCG
GCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAG
CGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATC
ACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGC
CTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCG
GTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAG
CGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAG
GGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATC
ATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCAC
CTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACC
ATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCG
CACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATC
ATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACG
ACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAG
CTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTG
TTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAG
ATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTC
CACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATC
ACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCC
AAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGC
GTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTC
ATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCAC
TTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCG
GCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGG
CTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAG
ACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAG
CTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGAC
GCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA
GACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTG
CACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAA (SEQ ID NO: 1468)

HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64
GGGTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTT
ATTCAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACC
CGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGG
TGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGT
ACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACC
ACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCC
TCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGA
ACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGA
TCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGA
CCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCT
TCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCA
TGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCT
GCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCG
CCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACC
TCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGA
GCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCG
CCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGG
GCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCA
TCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGG
ACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACC
TGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGA
TGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACG
GCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCG
ACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGA
GCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACG
ACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGA
AGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCG
TGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCC
GCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAG
ACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAAT
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAA (SEQ ID NO: 1469)

AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64
GGGCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAACAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAA
CATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCT
CCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCA
CATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGC
CATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCT
GCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAA
CGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGT
GTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCAT
CCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACAC
GTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTT
CGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAA
GGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCAT
CTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGG
CTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTA
CCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCT
GCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCT
GTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGC
CGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCAC
GAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGT
CCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCA
GCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGA
GGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTG
GGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGG
CTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGA
CGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGT
GCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGT
GACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCT
GACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGG
CAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGC
CCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (SEQ ID NO: 1470)

COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64
GGAGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACCAA
GCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGG
AGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGG
GCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCG
AGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGA
TCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCA
TCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCA
TGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGA
ACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACT
ACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACG
AGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACA
GCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGC
GCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCC
TGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCT
GCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGC
AGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGA
GCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCC
CGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCC
AGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACA
AGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACA
CCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCA
TGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGC
TGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGC
TGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCC
TGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCG
GCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGA
TCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGT
TCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGA
TCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGAC
TAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (SEQ ID NO: 1471)

ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64
GGGCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCGAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC

TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (SEQ ID NO: 1472)

RPL35 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGC
CACCA (SEQ ID NO: 1473)

RPL21 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG

CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGC
CACCA (SEQ ID NO: 1474)

atp5a1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCT
GCGGAGTAACTGCAAAGAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCG
GCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAG
CGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATC
ACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGC
CTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCG
GTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAG
CGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAG
GGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATC
ATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCAC
CTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACC
ATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCG
CACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATC
ATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACG
ACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAG
CTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTG
TTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAG
ATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTC
CACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATC
ACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCC
AAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGC
GTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTC
ATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCAC
TTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCG
GCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGG
CTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAG
ACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAG
CTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGAC
GCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA
GACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTG
CACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA (SEQ ID NO: 1475)

HSD17B4 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTT
ATTCAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACC
CGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGG
TGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGT
ACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACC
ACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCC
TCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGA
ACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGA
TCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGA
CCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCT
TCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCA
TGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCT
GCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCG
CCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACC
TCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGA
GCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCG
CCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGG
GCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCA
TCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGG
ACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACC
TGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGA
TGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACG
GCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCG
ACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGA

GCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACG
ACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGA
AGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCG
TGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCC
GCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAG
ACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAAT
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA (SEQ ID NO: 1476)

AIG1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAACAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAA
CATCAAGAAGGGCCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCT
CCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCA
CATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGC
CATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCT
GCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAA
CGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGT
GTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCAT
CCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACAC
GTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTT
CGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAA
GGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCAT
CTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGG
CTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTA
CCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCT
GCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCT
GTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGC
CGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCAC
GAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGT
CCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCA
GCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGA
GGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTG
GGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGG
CTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGA
CGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGT
GCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGT
GACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCT
GACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGG
CAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGC
CCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCAC
CA(SEQ ID NO: 1477)

COX6C – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGAGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACCAA
GCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGG
AGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGG
GCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCG
AGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGA
TCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCA
TCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCA
TGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGA
ACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACT
ACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACG
AGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACA
GCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGC
GCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCC
TGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCT
GCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGC
AGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGA
GCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCC
CGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCC
AGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACA
AGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACA
CCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCA

TGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGC
TGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGC
TGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCC
TGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCG
GCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGA
TCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGT
TCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGA
TCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGAC
TAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
TGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA (SEQ ID NO: 1478)

ASAH1 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCGAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTT
TTCAGAGCCACCA (SEQ ID NO: 1479)

RPL32 – PpLuc(GC) – ag – A64 – histonaSL
GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG

ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTT
TTCAGAGCCACCA (SEQ ID NO: 1480)

RPL32 – PpLuc(GC) – albúmina7 – A64 – C30 – histonaSL
GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCC
TACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTT
TCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCT
CTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT (SEQ ID NO: 1481)

REIVINDICACIONES

1. Molécula de ácido nucleico artificial que comprende:

a. al menos un elemento de región no traducida 5' (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos,
donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR natural de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o u gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1, donde la al menos una función es estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir de un ARNm y

b. al menos un marco de lectura abierto (ORF),

donde el elemento 5'UTR y el marco de lectura abierto son heterólogos.

2. Molécula de ácido nucleico artificial según la reivindicación 1, que además comprende:

c. al menos un tallo-bucle de histona.

3. Molécula de ácido nucleico artificial según la reivindicación 1 o 2, donde el elemento 5'UTR es adecuado para incrementar la producción de proteína a partir de la molécula de ácido nucleico artificial.

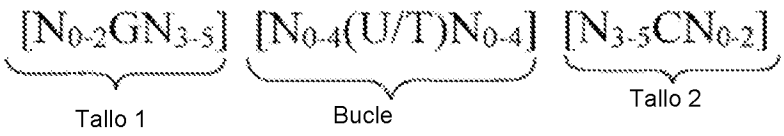
4. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-3, donde el elemento 5'UTR no comprende un motivo TOP, preferentemente donde la secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, preferentemente el elemento 5'UTR, comienza en su extremo 5' con un nucleótido situado en la posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas abajo del tracto de polipirimidina.

5. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-4, donde la secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, preferentemente el elemento 5'UTR, termina en su extremo 3' con un nucleótido situado en la posición 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 aguas arriba del codón de inicio del gen del cual se deriva.

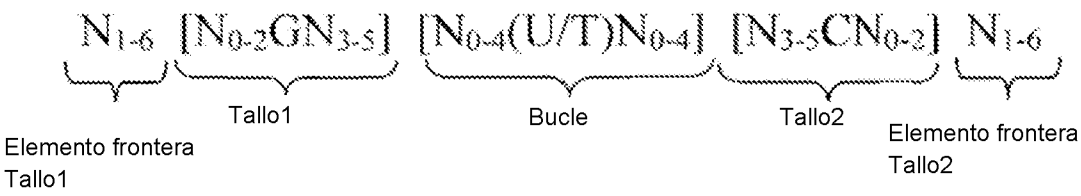
6. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-5, donde el elemento 5'UTR no comprende un codón de inicio o un marco de lectura abierto.

7. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 2-6, donde el al menos un tallo-bucle de histona se selecciona de las siguientes fórmulas (I) o (II):

fórmula (I) (secuencia de tallo-bucle sin elementos frontera de tallo):



fórmula (II) (secuencia tallo-bucle con elementos frontera del tallo):



elementos frontera del tallo1 o tallo2 N_{1-6} es una secuencia consecutiva de 1 a 6, preferiblemente de 2 a 6, más preferiblemente de 2 a 5, aún más preferiblemente de 3 a 5, más preferiblemente de 4 a 5 o de 5 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de entre A, U, T, G y C, o un análogo de nucleótido del mismo;

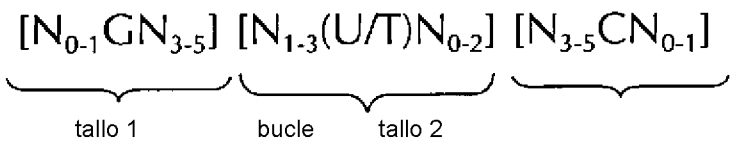
tallo1 $[N_{0-2}GN_{3-5}]$ es complementaria inversa o complementaria parcialmente inversa con el elemento tallo2 y es una secuencia consecutiva de entre 5 a 7 nucleótidos; donde N_{0-2} es una secuencia consecutiva de 0 a 2, preferiblemente de 0 a 1, más preferiblemente de 1 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo; donde N_{3-5} es una secuencia consecutiva de 3 a 5, preferiblemente de 4 a 5, más preferiblemente de 4 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo, y donde G es guanosina o un análogo de la misma, y se puede reemplazar opcionalmente por una citidina o un análogo de la misma, siempre que su citidina de nucleótido complementario en tallo2 se reemplace por guanosina;

secuencia bucle $[N_{0-4}(U/T)N_{0-4}]$ se ubica entre los elementos tallo1 y tallo2 y es una secuencia consecutiva de 3 a 5 nucleótidos, más preferiblemente de 4 nucleótidos; donde cada N_{0-4} es independiente de otra secuencia consecutiva de 0 a 4, preferiblemente de 1 a 3, más preferiblemente de 1 a 2 N, donde cada N se selecciona de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo; donde U/T representa uridina, u opcionalmente timidina;

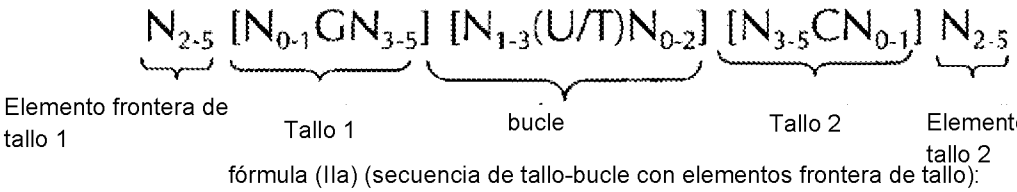
tallo2 $[N_{3-5}CN_{0-2}]$ es complementaria inversa o complementaria parcialmente inversa al elemento tallo1 y es una secuencia consecutiva de 5 a 7 nucleótidos; donde N_{3-5} es una secuencia consecutiva de 3 a 5, preferiblemente de 4 a 5, más preferiblemente de 4 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G y C o un análogo de nucleótido del mismo; siendo N_{0-2} una secuencia consecutiva de 0 a 2, preferiblemente de 0 a 1, más preferiblemente de 1 N, donde cada N se selecciona independientemente de un nucleótido seleccionado de A, U, T, G o C o un análogo de nucleótido del mismo; y donde C es citidina o un análogo de la misma, y se puede reemplazar opcionalmente por una guanosina o un análogo de la misma siempre que su guanosina de nucleósido complementario en tallo1 se reemplace por citidina;

donde tallo1 y tallo2 son capaces de apareamiento de bases entre sí formando una secuencia inversa complementaria, donde el apareamiento de bases puede ocurrir entre tallo1 y tallo2 o forman una secuencia complementaria parcialmente inversa, donde un apareamiento de bases incompleto puede ocurrir entre tallo1 y tallo2.

8. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 2-7, donde el al menos un tallo-bucle de histona se selecciona de al menos una de las siguientes fórmulas (Ia) o (IIa):



fórmula (Ia) (secuencia de tallo-bucle sin elementos frontera de tallo)



fórmula (IIa) (secuencia de tallo-bucle con elementos frontera de tallo):

9. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-8, que además comprende
d. una secuencia poli(A) y/o una señal de poliadenilación.

10. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-9, que además comprende:
e. una secuencia poli(C).

11. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-10, que además comprende:
f. al menos un elemento 3'UTR.

12. Molécula de ácido nucleico artificial según la reivindicación 11, donde el al menos un elemento 3'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una 3'UTR de un gen que proporciona un ARNm estable o de una variante funcional de la 3'UTR de un gen que proporciona un ARNm estable.

13. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-12, donde el elemento 5'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32) de vertebrado, de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35) de vertebrado, de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21) de vertebrado, una ATP-sintasa de vertebrado, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4) de vertebrado, un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1) de vertebrado, un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) de vertebrado o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 de vertebrado o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, con mayor preferencia de la 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32) de mamífero, de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35) de mamífero, de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21) de mamífero, una ATP-sintasa de mamífero, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4) de mamífero, un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1) de mamífero, un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) de mamífero o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 de mamífero o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, con total preferencia de la 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32) humana, de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35) humana, de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21) humana, una ATP-sintasa humana, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4) humano, un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1) humano, un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) humano o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 de mamífero o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, donde preferentemente, el elemento 5'UTR, preferentemente la molécula de ácido nucleico artificial mo comprende el 5'TOP de dicho gen.

14. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 2-13, donde el al menos un tallo-bucle de histona comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico seleccionada del grupo consistente en las SEQ ID NO. 1391-1433, preferentemente del grupo consistente en las SEQ ID No. 1403-1433.

15. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 2-13, donde el al menos un tallo-bucle de histona comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente el 80%, preferentemente de al menos aproximadamente el 85%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente el 90%, incluso con mayor preferencia de al menos aproximadamente el 95% con una secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o con la secuencia de ARN correspondiente, donde preferentemente las posiciones 6, 13 y 20 de la secuencia que tiene una identidad de al menos aproximadamente el 80%, preferentemente de al menos aproximadamente el 85%, con mayor preferencia de al menos aproximadamente el 90%, incluso con mayor preferencia de al menos aproximadamente el 95% con una secuencia según la SEQ ID NO. 1433 o con la secuencia de ARN correspondiente están conservados, es decir, son idénticos a los nucleótidos en las posiciones 6, 13 y 20 de la SEQ ID NO. 1433 o los nucleótidos de ARN correspondiente.

16. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 11-15, donde el elemento 3'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico derivada de la 3'UTR de un gen seleccionado del grupo consistente en un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen β-globina, un gen de tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa y un gen de colágeno-alfa, o de una variante de una 3'UTR de un gen seleccionado del grupo consistente en un gen de albúmina, un gen de α-globina, un gen β-globina, un gen de tirosina-hidroxilasa, un gen de lipoxigenasa y un gen de colágeno-alfa, donde el al menos un elemento 3'UTR preferentemente comprende o consiste en

una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 3'UTR de un gen de albúmina de vertebrado o de una variante del mismo, preferentemente la 3'UTR de un gen de albúmina de mamífero o de una variante del mismo, más preferentemente de la 3'UTR de un gen de albúmina humana o de una variante del mismo, incluso con mayor preferencia de la 3'UTR del gen de albúmina humana según el número de acceso al GenBank NM_000477.5 o de una variante del mismo; o

una secuencia de ácido nucleico que se deriva de la 3'UTR de un gen de α-globina de vertebrado o de una variante del mismo, preferentemente de la 3'UTR de un gen de α-globina de mamífero o de una variante del mismo, más preferentemente de la 3'UTR de un gen de α-globina humano o de una variante del mismo.

17. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 11-16, donde el al menos un elemento 3'UTR comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente el 80%, más preferentemente de al menos aproximadamente el 90%, de manera más preferente de al menos aproximadamente el 95%, incluso con mayor preferencia de al menos aproximadamente el 99% con una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1369-1377 y 1434 o una secuencia de ARN correspondiente, o donde el al menos un elemento 3'UTR comprende o consiste en un fragmento funcional de una secuencia de ácido nucleico que tiene una identidad de al menos aproximadamente el 80%, más preferentemente de al menos aproximadamente el 90%, de manera más preferente de al menos aproximadamente el 95%, incluso con mayor preferencia de al menos aproximadamente el 99% con una secuencia de ácido nucleico seleccionada de las SEQ ID NO. 1369-1377 y 1434 o una secuencia de ARN correspondiente,

18. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-17, donde la molécula artificial de ácido nucleico, preferentemente el marco de lectura abierto, está al menos parcialmente modificado en G/C, preferentemente donde el contenido de G/C del marco de lectura abierto está incrementado en comparación con el marco de lectura abierto de tipo salvaje.

19. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-18, que es un ARN, preferentemente una molécula de ARNm.

20. Vector que comprende:

a. al menos un elemento de región no traducida 5' (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos,
donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR natural de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o u gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1, donde la al menos una función es estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir de un ARNm y

b. al menos un marco de lectura abierto (ORF) y/o un sitio de clonación,

donde el elemento 5'UTR y el marco de lectura abierto son heterólogos.

21. Vector según la reivindicación 20, que además comprende

c. al menos un tallo-bucle de histona.

22. Vector según la reivindicación 20 o 21, que es un vector de ADN, preferentemente un vector plásmido o un vector viral.

23. Vector según cualquiera de las reivindicaciones 20-22, que comprende o codifica para una molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-19.

24. Célula que comprende la molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-19 o el vector según cualquiera de las reivindicaciones 20-23, donde la célula preferentemente es una célula de mamífero, más preferentemente una célula aislada de un sujeto mamífero, con mayor preferencia de un sujeto humano.

25. Composición farmacéutica que comprende la molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-19, el vector según cualquiera de las reivindicaciones 20-23 o la célula según la reivindicación 24, que opcionalmente comprende uno o más diluyentes y/o excipientes farmacéuticamente aceptables y/o uno o más adyuvantes.

26. Molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-19, el vector según cualquiera de las reivindicaciones 20-23 o la célula según la reivindicación 24 o la composición farmacéutica según la reivindicación 25 para su uso como medicamento, preferentemente para su uso como vacuna o para su uso en la terapia génica.

27. Método *in vitro* para aumentar la producción de proteínas a partir de una molécula de ácido nucleico artificial, que comprende la etapa de proporcionar la molécula de artificial con

i. al menos un elemento de la región no traducida 5' (elemento 5'UTR) que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos,
donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR natural de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o u gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1, donde la al menos una función es estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir de un ARNm,
ii. preferentemente al menos un tallo-bucle de histona y
iii. opcionalmente una secuencia poli(A) o una señal de poliadenilación.

28. Uso *in vitro* de un elemento 5' que comprende o consiste en una secuencia de ácido nucleico que se deriva de una región 5'UTR de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o un gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1 o de un fragmento funcional o de una variante funcional de los mismos, donde el fragmento o la variante funcional cumple al menos una función de la 5'UTR natural de un gen de una proteína ribosomal Large 32 (RPL32), de un gen de una proteína ribosomal Large 35 (RPL35), de un gen de una proteína ribosomal Large 21 (RPL21), una ATP-sintasa, un transportador H^+, un complejo F1 mitocondrial, una subunidad 1 alfa, un gen de músculo cardiaco (ATP5A1), un gen 15 de una deshidrogenasa 4 hidroesteroide (17-beta) (HSD17B4), un gen de andrógeno-inducido 1 (AIG1), un gen de la subunidad Vlc de citocromo c oxidasa (COX6C) o u gen de N-acilesfingosina amidohidrolasa (ceramidasa ácida) 1, donde la al menos una función es estabilizar el ARNm y/o estabilizar y/o prolongar la producción de proteína a partir de un ARNm y que preferentemente comprende además al menos un tallo-bucle de histona para incrementar la producción de proteína a partir de una molécula de ácido nucleico.

29. Kit o kit de partes que comprende una molécula de ácido nucleico artificial según cualquiera de las reivindicaciones 1-19, el vector según cualquiera de las reivindicaciones 20-23, la célula según la reivindicación 24 y/o la composición farmacéutica según la reivindicación 25, preferentemente comprendiendo el kit o kit de partes además instrucciones de uso, células para la transfección, un adyuvante, medios para la administración de la composición farmacéutica, un vehículo farmacéuticamente aceptable y/o una solución farmacéuticamente aceptable para la disolución o la dilución de la molécula de ácido nucleico artificial, del vector o de la composición farmacéutica.

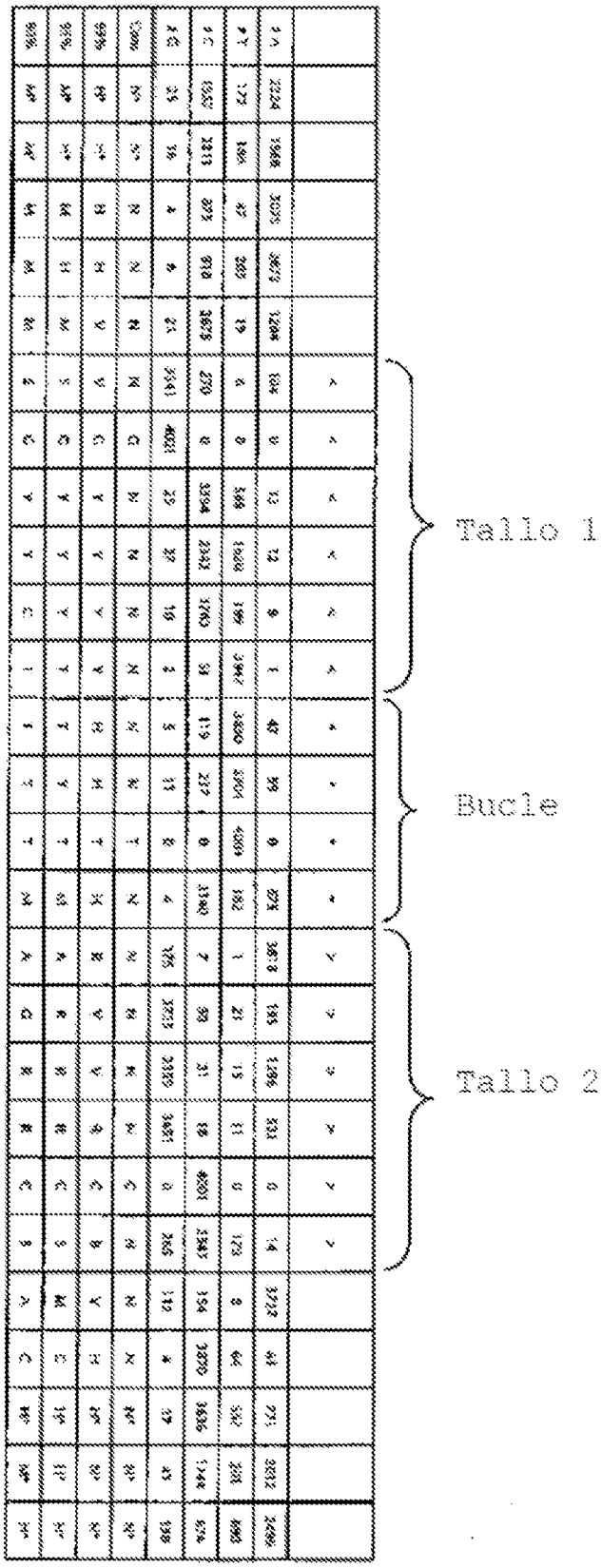


Figura 1

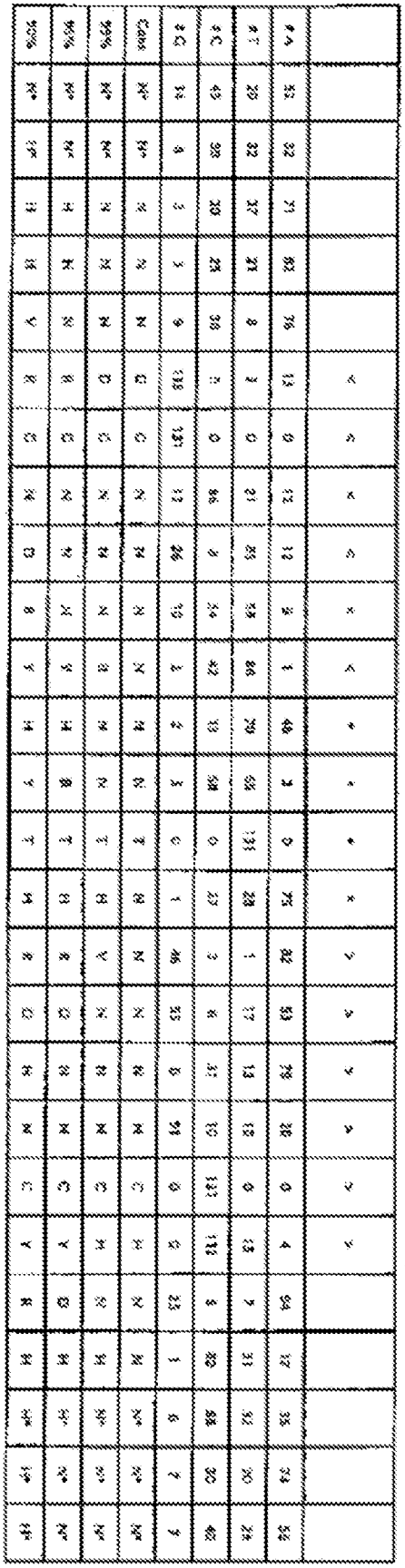


Figura 2

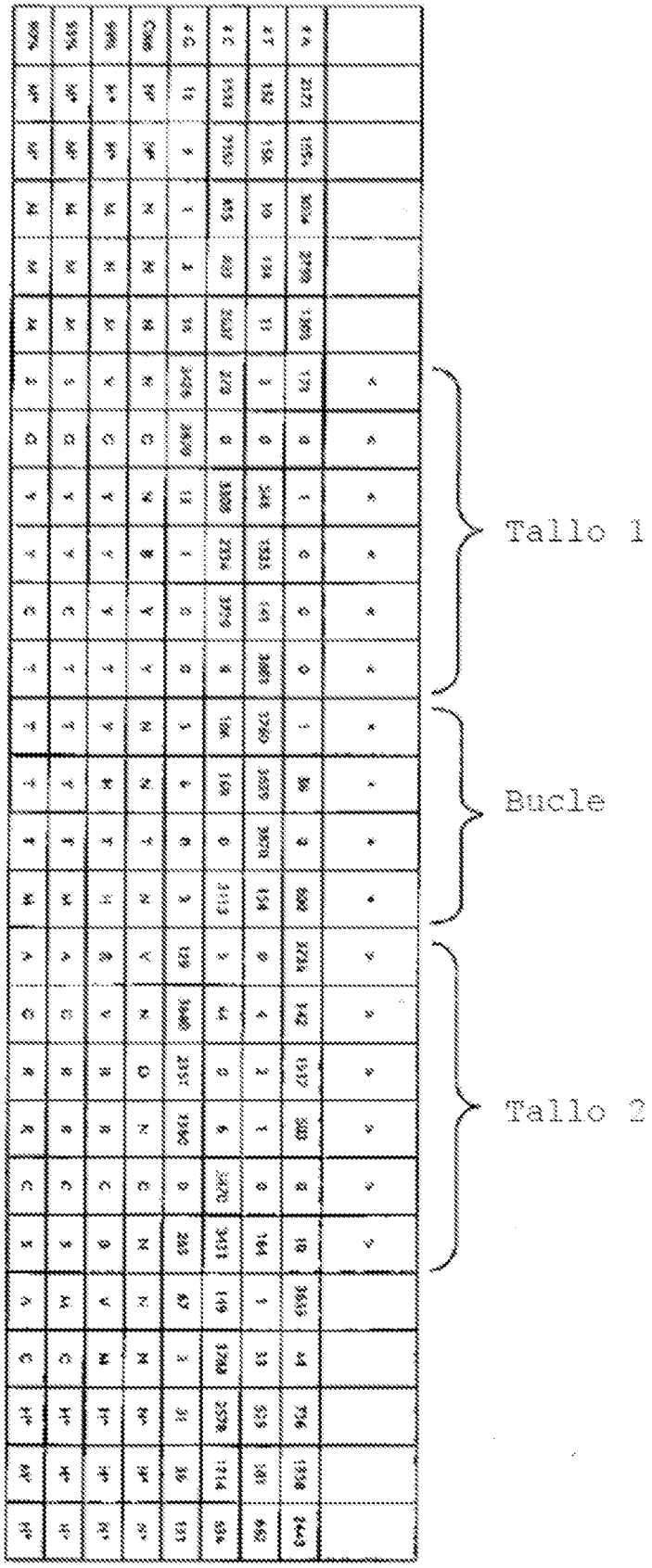


Figura 3

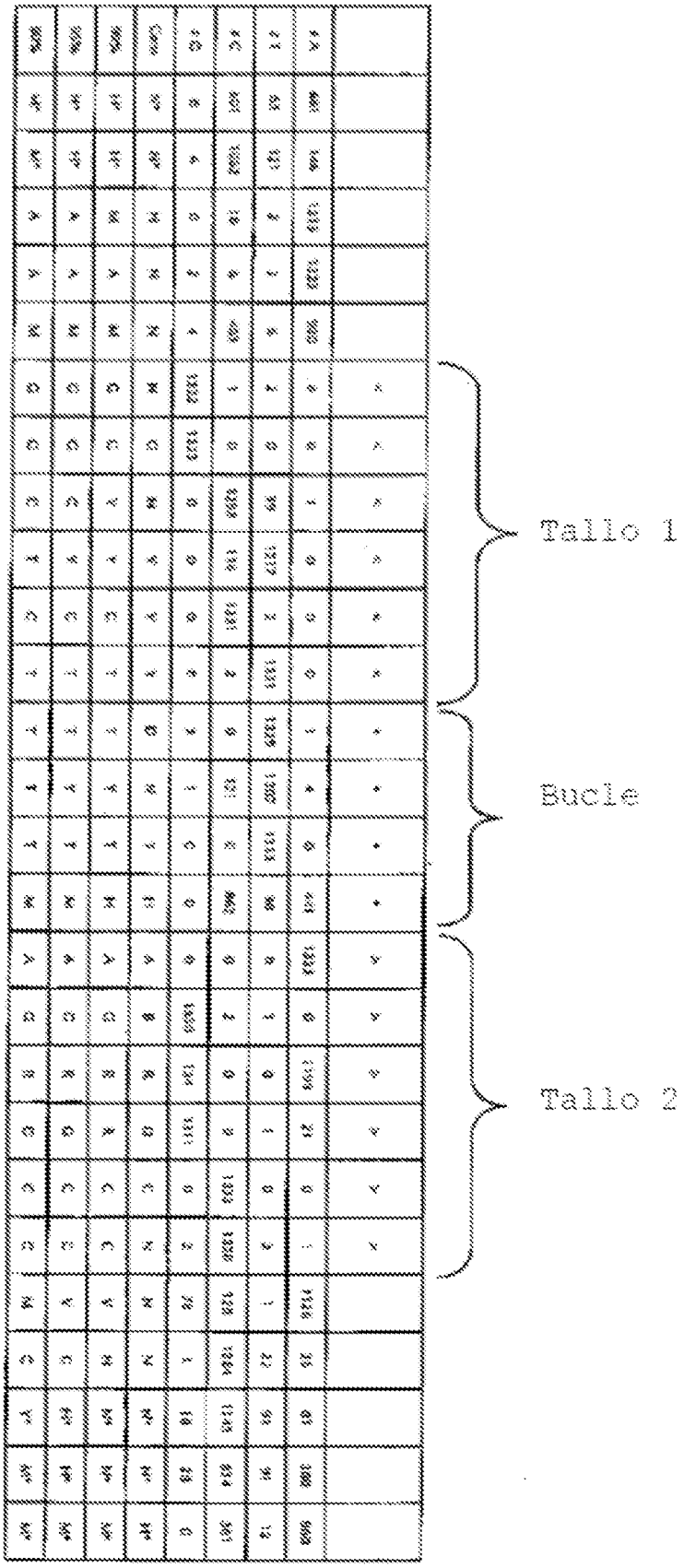


Figura 4

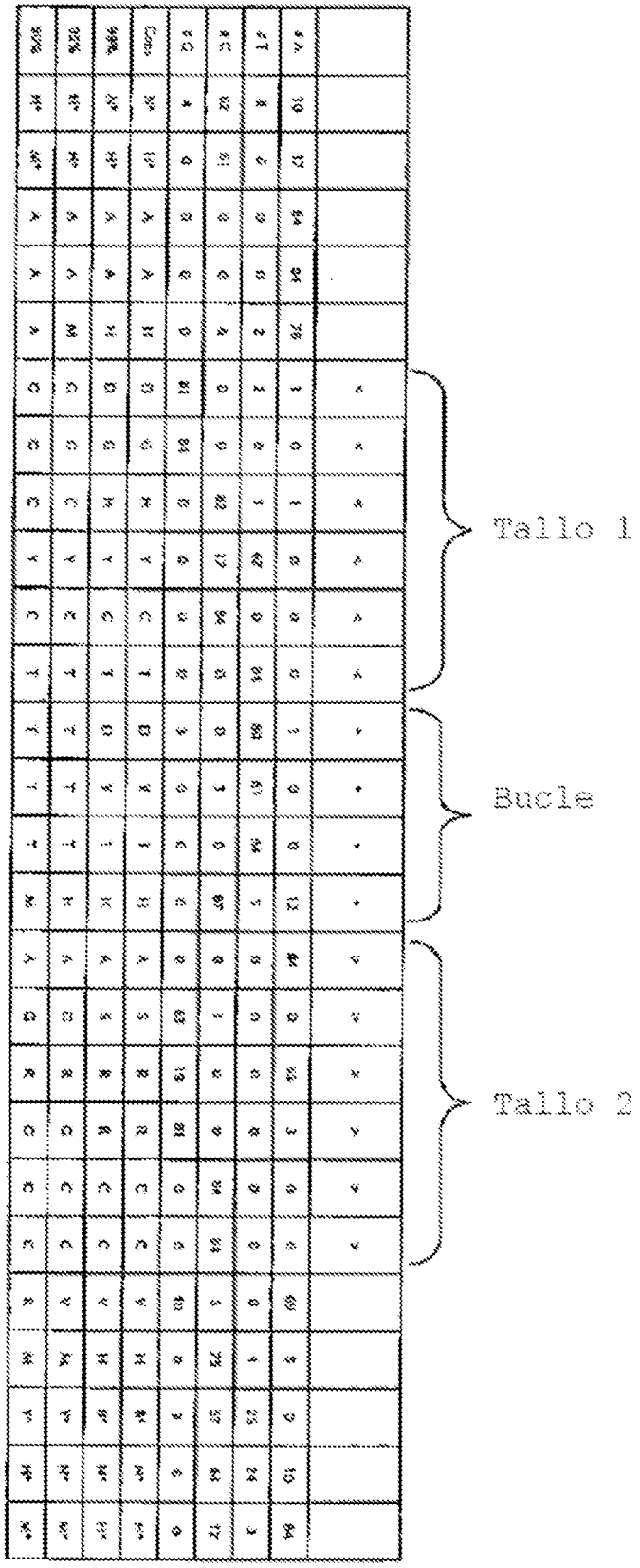


Figura 5

secuencia de nucleótidos de PpLuc(CG)-ag-A64

GGGAGAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTA
CCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCT
GGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGA
GTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAA
CCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGC
CCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGCCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCT
GAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAA
GATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAA
GACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGG
CTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGAT
CATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGC
CTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACAC
CGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTA
CCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCG
GAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTT
CGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGG
GGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGG
CATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGG
GGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGA
CCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGCGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCC
GATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGA
CGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGT
CGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGA
GAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGA
CGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGA
GAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGG
CGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGAT
CCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATA
AGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTA
ATAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAA

Figura 6

secuencia de nucleótidos de RPL32-PpLuc(CG)-ag-A64-C30-histonaSI

GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGCCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGCGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAGATCTAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 7

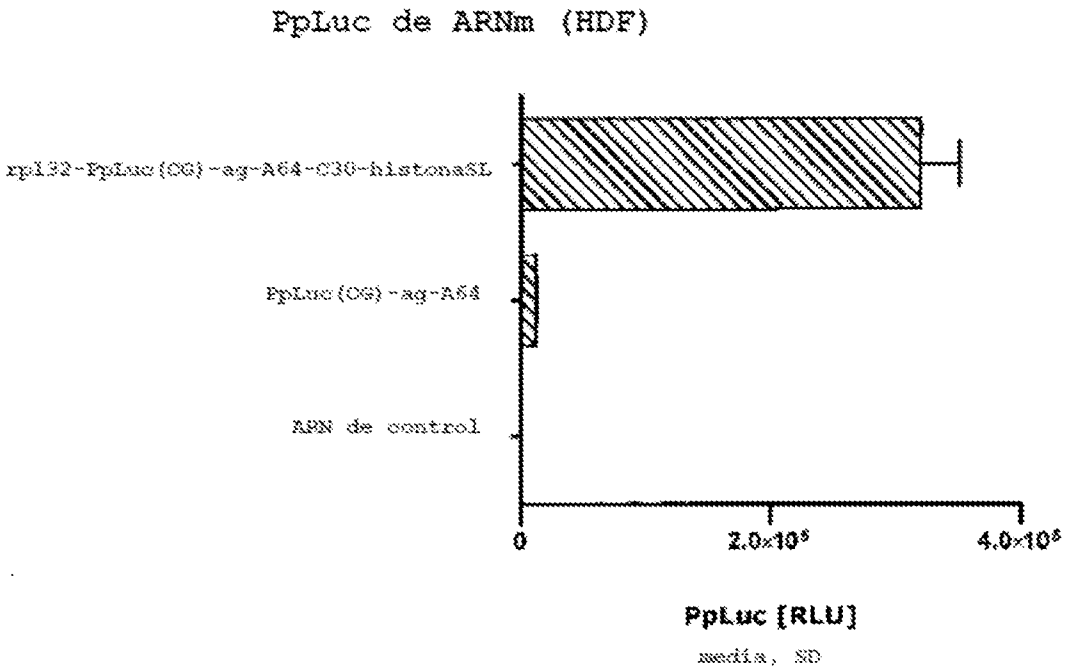

PpLuc de ARNm (HDF)
rpl32-PpLuc(OG)-ag-A64-C30-histona5L
PpLuc(OG)-ag-A64
APN de control
0
2.0×10⁵
4.0×10⁵
PpLuc [RLU]
media, SD

Figura 8

secuencia de nucleótidos de PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGGAGAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAACGGCCCGGCGCCCTTCTA
CCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCT
GGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGA
GTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAA
CCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGC
CCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCT
GAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAA
GATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAA
GACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGG
CTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGAT
CATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGC
CTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACAC
CGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTA
CCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCG
GAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTT
CGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGG
GGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGG
CATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGG
GGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGA
CCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCC
GATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGA
CGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGT
CGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGA
GAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGA
CGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGA
GAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGG
CGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGAT
CCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATA
AGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTA
ATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAATGCATCAAAGCCTCTTTTCAGAGCCACCA

Figura 9

secuencia de nucleótidos de RPL32-PpLuc(CG)-ag-A64

GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACCACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAGATCTAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Figura 10

secuencia de nucleótidos de RPL32-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTT
TTCAGAGCCACCA

Figura 11

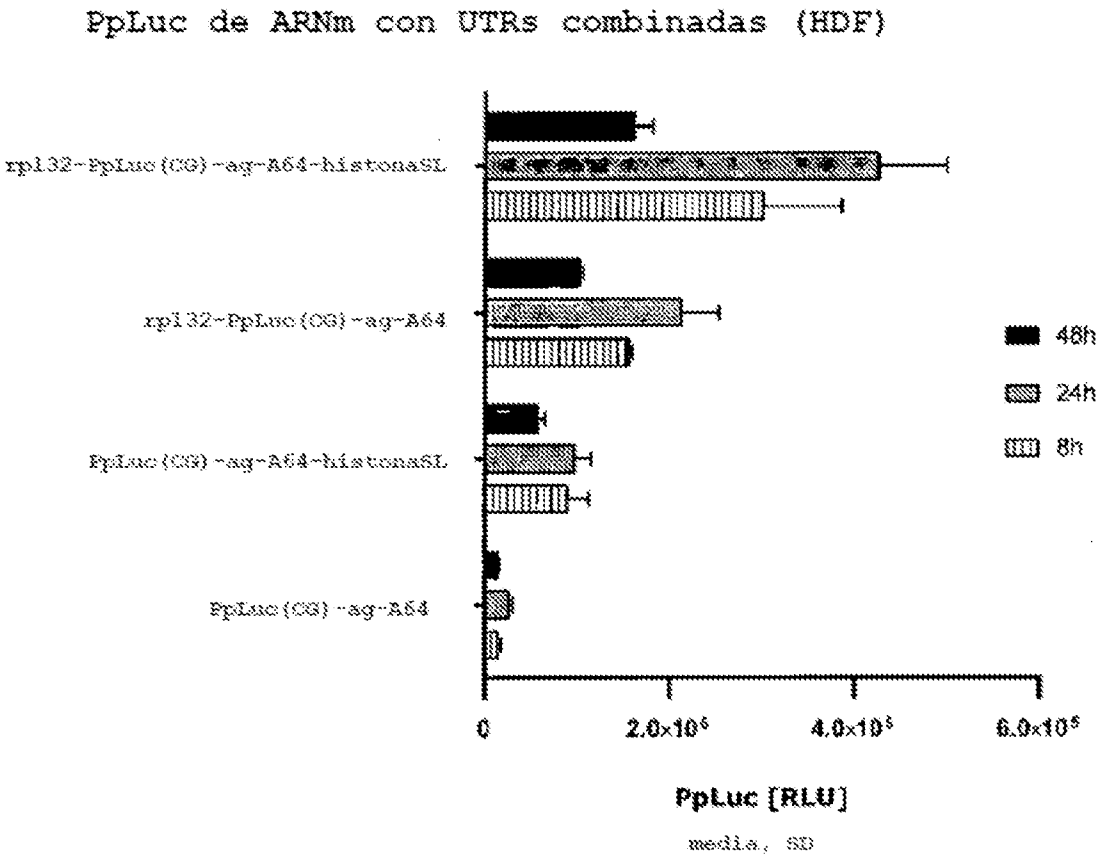

PpLuc de ARNm con UTRs combinadas (HDF)
rpl32-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL
rpl32-PpLuc(CG)-ag-A64
PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL
PpLuc(CG)-ag-A64
48h
24h
8h
0
2.0x10^6
4.0x10^6
6.0x10^6
PpLuc [RLU]
media, SD

Figura 12

secuencia de nucleótidos de RPL32-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C3 histonaSL

GGGGCGCTGCCTACGGAGGTGGCAGCCATCTCCTTCTCGGCATCAAGCTTGAGGATGCAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGCTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGCCACCAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCCGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCC
TACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTT
TCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCT
CTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 13

secuencia de nucleótidos de RPL35-PpLuc(CG)-albúmina7-A6-C30-histonaSL

GGGGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGCCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACCGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGA
GAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGT
GTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTC
TGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 14

secuencia de nucleótidos de RFL21-FpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGGGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACCATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGCATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGA
GAATAAGAGAAAGAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGT
GTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTC
TGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 15

secuencia de nucleótidos de atp5a1-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGGCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCT
CCGGAGTAACTGCAAAGAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCG
GCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAG
CGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATC
ACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGC
CTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCG
GTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAG
CGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAG
GGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATC
ATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTCACCAGCCAC
CTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACC
ATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCG
CACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATC
ATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACG
ACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAG
CTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTG
TTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAG
ATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTC
CACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATC
ACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCC
AAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGC
GTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTC
ATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCAC
TTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCG
GCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGG
CTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAG
ACCATGACCGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAG
CTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTCGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGAC
GCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA
GACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATG
AAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTC
TAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAA
AATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC
AAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 16

secuencia de nucleótidos de HSD17B4-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGGTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTT
ATTCAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACC
CGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGG
TGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGT
ACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACC
ACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCC
TCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGA
ACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGA
TCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGA
CCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCT
TCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCA
TGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCT
GCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCG
CCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACC
TCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGA
GCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCG
CCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGG
GCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCA
TCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGG
ACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACC
TGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGA
TGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACG
GCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCG
ACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGA
GCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCGGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACG
ACGCCGGCGAGCTGCCGGCGGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGA
AGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCG
TGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCC
GCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCA
CATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCT
TATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAA
TTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACC
TAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTC
AGAGCCACCAGAATT

Figura 17

secuencia de nucleótidos de AIG1-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGGCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAACAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAA
CATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCT
CCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCA
CATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTCGCCCTGGCCCAGGC
CATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCT
GCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAA
CGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGT
GTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCAT
CCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACAC
GTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTT
CGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAA
GGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCAT
CTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGG
CTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTA
CCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCT
GCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCT
GTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGC
CGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCAC
GAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGT
CCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCA
GCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGA
GGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTG
GGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGG
CTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGA
CGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGCACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGT
GCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGT
GACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCT
GACCGGCAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGG
CAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAA
TAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTCGTTGGTGTA
AAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGT
GCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 18

secuencia de nucleótidos de COX6C-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGAGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACCAA
GCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGG
AGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGG
GCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCG
AGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGA
TCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCA
TCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCA
TGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGA
ACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACT
ACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACG
AGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACA
GCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGC
GCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCC
TGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCT
GCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGCTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGC
AGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGA
GCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCC
CGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCC
AGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACCAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACA
AGCCGGGCGCCGTCGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACA
CCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCA
TGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGC
TGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTGGACCGGC
TGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCC
TGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCG
GCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGA
TCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGT
TCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGA
TCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTA
AAAGCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAATGAAGATCAATAGCTTATTCA
TCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTT
TAATCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATC
TAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCC
ACCAGAATT

Figura 19

secuencia de nucleótidos de ASAH1-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGGCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCGAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACCAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAATGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCC
TACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTT
TCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCT
CTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 20

PpLuc de ARNm con TOP 5'-UTR(HDF)

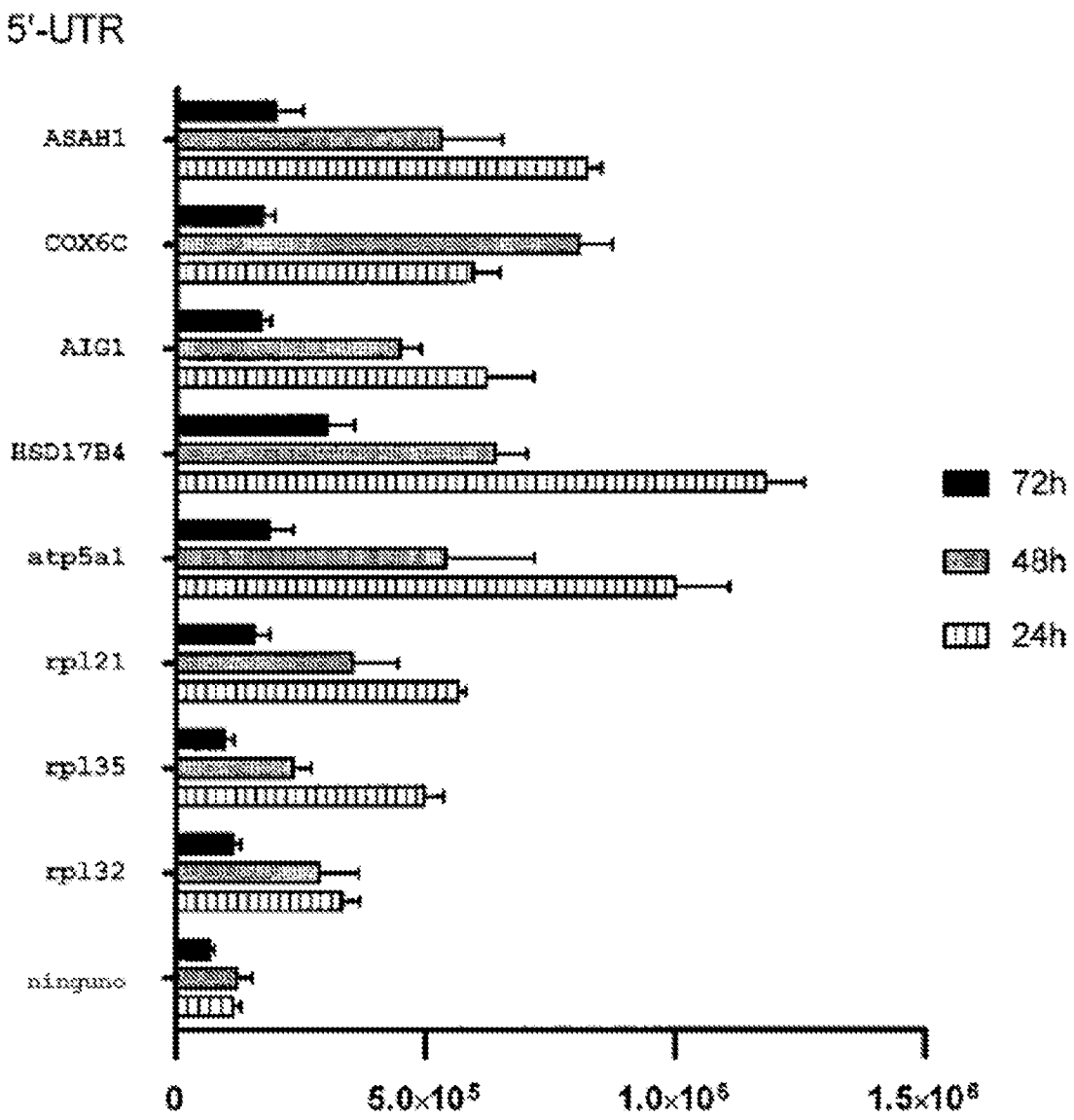


Figura 21

secuencia de nucleótidos de RPL35-PpLuc(CG)-ag-A64

GGGGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCAAAGCTTGACGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Figura 22

secuencia de nucleótidos de rpl21-PpLuc(CG)-ag-A64

GGGGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGCGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGCGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Figura 23

secuencia de nucleótidos de atp5a1-PpLuc(CG)-ag-A64

GGGCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCT
GCGGAGTAACTGCAAAGAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCG
GCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAG
CGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATC
ACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGC
CTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCG
GTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAG
CGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAG
GGCCTGCAGAACATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATC
ATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCAC
CTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACC
ATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCG
CACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATC
ATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACG
ACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAG
CTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTG
TTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAG
ATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTC
CACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATC
ACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCC
AAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGC
GTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTC
ATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCAC
TTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCG
GCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGG
CTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAG
ACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAG
CTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGAC
GCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA
GACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTG
CACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAA

Figura 24

secuencia de nucleótidos de HSD17B4-PpLuc(CG)-ag-A64

GGGTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTT
ATTCAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACC
CGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGG
TGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGT
ACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACC
ACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCC
TCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGA
ACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGA
TCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGA
CCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCT
TCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCA
TGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCT
GCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCG
CCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACC
TCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGA
GCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCG
CCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGCGG
GCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCA
TCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGG
ACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACC
TGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGA
TGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACG
GCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCG
ACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGA
GCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACG
ACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGA
AGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCG
TGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCC
GCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAG
ACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAAT
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAA

Figura 25

secuencia de nucleótidos de AIG1-PpLuc(CG)-ag-A64

GGGCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAACAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAA
CATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCT
CCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCA
CATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGC
CATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCT
GCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAA
CGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGT
GTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCAT
CCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACAC
GTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTT
CGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAA
GGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGCACCCCAT
CTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGG
CTTCGGCATGTTCACCGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTA
CCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCCCT
GCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCT
GTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGC
CGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCAC
GAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGT
CCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCA
GCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGA
GGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTG
GGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGG
CTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGA
CGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGT
GCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGT
GACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCT
GACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGG
CAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGC
CCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Figura 26

secuencia de nucleótidos de COX6C-PpLuc(CG)-ag-A64

GGAGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACCAA
GCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGG
AGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGG
GCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCG
AGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGA
TCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCCGTGCTGGGCGCCCTCTTCA
TCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCA
TGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGA
ACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACT
ACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACG
AGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACA
GCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGC
GCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCC
TGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCT
GCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGC
AGGACTACAACATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGA
GCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCC
CGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCC
AGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGCGACGACA
AGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACA
CCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCA
TGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGC
TGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGC
TGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCC
TGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCG
GCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGA
TCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGT
TCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGA
TCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGAC
TAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Figura 27

secuencia de nucleótidos de ASAH1-PpLuc(CG)-ag-A64

GGGCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCGAAGCTTGAGGATGGAG
GACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCC
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Figura 28

secuencia de nucleótidos de RPL35-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGGGAGCGGGCGGCGGCGTTGGCGGCTTGTGCAGCAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGCGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGC
CACCA

Figura 29

secuencia de nucleótidos de rpl21-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGGGCCGGAACCGCCATCTTCCAGTAATTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACG
GGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGC
CACCA

Figura 30

secuencia de nucleótidos de atp5a1-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGCCGGCTCGGCCATTTTGTCCCAGTCAGTCCGGAGGCTGCGGCTGCAGAAGTACCGCCT
GCGGAGTAACTGCAAAGAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCG
GCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAG
CGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATC
ACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGC
CTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCG
GTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAG
CGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAG
GGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATC
ATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCAC
CTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACC
ATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGTGGCCCTGCCG
CACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATC
ATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACG
ACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAG
CTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTG
TTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAG
ATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGCCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTC
CACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATC
ACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCC
AAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGC
GTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTC
ATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCAC
TTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCG
GCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGG
CTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAG
ACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAG
CTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGAC
GCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAA
GACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTG
CACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA

Figura 31

secuencia de nucleótidos de HSD17B4-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGGTCCCGCAGTCGGCGTCCAGCGGCTCTGCTTGTTCGTGTGTGTGTCGTTGCAGGCCTT
ATTCAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACC
CGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGG
TGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGT
ACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACC
ACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCC
TCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGA
ACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGA
TCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGA
CCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCT
TCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCA
TGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCT
GCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCG
CCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACC
TCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGA
GCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCG
CCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGG
GCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCA
TCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGG
ACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACC
TGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGA
TGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACG
GCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCG
ACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGA
GCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACG
ACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGA
AGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCG
TGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCC
GCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAG
ACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAAT
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA

Figura 32

secuencia de nucleótidos de AIG1-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGGCCGCCCAGCCGGTCCAGGCCTCTGGCGAACAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAA
CATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCT
CCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGCCCA
CATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGC
CATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCT
GCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAA
CGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGT
GTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCAT
CCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACAC
GTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTT
CGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAA
GGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCCCACGCCCCGGGACCCCAT
CTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGG
CTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTA
CCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCT
GCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGACCT
GTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGC
CGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGACCAC
GAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGT
CCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCA
GCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGA
GGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTACTG
GGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGG
CTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGA
CGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGT
GCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGT
GACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCT
GACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGG
CAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGC
CCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCAC
CA

Figura 33

secuencia de nucleótidos de COX6C-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGAGTCAGGAAGGACGTTGGTGTTGAGGTTAGCATACGTATCAAGGACAGTAACTACCAA
GCTTGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGG
AGGACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGG
GCACGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCG
AGATGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGA
TCGTGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCA
TCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCA
TGGGGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGA
ACGTGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACT
ACCAGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACG
AGTACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACA
GCAGCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGC
GCTTCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCC
TGAGCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCT
GCGGCTTCCGGGTGGTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGC
AGGACTACAAGATCCAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGA
GCACCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCC
CGCTGAGCAAGGAGGTGGCCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCC
AGGGCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACA
AGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACA
CCGGCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCA
TGAGCGGCTACGTGAACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGC
TGCACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGC
TGAAGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCC
TGCTCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCG
GCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGA
TCGTCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGT
TCGTGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGA
TCCTGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGAC
TAGCCCGATGGGCCTCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
TGCATCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCA

Figura 34

secuencia de nucleótidos de ASAH1-PpLuc(CG)-ag-A64-histonaSL

GGGCCTCTGCTGGAGTCCGGGGAGTGGCGTTGGCTGCTAGAGCGAAGCTTGAGGATGGAG
CACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCC
GGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTC
ACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGC
CTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCGTGGTGTGCTCG
GAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTC
GCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAG
CCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAG
CTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAG
TCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTC
CCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACC
GGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCC
CGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCG
TTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTG
GTCCTGATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATC
CAGAGCGCGCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGAC
AAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAG
GTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTG
ACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTG
GGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTG
GGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGGCCGATGATCATGAGCGGCTACGTG
AACAACCCGGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGAC
ATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATC
AAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCC
AACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCC
GCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTG
GCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTC
CCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCC
AAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTTATAAGACTGACTAGCCCGATGGGCC
TCCCAACGGGCCCTCCTCCCCTCCTTGCACCGAGATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCAAAGGCTCTT
TTCAGAGCCACCA

Figura 35

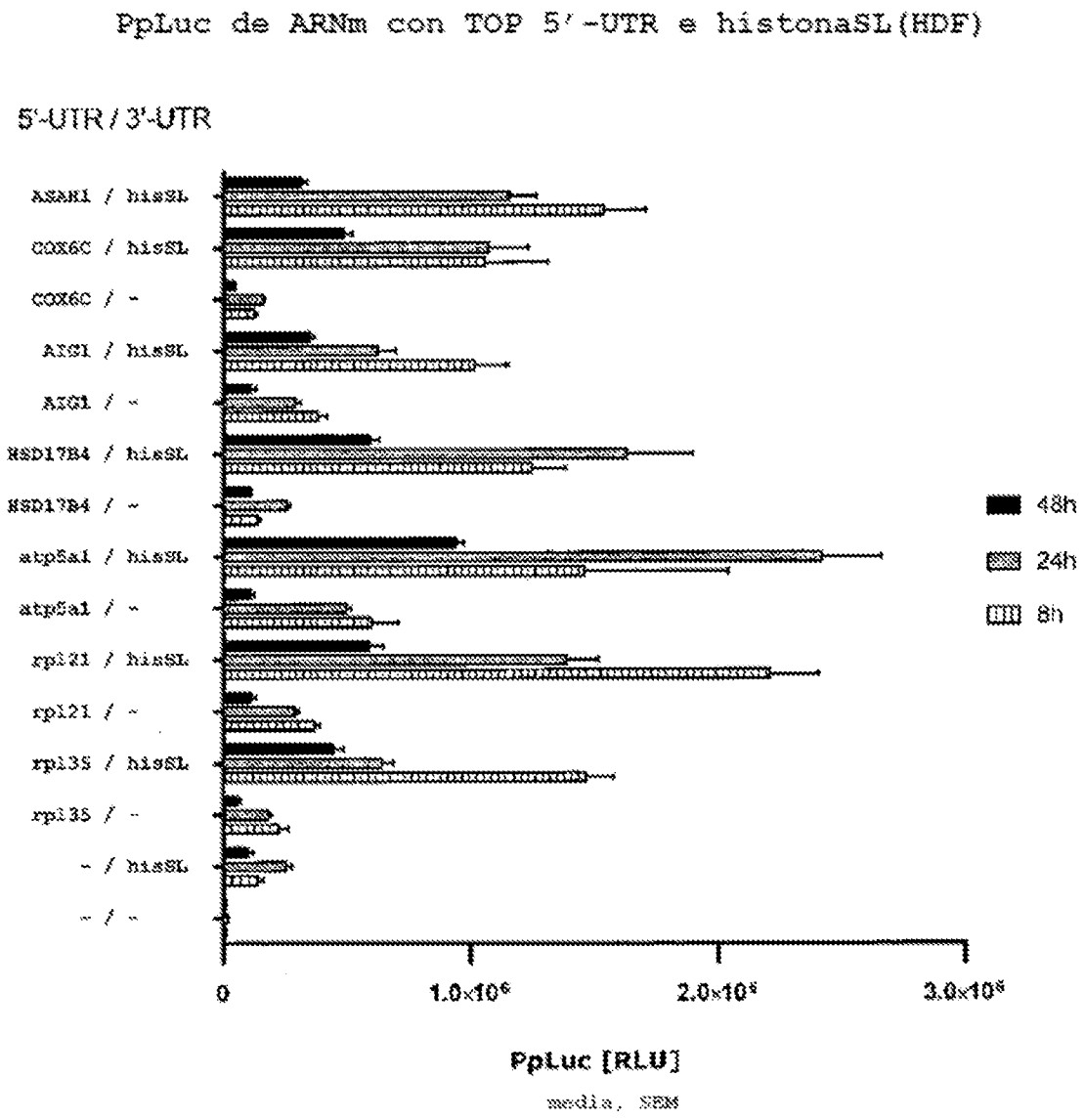

PpLuc de ARNm con TOP 5'-UTR e histonaSL(HDF)
5'-UTR / 3'-UTR
ASAH1 / hisSL
COX6C / hisSL
COX6C / -
AIG1 / hisSL
AIG1 / -
HSD17B4 / hisSL
HSD17B4 / -
atp5a1 / hisSL
atp5a1 / -
rpl21 / hisSL
rpl21 / -
rpl35 / hisSL
rpl35 / -
- / hisSL
- / -
48h
24h
8h
0
1.0x10^8
2.0x10^8
3.0x10^8
PpLuc [RLU]
media, SEM

Figura 36

secuencia de nucleótidos de mRPL21-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGGGCCGCCGCAGCCATCTTCCAGTAACTCGCCAAAAAGCTTGAGGATGGAGGACGCCAA
GAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGGACGGGACCGCCGGCGAGCA
GCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCACGATCGCCTTCACCGACGC
CCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGATGAGCGTGCGCCTGGCCGA
GGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGCATCGTGGTGTGCTCGGAGAACAG
CCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCGGCGTGGCCGTCGCCCCGGC
GAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGGGGATCAGCCAGCCGACCGT
GGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACGTGCAGAAGAAGCTGCCCAT
CATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACCAGGGCTTCCAGTCGATGTA
CACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGTACGACTTCGTCCCGGAGAG
CTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCAGCGGCAGCACCGGCCTGCC
GAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCTTCTCGCACGCCCGGGACCC
CATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGAGCGTGGTGCCGTTCCACCA
CGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCGGCTTCCGGGTGGTCCTGAT
GTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGGACTACAAGATCCAGAGCGC
GCTGCTCGTGCCGACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCACCCTGATCGACAAGTACGA
CCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGGGGCGCCCCGCTGAGCAAGGAGGTGGGCGA
GGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGGGCTACGGCCTGACCGAGAC
CACGAGCGCCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGCCGGGCGCCGTGGGCAAGGT
GGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCGGCAAGACCCTGGGCGTGAA
CCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGAGCGGCTACGTGAACAACCC
GGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGCACAGCGGCGACATCGCCTA
CTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGAAGTCGCTGATCAAGTACAA
GGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGCTCCAGCACCCCAACATCTT
CGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCCGACGACGACGCCGGCGAGCTGCCGGCCGCGGTGGT
GGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCGTCGACTACGTGGCCAGCCA
GGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCGTGGACGAGGTCCCGAAGGG
CCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCCTGATCAAGGCCAAGAAGGG
CGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAAGCATCTCAGCCTACCATGA
GAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCTCTTTTTCTTTTTCGTTGGT
GTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAATCATTTTGCCTCTTTTCTC
TGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGCATCCCCCCCCCCC
CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACCAGAATT

Figura 37

secuencia de nucleótidos de mRPL35A2-PpLuc(CG)-albúmina7-A64-C30-histonaSL

GGGCCATCTTGGCGCCTGTGGAGGCCTGCTGGGAACAGGACTTCTAACAGCAAGTAAGCT
TGAGGATGGAGGACGCCAAGAACATCAAGAAGGGCCCGGCGCCCTTCTACCCGCTGGAGG
ACGGGACCGCCGGCGAGCAGCTCCACAAGGCCATGAAGCGGTACGCCCTGGTGCCGGGCA
CGATCGCCTTCACCGACGCCCACATCGAGGTCGACATCACCTACGCGGAGTACTTCGAGA
TGAGCGTGCGCCTGGCCGAGGCCATGAAGCGGTACGGCCTGAACACCAACCACCGGATCG
TGGTGTGCTCGGAGAACAGCCTGCAGTTCTTCATGCCGGTGCTGGGCGCCCTCTTCATCG
GCGTGGCCGTCGCCCCGGCGAACGACATCTACAACGAGCGGGAGCTGCTGAACAGCATGG
GGATCAGCCAGCCGACCGTGGTGTTCGTGAGCAAGAAGGGCCTGCAGAAGATCCTGAACG
TGCAGAAGAAGCTGCCCATCATCCAGAAGATCATCATCATGGACAGCAAGACCGACTACC
AGGGCTTCCAGTCGATGTACACGTTCGTGACCAGCCACCTCCCGCCGGGCTTCAACGAGT
ACGACTTCGTCCCGGAGAGCTTCGACCGGGACAAGACCATCGCCCTGATCATGAACAGCA
GCGGCAGCACCGGCCTGCCGAAGGGGGTGGCCCTGCCGCACCGGACCGCCTGCGTGCGCT
TCTCGCACGCCCGGGACCCCATCTTCGGCAACCAGATCATCCCGGACACCGCCATCCTGA
GCGTGGTGCCGTTCCACCACGGCTTCGGCATGTTCACGACCCTGGGCTACCTCATCTGCG
GCTTCCGCGTGGTCCTCATGTACCGGTTCGAGGAGGAGCTGTTCCTGCGGAGCCTGCAGG
ACTACAAGATCCAGAGCGCCCTGCTCGTGCCCACCCTGTTCAGCTTCTTCGCCAAGAGCA
CCCTGATCGACAAGTACGACCTGTCGAACCTGCACGAGATCGCCAGCGGCGGCGCCCCGC
TGAGCAAGGAGGTGGGCGAGGCCGTGGCCAAGCGGTTCCACCTCCCGGGCATCCGCCAGG
GCTACGGCCTGACCGAGACCACGAGCGCGATCCTGATCACCCCCGAGGGGGACGACAAGC
CGGGCGCCGTGGGCAAGGTGGTCCCGTTCTTCGAGGCCAAGGTGGTGGACCTGGACACCG
GCAAGACCCTGGGCGTGAACCAGCGGGGCGAGCTGTGCGTGCGGGGCCCGATGATCATGA
GCGGCTACGTGAACAACCCCGAGGCCACCAACGCCCTCATCGACAAGGACGGCTGGCTGC
ACAGCGGCGACATCGCCTACTGGGACGAGGACGAGCACTTCTTCATCGTCGACCGGCTGA
AGTCGCTGATCAAGTACAAGGGCTACCAGGTGGCGCCGGCCGAGCTGGAGAGCATCCTGC
TCCAGCACCCCAACATCTTCGACGCCGGCGTGGCCGGGCTGCCGGACGACGACGCCGGCG
AGCTGCCGGCCGCGGTGGTGGTGCTGGAGCACGGCAAGACCATGACGGAGAAGGAGATCG
TCGACTACGTGGCCAGCCAGGTGACCACCGCCAAGAAGCTGCGGGGCGGCGTGGTGTTCG
TGGACGAGGTCCCGAAGGGCCTGACCGGGAAGCTCGACGCCCGGAAGATCCGCGAGATCC
TGATCAAGGCCAAGAAGGGCGGCAAGATCGCCGTGTAAGACTAGTGCATCACATTTAAAA
GCATCTCAGCCTACCATGAGAATAAGAGAAAGAAAATGAAGATCAATAGCTTATTCATCT
CTTTTTCTTTTTCGTTGGTGTAAAGCCAACACCCTGTCTAAAAAACATAAATTTCTTTAA
TCATTTTGCCTCTTTTCTCTGTGCTTCAATTAATAAAAAATGGAAAGAACCTAGATCTAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AATGCATCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCAAAGGCTCTTTTCAGAGCCACC
AGAATT

Figura 38

PpLuc de ARNm con TOP 5'-UTR (HDF)

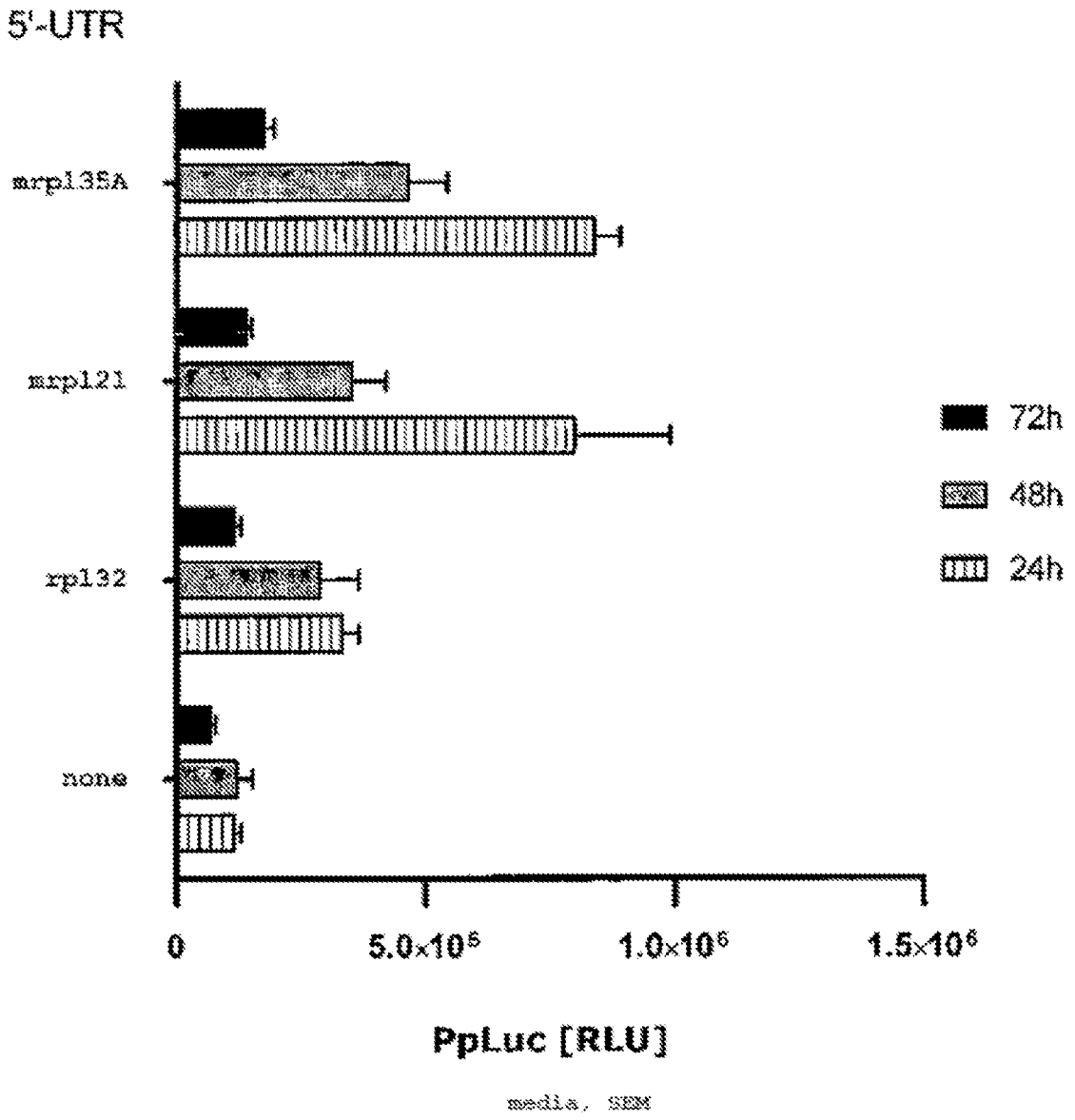


Figura 39