

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **3 027 507**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/6886 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **07.01.2011** **E 20210111 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **16.04.2025** **EP 3831964**

54 Título: **Método para utilizar la expresión génica para determinar la probabilidad del resultado clínico del cáncer renal**

30 Prioridad:

11.01.2010 US 29403810 P

19.05.2010 US 34623010 P

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

16.06.2025

73 Titular/es:

GENOMIC HEALTH, INC. (100.00%)

**101 Galveston Drive
Redwood City, CA 94063, US**

72 Inventor/es:

**SHAK, STEVEN;
GODDARD, AUDREY;
KNEZEVIC, DEJAN;
BAKER, JOFFRE B.;
KIEFER, MICHAEL C.;
MADDALA, TARA;
BAEHNER, FREDERICK L. y
COWENS, WAYNE**

74 Agente/Representante:

ISERN JARA, Jorge

Observaciones:

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

ES 3 027 507 T3

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

DESCRIPCIÓN

Método para utilizar la expresión génica para determinar la probabilidad del resultado clínico del cáncer renal

5 **Campo técnico**

La presente descripción se refiere a ensayos de diagnóstico molecular que proporcionan información con respecto al pronóstico en pacientes con cáncer.

10 **Introducción**

Cada año en los Estados Unidos hay aproximadamente 51.000 casos de carcinoma de células renales (cáncer de riñón) y cáncer del tracto urinario superior, resultando en más de 12.900 muertes. Estos tumores representan aproximadamente el 3 % de las neoplasias malignas en adultos. El carcinoma de células renales (RCC) representa aproximadamente el 3 por ciento de todos los cánceres en los Estados Unidos. Las predicciones para los Estados Unidos para el año 2007 eran que a 40.000 nuevos pacientes se les diagnosticaría RCC y que 13.000 morirían a causa de esta enfermedad.

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

En los EE. UU., el número de decisiones de tratamiento adyuvante que tomarán los pacientes con carcinoma de células renales en estadio temprano en 2005 superó las 25.000. Se espera que las tasas en la Unión Europea sean similares. Los médicos necesitan información sobre el pronóstico que les ayude a tomar decisiones informadas sobre el tratamiento de los pacientes con carcinoma de células renales y a reclutar a los pacientes de alto riesgo adecuados para los ensayos clínicos. Los cirujanos deben decidir cuánto riñón y tejido circundante extirparán basándose, en parte, en la predicción de la agresividad de un tumor en particular. En la actualidad, los tumores cancerosos generalmente se clasifican basándose en las características clínicas y patológicas, tal como el estadio, el grado, y la presencia de necrosis. Estas designaciones se realizan aplicando criterios estandarizados, cuya subjetividad ha quedado demostrada por una falta de concordancia entre los laboratorios de patología.

Masahiro y col. (2008). "A three gene expression signature model to predict clinical outcome of clear cell renal cell carcinoma". International Journal of Cancer, vol. 123, n.º 5, páginas 1126-1132, describe un modelo de tres firmas genéticas para predecir un resultado clínico asociado con el carcinoma de células renales de células claras. La patente US-2006/088823 A1 describe una sonda o conjunto de sondas que es útil en el pronóstico de pacientes con carcinoma de células renales de células claras. La patente JP 2005 211023 A describe un método para estimar la metástasis o recaída del carcinoma de células renales. Kondo y col. (2004). "High expression of chemokine gene as a favorable prognostic factor in renal cell carcinoma". Journal of Urology; vol. 171, n.º 6, páginas 2171-2175 describe métodos que determinan la expresión del gen de las quimiocinas en muestras de carcinoma de células renales. Lane B R y col. (2009), «Differential expression in clear cell renal cell carcinoma identified by gene expression profiling», Journal of Urology, vol. 181, n.º 2, páginas 849-860 describen un conjunto de 44 genes específicos para el cáncer y el riñón que se expresan diferencialmente en el cRCC. Nogueira, y col. (2007) "Molecular markers for predicting prognosis of renal cell carcinoma". Urologic Oncology, vol. 26, no. 2, páginas 113-124 describe estudios de matrices de expresión de marcadores pronósticos en pacientes con RCC.

50 **Resumen**

La invención se define en las reivindicaciones. La presente descripción proporciona biomarcadores, cuya expresión tiene valor pronóstico en el cáncer renal.

55 **Breve descripción de los dibujos**

Figuras 1a-1c: Consistencia entre los estadios I y III para los genes ilustrativos asociados con la RFI

Figura 2: Resultados consistentes en todos los criterios de valoración (OS y RFI) para genes ilustrativos

60 Figura 3: Curva de Kaplan-Meier: Necrosis histológica interna sin recurrencia (RFI) de la Cleveland Clinic Foundation (CCF)

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

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

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

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

5 Descripción detallada

Definiciones

La invención se define en las reivindicaciones. A menos que se defina de cualquier otra manera, todos los términos técnicos y científicos usados en la presente descripción tienen el mismo significado que se entiende habitualmente en la técnica a la que pertenece la invención. Singleton y col. Dictionary of Microbiology and Molecular Biology 2ª ed., J, Wiley & Sons (New York, NY 1994), y March, Advanced Organic Chemistry Reactions, Mechanisms and Structure 4ª ed., John Wiley & Sons (New York, NY 1992), proporcionan a un experto en la técnica una guía general de muchos de los términos usados en la presente solicitud.

Un experto en la técnica reconocerá muchos métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en la presente descripción, que podrían usarse en la práctica de la presente invención. Para fines de la presente invención, los siguientes términos se definen a continuación.

El término "tumor" como se utiliza en la presente memoria se refiere a todo crecimiento y proliferación de células neoplásicas, y a todas las células y tejidos precancerosos y cancerosos. El término «tumor primario» se utiliza en la presente memoria para referirse a un tumor que está en el sitio original donde surgió por primera vez. Por ejemplo, un tumor de carcinoma de células renales primario es aquel que surgió en el riñón. El término «tumor metastásico» se utiliza en la presente memoria para referirse a un tumor que se desarrolla lejos del sitio de origen. Por ejemplo, la metástasis del carcinoma de células renales afecta con mayor frecuencia a la columna vertebral, las costillas, la pelvis, y los huesos largos proximales.

Los términos "cáncer" y "carcinoma" se refieren a o describen la afección fisiológica en mamíferos que se caracteriza típicamente por un crecimiento celular no regulado. La patología del cáncer incluye, por ejemplo, crecimiento celular anormal o incontrolable, metástasis, interferencia con el funcionamiento normal de las células vecinas, liberación de citocinas u otros productos secretorios a niveles anormales, supresión o agravamiento de la respuesta inflamatoria o inmunológica, neoplasia, premalignidad, malignidad, invasión de tejidos u órganos circundantes o distantes, tal como ganglios linfáticos, vasos sanguíneos, etc.

Como se utiliza en la presente memoria, los términos "cáncer renal", o "carcinoma de células renales" se refieren al cáncer que ha surgido del riñón.

Los términos "cáncer de células renales" o "carcinoma de células renales" (RCC), como se utilizan en la presente memoria, se refieren al cáncer que se origina en el revestimiento del túbulo contorneado proximal. Más específicamente, el RCC abarca varios subtipos histológicos relativamente comunes: carcinoma de células renales de células claras, carcinoma papilar (cromófilo), cromóforo, del conducto colector y carcinoma medular. Puede encontrarse más información sobre el carcinoma de células renales en Y. Thyaviahally, y col., Int Semin Surg Oncol 2:18 (2005). El carcinoma de células renales de células claras (ccRCC) es el subtipo más común de RCC. La incidencia de ccRCC está aumentando, y comprende el 80 % de la enfermedad localizada y más del 90 % de la enfermedad metastásica.

El sistema de estadificación del carcinoma de células renales se basa en el grado de diseminación del tumor más allá del riñón. Según el sistema de estadificación de tumores, ganglios, metástasis (TNM) del Comité Conjunto Estadounidense sobre Cáncer (AJCC) (Greene, y col., Manual de estadificación del cáncer del AJCC, págs. 323-325 (6.ª edición. 2002), a continuación se proporcionan los diversos estadios del carcinoma de células renales. "Estadio mayor", como se utiliza en la presente memoria se refiere a la clasificación de un tumor en un estadio que es más avanzado, p. ej., el estadio 4 (G4) es un estadio mayor con respecto a los estadios 1, 2, y 3.

Descripción de los estadios del RCC

Estadios del carcinoma de células renales

Estadio 1: T1, N0, M0

Estadio 2: T2, N0, M0

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

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

Tumor primario (T)

TX: No puede evaluarse el tumor primario

a continuación

Descripción de los estadios del RCC	
Estadios del carcinoma de células renales	
5	T0: Sin evidencia de tumor primario
	T1: Tumor de 7 cm o menos en su dimensión mayor y limitado al riñón
	T1a: Tumor de 4 cm o menos en su dimensión mayor y limitado al riñón
	T1b: Tumor de más de 4 cm, pero de 7 cm o menos en su mayor dimensión y limitado al riñón
10	T2: Tumor de más de 7 cm en su dimensión mayor y limitado al riñón
	T3: El tumor se extiende a las venas principales o invade las glándulas suprarrenales o los tejidos perinéfricos, pero no más allá de la fascia de Gerota
15	T3a: El tumor invade directamente la glándula suprarrenal o la grasa del seno perirrenal y/o renal, pero no más allá de la fascia de Gerota
	T3b: El tumor se extiende macroscópicamente hacia la vena renal o sus ramas segmentarias (es decir, que contienen músculos), o se extiende hacia la vena cava por debajo del diafragma
20	T3c: El tumor se extiende extremadamente hacia la vena cava por encima del diafragma o invade la pared de la vena cava
	T4: El tumor invade más allá de la fascia de Gerota
Ganglios linfáticos regionales (N)	
25	NX: No pueden evaluarse los ganglios linfáticos regionales
	N0: Sin metástasis en los ganglios linfáticos regionales
	N1: Metástasis en un solo ganglio linfático regional
	N2: Metástasis en más de un ganglio linfático regional
Metástasis distante (M)	
30	MX: No se puede evaluar la metástasis a distancia
	M0: Sin metástasis distantes
35	M1: Metástasis distante

El término «cáncer renal en estadio temprano», como se utiliza en la presente memoria, se refiere a los estadios 1-3, como se define en el Manual de estadificación del cáncer del Comité Conjunto Estadounidense sobre Cáncer (AJCC), págs. 323-325 (6.ª edición). 2002).

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

GX (no puede evaluarse el grado de diferenciación);

G1 (bien diferenciado);

G2 (moderadamente diferenciado); y

G3-G4 (poco diferenciado/indiferenciado).

"Grado mayor", como se utiliza en la presente memoria se refiere a la clasificación de un tumor en un grado que es más avanzado, p. ej., el grado 4 (G4) es un grado mayor con respecto a los grados 1, 2, y 3. La clasificación del tumor es un factor pronóstico importante en el carcinoma de células renales. H. Rauschmeier y otros, World J Urol 2:103-108 (1984).

Los términos "necrosis" o "necrosis histológica" como se utilizan en la presente memoria se refieren a la muerte de células o tejidos vivos. La presencia de necrosis puede ser un factor pronóstico en el cáncer. Por ejemplo, la necrosis se observa comúnmente en el carcinoma de células renales (RCC) y se ha demostrado que es un factor pronóstico adverso en ciertos subtipos de RCC. V. Foria y otros, J Clin Pathol 58(1):39-43 (2005).

Los términos "invasión ganglionar" o "ganglios positivos (N+)" como se utilizan en la presente memoria se refieren a la presencia de células cancerosas en uno o más ganglios linfáticos asociados con el órgano (p. ej., drenan el órgano) que contiene un tumor primario. La evaluación de la invasión ganglionar es parte de la estadificación del tumor para la mayoría de los cánceres, que incluye el carcinoma de células renales.

El término «gen pronóstico», cuando se utiliza solo o en plural, se refiere a un gen cuyo nivel de expresión se correlaciona con un pronóstico bueno o malo para un paciente con cáncer. Un gen puede ser tanto un gen pronóstico como predictivo, en dependencia de la asociación del nivel de expresión génica con el criterio de valoración correspondiente.

Los términos "correlacionado" y "asociado" se utilizan indistintamente en la presente memoria para referirse a la resistencia de la asociación entre dos mediciones (o entidades medidas). La descripción proporciona genes y subconjuntos de genes, cuyos niveles de expresión están asociados con una medida de resultado particular, tal como entre el nivel de expresión de un gen y la probabilidad de un evento de recurrencia o recaída. Por ejemplo, el mayor nivel de expresión de un gen puede estar correlacionado positivamente (asociado positivamente) con una probabilidad mayor de un buen resultado clínico para el paciente, tal como una menor probabilidad de recurrencia. Tal correlación positiva puede demostrarse estadísticamente de diversos modos, p. ej., mediante una razón de riesgo inferior a 1.0. En otro ejemplo, el mayor nivel de expresión de un gen puede estar correlacionado negativamente (asociado negativamente) con una mayor probabilidad de un resultado clínico bueno para el paciente. En ese caso, por ejemplo, un paciente con un alto nivel de expresión de un gen puede tener una mayor probabilidad de recurrencia del cáncer. Tal correlación negativa podría indicar que el paciente con un alto nivel de expresión de un gen probablemente tenga un mal pronóstico, o que podría responder mal a la quimioterapia, y esto puede demostrarse estadísticamente de diversos modos, p. ej., una razón de riesgo superior a 1,0.

"Coexpresión" se utiliza además en la presente memoria para referirse a la resistencia de la asociación entre los niveles de expresión de dos genes diferentes que son biológicamente similares, de tal modo que el nivel de expresión de un primer gen puede sustituirse con un nivel de expresión de un segundo gen en un análisis dado en vista de su correlación de expresión. Tales genes coexpresados (o expresión correlacionada) indican que estos dos genes son sustituibles en un algoritmo de expresión, por ejemplo, si un primer gen está altamente correlacionado, positiva o negativamente, con una mayor probabilidad de un buen resultado clínico para el carcinoma de células renales, entonces el segundo gen coexpresado también se correlaciona, en la misma dirección que el primer gen, con el mismo resultado. La coexpresión por pares puede calcularse mediante diversos métodos conocidos en la técnica, p. ej., calculando los coeficientes de correlación de Pearson o los coeficientes de correlación de Spearman o métodos de agrupamiento. Los métodos descritos en la presente memoria pueden incorporar uno o más genes que se coexpresan, con un coeficiente de correlación de Pearson de al menos 0,5. Los grupos exclusivos de genes coexpresados también pueden identificarse mediante el uso de la teoría de gráficos. Puede calcularse un análisis de la coexpresión utilizando los datos de expresión normalizados y estandarizados o normalizados.

Los términos «pronóstico» y «resultado clínico» se utilizan indistintamente en la presente memoria para referirse a una estimación de la probabilidad de muerte o progresión atribuible al cáncer, incluida la recurrencia, y la diseminación metastásica de una enfermedad neoplásica, tal como el carcinoma de células renales. Los términos «buen pronóstico» o «resultado clínico positivo» significan un resultado clínico deseado. Por ejemplo, en el contexto del carcinoma de células renales, un buen pronóstico puede ser la expectativa de que no haya recurrencias locales o metástasis dentro de los dos, tres, cuatro, cinco o más años del diagnóstico inicial del carcinoma de células renales. Los términos «mal pronóstico» o «resultado clínico negativo» se utilizan en la presente memoria indistintamente para referirse a un resultado clínico no deseado. Por ejemplo, en el contexto del carcinoma de células renales, un mal pronóstico puede ser la expectativa de una recurrencia local o metástasis dentro de los dos, tres, cuatro, cinco o más años del diagnóstico inicial del carcinoma de células renales.

El término "gen predictivo" se utiliza en la presente memoria para referirse a un gen, cuyo nivel de expresión se correlaciona, positiva o negativamente, con la probabilidad de una respuesta beneficiosa al tratamiento.

Un «resultado clínico» puede evaluarse utilizando cualquier criterio de valoración, que incluye, entre otros, (1) la agresividad del crecimiento del tumor (p. ej., moverse a un estadio superior); (2) metástasis; (3) recurrencia local; (4) aumento de la duración de la supervivencia después del tratamiento; y/o (5) disminución de la mortalidad en un momento dado después del tratamiento. La respuesta clínica positiva también puede expresarse en términos de diversas medidas de resultado clínico. El resultado clínico también puede considerarse en el contexto del resultado de un individuo con respecto a un resultado de una población de pacientes que tienen un diagnóstico clínico comparable, y puede evaluarse utilizando diversos criterios de valoración tal como un aumento en la duración del intervalo libre de recurrencia (RFI), un aumento en la duración de la supervivencia general (OS) en una población, un aumento en la duración de la supervivencia libre de enfermedad (DFS), un aumento en la duración del intervalo libre de recurrencia distante (DRFI), y similares.

El término «tratamiento», tal como se utiliza en la presente memoria, se refiere a compuestos terapéuticos administrados a pacientes para detener o reducir la proliferación de células cancerosas, reducir el tamaño del tumor, evitar la progresión y la metástasis, o causar la regresión del tumor primario o la metástasis. Los ejemplos de tratamiento incluyen, por ejemplo, la terapia con citocinas, los agentes progestacionales, la terapia antiangiogénica, la terapia hormonal, y la quimioterapia (incluidas las moléculas pequeñas y los productos biológicos).

Los términos "cirugía" o "resección quirúrgica" se usan en la presente descripción para referirse a la extirpación quirúrgica de parte o de la totalidad de un tumor, y usualmente parte del tejido circundante. Los ejemplos de técnicas

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

Los términos "recurrencia" y "recaída" se utilizan en la presente memoria, en el contexto de posibles resultados clínicos del cáncer, para referirse a metástasis locales o distantes. La identificación de una recurrencia podría realizarse, por ejemplo, mediante imágenes de CT, ultrasonido, arteriograma, o rayos X, biopsia, análisis de orina o sangre, examen físico o registro de tumores en un centro de investigación.

El término "intervalo libre de recurrencia" se utiliza en la presente memoria para referirse al tiempo desde la cirugía hasta la primera recurrencia o muerte debido a la recurrencia del cáncer renal. Las pérdidas en el seguimiento, los segundos cánceres primarios, otros cánceres primarios, y las muertes antes de la recurrencia se consideran eventos censuradores.

El término "supervivencia general" se define como el tiempo transcurrido desde la cirugía hasta la muerte por cualquier causa. Las pérdidas debidas a seguimiento se consideran eventos de censura. Las recurrencias se ignoran para fines de calcular la supervivencia general (OS).

El término «supervivencia libre de enfermedad» se define como el tiempo transcurrido desde la cirugía hasta la primera recurrencia o la muerte por cualquier causa, lo que ocurra primero. Las pérdidas debidas a seguimiento se consideran eventos de censura.

La expresión "índice de riesgos (HR)", como se usa en la presente descripción, se refiere al efecto de una variable explicativa sobre el riesgo de un evento (es decir, recurrencia o muerte). En los modelos de regresión de riesgos proporcionales, HR es el índice del riesgo previsto para dos grupos (p. ej., pacientes con o sin necrosis) o para un cambio de unidad en una variable continua (p. ej., un cambio de desviación estándar en la expresión génica).

El término "índice de probabilidades (OR)" como se utiliza en la presente memoria se refiere al efecto de una variable explicativa sobre las probabilidades de un evento (es decir, recurrencia o muerte). En los modelos de regresión logística, el OR es la relación entre las probabilidades pronosticadas para un cambio de unidad en una variable continua (p. ej., un cambio de desviación estándar en la expresión génica).

El término «covariable pronóstica clínica y/o patológica», como se utiliza en la presente memoria se refiere a covariables clínicas y/o pronósticas que están significativamente asociadas ($p \leq 0,05$) con el resultado clínico. Por ejemplo, las covariables pronósticas clínicas y patológicas en el carcinoma de células renales incluyen el estadio del tumor (p. ej., tamaño, invasión nodal, etc.) y el grado (p. ej., grado de Fuhrman), la necrosis histológica, y el género.

El término «gen sustituto» se refiere a un gen, cuya expresión está correlacionada (positiva o negativamente) con una o más covariables pronósticas clínicas y/o patológicas. El(Los) nivel(es) de expresión de uno o más genes sustitutos pueden utilizarse en lugar de, o además de, la clasificación de un tumor mediante un examen físico o mecánico en un laboratorio de patología.

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

El término "polinucleótido", cuando se usa en singular o plural generalmente se refiere a cualquier polirribonucleótido o polidesoxirribonucleótido, que puede ser ARN o ADN no modificado o ARN o ADN modificado. Por lo tanto, por ejemplo, los polinucleótidos como se definen en la presente descripción incluyen, sin limitación, ADN monocatenario y bicatenario, ADN que incluye regiones monocatenarias y bicatenarias, ARN monocatenario y bicatenario, y ARN que incluye regiones monocatenarias y bicatenarias, moléculas híbridas que comprenden ADN y ARN que pueden ser monocatenarias o, más típicamente, bicatenarias o incluyen regiones monocatenarias y bicatenarias. Además, el término "polinucleótido", como se usa en la presente descripción, se refiere a regiones tricatenarias que comprenden ARN o ADN o tanto ARN como ADN. Las cadenas en dichas regiones pueden ser de la misma molécula o de diferentes moléculas. Las regiones pueden incluir todas de una o más de las moléculas, pero más típicamente involucran solo una región de algunas de las moléculas. Una de las moléculas de una región de triple hélice a menudo es un oligonucleótido. El término "polinucleótido" incluye específicamente los ADN (p. ej., los ADNc) y los ARN que contienen una o más bases modificadas. Por lo tanto, los ADN o ARN con cadenas principales modificadas para la estabilidad o por otras razones, son "polinucleótidos" como el término se entiende en la presente descripción. Además, los ADN o ARN que comprenden bases inusuales, tales como la inosina, o bases modificadas, tales como las bases tritiadas, se incluyen dentro del término "polinucleótidos" como se define en la presente descripción. En general, el término "polinucleótido" abarca todas las formas modificadas químicamente, enzimáticamente y/o metabólicamente de polinucleótidos no modificados, así como también las formas químicas de ADN y ARN características de virus y células, que incluyen las células simples y complejas.

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

El término «nivel de expresión» como se aplica a un gen se refiere al nivel normalizado de un producto génico.

Los términos "producto génico" o "producto de expresión" se utilizan en la presente memoria indistintamente para referirse a los productos de transcripción de ARN (transcritos de ARN) de un gen, que incluye ARNm, y los productos de traslación polipeptídicos de tales transcritos de ARN. Un producto génico puede ser, por ejemplo, un ARN no empalmado, un ARNm, una variante de empalme de ARNm, un microARN, un ARN fragmentado, un polipéptido, un polipéptido modificado postraduccionalmente, un polipéptido variante de empalme, etcétera.

El "rigor" de las reacciones de hibridación se determina fácilmente por un experto en la técnica, y generalmente es un cálculo empírico que depende de la longitud de la sonda, la temperatura de lavado, y la concentración de sal. En general, las sondas más largas requieren temperaturas más altas para una hibridación adecuada, mientras que las sondas más cortas necesitan temperaturas más bajas. La hibridación generalmente depende de la capacidad del ADN desnaturalizado para hibridar nuevamente cuando las cadenas complementarias están presentes en un entorno por debajo de su temperatura de fusión. Cuanto mayor sea el grado de homología deseada entre la sonda y la secuencia hibridable, mayor será la temperatura relativa que puede utilizarse. Como resultado, se deduce que las temperaturas relativas más altas tenderían a hacer que las condiciones de reacción sean más rigurosas, mientras que las temperaturas más bajas lo harán menos. Para detalles adicionales y explicación del rigor de las reacciones de hibridación, ver Ausubel y col., *Current Protocols in Molecular Biology* (Wiley Interscience, 1995).

Las «condiciones rigurosas» o «condiciones de alta rigurosidad», como se definen en la presente memoria, típicamente: (1) emplear soluciones de baja fuerza iónica y alta temperatura para el lavado, por ejemplo, 0,015 M cloruro de sodio/0,0015 M citrato de sodio/dodecilsulfato de sodio al 0,1 % a 50 °C; (2) emplear durante la hibridación un agente desnaturalizante, tal como formamida, por ejemplo, formamida al 50 % (v/v) con un 0,1 % de albúmina sérica bovina/0,1 % de Ficoll/0,1 % de polivinilpirrolidona/50 mM de regulador de fosfato de sodio a pH de 6,5 con 750 mM de cloruro de sodio, 75 mM de citrato de sodio a 42 °C; o (3) emplear formamida al 50 %, 5 x SSC (0,75 M NaCl, 0,075 M citrato de sodio), 50 mM de fosfato de sodio (pH de 6,8), pirofosfato de sodio al 0,1 %, 5 x solución de Denhardt, ADN de esperma de salmón sonicado (50 µg/ml), SDS al 0,1 %, y sulfato de dextrano al 10 % a 42 °C, con lavados a 42 °C en 0,2 x SSC (cloruro de sodio/citrato de sodio) y formamida al 50 % a 55 °C, seguido de un lavado de alta rigurosidad que consiste en 0,1 x SSC que contienen EDTA a 55 °C.

Las «condiciones moderadamente rigurosas» pueden identificarse tal como describen Sambrook y col., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (Cold Spring Harbor Press, 1989), e incluyen la utilización de solución de lavado y condiciones de hibridación (p. ej., temperatura, fuerza iónica y % de SDS) menos riguroso que los descritos anteriormente. Un ejemplo de condición moderadamente rigurosa es la incubación durante una noche a 37 °C en una solución que comprende: formamida al 20 %, SSC 5 x (150 mM de NaCl, 15 mM de citrato trisódico), 50 mM de fosfato de sodio (pH 7,6), solución de Denhardt 5 x, sulfato de dextrano al 10 % y 20 mg/ml de ADN fragmentado desnaturalizado de esperma de salmón, seguido de lavado de los filtros en SSC 1 x a aproximadamente 37-50 °C. El experto en la técnica reconocerá cómo ajustar la temperatura, la fuerza iónica, etcétera, como sea necesario para acomodar factores tales como la longitud de la sonda y similares.

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

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

En teoría, el término "exón" se refiere a cualquier segmento de un gen interrumpido que está representado en un producto de ARN maduro (B. Lewin, *Genes IV* (Cell Press, 1990)). En teoría el término "intrón" se refiere a cualquier segmento de ADN que se transcribe pero se elimina del interior del transcrito mediante el empalme de los exones a cada lado del mismo. Operacionalmente, las secuencias de exones aparecen en la secuencia de ARNm de un gen como se define mediante los números de id. de sec. de referencia. Operativamente, las secuencias de intrones son las secuencias intercaladas dentro del ADN genómico de un gen, entre corchetes por secuencias de exones y que generalmente tienen secuencias de consenso de empalme GT y AG en sus límites 5' y 3'.

Un "sistema basado en ordenador" se refiere a un sistema de los componentes físicos de un ordenador, el programa informático y los medios de almacenamiento de datos usados para analizar información. Los mínimos componentes físicos de un ordenador de un sistema basado en ordenador del paciente comprende una unidad central de procesamiento (CPU) y los componentes físicos de un ordenador para la entrada de datos, salida de datos (por ejemplo, pantalla) y almacenamiento de datos. Un experto en la técnica puede apreciar fácilmente que cualquier sistema basado en ordenador y/o sus componentes actualmente disponibles son adecuados para usar en relación con los métodos de la presente descripción. El medio de almacenamiento de datos puede comprender cualquier fabricación que comprenda un registro de la presente información como se describió anteriormente, o un dispositivo de acceso a memoria que puede acceder a dicha fabricación.

Para "registro" de datos, programación u otra información en un medio legible por ordenador se refiere a un proceso para almacenar información, mediante el uso de cualquiera de dichos métodos conocidos en la técnica. Puede elegirse cualquier estructura conveniente de almacenamiento de datos, en base a los medios usados para acceder a la información almacenada. Puede usarse una diversidad de programas y formatos de procesador de datos para el almacenamiento, por ejemplo, archivos de texto de procesamiento de texto, formatos de bases de datos, etcétera.

Un "procesador" o "medio informático" se refiere a cualquier combinación de componentes físicos de un ordenador y/o el programa informático que realizará las funciones requeridas. Por ejemplo, un procesador adecuado puede ser un microprocesador digital programable tal como el disponible en forma de controlador electrónico, ordenador central, servidor u ordenador personal (de escritorio o portátil). Cuando el procesador es programable, la programación adecuada puede comunicarse desde una ubicación remota al procesador, o guardarse previamente en un producto de programa informático (tal como un medio de almacenamiento legible por ordenador portátil o fijo, ya sea basado en un dispositivo de estado sólido, óptico o magnético). Por ejemplo, un medio magnético o un disco óptico pueden portar la programación, y pueden leerse mediante un lector adecuado que se comuniquen con cada procesador en su estación correspondiente.

La presente descripción proporciona métodos para evaluar el riesgo de recurrencia del cáncer en un paciente, métodos que comprenden medir, en una muestra de carcinoma de células renales obtenida del paciente, un nivel de un transcrito de ARN de al menos CCL5, normalizando el nivel del transcrito de ARN de al menos CCL5 para obtener un nivel de expresión de ARN normalizado; y determinar la probabilidad de recurrencia del carcinoma de células renales para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado de los genes, en donde el mayor nivel de expresión de ARN normalizado del CCL5 se correlaciona con un riesgo reducido de recurrencia del carcinoma de células renales.

La presente descripción proporciona genes adicionales útiles en los métodos descritos en la presente memoria. Los genes se enumeran en las tablas 3a y 3b, en donde la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 3a se asocia significativamente con un menor riesgo de recurrencia del cáncer, y la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 3b se asocia significativamente con un mayor riesgo de recurrencia del cáncer. En algunas realizaciones, un gen coexpresado puede utilizarse junto con, o sustituirse por, un gen enumerado en las tablas 3a o 3b con el que se coexpresa.

La presente descripción proporciona además genes (que no forman parte de la invención reivindicada) significativamente asociados, positiva o negativamente, con la recurrencia del cáncer renal después de ajustar las covariables clínicas/patológicas (estadio, grado del tumor, tamaño del tumor, estado ganglionar, y presencia de necrosis). Por ejemplo, la tabla 8a enumera los genes en donde la mayor expresión se asocia significativamente con un menor riesgo de recurrencia del cáncer renal después de ajustar las covariables clínicas/patológicas, y la tabla 8b enumera los genes en los que la mayor expresión se asocia significativamente con un mayor riesgo de recurrencia del cáncer renal después de ajustar las covariables clínicas/patológicas. De los genes enumerados en las tablas 8a y 8b, 16 genes con una asociación significativa, positiva o negativamente, con buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas/patológicas y controlar el índice de falsos descubrimientos al 10 % se enumeran en la tabla 9. Uno o más de estos genes pueden utilizarse por separado, o además de, al menos uno de los genes enumerados en las tablas 3a y 3b, para proporcionar información sobre el pronóstico de un paciente.

La presente descripción que no forma parte de la invención también proporciona genes sustitutos que son útiles para evaluar el estado de las covariables clínicas y/o patológicas en un paciente con cáncer. Los genes indirectos del estadio tumoral se enumeran en las tablas 4a y 4b, en donde la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 4a se asocia significativamente con un estadio tumoral más alto, y la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 4b se asocia significativamente con un estadio tumoral más bajo. Los genes sustitutos del grado tumoral se enumeran en las tablas 5a y 5b en donde la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 5a se asocia significativamente con un mayor grado del tumor, y la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 5b se asocia significativamente con un menor grado del tumor. Los genes sustitutos de la presencia de necrosis se enumeran en las tablas 6a y 6b, en donde la expresión de los genes enumerados en la tabla 6a se asocia significativamente con la presencia de necrosis, y la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 6b se asocia significativamente con la ausencia de necrosis. Los genes sustitutos de la afectación nodal se enumeran en las tablas 7a y 7b, en donde una mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 7a se asocia significativamente con la presencia de invasión nodal, y la mayor expresión de los genes enumerados en la tabla 7b

se asocia significativamente con la ausencia de invasión nodal. Pueden utilizarse uno o más genes sustitutos por separado, o además de, al menos uno de los genes enumerados en las tablas 3a y 3b, para proporcionar información sobre el pronóstico de un paciente. En algunas realizaciones, al menos dos de los siguientes genes sustitutos se utilizan para proporcionar información sobre el pronóstico del paciente: TSPAN7, TEK, LDB2, TIMP3, SHANK3, RGS5, KDR, SDPR, EPAS1, ID1, TGFB2, FLT4, SDPR, ENDRB, JAG1, DLC1 y KL. En algunas realizaciones, un gen coexpresado puede utilizarse junto con, o sustituirse por, un gen sustituto con el que se coexpresa.

La presente descripción también proporciona conjuntos de genes (no cubiertos por la invención reivindicada) en trayectorias biológicas que son útiles para evaluar la probabilidad de que un paciente con cáncer tenga probabilidades de tener un resultado clínico positivo, conjuntos de genes que reciben el nombre de «subconjuntos de genes» en la presente memoria. Los subconjuntos de genes incluyen la angiogénesis, la respuesta inmunitaria, el transporte, la adhesión celular/matriz extracelular, el ciclo celular, y la apoptosis. En algunas realizaciones, el subconjunto de genes de la angiogénesis incluye ADD1, ANGPTL3, APOLD1, CEACAM1, EDNRB, EMCN, ENG, EPAS1, FLT1, JAG1, KDR, KL, LDB2, NOS3, NUDT6, PPAP2B, PRKCH, PTPRB, RGS5, SHANK3, SNRK, TEK, ICAM2, y VCAM1; el subconjunto de genes de respuesta inmunitaria incluye CCL5, CCR7, CD8A, CXCL1, CXCL10, CXCL9, HLA-DPB1, IL6, IL8, y SPP1, y; el subconjunto de genes de transporte incluye AQP1 y SGK1; el subconjunto de genes de adhesión celular/matriz extracelular incluye ITGB1, A2M, ITGB5, LAMB1, LOX, MMP14, TGFB2, TIMP3, y TSPAN7; el subconjunto de genes del ciclo celular incluye BUB1, C13orf15, CCNB1, PTTG1, TPX2, LMNB1, y TUBB2A; el subconjunto de genes de la apoptosis incluye CASP10; el subconjunto de genes de respuesta temprana incluye EGR1 y CYR61; el subconjunto de genes de señalización metabólica incluye CA12, ENO2, UGCG, y SDPR; y el subconjunto de genes de señalización incluye ID1 y MAP2K3.

La presente descripción que no forma parte de la invención también proporciona genes en las vías biológicas a las que se dirige la quimioterapia que se correlacionan, positiva o negativamente, con el riesgo de recurrencia del cáncer. Estos genes incluyen KIT, PDGFA, PDGFB, PDGFC, PDGFD, PDGFRb, KRAS, RAF1, MTOR, HIF1AN, VEGFA, VEGFB, y FLT4. En algunas realizaciones, la quimioterapia es una terapia con citocinas y/o antiangiogénica. En otras realizaciones, la quimioterapia es sunitinib, sorafenib, temsirolimus, bevacizumab, everolimus, y/o pazopanib.

[En algunas realizaciones, un gen coexpresado puede utilizarse junto con un gen con el que se coexpresa.

En las realizaciones de la invención, el cáncer es un carcinoma de células renales. En otras realizaciones, el cáncer es el carcinoma de células renales de células claras (ccRCC), carcinoma papilar, cromóforo, del conducto colector y/o carcinoma medular.

En esta especificación se exponen diversos enfoques tecnológicos para determinar los niveles de expresión de los genes descritos, que incluyen, sin limitarse a, reacciones en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR), micromatrices, secuenciación de alto rendimiento, análisis en serie de la expresión génica (SAGE) y expresión génica digital (DGE), que se explicará en detalle a continuación. En aspectos particulares, el nivel de expresión de cada gen puede determinarse en relación con diversas características de los productos de expresión del gen, que incluyen exones, intrones, epítopos proteicos, y actividad proteica.

Los niveles de expresión de los genes identificados en la presente memoria pueden medirse en el tejido tumoral. Por ejemplo, el tejido tumoral puede obtenerse mediante resección del tumor, o mediante biopsia tumoral. El nivel de expresión de los genes identificados también puede medirse en células tumorales recuperadas de sitios distantes del tumor, que incluyen células tumorales circulantes o fluidos corporales (p. ej., orina, sangre, fracción de sangre, etc.)

El producto de expresión que se ensaya es el ARN. El producto de expresión puede estar fragmentado. Por ejemplo, el ensayo puede usar cebadores que son complementarios a las secuencias diana de un producto de expresión y, por lo tanto, podría medir transcritos completos, así como también aquellos productos de expresión fragmentados que contienen la secuencia diana. Se proporciona información adicional en las tablas A y B, que proporcionan ejemplos de secuencias de cebadores directos, cebadores inversos, sondas y amplicones generados utilizando los cebadores.

El producto de expresión de ARN puede analizarse directamente o mediante la detección de un producto de ADN resultante de un método de amplificación basado en PCR, por ejemplo, transcripción inversa y reacción en cadena de polimerasa cuantitativa (qRT-PCR). (Ver p. ej., la publicación US-2006-0008809A1). El producto de expresión de polipéptidos puede analizarse mediante el uso de inmunohistoquímica (IHC). Además, tanto los productos de expresión de ARN como de polipéptidos pueden analizarse, además, mediante el uso de micromatrices.

Utilidad clínica

Actualmente, el resultado clínico esperado para los pacientes con RCC se basa en determinaciones subjetivas de las características clínicas y patológicas de un tumor. Por ejemplo, los médicos toman decisiones sobre los

procedimientos quirúrgicos apropiados y la terapia adyuvante basándose en el estadio, el grado, y la presencia de necrosis del tumor renal. Aunque existen medidas estandarizadas para orientar a los patólogos en la toma de estas decisiones, el nivel de concordancia entre los laboratorios de patología es bajo. (Ver Al-Ayanti M y col. (2003) Arch Pathol Lab Med 127, 593-596). Sería útil tener un ensayo molecular reproducible para determinar y/o confirmar estas características tumorales.

Además, los criterios clínicos estándar, por sí mismos, tienen una capacidad limitada para estimar con precisión el pronóstico de un paciente. Sería útil tener un ensayo molecular reproducible para evaluar el pronóstico de un paciente basándose en la biología de su tumor. Dicha información podría usarse con el propósito de asesorar al paciente, seleccionar pacientes para ensayos clínicos (por ejemplo, ensayos adyuvantes), y comprender la biología del carcinoma de células renales. Además, tal prueba ayudaría a los médicos a hacer recomendaciones quirúrgicas y de tratamiento basadas en la biología del tumor de cada paciente. Por ejemplo, una prueba genómica podría estratificar a los pacientes con RCC en base al riesgo de recurrencia y/o la probabilidad de supervivencia a largo plazo sin recurrencia (recaída, metástasis, etc.). Existen varios ensayos clínicos en curso y planificados para terapias de RCC, que incluyen radiación adyuvante y quimioterapias. Sería útil tener una prueba genómica capaz de identificar a los pacientes de alto riesgo con mayor precisión que los criterios clínicos estándar, lo que por consiguiente enriquecería una población de RCC adyuvante para el estudio. Esto reduciría el número de pacientes necesarios para un ensayo adyuvante y el tiempo necesario para la prueba definitiva de estos nuevos agentes en el entorno adyuvante.

Finalmente, sería útil tener un ensayo molecular que pudiera predecir la probabilidad de que un paciente responda a un tratamiento, tal como quimioterapia. Una vez más, esto facilitaría las decisiones de tratamiento individual y el reclutamiento de pacientes para ensayos clínicos, y aumentaría la confianza del médico y del paciente en la toma de decisiones de atención médica después de ser diagnosticado con cáncer.

Presentación de resultados

Los métodos de la presente descripción son adecuados para preparar informes que resuman el resultado clínico esperado resultante de los métodos de la presente descripción. Un «informe», como se describe en la presente memoria, es un documento electrónico o tangible que incluye elementos de informe que proporcionan información de interés relacionada con una evaluación de probabilidad y sus resultados. El informe de un sujeto incluye al menos una evaluación de probabilidad, p. ej., una indicación en cuanto al riesgo de recurrencia para un sujeto con carcinoma de células renales. El informe de un sujeto puede generarse completa o parcialmente electrónicamente, p. ej., presentarse en una pantalla electrónica (p. ej., un monitor de ordenador). Un informe puede incluir además uno o más de: 1) información sobre las instalaciones para las pruebas; 2) información del proveedor de servicios; 3) datos del paciente; 4) datos de la muestra; 5) un informe interpretativo, que puede incluir información diversa, que incluye: a) una indicación; b) datos de prueba, donde los datos de prueba pueden incluir un nivel normalizado de uno o más genes de interés, y 6) otras características.

Por lo tanto, la presente descripción proporciona métodos (no cubiertos por la invención reivindicada) para crear informes y los informes resultantes de los mismos. El informe puede incluir un resumen de los niveles de expresión de los transcritos de ARN, o los productos de expresión de tales transcritos de ARN, para ciertos genes en las células obtenidas del tumor del paciente. El informe puede incluir información relacionada con las covariables pronósticas del paciente. El informe puede incluir una estimación de que el paciente tiene un mayor riesgo de recurrencia. Esa estimación puede adoptar la forma de una puntuación o un esquema de estratificación de pacientes (p. ej., riesgo de recurrencia bajo, intermedio, o alto). El informe puede incluir información relevante para ayudar a tomar decisiones sobre la cirugía adecuada (p. ej., una nefrectomía parcial o total) o el tratamiento para el paciente.

Por lo tanto, en algunas realizaciones, los métodos de la presente descripción incluyen además generar un informe que incluya información sobre el posible resultado clínico del paciente, p. ej., el riesgo de recurrencia. Por ejemplo, los métodos descritos en la presente memoria pueden incluir además un paso para generar o emitir un informe que proporcione los resultados de una evaluación del riesgo de un sujeto, informe que puede proporcionarse en forma de un medio electrónico (p. ej., una pantalla electrónica en un monitor de ordenador), o en forma de un medio tangible (p. ej., un informe impreso en papel u otro medio tangible).

Se proporciona al usuario un informe que incluye información sobre el pronóstico probable del paciente (p. ej., la probabilidad de que un paciente que tiene carcinoma de células renales tenga un buen pronóstico o un resultado clínico positivo en respuesta a la cirugía y/o al tratamiento). Una evaluación de la probabilidad se denomina más adelante «informe de riesgo» o, simplemente, «puntuación de riesgo». Una persona o entidad que prepare un informe («generador de informes») también puede realizar la evaluación de probabilidad. El generador de informes también puede realizar una o más de la recolección de muestras, procesamiento de muestras, y generación de datos, p. ej., el generador de informes también puede realizar una o más de: a) recopilación de muestras; b) procesamiento de muestras; c) medir el nivel de un gen de riesgo; d) medir el nivel de un gen de referencia; y e) determinar un nivel normalizado de un gen de riesgo. Alternativamente, una entidad distinta del generador de informes puede realizar una o más recopilaciones de muestras, procesamiento de muestras, y generación de datos.

Para mayor claridad, cabe señalar que el término «usuario», que se utiliza indistintamente con «cliente», se refiere a una persona o entidad a la que se transmite un informe, y puede ser la misma persona o entidad que realiza una o más de las siguientes acciones: a) recopila una muestra; b) procesa una muestra; c) proporciona una muestra o una muestra procesada; y d) genera datos (p. ej., el nivel de un gen de riesgo; nivel de un(os) producto(s) génico(s) de referencia; nivel normalizado de un gen de riesgo para utilizar en la evaluación de probabilidad. En algunos casos, la(s) persona(s) o entidad(es) que proporcionan la recolección de muestras y/o el procesamiento de muestras y/o la generación de datos, y la persona que recibe los resultados y/o el informe pueden ser personas diferentes, pero en la presente memoria ambas se denominan «usuarios» o «clientes» para evitar confusiones. En ciertas realizaciones, p. ej., donde los métodos se ejecutan completamente en un único ordenador, el usuario o cliente proporciona la entrada de datos y la revisión de la salida de datos. Un «usuario» puede ser un profesional de la salud (p. ej., un médico, un técnico de laboratorio, un médico (p. ej., un oncólogo, cirujano, patólogo), etc.).

En realizaciones donde el usuario solo ejecuta una parte del método, la persona que, tras el procesamiento computarizado de datos según los métodos de la presente descripción, revisa la salida de datos (p. ej., los resultados antes de su publicación para proporcionar un informe completo, un informe completo, o revisa un informe «incompleto» y proporciona intervención manual y la finalización de un informe interpretativo) se denomina en la presente memoria «revisor». El revisor puede estar ubicado en una ubicación remota para el usuario (p. ej., en un servicio prestado por separado de un centro de salud donde pueda estar ubicado un usuario).

Cuando se aplican regulaciones gubernamentales u otras restricciones (p. ej., requisitos de seguro de salud, mala praxis, o responsabilidad civil), todos los resultados, ya sean generados total o parcialmente electrónicamente, se someten a una rutina de control de calidad antes de su liberación al usuario.

Métodos para analizar los niveles de expresión de un producto génico

Numerosos métodos de ensayo para medir el nivel de expresión de un producto génico son conocidos en la técnica, incluidos los métodos de ensayo para medir el nivel de expresión de un producto génico de ácido nucleico (p. ej., un ARNm), y los métodos de ensayo para medir un nivel de expresión de un producto génico polipeptídico.

Medición del nivel de un producto génico de ácido nucleico

En general, los métodos para medir un nivel de un producto génico de ácido nucleico (p. ej., un ARNm) incluyen métodos que implican el análisis de hibridación de polinucleótidos, y métodos que implican la amplificación de polinucleótidos. Los métodos comúnmente utilizados conocidos en la técnica para la cuantificación de la expresión del ARNm en una muestra incluyen la transferencia norte y la hibridación *in situ* (ver, por ejemplo, Parker & Barnes, *Methods in Molecular Biology* 106:247-283 (1999)); ensayos de protección de ARNasa (Hod, *Biotechniques* 13:852-854 (1992)); y la reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) (Weis y col., *Trends in Genetics* 8:263-264 (1992)). Alternativamente, pueden emplearse anticuerpos que puedan reconocer dúplex específicos, que incluyen dúplex de ADN, dúplex de ARN, y dúplex híbrido de ADN-ARN o dúplex de ADN-proteína. Los métodos representativos para el análisis de expresión génica basado en secuenciación incluyen el análisis en serie de la expresión génica (SAGE), y el análisis de expresión génica por secuenciación paralela masiva de la firma (MPSS).

Métodos de expresión basados en la hibridación

El nivel de un ácido nucleico diana puede medirse utilizando una sonda que se hibrida con el ácido nucleico diana. El ácido nucleico diana podría ser, por ejemplo, un producto de expresión de ARN de un gen indicador de respuesta asociado con la respuesta a un inhibidor de VEGF/VEGFR, o un producto de expresión de ARN de un gen de referencia. En algunas realizaciones, el ácido nucleico diana se amplifica primero, por ejemplo, utilizando un método de reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Hay diversos métodos disponibles para analizar mezclas de ácidos nucleicos para determinar la presencia y/o el nivel de un ácido nucleico específico. El ARNm puede analizarse directamente o transcribirse de forma inversa en ADNc para su análisis.

En algunas realizaciones, el método implica poner en contacto una muestra (p. ej., una muestra derivada de una célula cancerosa) en condiciones de hibridación rigurosas con una sonda de ácido nucleico y detectar la unión, si la hay, de la sonda a un ácido nucleico de la muestra. Una variedad de métodos de hibridación de ácidos nucleicos es bien conocida por los expertos en la técnica, y puede utilizarse cualquier método conocido. En algunas realizaciones, la sonda de ácido nucleico se marcará de forma detectable.

Métodos de expresión basados en la amplificación de objetivos

Los métodos para amplificar (p. ej., mediante PCR) el ácido nucleico, los métodos para realizar la extensión de cebadores, y los métodos para evaluar los ácidos nucleicos son generalmente bien conocidos en la técnica. (Ver,

p. ej., Ausubel, y col., Short Protocols in Molecular Biology, 3.^a ed., Wiley & Sons, 1995 y Sambrook, y col., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 3.^a ed., 2001 Cold Spring Harbor, N.Y.)

Un ARNm diana puede amplificarse mediante la transcripción inversa del ARNm en ADNc, y a continuación realizando una PCR (PCR con transcripción inversa o RT-PCR). Alternativamente, puede utilizarse una sola enzima para ambos pasos como se describe en la patente US-5.322.770.

El ensayo de nucleasa 5' fluorogénica, conocido como ensayo TaqMan® (Roche Molecular Systems, Inc.), es un sistema de detección potente y versátil basado en PCR para ácidos nucleicos diana. Para una descripción detallada del ensayo TaqMan, los reactivos y las condiciones para utilizar el mismo, ver, p. ej., Holland y col., Proc. Natl. Acad. Sci., EE. UU. (1991) 88:7276-7280; la patente US- 5.538.848, US-5.723.591, y US-5.876.930. Por lo tanto, los cebadores y sondas derivados de regiones de un ácido nucleico diana como se describe en la presente memoria pueden utilizarse en los análisis de TaqMan para detectar un nivel de ARNm diana en una muestra biológica. El análisis se realiza junto con el ciclo térmico monitorizando la generación de señales de fluorescencia. (TaqMan es una marca comercial registrada de Roche Molecular Systems).

El ensayo de nucleasa 5' fluorogénica se realiza convenientemente utilizando, por ejemplo, la ADN polimerasa AmpliTaq Gold®, que tiene actividad nucleasa 5' endógena, para digerir una sonda oligonucleotídica interna marcada con un colorante indicador fluorescente y con un extintor (ver, Holland y col., Proc Nat Acad Sci EE. UU. (1991) 88:7276-7280; y Lee y col., Nucl. Acids Res.

(1993) 21:3761-3766). Los resultados del ensayo se detectan midiendo los cambios en la fluorescencia que se producen durante el ciclo de amplificación a medida que se digiere la sonda fluorescente, desacoplando los marcadores colorantes y desactivadores y causando un aumento en la señal fluorescente que es proporcional a la amplificación del ácido nucleico diana. (AmpliTaq Gold es una marca comercial registrada de Roche Molecular Systems).

Los productos de amplificación se pueden detectar en solución o usando soportes sólidos. En este método, la sonda TaqMan está diseñada para hibridarse con una secuencia diana dentro del producto de PCR deseado. El extremo 5' de la sonda TaqMan contiene un colorante indicador fluorescente. El extremo 3' de la sonda está bloqueado para evitar la extensión de la sonda y contiene un colorante que apagará la fluorescencia del fluoróforo 5'. Durante la amplificación posterior, el marcador fluorescente 5' se escinde si una polimerasa con actividad de exonucleasa 5' está presente en la reacción. La escisión del fluoróforo 5' resulta en un aumento de la fluorescencia que puede detectarse.

El primer paso para el análisis de la expresión génica es el aislamiento del ARNm de una muestra diana. El material de partida es típicamente ARN total aislado de tumores humanos o líneas de células tumorales, y tejidos o líneas celulares normales correspondientes, respectivamente. Por tanto, el ARN puede aislarse de una variedad de tumores primarios, que incluyen mama, pulmón, colon, próstata, cerebro, hígado, riñón, páncreas, bazo, timo, testículo, ovario, útero, cabeza y cuello, etc., tumorales o líneas celulares tumorales, con ADN combinado de donantes sanos. Si la fuente de ARNm es un tumor primario, el ARNm puede extraerse, p. ej., de muestras de tejido congeladas o archivadas, embebidas en parafina y fijadas (p. ej., fijadas con formalina).

Los métodos generales para la extracción de ARNm se conocen bien en la técnica y se describen en los libros de texto estándar de biología molecular, que incluyen Ausubel y col., Current Protocols of Molecular Biology (Wiley and Sons, 1997). Se describen métodos para la extracción de ARN de tejidos embebidos en parafina, por ejemplo, M. Cronin, Am J. Pathol 164(1):35-42 (2004). En particular, el aislamiento de ARN puede realizarse utilizando kits y reactivos de fabricantes comerciales según las instrucciones del fabricante. Por ejemplo, el ARN total de las células en cultivo puede aislarse utilizando minicolumnas RNeasy® (Qiagen GmbH Corp.). Otros kits de aislamiento de ARN comercializados incluyen el kit de purificación de ADN y ARN completo MasterPure™ (EPICENTRE® Biotechnologies, Madison, WI), mirVana (Applied Biosystems, Inc.), y el kit de aislamiento de ARN en bloque de parafina (Ambion, Inc.). El ARN total de las muestras de tejido puede aislarse utilizando RNA STAT-60™ (IsoTex Diagnostics, Inc., Friendswood TX). El ARN preparado a partir de tumor puede aislarse, por ejemplo, mediante centrifugación en gradiente de densidad de cloruro de cesio. (RNeasy es una marca comercial registrada de Qiagen GmbH Corp.; MasterPure es una marca comercial de EPICENTRE Biotechnologies; RNA STAT-60 es una marca comercial de Tel-Test Inc.)

[Como el ARN no puede servir como molde para la PCR, el primer paso en el perfil de expresión génica por RT-PCR es la transcripción inversa del molde de ARN en ADNc, seguida de su amplificación exponencial en una reacción de PCR. Las dos enzimas de transcriptasa inversas utilizadas más comúnmente son la transcriptasa inversa del virus de la mieloblastosis aviar (AMV-RT) y la transcriptasa inversa del virus de la leucemia murina de Moloney (MMLV-RT). La etapa de transcripción inversa se cebe, típicamente, mediante el uso de cebadores específicos, hexámeros aleatorios, o cebadores oligo-dT, en dependencia de las circunstancias y del objetivo del perfil de expresión. Por ejemplo, el ARN extraído puede transcribirse de forma inversa utilizando un kit de PCR de ARN GeneAmp® (Applied Biosystems Inc., Foster City, CA) según las instrucciones del fabricante. El ADNc derivado puede utilizarse después

como molde en una reacción de PCR posterior. (GeneAmp es una marca comercial registrada de Applied Biosystems Inc.)

Aunque la etapa de PCR puede usar una variedad de ADN polimerasas termoestables dependientes de ADN, típicamente emplea la ADN polimerasa Taq, que tiene una actividad nucleasa 5'-3' pero carece de una actividad endonucleasa correctora de pruebas 3'-5'. Por ejemplo, la PCR TaqMan® utiliza típicamente la actividad nucleasa 5' de la polimerasa Taq o Tth para hidrolizar una sonda de hibridación unida a su amplicón diana, pero puede utilizarse cualquier enzima con actividad nucleasa 5' equivalente. Se utilizan dos cebadores oligonucleotídicos para generar un amplicón. Un tercer oligonucleótido, o sonda, está diseñado para detectar la secuencia de nucleótidos ubicada entre los dos cebadores de la PCR. La sonda no es extensible por la enzima Taq ADN polimerasa y está marcada con un colorante fluorescente reportero y un colorante fluorescente de inactivación. Cualquier emisión inducida por láser del tinte indicador es apagada por el tinte de enfriamiento cuando los dos tintes están ubicados muy juntos como lo están en la sonda. Durante la reacción de amplificación, la enzima Taq ADN polimerasa escinde la sonda de una manera dependiente del molde. Los fragmentos de la sonda resultantes se disocian en solución y la señal del colorante reportero liberado está libre del efecto de inactivación del segundo fluoróforo. Se libera una molécula de colorante reportero por cada nueva molécula sintetizada, y la detección del colorante reportero no inactivado proporciona la base para la interpretación cuantitativa de los datos. (TaqMan es una marca registrada de Applied Biosystems).

La RT-PCR TaqMan® puede realizarse utilizando equipos comercializados, tales como, por ejemplo, el sistema de detección de secuencias de ABI PRISM 7700® (Applied Biosystems, Foster City, California, EE. UU.), o LightCycler® (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Alemania). En una realización preferida, el procedimiento de nucleasa 5' se ejecuta en un dispositivo de PCR cuantitativa en tiempo real tal como el ABI PRISM 7900™ Sequence Detection System™. El sistema consiste en un termociclador, láser, dispositivo de carga acoplada (CCD), cámara y ordenador. El sistema amplifica las muestras en un formato de 96 pocillos en un termociclador. Durante la amplificación, la señal fluorescente inducida por láser se recolecta en tiempo real a través de cables de fibra óptica para todos los 96 pocillos, y se detecta en el CCD. El sistema incluye un programa informático para ejecutar el instrumento y analizar los datos. (PRISM 7700 es una marca comercial registrada de Applied Biosystems; Lightcycler es una marca comercial registrada de Roche Diagnostics GmbH LLC.)

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

Para minimizar el efecto de la variación de muestra a muestra, la RT-PCR cuantitativa usualmente se realiza utilizando un patrón interno, o uno o más genes de referencia. El estándar interno ideal se expresa a un nivel constante entre diferentes tejidos y no se ve afectado por el tratamiento experimental. Los ARN que se utilizan para normalizar los patrones de expresión génica incluyen, p. ej., los ARNm para los genes de referencia gliceraldehído-3-fosfato-deshidrogenasa (GAPDH) y β -actina.

Una variación más reciente de la técnica RT-PCR es la PCR en tiempo real cuantitativo, que mide la acumulación de producto de PCR a través de una sonda fluorogénica doblemente marcada (es decir, sonda TaqMan®). La PCR en tiempo real es compatible tanto con la PCR competitiva cuantitativa, donde se utiliza un competidor interno para cada secuencia diana para la normalización, y con la PCR comparativa cuantitativa que utiliza un gen de normalización contenido en la muestra, o un gen de referencia para la RT-PCR. Para mayores detalles ver, p. ej., Held y col., Genome Research 6:986-994 (1996).

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

Para pautas adicionales para el diseño de sonda y cebador de PCR, ver, p. ej., Dieffenbach, C.W. y col. "General Concepts for PCR Primer Design" en: PCR Primer, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Nueva York, 1995, páginas 133-155; Innis y Gelfand, "Optimization of PCRs" en: PCR Protocols, A Guide to Methods and Applications, CRC Press, Londres, 1994, págs. 5-11; y Plasterer, T.N. PrimerSelect: Primer and probe design. Methods Mol. Biol. 70:520-527 (1997).

Otros métodos adecuados para analizar un nivel de un producto génico de ácido nucleico incluyen, p. ej., micromatrices; análisis en serie de la expresión génica (SAGE); Análisis MassARRAY®; expresión génica digital (DGE) (J. Marioni, Genome Research 18(9):1509-1517 (2008)), expresión génica mediante secuenciación de firmas masivamente paralela (ver, p. ej., Ding y Cantor, Proc. Nat'l Acad Sci 100:3059-3064 (2003)); visualización diferencial (Liang y Pardee, Science 257:967-971 (1992)); polimorfismo de longitud de fragmento amplificado (iAFLP) (Kawamoto y col., Genome Res. 12:1305-1312 (1999)); tecnología BeadArray™ (Illumina, San Diego,

California; Oliphant y col., *Discovery of Markers for Disease* (Supplement to *Biotechniques*), junio de 2002; Ferguson y col., *Analytical Chemistry* 72:5618 (2000)); Matriz de microesferas para la detección de expresiones génicas (BADGE), utilizando el sistema Luminex100 LabMap comercializado y múltiples microesferas codificadas por colores (Luminex Corp., Austin, TX) en un ensayo rápido para la expresión génica (Yang y col., *Genome Res.* 11:1888-1898 (2001)); y análisis de perfiles de expresión de alta cobertura (HiCEP) (Fukumura y col., *Nucl. Acids. Res.* 31(16) e94 (2003)).

Intrones

Los ensayos para medir la cantidad de un producto de expresión génica de ARN pueden dirigirse a secuencias de intrones o secuencias de exones del transcrito primario. La cantidad de un intrón empalmado que se mide en muestras de tejido humano es generalmente indicativa de la cantidad de un exón correspondiente (es decir, un exón del mismo gen) presente en las muestras. Los polinucleótidos que consisten en o son complementarios a las secuencias de intrones pueden utilizarse, p. ej., en métodos de hibridación o métodos de amplificación para analizar el nivel de expresión de los genes indicadores de respuesta.

Medición de los niveles de un producto génico polipeptídico

Los métodos para medir un nivel de un producto génico polipeptídico son conocidos en la técnica e incluyen métodos basados en anticuerpos tales como el ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA), el radioinmunoensayo (RIA), el análisis de transferencia de proteínas, el análisis inmunohistoquímico y similares. La medición de un producto génico polipeptídico también puede medirse in vivo en el sujeto utilizando un anticuerpo que se une específicamente a un polipéptido diana, acoplarse a un marcador paramagnético u otro marcador utilizado para obtener imágenes in vivo, y visualizar la distribución del anticuerpo marcado dentro del sujeto utilizando un método para obtener imágenes in vivo apropiado, tal como la obtención de imágenes por resonancia magnética. Tales métodos también incluyen métodos proteómicos tales como métodos de espectrometría de masas, que son conocidos en la técnica.

Métodos para aislar el ARN de fluidos corporales

Los métodos para aislar el ARN para análisis de expresión de sangre, plasma y suero (ver por ejemplo, Tsui NB y col. (2002) 48,1647-53 y las referencias citadas en la misma) y de orina (ver por ejemplo, Boom R y col. (1990) *J Clin Microbiol.* 28, 495-503 y las referencias citadas en la misma) se han descrito.

Métodos para aislar el ARN de tejido embebido en parafina

Las etapas de un protocolo representativo para determinar el perfil de expresión génica mediante el uso de tejidos fijados, embebidos en parafina como fuente de ARN, que incluye el aislamiento de ARNm, la purificación, la extensión del cebador y la amplificación se proporcionan en varios artículos publicados en revistas. (Ver, p. ej., T.E. Godfrey y col., *J. Molec. Diagnóstico* 2: 84-91 (2000); K. Specht y col., *Am. J. Pathol.* 158: 419-29 (2001), M. Cronin, y col., *Am J Pathol* 164:35-42 (2004)).

Métodos y productos asistidos por ordenador y manuales

Los métodos y sistemas descritos en la presente memoria pueden implementarse de numerosos modos. En una realización de particular interés, los métodos implican utilizar una infraestructura de comunicaciones, por ejemplo, el Internet. A continuación se describen varias modalidades. También debe entenderse que la presente descripción puede implementarse en diversas formas de hardware, software, firmware, procesadores, o una combinación de los mismos. Los métodos y sistemas descritos en la presente memoria pueden implementarse como una combinación de hardware y software. El software puede implementarse como un programa de aplicación incorporado de modo tangible en un dispositivo de almacenamiento de programas, o en diferentes partes del software implementadas en el entorno informático del usuario (p. ej., como un applet) y en el entorno informático del revisor, donde el revisor puede estar ubicado en un sitio remoto asociado (p. ej., en las instalaciones de un proveedor de servicios).

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

El programa de aplicación para ejecutar los algoritmos descritos en la presente memoria puede cargarse en, y ejecutarse por, una máquina que comprenda cualquier arquitectura adecuada. En general, la máquina implica una plataforma informática que tiene hardware tal como una o más unidades de procesamiento central (CPU), una

memoria de acceso aleatorio (RAM) e interfaces de entrada/salida (I/O). La plataforma informática también incluye un sistema operativo y un código de microinstrucciones. Los diversos procesos y funciones descritos en la presente memoria pueden ser parte del código de microinstrucción o parte del programa de aplicación (o una combinación de los mismos) que se ejecuta a través del sistema operativo. Además, pueden conectarse diversos otros dispositivos periféricos a la plataforma informática tal como un dispositivo de almacenamiento de datos adicional y un dispositivo de impresión.

Como sistema informático, el sistema generalmente incluye una unidad procesadora. La unidad procesadora funciona para recibir información, que puede incluir datos de prueba (p. ej., el nivel de un gen de riesgo, el nivel de un(os) producto(s) génico(s) de referencia); nivel normalizado de un gen; y también puede incluir otros datos tal como los datos del paciente. Esta información recibida puede almacenarse al menos temporalmente en una base de datos y analizarse los datos para generar un informe como se ha descrito anteriormente.

Parte o la totalidad de los datos de entrada y salida también pueden enviarse electrónicamente; ciertos datos de salida (p. ej., informes) pueden enviarse electrónica o telefónicamente (p. ej., por fax, p. ej., utilizando dispositivos tales como la devolución por fax). Los dispositivos receptores de salida ilustrativos pueden incluir un elemento de visualización, una impresora, un dispositivo de fax y similares. Las formas electrónicas de transmisión y/o visualización pueden incluir correo electrónico, televisión interactiva, y similares. En una realización de particular interés, todos o una parte de los datos de entrada y/o todos o una parte de los datos de resultados (p. ej., usualmente al menos el informe final) se mantienen en un servidor web para su acceso, preferiblemente acceso confidencial, con navegadores típicos. Puede accederse a los datos o enviarlos a los profesionales de la salud según se desee. Los datos de entrada y salida, que incluyen la totalidad o una parte del informe final, pueden utilizarse para completar la historia clínica de un paciente, que puede existir en una base de datos confidencial en el centro de salud.

Un sistema para utilizar en los métodos descritos en la presente memoria generalmente incluye al menos un procesador de ordenador (p. ej., cuando el método se realiza en su totalidad en un único sitio) o al menos dos procesadores de ordenador en red (p. ej., cuando un usuario (también denominado en la presente memoria «cliente») debe introducir datos y transmitirlos a un sitio remoto a un segundo procesador de ordenador para su análisis, donde el primer y el segundo procesadores de ordenadores están conectados por una red, p. ej., a través de intranet o internet). El sistema también puede incluir un(os) componente(s) de usuario para la entrada; y un(os) componente(s) de revisión para la revisión de los datos, los informes generados, y la intervención manual. Los componentes adicionales del sistema pueden incluir un(os) componente(s); y una base(s) de datos para almacenar datos (p. ej., como en una base de datos de elementos de informes, p. ej., elementos de informes interpretativos), o una base de datos relacional (RDB) que puede incluir la entrada de datos por el usuario y la salida de datos. Los procesadores informáticos pueden ser procesadores que se encuentran típicamente en ordenadores personales de escritorio (p. ej., IBM, Dell, Macintosh), ordenadores portátiles, ordenadores centrales, miniordenadores, u otros dispositivos informáticos.

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

En un ejemplo, la arquitectura se proporciona como una arquitectura cliente/servidor centrada en la base de datos, en la que la aplicación cliente generalmente solicita servicios al servidor de aplicaciones que hace solicitudes a la base de datos (o al servidor de bases de datos) para rellenar el informe con los diversos elementos del informe según sea necesario, particularmente los elementos del informe interpretativo, especialmente el texto de interpretación y las alertas. El(Los) servidor(es) (p. ej., ya sea como parte de la máquina del servidor de aplicaciones o de una máquina de base de datos relacional o RDB independiente) responden a las solicitudes del cliente.

Los componentes del cliente de entrada pueden ser ordenadores personales completos, independientes que ofrecen un rango completo de potencia y funciones para ejecutar aplicaciones. El componente cliente usualmente funciona en cualquier sistema operativo deseado e incluye un elemento de comunicación (p. ej., un módem u otro hardware para conectarse a una red), uno o más dispositivos de entrada (p. ej., un teclado, un ratón, un teclado numérico, u otro dispositivo utilizado para transferir información o comandos), un elemento de almacenamiento (p. ej., un disco duro u otro medio de almacenamiento legible por ordenador, grabable por ordenador), y un elemento de visualización (p. ej., un monitor, un televisor, una pantalla LCD, un LED, u otro dispositivo de visualización que transmita información al usuario). El usuario introduce los comandos de entrada en el procesador de la computadora a través de un dispositivo de entrada. Generalmente, la interfaz de usuario es una interfaz gráfica de usuario (GUI) escrita para aplicaciones de navegador web.

Los componentes del servidor pueden ser un ordenador personal, un miniordenador o un ordenador central y ofrecen administración de datos, intercambio de información entre clientes, administración de redes y seguridad. La aplicación y cualquier base de datos utilizada pueden estar en el mismo servidor o en servidores diferentes.

Se contemplan otras disposiciones informáticas para el cliente y el servidor o servidores, incluido el procesamiento en una única máquina tal como un ordenador central, una recolección de máquinas, u otra configuración adecuada. En general, las máquinas cliente y servidor trabajan juntas para realizar el procesamiento de la presente descripción.

Cuando se utilizan, las bases de datos suelen estar conectadas al componente del servidor de la base de datos y pueden ser cualquier dispositivo que contenga datos. Por ejemplo, la base de datos puede ser un cualquier dispositivo de almacenamiento magnético u óptico para un ordenador (p. ej., un CDROM, un disco duro interno, una unidad de cinta). La base de datos puede estar ubicada de forma remota al componente servidor (con acceso a través de una red, módem, etc.) o localmente al componente servidor.

Donde se utiliza en el sistema y los métodos, la base de datos puede ser una base de datos relacional que se organiza y se accede a ella según las relaciones entre los elementos de datos. La base de datos relacional se compone generalmente de una pluralidad de tablas (entidades). Las filas de una tabla representan registros (recopilaciones de información sobre distintos elementos) y las columnas representan campos (atributos particulares de un registro). En su concepción más simple, la base de datos relacional es una recolección de entradas de datos que se «relacionan» entre sí a través de al menos un campo común.

Pueden utilizarse estaciones de trabajo adicionales equipadas con ordenadores e impresoras en el punto de servicio para ingresar datos y, en algunas realizaciones, generar los informes apropiados, si se desea. El(Los) ordenador(es) pueden tener un acceso directo (p. ej., en el escritorio) para iniciar la aplicación y facilitar el inicio de la entrada de datos, la transmisión, el análisis, la recepción de informes, etc., según se desee.

Medios de almacenamiento legibles por ordenador

La presente descripción también contempla un medio de almacenamiento legible por ordenador (no cubierto por la invención reivindicada) (p. ej., un CD-ROM, una clave de memoria, una tarjeta de memoria flash, un disquete, etc.) que tiene almacenado en el mismo un programa que, cuando se ejecuta en un entorno informático, proporciona la implementación de algoritmos para realizar todos o una parte de los resultados de una evaluación de probabilidad de respuesta como se describe en la presente memoria. Cuando el medio legible por ordenador contiene un programa completo para realizar los métodos descritos en la presente memoria, el programa incluye instrucciones de programa para recolectar, analizar y generar resultados, y generalmente incluye dispositivos de código legibles por ordenador para interactuar con un usuario como se describe en la presente memoria, procesar esos datos junto con la información analítica, y generar medios impresos o electrónicos únicos para ese usuario.

Donde el medio de almacenamiento proporciona un programa que proporciona la implementación de una parte de los métodos descritos en la presente memoria (p. ej., el aspecto del lado del usuario de los métodos (p. ej., entrada de datos, capacidades de recepción de informes, etc.)), el programa proporciona la transmisión de los datos introducidos por el usuario (p. ej., a través de Internet, a través de una intranet, etc.) a un entorno informático en un sitio remoto. El procesamiento o la finalización del procesamiento de los datos se realiza en el sitio remoto para generar un informe. Después de revisar el informe y completar cualquier intervención manual necesaria para proporcionar un informe completo, el informe completo se transmite nuevamente al usuario como un documento electrónico o un documento impreso (p. ej., un informe en papel enviado por fax o por correo). El medio de almacenamiento que contiene un programa según la presente descripción puede empaquetarse con instrucciones (p. ej., para la instalación, la utilización del programa, etc.) grabadas en un sustrato adecuado o en una dirección web donde pueden obtenerse tales instrucciones. El medio de almacenamiento legible por ordenador también puede proporcionarse en combinación con uno o más reactivos para realizar la evaluación de la probabilidad de respuesta (p. ej., cebadores, sondas, matrices, u otros tales componentes del kit).

Métodos de análisis de datos

Normalización de referencia

Para minimizar las variaciones en la medición de la expresión debidas a variaciones no biológicas en las muestras, p. ej., la cantidad y la calidad del producto de expresión que va a medirse, los datos del nivel de expresión sin procesar medidos para un producto génico (p. ej., las mediciones del umbral de ciclo (C_t) obtenidas mediante qRT-PCR) pueden normalizarse con respecto a los datos del nivel de expresión medio obtenidos para uno o más genes de referencia. En un enfoque de normalización, se utiliza un pequeño número de genes como genes de referencia; los genes elegidos para los genes de referencia muestran típicamente una cantidad mínima de variación en la expresión de muestra a muestra y el nivel de expresión de otros genes se compara con la expresión relativamente estable de los genes de referencia. En el enfoque de normalización global, el nivel de expresión de cada gen en una muestra se compara con un nivel de expresión promedio en la muestra de todos los genes para comparar la expresión de un gen particular con la cantidad total de material.

Los datos no procesados de la qRT-PCR se expresan como umbral ciclo (C_t), el número de ciclos de amplificación necesarios para que la señal detectable supere un umbral definido. Un C_t alto es indicativo de una expresión baja, ya que se requieren más ciclos para detectar el producto de amplificación. La normalización puede realizarse de tal

modo que un aumento de una unidad en el nivel de expresión normalizado de un producto génico refleje generalmente un aumento de 2 veces en la cantidad de producto de expresión presente en la muestra. Para obtener más información sobre las técnicas de normalización aplicables a los datos de qRT-PCR de tejido tumoral, ver, p. ej., Silva S y col. (2006) BMC Cancer 6, 200; de Kok J y col. (2005) Laboratory Investigation 85, 154-159. La expresión génica puede entonces estandarizarse dividiendo la expresión génica normalizada entre la desviación estándar de la expresión en todos los pacientes para ese gen particular. Al estandarizar la expresión génica normalizada, los cocientes de riesgo entre los genes son comparables y reflejan el riesgo relativo de cada desviación estándar de la expresión génica.

10 Análisis estadístico

Un experto en la técnica reconocerá que hay una variedad de métodos estadísticos disponibles que son adecuados para comparar el nivel de expresión de un gen (u otra variable) en dos grupos y determinar la significación estadística de las diferencias de nivel de expresión que se encuentran. (Ver, p. ej., H. Motulsky, Intuitive Biostatistics (Oxford University Press, 1995); D. Freedman, Statistics (W.W. Norton & Co, cuarta edición, 2007). Por ejemplo, un modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox puede proporcionar un ajuste adecuado a un criterio de valoración clínico de tiempo a evento (p. ej., RFI, OS). Un supuesto del modelo de regresión de riesgos proporcionales de Cox es el supuesto de riesgos proporcionales, es decir, el supuesto de que los efectos de modelo multiplican el riesgo subyacente. Pueden realizarse evaluaciones de la adecuación del modelo, que incluye, pero no se limita a, el examen de la suma acumulada de residuos martingala. Un experto en la técnica reconocerá que existen numerosos métodos estadísticos que pueden utilizarse (p. ej., Royston y Parmar (2002), spline de suavizado, etc.) para ajustar un modelo paramétrico flexible utilizando la escala de riesgo y la distribución de Weibull con spline natural suavizado de la función logarítmica de riesgos acumulados, con efectos permitidos para ser dependiente del tiempo. (Ver P. Royston, M. Parmar, Statistics in Medicine 21(15):2175-2197 (2002).) La relación entre el riesgo de recurrencia y (1) los grupos de riesgo de recurrencia; y (2) también pueden analizarse las covariables clínicas/patológicas (p. ej., estadio del tumor, grado del tumor, presencia de necrosis, invasión linfática o vascular, etc.) para determinar su importancia. Los ejemplos adicionales de modelos incluyen modelos de regresión logística o logística ordinal en los que puede evaluarse la asociación entre la expresión génica y los criterios de valoración clínicos dicotómicos (para la logística) u ordinales (para la logística ordinal) (es decir, el estadio, la necrosis, el grado). (Ver, p. ej., D. Hosmer y S. Lemeshow, Applied Logistic Regression (John Wiley and Sons, 1989).

En una realización ilustrativa, los resultados se ajustaron para múltiples pruebas de hipótesis, y se permitió un índice de falsos descubrimientos (FDR) del 10 %, utilizando el procedimiento de Storey, y utilizando el TDRAS con clases separadas (M. Crager, identificación de genes utilizando conjuntos de grados de asociación de índices de descubrimiento reales y estimaciones corregidas para la regresión a la media, Statistics in Medicine (publicado en línea en diciembre de 2009). En otra realización, los genes con una asociación significativa con la RFI se identificaron a través de técnicas de validación cruzada en las que se utilizó una regresión gradual del pH de Cox utilizando un subconjunto de factores identificados a través del análisis de componentes principales (PCA).

Los métodos para calcular los coeficientes de correlación, particularmente el coeficiente de correlación producto-momento de Pearson, son conocidos en la técnica. (Ver, p. ej., J. Rodgers y W. Nicewander, The American Statistician, 42, 59-66 (1988); H. Motulsky, H., Intuitive Biostatistics (Oxford University Press, 1995). Para realizar procesos biológicos particulares, los genes a menudo trabajan juntos de manera concertada, es decir, se expresan. Los grupos de genes coexpresados identificados para un proceso de enfermedad como el cáncer pueden servir como biomarcadores para la progresión de la enfermedad y la respuesta al tratamiento. Tales genes coexpresados pueden ensayarse en lugar de, o además, ensayar el gen de estadificación con el cual se coexpresan.

Un experto en la técnica reconocerá que muchos métodos de análisis de coexpresión ahora conocidos o desarrollados posteriormente estarán dentro del alcance de la presente invención. Estos métodos pueden incorporar, por ejemplo, coeficientes de correlación, análisis de red de coexpresión, análisis de grupos exclusivos, etcétera, y pueden basarse en datos de expresión de RT-PCR, micromatrices, secuenciación, y otras tecnologías similares. Por ejemplo, los grupos de expresión génica pueden identificarse utilizando análisis de correlación por pares basados en los coeficientes de correlación de Pearson o Spearman. (Ver, p. ej., Pearson K. y Lee A., Biometrika 2, 357 (1902); C. Spearman, Amer. J. Psychol 15:72-101

(1904); J. Myers, A. Well, Research Design and Statistical Analysis, pág. 508 (2a ed., 2003).) En general, un coeficiente de correlación igual que o superior a 0,3 se considera estadísticamente significativo en un tamaño de muestra de al menos 20. (Ver, p. ej., G. Norman, D. Streiner, Biostatistics: The Bare Essentials, 137-138 (3.^a ed. 2007).)

Todos los aspectos de la presente descripción también pueden ponerse en práctica de tal modo que un número limitado de genes adicionales que se coexpresan con los genes descritos, por ejemplo, como lo demuestran los coeficientes de correlación de Pearson y/o Spearman estadísticamente significativos, se incluyen en una prueba pronóstica además de y/o en lugar de los genes descritos.

Una vez descrita la invención, la misma se entenderá más fácilmente a través de la referencia a los siguientes Ejemplos, que se proporcionan a modo de ilustración, y no pretenden limitar la invención de ninguna manera.

Ejemplos

Se realizaron dos estudios para demostrar la viabilidad de la elaboración de perfiles de expresión génica de tumores renales obtenidos de pacientes con carcinoma de células renales. (Ver Abstract de M. Zhou, y col., "Optimized RNA extraction and RT-PCR assays provide successful molecular analysis on a wide variety of archival fixed tissues", reunión anual de la AACR (2007)).

Diseño del estudio

El tejido tumoral renal se obtuvo de aproximadamente 1200 pacientes de la base de datos de la Cleveland Clinic Foundation (CCF). Esta base de datos consiste en pacientes que fueron diagnosticados con un carcinoma renal, de tipo de células claras, en estadios I, II y III entre los años 1985 y 2003, que tenían disponibles bloqueos tumorales embebidos en parafina (PET) y un seguimiento clínico adecuado, y que no recibieron tratamiento sistémico adyuvante o neoadyuvante. También se excluyeron los pacientes con enfermedad hereditaria del VHL o tumores bilaterales. Los tumores se clasificaron utilizando (1) el sistema de clasificación de Fuhrman como se indica en la Clasificación de tumores de la Organización Mundial de la Salud: Patología y genética: Tumores del aparato urinario y de los órganos genitales masculinos; y (2) el sistema modificado de calificación de Fuhrman (tabla 1). En general, si no se espera ni se observa ninguna afectación ganglionar en los pacientes, no se inspecciona la afectación ganglionar y se anota el Nx. En este estudio, el Nx se trató como N0 para fines de clasificación por estadios. La expresión de 732 genes se evaluó cuantitativamente para cada muestra de tejido del paciente.

Tabla 1: Sistemas de clasificación de Fuhrman

	Grado de Fuhrman (modificado)	Grado de Fuhrman (OMS)
1	Núcleos pequeños como los linfocitos con cromatina condensada	Núcleos pequeños, redondos, uniformes (~10 µm); nucléolos ausentes o discretos (a 400x)
2	Núcleos tanto pequeños como linfocitos con cromatina condensada y otros núcleos que muestran una cromatina ampliada, abierta	Núcleos más grandes (~15 µm) con contorno irregular; pequeños nucléolos presentes (a 400x)
3	Todos los núcleos se ampliaron con cromatina abierta	Núcleos más grandes (que se acercan a 20 µm) con un contorno más irregular; nucléolos prominentes presentes (a 100x)
4	Núcleos grandes y bizarros	Características de grado 3 con núcleos pleomórficos o multilobulados, con o sin células fusiformes

Criterios de inclusión

(1) Pacientes que se sometieron a una nefrectomía en el CCF y que tienen un seguimiento clínico mínimo de 6 meses o tienen un RCC recurrente, documentado en la historia clínica, la base de datos o el registro.

(2) Diagnosticado con RCC, tipo de células claras, estadio I, II, o III.

(3) Bloqueos renales fijados en formalina, fluido de Hollander o fijador de Zenker.

Criterios de exclusión

(1) No hay ningún bloqueo tumoral disponible del diagnóstico inicial en el archivo de Cleveland Clinic.

(2) No hay ningún tumor o hay muy poco tumor (<5 % del área de células cancerosas invasivas) en bloque, según la evaluación del examen de Hollander y/o del portaobjetos teñido con hematoxilina y eosina (H&E).

(3) Valores de umbral ciclo (Ct) altos de los genes de referencia. Todas las muestras independientemente de su cantidad de ARN, se analizarán mediante RT-qPCR, pero solo se analizarán las placas donde el Ct promedio de los genes de referencia sea inferior a 35.

(4) Pacientes con enfermedad hereditaria de VHL y/o tumores bilaterales

(5) Pacientes que recibieron terapia sistémica neoadyuvante o adyuvante

Concordancia entre los factores clínicos y patológicos

Dos laboratorios de patología distintos realizaron análisis de diversos factores clínicos y patológicos utilizando las mismas medidas estandarizadas. El nivel de concordancia, por covariable, se proporciona en la tabla 2, a continuación. Para los fines del análisis estadístico, se utilizó la determinación de solo uno de los laboratorios centrales.

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

Covariable	Método de análisis	Concordancia
Presencia de necrosis	Técnica microscópica según Leibovich BC et al. (2003) Cancer 97(3), 1663-1671.	47 %
Grado del tumor	Fuhrman	65 %

Panel de genes de perfil de expresión

El ARN de muestras de tejido embebido en parafina (PET) obtenidas de 942 pacientes que cumplían todos los criterios de inclusión/exclusión se extrajo utilizando protocolos optimizados para tejido renal fijado y se realizaron ensayos moleculares de expresión génica cuantitativa mediante RT-PCR TagMan®. La RT-PCR se realizó con una entrada de ARN a 1,0 ng por volumen de reacción de 5 µl utilizando dos placas de 384 pocillos.

El análisis por RT-PCR de muestras de PET se llevó a cabo utilizando 732 genes. Estos genes se evaluaron para determinar su asociación con los criterios de valoración primarios y secundarios, el intervalo sin recurrencia (RFI), la supervivencia sin enfermedad (DFS) y la supervivencia general (SG).

Todos los análisis primarios y secundarios se realizaron sobre los niveles de expresión génica normalizados de referencia utilizando la media de los genes de referencia para la normalización. Se probaron tres esquemas de normalización utilizando AAMP, ARF1, ATP5E, EEF1A1, GPX1, RPS23, SDHA, UBB, y RPLP1. Algunos o todos los demás genes del panel de prueba se utilizaron en los análisis de esquemas de normalización alternativos.

De los 732 genes, 647 se consideraron evaluables para su posterior consideración. Los análisis de resultados de los 647 genes evaluables se ajustaron para realizar múltiples pruebas de hipótesis, permitiendo un índice de falsos descubrimientos (FDR) del 10 %, utilizando el procedimiento de Storey, y utilizando conjuntos de grados de asociación con índices de descubrimiento reales (TDRDAS) con clases separadas (M. Crager, Gene identification using true discovery rate degree of association sets and estimates corrected for regression to the mean, Statistics in Medicine 29:33-45 (2009)). Sin ajustar las covariables basales y sin controlar la FDR, se identificó un subconjunto de 448 (69 %) de genes como significativamente asociados con la RFI ($p \leq 0,05$). Se realizaron análisis adicionales utilizando un análisis supervisado de componentes principales (PCA) en un subconjunto de 188 genes que tienen un límite inferior máximo (MLB) $> 1,2$ mediante el análisis TDRDAS, controlando el FDR pero sin tener en cuenta las clases separadas. Los 10 factores principales se modificaron manteniendo los genes con cargas factoriales altas (carga/carga máxima $> 0,7$) se mantuvieron. Los 10 factores principales modificados se sometieron a una validación cruzada de 5 veces para evaluar el rendimiento de los grupos de genes e identificar los factores que aparecían con mayor frecuencia.

Los genes que tuvieron una asociación significativa ($p \leq 0,05$) con el riesgo de recurrencia se enumeran en las tablas 3a y 3b, en donde los genes que se asocian positivamente con un buen pronóstico (es decir, la mayor expresión indica un menor riesgo de recurrencia) se enumeran en la tabla 3a. Los genes que se asocian negativamente con un buen pronóstico (es decir, una mayor expresión indica un mayor riesgo de recurrencia) se enumeran en la tabla 3b. Los genes que se asociaron, positiva o negativamente, con un buen pronóstico pero que no se asociaron con covariables clínicas/patológicas son BBC3, CCR7, CCR4, y VCAN. Además, los genes que se asocian positivamente con un buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas y patológicas (estadio, grado del tumor, tamaño del tumor, estado ganglionar, y presencia de necrosis) se enumeran en la tabla 8a. Los genes asociados negativamente con un buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas/patológicas se enumeran en la tabla 8b. De los genes enumerados en las tablas 8a y 8b, 16 genes con una asociación significativa, positiva o negativa, con un buen pronóstico después de ajustar las covariables clínicas y patológicas y controlar el índice de falsos descubrimientos al 10 % se enumeran en la tabla 9.

Para la mayoría de estos genes asociados significativamente con la RFI ($p \leq 0,05$) (82 %), una mayor expresión se asocia con un buen pronóstico. La mayoría de los genes asociados significativamente con la RFI mostraron una consistencia entre (1) entre los estadios (I-III); (2) criterios de valoración primarios y secundarios (RFI y OS). Ver, p. ej., las figuras 1 y 2, respectivamente.

A partir de este análisis, surgieron ciertos subconjuntos de genes que se asociaron significativamente con la recurrencia y la supervivencia general. Por ejemplo, mayor expresión de los genes de la angiogénesis (p. ej., EMCN, PPAP2B, NOS3, NUDT6, PTPRB, SNRK, APOLD1, PRKCH, y CEACAM1), genes de adhesión celular/matriz extracelular (p. ej., ITGB5, ITGB1, A2M, TIMP3), genes de respuesta inmunitaria (p. ej., CCL5, CCXL9, CCR7, IL8,

IL6, y CX3CL1), ciclo celular (p. ej., BUB1, TPX2), apoptosis (p. ej., CASP10) y genes de transporte (AQP1) se asociaron fuertemente, positiva o negativamente, con la RFI.

También, se identificó que ciertos genes que están asociados con las trayectorias diana de los fármacos contra el cáncer renal (sunitinib, sorafenib, temsirolimus, bevacizumab, everolimus, pazopanib) tenían una asociación significativa con el resultado, que incluye: KIT, PDGFA, PDGFB, PDGFC, PDGFD, PDGFRb, KRAS, RAF1, MTOR, HIF1AN, VEGFA, VEGFB, y FLT4.

Se determinó que la presencia de necrosis en estos tumores se asoció con un mayor riesgo de recurrencia, al menos en los primeros 4 años después de la cirugía. Ver la figura 3. Sin embargo, el efecto pronóstico de la necrosis después del cuarto año fue insignificante.

También se determinó que la expresión de ciertos genes estaba correlacionada, positiva o negativamente, con factores patológicos y/o clínicos («genes sustitutos»). Por ejemplo, la mayor expresión de los genes sustitutos enumerados en las tablas 4a-7b se correlaciona, positiva o negativamente, con el estadio del tumor, el grado del tumor, la presencia de necrosis, y la invasión nodal, respectivamente. En las tablas 4a-7b, la expresión génica se normalizó y después se estandarizó de tal modo que el índice de probabilidades (OR) refleje un cambio de una desviación estándar en la expresión génica.

A partir de estos, se identificaron genes clave como buenos sustitutos de las covariables basales (estadio, grado, necrosis), incluidos TSPAN7, TEK, LDB2, TIMP3, SHANK3, RGS5, KDR, SDPR, EPAS1, ID1, TGFB2, FLT4, SDPR, ENDRB, JAG1, DLC1, y KL. Varios de estos genes se encuentran en la trayectoria inducida por hipoxia: SHANK3, RGS5, EPAS1, KDR, JAG1, TGFB2, FLT4, SDPR, DLC1, EDNRB.

Las figuras 4-7 proporcionan una comparación de la estratificación de los pacientes (riesgo bajo, intermedio, o alto) obtenida al aplicar los datos de expresión de la CCF de la herramienta de pronóstico de Mayo (descrita en Leibovich y col. «prediction of progression after radical nephrectomy for patients with clear cell renal cell carcinoma» (2003) Cancer 97:1663-1671). Como se muestra en la figura 4, la herramienta de pronóstico de Mayo por sí sola permite la estratificación en tres poblaciones: riesgo bajo (93 % sin recurrencia a los 5 años), riesgo intermedio (79 % sin recurrencia a los 5 años) y riesgo alto (36 % sin recurrencia a los 5 años). Por el contrario, la utilización de datos de expresión de incluso un gen (como lo ejemplifican EMCN (figura 5), AQP1 (figura 6) o PPAP2B (figura 7)) permitió una estratificación más detallada de los pacientes según el riesgo.

Tabla 3a: Genes cuya mayor expresión se asocia con un menor riesgo de recurrencia del cáncer (valor de p $\leq$ 0,05)

Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI	
		valor de p para HR	HR			valor de p para HR	HR
TGFB1.1	TGFB1	<0,0001	0,71	FOLR1.1	FOLR1	0,0003	0,79
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,65	FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,54
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,70	FLT3LG.1	FLT3LG	0,0001	0,73
TEK.1	TEK	<0,0001	0,47	FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,59
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,62	FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,72
TAP1.1	TAP1	0,0024	0,82	FIGF.1	FIGF	0,0014	0,76
TAGLN.1	TAGLN	<0,0001	0,70	FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,68

a continuación

Tabla 3a: Genes cuya mayor expresión se asocia con un menor riesgo de recurrencia del cáncer (valor de $p \leq 0,05$)

5	Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI			Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI	
			valor de p para HR	HR				valor de p para HR	HR
10	TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,72		FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,73
	SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,72		FH.1	FH	<0,0001	0,73
15	STK11.1	STK11	<0,0001	0,76		Isoforma 1.1 de FGFR2	FGFR2	<0,0001	0,70
	STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,71		FGFR1.3	FGFR1	0,0001	0,77
	STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,72		FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,73
20	STAT3.1	STAT3	0,0016	0,80		FGF1.1	FGF1	0,0015	0,78
	SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,68		FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,69
	SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,71		FBXW7.1	FBXW7	0,0001	0,75
25	SPARC.1	SPARC	0,0009	0,80		fas.1	FAS	<0,0001	0,73
	SOD1.1	SOD1	0,0114	0,84		FABP1.1	FABP1	0,0455	0,86
	SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,54		ESRRG.3	ESRRG	0,0008	0,79
30	SNAI1.1	SNAI1	0,0055	0,82		ERG.1	ERG	<0,0001	0,60
	MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,60		ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,78
	MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,64		ErbB3.1	ERBB3	0,0001	0,77
35	SLC34A1.1	SLC34A1	0,0004	0,76		HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,65
	SLC22A6.1	SLC22A6	0,0003	0,77		EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,64
	SKIL.1	SKIL	0,0004	0,79		EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,58
40	SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,53		EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,55
	SGK.1	SGK1	<0,0001	0,67		ENPP2.1	ENPP2	0,0090	0,84
	FRP1.3	SFRP1	0,0355	0,86		ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,74
45	SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,67		CD105.1	ENG	<0,0001	0,60
	SELENBP1.1	SELENBP1	0,0016	0,81		EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,71
	SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,51		EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,43
50	SDHA.1	SDHA	0,0003	0,77		ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,76
	SCNN1A.2	SCNN1A	0,0134	0,83		EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,67
	SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,68		EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,72
55	KIAA1303 raptor.1	RPTOR	<0,0001	0,77		EGLN3.1	EGLN3	0,0002	0,80
	RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,73		EGFR.2	EGFR	0,0005	0,80
	RPS6KA1.1	RPS6KA1	0,0291	0,86		EFNB2.1	EFNB2	<0,0001	0,64
60	RPS23.1	RPS23	<0,0001	0,73		EFNB1.2	EFNB1	<0,0001	0,68
	ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,66		EEF1A1.1	EEF1A1	<0,0001	0,64
	ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,58		EDNRB.1	EDNRB	<0,0001	0,56
65	RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,64		EDN2.1	EDN2	0,0005	0,77
	rhoC.1	RHOC	0,0213	0,86		EDN1 endothelin.1	EDN1	<0,0001	0,62
	RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,63		EBAG9.1	EBAG9	0,0041	0,82
	ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,64		DUSP1.1	DUSP1	0,0029	0,82

a continuación

Tabla 3a: Genes cuya mayor expresión se asocia con un menor riesgo de recurrencia del cáncer (valor de p $\leq 0,05$)

5	Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI		
			valor de p para HR	HR			valor de p para HR	HR	
10	RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,52		DPYS.1	DPYS	0,0112	0,84
	FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,51		DPEP1.1	DPEP1	<0,0001	0,64
	NFKBp65.3	RELA	0,0027	0,82		DLL4.1	DLL4	<0,0001	0,76
15	RB1.1	RB1	<0,0001	0,73		DLC1.1	DLC1	<0,0001	0,55
	RASSF1.1	RASSF1	0,0040	0,83		DKFZP564O082 3.1	DKFZP564O0823	<0,0001	0,62
	RARB.2	RARB	<0,0001	0,57		DICER1.2	DICER1	<0,0001	0,71
20	RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,73		DIAPH1.1	DIAPH1	0,0009	0,80
	RAF1.3	RAF1	0,0008	0,81		DIABLO.1	DIABLO	0,0134	0,84
	PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,57		DHPS.3	DHPS	<0,0001	0,70
25	PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,51		DET1.1	DET1	<0,0001	0,74
	PTN.1	PTN	<0,0001	0,71		DEFB1.1	DEFB1	0,0025	0,81
	PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,61		DDC.1	DDC	<0,0001	0,68
30	PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,55		DCXR.1	DCXR	0,0081	0,83
	PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,74		DAPK1.3	DAPK1	<0,0001	0,60
	PSMB9.1	PSMB9	0,0025	0,82		CYR61.1	CYR61	<0,0001	0,70
35	PSMB8.1	PSMB8	0,0239	0,85		CYP3A4.2	CYP3A4	0,0380	0,86
	PRSS8.1	PRSS8	<0,0001	0,71		CXCL9.1	CXCL9	0,0362	0,87
	PRPS2.1	PRPS2	0,0156	0,85		CXCL12.1	CXCL12	<0,0001	0,69
40	PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,63		CX3CR1.1	CX3CR1	<0,0001	0,72
	PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,77		CX3CL1.1	CX3CL1	<0,0001	0,58
	PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,59		CUL1.1	CUL1	0,0003	0,80
45	PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,50		CUBN.1	CUBN	<0,0001	0,61
	PLG.1	PLG	<0,0001	0,70		CTSS.1	CTSS	0,0016	0,82
	PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,64		CTSH.2	CTSH	<0,0001	0,78
50	PLA2G4C.1	PLA2G4C	<0,0001	0,67		B-catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,74
	PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,75		A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,77
	P13K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,56		CTGF.1	CTGF	0,0004	0,79
55	PFKP.1	PFKP	0,0067	0,84		CSF1R.2	CSF1R	0,0015	0,82
	CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,60		CSF1.1	CSF1	0,0016	0,81
	PDZK3.1	PDZK3	0,0005	0,77		CRADD.1	CRADD	0,0021	0,81
60	PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,69		COL4A2.1	COL4A2	0,0016	0,80
	PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,74		COL18A1.1	COL18A1	0,0007	0,79
	PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,58		CLU.3	CLU	0,0151	0,85
65	PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,66		CLDN7.2	CLDN7	0,0023	0,81
	PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,63		CLDN10.1	CLDN10	<0,0001	0,69
	PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,75		CLCNKB.1	CLCNKB	0,0002	0,74
	PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,65		CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,65
	PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,66		CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,59

a continuación

Tabla 3a: Genes cuya mayor expresión se asocia con un menor riesgo de recurrencia del cáncer (valor de $p \leq 0,05$)

5	Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI			Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI	
			valor de p para HR	HR				valor de p para HR	HR
10	PARD6A.1	PARD6A	0,0001	0,76		p27.3	CDKN1B	0,0018	0,83
	Pak1.2	PAK1	0,0011	0,81		p21.3	CDKN1A	0,0027	0,81
	PAH.1	PAH	0,0296	0,86		CDH6.1	CDH6	<0,0001	0,75
15	OGG1.1	OGG1	0,0051	0,84		CDH5.1	CDH5	<0,0001	0,59
	BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,54		CDH16.1	CDH16	<0,0001	0,75
	NRG1.3	NRG1	0,0049	0,81		CDH13.1	CDH13	<0,0001	0,66
20	NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,73		CD4.1	CD4	0,0009	0,81
	NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,73		CD36.1	CD36	<0,0001	0,65
	NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,70		CD34.1	CD34	<0,0001	0,62
25	NOTCH2.1	NOTCH2	0,0040	0,84		CCR7.1	CCR7	0,0271	0,86
	NOTCH1.1	NOTCH1	<0,0001	0,64		CCR4.2	CCR4	0,0106	0,83
	NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,55		CCND1.3	CCND1	<0,0001	0,70
30	NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,66		CCL4.2	CCL4	0,0012	0,80
	NOL3.1	NOL3	0,0132	0,85		MCP1.1	CCL2	<0,0001	0,75
	NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,67		CAT.1	CAT	<0,0001	0,72
35	NFKBp50.3	NFKB1	0,0001	0,77		CASP6.1	CASP6	0,0369	0,87
	NFATC2.1	NFATC2	0,0003	0,78		CASP10.1	CASP10	<0,0001	0,69
	NFAT5.1	NFAT5	0,0010	0,82		CALD1.2	CALD1	<0,0001	0,61
40	MYRIP.2	MYRIP	0,0002	0,75		CA9.3	CA9	0,0035	0,84
	MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,61		CA2.1	CA2	0,0006	0,79
	cMYC.3	MYC	0,0002	0,79		C7.1	C7	0,0030	0,82
45	MVP.1	MVP	0,0052	0,83		ECRG4.1	C2orf40	<0,0001	0,57
	MUC1.2	MUC1	0,0405	0,87		C13orf15.1	C13orf15	<0,0001	0,57
	FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,75		BUB3.1	BUB3	0,0002	0,77
50	MSH3.2	MSH3	<0,0001	0,75		BTRC.1	BTRC	0,0006	0,81
	MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,71		CIAP1.2	BIRC2	0,0030	0,82
	GBL.1	MLST8	0,0246	0,87		BIN1.3	BIN1	0,0005	0,80
55	MIF.2	MIF	0,0012	0,80		BGN.1	BGN	<0,0001	0,76
	MICA.1	MICA	<0,0001	0,71		BCL2L12.1	BCL2L12	0,0322	0,86
	MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,68		Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,74
60	MCM3.3	MCM3	0,0188	0,85		Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,57
	MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,71		BBC3.2	BBC3	0,0449	0,87
	MARCKS.1	MARCKS	0,0301	0,87		BAG1.2	BAG1	<0,0001	0,64
65	ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,65		BAD.1	BAD	0,0076	0,85
	ERK2.3	MAPK1	0,0005	0,79		ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	0,0001	0,71
	MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,65		ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,75
	MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,69		ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,62
	MAP2K1.1	MAP2K1	0,0046	0,83		ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,66

a continuación

Tabla 3a: Genes cuya mayor expresión se asocia con un menor riesgo de recurrencia del cáncer (valor de p $\leq 0,05$)

5	Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI			Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI	
			valor de p para HR	HR				valor de p para HR	HR
10	MAL2.1	MAL2	0,0001	0,76		AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,50
	MAL.1	MAL	<0,0001	0,66		APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,57
	LYZ.1	LYZ	0,0458	0,88		APC.4	APC	<0,0001	0,73
15	LTF.1	LTF	0,0005	0,76		ANXA4.1	ANXA4	0,0018	0,81
	LRP2.1	LRP2	<0,0001	0,67		ANXA1.2	ANXA1	0,0009	0,80
	LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,74		ANTXR1.1	ANTXR1	0,0043	0,82
20	LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,52		ANGPTL4.1	ANGPTL4	0,0033	0,84
	LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,71		ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0003	0,75
	LAMA4.1	LAMA4	0,0279	0,86		ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,57
25	KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,68		ALDOB.1	ALDOB	<0,0001	0,62
	K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,72		ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,63
	KL.1	KL	<0,0001	0,55		ALDH4.2	ALDH4A1	0,0172	0,85
30	Kiting.4	KITLG	<0,0001	0,67		AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,57
	c-kit.2	KIT	<0,0001	0,72		AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,75
	KDR.6	KDR	<0,0001	0,54		AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,71
35	KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,63		AIF1.1	AIF1	0,0349	0,87
	HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,64		AHR.1	AHR	<0,0001	0,74
	G-catenina.1	JUP	<0,0001	0,64		AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,57
40	AP-1 (oficial de JUN).2	JUN	0,0001	0,76		ADH1B.1	ADH1B	0,0002	0,77
	JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,55		ADFP.1	ADFP	0,0332	0,88
	ITGB1.1	ITGB1	0,0085	0,83		ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,58
45	ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,66		ADAMTS5.1	ADAMTS5	0,0010	0,78
	ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,63		ADAMTS1.1	ADAMTS1	0,0056	0,83
	ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,74		ACE2.1	ACE2	<0,0001	0,62
50	ITGA3.2	ITGA3	0,0002	0,79		ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,71
	IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,69		BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,58
	INSR.1	INSR	<0,0001	0,67		MRP4.2	ABCC4	<0,0001	0,74
55	IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,69		MRP3.1	ABCC3	0,0107	0,85
	IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,66		MRP1.1	ABCC1	<0,0001	0,75
	IL15.1	IL15	<0,0001	0,70		ABCB1.5	ABCB1	0,0093	0,84
60	IGFBP6.1	IGFBP6	0,0004	0,79		NPD009 (oficial de ABAT).3	ABAT	0,0001	0,76
	IGFBP3.1	IGFBP3	0,0394	0,87		AAMP.1	AAMP	0,0008	0,80
	IGFBP2.1	IGFBP2	0,0134	0,84		A2M.1	A2M	<0,0001	0,56

Tabla 3b: Genes cuya mayor expresión se asocia con un mayor riesgo de recurrencia del cáncer (valor de p ≤ 0,05)

Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI	
		valor de p para HR	HR			valor de p para HR	HR
WT1.1	WT1	0,0002	1,25	LGALS1.1	LGALS1	0,0017	1,25
VTN.1	VTN	0,0097	1,17	LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,34
VDR.2	VDR	0,0031	1,22	LAMB1.1	LAMB1	0,0014	1,25
VCAN.1	VCAN	0,0036	1,22	L1CAM.1	L1CAM	0,0199	1,16
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	1,38	IL-8.1	IL8	<0,0001	1,53
C20 orf1.1	TPX2	<0,0001	1,76	IL6.3	IL6	<0,0001	1,41
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	1,39	ICAM1.1	ICAM1	0,0013	1,23
TK1.2	TK1	0,0018	1,22	HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0066	1,21
TIMP1.1	TIMP1	0,0259	1,16	FN1.1	FN1	0,0105	1,19
TGFB1.1	TGFB1	0,0004	1,26	F3.1	F3	<0,0001	1,31
SQSTM1.1	SQSTM1	0,0089	1,20	F2.1	F2	<0,0001	1,30
OPN, osteopontina .3	SPP1	<0,0001	1,43	ESPL1.3	ESPL1	0,0155	1,17
SPHK1.1	SPHK1	0,0025	1,22	EPHB2.1	EPHB2	0,0456	1,14
SLC7A5.2	SLC7A5	<0,0001	1,38	EPHB1.3	EPHB1	0,0007	1,22
SLC2A1.1	SLC2A1	0,0010	1,26	ENO2.1	ENO2	<0,0001	1,38
SLC16A3.1	SLC16A3	<0,0001	1,38	EIF4EBP1.1	EIF4EBP1	0,0098	1,19
SLC13A3.1	SLC13A3	0,0192	1,16	CXCR4.3	CXCR4	0,0066	1,21
SHC1.1	SHC1	0,0086	1,19	GRO1.2	CXCL1	<0,0001	1,30
SFN.1	SFN	0,0001	1,26	CTSB.1	CTSB	0,0233	1,17
SERPINA5.1	SERPINA5	0,0462	1,13	CRP.1	CRP	0,0314	1,13
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	1,45	CP.1	PC	0,0002	1,32
SAA2.2	SAA2	<0,0001	1,59	COL7A1.1	COL7A1	0,0003	1,24
S100A1.1	S100A1	0,0348	1,16	COL1A1.1	COL1A1	0,0029	1,23
RRM2.1	RRM2	0,0002	1,27	Chk1.2	CHEK1	0,0002	1,26
RPLP1.1	RPLP1	0,0049	1,22	CENPF.1	CENPF	<0,0001	1,36
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	1,45	CD82.3	CD82	0,0009	1,25
COX2.1	PTGS2	0,0013	1,22	CD44s.1	CD44_s	0,0065	1,21
PLAUR.3	PLAUR	<0,0001	1,33	CCNE1.1	CCNE1	0,0098	1,17
PF4.1	PF4	0,0034	1,20	CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	1,42
PCSK6.1	PCSK6	0,0269	1,17	CCL20.1	CCL20	0,0029	1,22
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,33	CA12.1	CA12	<0,0001	1,48
MT1X.1	MT1X	0,0070	1,20	C3.1	C3	0,0176	1,18
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,54	BUB1.1	BUB1	<0,0001	1,59
MMP7.1	MMP7	0,0312	1,15	SURV.2	BIRC5	<0,0001	1,37
MMP14.1	MMP14	<0,0001	1,47	cIAP2.2	BIRC3	0,0484	1,15

a continuación

Tabla 3b: Genes cuya mayor expresión se asocia con un mayor riesgo de recurrencia del cáncer (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI		Gen	Símbolo oficial	Análisis de Cox univariado (sin ajuste de covariables) con RFI	
		valor de p para HR	HR			valor de p para HR	HR
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,33	BCL2A1.1	BCL2A1	0,0483	1,11
mGST1.2	MGST1	<0,0001	1,38	STK15.2	AURKA	0,0002	1,28
MDK.1	MDK	0,0001	1,31	ANXA2.2	ANXA2	0,0315	1,16
LOX.1	LOX	<0,0001	1,42	ALOX5.1	ALOX5	0,0473	1,14
LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	1,40	ADAM8.1	ADAM8	0,0002	1,29
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	1,43	MRP2.3	ABCC2	0,0004	1,28

Tabla 4a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más alto (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
		valor de p	O			valor de p	O
WT1.1	WT1	<0,0001	1,41	LAMA3.1	LAMA3	0,0121	1,22
VTN.1	VTN	0,0007	1,29	L1CAM.1	L1CAM	0,0091	1,22
VDR.2	VDR	0,0065	1,25	ISG20.1	ISG20	0,0006	1,34
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	1,61	IL-8.1	IL8	<0,0001	1,89
TSPAN8.1	TSPAN8	0,0072	1,23	IL6.3	IL6	<0,0001	1,68
C20orf1.1	TPX2	<0,0001	1,89	IGF1.2	IGF1	0,0214	1,20
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	1,55	ICAM1.1	ICAM1	<0,0001	1,42
TK1.2	TK1	0,0001	1,34	HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0005	1,33
TIMP1.1	TIMP1	0,0021	1,29	GPX2.2	GPX2	0,0129	1,22
TGFBI.1	TGFBI	0,0001	1,39	FN1.1	FN1	0,0002	1,36
OPN, osteopontina.3	SPP1	0,0001	1,38	FAP.1	FAP	0,0455	1,18
SLC7A5.2	SLC7A5	<0,0001	1,51	F3.1	F3	<0,0001	1,52
SLC2A1.1	SLC2A1	0,0081	1,24	F2.1	F2	<0,0001	1,79
SLC16A3.1	SLC16A3	<0,0001	1,46	ESPL1.3	ESPL1	0,0001	1,35
SFN.1	SFN	0,0001	1,36	EPB41L3.1	EPB41L3	0,0067	1,24
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	1,42	ENO2.1	ENO2	0,0016	1,31
SELL.1	SELL	0,0313	1,19	EIF4EBP1.1	EIF4EBP1	0,0036	1,27
SAA2.2	SAA2	<0,0001	2,04	E2F1.3	E2F1	0,0017	1,27
RRM2.1	RRM2	<0,0001	1,47	DCN.1	DCN	0,0152	1,22
RPLP1.1	RPLP1	0,0007	1,33	CXCR6.1	CXCR6	0,0013	1,30
RAD51.1	RAD51	0,0010	1,31	BLR1.1	CXCR5	0,0232	1,19
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	1,61	CXCR4.3	CXCR4	0,0003	1,35
COX2.1	PTGS2	0,0011	1,29	GRO1.2	CXCL1	0,0005	1,31
PTGIS.1	PTGIS	0,0034	1,27	CTSB.1	CTSB	0,0110	1,24

a continuación

Tabla 4a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más alto (valor de p ≤ 0,05)

Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
		valor de p	O			valor de p	O
PLAUR.3	PLAUR	<0,0001	1,51	CRP.1	CRP	0,0002	1,31
PF4.1	PF4	0,0027	1,26	CP.1	PC	0,0008	1,34
PDGFRa.2	PDGFRA	0,0480	1,17	COL7A1.1	COL7A1	0,0010	1,28
PCSK6.1	PCSK6	0,0041	1,27	COL1A1.1	COL1A1	0,0001	1,40
NNMT.1	NNMT	0,0003	1,34	Chk2.3	CHEK2	0,0050	1,27
NME2.1	NME2	0,0028	1,28	Chk1.2	CHEK1	<0,0001	1,43
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,50	CENPF.1	CENPF	<0,0001	1,55
MT1X.1	MT1X	0,0192	1,21	CD82.3	CD82	0,0001	1,38
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,79	CD44s.1	CD44_s	0,0060	1,25
MMP7.1	MMP7	0,0252	1,20	CCNE2.2	CCNE2_2	0,0229	1,19
MMP14.1	MMP14	<0,0001	1,88	CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	1,60
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,48	CCL20.1	CCL20	0,0010	1,30
mGST1.2	MGST1	0,0004	1,37	CA12.1	CA12	<0,0001	1,66
MDK.1	MDK	<0,0001	1,42	C3.1	C3	0,0009	1,32
MDH2.1	MDH2	0,0321	1,19	BUB1.1	BUB1	<0,0001	1,82
LRRC2.1	LRRC2	0,0259	1,19	SURV.2	BIRC5	<0,0001	1,46
LOX.1	LOX	<0,0001	1,78	BCL2A1.1	BCL2A1	<0,0001	1,44
LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	1,82	STK15.2	AURKA	0,0002	1,36
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	1,46	APOL1.1	APOL1	0,0028	1,27
LAPTM5.1	LAPTM5	0,0102	1,23	ANXA2.2	ANXA2	0,0174	1,21
LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,53	ADAM8.1	ADAM8	<0,0001	1,58
LAMB1.1	LAMB1	0,0452	1,18	MRP2.3	ABCC2	<0,0001	1,45

Tabla 4b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más bajo (valor de p ≤ 0,05)

Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
		valor de p	O			valor de p	O
YB-1.2	YBX1	<0,0001	0,63	IL-7.1	IL7	0,0444	0,85
XIAP.1	XIAP	<0,0001	0,62	IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,50
WVVOX.5	WVVOX	0,0042	0,79	IL15.1	IL15	<0,0001	0,67
WISP1.1	WISP1	0,0096	0,81	IGFBP6.1	IGFBP6	0,0001	0,73
VWF.1	VWF	<0,0001	0,46	IGFBP3.1	IGFBP3	0,0191	0,83
VEGF.1	VEGFA	<0,0001	0,63	IGF1R.3	IGF1R	<0,0001	0,48
VCAM1.1	VCAM1	<0,0001	0,55	ID3.1	ID3	<0,0001	0,54
USP34.1	USP34	0,0001	0,72	ID2.4	ID2	0,0008	0,77
UMOD.1	UMOD	<0,0001	0,47	ID1.1	ID1	<0,0001	0,34
UGCG.1	UGCG	<0,0001	0,68	ICAM2.1	ICAM2	<0,0001	0,58

a continuación

Tabla 4b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
		valor de p	O			valor de p	O
UBB.1	UBB	<0,0001	0,54	HYAL2.1	HYAL2	<0,0001	0,41
UBE1C.1	UBA3	<0,0001	0,62	HYAL1.1	HYAL1	<0,0001	0,44
TS.1	TYMS	0,0010	0,76	HSPG2.1	HSPG2	<0,0001	0,44
tusc4.2	TUSC4	<0,0001	0,57	HSD11B2.1	HSD11B2	<0,0001	0,47
TUSC2.1	TUSC2	0,0295	0,83	Hepsin.1	HPN	0,0031	0,79
TSPAN7.2	TSPAN7	<0,0001	0,35	HPCAL1.1	HPCAL1	0,0004	0,75
TSC2.1	TSC2	<0,0001	0,66	HNRPAB.3	HNRNPAB	0,0039	0,78
TSC1.1	TSC1	<0,0001	0,56	HMGB1.1	HMGB1	<0,0001	0,46
P53.2	TP53	<0,0001	0,67	HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	<0,0001	0,55
TOP2B.2	TOP2B	<0,0001	0,69	HIF1AN.1	HIF1AN	<0,0001	0,57
TNIP2.1	TNIP2	0,0359	0,85	HIF1A.3	HIF1A	0,0076	0,80
TNFSF12.1	TNFSF12	<0,0001	0,50	HGF.4	HGF	0,0067	0,80
TRAIL.1	TNFSF10	0,0011	0,77	HDAC1.1	HDAC1	<0,0001	0,61
TNFRSF11B.1	TNFRSF11B	<0,0001	0,63	HAVCR1.1	HAVCR1	0,0001	0,73
TNFRSF10D.1	TNFRSF10D	<0,0001	0,57	HADH.1	HADH	<0,0001	0,62
DR5.2	TNFRSF10B	<0,0001	0,64	GSTT1.3	GSTT1	0,0112	0,82
TNFAIP6.1	TNFAIP6	0,0001	0,74	GSTp.3	GSTP1	<0,0001	0,64
TNF.1	TNF	0,0138	0,80	GSTM3.2	GSTM3	<0,0001	0,57
TMEM47.1	TMEM47	<0,0001	0,41	GSTM1.1	GSTM1	<0,0001	0,55
TMEM27.1	TMEM27	<0,0001	0,53	GRB7.2	GRB7	<0,0001	0,66
TLR3.1	TLR3	<0,0001	0,68	GRB14.1	GRB14	0,0123	0,81
TIMP3.3	TIMP3	<0,0001	0,39	GPX3.1	GPX3	0,0120	0,82
TIMP2.1	TIMP2	<0,0001	0,68	GNAS.1	GNAS	0,0003	0,74
THBS1.1	THBS1	<0,0001	0,65	GJA1.1	GJA1	0,0034	0,79
TGFBR2.3	TGFBR2	<0,0001	0,41	GFRA1.1	GFRA1	0,0164	0,82
TGFBR1.1	TGFBR1	<0,0001	0,59	GCLM.2	GCLM	0,0056	0,80
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,50	GCLC.3	GCLC	<0,0001	0,49
TGFb1.1	TGFB1	<0,0001	0,67	GBP2.2	GBP2	0,0388	0,84
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,63	GATM.1	GATM	<0,0001	0,59
TEK.1	TEK	<0,0001	0,34	GATA3.3	GATA3	0,0002	0,72
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,47	FOS.1	FOS	<0,0001	0,65
TAP1.1	TAP1	0,0017	0,77	FOLR1.1	FOLR1	<0,0001	0,65
TAGLN.1	TAGLN	0,0001	0,72	FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,37
TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,58	FLT3LG.1	FLT3LG	<0,0001	0,61
SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,56	FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,40
STK11.1	STK11	<0,0001	0,58	FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,47
STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,50	FIGF.1	FIGF	<0,0001	0,53
STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,60	FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,52
STAT3.1	STAT3	0,0001	0,72	FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,54

a continuación

Tabla 4b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más bajo (valor de p ≤ 0,05)

	Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1			Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
			valor de p	O				valor de p	O
5	STAT1.3	STAT1	0,0344	0,84		FH.1	FH	<0,0001	0,67
10	SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,57		Isoforma 1.1 de FGFR2	FGFR2	<0,0001	0,62
	SPAST.1	SPAST	0,0142	0,82		FGFR1.3	FGFR1	<0,0001	0,63
	SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,59		FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,58
15	SPARC.1	SPARC	<0,0001	0,69		FGF1.1	FGF1	<0,0001	0,66
	SOD1.1	SOD1	0,0245	0,83		FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,47
	SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,35		FBXW7.1	FBXW7	<0,0001	0,66
20	SNAI1.1	SNAI1	<0,0001	0,70		fas.1	FAS	<0,0001	0,66
	MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,47		ESRRG.3	ESRRG	0,0001	0,72
	MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,50		ERG.1	ERG	<0,0001	0,44
25	SLC9A1.1	SLC9A1	0,0207	0,82		ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,60
	SLC34A1.1	SLC34A1	<0,0001	0,63		ERBB4.3	ERBB4	0,0018	0,74
	SLC22A6.1	SLC22A6	0,0010	0,76		ErbB3.1	ERBB3	0,0031	0,79
30	SKIL.1	SKIL	<0,0001	0,64		HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,53
	PTPNS1.1	SIRPA	0,0075	0,81		EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,51
	SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,37		EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,40
	SGK.1	SGK1	<0,0001	0,55		EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,38
35	FRP1.3	SFRP1	0,0156	0,82		ENPP2.1	ENPP2	0,0001	0,72
	SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,50		ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,65
	SELPLG.1	SELPLG	0,0022	0,78		CD105.1	ENG	<0,0001	0,38
40	SELENBP1.1	SELENBP1	0,0003	0,75		EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,64
	SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,42		EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,27
	SDHA.1	SDHA	<0,0001	0,65		ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,67
45	SCNN1A.2	SCNN1A	0,0024	0,77		EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,51
	SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,50		EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,59
	S100A2.1	S100A2	0,0008	0,75		EGLN3.1	EGLN3	0,0002	0,75
50	KIAA1303 raptor.1	RPTOR	<0,0001	0,60		EGFR.2	EGFR	0,0072	0,81
	RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,60		EGF.3	EGF	0,0051	0,77
	RPS6KA1.1	RPS6KA1	0,0002	0,71		EFNB2.1	EFNB2	<0,0001	0,45
55	RPS23.1	RPS23	0,0002	0,73		EFNB1.2	EFNB1	<0,0001	0,55
	ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,52		EEF1A1.1	EEF1A1	<0,0001	0,55
	ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,37		EDNRB.1	EDNRB	<0,0001	0,44
60	RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,55		EDN2.1	EDN2	0,0012	0,74
	rhoC.1	RHOC	<0,0001	0,66		EDN1 endothelin.1	EDN1	<0,0001	0,53
	RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,57		EBAG9.1	EBAG9	0,0240	0,83
65	ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,50		DUSP1.1	DUSP1	0,0130	0,82
	RHEB.2	RHEB	<0,0001	0,61		DPYS.1	DPYS	0,0355	0,85

a continuación

Tabla 4b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más bajo (valor de p ≤ 0,05)

Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
		valor de p	O			valor de p	O
RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,37	DPEP1.1	DPEP1	<0,0001	0,66
FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,33	DLL4.1	DLL4	<0,0001	0,66
RB1.1	RB1	<0,0001	0,61	DLC1.1	DLC1	<0,0001	0,42
RASSF1.1	RASSF1	0,0002	0,75	DKFZP564O0823.1	DKFZP564O0823	<0,0001	0,51
RARB.2	RARB	<0,0001	0,37	DICER1.2	DICER1	<0,0001	0,50
RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,43	DIAPH1.1	DIAPH1	0,0219	0,83
RAF1.3	RAF1	<0,0001	0,59	DIABLO.1	DIABLO	0,0022	0,78
RAC1.3	RAC1	0,0356	0,84	DHPS.3	DHPS	<0,0001	0,55
PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,35	DET1.1	DET1	0,0005	0,74
PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,31	DEFB1.1	DEFB1	0,0002	0,73
PTN.1	PTN	<0,0001	0,56	DDC.1	DDC	<0,0001	0,72
PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,45	DAPK1.3	DAPK1	<0,0001	0,42
PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,45	CYR61.1	CYR61	<0,0001	0,59
PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,51	CXCL12.1	CXCL12	<0,0001	0,62
PSMB9.1	PSMB9	0,0139	0,82	CX3CR1.1	CX3CR1	<0,0001	0,46
PSMB8.1	PSMB8	0,0243	0,83	CX3CL1.1	CX3CL1	<0,0001	0,47
PSMA7.1	PSMA7	0,0101	0,81	CUL1.1	CUL1	<0,0001	0,64
PRSS8.1	PRSS8	0,0025	0,78	CUBN.1	CUBN	<0,0001	0,55
PRPS2.1	PRPS2	0,0190	0,82	CTSS.1	CTSS	0,0007	0,76
PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,48	CTSH.2	CTSH	<0,0001	0,64
PRKCD.2	PRKCD	0,0001	0,72	B-catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,54
PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,58	A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,65
PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,40	CTGF.1	CTGF	<0,0001	0,71
PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,31	CSF2RA.2	CSF2RA	0,0037	0,78
PLG.1	PLG	<0,0001	0,53	CSF1R.2	CSF1R	<0,0001	0,67
PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,54	CSF1.1	CSF1	<0,0001	0,65
PLA2G4C.1	PLA2G4C	<0,0001	0,65	CRADD.1	CRADD	0,0032	0,79
PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,53	COL4A2.1	COL4A2	<0,0001	0,65
PI3K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,40	COL4A1.1	COL4A1	0,0067	0,80
PFKP.1	PFKP	0,0124	0,82	COL18A1.1	COL18A1	0,0001	0,72
CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,42	CLU.3	CLU	0,0004	0,75
PDZK3.1	PDZK3	0,0003	0,72	CLDN10.1	CLDN10	<0,0001	0,65
PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,58	CLCNKB.1	CLCNKB	<0,0001	0,52
PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,62	CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,60
PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,43	CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,55
PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,51	p21.3	CDKN1A	0,0002	0,73
PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,40	CDH6.1	CDH6	<0,0001	0,72
PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,57	CDH5.1	CDH5	<0,0001	0,44

a continuación

Tabla 4b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
		valor de p	O			valor de p	O
PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,60	CDH2.1	CDH2	0,0392	0,85
PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,58	CDH16.1	CDH16	<0,0001	0,70
PARD6A.1	PARD6A	0,0042	0,79	CDH13.1	CDH13	<0,0001	0,53
Pak1.2	PAK1	<0,0001	0,69	CDC25B.1	CDC25B	0,0037	0,79
PAH.1	PAH	0,0309	0,84	CD4.1	CD4	<0,0001	0,72
OGG1.1	OGG1	0,0024	0,78	CD36.1	CD36	<0,0001	0,51
BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,46	CD34.1	CD34	<0,0001	0,48
NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,58	CD24.1	CD24	0,0206	0,83
NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,65	CD14.1	CD14	0,0152	0,82
NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,58	CCND1.3	CCND1	<0,0001	0,51
NOTCH2.1	NOTCH2	<0,0001	0,64	CCL4.2	CCL4	0,0017	0,77
NOTCH1.1	NOTCH1	<0,0001	0,44	MCP1.1	CCL2	<0,0001	0,66
NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,44	CAT.1	CAT	<0,0001	0,53
NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,49	CASP10.1	CASP10	0,0001	0,72
NOL3.1	NOL3	0,0003	0,76	CALD1.2	CALD1	<0,0001	0,55
NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,50	CACNA2D1.1	CACNA2D1	0,0352	0,84
NFKBp50.3	NFKB1	<0,0001	0,59	CA9.3	CA9	0,0299	0,84
NFATC2.1	NFATC2	<0,0001	0,64	CA2.1	CA2	<0,0001	0,58
NFAT5.1	NFAT5	<0,0001	0,65	C3AR1.1	C3AR1	0,0010	0,77
MYRIP.2	MYRIP	0,0004	0,72	ECRG4.1	C2orf40	<0,0001	0,47
MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,50	C1QA.1	C1QA	0,0119	0,82
cMYC.3	MYC	<0,0001	0,70	C13orf15.1	C13orf15	<0,0001	0,37
MX1.1	MX1	0,0103	0,81	BUB3.1	BUB3	<0,0001	0,67
MVP.1	MVP	0,0002	0,74	BTRC.1	BTRC	<0,0001	0,65
MUC1.2	MUC1	0,0005	0,75	CIAP1.2	BIRC2	<0,0001	0,64
FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,61	BIN1.3	BIN1	0,0001	0,73
MSH3.2	MSH3	<0,0001	0,60	BGN.1	BGN	<0,0001	0,63
MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,53	Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,58
STMY3.3	MMP11	0,0034	0,79	Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,37
GBL.1	MLST8	0,0011	0,77	Bax.1	BAX	0,0035	0,78
MIF.2	MIF	0,0008	0,76	Bak.2	BAK1	0,0215	0,83
MICA.1	MICA	<0,0001	0,70	BAG1.2	BAG1	<0,0001	0,40
MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,60	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	<0,0001	0,54
MCM3.3	MCM3	<0,0001	0,68	ATP1A1.1	ATP1A1	0,0037	0,78
MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,52	ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,60
MARCKS.1	MARCKS	0,0001	0,73	ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,45
ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,48	ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,50
ERK2.3	MAPK1	0,0221	0,83	AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,40
MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,63	APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,54

a continuación

Tabla 4b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un estadio tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1		Gen	Símbolo oficial	Estadio 3 vs. 1	
		valor de p	O			valor de p	O
MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,59	APC.4	APC	<0,0001	0,57
MAP2K1.1	MAP2K1	0,0002	0,74	ANXA4.1	ANXA4	0,0003	0,74
MAL2.1	MAL2	<0,0001	0,64	ANXA1.2	ANXA1	0,0001	0,73
MAL.1	MAL	<0,0001	0,49	ANTXR1.1	ANTXR1	0,0051	0,80
LYZ.1	LYZ	0,0318	0,84	ANGPTL4.1	ANGPTL4	0,0041	0,80
LTF.1	LTF	0,0131	0,80	ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0258	0,82
LRP2.1	LRP2	<0,0001	0,63	ANGPTL2.1	ANGPTL2	0,0015	0,77
LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,56	ANGPT2.1	ANGPT2	<0,0001	0,72
LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,41	ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,45
LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,54	ALDOB.1	ALDOB	<0,0001	0,60
LAMA4.1	LAMA4	0,0004	0,75	ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,55
KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,60	ALDH4.2	ALDH4A1	0,0124	0,82
K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,68	AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,43
KL.1	KL	<0,0001	0,49	AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,64
Kitlng.4	KITLG	<0,0001	0,43	AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,58
c-kit.2	KIT	<0,0001	0,60	AIF1.1	AIF1	0,0002	0,74
KDR.6	KDR	<0,0001	0,36	AHR.1	AHR	<0,0001	0,59
KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,54	AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,36
HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,40	ADH1B.1	ADH1B	0,0015	0,77
G-catenina.1	JUP	<0,0001	0,42	ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,40
AP-1 (oficial de JUN).2	JUN	0,0001	0,73	ADAMTS5.1	ADAMTS5	0,0006	0,73
JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,42	ADAM17.1	ADAM17	<0,0001	0,72
ITGB5.1	ITGB5	0,0115	0,81	ACE2.1	ACE2	<0,0001	0,61
ITGB1.1	ITGB1	<0,0001	0,64	ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,54
ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,54	BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,41
ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,51	MRP4.2	ABCC4	<0,0001	0,65
ITGA5.1	ITGA5	0,0325	0,84	MRP3.1	ABCC3	0,0005	0,76
ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,54	MRP1.1	ABCC1	0,0017	0,78
ITGA3.2	ITGA3	<0,0001	0,61	ABCB1.5	ABCB1	0,0003	0,75
IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,63	NPD009 (oficial de ABAT).3	ABAT	<0,0001	0,70
INSR.1	INSR	<0,0001	0,59	AAMP.1	AAMP	0,0292	0,84
IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,54	A2M.1	A2M	<0,0001	0,36

Tabla 5a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más alto (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
WT1.1	WT1	<0,0001	1,39	HPD.1	HPD	0,0054	1,20
VTN.1	VTN	0,0359	1,16	HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0248	1,16
VDR.2	VDR	0,0001	1,29	HGD.1	HGD	<0,0001	1,41
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	1,81	GZMA.1	GZMA	0,0006	1,26
TP.3	TYMP	<0,0001	1,35	GPX2.2	GPX2	0,0182	1,18
C20 orf1.1	TPX2	<0,0001	2,14	GPX1.2	GPX1	0,0008	1,25
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	2,07	FCGR3A.1	FCGR3A	0,0003	1,27
TNFSF13B.1	TNFSF13B	0,0062	1,20	fasl.2	FASLG	0,0045	1,21
TK1.2	TK1	<0,0001	1,66	FABP1.1	FABP1	<0,0001	1,32
TGFBI.1	TGFBI	0,0452	1,14	F2.1	F2	<0,0001	1,77
STAT1.3	STAT1	<0,0001	1,31	ESPL1.3	ESPL1	<0,0001	1,60
SQSTM1.1	SQSTM1	0,0003	1,27	E2F1.3	E2F1	<0,0001	1,36
OPN, osteopontina.3	SPP1	0,0002	1,29	CXCR6.1	CXCR6	<0,0001	1,50
SLC7A5.2	SLC7A5	0,0002	1,28	BLR1.1	CXCR5	0,0338	1,15
SLC16A3.1	SLC16A3	0,0052	1,21	CXCL9.1	CXCL9	0,0001	1,29
SLC13A3.1	SLC13A3	0,0003	1,27	CXCL10.1	CXCL10	0,0078	1,19
SFN.1	SFN	0,0066	1,20	GRO1.2	CXCL1	<0,0001	1,39
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	1,32	CTSD.2	CTSD	0,0183	1,17
SAA2.2	SAA2	<0,0001	2,13	CTSB.1	CTSB	0,0006	1,26
S100A1.1	S100A1	<0,0001	1,40	CRP.1	CRP	0,0342	1,15
RRM2.1	RRM2	<0,0001	1,71	CP.1	PC	<0,0001	1,37
RPLP1.1	RPLP1	0,0007	1,25	Chk2.3	CHEK2	<0,0001	1,37
RAD51.1	RAD51	<0,0001	1,53	Chk1.2	CHEK1	<0,0001	1,37
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	1,89	CENPF.1	CENPF	<0,0001	1,78
PSMB9.1	PSMB9	0,0010	1,25	CD8A.1	CD8A	<0,0001	1,35
PSMB8.1	PSMB8	0,0181	1,17	CD82.3	CD82	<0,0001	1,50
PRKCB1.1	PRKCB	0,0218	1,16	TNFSF7.1	CD70	<0,0001	1,43
PDCD1.1	PDCD1	<0,0001	1,43	CCNE1.1	CCNE1	0,0002	1,29
PCSK6.1	PCSK6	0,0009	1,25	CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	1,75
PCNA.2	PCNA	0,0041	1,21	CCL5.2	CCL5	<0,0001	1,63
NME2.1	NME2	0,0106	1,19	CCL20.1	CCL20	0,0082	1,19
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,70	CAV2.1	CAV2	0,0210	1,17
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,46	CA12.1	CA12	<0,0001	1,41
MMP14.1	MMP14	0,0003	1,28	C3.1	C3	<0,0001	1,34
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,70	C1QB.1	C1QB	0,0201	1,17
mGST1.2	MGST1	<0,0001	2,13	BUB1.1	BUB1	<0,0001	2,16
cMet.2	MET	<0,0001	1,57	BRCA1.2	BRCA1	0,0004	1,26

a continuación

Tabla 5a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más alto (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
MDK.1	MDK	<0,0001	1,55	SURV.2	BIRC5	<0,0001	1,93
MDH2.1	MDH2	<0,0001	1,35	cIAP2.2	BIRC3	<0,0001	1,44
MCM2.2	MCM2	<0,0001	1,33	STK15.2	AURKA	<0,0001	1,38
LOX.1	LOX	<0,0001	1,35	ATP5E.1	ATP5E	<0,0001	1,45
LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	1,76	APOL1.1	APOL1	<0,0001	1,47
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	1,43	APOE.1	APOE	<0,0001	1,40
LAPTM5.1	LAPTM5	0,0044	1,21	APOC1.3	APOC1	<0,0001	1,42
LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,49	ANXA2.2	ANXA2	0,0020	1,23
L1CAM.1	L1CAM	0,0338	1,15	ANGPTL3.3	ANGPTL3	<0,0001	1,32
KLRK1.2	KLRK1	0,0412	1,15	AMACR1.1	AMACR	0,0382	1,15
CD18.2	ITGB2	0,0069	1,21	ALOX5.1	ALOX5	0,0001	1,29
IL-8.1	IL8	0,0088	1,19	ALDH4.2	ALDH4A1	0,0002	1,28
IL6.3	IL6	0,0091	1,19	ADAM8.1	ADAM8	0,0006	1,26
ICAM1.1	ICAM1	0,0014	1,24	MRP2.3	ABCC2	<0,0001	1,97
HSPA8.1	HSPA8	<0,0001	1,39				

Tabla 5b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
ZHX2.1	ZHX2	0,0061	0,83	ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,75
YB-1.2	YBX1	<0,0001	0,62	ITGA3.2	ITGA3	0,0128	0,85
XPNPEP2.2	XPNPEP2	0,0040	0,82	IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,68
XIAP.1	XIAP	<0,0001	0,64	INSR.1	INSR	<0,0001	0,46
WISP1.1	WISP1	<0,0001	0,58	INHBA.1	INHBA	0,0049	0,83
VWF.1	VWF	<0,0001	0,34	IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,67
VHL.1	VHL	0,0088	0,84	IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,43
VEGF.1	VEGFA	<0,0001	0,48	IL1B.1	IL1B	0,0102	0,84
VCAN.1	VCAN	0,0023	0,82	IL15.1	IL15	0,0001	0,76
VCAM1.1	VCAM1	0,0049	0,83	IL10.3	IL10	0,0239	0,86
USP34.1	USP34	<0,0001	0,62	IGFBP6.1	IGFBP6	<0,0001	0,75
UMOD.1	UMOD	<0,0001	0,69	IGFBP5.1	IGFBP5	<0,0001	0,74
UGCG.1	UGCG	<0,0001	0,58	IGFBP2.1	IGFBP2	<0,0001	0,76
UBB.1	UBB	<0,0001	0,62	IGF2.2	IGF2	<0,0001	0,69
UBE1C.1	UBA3	<0,0001	0,67	IGF1R.3	IGF1R	<0,0001	0,43
tusc4.2	TUSC4	<0,0001	0,61	ID3.1	ID3	<0,0001	0,48
TUSC2.1	TUSC2	0,0481	0,88	ID2.4	ID2	<0,0001	0,64
TSPAN7.2	TSPAN7	<0,0001	0,29	ID1.1	ID1	<0,0001	0,37

a continuación

Tabla 5b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más bajo (valor de p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF			Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		valor de p	O				valor de p	O
TSC2.1	TSC2	<0,0001	0,60		ICAM2.1	ICAM2	<0,0001	0,42
TSC1.1	TSC1	<0,0001	0,52		HYAL2.1	HYAL2	<0,0001	0,32
P53.2	TP53	<0,0001	0,66		HYAL1.1	HYAL1	<0,0001	0,52
TOP2B.2	TOP2B	<0,0001	0,68		HSPG2.1	HSPG2	<0,0001	0,33
TNIP2.1	TNIP2	0,0001	0,76		HSPA1A.1	HSPA1A	0,0022	0,81
TNFSF12.1	TNFSF12	<0,0001	0,54		HSP90AB1.1	HSP90AB1	<0,0001	0,68
TNFRSF11B.1	TNFRSF11B	<0,0001	0,73		HSD11B2.1	HSD11B2	<0,0001	0,43
TNFRSF10D.1	TNFRSF10D	<0,0001	0,51		HPCAL1.1	HPCAL1	<0,0001	0,69
TNFRSF10C.3	TNFRSF10C	0,0003	0,78		HNRPAB.3	HNRNPAB	0,0432	0,87
DR5.2	TNFRSF10B	<0,0001	0,69		HMGB1.1	HMGB1	<0,0001	0,47
TNFAIP6.1	TNFAIP6	0,0338	0,87		HIF1AN.1	HIF1AN	<0,0001	0,64
TNFAIP3.1	TNFAIP3	0,0083	0,84		HIF1A.3	HIF1A	<0,0001	0,55
TNF.1	TNF	0,0392	0,87		HGF.4	HGF	0,0022	0,81
TMEM47.1	TMEM47	<0,0001	0,33		HDAC1.1	HDAC1	<0,0001	0,48
TMEM27.1	TMEM27	<0,0001	0,73		HADH.1	HADH	<0,0001	0,63
TIMP3.3	TIMP3	<0,0001	0,29		GSTp.3	GSTP1	<0,0001	0,66
TIMP2.1	TIMP2	<0,0001	0,54		GSTM3.2	GSTM3	<0,0001	0,53
THBS1.1	THBS1	<0,0001	0,58		GSTM1.1	GSTM1	<0,0001	0,61
THBD.1	THBD	<0,0001	0,66		GRB7.2	GRB7	<0,0001	0,73
TGFBR2.3	TGFBR2	<0,0001	0,32		GRB14.1	GRB14	0,0001	0,76
TGFBR1.1	TGFBR1	<0,0001	0,59		GPC3.1	GPC3	0,0012	0,80
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,54		GNAS.1	GNAS	<0,0001	0,70
TGFb1.1	TGFB1	<0,0001	0,66		GMNN.1	GMNN	0,0006	0,80
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,68		GJA1.1	GJA1	<0,0001	0,66
TEK.1	TEK	<0,0001	0,34		GCLM.2	GCLM	0,0319	0,87
cripto (oficial de TDGF1).1	TDGF1	0,0328	0,86		GCLC.3	GCLC	<0,0001	0,57
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,33		GATM.1	GATM	0,0006	0,79
TAGLN.1	TAGLN	<0,0001	0,58		GATA3.3	GATA3	0,0029	0,82
TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,61		GAS2.1	GAS2	0,0136	0,84
SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,76		GADD45B.1	GADD45B	<0,0001	0,54
STK11.1	STK11	<0,0001	0,53		FST.1	FST	0,0197	0,85
STC2.1	STC2	0,0085	0,84		FOS.1	FOS	<0,0001	0,44
STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,40	FOLR1.1	FOLR1	<0,0001	0,75	
STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,60	FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,34	
STAT3.1	STAT3	<0,0001	0,48	FLT3LG.1	FLT3LG	<0,0001	0,73	
SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,40	FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,29	
SPAST.1	SPAST	0,0002	0,78	FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,47	

a continuación

Tabla 5b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,41	FIGF.1	FIGF	<0,0001	0,70
SPARC.1	SPARC	<0,0001	0,50	FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,54
SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,29	FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,72
SNAI1.1	SNAI1	<0,0001	0,54	FH.1	FH	0,0203	0,86
MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,39	Isoforma 1.1 de FGFR2	FGFR2	<0,0001	0,62
MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,40	FGFR1.3	FGFR1	<0,0001	0,48
SLC9A1.1	SLC9A1	<0,0001	0,75	FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,62
SLC34A1.1	SLC34A1	0,0001	0,76	FGF1.1	FGF1	<0,0001	0,61
SKIL.1	SKIL	<0,0001	0,52	FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,52
SHC1.1	SHC1	0,0063	0,83	FBXW7.1	FBXW7	<0,0001	0,57
SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,27	FAP.1	FAP	0,0440	0,87
SGK.1	SGK1	<0,0001	0,60	ESRRG.3	ESRRG	0,0340	0,87
FRP1.3	SFRP1	0,0003	0,78	ERG.1	ERG	<0,0001	0,36
PAI1.3	SERPINE1	0,0115	0,85	ERCC4.1	ERCC4	0,0337	0,87
SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,45	ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,59
SELENBP1.1	SELENBP1	<0,0001	0,63	ERBB4.3	ERBB4	<0,0001	0,66
SELE.1	SELE	<0,0001	0,74	HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,57
SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,35	EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,43
SDHA.1	SDHA	<0,0001	0,69	EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,44
SCNN1A.2	SCNN1A	0,0011	0,80	EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,26
SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,47	ENPP2.1	ENPP2	<0,0001	0,62
S100A2.1	S100A2	<0,0001	0,72	ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,75
RUNX1.1	RUNX1	0,0001	0,77	ENO2.1	ENO2	0,0449	0,88
RRM1.2	RRM1	0,0438	0,87	CD105.1	ENG	<0,0001	0,30
KIAA1303 raptor.1	RPTOR	<0,0001	0,53	EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,42
RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,49	EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,31
RPS23.1	RPS23	<0,0001	0,59	ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,59
ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,42	EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,63
ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,31	EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,50
RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,50	EGLN3.1	EGLN3	<0,0001	0,69
rhoC.1	RHOC	<0,0001	0,70	EGF.3	EGF	0,0200	0,85
RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,36	EFNB2.1	EFNB2	<0,0001	0,36
ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,34	EFNB1.2	EFNB1	<0,0001	0,46
RHEB.2	RHEB	<0,0001	0,72	EEF1A1.1	EEF1A1	<0,0001	0,39
RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,30	EDNRB.1	EDNRB	<0,0001	0,33
FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,42	EDN2.1	EDN2	<0,0001	0,67
NFKBp65.3	RELA	<0,0001	0,69	EDN1 endothelin.1	EDN1	<0,0001	0,41

a continuación

Tabla 5b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)

5	Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
			valor de p	O			valor de p	O
	RB1.1	RB1	<0,0001	0,74	EBAG9.1	EBAG9	0,0057	0,83
	RASSF1.1	RASSF1	<0,0001	0,60	DUSP1.1	DUSP1	<0,0001	0,54
10	RARB.2	RARB	<0,0001	0,41	DPEP1.1	DPEP1	0,0001	0,76
	RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,47	DLL4.1	DLL4	<0,0001	0,49
	RAF1.3	RAF1	<0,0001	0,48	DLC1.1	DLC1	<0,0001	0,33
15	RAC1.3	RAC1	<0,0001	0,75	DKFZP564O0823,1	DKFZP564O0823	<0,0001	0,46
	PXDN.1	PXDN	<0,0001	0,74	DICER1.2	DICER1	<0,0001	0,41
	PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,29	DIAPH1.1	DIAPH1	0,0022	0,81
20	PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,27	DIABLO.1	DIABLO	<0,0001	0,73
	PTN.1	PTN	<0,0001	0,58	DHPS.3	DHPS	<0,0001	0,41
	PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,36	DET1.1	DET1	<0,0001	0,63
25	PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,50	DEFB1.1	DEFB1	0,0001	0,77
	PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,40	DAPK1.3	DAPK1	<0,0001	0,48
	PSMA7.1	PSMA7	0,0002	0,78	DAG1.1	DAG1	0,0150	0,85
30	PRPS2.1	PRPS2	0,0012	0,80	CYR61.1	CYR61	<0,0001	0,49
	PROM2.1	PROM2	0,0326	0,87	CXCL12.1	CXCL12	<0,0001	0,64
	PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,45	CX3CR1.1	CX3CR1	0,0008	0,80
35	PRKCD.2	PRKCD	<0,0001	0,76	CX3CL1.1	CX3CL1	<0,0001	0,55
	PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,68	CUL1.1	CUL1	<0,0001	0,62
	PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,42	CUBN.1	CUBN	0,0081	0,84
	PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,32	CTSL.2	CTSL1	0,0328	0,87
40	PMP22.1	PMP22	<0,0001	0,61	B-catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,36
	PLG.1	PLG	<0,0001	0,75	A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,73
	PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,42	CTGF.1	CTGF	<0,0001	0,61
45	PLA2G4C.1	PLA2G4C	0,0002	0,78	CSF1.1	CSF1	<0,0001	0,66
	PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,48	CRADD.1	CRADD	0,0151	0,85
	PI3K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,53	COL5A2.2	COL5A2	0,0155	0,85
50	PGF.1	PGF	<0,0001	0,74	COL4A2.1	COL4A2	<0,0001	0,51
	PFKP.1	PFKP	0,0008	0,80	COL4A1.1	COL4A1	<0,0001	0,59
	CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,32	COL1A2.1	COL1A2	0,0005	0,79
	PDZK3.1	PDZK3	<0,0001	0,72	COL18A1.1	COL18A1	<0,0001	0,53
55	PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,76	CLDN10.1	CLDN10	0,0351	0,87
	PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,42	CLCNKB.1	CLCNKB	<0,0001	0,73
	PDGFRa.2	PDGFRA	0,0022	0,82	CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,45
60	PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,39	CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,64
	PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,57	p27.3	CDKN1B	<0,0001	0,65
	PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,33	p21.3	CDKN1A	<0,0001	0,52
65	PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,42	CDK4.1	CDK4	0,0200	0,86

a continuación

Tabla 5b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,71	CDH5.1	CDH5	<0,0001	0,31
PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,75	CDH16.1	CDH16	0,0005	0,79
PARD6A.1	PARD6A	0,0088	0,84	CDH13.1	CDH13	<0,0001	0,40
Pak1.2	PAK1	0,0014	0,81	CD99.1	CD99	0,0001	0,77
PAH.1	PAH	0,0160	0,85	CD44.1	CD44_1	0,0216	0,86
OGG1.1	OGG1	0,0139	0,85	CD36.1	CD36	<0,0001	0,42
BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,63	CD34.1	CD34	<0,0001	0,39
NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,42	CD14.1	CD14	0,0021	0,81
NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,61	CCND1.3	CCND1	<0,0001	0,63
NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,40	MCP1.1	CCL2	<0,0001	0,69
NOTCH2.1	NOTCH2	<0,0001	0,58	CAT.1	CAT	0,0014	0,81
NOTCH1.1	NOTCH1	<0,0001	0,38	CASP10.1	CASP10	<0,0001	0,65
NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,42	CALD1.2	CALD1	<0,0001	0,44
NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,56	CACNA2D1.1	CACNA2D1	0,0003	0,78
NOL3.1	NOL3	<0,0001	0,61	CA9.3	CA9	0,0269	0,86
NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,53	CA2.1	CA2	0,0001	0,77
NFKBp50.3	NFKB1	<0,0001	0,59	C7.1	C7	<0,0001	0,71
NFATC2.1	NFATC2	<0,0001	0,73	C3AR1.1	C3AR1	0,0032	0,82
NFAT5.1	NFAT5	<0,0001	0,58	ECRG4.1	C2orf40	<0,0001	0,50
MYRIP.2	MYRIP	<0,0001	0,63	C13orf15.1	C13orf15	<0,0001	0,37
MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,48	BUB3.1	BUB3	<0,0001	0,65
cMYC.3	MYC	<0,0001	0,68	BTRC.1	BTRC	<0,0001	0,61
MX1.1	MX1	0,0087	0,84	BNIP3.1	BNIP3	0,0018	0,81
MVP.1	MVP	0,0291	0,87	CIAP1.2	BIRC2	<0,0001	0,61
MUC1.2	MUC1	0,0043	0,83	BGN.1	BGN	<0,0001	0,43
FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,61	Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,76
MT1X.1	MT1X	0,0276	0,86	Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,45
MSH3.2	MSH3	0,0001	0,76	BAG1.2	BAG1	<0,0001	0,47
MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,60	AXL.1	AXL	<0,0001	0,74
MMP2.2	MMP2	<0,0001	0,74	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	<0,0001	0,65
STMY3.3	MMP11	<0,0001	0,70	ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,67
MIF.2	MIF	0,0004	0,79	ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,49
MICA.1	MICA	<0,0001	0,60	ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,50
MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,57	ARF1.1	ARF1	<0,0001	0,69
MCM3.3	MCM3	<0,0001	0,73	AREG.2	AREG	0,0007	0,80
MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,42	AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,49
MARCKS.1	MARCKS	<0,0001	0,63	APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,40
ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,35	APC.4	APC	<0,0001	0,62
ERK2.3	MAPK1	<0,0001	0,71	APAF1.2	APAF1	<0,0001	0,76

a continuación

Tabla 5b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con un grado tumoral más bajo (valor de $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Grado CCF		Gen	Símbolo oficial	Grado CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,58	ANXA1.2	ANXA1	<0,0001	0,65
MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,60	ANTXR1.1	ANTXR1	<0,0001	0,61
MAP2K1.1	MAP2K1	<0,0001	0,62	ANGPTL4.1	ANGPTL4	<0,0001	0,75
MAL.1	MAL	<0,0001	0,63	ANGPTL2.1	ANGPTL2	<0,0001	0,60
LRP2.1	LRP2	0,0275	0,86	ANGPT2.1	ANGPT2	<0,0001	0,61
LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,68	ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,33
LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,28	ALDOB.1	ALDOB	0,0348	0,87
LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,52	ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,61
LAMB1.1	LAMB1	<0,0001	0,73	AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,30
LAMA4.1	LAMA4	<0,0001	0,55	AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,65
KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,61	AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,50
K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,54	AHR.1	AHR	<0,0001	0,55
KL.1	KL	<0,0001	0,62	AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,44
Kitlng.4	KITLG	<0,0001	0,46	ADH1B.1	ADH1B	<0,0001	0,70
c-kit.2	KIT	<0,0001	0,48	ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,40
KDR.6	KDR	<0,0001	0,33	ADAMTS9.1	ADAMTS9	<0,0001	0,64
KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,67	ADAMTS5.1	ADAMTS5	<0,0001	0,56
HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,33	ADAMTS4.1	ADAMTS4	<0,0001	0,66
G-catenina.1	JUP	<0,0001	0,39	ADAMTS2.1	ADAMTS2	<0,0001	0,69
AP-1 (oficial de JUN).2	JUN	<0,0001	0,54	ADAMTS1.1	ADAMTS1	<0,0001	0,51
JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,28	ADAM17.1	ADAM17	<0,0001	0,67
ITGB5.1	ITGB5	<0,0001	0,60	ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,63
ITGB3.1	ITGB3	<0,0001	0,68	BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,43
ITGB1.1	ITGB1	<0,0001	0,46	MRP4.2	ABCC4	0,0337	0,87
ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,40	AAMP.1	AAMP	<0,0001	0,71
ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,51	A2M.1	A2M	<0,0001	0,29
ITGA5.1	ITGA5	<0,0001	0,62				

Tabla 6a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia la presencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)							
Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
WT1.1	WT1	<0,0001	1,57	KRT19.3	KRT19	0,0001	1,43
VTN.1	VTN	<0,0001	1,38	ITGB4.2	ITGB4	0,0492	1,19
VDR.2	VDR	0,0013	1,34	ISG20.1	ISG20	0,0006	1,38
UBE2T.1	UBE2T	<0,0001	2,08	IL-8.1	IL8	<0,0001	2,40
TP.3	TYMP	0,0008	1,37	IL6.3	IL6	<0,0001	2,02
TSPAN8.1	TSPAN8	0,0016	1,29	ICAM1.1	ICAM1	<0,0001	1,75

a continuación

Tabla 6a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia la presencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)								
Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF			Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O				valor de p	O
C20 orf1.1	TPX2	<0,0001	2,64		HSPA8.1	HSPA8	0,0004	1,38
TOP2A.4	TOP2A	<0,0001	2,02		HIST1H1D.1	HIST1H1D	0,0017	1,33
TNFSF13B.1	TNFSF13B	0,0002	1,38		GPX1.2	GPX1	<0,0001	1,46
TK1.2	TK1	<0,0001	1,71		FZD2.2	FZD2	0,0031	1,27
TIMP1.1	TIMP1	0,0076	1,27		FN1.1	FN1	<0,0001	1,45
TGFBI.1	TGFBI	<0,0001	1,69		FCGR3A.1	FCGR3A	0,0001	1,43
OPN, osteopontina. 3	SPP1	<0,0001	1,81		FCER1G.2	FCER1G	<0,0001	1,50
SPHK1.1	SPHK1	<0,0001	1,44		FAP.1	FAP	0,0395	1,20
SLC7A5.2	SLC7A5	<0,0001	2,12		F3.1	F3	<0,0001	1,62
SLC2A1.1	SLC2A1	<0,0001	1,46		F2.1	F2	<0,0001	1,76
SLC16A3.1	SLC16A3	0,0001	1,48		ESPL1.3	ESPL1	0,0008	1,33
SLC13A3.1	SLC13A3	0,0019	1,29		EPHB2.1	EPHB2	0,0037	1,28
SHC1.1	SHC1	0,0156	1,24		EPHB1.3	EPHB1	0,0041	1,25
SFN.1	SFN	<0,0001	1,57		EPB41L3.1	EPB41L3	0,0410	1,19
PA11.3	SERPINE1	0,0164	1,25		ENO2.1	ENO2	0,0001	1,46
SERPINA5.1	SERPINA5	0,0016	1,27		EIF4EBP1.1	EIF4EBP1	<0,0001	1,60
SEMA3C.1	SEMA3C	<0,0001	2,14		E2F1.3	E2F1	<0,0001	1,65
SELL.1	SELL	0,0096	1,26		CXCR6.1	CXCR6	<0,0001	1,48
SAA2.2	SAA2	<0,0001	2,50		CXCR4.3	CXCR4	0,0118	1,26
RRM2.1	RRM2	<0,0001	1,86		GRO1.2	CXCL1	<0,0001	1,83
RPLP1.1	RPLP1	0,0025	1,32		CTSB.1	CTSB	<0,0001	1,70
RND3.1	RND3	0,0002	1,41		CRP.1	CRP	0,0494	1,16
RAD51.1	RAD51	<0,0001	1,51		CP.1	PC	<0,0001	1,98
PTTG1.2	PTTG1	<0,0001	2,52		COL7A1.1	COL7A1	<0,0001	1,47
COX2.1	PTGS2	0,0002	1,36		COL1A1.1	COL1A1	0,0059	1,28
PRKCB1.1	PRKCB	0,0188	1,23		Chk2.3	CHEK2	0,0010	1,33
PRKCA.1	PRKCA	0,0339	1,21		Chk1.2	CHEK1	<0,0001	1,49
PLAUR.3	PLAUR	<0,0001	1,60		CENPF.1	CENPF	<0,0001	2,08

Tabla 6a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia la presencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)								
Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF			Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O				valor de p	O
upa.3	PLAU	0,0002	1,41		CD82.3	CD82	<0,0001	2,09
PF4.1	PF4	0,0003	1,34		CD68.2	CD68	0,0163	1,24
PDCD1.1	PDCD1	<0,0001	1,40		CD44s.1	CD44_s	<0,0001	1,66
PCSK6.1	PCSK6	0,0297	1,22		CCNE2.2	CCNE2_2	<0,0001	1,50
PCNA.2	PCNA	0,0025	1,33		CCNE1.1	CCNE1	<0,0001	1,44

a continuación

Tabla 6a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia la presencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
NNMT.1	NNMT	0,0206	1,22	CCNB1.2	CCNB1	<0,0001	2,28
NME2.1	NME2	0,0124	1,25	CCL5.2	CCL5	<0,0001	1,45
MYBL2.1	MYBL2	<0,0001	1,90	CCL20.1	CCL20	0,0121	1,24
MT1X.1	MT1X	0,0003	1,39	CAV2.1	CAV2	0,0003	1,35
MMP9.1	MMP9	<0,0001	1,96	CA12.1	CA12	<0,0001	2,11
MMP7.1	MMP7	<0,0001	1,50	C3.1	C3	<0,0001	1,58
MMP14.1	MMP14	<0,0001	1,50	C1QB.1	C1QB	0,0032	1,31
Ki-67.2	MKI67	<0,0001	1,96	BUB1.1	BUB1	<0,0001	2,25
mGST1.2	MGST1	<0,0001	1,63	BRCA1.2	BRCA1	0,0006	1,35
cMet.2	MET	0,0357	1,22	SURV.2	BIRC5	<0,0001	2,11
MDK.1	MDK	<0,0001	1,78	cIAP2.2	BIRC3	<0,0001	1,47
MCM2.2	MCM2	0,0003	1,40	BCL2A1.1	BCL2A1	0,0004	1,34
LRRC2.1	LRRC2	0,0114	1,22	STK15.2	AURKA	<0,0001	1,61
LOX.1	LOX	<0,0001	1,99	PRO2000.3	ATAD2	0,0166	1,24
LMNB1.1	LMNB1	<0,0001	2,04	APOL1.1	APOL1	<0,0001	1,54
LIMK1.1	LIMK1	<0,0001	2,51	APOC1.3	APOC1	0,0026	1,30
LGALS9.1	LGALS9	0,0136	1,25	ANXA2.2	ANXA2	<0,0001	1,71
LGALS1.1	LGALS1	<0,0001	1,46	ALOX5.1	ALOX5	0,0004	1,38
LAPTM5.1	LAPTM5	<0,0001	1,47	ADAM8.1	ADAM8	<0,0001	1,89
LAMB3.1	LAMB3	<0,0001	1,96	MRP2.3	ABCC2	0,0002	1,39
L1CAM.1	L1CAM	<0,0001	1,43				

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
YB-1.2	YBX1	0,0010	0,74	IGF2.2	IGF2	0,0117	0,79
XIAP.1	XIAP	<0,0001	0,68	IGF1R.3	IGF1R	<0,0001	0,38
VWVX.5	VWVX	<0,0001	0,63	ID3.1	ID3	<0,0001	0,44
WISP1.1	WISP1	0,0002	0,71	ID2.4	ID2	<0,0001	0,68
VWF.1	VWF	<0,0001	0,35	ID1.1	ID1	<0,0001	0,32
VHL.1	VHL	0,0086	0,78	ICAM2.1	ICAM2	<0,0001	0,47
VEGF.1	VEGFA	<0,0001	0,50	HYAL2.1	HYAL2	<0,0001	0,28
VCAM1.1	VCAM1	<0,0001	0,55	HYAL1.1	HYAL1	<0,0001	0,39
USP34.1	USP34	<0,0001	0,64	HSPG2.1	HSPG2	<0,0001	0,33
UMOD.1	UMOD	<0,0001	0,36	HSP90AB1.1	HSP90AB1	0,0004	0,73
UGCG.1	UGCG	<0,0001	0,54	HSD11B2.1	HSD11B2	<0,0001	0,32
UBB.1	UBB	<0,0001	0,48	Hepsin.1	HPN	<0,0001	0,59
UBE1C.1	UBA3	<0,0001	0,59	HPCAL1.1	HPCAL1	<0,0001	0,68

a continuación

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
TS.1	TYMS	<0,0001	0,70	HMGB1.1	HMGB1	<0,0001	0,42
tusc4.2	TUSC4	<0,0001	0,68	HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	0,0002	0,72
TUSC2.1	TUSC2	0,0462	0,83	HIF1AN.1	HIF1AN	<0,0001	0,54
TSPAN7.2	TSPAN7	<0,0001	0,25	HDAC1.1	HDAC1	<0,0001	0,55
TSC2.1	TSC2	<0,0001	0,45	HAVCR1.1	HAVCR1	0,0012	0,76
TSC1.1	TSC1	<0,0001	0,45	HADH.1	HADH	<0,0001	0,49
P53.2	TP53	<0,0001	0,61	GSTT1.3	GSTT1	0,0067	0,80
TOP2B.2	TOP2B	<0,0001	0,69	GSTp.3	GSTP1	<0,0001	0,55
TNFSF12.1	TNFSF12	<0,0001	0,51	GSTM3.2	GSTM3	<0,0001	0,48
TRAIL.1	TNFSF10	<0,0001	0,68	GSTM1.1	GSTM1	<0,0001	0,54
TNFRSF11B.1	TNFRSF11B	<0,0001	0,59	GRB7.2	GRB7	<0,0001	0,49
TNFRSF10D.1	TNFRSF10D	<0,0001	0,58	GPX3.1	GPX3	<0,0001	0,59
DR5.2	TNFRSF10B	0,0001	0,71	GPC3.1	GPC3	0,0287	0,81
TNFAIP6.1	TNFAIP6	<0,0001	0,67	GJA1.1	GJA1	0,0004	0,74
TMEM47.1	TMEM47	<0,0001	0,29	GFRA1.1	GFRA1	0,0011	0,74
TMEM27.1	TMEM27	<0,0001	0,40	GCLC.3	GCLC	<0,0001	0,50
TLR3.1	TLR3	<0,0001	0,64	GATM.1	GATM	<0,0001	0,45
TIMP3.3	TIMP3	<0,0001	0,23	GATA3.3	GATA3	0,0159	0,79
TIMP2.1	TIMP2	<0,0001	0,52	GADD45B.1	GADD45B	<0,0001	0,67
THBS1.1	THBS1	<0,0001	0,62	FOS.1	FOS	<0,0001	0,56
TGFBR2.3	TGFBR2	<0,0001	0,34	FOLR1.1	FOLR1	<0,0001	0,59

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
TGFBR1.1	TGFBR1	<0,0001	0,63	FLT4.1	FLT4	<0,0001	0,27
TGFB2.2	TGFB2	<0,0001	0,55	FLT3LG.1	FLT3LG	<0,0001	0,62
TGFb1.1	TGFB1	0,0036	0,76	FLT1.1	FLT1	<0,0001	0,32
TGFA.2	TGFA	<0,0001	0,56	FILIP1.1	FILIP1	<0,0001	0,42
TEK.1	TEK	<0,0001	0,23	FIGF.1	FIGF	0,0001	0,62
TCF4.1	TCF4	<0,0001	0,36	FHL1.1	FHL1	<0,0001	0,36
TAGLN.1	TAGLN	<0,0001	0,50	FHIT.1	FHIT	<0,0001	0,63
TACSTD2.1	TACSTD2	<0,0001	0,64	FH.1	FH	<0,0001	0,65
SUCLG1.1	SUCLG1	<0,0001	0,50	Isoforma 1.1 de FGFR2	FGFR2	<0,0001	0,51
STK11.1	STK11	<0,0001	0,48	FGFR1.3	FGFR1	<0,0001	0,55
STAT5B.2	STAT5B	<0,0001	0,36	FGF2.2	FGF2	<0,0001	0,61
STAT5A.1	STAT5A	<0,0001	0,56	FGF1.1	FGF1	<0,0001	0,49

a continuación

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF			Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O				valor de p	O
STAT3.1	STAT3	<0,0001	0,63		FDPS.1	FDPS	<0,0001	0,43
SPRY1.1	SPRY1	<0,0001	0,42		FBXW7.1	FBXW7	<0,0001	0,60
SPAST.1	SPAST	0,0004	0,74		fas.1	FAS	0,0054	0,79
SPARCL1.1	SPARCL1	<0,0001	0,48		ESRRG.3	ESRRG	<0,0001	0,68
SPARC.1	SPARC	<0,0001	0,54		ERG.1	ERG	<0,0001	0,34
SOD1.1	SOD1	<0,0001	0,67		ERCC4.1	ERCC4	0,0197	0,81
SNRK.1	SNRK	<0,0001	0,25		ERCC1.2	ERCC1	<0,0001	0,60
SNAI1.1	SNAI1	0,0004	0,71		ERBB4.3	ERBB4	0,0037	0,72
MADH4.1	SMAD4	<0,0001	0,33		ErbB3.1	ERBB3	<0,0001	0,59
MADH2.1	SMAD2	<0,0001	0,40		HER2.3	ERBB2	<0,0001	0,40
SLC34A1.1	SLC34A1	<0,0001	0,47		EPHB4.1	EPHB4	<0,0001	0,44
SLC22A6.1	SLC22A6	<0,0001	0,52		EPHA2.1	EPHA2	<0,0001	0,36
SKIL.1	SKIL	<0,0001	0,59		EPAS1.1	EPAS1	<0,0001	0,29
SHANK3.1	SHANK3	<0,0001	0,25		ENPP2.1	ENPP2	<0,0001	0,50
SGK.1	SGK1	<0,0001	0,54		ENPEP.1	ENPEP	<0,0001	0,56
FRP1.3	SFRP1	0,0053	0,77		CD105.1	ENG	<0,0001	0,31
SEMA3F.3	SEMA3F	<0,0001	0,43		EMP1.1	EMP1	<0,0001	0,49
SELENBP1.1	SELENBP1	<0,0001	0,62		EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,23
SDPR.1	SDPR	<0,0001	0,28		ELTD1.1	ELTD1	<0,0001	0,59
SDHA.1	SDHA	<0,0001	0,47		EIF2C1.1	EIF2C1	<0,0001	0,52
SCNN1A.2	SCNN1A	0,0013	0,73	EGR1.1	EGR1	<0,0001	0,54	
SCN4B.1	SCN4B	<0,0001	0,35	EGLN3.1	EGLN3	<0,0001	0,69	

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF			Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O				valor de p	O
S100A2.1	S100A2	0,0355	0,82		EGFR.2	EGFR	<0,0001	0,70
KIAA1303 raptor.1	RPTOR	<0,0001	0,49		EFNB2.1	EFNB2	<0,0001	0,34
RPS6KB1.3	RPS6KB1	<0,0001	0,55		EFNB1.2	EFNB1	<0,0001	0,41
RPS6KAI.1	RPS6KA1	0,0002	0,68		EEF1A1.1	EEF1A1	<0,0001	0,32
RPS23.1	RPS23	<0,0001	0,47		EDNRB.1	EDNRB	<0,0001	0,31
ROCK2.1	ROCK2	<0,0001	0,39		EDN2.1	EDN2	<0,0001	0,51
ROCK1.1	ROCK1	<0,0001	0,35		EDN1 endothelin.1	EDN1	<0,0001	0,41
RIPK1.1	RIPK1	<0,0001	0,45		EBAG9.1	EBAG9	0,0007	0,74
rhoC.1	RHOC	0,0001	0,70		DUSP1.1	DUSP1	<0,0001	0,65
RhoB.1	RHOB	<0,0001	0,41		DPYS.1	DPYS	<0,0001	0,66
ARHA.1	RHOA	<0,0001	0,45		DPEP1.1	DPEP1	<0,0001	0,34

a continuación

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de p ≤ 0,05)								
Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF			Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O				valor de p	O
RHEB.2	RHEB	0,0002	0,69		DLL4.1	DLL4	<0,0001	0,49
RGS5.1	RGS5	<0,0001	0,26		DLC1.1	DLC1	<0,0001	0,36
FLJ22655.1	RERGL	<0,0001	0,26		DKFZP564O0823,1	DKFZP564O0823	<0,0001	0,35
NFKBp65.3	RELA	<0,0001	0,71		DICER1.2	DICER1	<0,0001	0,46
RB1.1	RB1	<0,0001	0,54		DIAPH1.1	DIAPH1	<0,0001	0,63
RASSF1.1	RASSF1	<0,0001	0,63		DIABLO.1	DIABLO	0,0002	0,72
RARB.2	RARB	<0,0001	0,28		DHPS.3	DHPS	<0,0001	0,46
RALBP1.1	RALBP1	<0,0001	0,52		DET1.1	DET1	<0,0001	0,61
RAF1.3	RAF1	<0,0001	0,58		DEFB1.1	DEFB1	<0,0001	0,69
RAC1.3	RAC1	0,0118	0,80		DDC.1	DDC	<0,0001	0,51
PTPRG.1	PTPRG	<0,0001	0,27		DCXR.1	DCXR	0,0061	0,78
PTPRB.1	PTPRB	<0,0001	0,22		DAPK1.3	DAPK1	<0,0001	0,47
PTN.1	PTN	<0,0001	0,41		CYR61.1	CYR61	<0,0001	0,52
PTK2.1	PTK2	<0,0001	0,33		CYP3A4.2	CYP3A4	0,0398	0,82
PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,32		CYP2C8v2.1	CYP2C8_21	0,0001	0,67
PTEN.2	PTEN	<0,0001	0,44		CXCL12.1	CXCL12	<0,0001	0,53
PSMA7.1	PSMA7	0,0173	0,81		CX3CR1.1	CX3CR1	<0,0001	0,60
PRSS8.1	PRSS8	<0,0001	0,62		CX3CL1.1	CX3CL1	<0,0001	0,34
PRKCH.1	PRKCH	<0,0001	0,43		CUL1.1	CUL1	<0,0001	0,62
PRKCD.2	PRKCD	<0,0001	0,68		CUBN.1	CUBN	<0,0001	0,39

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)								
Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF			Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O				valor de p	O
PPP2CA.1	PPP2CA	<0,0001	0,53		CTSH.2	CTSH	0,0018	0,77
PPARG.3	PPARG	<0,0001	0,37		B-catenina.3	CTNNB1	<0,0001	0,38
PPAP2B.1	PPAP2B	<0,0001	0,27		A-Catenina.2	CTNNA1	<0,0001	0,58
PMP22.1	PMP22	0,0155	0,81		CTGF.1	CTGF	<0,0001	0,64
PLG.1	PLG	<0,0001	0,38		CSF1R.2	CSF1R	0,0308	0,83
PLAT.1	PLAT	<0,0001	0,42		CSF1.1	CSF1	0,0002	0,73
PLA2G4C.1	PLA2G4C	<0,0001	0,48		CRADD.1	CRADD	<0,0001	0,60
PIK3CA.1	PIK3CA	<0,0001	0,47		COL4A2.1	COL4A2	<0,0001	0,51
PI3K.2	PIK3C2B	<0,0001	0,42		COL4A1.1	COL4A1	<0,0001	0,66
PGF.1	PGF	0,0153	0,80		COL18A1.1	COL18A1	<0,0001	0,50
PFKP.1	PFKP	<0,0001	0,70		CLU.3	CLU	0,0091	0,80
CD31.3	PECAM1	<0,0001	0,34		CLDN7.2	CLDN7	0,0029	0,76
PDZK3.1	PDZK3	<0,0001	0,49		CLDN10.1	CLDN10	<0,0001	0,48
PDZK1.1	PDZK1	<0,0001	0,45		CLCNKB.1	CLCNKB	0,0001	0,61

a continuación

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
PDGFRb.3	PDGFRB	<0,0001	0,45	CFLAR.1	CFLAR	<0,0001	0,47
PDGFD.2	PDGFD	<0,0001	0,33	CEACAM1.1	CEACAM1	<0,0001	0,43
PDGFC.3	PDGFC	<0,0001	0,53	p27.3	CDKN1B	0,0002	0,73
PDGFB.3	PDGFB	<0,0001	0,33	p21.3	CDKN1A	<0,0001	0,65
PDGFA.3	PDGFA	<0,0001	0,43	CDH6.1	CDH6	<0,0001	0,67
PCK1.1	PCK1	<0,0001	0,44	CDH5.1	CDH5	<0,0001	0,33
PCCA.1	PCCA	<0,0001	0,47	CDH2.1	CDH2	0,0003	0,75
PARDA.1	PARDA	0,0045	0,77	CDH16.1	CDH16	<0,0001	0,51
Pak1.2	PAK1	0,0003	0,74	CDH13.1	CDH13	<0,0001	0,39
PAH.1	PAH	<0,0001	0,62	CD36.1	CD36	<0,0001	0,41
OGG1.1	OGG1	<0,0001	0,62	CD34.1	CD34	<0,0001	0,34
BFGF.3	NUDT6	<0,0001	0,45	CD24.1	CD24	0,0148	0,81
NRG1.3	NRG1	0,0004	0,69	CCND1.3	CCND1	<0,0001	0,51
NPR1.1	NPR1	<0,0001	0,36	MCP1.1	CCL2	<0,0001	0,68
NPM1.2	NPM1	<0,0001	0,55	CAT.1	CAT	<0,0001	0,48
NOTCH3.1	NOTCH3	<0,0001	0,40	CASP10.1	CASP10	<0,0001	0,62

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
NOTCH2.1	NOTCH2	<0,0001	0,68	CALD1.2	CALD1	<0,0001	0,42
NOTCH1.1	NOTCH1	<0,0001	0,38	CACNA2D1.1	CACNA2D1	0,0006	0,74
NOS3.1	NOS3	<0,0001	0,37	CA2.1	CA2	<0,0001	0,60
NOS2A.3	NOS2	<0,0001	0,42	C7.1	C7	<0,0001	0,65
NOL3.1	NOL3	<0,0001	0,67	ECRG4.1	C2orf40	<0,0001	0,32
NFX1.1	NFX1	<0,0001	0,43	C13orf15.1	C13orf15	<0,0001	0,31
NFKBp50.3	NFKB1	<0,0001	0,56	BUB3.1	BUB3	<0,0001	0,65
NFATC2.1	NFATC2	<0,0001	0,67	BTRC.1	BTRC	<0,0001	0,63
NFAT5.1	NFAT5	<0,0001	0,55	BNIP3.1	BNIP3	0,0021	0,77
MYRIP.2	MYRIP	<0,0001	0,36	CIAP1.2	BIRC2	<0,0001	0,56
MYH11.1	MYH11	<0,0001	0,35	BIN1.3	BIN1	<0,0001	0,67
cMYC.3	MYC	<0,0001	0,68	BGN.1	BGN	<0,0001	0,47
MVP.1	MVP	<0,0001	0,66	BCL2L12.1	BCL2L12	0,0374	0,82
FRAP1.1	MTOR	<0,0001	0,56	Bclx.2	BCL2L1	<0,0001	0,60
MSH3.2	MSH3	<0,0001	0,47	Bcl2.2	BCL2	<0,0001	0,31
MSH2.3	MSH2	<0,0001	0,51	BAG1.2	BAG1	<0,0001	0,42
MMP2.2	MMP2	0,0229	0,82	BAD.1	BAD	0,0187	0,82
STMY3.3	MMP11	<0,0001	0,66	AXL.1	AXL	0,0077	0,79

a continuación

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
GBL.1	MLST8	0,0193	0,82	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	<0,0001	0,52
MIF.2	MIF	<0,0001	0,69	ASS1.1	ASS1	<0,0001	0,61
MICA.1	MICA	<0,0001	0,52	ARRB1.1	ARRB1	<0,0001	0,48
MGMT.1	MGMT	<0,0001	0,50	ARHGDIB.1	ARHGDIB	<0,0001	0,48
MCM3.3	MCM3	0,0105	0,78	ARF1.1	ARF1	0,0021	0,75
MCAM.1	MCAM	<0,0001	0,41	AQP1.1	AQP1	<0,0001	0,28
MARCKS.1	MARCKS	0,0259	0,82	APOLD1.1	APOLD1	<0,0001	0,35
ERK1.3	MAPK3	<0,0001	0,35	APC.4	APC	<0,0001	0,55
ERK2.3	MAPK1	<0,0001	0,61	APAF1.2	APAF1	0,0264	0,82
MAP4.1	MAP4	<0,0001	0,54	ANXA4.1	ANXA4	0,0012	0,76
MAP2K3.1	MAP2K3	<0,0001	0,52	ANXA1.2	ANXA1	0,0201	0,81
MAP2K1.1	MAP2K1	0,0172	0,81	ANTXR1.1	ANTXR1	<0,0001	0,58

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
MAL2.1	MAL2	0,0267	0,82	ANGPTL4.1	ANGPTL4	<0,0001	0,71
MAL.1	MAL	<0,0001	0,46	ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0104	0,77
LTF.1	LTF	0,0038	0,74	ANGPTL2.1	ANGPTL2	<0,0001	0,63
LRP2.1	LRP2	<0,0001	0,52	ANGPT2.1	ANGPT2	<0,0001	0,65
LMO2.1	LMO2	<0,0001	0,60	ANGPT1.1	ANGPT1	<0,0001	0,30
LDB2.1	LDB2	<0,0001	0,26	AMACR1.1	AMACR	0,0080	0,79
LDB1.2	LDB1	<0,0001	0,52	ALDOB.1	ALDOB	<0,0001	0,40
LAMA4.1	LAMA4	<0,0001	0,67	ALDH6A1.1	ALDH6A1	<0,0001	0,38
KRT7.1	KRT7	<0,0001	0,56	ALDH4.2	ALDH4A1	0,0001	0,71
K-ras.10	KRAS	<0,0001	0,48	AKT3.2	AKT3	<0,0001	0,30
KL.1	KL	<0,0001	0,34	AKT2.3	AKT2	<0,0001	0,53
Kitlng.4	KITLG	<0,0001	0,46	AKT1.3	AKT1	<0,0001	0,47
c-kit.2	KIT	<0,0001	0,41	AHR.1	AHR	<0,0001	0,60
KDR.6	KDR	<0,0001	0,28	AGTR1.1	AGTR1	<0,0001	0,33
KCNJ15.1	KCNJ15	<0,0001	0,43	AGT.1	AGT	0,0032	0,77
HTATIP.1	KAT5	<0,0001	0,27	ADH6.1	ADH6	0,0011	0,71
G-catenina.1	JUP	<0,0001	0,32	ADH1B.1	ADH1B	<0,0001	0,69
AP-1 (oficial de JUN).2	JUN	<0,0001	0,64	ADFP.1	ADFP	0,0001	0,73
JAG1.1	JAG1	<0,0001	0,23	ADD1.1	ADD1	<0,0001	0,33
ITGB5.1	ITGB5	<0,0001	0,64	ADAMTS9.1	ADAMTS9	<0,0001	0,69
ITGB3.1	ITGB3	0,0468	0,84	ADAMTS5.1	ADAMTS5	<0,0001	0,55
ITGB1.1	ITGB1	<0,0001	0,59	ADAMTS1.1	ADAMTS1	<0,0001	0,56
ITGA7.1	ITGA7	<0,0001	0,38	ADAM17.1	ADAM17	0,0009	0,76

a continuación

Tabla 6b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de necrosis (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF		Gen	Símbolo oficial	Necrosis de la CCF	
		valor de p	O			valor de p	O
ITGA6.2	ITGA6	<0,0001	0,40	ACE2.1	ACE2	<0,0001	0,45
ITGA5.1	ITGA5	0,0298	0,83	ACADSB.1	ACADSB	<0,0001	0,46
ITGA4.2	ITGA4	<0,0001	0,61	BCRP.1	ABCG2	<0,0001	0,27
ITGA3.2	ITGA3	0,0018	0,76	MRP4.2	ABCC4	<0,0001	0,61
IQGAP2.1	IQGAP2	<0,0001	0,52	MRP3.1	ABCC3	0,0011	0,76
INSR.1	INSR	<0,0001	0,38	MRP1.1	ABCC1	0,0008	0,75
IMP3.1	IMP3	<0,0001	0,53	ABCB1.5	ABCB1	<0,0001	0,59
IL6ST.3	IL6ST	<0,0001	0,36	NPD009 (oficial de ABAT).3	ABAT	0,0001	0,70
IL15.1	IL15	<0,0001	0,67	AAMP.1	AAMP	<0,0001	0,62
IGFBP6.1	IGFBP6	<0,0001	0,66	A2M.1	A2M	<0,0001	0,28

Tabla 7a: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la presencia de invasión nodal (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal		Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal	
		valor de p	O			valor de p	O
TUBB.1	TUBB2A	0,0242	2,56	IL-8.1	IL8	0,0019	3,18
C20orf1.1	TPX2	0,0333	2,61	IL6.3	IL6	0,0333	2,31
TK1.2	TK1	0,0361	1,75	HSPA1A.1	HSPA1A	0,0498	2,11
SPHK1.1	SPHK1	0,0038	3,43	GSTp.3	GSTP1	0,0272	3,46
SLC7A5.2	SLC7A5	0,0053	4,85	GRB14.1	GRB14	0,0287	2,32
SILV.1	SILV	0,0470	1,54	GMNN.1	GMNN	0,0282	3,00
SELE.1	SELE	0,0311	1,93	ENO2.1	ENO2	0,0190	3,43
upa.3	PLAU	0,0450	2,78	CCNB1.2	CCNB1	0,0387	1,87
MMP9.1	MMP9	0,0110	2,65	BUB1.1	BUB1	0,0429	2,21
MMP7.1	MMP7	0,0491	2,34	BAG2.1	BAG2	0,0346	2,54
MMP14.1	MMP14	0,0155	3,21	ADAMTS1.1	ADAMTS1	0,0193	3,31
LAMB1.1	LAMB1	0,0247	3,04				

Tabla 7b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de invasión nodal (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal		Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal	
		valor de p	O			valor de p	O
VWF.1	VWF	0,0221	0,42	HMGB1.1	HMGB1	0,0385	0,45
VCAM1.1	VCAM1	0,0212	0,42	HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	0,0398	0,43
UBE1C.1	UBA3	0,0082	0,32	HADH.1	HADH	0,0093	0,33
tusc4.2	TUSC4	0,0050	0,28	GSTM1.1	GSTM1	0,0018	0,18
TSPAN7.2	TSPAN7	0,0407	0,43	GPX2.2	GPX2	0,0211	0,07
TSC1.1	TSC1	0,0372	0,38	GJA1.1	GJA1	0,0451	0,46
TMSB10.1	TMSB10	0,0202	0,43	GATM.1	GATM	0,0038	0,25

a continuación

Tabla 7b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de invasión nodal (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal		Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal	
		valor de p	O			valor de p	O
TMEM47.1	TMEM47	0,0077	0,32	GATA3.3	GATA3	0,0188	0,06
TMEM27.1	TMEM27	0,0431	0,41	FOLR1.1	FOLR1	0,0152	0,32
TLR3.1	TLR3	0,0041	0,32	FLT4.1	FLT4	0,0125	0,22
TIMP3.3	TIMP3	0,0309	0,40	FLT1.1	FLT1	0,0046	0,35
TGFBR2.3	TGFBR2	0,0296	0,35	FHL1.1	FHL1	0,0435	0,47
TGFB2.2	TGFB2	0,0371	0,30	FHIT.1	FHIT	0,0061	0,29
TGFA.2	TGFA	0,0025	0,32	fas.1	FAS	0,0163	0,39
TEK.1	TEK	0,0018	0,09	ErbB3.1	ERBB3	0,0145	0,33
TCF4.1	TCF4	0,0088	0,38	EPHA2.1	EPHA2	0,0392	0,37
STAT5A.1	STAT5A	0,0129	0,49	EPAS1.1	EPAS1	0,0020	0,28
SPRY1.1	SPRY1	0,0188	0,43	ENPEP.1	ENPEP	0,0002	0,34
SPARCL1.1	SPARCL1	0,0417	0,50	CD105.1	ENG	0,0112	0,38
SOD1.1	SOD1	0,0014	0,23	EMCN.1	EMCN	0,0022	0,19
SNRK.1	SNRK	0,0226	0,43	EIF2C1.1	EIF2C1	0,0207	0,33
MADH2.1	SMAD2	0,0098	0,37	EGLN3.1	EGLN3	0,0167	0,52
SLC22A6.1	SLC22A6	0,0051	0,00	EFNB2.1	EFNB2	0,0192	0,30
PTPNS1.1	SIRPA	0,0206	0,43	EFNB1.2	EFNB1	0,0110	0,37
SHANK3.1	SHANK3	0,0024	0,30	EDNRB.1	EDNRB	0,0106	0,36
SGK.1	SGK1	0,0087	0,35	EDN1 endothelin.1	EDN1	0,0440	0,42
SELENBP1.1	SELENBP1	0,0016	0,29	DPYS.1	DPYS	0,0454	0,43
SCN4B.1	SCN4B	0,0081	0,08	DKFZP564O08 23,1	DKFZP564O0823	0,0131	0,31
ROCK1.1	ROCK1	0,0058	0,41	DHPS.3	DHPS	0,0423	0,48
RhoB.1	RHOB	0,0333	0,43	DAPK1.3	DAPK1	0,0048	0,39
RGS5.1	RGS5	0,0021	0,31	CYP2C8v2.1	CYP2C8_21	0,0003	0,01
FLJ22655.1	RERGL	0,0009	0,01	CYP2C8.2	CYP2C8_2	0,0269	0,07
RB1.1	RB1	0,0281	0,48	CX3CR1.1	CX3CR1	0,0224	0,13
RASSF1.1	RASSF1	0,0004	0,23	CUBN.1	CUBN	0,0010	0,04

Tabla 7b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de invasión nodal (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal		Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal	
		valor de p	O			valor de p	O
PTPRB.1	PTPRB	0,0154	0,40	CRADD.1	CRADD	0,0193	0,40
PTK2.1	PTK2	0,0158	0,38	CLDN10.1	CLDN10	0,0005	0,21
PTHR1.1	PTH1R	<0,0001	0,01	CFLAR.1	CFLAR	0,0426	0,49
PRSS8.1	PRSS8	0,0023	0,10	CEACAM1.1	CEACAM1	0,0083	0,23
PRKCH.1	PRKCH	0,0475	0,48	CDKN2A.2	CDKN2A	0,0026	0,13
PPAP2B.1	PPAP2B	0,0110	0,40	p27.3	CDKN1B	0,0393	0,60

a continuación

Tabla 7b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de invasión nodal (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal		Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal	
		valor de p	O			valor de p	O
PLA2G4C.1	PLA2G4C	0,0002	0,03	CDH5.1	CDH5	0,0038	0,33
PI3K.2	PIK3C2B	0,0138	0,13	CDH13.1	CDH13	0,0203	0,39
PFKP.1	PFKP	0,0040	0,41	CD99.1	CD99	0,0173	0,38
CD31.3	PECAM1	0,0077	0,38	CD36.1	CD36	0,0015	0,29
PDGFD.2	PDGFD	0,0169	0,35	CD34.1	CD34	0,0250	0,38
PDGFC.3	PDGFC	0,0053	0,36	CD3z.1	CD247	0,0419	0,33
PDGFB.3	PDGFB	0,0359	0,47	CCND1.3	CCND1	0,0381	0,50
PCSK6.1	PCSK6	0,0103	0,34	CAT.1	CAT	0,0044	0,42
PCK1.1	PCK1	0,0003	0,02	CASP6.1	CASP6	0,0136	0,36
PCCA.1	PCCA	0,0074	0,12	CALD1.2	CALD1	0,0042	0,31
PARD6A.1	PARD6A	0,0243	0,21	CA9.3	CA9	0,0077	0,48
BFGF.3	NUDT6	0,0082	0,15	C13orf15.1	C13orf15	0,0152	0,39
NRG1.3	NRG1	0,0393	0,19	BUB3.1	BUB3	0,0157	0,26
NOS3.1	NOS3	0,0232	0,34	BIN1.3	BIN1	0,0224	0,38
NOS2A.3	NOS2	0,0086	0,11	Bclx.2	BCL2L1	0,0225	0,52
NFX1.1	NFX1	0,0065	0,35	Bcl2.2	BCL2	0,0442	0,45
MYH11.1	MYH11	0,0149	0,36	AXL.1	AXL	0,0451	0,44
cMYC.3	MYC	0,0472	0,46	ATP6V1B1.1	ATP6V1B1	0,0257	0,03
MUC1.2	MUC1	0,0202	0,26	ARRB1.1	ARRB1	0,0337	0,43
MIF.2	MIF	0,0145	0,39	ARHGDI.1	ARHGDI	0,0051	0,32
MICA.1	MICA	0,0015	0,15	AQP1.1	AQP1	0,0022	0,31
MGMT.1	MGMT	0,0414	0,50	APOLD1.1	APOLD1	0,0222	0,42
MAP2K1.1	MAP2K1	0,0075	0,40	APC.4	APC	0,0165	0,47
LMO2.1	LMO2	0,0127	0,07	ANXA5.1	ANXA5	0,0143	0,37
LDB2.1	LDB2	0,0048	0,33	ANXA4.1	ANXA4	0,0019	0,30
Kitlng.4	KITLG	0,0146	0,18	ANXA1.2	ANXA1	0,0497	0,39
KDR.6	KDR	0,0106	0,34	ANGPTL7.1	ANGPTL7	0,0444	0,16
ITGB1.1	ITGB1	0,0469	0,36	ANGPTL4.1	ANGPTL4	0,0197	0,55
ITGA7.1	ITGA7	0,0290	0,38	ANGPT1.1	ANGPT1	0,0055	0,15

Tabla 7b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de invasión nodal (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal		Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal	
		valor de p	O			valor de p	O
ITGA6.2	ITGA6	0,0010	0,17	ALDOB.1	ALDOB	0,0128	0,02
ITGA4.2	ITGA4	0,0089	0,44	ALDH4.2	ALDH4A1	0,0304	0,33
INSR.1	INSR	0,0057	0,32	AGTR1.1	AGTR1	0,0142	0,11
IMP3.1	IMP3	0,0086	0,43	ADH6.1	ADH6	0,0042	0,03
IL6ST.3	IL6ST	0,0484	0,46	ADFP.1	ADFP	0,0223	0,47

a continuación

Tabla 7b: Genes sustitutos cuya mayor expresión se asocia con la ausencia de invasión nodal (valor de $p \leq 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal		Gen	Símbolo oficial	Invasión nodal	
		valor de p	O			valor de p	O
IL15.1	IL15	0,0009	0,08	ADD1.1	ADD1	0,0135	0,42
IF127.1	IFI27	0,0013	0,22	BCRP.1	ABCG2	0,0098	0,19
HYAL2.1	HYAL2	0,0099	0,36	MRP3.1	ABCC3	0,0247	0,44
HYAL1.1	HYAL1	0,0001	0,08	MRP1.1	ABCC1	0,0022	0,32
Hepsin.1	HPN	0,0024	0,14	NPD009 (oficial de ABAT).3	ABAT	0,0110	0,19
HPCAL1.1	HPCAL1	0,0024	0,38	A2M.1	A2M	0,0012	0,29

Tabla 8a: Genes cuya mayor expresión se asocia con un menor riesgo de recurrencia del cáncer después de un ajuste de covariables clínicas/patológicas ($p < 0,05$)

Gen	Símbolo oficial	valor de p	HR	Gen	Símbolo oficial	valor de p	HR
ACE2.1	ACE2	0,0261	0,85	ID1.1	ID1	0,0154	0,83
ADD1.1	ADD1	0,0339	0,85	IGF1R.3	IGF1R	0,0281	0,85
ALDOB.1	ALDOB	0,0328	0,84	IL15.1	IL15	0,0059	0,83
ANGPTL3.3	ANGPTL3	0,0035	0,79	IQGAP2.1	IQGAP2	0,0497	0,88
APOLD1.1	APOLD1	0,0015	0,78	KL.1	KL	0,0231	0,86
AQP1.1	AQP1	0,0014	0,79	KLRK1.2	KLRK1	0,0378	0,87
BFGF.3	NUDT6	0,0010	0,77	LDB2.1	LDB2	0,0092	0,82
CASP10.1	CASP10	0,0024	0,82	LRP2.1	LRP2	0,0193	0,86
CAV2.1	CAV2	0,0191	0,86	LTF.1	LTF	0,0077	0,82
CCL4.2	CCL4	0,0045	0,81	MAP4.1	MAP4	0,0219	0,84
CCL5.2	CCL5	0,0003	0,78	MRP1.1	ABCC1	0,0291	0,87
CCR2.1	CCR2	0,0390	0,87	NOS3.1	NOS3	0,0008	0,78
CCR4.2	CCR4	0,0109	0,82	PI3K.2	PIK3C2B	0,0329	0,83
CCR7.1	CCR7	0,0020	0,80	PLA2G4C.1	PLA2G4C	0,0452	0,87
CD4.1	CD4	0,0195	0,86	PPAP2B.1	PPAP2B	0,0001	0,74
CD8A.1	CD8A	0,0058	0,83	PRCC.1	PRCC	0,0333	0,88
CEACAM1.1	CEACAM1	0,0022	0,81	PRKCB1.1	PRKCB	0,0353	0,87
CFLAR.1	CFLAR	0,0308	0,87	PRKCH.1	PRKCH	0,0022	0,82
CTSS.1	CTSS	0,0462	0,87	PRSS8.1	PRSS8	0,0332	0,87
CX3CL1.1	CX3CL1	0,0021	0,81	PSMB9.1	PSMB9	0,0262	0,87
CXCL10.1	CXCL10	0,0323	0,86	PTPRB.1	PTPRB	0,0030	0,80
CXCL9.1	CXCL9	0,0006	0,79	PGS5.1	RGS5	0,0480	0,85
CXCR6.1	CXCR6	0,0469	0,88	SDPR.1	SDPR	0,0045	0,80
DAPK1.3	DAPK1	0,0050	0,83	SELE.1	SELE	0,0070	0,81
DDC.1	DDC	0,0307	0,86	SGK.1	SGK1	0,0100	0,83
DLC1.1	DLC1	0,0249	0,83	SHANK3.1	SHANK3	0,0311	0,84
ECRG4.1	C2orf40	0,0244	0,84	SNRK.1	SNRK	0,0026	0,81
EDNRB.1	EDNRB	0,0400	0,86	TEK.1	TEK	0,0059	0,78

a continuación

Tabla 8a: Genes cuya mayor expresión se asocia con un menor riesgo de recurrencia del cáncer después de un ajuste de covariables clínicas/patológicas (p < 0,05)

Gen	Símbolo oficial	valor de p	HR	Gen	Símbolo oficial	valor de p	HR
EMCN.1	EMCN	<0,0001	0,68	TGFBR2.3	TGFBR2	0,0343	0,85
EPAS1.1	EPAS1	0,0411	0,84	TIMP3.3	TIMP3	0,0165	0,83
fas.1	FAS	0,0242	0,87	TMEM27.1	TMEM27	0,0249	0,86
FH.1	FH	0,0407	0,88	TSPAN7.2	TSPAN7	0,0099	0,83
GATA3.3	GATA3	0,0172	0,83	UBB.1	UBB	0,0144	0,85
GZMA.1	GZMA	0,0108	0,84	VWVX.5	VWVX	0,0082	0,83
HLA-DPB1.1	HLA-DPB1	0,0036	0,82				
HSPG2.1	HSPG2	0,0236	0,84				
ICAM2.1	ICAM2	0,0091	0,83				
ICAM3.1	ICAM3	0,0338	0,87				

Tabla 8b: Genes cuya mayor expresión se asocia con un mayor riesgo de recurrencia del cáncer después de un ajuste de covariables clínicas/patológicas (p < 0,05)

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

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

Símbolo oficial	n	Subconjunto de genes (vía)	HR	HR (CI del 95 %)	LR ChiSq	valor de p LR	valor de q
EMCN	928	Angiogénesis	0,68	(0,57,0,80)	19,87	<0,0001	0,0042
PPAP2B	928	Angiogénesis	0,74	(0,65,0,85)	16,15	0,0001	0,0148
CCL5	928	Respuesta inmunitaria	0,78	(0,68, 0,89)	12,98	0,0003	0,0529
CXCL9	928	Respuesta inmunitaria	0,79	(0,70,0,91)	11,74	0,0006	0,0772
NOS3	928	Angiogénesis	0,78	(0,68, 0,90)	11,32	0,0008	0,0774
NUDT6	926	Angiogénesis	0,77	(0,66,0,90)	10,77	0,0010	0,0850

a continuación

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

Símbolo oficial	n	Subconjunto de genes (vía)	HR	HR (CI del 95 %)	LR ChiSq	valor de p LR	valor de q
AQP1	928	Transporte	0,79	(0,69,0,91)	10,15	0,0014	0,0850
APOLD1	927	Angiogénesis	0,78	(0,88,0,91)	10,07	0,0015	0,0850
ITGB5	928	Adhesión celular/matriz extracelular	1,25	(1,09,1,43)	9,92	0,0016	0,0850
CCR7	928	Respuesta inmunitaria	0,80	(0,69,0,92)	9,58	0,0020	0,0850
CX3CL1	926	Respuesta inmunitaria	0,81	(0,70,0,92)	9,44	0,0021	0,0850
CEACAM1	928	Angiogénesis	0,81	(0,70,0,93)	9,37	0,0022	0,0850
PRKCH	917	Angiogénesis	0,82	(0,72,0,93)	9,36	0,0022	0,0850
CASP10	927	Apoptosis	0,82	(0,73,0,93)	9,25	0,0024	0,0850
SNRK	928	Angiogénesis	0,81	(0,71,0,92)	9,09	0,0026	0,0863
PTPRB	927	Angiogénesis	0,80	(0,69,0,92)	8,83	0,0030	0,0933

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
A-Catenina.2	NM_001903	NM_001903.1	CTNNA1	765	CGTTCCGATCCTCT ATACTGCAT	AGGTCCCTGTTG GCCTTATAGG	ATGCCTACAGCACCC TGATGTCGCA
A2M.1	NM_000014	NM_000014.4	A2M	6456	CTCTCCCGCCTTC TAGC	CCGTTTGACACAGA TGCAG	CGCTTGTTCCTTCTC CACTGGGAC
AAMP.1	NM_001087	NM_001087.3	AAMP	5474	GTGTGGCAGGTGG ACACTAA	CTCCATCCACTCC AGGTCTC	CGCTTCAAAGGACCA GACCTCCTC
ABCB1.5	NM_000927	NM_000927.2	ABCB1	3099	AAACACCACTGGA CATTGA	CAAGCCCTGGAAC CTATAGCC	CTCGCCCAATGATGCT GCTCAAGTT
ACADSB.1	NM_001606	NM_001609.3	ACADSB	6278	TGGCGGAGAACTA GCCAT	AAGACAGCCAG TCCTCAAAT	CCTCCTGAAGCCTG CCATCATTGT
ACE.1	NM_000786	NM_000789.2	ACE	4257	CCGCTGTACGACC ATTTC	CCGTGTCTGTGA AGCCGT	TGCCCTCAGCAATGA AGCCTACAA
ACE2.1	NM_021804	NM_021804.1	ACE2	6108	TACAATGAGAGGCT CTGGGC	TAATGGCCTCAGC TGCTTG	CGACCTCAGATCTCC AGCTTTCC
ADAM17.1	NM_003186	NM_003183.3	ADAM17	2617	GAAGTGCCAGGAC GCGATTA	CGGGCACTCACT GCTATTACC	TGCTACTTGCAAAGG CGTGTCTACTG
ADAM8.1	NM_001106	NM_001109.2	ADAM8	3978	GTCACGTGTCCA CCCA	TGATGACCTGCTT TGGTGC	TTCCAGTTCTGTCTC TACACCCGG
ADAMTS1.1	NM_006986	NM_006988.2	ADAMTS1	2639	GGACAGGTGCAAC CTCATCTG	ATCTACAACCTTG GGCTGCAA	CAAGCCAAAGGCATT GGCTACTTCTTCG
ADAMTS2.1	NM_014244	NM_014244.1	ADAMTS2	3979	GAGAATGTCTGCC GCTGG	ATCGTGGTATTCA TCGTGGC	TACCTCCAGCAGAAG CCAGACACG
ADAMTS4.1	NM_005096	NM_005099.3	ADAMTS4	2642	TTTGACAAGTGCA GGTGTG	AATTTCTGGAAGG AGCCTGA	CTGCTTGCTGCAACC AGAACCGT
ADAMTS5.1	NM_007036	NM_007038.1	ADAMTS5	2641	CACTGTGGCTCAC GAAATCG	GGAACCAAACGT CTCTTCACAGA	ATTACTTGGCCTCT CCCATGACGATTCC
ADAMTS8.1	NM_007037	NM_007037.2	ADAMTS8	2640	GCGAGTTCAAAGT TTCGAG	CACAGATGGCCA GTGTTTCT	CACACAGGGTGCCA TCAATCACCT
ADAMTS9.1	NM_182920	NM_182920.1	ADAMTS9	6109	GCACAGGTTACACA ACCCAA	CGACATTGGCAG TCATCG	CCGGCTCCCGTTATA GGGACATT
ADD1.1	NM_001116	NM_001119.3	ADD1	3980	GTCTACCCAGCAG CTCCG	TCGTTACAGGA GTCACCAT	CATGTTTAAGGCAGC CATCCCTCC
ADFP.1	NM_001122	NM_001122.2	PLIN2	4503	AAGACCATCACCT CGTGG	CAATTGCGGCTC TAGCTTC	ATGACCAGTGCTCTG CCCATCATC
ADH1B.1	NM_000666	NM_000668.4	ADH1B	6325	AAGCCAACAAACCT TCCTTC	AAAATGCAAGAAG TCACAGGAA	TTTCCTCAATGGCAA AGGTGACACA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
ADH6.1	NM_000672	NM_000672.3	ADH6	6111	TGTTGGGGAGTAAACACATTGG	AACGATTCCAGCCCTTC	TCTTGATCCCACCACTTTGGGCC
ADM.1	NM_001124	NM_001124.1	ADM	3248	TAAGCCACAAGCACACGG	TGGCGCGCTAAATCCTAA	CGAGTGGAAGTGCTCCCCACTTTC
AGR2.1	NM_006408	NM_006408.2	AGR2	3245	AGCCAACATGTGAATAATTGGA	TCTGATCTCCATCTGCCTCA	CAACACGTCAACCACCCTTTGCTCT
AGT.1	NM_000029	NM_000029.2	AGT	6112	GATCCAGCCTCACTATGCCT	CCAGTTGAGGAGATGTTTGTCT	TGAGACCCTCCACCTTGTCAGGT
AGTR1.1	NM_000685	NM_000685.3	AGTR1	4258	AGCATTGATCGATACCTGGC	CTACAAGCATTTGCGTCCG	ATTGTTTACCCCAATGAAGTCCCGC
AHR.1	NM_001621	NM_001621.2	AHR	3981	GCGGCATAGAGACGACTT	ACATCTTGTGGGCAAGGCA	CAGGCTAGCCAAACGGTCCAACCTC
AIF1.1	NM_032955	NM_032955.1	AIF1	6452	GACGTTTCAGCTACCTGACTTT	TCAGGATCATTTTAGGATGGC	ATCTCTTGCCCAGCATCATCTGA
AKT1.3	NM_005163	NM_005163.1	AKT1	18	CGCTTCTATGGCGTTGAGAT	TCCCGGTACACCACGTTCTT	CAGCCCTGGACTACTGCGACTCGG
AKT2.3	NM_001626	NM_001626.2	AKT2	358	TCCTGCCACCCTTCAAAACC	GCGGTAAATTCTCATCGAA	CAGGTCACGTCCGAGGTGACACA
AKT3.2	NM_005465	NM_005465.1	AKT3	21	TTGTCTCTGCCTTGACTATCTACA	CCAGCATTAGATTCTCCAATTGA	TCACGGTACACAATCTTTCCGGA
ALDH4.2	NM_003748	NM_003748.2	ALDH4A1	2092	GGACAGGGTAAGACCGTGAT	AACCGGAAGAAGTCGATGAG	CTGCAGCGTCAATCTCCGCTTG
ALDH6A1.1	NM_005589	NM_005589.2	ALDH6A1	6114	GGCTCTTTCAACAGCAGTCC	GCATGCTCCACCAGCTCT	CAGCCACTTCTTGGCTTCTCCAC
ALDOA.1	NM_000034	NM_000034.2	ALDOA	3810	GCCTGTACGTGCCAGCTC	TCATCGGAGCTTGATCTCG	TGCCAGAGGCTCAACTGTCTCTGC
ALDOB.1	NM_000035	NM_000035.2	ALDOB	6321	CCCTCTACCAGAAACACAGC	TAACCTTGATTCCACACGA	TCCCTTTTCTTGAAGATGTTTCTG
ALOX12.1	NM_000697	NM_000697.1	ALOX12	3861	AGTTCCCTCAATGGGCCAAC	AGCACTAGCCTGGAGGGC	CATGCTGTTGAGAGCTCGACCTC
ALOX5.1	NM_000698	NM_000698.2	ALOX5	4259	GAGCTGCAGGACTTCGTGA	GAAGCCTCAGCATTTGCG	CCGCATGCCGTACACGTAGACATC
AMACR1.1	NM_014324	NM_014324.4	AMACR	3930	GGACAGTCAGTTTTAGGGTTGC	GACAGCCCAGAGACCCAC	CAGTAACTCGGGGCTGTTTCCC
ANGPT1.1	NM_001146	NM_001146.3	ANGPT1	2654	TCTACTTGGGGTGACAGTGC	CCTTTTTAAAGCCGACAGT	TCACGTGGCTCGACTATAGAAAACCTCCA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
ANGPT2.1	NM_001147	NM_001147.1	ANGPT2	2655	CCGTGAAAGCTGCTCTGTAA	TTGCAGTGGGAA GAACAGTC	AAGGTGACACAGCC CTCCCAAGTG
ANGPTL2.1	NM_012093	NM_012098.2	ANGPTL2	3982	GCCATCTGCGTCAA CTCC	TAGCTCCTGCTTA TGCACCTCG	TCTCCAGAAGCACCT CAGGCTCCT
ANGPTL3.3	NM_014495	NM_014495.2	ANGPTL3	6505	GTTGCGATTACTCG CAATGT	TGCTTTGTGATCC CAAGTAGA	CCAATGCAATCCCG GAAAACAAAG
ANGPTL4.1	NM_016103	NM_016109.2		3237	ATGACCTCAGATCG AGGCTG	CCGGTTGAAGTC CACTGAG	CATCGTGGCGCCTC TGAATTACTG
ANGPTL7.1	NM_021143	NM_021146.2	ANGPTL7	6115	CTGCACAGACTCCA ACCTCA	GCCATCCAGGTG CTTATTGT	TCACCCAGGCGGTA GTACACTCCA
ANTXR1.1	NM_032203	NM_032208.1	ANTXR1	3363	CTCCAGGTGTACCT CCAACC	GAGAAGGCTGGG AGACTCTG	AGCCTTCTCCACAG CTGCCTACA
ANXA1.2	NM_000703	NM_000700.1	ANXA1	1907	GCCCTATCCTACC TTCAATCC	CCTTTAACCATTA TGGCCTTATGC	TCCTCGGATGTCGCT GCCT
ANXA2.2	NM_004033	NM_004039.1	ANXA2	2269	CAAGACACTAAGGG CGACTACCA	CGTGTGCGGCTT CAGTCAT	CCACCACACAGGTA CAGCAGCGCT
ANXA4.1	NM_001153	NM_001153.2	ANXA4	3984	TGGGAGGGATGAA GGAAAT	CTCATACAGGTCC TGGGCA	TGTCTCAGGAGAGC ATCGTCCAGA
ANXA5.1	NM_001154	NM_001154.2	ANXA5	3785	GCTCAAGCCTGGA AGATGAC	AGAACCACCAACA TCCGCT	AGTACCCTGAAGTGT CCCCCACCA
AP-1 (oficial de JUN).2	NM_002223	NM_002228.2	JUN	2157	GACTGCAAAGATG GAAACGA	TAGCCATAAGGTC CGCTCTC	CTATGACGATGCCCT CAACGCCTC
AP1M2.1	NM_005493	NM_005498.3	AP1M2	5104	ACAACGACCGCAC CATCT	CTGAGGCGGTAT GACATGAG	CTTCATCCGCGCTGA TGGTGACTT
APAF1.2	NM_181861	NM_181861.1	APAF1	4086	CACAAGGAAGAAG CTGGTGA	CATCCTGGTTCAC GTTTCAA	TGCAATTACAGCAGAA GCTCTCCAAA
APC.4	NM_000033	NM_000038.1	APC	41	GGACAGCAGGAA GTGTTTC	ACCCACTCGATT GTTTCTG	CATTGGCTCCCCGT GACCTGTA
APOC1.3	NM_001643	NM_001645.3	APOC1	6608	CCAGCCTGATAAAG GTCCTG	CACTCTGAATCCT TGCTGGA	AGGACAGGACCTCC CAACCAAGC
APOE.1	NM_000041	NM_000041.2	APOE	4340	GCCTCAAGAGCTG GTTCG	CCTGCACCTTCTC CACCA	ACTGGCGCTGCATG TCTTCCAC
APOL1.1	NM_003661	NM_003661.2	APO.1	6117	CGGACCAAGAAGT GTGACC	ATTTTGTCTCTGGC CCCTG	AGGCATATCTCTCT GGTGGCTGC
APOLD1.1	NM_030817	NM_030817.1	APO.D1	6118	GAGCAGCTGGAGT CTCGG	AGAGATCTTGAG GTCGTGGC	CAGCTCTGCACCAA GTCCAGTCGT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
AQP1.1	NM_198096	NM_198098.1	AQP1	5294	GCTTGCTGTATGAC CCCTG	AAGGCTGACCTCT CCCTC	ACAGCCTTCCCTCTG CATTGACCT
AREG.2	NM_001657	NM_001657.1	AREG	87	TGTGAGTGAAATGC CTTCTAGTAGTGA	TTGTGGTTTCGTTA TCATACTCTTCTG	CCGTCTCGGGAGC CGACTATGA
ARF1.1	NM_001658	NM_001658.2	ARF1	2776	CAGTAGAGATCCC GCAACT	ACAAGCACATGG CTATGGAA	CTTGTCTTGGGTCA CCCTGCA
ARG9.1	NM_03192C	NM_031920.2		3873	GCATGGGCTACTG CATCC	CCACATCGATTCA GCCAAG	AGCTTGCTCAGTCC GTGCACAAAA
ARGHEF18.1	NM_015318	NM_015318.2	ARGHEF18	3008	ACTCTGCTTCCCA GGGC	GAAGCTAGACGC CCGCTC	CTGTCACACGCTCA GCCTGTCTG
ARHA.1	NM_001664	NM_001664.1	RHOA	2981	GGTCCTCCGTCGC TTCTC	GTGCAAACTCG GAGACG	CCACGGTCTGGTCTT CAGCTACCC
ARHGDI.1	NM_001175	NM_001175.4	ARHGDI	3987	TGGTCCCTAGAAC AGAGGC	TGATGGAGGATC AGAGGGAG	TAAACCCGGCTTTC ACCCAACCT
ARRB1.1	NM_004041	NM_004041.2	ARRB1	2656	TGCAGGAACGCCT CATCAA	GGTTTGAGGGGA TCTCAAAGG	CTGGGCGAGCACGC TTACCCCTTTC
ASS1.1	NM_054012	NM_054012.3	ASS1	6328	CCCCCAGATAAAG TCATTG	TGCGTACTCCATC AGGTCAT	TCTACAACCGGTTCA AGGGCCG
ATP1A1.1	NM_000701	NM_000701.6	ATP1A1	6119	AGAACGCCTATTT GAGCTG	GGCAGAAAGAGG TGGCAG	ACCTAGGACTCGTTC TCCGAGGCC
ATP5E.1	NM_006886	NM_006886.2	ATP5E	3535	CCGCTTTCGCTACA GCAT	TGGGAGTATCGG ATGTAGCTG	TCCAGCCTGTCTCCA GTAGGCCAC
ATP6V1B1.1	NM_001692	NM_001692.3	ATP6V1B1	6293	AACCATGGGGAAC GTCTG	GGTGATGATCCG CTCGAT	CTTCCTGAACTTGGC CAATGACCC
AXL.1	NM_001699	NM_001699.3	AXL	3989	TTGCAGCCCTGTCT TCCTAC	CTGCACAGAGAA GGGGAGG	TATCCCACCTCCATC CCAGACAGG
AZU1.1	NM_001700	NM_001700.3	AZU1	6120	CCGAGGCCCTGAC TTCTT	GTCCCGGGTTGT TGAGAA	CCATCGATCCAGTCT CGGAAGAGC
B-catenina.3	NM_001904	NM_001904.1	CTNNB1	769	GGCTCTTGTGCGTA CTGTCTT	TCAGATGACGAA GAGCACAGATG	AGGCTCAGTGATGT CTTCCCTGTCAACCAG
B2M.4	NM_004048	NM_004048.1	B2M	467	GGGATCGAGACAT GTAAGCA	TGGAATTCATCCA ATCCAAAT	CGGCATCTTCAAACC TCCATGATG
BAD.1	NM_032989	NM_032989.2	BAD	7209	GGGTCAGGGGCCT CGAGAT	CTGCTCACTCGG CTCAAACCTC	TGGGCCAGAGCAT GTTCCAGATC
BAG1.2	NM_004323	NM_004323.2	BAG1	478	CGTTGTCAGCACT GGAATACAA	GTTCAACCTCTTC CTGTGGACTGT	CCCAATTAAATGAC CCGGCAACCAT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
BAG2.1	NM_004282	NM_004282.2	BAG2	2808	CTAGGGGGCAAAA GCATGA	CTAAATGCCCAAG GTGACTG	TTCCATGCCAGACAG GAAAAAGCA
Bak.2	NM_001188	NM_001188.1	BAK1	82	CCATTCCACCATT CTACCT	GGGAACATAGAC CCACCAAT	ACACCCAGACGTC CTGGCCT
Bax.1	NM_004324	NM_004324.1	BAX	10	CCGCCGTGGACAC AGACT	TTGCCGTCAGAAA ACATGTCA	TGCCACTCGAAAAA GACCTCTCGG
BBC3.2	NM_014417	NM_014417.1	BBC3	574	CCTGGAGGGTCCT GTACAAT	CTAATTGGGCTCC ATCTCG	CATCATGGGACTCCT GCCCTTACC
Bcl2.2	NM_000633	NM_000633.1	BCL2	61	CAGATGGACCTAGT ACCCACTGAGA	CCTATGATTTAAG GGCATTITTC	TTCCACGCCGAAGG ACAGCGAT
BCL2A1.1	NM_004049	NM_004049.2	BCL2A1	6322	CCAGCCTCCATGTA TCATCA	TGAAGCTGTTGA GGCAATGT	CAGTCAAGCTCAGT GAGCATTCTCAGC
BCL2L12.1	NM_138639	NM_138639.1	BCL2L12	3364	AACCCACCCCTGTC TTGG	CTCAGCTGAC3G GAAAGG	TCCGGGTAGCTCTC AAACTCGAGG
Bclx.2	NM_001191	NM_001191.1	BCL2L1	83	CTTTTGTGAACTC TATGGGAACA	CAGCGGTGAAG CGTTCTCT	TTCCGCTCTCGGCT GCTGCA
BCRP.1	NM_004827	NM_004827.1	ABCG2	364	TGTAAGTGGCAAGA ATATTTGGTAAA	GCCACGTGATTCT TCCACAA	CAGGGCATCGATCT CTCACCTGG
BFGF.3	NM_007083	NM_007083.1	NUDT6	345	CCAGGAAGAATGCT TAAGATGTGA	TGGTGATGGCAG TTGTATTTTCAG	TTCCGCCAGGTCATTG AGATCCATCCA
BGN.1	NM_001711	NM_001711.3	BGN	3391	GAGCTCCGCAAGG ATGAC	CTTGTTGTTTACC AGGACGA	CAAGGGTCTCCAGC ACCTCTACGC
BHLHB3.1	NM_030762	NM_030762.1	BHLHE41	6121	AGGAAGATCCCTC GCAGC	TTGAACCTCCGTC CTTCG	AGGAAGCTCCCTGA ATCCTTGCGT
BIK.1	NM_001197	NM_001197.3	BIK	2281	ATTCTATGGCTCT GCAATTGTC	GGCAGGAGTGAA TGCTCTTC	CCGGTTAAGCTGTGG CCTGTGCC
BIN1.3	NM_004305	NM_004305.1	BIN1	941	CCTGCAAAAGGGAA CAAGAG	CGTGGTTGACTCT GATCTCG	CTTGCCTCCAGATG GCTCCC
BLR1.1	NM_001716	NM_001716.3	CXCR5	6280	GACCAAGCAGGAA GCTCAGA	AGCGCTGTTTGG GTCAGA	CCAGGGGCAGCTAC CTGAACCTCAA
BNIP3.1	NM_004052	NM_004052.2	BNIP3	3937	CTGGACGGAGTAG CTCCAAG	GGTATCTTGTGGT GTCTGCG	CTCTCACTGTGACAG CCCACCTCG
BRCA1.1	NM_007294	NM_007294.3	BRCA1	7481	TCAGGGGGCTAGA AATCTGT	CCATTCCAGTIGA TCTGTGG	CTATGGGCCCTTCAC CAACATGC
BTRC.1	NM_033637	NM_033637.2	BTRC	2555	GTTGGGACACAGTT GGTCTG	TGAAGCAGTCAGT TGTGCTG	CAGTCGGCCAGGA CGGTCTACT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
BUB1.1	NM_004336	NM_004336.1	BUB1	1647	CCGAGGTTAATCCA GCACGTA	AAGACATGGCGC TCTCAGTTC	TGCTGGGAGCCTAC ACTTGGCCC
BUB3.1	NM_004725	NM_004725.1	BUB3	3016	CTGAAGCAGATGCT TCATCATT	GCTGATTCCCAAG AGTCTAACC	CCTCGCTTTGTTAA CAGCCCAGG
c-kit.2	NM_000222	NM_000222.1	KIT	50	GAGGCCAACTGCTTA TGGCTTAATTA	GGCACTCGGCTT GAGCAT	TTACAGCGACAGTCA TGGCCGCAT
C13orf15.1	NM_014059	NM_014059.2	C13orf15	6122	TAGAATCTGCTGCG AGAGGG	CAAGGGCTGATTT TAAGGTGA	TGCACTCAACCTTCT ACCAGGCCA
C1QA.1	NM_015991	NM_015991.2	C1QA	6123	CGGTCAACCAAC CAGG	CGGGTACAGTGC AGACGA	AGAACCCTACCAGAA CCACTCCGG
C1QB.1	NM_000491	NM_000491.3	C1QB	6124	CCAGTGGCCTCAC AGGAC	CCCATGGGATCTT CATCATC	TCCCAGGAGCGCTC TGACACAGTA
C20orf1.1	NM_012112	NM_012112.2	TPX2	1239	TCAGCTGTGAGCTG CGGATA	ACGGTCTTAGGT TTGAGGTTAAGA	CAGGTCCCATTGCC GGGCG
C3.1	NM_000064	NM_000064.2	C3	6125	CGTGAAGGAGTGC AGAAAGA	ACTCGGTGTCGCG GGACTT	ACATCCCACCTGCAG ACCTCAGTG
C3AR1.1	NM_004054	NM_004054.2	C3AR1	6126	AAGCCGCATCCCA GACTT	TGTTAAGTGCCTT TGCTGG	CAACCCCCAGAGATT CCGATTACG
C7.1	NM_000587	NM_000587.2	C7	6127	ATGTCTGAGTGTGA GGCGG	AGGCCTTATGCT GGTGACAG	ATGCTCTGCCCTCTG CATCTCAGA
CA12.1	NM_001218	NM_001218.3	CA12	6128	CTCTCTGAAGGTGT CCTGGC	ACAGGAACTGAG GGGTGCT	AGACACCAGTGCTTC TCCAGGGCT
CA2.1	NM_000067	NM_000067.1	CA2	5189	CAACGTGGAGTTT ATGACTCT	CTGTAAGTGCCAT CCAGGG	CCTCCCTTGAGCACT GCTTTGTCC
CA9.3	NM_001216	NM_001216.1	CA9	482	ATCCTAGCCCTGGT TTTTGG	CTGCCTTCTCATC TGCACAA	TTTGCTGTACCAGC GTCCG
CACNA2D1.1	NM_000722	NM_000722.2	CACNA2D1	6129	CAAAACATTAGCTGG GCCTGT	CAGCCAGTGGGT GCCTTA	CCATGGCATAACACT AAGGCGCAG
CALD1.2	NM_004342	NM_004342.4	CALD1	1795	CACTAAGGTTTGA ACAGTTCAGAA	GCGAATTAGCCCT CTACAACTGA	AACCCAAGCTCAAGA CGCAGGACGAG
CASP1.1	NM_033292	NM_033292.2	CASP1	6132	AGAAAGCCCACATA GAGAAGGA	TGTGGGATGTCT CCAAGAAA	CGCTTTCTGCTCTTC CACACCAGA
CASP10.1	NM_001230	NM_001230.4	CASP10	6133	ACCTTTCTCTTGGC CGGAT	GTGGGGACTGTC CACTGC	TCTACTGCACTTGCC AGCCCTGAG
CASP6.1	NM_032992	NM_032992.2	CASP6	6134	CCTCACACTGGTGA ACAGGA	AATTGCACITGGG TCTTTGC	AAAGTCCACTCGGC GCTGAGAAAC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
Caspasa 3.1	NM_032991	NM_032991.2	CASP3	5963	TGAGCCTGAGCAG AGACATGA	CCTTCCTGCCTG GTCCAT	TCAGCCTGTTCCATG AAGGCAGAGC
CAT.1	NM_001752	NM_001752.1	CAT	2745	ATCCATTGATCTC ACCAAGGT	TCCGGTTTAA3AC CAGTTTACCA	TGGCCTCACAAGGA CTACCCTCTCATCC
CAV1.1	NM_001753	NM_001753.3	CAV1	2557	GTGGCTCAACATT3 TGTTCC	CAATGGCCTCCAT TTTACAG	ATTTCAGCTGATCAG TGGGCCTCC
CAV2.1	NM_198212	NM_198212.1	CAV2	6460	CTTCCCTGGGACC ACTTG	CTCCTGGTCACC CTTCTGG	CCCCTACTGTCATGC CTCAGAGCT
CCL18.1	NM_002986	NM_002988.2	CCL18	3994	GCTCCTGTGCACAA GTTGG	TGGAATCTGCCA GGAGGTA	CAACAAAGAGCTCTG CTGCCTCGT
CCL19.1	NM_006274	NM_006274.2	CCL19	4107	GAACGCATCATCCA GAGACTG	CCTCTGCACCGT CATAGGTT	CGCTTCATCTTGGCT GAGGTCCTC
CCL20.1	NM_004591	NM_004591.1	CCL20	1998	CCATGTGCTGTAC AAGAGTTTG	CGCCGCAGAGGT GGAGTA	CAGCACTGACATCAA AGCAGCCAGGA
CCL4.2	NM_002984	NM_002984.1	CCL4	4148	GGGTCCAGGAGTA CGTGTATGAC	CCTTCCCTGAAGA CTTCTGTCT	ACTGAAGTGAAGTCTG CTCA
CCL5.2	NM_002985	NM_002985.2	CCL5	4088	AGGTTCTGAGCTCT GGCTTT	ATGCTGACTTCT TCCTGGT	ACAGAGCCCTGGCA AAGCCAAG
CCNB1.2	NM_031966	NM_031966.1	CCNB1	619	TTCAGGTTGTTGCA GGAGAC	CATCTTCTTGGGC ACACAAT	TGTCTCCATTATTGA TCGGTTCATGCA
CCND1.3	NM_053056	NM_001758.1	CCND1	88	GCATGTTCTGTGGC CTCTAAGA	CGGTGTAGATGC ACAGCTTCTC	AAGGAGACCATCCC CCTGACGGC
CCNE1.1	NM_001236	NM_001238.1	CCNE1	498	AAAGAAGATGATGA CCGGGTTTAC	GAGCCTCTGGAT GGTGCAAT	CAAACCTCAACGTGCA AGCCTCGGA
Variante 1.1 de CCNE2	NM_057749	NM_057749var1	CCNE2	1650	GGTCACCAAGAAAC ATCAGTATGAA	TTCAATGATAATG CAAGGACTGATC	CCCAGATAATACAGG TGGCCAACAATTCT
CCNE2.2	NM_057749	NM_057749.1	CCNE2	502	ATGCTGTGGCTCCT TCCTAACT	ACCCAAATTGTGA TATACAAAAGGT	TACCAAGCAACCTAC ATGTCAAGAAAGCCC
CCR1.1	NM_001295	NM_001295.2	CCR1	6135	TCCAAGACCCAATG GGAA	TCGTAGGCTTTGG TGAGGA	ACTCACCACACCTGC AGCCTTCAC
CCR2.1	NM_000646	NM_000648.1		4109	CTCGGGAATCCTGA AAACC	GACTCTCACTGCC CTATGCC	TCTTCTCGTTTCGAC ACCGAAGCA
CCR4.2	NM_005506	NM_005508.4	CCR4	6502	AGACCCTGGTGGG GCTAGAA	AGAGTTTCTGTGG CCTGGAT	TCCTTCAGGACTGCA CCTTTGAAAGA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
CCR5.1	NM_000579	NM_000579.1	CCR5	4119	CAGACTGAATGGG GGTGG	CTGGTTTGTCTGG AGAAGGC	TGGAATAAGTACCTA AGGCGCCCC
CCR7.1	NM_001838	NM_001838.2	CCR7	2661	GGATGACATGCAC CAGCTC	CCTGACATTTCCC TTGTCT	CTCCCATCCAGTG GAGCCAA
CD105.1	NM_000118	NM_000118.1	ENG	486	GCAGGTGTCAGCA AGTATGATCAG	TTTTCCGCTGTG GTGATGA	CGACAGGATATTGAC CACCGCTCATT
CD14.1	NM_000591	NM_000591.1	CD14	4341	GTGTGCTAGCGTA TCCCG	GCATGGTGCCGG TTATCT	CAAGGAACTGACGC TCGAGGACCT
CD18.2	NM_000211	NM_000211.1	ITGB2	49	CGTCAGGACCCAC CATGTCT	GGTTAATTGGTGA CATCCTCAAGA	CGCGGCCGAGACAT GGCTTG
CD1A.1	NM_001763	NM_001763.1	CD1A	4166	GGAGTGGAAGGAA CTGGAAA	TCATGGGCGTAT CTACGAAT	CGCACCATTGGTC ATTTGAGG
CD24.1	NM_013230	NM_013230.1	CD24	2364	TCCAACTAATGCCA CCACCAA	GAGAGAGTGAGA CCACGAAGAGAC T	CTGTTGACTGCAGG GCACCACCA
CD274.2	NM_014143	NM_014143.2	CD274	4076	GCTGCATGATCAGC TATGGT	TGTTGTATGGGG CATTGACT	CACAGTAATTTCGCTT GTAGTCGGCACC
CD31.3	NM_000442	NM_000442.1	PEGAM1	485	TGTATTTCAAGACC TCTGTGCACTT	TTAGCCTGAGGAA TTGCTGTGTT	TTTATGAACCTGCC TGCTCCACA
CD34.1	NM_001773	NM_001773.1	CD34	3814	CCACTGCACACACC TCAGA	CAGGAGTTTAACCT GCCCT	CTGTTCTTGGGGCC CTACACCTTG
CD36.1	NM_000072	NM_000072.2	CD36	6138	GTAACCCAGGACG CTGAGG	AAGGTTGGAAGAT GGCACC	CACAGTCTCTTTCT GCAGCCAA
CD3z.1	NM_000734	NM_000734.1	CD247	64	AGATGAAGTGGA GGCGCTT	TGCCTCTGTAATC GGCAACTG	CACCGCGGCCATCC TGCA
CD4.1	NM_000616	NM_000616.2	CD4	4168	GTGCTGGAGTCGG GACTAAC	TCCCTGCATTCAA GAGGC	CAGTCCCCTGTCC CAAGTTCCAC
CD44.1	NM_000610	NM_000610.3	CD44	4267	GGCACCCTGCTTA TGAAGG	GATGCTCATGCT GAATGAGG	ACTGGAACCCAGAA GCACACCCTC
CD44s.1	M59040	M59040.1		1090	GACGAAGACAGTC CCTGGAT	ACTGGGGTGGAA TGTGTCTT	CACCGACAGCACAG ACAGAATCCC
CD44v6.1	AJ251595v6	AJ251595v6		1061	CTCATACCAGCCAT CCAATG	TTGGGTTGAAGAA ATCAGTCC	CACCAAGCCAGAG GACAGTTCCCT
CD53.1	NM_000560	NM_000560.3	CD53	6139	CGACAGCATCCAC GTTAC	TGCAGAAATGACT GGATCGA	CACGCTGCCTTGGT GCTATTGTCT
CD68.2	NM_001251	NM_001251.1	CD68	84	TGGTTCCAGCCCT GTGT	CTCCTCCACCCTG GGTTGT	CTCCAAGCCAGATT CAGATTCGAGTCA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
CD82.3	NM_002231	NM_002231.2	CD82	316	GTGCAGGCTCAGC TGAAGTG	GACCTCAGGGCG ATTATGA	TCAGCTTCTACAACT GGACAGACAACGCT G
CD8A.1	NM_171827	NM_171827.1	CD8A	3804	AGGGTGAGGTGCT TGAGTCT	GGGCACAGTATC CCAGGTA	CCAACGGCAAGGGA ACAAGTACTTCT
CD99.1	NM_002414	NM_002414.3	CD99	6323	GTTCTCTCCGTAGC TTTTCA	ACCATCACTGCT CCTTTTC	TCCACCTGAAACGCC ATCCG
cdc25A.4	NM_001785	NM_001789.1	CDC25A	90	TCTTGCTGGCTACG CCTCTT	CTGCATTGTGGC ACAGTTCTG	TGTCCCTGTTAGACG TCCTCCGTCCATA
CDC25B.1	NM_021873	NM_021874.1	CDC25B	389	AAACGAGCAGTTTG CCATCAG	GTTGGTGATGTTG CGAAGCA	CCTCACCGGCATAG ACTGGAAGCG
CDH1.3	NM_00436C	NM_004360.2	CDH1	11	TGAGTGTCCCCG GTATCTTC	CAGCCGCTTTCA GATTTTCAT	TGCCAATCCCGATGA AATTGGAAATTT
CDH13.1	NM_001257	NM_001257.3	CDH13	6140	GCTACTTCTCCAC GTCCCCG	CCTCTCTGTGGA CCTGCCT	AGTCTGAATGCTGCC ACAACCAGC
CDH16.1	NM_004062	NM_004062.2	CDH16	4529	GACTGTCTGAATGG CCCAG	CCAGGGGACCA GATGGA	CAGAGGCCAAGCTC CCAGCTAGAG
CDH2.1	NM_001792	NM_001792.2	CDH2	3965	TGACCATAAAGGAT CAACCC	GATCTCCGCCACT GATTCTG	ATACACCAGCCTGGA ACGCAGTGT
CDH5.1	NM_001795	NM_001795.2	CDH5	6142	ACAGGAGACGTGTT CGCC	CAGCAGTGAGGT GGTACTCTGA	TATTTCTCCGGTCCA GCCTCTCAA
CDH6.1	NM_004932	NM_004932.2	CDH6	3998	ACACAGGCGACATA CAGGC	CTCGAAGGATGTA AACGGGT	TTTCTTCCCTGTCCA GCCTCTTGG
CDK4.1	NM_000075	NM_000075.2	CDK4	4176	CCTTCCCATCAGCA CAGTTC	TTGGGATGCTCAA AAGCC	CCAGTCGCCTCAGT AAAGCCACCT
CDK6.1	NM_001259	NM_001259.5	CDK6	6143	AGTGCCCTGTCTCA CCCA	GCAGGTGGGAAT CCAGGT	TCTTTGCACCTTTCC AGGTCTTGG
CDKN2A.2	NM_000077	NM_000077.3	CDKN2A	4278	AGCACTCACGCCCT AAGC	TCATGAAGTCGAC AGCTTCC	CGCAAGAAATGCC ACATGAATGT
CEACAM1.1	NM_001712	NM_001712.2	CEACAM1	2577	ACTTGCCTGTTTCA AGCACTCA	TGGCAAATCCGAA TTAGAGTGA	TCCTTCCCACCCCA GTCCTGTCT
CEBPA.1	NM_004364	NM_004364.2	CEBPA	2961	TTGGTTTTGCTCGG ATACTTG	GTCTCAGACCCTT CCCC	AAAATGAGACTCTCC GTCGGCAGC
CENPF.1	NM_016343	NM_016343.2	CENPF	3251	CTCCCCGTCAACAGC GTTC	GGGTGAGTCTGG CCTTCA	ACACTGGACCAGGA GTGCATCCAG
CFLAR.1	NM_003879	NM_003879.3	CFLAR	6144	GGACTTTTGTCCAG TGACAGC	CGGCGCTTCTCT CCTACA	CTCCTCCCCTGGTC CTTGTGTCT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
CGA (oficial de CHGA).3	NM_001275	NM_001275.2	CHGA	1132	CTGAAGGAGCTCC AAGACCT	CAAAACCGCTGT GTTTCTTC	TGCTGATGTGCCCTC TCCTTGG
Chk1.2	NM_001274	NM_001274.1	CHEK1	490	GATAAATTGGTACA AGGGATCAGCTT	GGGTGCCAAGTA ACTGACTATTCA	CCAGCCCACATGTC CTGATCATATGC
Chk2.3	NM_007194	NM_007194.1	CHEK2	494	ATGTGGAACCCCA CCTACTT	CAGTCCACAGCA CGTTTATACC	AGTCCCAACAGAAAC AAGAACTTCAGGCG
CIAP1.2	NM_001166	NM_001166.2	BIRC2	326	TGCCTGTGGTGGC AAGCT	GGAAATGCCTC CGGTGTT	TGACATAGCATCATC CTTTGGTCCCAGTT
clAP2.2	NM_001165	NM_001165.2	BIRC3	79	GGATATTTCCGTGG CTCTTATTCA	CTTCTCATCAAGG CAGAAAAATCTT	TCTCCATCAAATCCT GTAAACTCCAGAGCA
CLCNKB.1	NM_000085	NM_000085.1	CLCNKB	4308	GTGACCCCTGAAGCT GTCCC	GGTTCAACAGCTC AAAGAGGTT	AGAGACTTCCCTGCA TGAGGCACA
CLDN10.1	NM_182848	NM_182848.2	CLDN10	6145	GGTCTGTGGATGAA CTGCG	GATAGTAAATGC GGTCGGC	TGGAAAGAAACCCAA GCGTTACCT
CLDN7.2	NM_001307	NM_001307.3	CLDN7	2287	GGTCTGCCCTAGTC ATCCTG	GTACCCAGCCTT GCTCTCAT	TGCACTGCTCTCCTG TTCCTGTCC
CLU.3	NM_001831	NM_001831.1	CLU	2047	CCCCAGGATACCTA CCACTACCT	TGCGGGACTTGG GAAAGA	CCCTTCAGCCTGCC CCACCG
cMet.2	NM_000245	NM_000245.1	MET	52	GACATTTCCAGTCC TGCAGTCA	CTCCGATCGCAC ACATTTGT	TGCCTCTCTGCCCA CCCTTTGT
cMYC.3	NM_002467	NM_002467.1	MYC	45	TCCCTCCACTCGGA AGGACTA	CGGTTGTTGCTG ATCTGTCTCA	TCTGACACTGTCCAA CTTGACCCTCTT
COL18A1.1	NM_030582	NM_030582.3	COL18A1	6146	AGCTGCCATCACG CCTAC	GTGGCTACTTGG AGGCAGTC	CGTGCTCTGCATTGA GAACAGCTTC
COL1A1.1	NM_000088	NM_000088.2	COL1A1	1726	GTGGCCATCCAGC TGACC	CAGTGGTAGGTG ATGTTCTGGGA	TCCTGCGCCTGATGT CCACCG
COL1A2.1	NM_000089	NM_000089.2	COL1A2	1727	CAGCCAAGAACTG GTATAGGAGCT	AAACTGGCTGCC AGCAITG	TCTCCTAGCCAGAC GTGTTTCTTGCTCTT G
COL4A1.1	NM_001845	NM_001845.4	COL4A1	6147	ACAAAGGCCTCCCA GGAT	GAGTCCCAGGAA GACCTGCT	CTCCTTTGACACCAG GGATGCCAT
COL4A2.1	NM_001846	NM_001846.2	COL4A2	6148	CAACCCTGGTGATG TCTGC	CGCAGTGGTAGA GAGCCAGT	ACTATGCCAGCCGG AACGACAAGT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
COL5A2.2	NM_000392	NM_000393.3	COL5A2	6653	GGTCGAGGAACCC AAGGT	GCCTGGAGGTCC AACTCTG	CCAGGAAATCCTGTA GCACCAGGC
COL7A1.1	NM_000094	NM_000094.2	COL7A1	4984	GGTGACAAAGGAC CTCGG	ACCAGGCTCTCC CTTGCT	CTTGTACCAGGGT CCCCATTGTC
COX2.1	NM_000963	NM_000963.1	PTGS2	71	TCTGCAGAGTTGGA AGCACTCTA	GCCGAGGCTTTT CTACCAGAA	CAGGATACAGCTCCA CAGCATCGATGTC
CP.1	NM_000096	NM_000096.1	CP	3244	CGTGAGTACACAGA TGCTTCC	CCAGGATGCCAA GATGCT	TCTTCAGGGCCTCTC TCCTTTGCA
CPB2.1	NM_001872	NM_001872.3	CPB2	6294	GGCACATACGGATT CTTGCT	CAGCGGCAAPAG CTTCTCTA	CGGAGCGTTACATC AAACCCACCT
CRADD.1	NM_003805	NM_003805.3	CRA3D	6149	GATGGTGCCTCCA GCAAC	GAGTGAAAGTCA GGATTACGCC	CATGACTCAGGGAC ACACTCCCCA
cripto (oficial de TDGF1).1	NM_003212	NM_003212.1	TDGF1	1096	GGGTCTGTGCCCC ATGAC	TGACCGTGCCAG CATTTACA	CCTGGCTGCCCAAG AAGTGTTCCT
CRP.1	NM_000567	NM_000567.2	CRP	4187	GACGTGAACCACA GGGTGT	CTCCAGATAGGG AGCTGGG	CTGTGAGAGGAGCC CATCTCCCAT
CSF1.1	NM_000757	NM_000757.3	CSF1	510	TGCAGCGGCTGATT GACA	CAACTGTTCTGG TCTACAACTCA	TCAGATGGAGACCT CGTGCCAAATTACA
CSF1R.2	NM_005211	NM_005211.1	CSF1R	2289	GAGCACAACCAAAC CTACGA	CCTGCAGAGATG GGTATGAA	AGCCACTCCCCACG CTGTTGT
CSF2.1	NM_000758	NM_000758.2	CSF2	2779	GAACCTGAAGGACT TTCTGCTTGT	CTCATCTGGCAG GTCTCACT	ATCCCTTTGACTGC TGGGAGCCAG
CSF2RA.2	NM_006140	NM_006140.3	CSF2RA	4477	TACCACACCCAGCA TTCTCTC	CTAGAGGCTGGT GCCACTGT	CGCAGATCCGATTTC TCTGGGATC
CSF3.2	NM_000759	NM_000759.1	CSF3	377	CCCAGGCTCTGT GTCCTT	GGAGGACAGGAG CTTTTTCTCA	TGCATTTCTGAGTTT CATTCTCTGCCTG
CTGF.1	NM_001901	NM_001901.1	CTGF	2153	GAGTTCAAGTGCCG TGACG	AGTTGTAATGGCA GGCACAG	AACATCATGTTCTTC TTCATGACCTCGC
CTSB.1	NM_001908	NM_001908.1	CTSB	382	GGCCGAGATCTAC AAAAACG	GCAGGAAGTCCG AATACACA	CCCCGTGGAGGGAG CTTTCTC
CTSD.2	NM_001909	NM_001909.1	CTSD	385	GTACATGATCCCC GTGAGAAGGT	GGGACAGCTTGT AGCCTTGC	ACCCTGCCCGCGAT CACACTGA
CTSH.2	NM_004390	NM_004390.1	CTSH	845	GCAAGTTCCAACC GGAAAG	CATCGCTTCTCG TCATAGA	TGGCTACATCCTTGA CAAAGCCGA
CTSL.2	NM_001912	NM_001912.1	CTSL1	446	GGGAGGCTTATCTC ACTGAGTGA	CCATTGCAGCCTT CATTGC	TTGAGGCCAGAGC AGTCTACCAGATTCT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
CTSL2.1	NM_001333	NM_001333.2	CTSL2	1667	TGTCTCACTGAGCG AGCAGAA	ACCATTCGAGCC CTGATTG	CTTGAGGACGCGAA CAGTCCACCA
CTSS.1	NM_004079	NM_004079.3	CTSS	1799	TGACAACGGCTTTC CAGTACAT	TCCATGGCTTGT AGGGATAGG	TGATAACAAGGGCAT CGACTCAGACGCT
CUBN.1	NM_001081	NM_001081.2	CUBN	4110	GAGGCCGTTACTGT GGCA	GAATCTCAGCGTC AGGGC	TGCCCCATCCTATCA CATCCTTCA
CUL1.1	NM_003592	NM_003592.2	CUL1	1889	ATGCCCTGGTAATG TCTGCAT	GCGACCACAAGC CTTATCAAG	CAGCCACAAAGCCA GCGTCATTGT
CUL4A.1	NM_003583	NM_003589.1	CUL4A	2780	AAGCATCTTCCTGT TCTTGGA	AATCCCATATCCC AGATGGA	TATGTGCTGCAGAAC TCCACGCTG
CX3CL1.1	NM_002993	NM_002996.3	CX3CL1	6150	GACCCCTGCCGTCT ACCTG	GGAGTGTTCTTA GCACCTGG	TAGAACCCAGCCCAT AAGAGGCC
CX3CR1.1	NM_001337	NM_001337.3	CX3CR1	4507	TTCCAGTTGTGAC ATGAGG	GCTAAATGCAACC GTCTCAGT	ACTGAGGGCCAGCC TCAGATCCT
CXCL10.1	NM_001565	NM_001565.1	CXC_10	2733	GGAGCAAAATCGAT GCAGT	TAGGGAAGTGAT GGGAGAGG	TCTGTGTGGTCCATC CTTGGAAGC
CXCL12.1	NM_000609	NM_000609.3	CXC_12	2949	GAGCTACAGATGC CCATGC	TTTGAGATGCTTG ACGTTGG	TTCTTCGAAAGCCAT GTTGCCAGA
CXCL14.1	NM_004887	NM_004887.3	CXC_14	3247	TGCGCCCTTTCCTC TGTA	CAATGCGCATAT ACTGGG	TACCCTTAAGAACGC CCCCTCCAC
CXCL9.1	NM_002416	NM_002416.1	CXCL9	5191	ACCAGACCATTTGTC TCAGAGC	GTTACCAGAGGC TAGCCACA	TGCTGGCTCTTTCTC GGCTACTCC
CXCR4.3	NM_003467	NM_003467.1	CXC_4	2139	TGACCGCTTCTACC CCAATG	AGGATAAGGCCA ACCATGATG	CTGAACTGGAACAC AACCACCCACAAG
CXCR6.1	NM_006564	NM_006564.1	CXCR6	4002	CAGAGCCTGACGG ATGTGT	GCAGAGTGCAGA CAAACACC	CTGGTGAACCTACC CCTGGCTGAC
CYP2C8.2	NM_000770	NM_000770.2	CYP2C8	505	CCGTGTTCAAGAC GAAGCTC	AGTGGGATCACA GGGTGAAG	TTTTCTCAACTCCTC CACAAGGCA
CYP2C8v2.1	NM_030878	NM_030878.1		5423	GCTGTAGTGCACG AGATCCA	CAGTGGTCACTG CATGGG	ATACAGTGACCTTGT CCCCACCGG
					AGAACAAAGGACAAC ATAGATCCTTACA	GCAAACCTCATGC CAATGC	CACACCCCTTGGAA TGGACCCAGAA
CYP3A4.2	NM_017460	NM_017460.3	CYP3A4	586	AT		
CYR61.1	NM_001554	NM_001554.3	CYR61	2752	TGCTCATTCTTGA GAGCAT	GTGGCTGCA TA GTGTCCAT	CAGCACCCCTTGCCA GTTTCGAAAT
DAG1.1	NM_004393	NM_004393.2	DAG1	5968	GTGACTGGGCTCAT GCCT	ATCCCAGTTGTGC TCCTGTC	CAAGTCAGAGTTTCC CTGGTGCCC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
DAPK1.3	NM_004933	NM_004938.1	DAPK1	636	CGCTGACATCATGA ATGTTCCCT	TCTCTTTCAACAA CGATGTGCTT	TCATATGCAAACTCG CCTCCAGCCG
DCBLD2.1	NM_080927	NM_080927.3	DCBLD2	3821	TCACCAGGGCAGG AAGTTTA	GGTTGCATACTCA GGCCC	CATGCCTATGCTGAA CCACTCCCA
DCC.3	NM_005215	NM_005215.1	DCC	3763	AAATGTCCTCCTCG ACTGCT	TGAATGCCATCTT TCTTCCA	ATCACTGGAACCTCT CGGTCCGAC
DCN.1	NM_001920	NM_001920.3	DCN	6151	GAAGGCCACTATCA TCCTCCT	GCCTCTCTG.TGA AACGGTC	CTGCTTGACAAGTT TCCTGGGCT
DCXR.1	NM_016286	NM_016286.2	DCXR	6311	CCATAGCGTCTACT GCTCCA	AGCTCTAGGGCC ATCACCT	TCAGCATGTCCAGG GCACCC
DDC.1	NM_000790	NM_000790.3	DDC	5411	CAGAGCCAGACA CCATGA	CCAGTAATCCAC CATCTCC	CCTCTCCTTCGGAAT TCACTTCCG
DEFB1.1	NM_005213	NM_005218.3	DEFB1	4124	GATGGCCTCAGGT GGTAACT	TGCTGACGCAATT GTAATGAT	CTCAGAGGCCCTTGG CCACAGATCT
DET1.1	NM_017995	NM_017996.2	DET1	2643	CTTGTGGAGATCAC CCAATCAG	CCCGCCTGGATC TCAAACCT	CTATGCCCGGGACT CGGGCCT
DHPS.3	NM_013407	NM_013407.1	DHPS	1722	GGGAGAACGGGAT CAATAGGAT	GCATCAGCCAGT CCTCAAACCT	CTCATTGGGCACCA GCAGGTTTCC
DIABLO.1	NM_019887	NM_019887.1	DIABLO	348	CACAATGGCGGC CTGAAG	ACACAAACACTGT CTGTACCTGAAGA	AAGTTACGCTGCGC GACAGCCAA
DIAPH1.1	NM_005219	NM_005219.2	DIAPH1	2705	CAAGCAGTCAAGGA GAACCA	AGTTTTGCTCGCC TCATCTT	TTCTTCTGTCTCCCG CCGCTTC
DICER1.2	NM_177433	NM_177438.1	DICER1	1898	TCCAATTCCAGCAT CACTGT	GGCAGTGAAGGC GATAAAGT	AGAAAAGCTGTTTGT CTCCCAGCA
DKFZP564O0823.1	NM_015393	NM_015393.2	PARM1	3874	CAGCTACACTGTCTG CAGTCC	ATGAGGCTGGAG CTTGAGG	TGCTGAGCCTCCCA CACTCATCTC
DLC1.1	NM_006094	NM_006094.3	DLC1	3018	GATTCAGACGAGG ATGAGCC	CACCTCTTGCTGT CCCTTTG	AAAGTCCATTTGCCA CTGATGGCA
DLL4.1	NM_019074	NM_019074.2	DLL4	5273	CACGGAGGTATAA GGCAGGAG	AGAAGGAAGGTC CAGCCG	CTACCTGGACATCCC TGCTCAGCC
DPEP1.1	NM_004413	NM_004413.2	DPEP1	6295	GGACTCCAGATGC CAGGA	TAAGCCCAGGCG TCCTCT	CACATGCAAGGACC AGCATCTCCT
DPYS.1	NM_001385	NM_001385.1	DPYS	6152	AAAGAAATGGCACCA TGCAG	AGTCGGGTGTTG AGGGGT	CACCATGTATGGGT CCACCTTTG

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
DR4.2	NM_003844	NM_003844.1	TNFRSF10A	896	TGCACAGAGGGTC TGGGTTAC	TCTTCATCTGATT TACAAGCTGTACA TG	CAATGCTTCCAACAA TTTGTTCCTTGCC
DR5.2	NM_003842	NM_003842.2	TNFRSF10B	902	CTCTGAGACAGTGC TTCGATGACT	CCATGAGGCCCA ACTTCCT	CAGACTTGGTGCCC TTTGACTCC
DUSP1.1	NM_004417	NM_004417.2	DUSP1	2662	AGACATCAGCTCCT GGTTCA	GACAAACACCCTT CCTCCAG	CGAGGCCATTGACTT CATAGACTCCA
DUSP9.1	NM_001395	NM_001395.1	DUSP9	6324	CGTCCTAATCAACG TGCCTA	CCCGCAAAGAAAA AGTAACAG	CGCTCGGAGCCTGC CTCTTC
E2F1.3	NM_005225	NM_005225.1	E2F1	1077	ACTCCCTCTACCC TGAGCA	CAGGCCCTCACTT CCTTCAGT	CAGAAGAACAGCTCA GGGACCCCT
EBAG9.1	NM_004215	NM_004215.3	EBAG9	4151	CGCTCCTGTTTTTC TCATCTGT	ACCGAAACTGGG TGATGG	CAGTGGGTTTTGATT CCCACCATG
ECRG4.1	NM_032411	NM_032411.1	C2orf40	3869	GCTCCTGCTCCTGT GCTG	TTTTGAAGCATCA GCTTGAGTT	ATTCCACTTATGCC ACCTGGGCC
EDG2.1	NM_001401	NM_001401.3	LPAR1	4673	ACGAGTCCATTGCC TTCTTT	GCTTGCTGACTGT GTTCCAT	CGAAGTGGAAGCA TCTTGCCACA
EDN1 endothelin.1	NM_001955	NM_001955.1	EDN1	331	TGCCACCTGGACAT CATTTG	TGGACCTAGGGC TTCCAAGTC	CACCTCCGAGCACG TTGTTCCGT
EDN2.1	NM_001956	NM_001956.2	EDN2	2646	CGACAAGGAGTGC GTCTACTTCT	CAGGCCGTAAGG AGCTGTCT	CCACTTGGACATCAT CTGGGTGAACACTC
EDNRA.2	NM_001957	NM_001957.1	EDNRA	3662	TTTCCTCAAATTTG CCTCAAG	TTACACATCCAAC CAGTGCC	CCTTTGCCTCAGGG CATCCTTTT
EDNRB.1	NM_000115	NM_000115.1	EDNRB	3185	ACTGTGAAGTGGCT GGTGC	ACCACAGCATGG GTGAGAG	TGCTACCTGCCCTT TGTCATGTG
EEF1A1.1	NM_001402	NM_001402.5	EEF1A1	5522	CGAGTGGAGACTG GTGTTCTC	CCGTTGTAACGTT GACTGGA	CAAAGGTGACCACC ATACCGGGTT
EFNB1.2	NM_004429	NM_004429.3	EFNB1	3299	GGAGCCCGTATCC TGGAG	GGATAGATCAACA AGCCCTTC	CCCTCAACCCCAAGT TCCTGAGTG
EFNB2.1	NM_004093	NM_004093.2	EFNB2	2597	TGACATTATCATCC CGCTAAGGA	GTAGTCCCGCT GACCTTCTC	CGGACAGCGTCTTC TGCCCTCACT
EGF.3	NM_001963	NM_001963.2	EGF	158	CTTTGCCTTGCTCT GTCACAGT	AAATACCTGACAC CCTTATGACAAAT T	AGAGTTTAACAGCCC TGCTCTGGCTGACTT
EGFR.2	NM_005228	NM_005228.1	EGFR	19	TGTCGATGGACTTC CAGAAC	ATTGGGACAGCTT GGATCA	CACCTGGGCAGCTG CCAA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
EGLN3.1	NM_022073	NM_022073.2	EGLN3	2970	GCTGGTCCTCTACT GCGG	CCACCATTGCCTT AGACCTC	CCGGCTGGGCAAAT ACTACGTCAA
EGR1.1	NM_001964	NM_001964.2	EGR1	2615	GTCCCCGCTGCAG ATCTCT	CTCCAGCTTAGG GTAGTTGTCCAT	CGGATCCTTTCTCA CTCGCCCA
EIF2C1.1	NM_012193	NM_012199.2	EIF2C1	6454	CCCTCACGGACTCT CAGC	TGGGTGACTCC ACCTTCA	CGTTGCTTCACCAA GGAGATCAA
EIF4EBP1.1	NM_004095	NM_004095.2	EIF4EBP1	4275	GGCGGTGAAGAGT CACAGT	TTGTTAGTGCTCC ACACGAT	TGAGATGGACATTTA AAGCACCAGCC
ELTD1.1	NM_022153	NM_022159.3	ELTD1	6154	AGGTCTTGTGCAAG AGGAGC	AACCCCAAAGATC CAGGTG	CTCGCTCTTCTGTTT CTTCTCGGC
EMCN.1	NM_016242	NM_016242.2	EMCN	3875	AGGCACTGAGGGT GGAAA	CACCGGCAAAATA ATACTGGA	AATGCAAGCACTTCA GCAACCAGC
EMP1.1	NM_001423	NM_001423.1	EMP1	986	GCTAGTACTTTGAT GCTCCCTTGAT	GAACAGCTGGAG GCCAAGTC	CCAGAGAGCCTCCC TGCAGCCA
ENO2.1	NM_001975	NM_001975.2	ENO2	6155	TCCTTGGCTTACCT GACCTC	AACCCCAATGAGT AGGGCA	CTGTCTCTGCTCGCC CTCCTTTCT
ENPEP.1	NM_001977	NM_001977.3	ENPEP	6156	CACCTACACGGAGA ACGGAC	CCTGGCATC GTT GGTTCA	TCAAGAGCATAGTG GCCACCGATC
ENPP2.1	NM_006209	NM_006209.3	ENPP2	6174	CTCCTGCGCACTAA TACCTTC	TCCCTGGATAATT GGGTCTG	TAACCTCTCTGGCA TGGTTGGCC
EPAS1.1	NM_001430	NM_001430.3	EPAS1	2754	AAGCCTTGGAGGG TTTCATTG	TGCTGATGTTTTT TGACAGAAAGAT	TGTGCCATCTTGG GTCACCACG
EPB41L3.1	NM_012307	NM_012307.2	EPB41L3	4554	TCAGTGCCATACCC TCTCAC	CTTGGGCTCCAG GTAGCA	CTCTCCTTCCCTCTG GCTCTGTGC
EPHA2.1	NM_004431	NM_004431.2	EPHA2	2237	CGCCTGTTCAACCPA CATTGAC	GTGGCGTGCCTC GAAGTC	TGCGCCCGATGAGA TCACCG
EPHB1.3	NM_004441	NM_004441.3	EPHB1	6508	CCTTGGGAGGGAA GATCC	GAAGTGAACCTGC GGTAGGC	ATGGCCTCTGGAGC TGCCATCTC
EPHB2.1	NM_004442	NM_004442.4	EPHB2	2967	CAACCAGGCAGCT CCATC	GTAATGCTGTCCA CGGTGC	CACCTGATGCATGAT GGACACTGC
EPHB4.1	NM_004444	NM_004444.3	EPHB4	2620	TGAACGGGGTATC CTCCTTA	AGGTACCTCTCG GTCAGTGG	CGTCCCATTGAGCC TGTCATGT
EPO.1	NM_000799	NM_000799.2	EPO	5992	CAGTGCCAGCAAT GACATCT	CAAGTTGGCCCT GTGACAT	CTCTCTGGACAGTTC CTCTGGCCC
Erbb3.1	NM_001982	NM_001982.1	ERBB3	93	CGGTTATGTCATGC CAGATACAC	GAACTGAGACCC ACTGAAGAAAGG	CCTCAAAGGTACTCC CTCCTCCCGG

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
ERBB4.3	NM_005235	NM_005235.1	ERBB4	407	TGGCTCTTAATCAG TTTCGTTACCT	CAAGGCATATCGA TCCTCATAAAGT	TGTCCCACGAATAAT GCGTAAATTCTCCAG
ERCC1.2	NM_001983	NM_001983.1	ERCC1	869	GTCCAGGTGGATC TGAAAGA	CGGCCAGGATAC ACATCTTA	CAGCAGGCCCTCAA GGAGCTG
ERCC4.1	NM_005236	NM_005236.1	ERCC4	5238	CTGCTGGAGTACG AGCGAC	GGGCGCACACTA CTAGCC	CTGGTGCTGGAACT GCTCGACACT
EREG.1	NM_001432	NM_001432.1	EREG	309	ATAACAAAGTGTAG CTCTGACATGAATG	CACACCTGCAGTA GTTTTGACTCA	TTGTTTGATGGACA GTGCATCTATCTGGT
ERG.1	NM_004449	NM_004449.3	ERG	3884	CCAACACTAGGCTC CCCA	CCTCCGCCAGGT CTTTAGT	AGCCATATGCCTTCT CATCTGGGGC
ERK1.3	NM_002746	Z11696.1	MAPK3	548	ACGGATCACAGTG GAGGAAG	CTCATCCGTCGG GTCATAGT	CGCTGGCTCACCCT TACCTG
ERK2.3	NM_002745	NM_002745.1	MAPK1	557	AGTTCTTGACCCCT GGTCCT	AAACGGCTCAAAG GAGTCAA	TCTCCAGCCGCTCT GGCTT
ESPL1.3	NM_012291	NM_012291.1	ESPL1	2053	ACCCCCAGACCGC ATCAG	TGTAGGGCAGAC TTCTCTCAAACA	CTGGCCCTCATGTC CCCTTCACG
ESRRG.3	NM_001438	NM_001438.1	ESRRG	2225	CCAGCACCATTGTT GAAGAT	AGTCTCTTGGGC ATCGAGTT	CCCCAGACCAAGTG TGAATACATGCT
F2.1	NM_000506	NM_000506.2	F2	2877	GCTGCATGTCTGGA AGGTAAGT	CCTGACCGGGTG ATGTTTAC	CCTCGGTAGTTCGTA CCCAGACCCCTCAG
F3.1	NM_001993	NM_001993.2	F3	2871	GTGAAGGATGTGAA GCAGACGTA	AACCGGTGCTCT CCACATTC	TGGCAGGGTCTTC TCCTACC
FABP1.1	NM_001443	NM_001443.1	FABP1	6175	GGGTCCAAAGTGAT CCAAAA	CCCTGTCAATTGTC TCCAGC	ACATTCTCCCCCAC CGTGAATTC
FABP7.1	NM_001446	NM_001446.3	FABP7	4048	GGAGACAAAGTGC TCATCAGG	CTCTTCTCCCAGC TGAAACT	TCTCAGCACATTCAA GAACACGGAGA
FAP.1	NM_004460	NM_004460.2	FAP	3403	CTGACCAGAACCA GGCT	GGAAGTGGGCA TGTGGG	CGGCCTGTCCACGA ACCACTTATA
fas.1	NM_000043	NM_000043.1	FAS	42	GGATTGCTCAACA CCATGCT	GGCATTAACTTT TTGGACGATAA	TCTGACCCCTCCTAC CTCTGGTTCTTACGT
fas.2	NM_000639	NM_000639.1	FASLG	94	GCACTTTGGGATT TTTCATTAT	GCATGTAAGAAGA CCCTCACTGAA	ACAACATTCTCGGTG CCTGTAACAAAGAA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
FBXW7.1	NM_033632	NM_033632.1	FBXW7	2644	CCCCAGTTTCAACG AGACTT	GTTCCAGGAATGA AAGCACA	TCATTGCTCCCTAAA GAGTTGGCACTC
FCER1G.2	NM_004106	NM_004106.1	FCER1G	4073	TGCCATCCTGTTTC TGATATGGA	TGCCCTTCGCACT TGGATCT	TTGTCTCAGCCCTCC TCTACTGTCGACTG
FCGR3A.1	NM_000569	NM_000569.4	FCGR3A	3080	GTCTCCAGTGGAA GGGAAAA	AGGAATGCAGCT ACTCACTGG	CCCATGATCTTCAAG CAGGGAAGC
FDPS.1	NM_002004	NM_002004.1	FDPS	516	GGATGATTACCTTG ACCTCTTTGG	TGCATTGTGTTGC CTGGATGTC	CAGTGTGACCGGCA AAATTGGCAC
FEN1.1	NM_004111	NM_004111.4	FEN1	3938	GTGGAGAAGGGTA GCCCAG	CTCATGGCAACCA GTCCC	CGCTGAGAGACTCT GTTCTCCCTGG
FGF1.1	NM_000800	NM_000800.2	FGF1	4561	GACACCGACGGG TTTTA	CAGCCTTTCCAG GAACAAAC	ACGGCTCACAGACA CCAAATGAGG
FGF2.2	NM_002005	NM_002006.2	FGF2	681	AGATGCAGGAGAG AGGAAGC	GTTTTGCAGCCTT ACCCAAT	CCTGCAGACTGCTTT TTGCCCAAT
FGF9.1	NM_002010	NM_002010.1	FGF9	6177	CACAGCTGCCATAC TTCCGAC	AAGTAAGACTGCA CCCTCGC	AGGCCACCAGCCAG AATCCTGATA
FGFR1.3	NM_023109	NM_023109.1		353	CACGGGACATTCA CACATC	GGGTGCCATCCA CTTCACA	ATAAAAAGACAACCA ACGGCGGACTGC
Isoforma 1.1 de FGFR2	NM_000141	NM_000141.2	FGFR2	2632	GAGGGACTGTTGG CATGCA	GAGTGAGAAATC GATCCAAGTGTT	TCCCAGAGACCAAC GTTCAAGCAGTTG
FH.1	NM_000143	NM_000143.2	FH	4938	ATGGTTGCAGCCCA AGTC	CAAAATGTCCATT GCTGCC	ACAGTGACAGCAACA TGGTTCCCC
FHIT.1	NM_002012	NM_002012.1	FHIT	871	CCAGTGGAGCGC TCCAT	CTCTCTGGGTGCG TCTGAAACAA	TGGCCACATCATCA GGACGCAG
FHL1.1	NM_001449	NM_001449.3	FHL1	4005	ATCCAGCCTTTGCC GAATA	CCTTGAGCTGG AGGGACC	TCCTATCTGCCACAC ATCCAGCGT
FIGF.1	NM_004469	NM_004469.2	FIGF	3160	GGTTCCAGCTTTCT GTAGCTGT	GCCGCAGGTTCT AGTTGCT	ATTGGTGGCCACAC CACCTCCTTA
FILIP1.1	NM_015687	NM_015687.2	FILIP1	4510	ACACCGGTCACAAC GTCAT	CTGGGATGACCC GTCTTG	CCTGACACTGACTG GGTTCCTCGA
FKBP1A.1	NM_000800	NM_000801.2	FKBP1A	6330	CTGCCCTGACTGAA TGTTGT	TACGAGGAGAAA GGGGAAGA	TCACTCAGCTTTGCT TCCGACACC
FLJ22655.1	NM_024730	NM_024730.2	RERGL	3870	CTCCTTCACACAGA ACCTTTCA	AGGCAAACTGGG ATCGCT	CACACTCACCCCTAAC CTACTGGCGG
FLT1.1	NM_002019	NM_002019.3	FLT1	6062	GGCTCCTGAATCTA TCTTTG	TCCCACAGCAATA CTCCGTA	CTACAGACCAAGA GCGACGTGTG

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
FLT3LG.1	NM_001459	NM_001459.2	FLT3LG	6178	TGGGTCCAAGATG CAAGG	GAAAGGCACATT GGTGACA	AGTGTATCTCCGTGT TCACGCGCT
FLT4.1	NM_002023	NM_002020.1	FLT4	2782	ACCAAGAAGCTGAG GACCTG	CCTGGAAGCTGT AGCAGACA	AGCCCGCTGACCAT GGAAGATCT
FN1.1	NM_002026	NM_002026.2	FN1	4528	GGAAGTGACAGAC GTGAAGGT	ACACGGTAGCCG GTCACT	ACTCTCAGGCGGTG TCCACATGAT
FOLR1.1	NM_016730	NM_016730.1	FOLR1	859	GAACGCCAAGCAC CACAAAG	CCAGGGTCGACA CTGCTCAT	AAGCCAGGCCCCGA GGACAAGTT
FOS.1	NM_005252	NM_005252.2	FOS	2418	CGAGCCCTTTGATG ACTTCCT	GGAGCGGGCTGT CTCAGA	TCCCAGCATCATCCA GGCCCAAG
FRAP1.1	NM_004953	NM_004958.2	MTCR	3095	AGCGCTAGAGAC GTGGACC	ATGATCCGGGAG GCATAGT	CCTGACGGAGTCCC TGGATTTCAC
FRP1.3	NM_003012	NM_003012.2	SFRP1	648	TTGGTACCTGTGG GTTAGCA	CACATCCAAATGC AAACTGG	TCCCAGGGGTAGAA TTCAATCAGAGC
FST.1	NM_006350	NM_006350.2	FST	2306	GTAAGTCGGATGA GCCTGTCTGT	CAGCTTCCTTCAT GGCACACT	CCAGTGACAATGCCA CTTATGCCAGC
FZD2.2	NM_001463	NM_001466.2	FZD2	3760	TGGATCCTCACCTG GTCG	GCGCTGCATGTC TACCAA	TGCGCTTCCACCTTC TTCACTGTC
G-catenina.1	NM_002230	NM_002230.1	JUP	770	TCAGCAGCAAGGG CATCAT	GGTGGTTTCTTG AGCGTGTAC	CGCCCGCAGGCCTC ATCCT
GADD45B.1	NM_015675	NM_015675.1	GADD45B	2481	ACCCTCGACAAGAC CACACT	TGGGAGTTTCATG GGTACAGA	AACTTCAGCCCCAGC TCCCAGTCT
GAS2.1	NM_005253	NM_005256.2	GAS2	6451	AACATGTCATGGTC CGTGTG	GGGGTCGTGTTT CAACAAAT	CCTGCAAAAGTTTCC CAGCCTCCT
GATA3.3	NM_002051	NM_002051.1	GATA3	1	CAAAGGAGCTCACT GTGGTGTCT	GAGTCAGAA GG CTTATTCACAGAT G	TGTTCCAACCACTGA ATCTGGACC
GATM.1	NM_001482	NM_001482.2	GATM	6296	GATCTCGGCTTGG CGAAC	GTAGCTGCCTGG GTGCTCT	AAAGITCGCTGCACC CATCCTGTC
GBL1	NM_022372	NM_022372.3	MLST8	6302	GCTGTCAATAGCAC CGGAA	GGTCACCTCGTC ACCAATG	CCCCCGTCAGATTG CAGACATAGC
GBP2.2	NM_004120	NM_004120.2	GBP2	2060	GCATGGGAACCA CAACCA	TGAGGAGTT GC CTTGATTG	CCATGGACCAACTTC ACTATGTGACAGACC
GCLC.3	NM_001493	NM_001498.1	GCLC	330	CTGTTGCAGGAAG GCATTGA	GTCAGTGGGTCT CTAATAAAGAGAT GAG	CATCTCCTGGCCCA GCATGTT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
GCLM.2	NM_002061	NM_002061.1	GCLM	704	TGTAGAATCAAAC CTTCATCATCAAC AG	CACAGAATCCAGC TGTGCAACT	TGCAGTTGACATGG CCTGTTGAGTCC
GFRA1.1	NM_005264	NM_005264.3	GFRA1	6179	TCCGGGTTAAGAAC AAGCC	GTGGCAAACAT GAGTGGG	TTTCATTCTCAGACC CTGCTGGCC
GJA1.1	NM_000165	NM_000165.2	GJA1	2600	GTTCACCTGGGGG GTATGG	AAATACCAACATG CACCTCTCTT	ATCCCTCCCTCTCC ACCCATCTA
GLYAT.1	NM_201648	NM_201648.2	GLYAT	6180	TACCATTGCAAGGT GCC	GGATGCTGGGAG GCTCTT	AGGATTCTCCAGCA TCTGCAGCA
GMNN.1	NM_015895	NM_015895.3	GMNN	3880	GTTCGCTACGAGG ATTGAGC	TGCGTACCCACTT CCTGC	CTCTTGCCCACTTA CTGGGTGGA
GNAS.1	NM_000516	NM_000516.3	GNAS	2665	GAACGTGCCTGACT TTGACTT	ACTCCTTCATCCT CCCACAT	CCTCCGAATTCTAT GAGCATGCC
GPC3.1	NM_004484	NM_004484.2	GPC3	659	TGATGCGCCTGGA AACAGT	CGAGGTCTGAA AGGTGCTTATC	AGCAGGCAACTCCG AAGGACAACG
GPX1.2	NM_00058	NM_000581.2	GPX1	2955	GCTTATGACCGACC CCAA	AAAGTTCCAGGCA ACATCGT	CTCATCACTGGTCT CCGGTGTGT
GPX2.2	NM_002083	NM_002083.1	GPX2	890	CACACAGATCTCCT ACTCCATCCA	GGTCCAGCAGTG TCTCCTGAA	CATGCTGCATCCTAA GGCTCCTCAGG
GPX3.1	NM_002084	NM_002084.3	GPX3	6271	GCTCTAGGTCCAAT TGTCTGTC	TGGAGGCAGGG GAGATG	ACTGATACCTCAACC TTGGGGCCA
GRB14.1	NM_004490	NM_004490.1	GRB14	2784	TCCCACTGAAGCCC TTTCAG	AGTCCCAGGCG TAAACATC	OCTCCAAGCGAGTC CTTCTTCAACCG
GRB7.2	NM_005310	NM_005310.1	GRB7	20	CCATCTGCATCCAT CTTGTT	GGCCACCAGGGT ATTATCTG	CTCCCCACCCTTGA GAAGTGCCT
GRO1.2	NM_001511	NM_001511.1	CXCL1	86	CGAAAAGATGCTGA ACAGTGACA	TCAGGAACAGCC ACCAGTGA	CTTCCTCCTCCCTTC TGGTCAGTTGGAT
GSTM1.1	NM_000561	NM_000561.1	GSTM1	727	AAGCTATGAGGAAA AGAAGTACACGAT	GGCCCAGCTTGA ATTTTCA	TCAGCCACTGGCTTC TGTCATAATCAGGAG
GSTM3.2	NM_000849	NM_000849.3	GSTM3	731	CAATGCCATCTTGC GCTACAT	GTCCACTCGAATC TTTTCTTCTCA	CTCGCAAGCACAACA TGTTGGTGAGA
GSTP1.3	NM_000852	NM_000852.2	GSTP1	66	GAGAGCCTGCTGT CCCAGAA	GGTTGTAGTCAG CGAAGGAGATC	TCCCACAATGAAGGT CTTGCTCCCT
GSTT1.3	NM_000853	NM_000853.1	GSTT1	813	CACCATCCCCACCC TGTCT	GGCCTCAGTGTG CATCATCT	CACAGCCGCTGAA AGCCACAAT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
GZMA.1	NM_006144	NM_006144.2	GZMA	4111	GAAAGAGTTTCCC ATCCATGC	TGCTTTTCCGTC AGCTGTAA	AGCCACACGCGAAG GTGACCTTAA
HADH.1	NM_005327	NM_005327.2	HADH	6181	CCACCAGACAAGA CGATTC	CCACAAGTTTCAT GACAGGC	CTGGCCTCCATTTC TCAACCCAG
HAVCR1.1	NM_012206	NM_012206.2	HAVCR1	6284	CCACCCAAGGTCA GACTAC	GAACAGTGGTGC TCGTTCCG	TCACAACTGTTCCAA CCGTACCA
HDAC1.1	NM_004964	NM_004964.2	HDAC1	2602	CAAGTACCACAGCG ATGACTACATTAA	GCTTGCTGTACTC CGACATGTT	TTCTTGGCTCCATC CGTCCAGA
Hepsin.1	NM_002151	NM_002151.1	HPN	814	AGGCTGCTGGAGC TCATCTC	CTTCCTGCGGCC ACAGTCT	CCAGAGGCCGTTTC TTGGCCG
HER2.3	NM_004448	NM_004448.1	ERBE2	13	CGGTGTGAGAAGT GCAGCAA	CCTCTCGCAAAT GCTCCAT	CCAGACCATAGCACA CTCGGGCAC
HGD.1	NM_000187	NM_000187.2	HGD	6303	CTCAGGTCTGCCC CTACAAT	TTATTGGTGTCC GTGGAC	CTGAGCAGCTCTCA GGATCGGCTT
HGF.4	M29145	M29145.1		457	CCGAAATCCAGATG ATGATG	CCCAAGGAATGA GTGGATT	CTCATGGACCCTGG TGCTACACG
HGFAC.1	NM_001528	NM_001528.2	HGFAC	2704	CAGGACACAAGTG CCAGATT	GCAGGGAGCTGG AGTAGC	CGCTCAGTTCTCAT CCAAGTGG
HIF1A.3	NM_001530	NM_001530.1	HIF1A	399	TGAACATAAAGTCT GCAACATGGA	TGAGGTTGGTTAC TGTTGGTATCATA TA	TTGCACTGCACAGG CCACATTCAC
HIF1AN.1	NM_017902	NM_017902.2	HIF1AN	7211	TGTTGGCCAGGTC CACTG	GCATCATAGGSC CTGGAG	CTCTAGCCAGTTAGC CTCGGCAG
HIST1H1D.1	NM_005320	NM_005320.2	HIST1H1D	4013	AAAAAGGCGAAGAA GGCAG	GCTCAGATACTG GGGGTCC	AACTGCTGGGAAAC GCAAAGCATC
HLA-B.1	NM_005514	NM_005514.6	HLA-B	6334	CTTGTGAGGGACT GAGATGC	TGCAGAAAGAT GCCAGAG	TCTTCACGCTCCCC TTTGTA
HLA-DPA1.1	NM_033554	NM_033554.2	HLA-DPA1	6314	CGCCCTGAAGACA GAATGT	TGGGAGACTCAG CAGGAAA	TGATCTTGAGAGCCC TCTCCTTGGC
HLA-DPB1.1	NM_002121	NM_002121.4	HLA-DPB1	1740	TCCATGATGGTTC GCAGGTT	TGAGCAGCACCA TCAGTAACG	CCCCGGACAGTGCC TCTGACG
HLA-DQB1.1	NM_002123	NM_002123.3	HLA-DQB1	6304	GGTCTGCTCGGTG ACAGATT	CTCCTGATCATT CGAAACC	TATCCAGGCCAGATC AAAGTCCGG
HLADQA1.2	NM_002122	NM_002122.3	HLA-DQA1	4071	CATCTTTCTCCTC TGGTCA	GCTGGTCTCAGA AACACCTTC	TGTGACTGACTGCC CATTGCTCAG
HMGB1.1	NM_002128	NM_002128.3	HMGB1	2162	TGGCCTGTCCATTG GTGAT	GCTTGTCATCTGC AGCAGTGT	TTCCACATCTCTCC AGTTTCTTCGCAA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
HNRNPAB.1	NM_004499	NM_004499.3	HNRNPAB	6051	AGCAGGAGCGACC AACTGA	GTTTGCCAAGTTA AATTTGGTACATA AT	CTCCATATCCAAACA AAGCATGTGTGCG
HPCAL1.1	NM_002149	NM_002149.2	HPCAL1	6182	CAGGCAGATGGAC ACCAA	GTCGCTCTTGGC ACCTCT	TCITCCAAGGACAGT TTGCCGTCA
HPD.1	NM_002150	NM_002150.2	HPD	6183	AGCTGAAGACGGC CAAGAT	CGTCGTAGTCCA CCAGGATT	AGCTCCTCCAGGGC ATCAATGTTC
HSD11B2.1	NM_000196	NM_000196.3	HSD11B2	6185	CCAACCTGCCTCAA GAGC	GGAAGTCCCCTAT GCAAGT	CTGCAGGCCTACGG CAAGGACTAC
HSP90AB1.1	NM_007355	NM_007355.2	HSP90AB1	5456	GCATTGTGACCAGC ACCTAC	GAAGTGCCTGGG CTTTCAT	ATCCGCTCCATATTG GCTGTCCAG
HSPA1A.1	NM_005345	NM_005345.4	HSPA1A	2412	CTGCTGGACAGT CCACTA	CAGGTTGCTCT GGGAAG	AGAGTGACTCCCGTT GTCCCAAGG
HSPA8.1	NM_006597	NM_006597.3	HSPA8	2563	CCTCCCTCTGGTG GTGCTT	GCTACATCTACAC TTGGTTGGCTTAA	CTCAGGGCCACCA TTGAAGAGGTTG
HSPB1.1	NM_001540	NM_001540.2	HSPB1	2416	CCGACTGGAGGAG CATAAA	ATGCTGGCTCAC TCTGCTC	CGCACTTTTCTGAGC AGACGTCCA
HSPG2.1	NM_005529	NM_005529.2	HSPG2	1783	GAGTACGTGTGCC GAGTGT	CTCAATGGTGACC AGGACA	CAGCTCCGTGCCTC TAGAGGCCT
HTATIP.1	NM_006388	NM_006388.2	KAT5	3893	TGGAATTGTTGGG CACTG	GCGTGGTGCTGA CGGTAT	TGAGGACTCCCAGG ACAGCTCTGA
HYAL1.1	NM_153281	NM_153281.1	HYAL1	4524	TGGCTGTGGAGTT CAAATGT	CCAATCACCACAT GCTCTTC	CGATGCTACCCTGG CTGGCAG
HYAL2.1	NM_033158	NM_033158.2	HYAL2	5192	CAACCATGCACTCC CAGTC	ACTAAGCCCCGT GAGCCT	TCTTCACACGACCCA CCTACAGCC
HYAL3.1	NM_003549	NM_003549.2	HYAL3	6298	TATGTCCGCCTCAC ACACC	CAATGGACTGCA CAAGGTCA	TGGGACAGGAACCT CCCAGATCTC
ICAM1.1	NM_000201	NM_000201.1	ICAM1	1761	GCAGACAGTGACC ATCTACAGCTT	CTTCTGAGACCTC TGGCTTCGT	CCGGCGCCCAACGT GATTCT
ICAM2.1	NM_000873	NM_000873.2	ICAM2	2472	GGTCATCCTGACAC TGCAAC	TGCACTCAATGGT GAAGGAC	TTGCCACAGCCAC CAAAGTG
ICAM3.1	NM_002162	NM_002162.3	ICAM3	7219	GCCTTCAATCTCAG CAACG	GAGAGCCATTGC AGTACAC	CAGAGGATCCGACT GTTGCCAGTC
ID1.1	NM_002165	NM_002165.1	ID1	354	AGAACCAGCAAGGT GAGCAA	TCCAACCTGAAGGT CCCTGATG	TGGAGATTCTCAGC ACGTATCGAC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
ID2.4	NM_002166	NM_002166.1	ID2	37	AACGACTGCTACTC CAAGCTCAA	GGATTTCATCTT GCTCACCTT	TGCCCAGCATCCCC CAGAACAA
ID3.1	NM_002167	NM_002167.3	ID3	6052	CTTCACCAAATCC TTCTCTG	CTCTGGCTCTTCA GGCCACA	TCACAGTCCTTCGCT CCTGAGCAC
IFI27.1	NM_005532	NM_005532.2	IFI27	2770	CTCTCCGGATTGAC CAAGTT	TAGAACCTCGCAA TGACAGC	CAGACCCAATGGAG CCCAGGAT
IGF1.2	NM_000618	NM_000618.1	IGF	60	TCCGGAGCTGTGAT CTAAGGA	CGGACAGAGCGA GCTGACTT	TGTATTGCGCACCCC TCAAGCCTG
IGF1R.3	NM_000875	NM_000875.2	IGF ¹ R	413	GCATGGTAGCCGA AGATTTC	TTTCCGGTAATAG TCTGTCTCA ¹ AGA TATC	CGCGTCATACCAAAA TCTCCGATTTTGA
IGF2.2	NM_000612	NM_000612.2	IGF2	166	CCGTGCTTCCGGA CAACTT	TGGACTGCTTCCA GGTGTCA	TACCCCGTGGGCAA GTTCTTCCA
IGFBP2.1	NM_000597	NM_000597.1	IGFBP2	373	GTGGACAGCACA TGAACA	CCTTCATACCCGA CTTGAGG	CTTCCGGCCAGCAC TGCCTC
IGFBP3.1	NM_000598	NM_000598.4	IGFBP3	6657	ACATCCCAACGCAT GCTC	CCACGCCCTTGT TCAGA	ACACCACAGAAGGC TGTGAGCTCC
IGFBP5.1	NM_000599	NM_000599.1	IGFBP5	594	TGGACAAGTACGG GATGAAGCT	CGAAGGTGTGGC ACTGAAAGT	CCCGTCAACGTACTC CATGCCTGG
IGFBP6.1	NM_002178	NM_002178.1	IGFBP6	836	TGAACCGCAGAGA CCAACAG	GTCTTGGACACC CGCAGAAT	ATCCAGGCACCTCTA CCACGCCCTC
IL-7.1	NM_000880	NM_000880.2	IL7	2084	GCGGTGATTGGGA AATTGG	CTCTCCTGGGCA CCTGCTT	CTCTGGTCCTCATCC AGGTGCGC
IL-8.1	NM_000584	NM_000584.2	IL8	2087	AAGGAACCATCTCA CTGTGTGTAAC	ATCAGGAAGGCT GCCAAGAG	TGACTTCCAAGCTGG CCGTGGC
IL10.3	NM_000572	NM_000572.1	IL10	909	GGCGCTGTCATCG ATTTCTT	TGGAGCTTA ¹ TAA AGGCATTCTTCA	CTGCTCCACGGCCT TGCTCTTG
IL11.2	NM_000641	NM_000641.2	IL11	2166	TGGAAGGTTCCACA AGTCAC	TCTTGACCTTGCA GCTTTGT	CCTGTGATCAACAGT ACCCGTATGGG
IL15.1	NM_000585	NM_000585.2	IL15	6187	GGCTGGGTACCA ¹ TGCTG	TGAGAGCCAGTA GTCAGTGGT	CAGCTATGCTGGTA GGCTCCTGCC
IL1B.1	NM_000576	NM_000576.2	IL1B	2755	AGCTGAGGAAGA ¹ GCTGGTT	GGAAAGAAGGTG CTCAGGTC	TGCCACAGACCTTC CAGGAGAAT
IL6.3	NM_000603	NM_000600.1	IL6	324	CCTGAACCTTCCPA AGATGG	ACCAGGCAAGTC TCCTCATT	CCAGATTGGAAGCAT CCATCTTTTCA
IL6ST.3	NM_002184	NM_002184.2	IL6ST	2317	GGCCTAATGTTCCA GATCCT	AAAATTGTGCCTT GGAGGAG	CATATTGCCAGTGC TCACCTCACA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
ILT-2.2	NM_006669	NM_006669.1	LILPB1	583	AGCCATCACTCTCA GTGCAG	ACTGCAGAGTCA GGGTCTCC	CAGGTCCTATCGTG GCCCTGA
IMP3.1	NM_018285	NM_018285.2	IMP3	4751	GTGGACTCGTCCAA GATCAA	GGCTTCCAGATC GAAGTCAT	CTCATTGTACTCTAG CACGTGCCGC
INDO.1	NM_002164	NM_002164.3	IDO1	5124	CGCCTTGCACGTCT AGTTG	ATCTCCATGACCT TTGCCC	ACATATGCCATGGTG ATGCATCCC
INHBA.1	NM_002192	NM_002192.1	INHBA	2635	GTGCCCGAGCCA ATAGCA	CGGTAGTGGTTG ATGACTGTTGA	ACGTCCGGGTCTC ACTGTCCTTCC
INHBB.1	NM_002193	NM_002193.1	INHBB	2636	AGCCTCCAGGATAC CAGCAA	TCTCCGACTGACA GGCATTTG	AGCTAAGCTGCCATT TGTCACCG
INSR.1	NM_001079817	NM_001079817.1	INSR	6455	CAGTCTCCGAGAG CGGAIT	GTGATGGCAGGT GAAGCC	AGTTCCTCAATGAGG CCTCGGTCA
IQGAP2.1	NM_006633	NM_006633.2	IQGAP2	6453	AGAGACACCAGCAA CTGCC	ATCATTGCACGGC TCACC	CCGTGGCATGGTCT ACCTCCTGTT
ISG20.1	NM_002201	NM_002201.4	ISG20	6189	GTGTCAGACTGAAG CCCCAT	GTTGCTGTCCCAA AAAGCC	AAAGCCTCTAGTCCC TGCGGAACG
ITGA3.2	NM_002204	NM_002204.1	ITGA3	840	CCATGATCCTCACT CTGCTG	GAAGCTTTGTAGC CGGTGAT	CACCTCCAGACCTCG CTTAGCATGG
ITGA4.2	NM_000885	NM_000885.2	ITGA4	2867	CAACGCTTCAGTGA TCAATCC	GTCTGGCCGGGA TTCTTT	CGATCCTGCATCTGT AAATCGCCC
ITGA5.1	NM_002205	NM_002205.1	ITGA5	2668	AGGCCAGCCCTAC ATTATCA	GTCTTCTCCACAG TCCAGCA	TCTGAGCCTTGTCT CTATCCGGC
ITGA6.2	NM_000210	NM_000210.1	ITGA6	2791	CAGTGACAAACAGC CCTTCC	GTTTAGCCTCATG GGCGTC	TCGCCATCTTTTGTG GGATTCTT
ITGA7.1	NM_002206	NM_002206.1	ITGA7	259	GATATGATTGGTCG CTGCTTTG	AGAACTTCCATT CCACCAT	CAGCCAGGACCTGG CCATCCG
ITGAV.1	NM_002210	NM_002210.2	ITGAV	2671	ACTCGGACTGCACA AGCTATT	TGCCATCACCATT GAAATCT	CCGACAGCCACAGA ATAACCCAAA
ITGB1.1	NM_002211	NM_002211.2	ITGB1	2669	TCAGAATTGGATT GGCTCA	CCTGAGCTTAGCT GGTGTTG	TGCTAATGTAAGGCA TCACAGTCTTTCCA
ITGB3.1	NM_000212	NM_000212.2	ITGB3	6056	ACCGGGGAGCCC ACATGA	CCTTAAGCTCTTT CACTGACTCAATC T	AAATACCTGCAACCG TTACTGCCGTGAC
ITGB4.2	NM_000213	NM_000213.2	ITGB4	2793	CAAGGTGCCCTCA GTGGA	GCGCACACCTTC ATCTCAT	CACCAACCTGTACCC GTATTGCGA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
ITGB5.1	NM_002213	NM_002213.3	ITGB5	2670	TCGTGAAAGATGA CAGGAG	GGTGAACATCATG ACGCAGT	TGCTATGTTTCTACA AAACCGCCAAGG
JAG1.1	NM_000214	NM_000214.1	JAG1	4190	TGGCTTACACTGGG AATGG	GCATAGCTGTGA GATGCCG	ACTCGATTTCACAGC CAACCACAG
K-ras.10	NM_033360	NM_033360.2	KRAS	3090	GTCAAAATGGGGA GGGACTA	CAGGACCACCAC AGAGTGAG	TGTATCTTGTGAGC TATCCAACTGCC
KCNJ15.1	NM_002243	NM_002243.3	KCNJ15	6299	GGACGTTCTACCT CCTTGA	AGGCTCTGGAAA CACTGGTC	TCAGTCCGCAGGTC AGGTGTCTTC
KDR.6	NM_002253	NM_002253.1	KDR	463	GAGGACGAAGGCC TCTACAC	AAAAATGCCTCCA CTTTTGC	CAGGCATGCAGTGT TCTTGGCTGT
Ki-67.2	NM_002417	NM_002417.1	MKI67	145	CGGACTTTGGGTC CGACTT	TTACAACTCTCC ACTGGGACGAT	CCACTGTGGAACCA CCGCTCGT
KIAA1303 raptor.1	NM_020761	NM_020761.2	RPTOR	6300	ACTACAGCGGGAC CAGGAG	GGCATCTGAGCA AGAGGGT	TGGAGGTAGCTGCA ATCAACCCAA
KIF1A.1	NM_004321	NM_004321.4	KIF1A	4015	CTCCTACTGGTCGG ACACC	TCCCGGTACACCT GCTTC	CCTGAGGACATCAAC TACCGCTCG
Kitling.4	NM_000899	NM_000899.1	KITLG	68	GTCCCCGGGATGG ATGTT	GATCAGTCAAGCT GTCTGACAATTG	CATCTCGCTTATCCA ACAATGACTTGGCA
KL.1	NM_004795	NM_004795.2	KL	6191	GAGGTCTGTCTAA ACCCTGTG	CTATGTGCAAGG CCCTCAA	CCTGAGGGATCTGT CTCACTGGCA
KLK3.1	NM_001648	NM_001648.2	KLK3	4172	CCAAGCTTACCAC TGCAC	AGGGTGAGGAAG ACAACCG	ACCCACATGGTGACA CAGCTCTCC
KLRK1.2	NM_007360	NM_007360.1	KLRK1	3805	TGAGAGCCAGGCT TCTTGTA	ATCCTGGTCTCT TTGCTGT	TGTCTCAAAATGCCA GCCTTCTGAA
KRT19.3	NM_002276	NM_002276.1	KRT19	521	TGAGCGGCAGAA CAGGAGTA	TGCGGTAGGTGG CAATCTC	CTCATGGACATCAAG TCGCGGCTG
KRT5.3	NM_000424	NM_000424.2	KRT5	58	TCAGTGGAGAAGG AGTTGGA	TGCCATATCCAGA GGAAACA	CCAGTCAACATCTCT GTTGTCAACAAGCA
KRT7.1	NM_005556	NM_005556.3	KRT7	4016	TTCAGAGATGAACC GGGC	ACTTGGCAGGCT GGTTCT	ATGTTGTGATCTCA GCCTGCAGC
L1CAM.1	NM_000425	NM_000425.2	L1CAM	4096	CTTGCTGGCCAATG CCTA	TGATTGTCCGCA GTCAGG	ATCTACGTTGTCCAG CTGCCAGCC
LAMA3.1	NM_000227	NM_000227.2	LAMA3	2529	CAGATGAGGCACAT GGAGAC	TTGAAATGGCAGA ACGGTAG	CTGATTCTCAGGTC CTTGGCCTG
LAMA4.1	NM_002290	NM_002290.3	LAMA4	5990	GATGCACTGCGGTT AGCAG	CAGAGGATACGC TCAGCACC	CTCTCCATCGAGGAA GGCAAAATCC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
LAMB1.1	NM_002291	NM_002291.1	LAMB1	3894	CAAGGAGACTGGC AGGTGTC	CGGCAGAACTGA CAGTGTTCC	CAAGTGCCCTGTACCA CACGGAAGG
LAMB3.1	NM_000226	NM_000228.1	LAMB3	2530	ACTGACCAAGCCTG AGACCT	GTCACACTTGCAG CATTTCA	CCACTCGCCATACTG GGTGCACT
LAMC2.2	NM_005562	NM_005562.1	LAMC2	997	ACTCAAGCGGAAAT TGAAGCA	ACTCCCTGAAAC CGAGACACT	AGGTCTTATCAGCAC AGTCTCCGCTCC
LAPTM5.1	NM_006762	NM_006762.1	LAPTM5	4017	TGCTGGACTTCTG CTGAG	TGAGATAGGTGG GCACCTCC	TCCTGACCCCTCTGCA GCTCCTACA
LDB1.2	NM_003893	NM_003893.4	LDB1	6720	AACACCCAGTTTG CGCAG	CCAGTGCAGGGG AGTTGT	AAAGCTGTCTCTGTC GTCAATGCC
LDB2.1	NM_001290	NM_001290.2	LDB2	3871	ATCACGGTGGACT GCGAC	TACCTTGGTAAAC ATGGGCTTC	AGTGATCCATGGTCA CCCAGCACG
LDHA.2	NM_005566	NM_005566.1	LDHA	3935	AGGCTACACATCCT GGGCTA	CCCGCCTAAGATT CTTCATT	TCTGCCAAATCTGCT ACAGAGAGTCCA
LGALS1.1	NM_002305	NM_002305.3	LGALS1	6305	GGGTGGAGTCTTC TGACAGC	AGACCACAAGCC ATGATTGA	CCCGGGAACATCCT CCTGGAC
LGALS3.1	NM_002306	NM_002306.1	LGALS3	2371	AGCGGAAATGGC AGACAAT	CTTGAGGGTTTG GGTTTCCA	ACCCAGATAACGCAT CATGAGCGA
LGALS9.1	NM_009587	NM_009587.2	LGALS9	5458	AGTACTTCCACCG GTGC	GACAGTGACACA GAGCCAT	CTTCCACCGTGTGG ACACCATCTC
LIMK1.1	NM_016735	NM_016735.1		3888	GCTTCAGGTGTTGT GACTGC	AAGAGCTGCCCA TCCTTCTC	TGCCTCCCTGTGCG ACCACTACTA
LMNB1.1	NM_005573	NM_005573.1	LMNB1	1708	TGCAAACGCTGGT GTCACA	CCCACGAGTTCT GGTTCTTC	CAGCCCCCAACTG ACCTCATC
LMO2.1	NM_005574	NM_005574.2	LMO2	5346	GGCTGCCAGCAGA ACATC	CTCAGGGAGTCC TCGTGC	CGCTACTTCTCTGAG GCCATCGAC
LOX.1	NM_002317	NM_002317.3	LOX	3394	CCAATGGGAGAACA ACGG	CGCTGAGGCTGG TACTGTG	CAGGCTCAGCAAGC TGAACACCTG
LRP2.1	NM_004525	NM_004525.1	LRP2	4112	GGCTGTAGACTGC GTTTCCA	GAGACAAAGAGG CCATCCAG	CGGGCATCCAACCA GTAGAGCTTT
LRRC2.1	NM_024512	NM_024512.2	LRRC2	6315	CCAGTGTCCCAAT TGTGTC	GGTCAGGTATTG CTGCTGA	CCACTGCAATTGCA CATCCGC
LTF.1	NM_002343	NM_002343.2	LTF	6269	AACGGAAGCCTGT GACTGA	AGACACCACGGC ATGATTC	CTAGAAGCTGCCATC TTGCCATGG
LYZ.1	NM_000239	NM_000239.1	LYZ	6268	TTGCTGCAAGATAA CATCGC	ACCCATGCTCTAA TGCTTGT	CACGGACAACCCCTCT TTGCACAAG

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
MADH2.1	NM_005901	NM_005901.2	SMAD2	2672	GCTGCCTTTGGTAA GAACATGTC	ATCCCAGCAGTCT CTTCACAACT	TCCATCTTGCCTTC ACGCCGC
MADH4.1	NM_005359	NM_005359.3	SMAD4	2565	GGACATTACTGGCC TGTTTACA	ACCAATACTCAGG AGCAGGATGA	TGCATTCCAGCCTCC CATTTC
MAL.1	NM_002371	NM_002371.2	MAL	6194	GTTGGGAGCTTGC TGTGTC	CACAAACAGGAG GTGACCCT	ACCTCCAATGCTGT GCTGCTGC
MAL2.1	NM_052886	NM_052886.1	MAL2	5113	CCTTCGTCTGCCTG CAGAT	GGAACATTGGAG GAGGCAA	CAAAATCCAGACAAG ACCCCGAA
MAP2K1.1	NM_002755	NM_002755.2	MAP2K1	2674	GCCTTTCTTACCCA GAAGCAGAA	CAGCCCCCAGCT CACTGAT	TCTCAAAGTCGTCT CCTTCAGTTCTCCCA
MAP2K3.1	NM_002756	NM_002756.2	MAP2K3	4372	GCCCTCCAATGTC TTATCA	GTAGCCACTGAT GCCAAAGTC	CACATCTTCACATGG CCCTCCTTG
MAP4.1	NM_002375	NM_002375.2	MAP4	2066	GCCGGTCAGGCAC ACAAG	GCAGCATACACAC AACAAAATGG	ACCAACCACTCCAC GCTCCAAGGG
MARCKS.1	NM_002356	NM_002356.4	MARCKS	4021	CCCCTCTTGGATCT GTTGAG	CGGTCTTGGAGA ACTGGG	CCCATGTGGCTTCT TCAACAAAG
Maspin.2	NM_002639	NM_002639.1	SERPINB5	362	CAGATGGCCACTTT GAGAACATT	GGCAGCATTAAAC CACAAGGATT	AGCTGACAACAGTGT GAACGACCAGACC
MCAM.1	NM_006500	NM_006500.2	MCAM	3972	CGAGTTCCAGTGG CTGAGA	TGCAACTGAAGCA CAGGC	CTTTCAGCACCTGG CCTGTCTCT
MCM2.2	NM_004526	NM_004526.1	MCM2	580	GACTTTTGCCCGCT ACCTTTC	GCCACTAACTGCT TCAGTATGAAGAG	ACAGCTCATTGTTGT CACGCCGGA
MCM3.3	NM_002388	NM_002388.2	MCM3	524	GGAGAACAAATCCCC TTGAGA	ATCTCCTGGATG GTGATGGT	TGGCCTTTCTGTCTA CAAGGATCACCA
MCM6.3	NM_005915	NM_005915.2	MCM6	614	TGATGGTCCTATGT GTCACATTCA	TGGGACAGGAAA CACACCAA	CAGGTTTCATACCAA CACAGGCTTCAGCA C
MCP1.1	NM_002982	NM_002982.1	CCL2	700	CGCTCAGCCAGAT GCAATC	GCACTGAGATCTT CCTATTGGTGAA	TGCCCCAGTCACCT GCTGTTA
MDH2.1	NM_005918	NM_005918.2	MDH2	2849	CCAACACCTTTGT GCAGAG	CAATGACAGGGA CGTTGACT	CGAGCTGGATCCAA ACCCCTCAG
MDK.1	NM_002391	NM_002391.2	MDK	3231	GGAGCCGACTGCA AGTACA	GACTTTGGTGCCT GTGCC	ATCACACGCACCCCA GTTCTCAA
MDM2.1	NM_002392	NM_002392.1	MDM2	359	CTACAGGGACGCC ATCGAA	ATCCAACCAATCA CCTGAATGTT	CTTACACCAGCATCA AGATCCGG

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
MGMT.1	NM_002412	NM_002412.1	MGMT	689	GTGAAATGAAACG ACCACA	GACCCCTGCTCAC AACCAGAC	CAGCCCTTTGGGGA AGCTGG
mGST1.2	NM_020300	NM_020300.2	MGST1	806	ACGGATCTACCACA CCATTGC	TCCATATCCAACA AAAAAACTCAAAG	TTTGACACCCCTTCC CCAGGCA
MICA.1	NM_000247	NM_000247.1	MICA	5449	ATGGTGAATGTCA CCGC	AAGCCAGAACC CTGCAT	CGAGGCCTCAGAGG GCAACATTAC
MIF.2	NM_002415	NM_002415.1	MIF	3907	CCGGACAGGGTCT ACATCA	GGTGGAGTTGTT CCAGCC	CTATTACGACATGAA CGCGGCCAA
MMP1.1	NM_002421	NM_002421.2	MMP1	2167	GGGAGATCATCGG GACAACTC	GGGCCTGGTGA AAAGCAT	AGCAAGATTTCTCC AGGTCCATCAAAAGG
MMP10.1	NM_002425	NM_002425.1	MMP10	4920	TGTACCCACTCTAC AACTCATTACACA	TGAATGCCATTCA CATCATCTTG	AGCTCGCCAGTTC CGCCTTTC
MMP14.1	NM_004995	NM_004995.2	MMP14	4022	GCTGTGGAGCTCT CAGGAA	AGCAAGGACAGG GACCAA	CCTGAGGAAGGCAC ACTTGCTCCT
MMP2.2	NM_004530	NM_004530.1	MMP2	672	CCATGATGGAGAC GCAGACA	GGAGTCCGTCT TACCGTCAA	CTGGGAGCATGGCG ATGGATACCC
MMP7.1	NM_002423	NM_002423.2	MMP7	2647	GGATGGTAGCAGT CTAGGGATTAAC	GGAATGTCCATA CCCAAAGAA	CCTGTATGTGCAAC TCATGAACCTGGC
MMP9.1	NM_004994	NM_004994.1	MMP9	304	GAGAACCAATCTCA CCGACA	CACCCGAGTGTA ACCATAGC	ACAGGTATTCCTCTG CCAGCTGCC
MRP1.1	NM_004996	NM_004996.2	ABCC1	15	TCATGGTGCCCGTC AATG	CGATTGTCTTTGC TCTTCATGTG	ACCTGATACGTCTTG GTCTTCATCGCCAT
MRP2.3	NM_000392	NM_000392.1	ABCC2	55	AGGGGATGACITG GACACAT	AAAACCTGCATGG TTTGTC	CTGCCATTGACATG ACTGCAATTT
MRP3.1	NM_003786	NM_003786.2	ABCC3	8	TCATCCTGGCGAT TACTTCCT	CCGTTGAGTGGA ATCAGCAA	TCTGTCTGGCTGG AGTCGCTTTCAT
MRP4.2	NM_005845	NM_005845.3	ABCC4	6057	AGCGCCTGGAATCT ACAACT	AGAGCCCCTGGA GAGAAGAT	CGGAGTCCAGTGTT TCCCACTTA
MSH2.3	NM_000251	NM_000251.1	MSH-2	2127	GATGCAGAATTGA GCAGAC	TCTTGGCAAGTC GGTTAAGA	CAAGAAGATITACTT CGTCGATTCCCAGA
MSH3.2	NM_002439	NM_002439.1	MSH-3	2132	TGATTACCATCAT GCTCAGA	CTTGTAATAATGC CATCCAC	TCCCAATTGTCGCTT CTTCTGCAG
MSH6.3	NM_000179	NM_000179.1	MSH6	2136	TCTATTGGGGGATT GGTAGG	CAAATTGCGAGTG GTGAAAT	CCGTTACCAGCTGG AAATTCCTGAGA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
MT1B.1	NM_005947	NM_005947.1	MT1E	5355	GTGGGCTGTGCCA AGTGT	ACAGCAGCGGCA CTTCTC	ATGAGCCTTTGCAGA CACAGCCCT
MT1G.1	NM_005950	NM_005950.1	MT1G	6333	GTGCACCCACTGC CTCTT	AGCAGTTGGGGT CCATTG	CCCAGGCGGAGACT AGAGTTCCC
MT1H.1	NM_005951	NM_005951.2	MT1H	6332	CGTGTTCCTACTGC TCTTC	AGCAGTTGGGGT CCATTG	CCGAGGTGAGACTG GAGTCCCCA
MT1X.1	NM_005952	NM_005952.2	MT1X	3897	CTCCTGCAAATGCA AAGAGTG	ACTTGGCACAGC CCACAG	CACCTCCTGCAAGAA GAGCTGCTG
MUC1.2	NM_002456	NM_002456.1	MUC1	335	GGCCAGGATCTGT GGTGGTA	CTCCACGTCCTG GACATTGA	CTCTGGCCTTCCGA GAAGGTACC
MVP.1	NM_017458	NM_017458.1	MVP	30	ACGAGAACGAGGC CATCTATGT	GCATGTAGGTGC TTCCAATCAC	CGCACCTTTCCGGT CTTGACATCCT
MX1.1	NM_002462	NM_002462.2	MX1	2706	GAAGGAATGGGA TCAGTCATGA	GTCTATTAGAATC AGATCCGGGACA T	TCACCCTGGAGATCA GCTCCCGA
MYBL2.1	NM_002466	NM_002466.1	MYBL2	1137	GCCGAGATCGCCA AGATG	CTTTTGATGGTAG AGTTCCAGTGATT C	CAGCATTGTCTGTCC TCCCTGGCA
MYH11.1	NM_002474	NM_002474.1	MYH11	1734	CGGTACTTCTCAG GCTAATATATACG	CCGAGTAGATGG GCAGGTGTT	CTCTTCTGCGTGGT GGTCAACCCCTA
MYRIP.2	NM_015460	NM_015460.1	MYRIP	1704	CCTTCACCTTCCTC GTCAAC	AGCAGCTCTTGCA GACATTG	ATTGCAATCTCCAC ACTGGCGCT
NBN.1	NM_002485	NM_002485.4	NBN	4121	GCATCTACTTGCCA GAACCAA	TCCCTTGCACT GGAGTT	CTTCCAAGTTCTGGC TGCTTGCAG
NCF1.1	NM_000265	NM_000265.2	NCF1	4876	GACACCTTCATCC TCACAT	ATAGTGCTGCT GGGTACG	AAGCGCTTCTCAAAG CCCAGCAG
NFAT5.1	NM_006599	NM_006599.2	NFAT5	3071	CTGAACCCCTCTC TGGTC	AGGAAACGATGG CGAGGT	CGAGAATCAGTCCC CGTGGAGTTC
NFATC2.1	NM_173091	NM_173091.2	NFATC2	5123	CAGTCAAGGTCAGA GGCTGAG	CTTTGGCTCCTG GCATTG	CGGGTTCTACCCC ACAGTCATTG
NFKBp50.3	NM_003998	NM_003998.1	NFKB1	3439	CAGACCAAGGAGAT GGACCT	AGCTGCCAGTGC TATCCG	AAGCTGTAAACATGA GCCGCACCA
NFKBp65.3	NM_021975	NM_021975.1	RELA	39	CTGCCGGGATGGC TTCTAT	CCAGGTTCTGGA AACTGTGGAT	CTGAGCTCTGCCCC GACCGCT
NFX1.1	NM_002504	NM_002504.3	NFX1	4025	CCCTGCCATACCA CTCA	CGTCCACATTAC ACTGTAGC	CCTGCCCTGTGACT GCTTGTAAGC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
NME2.1	NM_002512	NM_002512.2	NME2	3899	ATGCTTGGGGAGA CCAATC	CTGAATGCAGAA GTCCCCAC	AGCAGATTCAAAGCC AGGCACCAT
NNMT.1	NM_006165	NM_006169.2	NNMT	5101	CCTAGGGCAGGGA TGGAG	CTAGTCCAGCCAA ACATCCC	CCCTCTCCTCATGCC CAGACTCTC
NOL3.1	NM_003946	NM_003946.3	NOL3	6307	CAGCCTTGGGAAG TGAGACT	ATGATGTGTGTG GCCTTTGT	CTCAAGGTCCCTTC TGCTCCCT
NOS2A.3	NM_000625	NM_000625.3	NOS2	6509	GGGTCCATTATGAC TCCCAA	GCTCATCTGGAG GGGTAGG	TGTCCTGGGTCCCT CTGGTCAAAC
NOS3.1	NM_000603	NM_000603.2	NOS3	2624	ATCTCCGCTCGCT CATG	TGGAGCCATAC AGGATTGTC	TTCACTCGCTTCGCC ATCACCG
NOTCH1.1	NM_017617	NM_017617.2	NOTCH1	2403	CGGGTCCACCAGT TGAATG	GTTGTATTGGTTC GGCACCAT	CCGCTCTGCAGCCG GGACA
NOTCH2.1	NM_024408	NM_024408.2	NOTCH2	2406	CACCTCCCTGCTGG GATTAT	AGTTGTCAAACAG GCACTCG	CCGTGTGCACAGC TCATCACACT
NOTCH3.1	NM_000435	NM_000435.2	NOTCH3	6464	TGTGGACGAGTGT GCTGG	ACTCCCTGCCAG GTTGGT	ACCTGTGGCCCTC ATGGTATCTG
NPD009 (oficial de ABAT)	NM_020686	NM_020686.2	ABAT	1707	GGCTGTGGCTGAC GCTGTAG	GGAGCATTCCAG GTCAAATCA	TTCCAGAGTGTCTC ACCTCCAGCAGAG
NPM1.2	NM_002520	NM_002520.2	NPM1	2328	AATGTTGTCCAGGT TCTATTGC	CAAGCAAAGGGT GGAGTTC	AACAGGCATTTTGG CAACACATTCTTG
NPPB.1	NM_002521	NM_002521.2	NPPE	6196	GACACCTGCTTCTG ATTCCAC	TGAGTCACCTCAA AGGCGG	AGGGGCTTTTTCCTC AACCCTGTG
NPR1.1	NM_000906	NM_000906.2	NPR1	6197	ACATCTGCAGCTCC CCTG	CACACAAGCCAG CTTCCA	CCTTCAGAACCCTCA TGCTCCTGG
NPY1R.1	NM_000909	NM_000909.4	NPY1R	4513	GGATCTTCCCACT CTGCT	TTGTCTTTTTCGC TCCTGC	CCTTCATTCCCACT CTTCCTTCT
NRG1.3	NM_013957	NM_013957.1	NRG1	410	CGAGACTCTCCTCA TAGTGAAAGGTAT	CTTGGCGTGTGG AAATCTACAG	ATGACCACCCCGGC TCGTATGTCA
NUDT1.1	NM_002452	NM_002452.3	NUDT1	4564	ACTGGTTTCCACTC CTGCTT	GTCCAGGATGGT GTCTGA	CCACGGGTACTTCAA GTTCCAGGG
OGG1.1	NM_002542	NM_002542.4	OGG1	6198	ACCAAGGTGGCTG ACTGC	ATATGGACATCCA CGGGC	TCTGCTGATGGCC CTAGACAAGC
OPN, osteopontina.3	NM_000582	NM_000582.1	SPP1	764	CAACCGAAGTTTT ACTCCAGTT	CCTCAGTCCATAA ACCACACTATCA	TCCCCACAGTAGACA CATATGATGGCCG

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
p21.3	NM_000389	NM_000389.1	CDKN1A	33	TGGAGAC CTCAG GGTCGAAA	GGCGTTTGGAGT GGTAGAAATC	CGGCCGCAGACCAG CATGAC
p27.3	NM_004064	NM_004064.1	CDKN1B	38	CGGTGGACCACGA AGAGTTAA	GGCTCGCCTCTT CCATGTC	CCGGGACTTGGAGA AGCACTGCA
P53.2	NM_000546	NM_000546.2	TP53	59	CTTTGAACCCTTGC TTGCAA	CCCGGGACAAAG CAAATG	AAGTCTGGGTGCTT CTGACGCACA
PAH.1	NM_000277	NM_000277.1	PAH	6199	TGGCTGATTCCATT AACAGTGA	CACATTCTGTCCA TGGCTTTAC	ATCCTTTGCAGTGCC CTCCAGAAA
PAI1.3	NM_000602	NM_000602.1	SERPINE1	36	CCGCAACGTGGTTT TCTCA	TGCTGGGTTTCTC CTCCTGTT	CTCGGTGTTGGCCA TGCTCCAG
Pak1.2	NM_002576	NM_002576.3	PAK1	3421	GAGCTGTGGGTG TTATGGA	CCATGCAAGTTTC TGTCAAC	ACATCTGTCAAGGAG CCTCCAGCC
PARD6A.1	NM_016948	NM_016948.2	PARD6A	4514	GATCCTCGAGGTCA ATGGC	ACCATCATGTCCG TCACTTG	TCCAAGGTCTTCCCG GCTACTTCA
PBOV1.1	NM_021635	NM_021635.1	PBOV1	3936	GCAAAGCCTTTCCA AAAAA	GGCTGGGCT AA ACAGTCAT	TGGTAGCAGAATTGC CTTTTCAACCA
PCCA.1	NM_000282	NM_000282.2	PCCA	6250	GGTGAAATCTGTGC ACTGTCA	ATTCCAGCTCCAC GAGCA	TCCCTCTCTCCAAC GTGCTCCA
PCK1.1	NM_002591	NM_002591.2	PCK1	6251	CTTAGCATGGCCCA GCAC	CTTCCGGAACCA GTTGACA	CAGCCAACTGCC AAGATCTTCC
PCNA.2	NM_002592	NM_002592.1	PCNA	148	GAAGGTGTGGAG GCACTCAAG	GGTTTACACCGCT GGAGCTAA	ATCCAGCAGGCCCT CGTTGATGAG
PCSK6.1	NM_002570	NM_002570.3	PCSK6	6282	ACCTTGAGTAGCA AGGCC	GTTGCTGGAGCC ATTTCAC	CACACCTTCTCAGA ATGGACCC
PDCD1.1	NM_005018	NM_005018.2	PDCD1	6286	GACAACGCCACCTT CACC	GGCTCATGCGGT ACCACT	TCTCCAACACATCGG AGAGCTTCG
PDE4DIP.1	NM_014644	NM_014644.4	PDE4DIP	6417	GCTTCGTCTTGCTG TGAGAG	AGCTTCATTG3AG GAGAGGA	TCCGCGAGTCTCTCT AAGTCATGATCTC
PDGFA.3	NM_002607	NM_002607.2	PDGFA	56	TTGTTGGTGTGCCG TGGTG	TGGGTTCTGTCCA AACACTGG	TGGTGGCGGTCACT CCCTCTGC
PDGFB.3	NM_002608	NM_002608.1	PDGFB	67	ACTGAAGGAGACC CTTGGAG	TAAATAACCTGCG CCACACA	TCTCTGCCGATGC CCCTAGG
PDGFC.3	NM_016205	NM_016205.1	PDGFC	29	AGTTACTAAAAAT ACCACGAGGTCCTT	GTCGGTGAG GA TTTGTGCAA	CCCTGACACCGGTC TTTGGTCTCAACT
PDGFD.2	NM_025208	NM_025208.2	PDGFD	31	TATCGAGGCAGGT CATACCA	TAACGCTTGGCAT CATCATT	TCCAGGTCAACTTTT GACTTCCGGT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Simbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
PDGFRA.2	NM_006206	NM_006206.2	PDGFRA	24	GGGAGTTTCCAAGA GATGGA	CTTCAACCACATT CCCAAAC	CCCAAGACCCGACC AAGCACTAG
PDGFRb.3	NM_002609	NM_002609.2	PDGFRB	464	CCAGCTCTCCTTC AGCTAC	GGGTGGCTCTCA CTTAGCTC	ATCAATGTCCCTGTC CGAGTGCTG
PDZK1.1	NM_002614	NM_002614.3	PDZK1	6319	AATGACCTCCACCT TCAACC	CGCAGGAAGAAG CCATAGTT	TGCCCTTCTTGCTTG GACAGTTTACA
PDZK3.1	NM_015022	NM_015022.2		3885	GAGCTGAGAGCCT TGAGCAT	CTCGGCCCTGCT GAGTAA	CTCGCTGCAGAGCT TGTCAGGTC
PF4.1	NM_002619	NM_002619.1	PF4	6326	GCAGTGCCTGTGT GTGAAG	GGCCTTGATCAC CTCCAG	TCCGTCCCAGGCAC ATCACC
PFKP.1	NM_002627	NM_002627.3	PFKP	6252	AGCTGATGCCGCAT ACATT	GGTGCTCCACGT TGGACT	CAGATCCCTGATGTC GAAGGGCTC
PFN2.1	NM_053024	NM_053024.1	PFN2	3426	TCTATACGTTCGATG GTGACTGC	GCCGACAGCCAC ATTGTAT	CTCCCCACCTTGACT CTTTGTCCG
PGF.1	NM_002632	NM_002632.4	PGF	4026	GTGGTTTTCCTCG GAGC	AGCAAGGGAACA GCCTCAT	ATCTTCTCAGACGTC CCGAGCCAG
PI3K.2	NM_002646	NM_002646.2	PIK3C2B	368	TGCTACCTGGACAG CCCG	AGGCCGTCCCTTC AGTAACCA	TCCTCCTGAAACGAG CTGTGCTGACTT
PI3KC2A.1	NM_002645	NM_002645.2	PIK3C2A	6064	ATACCAATCACCGC ACAAACC	CACACTAGCATT TCTCCGCATA	TGTGCTGTGACTGG ACTTAACAAATAGCC T
PIK3CA.1	NM_006216	NM_006218.1	PIK3CA	2962	GTGATTGAAGAGCA TGCCAA	GTCCTGCGTGGG AATAGC	TCCTGCTTCTCGGGA TACAGACCA
PLA2G4C.1	NM_003706	NM_003706.1	PLA2G4C	6249	CCCTTTCCCAAGT AGAAGAG	AGGATGTAGCAG CTGGCG	CCTTGGACCACAAAT CCAGCTCAG
PLAT.1	NM_033011	NM_033011.2	PLAT	6459	GATTTGCTGGGAAG TGCTGT	TAGCTGATGCCCT GGTCC	TAGATACCAGGGCC ACGTGCTACG
PLAUR.3	NM_002659	NM_002659.1	PLAUR	708	CCCATGGATGCTCC TCTGAA	CCGGTGGCTACC AGACATTG	CATTGACTGCCGAG GCCCATG
PLG.1	NM_000301	NM_000301.1	PLG	6310	GGCAAAATTCCAA GACCAT	ATGTATCCATGAG CGTGTGG	TGCCAGGCCTGGGA CTCTCA
PLN.1	NM_002667	NM_002667.2	PLN	3886	TGATGCTTCTCTGA AGTTCTGC	CCTGTCTGCATG GGATGAC	AGATCTGCAGCTTGC CACATCAGC
PLOD2.1	NM_000935	NM_000935.2	PLOD2	3820	CAGGGAGGTGGTT GCAAAT	TCTCCCAGGATG CATGAAG	TCCAGCCTTTTCGTG GTGACTCAA
PLP1.1	NM_000533	NM_000533.3	PLP1	4027	AGAACAGACTGGC CTGAGGA	CAGAGGGCCATC TCAGGTT	CACCATTAGCCACCA GCAACTGCT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
PMP22.1	NM_000304	NM_000304.2	PMP22	6254	CCATCTACACGGTG AGGCA	TGTAGGCGAAAC CGTAGGA	AATCCGAGTTGAGAT GCCACTCCG
PPAP2B.1	NM_003713	NM_003713.3	PPAP2B	6457	ACAAGCACCATCCG AGTGA	CACGAAGAAAAC ATGCAGCAG	ACCAGGGCTCCTTG AGCAAATCCT
PPARG.3	NM_005037	NM_005037.3	PPARG	1086	TGACTTTATGGAGC CCAAGTT	GCCAAGTCGCTG TCATCTAA	TTCCAGTGCAATTGAA CTTCACAGCA
PPP1R3C.1	NM_005398	NM_005398.4	PPP1R3C	6320	TTCTTTCCCTCTCA ATCCAC	CACAGCTTTCAT CACCATC	CCTTCTCAACTTTT CCTTGCCCA
PPP2CA.1	NM_002715	NM_002715.2	PPP2CA	3879	GCAATCATGGAAC TGACGA	ATGTGGCTCCCG TCTACG	TTCTTGCAGTTTGA CCCAGCACC
PRCC.1	NM_005973	NM_005973.4	PRCC	6002	GAGGAAGAGGAGG CGGTG	CAGGGAGAGAAG CGAACAA	CTACATCTGGGCC GCTTTAGGG
PRKCA.1	NM_002737	NM_002737.1	PRKCA	2626	CAAGCAATGCGTCA TCAATGT	GTAAATCCGCC CCTCTTCT	CAGCCTCTGCGGAA TGGATCACT
PRKCB.1.1	NM_002738	NM_002738.5	PRKCB	3739	GACCCAGCTCCACT CCTG	CCCATTCACGTAC TCCATCA	CCAGACCATGGACC GCCTGTACTT
PRKCD.2	NM_006254	NM_006254.1	PRKCD	626	CTGACACTTGCCGC AGAGAA	AGGTGGTCCTTG GTCTGGAA	CCCTTTCTCACCAC CTCATCTGCAC
PRKCH.1	NM_006255	NM_006255.3	PRKCH	4370	CTCCACCTATGAG GTCTGTC	CACACTTTCCTC CTTTTGG	TCCTGTTAACATCCC AAGCCACA
PRO2000.3	NM_014109	NM_014109.2	ATA22	1666	ATTGGAACAACTC GTCACC	TCGGTATCTT3GT CTTGCA	CCCAACATATTTTAT AGTGCCCCAGC
PROM1.1	NM_006017	NM_006017.1	PRCM1	4516	CTATGACAGGCATG CCACC	CTCCAACCATGAG GAAGACG	ACCCGAGGCTGTGT CTCCAACAC
PROM2.1	NM_144707	NM_144707.1	PRCM2	5108	CTTCAGCGCATCCA CTACC	CCATGCTGGTCTT CACCAC	CTTCCTCGTTTCAGAT CCAGAGGCC
PRPS2.1	NM_001039091	NM_001039091.1	PRPS2	4694	CACTGCACCAAGAT TCAGGT	ATTGTGTGTCCTT CGGATTG	TTGACATTTCATGA TCTTGCCCG
PRSS8.1	NM_002773	NM_002773.2	PRSS8	4742	GTACACTCTGGCCT CCAGCTA	CCACACGAGGCT GGAGTT	TCCTGGATCCAAAGC AAGGTGACA
PSMA7.1	NM_002792	NM_002792.2	PSMA7	6255	GCCAACTGCAGC ATGAAAG	AGGCCATGCAGA CGTTGT	CCAAAGCACAGATCT TCCGCACTG
PSMB8.1	NM_148919	NM_148919.3	PSMB8	6461	CAGTGGCTATCGC CCTAATC	TAAGCAATAGCCC TGCGG	CAAGGTCTATAGGCC TCTTCAGGGC
PSMB9.1	NM_148954	NM_148954.2	PSMB9	6462	GGGGTGTCTATCTAC CTGGTC	CATTGCCCAAGAT CACTCG	TGGTCCACACCGGC AGCTGTAATA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
PTEN.2	NM_000314	NM_000314.1	PTEN	54	TGGCTAAGTGAAGA TGACAATCATG	TGCACATATCATT ACACCAGTTCGT	CCTTTCCAGCTTTAC AGTGAATTGCTGCA
PTGIS.1	NM_000961	NM_000961.3	PTGIS	5429	CCCACTGGCATCT CCCT	GCCCATGGGATG AGAAACT	CCTTCTCCAGGGAC AGAAGCAGGA
PTHR1.1	NM_000316	NM_000316.1	PTH1R	2375	CGAGGTACAAGCT GAGATCAAGAA	GCGTGCCCTTTCG CTTGAA	CCAGTGCCAGTGTC CAGCGGCT
PTK2.1	NM_005607	NM_005607.3	PTK2	2678	GACCGGTCAATG ATAAGGT	CTGGACATCTCGA TGACAGC	ACCAGGCCCGTCAC ATTCTCGTAC
PTK2B.1	NM_004103	NM_004103.3	PTK2B	2883	CAAGCCCAGCCGA CCTAAG	GAACCTGGAACCT GCAGCTTTG	CTCCGCAAACCAACC TCCTGGCT
PTN.1	NM_002825	NM_002825.5	PTN	3964	CCTTCCAGTCCAA AATCCC	CCCTCTCTCCAC TTTGGAT	TTCTCTGCTCTGGG GCTCTCTTG
PTPNS1.1	NM_080792	NM_080792.1	SIRPA	2896	CTCCAGCTAGCACT AAGCAACATC	TTTCAAGATTGCA CGTTTCACAT	TCTCAGTAATTTACA GGCGTCCACAG
PTPRB.1	NM_002837	NM_002837.2	PTPRB	3881	GATATGCGGTGAG GAACAGC	CTGGCCACACCG TATAGTGA	ATGCACACAGACTCA TCCGCCACT
PTPRC.1	NM_080921	NM_080921.2	PTPFC	6450	TGGCCGTCAATGG AAGAG	GGACATCTTTTGT GCTGGTTG	CAACATCTCCAAAAG CCCGAGTGC
PTPRG.1	NM_002841	NM_002841.2	PTPFG	2682	GGACAGCGACAAA GACTTGA	GGACTCGGAACA GGTAAAGG	CACCATTAGCCATGT CTCACCCGA
PTTG1.2	NM_004219	NM_004219.2	PTTG1	1724	GGCTACTCTGATCT ATGTTGATAAGGAA	GCTTCAGCCCATC CTTAGCA	CACACGGGTGCTTG GTTCTCCA
PVALB.1	NM_002854	NM_002854.2	PVALB	4316	AAACCAAGATGCTG ATGGCT	CAGCCACCACAG TGGAGAA	TTTTGCCGTCCCAT CTTTGTCTC
PXDN.1	NM_012293	NM_012293.1	PXDN	6257	GCTGCTCAAGCTGA ACCC	ACCCACGATCTTC CTGGTC	ACTGGGACGGCGAC ACCATCTACT
RAC1.3	NM_006908	NM_006908.3	RAC1	2698	TGTTGTAATGTCT CAGCCCC	TTGAGCAAAGCGT ACAAAGG	CGTTCTTGGTCCTGT CCCTTCCA
RAD51.1	NM_002875	NM_002875.2	RAD51	3976	AGACTACTCGGGT GAGGTG	AGCATCCGCAGA AACCTG	CTTTCAGCCAGGCA GATGCACTTG
RAF1.3	NM_002880	NM_002880.1	RAF1	2130	CGTCGTATGCGAG AGTCTGT	TGAAGGCGTCAAG GTGTAGAA	TCCAGGATGCCTGT AGTTCTCAGCA
RALBP1.1	NM_006788	NM_006788.2	RALBP1	2105	GGTGTGAGATATA ATGTGCAAATGC	TTTGATATTGCCA GCAGCTATAAA	TGCTGTCTGTCTGG TCTCAGTACGTTCA
RARB.2	NM_016152	NM_016152.2	RARB	687	TGCCTGGACATCCT GATTCT	AAGGCCGTCTGA GAAAGTCA	TGCACCGGTATACC CCAGAACAAAGA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
RASSF1.1	NM_007182	NM_007182.4	RASSF1	6658	AGGGCAGTGAAG TCATTG	AAAGAGTGCAAAC TTGCGG	CACCACCAAGAACTT TCGCAGCAG
RB1.1	NM_000321	NM_000321.1	RB1	956	CGAAGCCCTTACAA GTTTCC	GGACTCTTCAGG GGTGAAT	CCCTTACGGATTCTT GGAGGGAAC
RBM35A.1	NM_017697	NM_017697.2	ESRP1	5109	TGGTTTTGAATCAC CAGGG	CTCTGTCCGCAG ACTTCATCT	CGCCCATCAGGAGA TGCCTTTATC
REG4.1	NM_032044	NM_032044.2	REG4	3226	TGCTAACTCCTGCA CAGCC	TGCTAGGTTTCCC CTCTGAA	TCCTCTTCTTTCTG CTAGCCTGGC
RET.1	NM_020630	NM_020630.3	RET	5001	GCCTGTGCAGTTCT TGTGC	GGAAGGGCAGAC CCTCAC	AACATCAGCGTGGC CTACAGGCTC
RGS1.1	NM_002922	NM_002922.3	RGS1	6258	TGCCCTGTAAAGCA GAAGAGAT	CTCGAGTGCGGA AGTCAATA	AGCAGCATCTGAATG CACAAATGCT
RGS5.1	NM_003617	NM_003617.1	RGS5	2004	TTCAAACG3AGGCT CCTAAAGAG	GAAGGTTCCAAC AGGTTCTTCA	AATATTGACCACTTC ACTAAGGACATCACA
RHEB.2	NM_005614	NM_005614.3	RHEB	6609	GATGATTGAGAACA GCCTTGC	GCTCCCAAGACT CTGACACA	TGCTACTGTCCTAGA ACACCCTGGAGTT
RhoB.1	NM_004040	NM_004040.2	RHOB	2951	AAGCATGAACAGGA CTTGACC	CCTCCCAAGTCA GTTGC	CTTTCGAACCCCTGG GGAAGACAT
rhoC.1	NM_175744	NM_175744.1	RHOC	773	CCCGTTCCGTCTGA GGAA	GAGCACTCAAGG TAGCCAAAGG	TCCGGTTCGCCATGT CCCG
RIPK1.1	NM_003804	NM_003804.3	RIPK1	6259	AGTACCTTCAAGCC GGTCAA	AAGTCCCTGG3A ACTGTGC	CAGCCACAGAACAG CCTCGTTCAG
RND3.1	NM_005168	NM_005168.3	RND3	5381	TCGGAATTGGACT GGGAG	CTGGTTACTCCC TCCAACA	TTTTAAGCCTGACTC CTACCCGCG
ROCK1.1	NM_005406	NM_005406.1	ROCK1	2959	TGTGCACATAGGAA TGAGCTTC	GTTTAGCACGCAA TTGCTCA	TCACTCTCTTTGCTG GCCAACTGC
ROCK2.1	NM_004850	NM_004850.3	ROCK2	2992	GATCCGACACCCCT CGCTC	AGGACCAAGGAA TTTAAGCCA	CCCATCAACGTGGA GAGCTTGCT
RPLP1.1	NM_213725	NM_213725.1	RPLP1	5478	CAAGGTGCTCGGT CCTTC	GTCGCCGATGA AGTGAG	CCTCACCCCAACGC AGCCTTAGCT
RPS23.1	NM_001025	NM_001025.1	RPS23	3320	GTTCTGGTTGCTGG ATTGG	CCTTAAAGCGGA CTCCAGG	ATCACCACAGCATG ACCTTTGCG
RPS27A.1	NM_002954	NM_002954.3	RPS27A	6329	CTTACGGGGAAGA CCATCAC	TCCTGGATCTTGG CCTTTAC	TCGTATCCGAGGGTT CAACCTCG
RPS6KAl.1	NM_002953	NM_002953.3	RPS6KA1	3865	GCTCATGGAGCTA GTGCCCTC	CGGCTGAAGTCC AGCTTCT	ACCGGAGAAATGGA CAGACCTCAG

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
RPS6KB1.3	NM_003161	NM_003161.1	RPS6KB1	928	GCTCATTATGAAA ACATCCCAAAC	AAGAAACAGAAGT TGCTGGCTTTCT	CACACCAACCAATAA TTTCGCATT
RRM1.2	NM_001032	NM_001033.1	RRM1	1000	GGGCTACTGGCAG CTACATT	CTCTCAGCATCG GTACAAGG	CATTGGAATTGCCAT TAGTCCCAGC
RRM2.1	NM_001034	NM_001034.1	RRM2	2546	CAGCGGGATTAAAC AGTCCT	ATCTGCGTTGAAG CAGTGAG	CCAGCACAGCCAGT TAAAGATGCA
RUNX1.1	NM_001754	NM_001754.3	RUNX1	6067	AACAGAGACATTGC CAACCA	GTGATTTGCCCA GGAAAGTTT	TTGGATCTGCTTGCT GTCCAAACC
S100A1.1	NM_006271	NM_006271.1	S10CA1	2851	TGGACAAGGTGAT GAAGGAG	AGCACCACATACT CCTGGAA	CCTCCCGTCTCCAT TCTCGTCTA
S100A10.1	NM_002966	NM_002966.1	S10CA10	3579	ACACCAAAATGCCA TCTCAA	TTTATCCCCAGCG AATTTGT	CACGCCATGGAAAC CATGATGTTT
S100A2.1	NM_005978	NM_005978.2	S10CA2	2369	TGGCTGTGCTGGT CACTACCT	TCCCCTTACTCA GCTTGAACCT	CACAAGTACTCCTGC CAAGAGGGCGAC
SAA2.2	NM_030754	NM_030754.2	SAA2	6655	CTACAGCACAGATC AGCACCA	TGCTGACACTAG GACCAAG	AGCTTCTCACGGGC CTGGTTTTCT
SCN4B.1	NM_174934	NM_174934.3	SCN4B	7223	GCCTTCCTGGAGTA CCCG	GTGGCCCAATTC CCCAAGT	TGCTCCCTATGCCCT TCCAAGCAT
SCNN1A.2	NM_001038	NM_001038.4	SCNN1A	3263	ATCAACATCCTGTC GAGGCT	GAAGTTGCCAG CGTGTC	AGAGACTCTGCCATC CCTGGAGGA
SDHA.1	NM_004168	NM_004168.1	SDHA	5443	GCAGAACTGAAGAT GGGAAGAT	CCCTTTCCAAACT TGAGGC	CTGTCCACCAAAATGC ACGCTGATA
SDPR.1	NM_004657	NM_004657.4	SDPF	3877	ACCAGCACAAAGATG GAGCA	GGTCATTCTG3AT GCCCTT	CGGAGCCCTCCAAA CTGATCTGTC
SELE.1	NM_000450	NM_000450.1	SELE	5383	ACACTGGTCTGGC CTGCTAC	AAAGTCCAGCTAC CAAGGGAA	CCTGTGAAGCTCCC ACTGAGTCCA
SELENBP1.1	NM_003944	NM_003944.2	SELENBP1	6200	GGTACCAGCCTCG ACACAA	CCATCTCGTAAGA CATTGGGA	TGCCCACTCAGTGCT GATCATGAC
SELL.1	NM_000655	NM_000655.3	SELL	5483	TGCAACTGTGATG GGGG	CCTCCAAAGGCT CACACTG	CACAACTGACACTG GGGCCATA
SELP1G.1	NM_003006	NM_003006.3	SELP_G	6316	TGGCCACTATCTTC TTCGTG	GTAATTACGCACG GGGTACA	CACTGTGGTGCTGG CGGTCC
SEMA3B.1	NM_004636	NM_004636.1	SEMA3B	1013	GCTCCAGGATGTGT TTCTGTTG	ACGTGGAGAAGA CGGCATAGA	TCGCGGGACCACCG GACC
SEMA3C.1	NM_006379	NM_006379.2	SEMA3C	5409	ATGGCCATTCTGT TCCAG	GTCTCACATCTTG TCTTCGGC	CCTCCGTTTCCCAGT TGGGTAGAA

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
SEMA3F.3	NM_004186	NM_004186.1	SEMA3F	1008	CGCGAGCCCTCA TTATACA	CACTCGCCGTTG ACATCCT	CTCCCCACAGCGCA TCGAGGAA
SEMA5B.1	NM_001031702	NM_001031702.2	SEMA5B	5003	CTCGAGGACAGCT CCAACAT	TCACATTCCGCAC AGGAC	AGCCTCTGGACCCA GAACATCACC
SERPINA5.1	NM_000624	NM_000624.3	SERPINA5	6201	CAGCATGGTAGTC GCAAAGA	CTTTGTGGCACTG AGCTGG	AGGTCCAGAGTCCT GGCCCTTGAT
SFN.1	NM_006142	NM_006142.3	SFN	3580	GAGAGAGCCAGTC TGATCCA	AGGCTGCCATGT CCTCATA	CTGCTCTGCCAGCTT GGCCTTC
SGK.1	NM_005627	NM_005627.2	SGK	2960	TCCGCAAGACACCT CCTG	TGAAGTCATCCTT GGCCC	TGCTCTGCTTCTG CAGGAGGC
SHANK3.1	XM_037493	XM_037493.5		3887	CTGTGCCCTCTACA ACCAGG	GGACATCCCTGTT AGCTCCA	AGCTGTGCTCGTGT CCTGCTCTTC
SHC1.1	NM_003029	NM_003029.3	SHC	2342	CCAACACCTTCTTG GCTTCT	CTGTTATCCCAAC CCAAACC	CCTGTGTTCTTGCTG AGCACCTC
SILV.1	NM_006928	NM_006928.3	SILV	4113	CGCATCTTCTGCT CTTGT	ACTCAGACCTGCT GCCCA	TTGGTGAGAATAGCC CCCTCCTCA
SKIL.1	NM_005414	NM_005414.2	SKIL	5272	AGAGGCTGAATATG CAGGACA	CTATCGGCCCTCA GCATGG	CCAATCTCTGCCCTCA GTTCTGCCA
SLC13A3.1	NM_022829	NM_022829.4	SLC13A3	6202	CTTGCCCTCCAACA AGGTC	AGCCCACTGAGG AAGAGGA	CCCCCAGTCTTCCT CGACACCAA
SLC16A3.1	NM_004207	NM_004207.1	SLC16A3	4569	ATGCGACCCACGT CTACAT	AATCAGGGAGGA GGTGAGC	CCCCGCCAGGATGA ACACGTAC
SLC22A3.1	NM_021977	NM_021977.2	SLC22A3	6506	ATCGTCAGCGAGTT TGACCT	CAGGATGGCTTG GGTGAG	CAGCATCCACGCATT GACACAGAC
SLC22A6.1	NM_153277	NM_153277.1	SLC22A6	6463	TCCGCCACCTCTT CTCT	GACCAGCCCATAT GTATGCAAAG	CTCTCCATGCTGTGG TTTGCCACT
SLC2A1.1	NM_006516	NM_006516.1	SLC2A1	2966	GCCTGAGTCTCCTG TGCC	AGTCTCCACCCTC AGGCAT	ACATCCCAGGCTTCA CCCTGAATG
SLC34A1.1	NM_003052	NM_003052.3	SLC34A1	6203	GCTGAGACCCACT GACCTG	AGCCTCTCTCCGT AGGACAA	TCCTGGGCACCCAC TATGAGGTCT
SLC7A5.2	NM_003486	NM_003486.4	SLC7A5	3268	GCGCAGAGGCCAG TTAAA	AGCTGAGCTGTG GGTTGC	AGATCACCTCCTCGA ACCCACTCC
SLC9A1.1	NM_003047	NM_003047.2	SLC9A1	5385	CTTCGAGATCTCC TCTGGA	AGTGGGGATCAC ATGGAAC	CCTTCTGGCCTGCCT CATGAAGAT
SLIT2.2	NM_004787	NM_004787.1	SLIT2	3708	TTTACCGATGCAC TGTCC	ATGCAGGCATGA ATTGGG	CACAGTCTGCCCC TTGAAACCAT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
SNAI1.1	NM_005985	NM_005985.2	SNAI1	2205	CCCAATCGGAAGCCTAACTA	GTAGGGCTGCTGGAAGGTAA	TCTGGATTAGAGTCCGTCAGCTCGC
SNRK.1	NM_017719	NM_017719.4	SNRK	6710	GAGGAAAAGTCAGGGCCG	GGCGGCTTTCAGAAATCATC	CCAGCTGCAGTAGTTCCGAGACCA
SOD1.1	NM_000454	NM_000454.3	SOD1	2742	TGAAGAGAGGCATGTTGGAG	AATAGACACATCGGCCACAC	TTTGTACAGCAGTCACATTGCCAA
SP3.1	NM_001017371	NM_001017371.3	SP3	5430	TCAAGAGTCTCAGAGCCAA	CCATGGATTGTCTGTGGTGT	CAGTCAAGCCCAATGTGCAAGG
SPARC.1	NM_003118	NM_003118.1	SPARC	2378	TCTTCCCTGTACAGTGGCAGTTC	AGCTCGGTGTGGGAGAGGTA	TGGACCAGCACCCTTATGACGG
SPARCL1.1	NM_004684	NM_004684.2	SPARCL1	3904	GGCACAGTGCAAGTGATGA	GATTGAGCTCTCTCGGCCT	ACTTCATCCCAAGCCAGGCCCTTC
SPAST.1	NM_014946	NM_014946.3	SPAST	4033	CCTGAGTTGTTCAAGGGC	ATTCCAGGTGGACCAAG	TAACAGCCCTCTGGCAGGACTCT
SPHK1.1	NM_021972	NM_021972.2	SPHK1	4178	GGCAGCTTCCTTGACCAT	GCAGTTGGTCAGGAGTCTT	TGGTGACCTGCTCAIAGCCAGCAT
SPRY1.1	AK026960	AK026960.1		1051	CAGACCAGTCCCTGGTCATAGG	CCTTCAAGTCATCCACAATCAGTT	CTGGGTCCGGATTGCCCTTTCAG
SQSTM1.1	NM_003900	NM_003900.3	SQSTM1	4662	GGACCCGTCTACAGGTGAAC	GGGTCCAGAGAGCTTGGC	CAGTCCCTACAGATGCCAGATCCG
STAT1.3	NM_007315	NM_007315.1	STAT1	530	GGGCTCAGCTTTCAAGAGTG	ACATGTTCAAGCTGTGCCACA	TGGCAGTTTCTTCTGTACCAAAA
STAT3.1	NM_003150	NM_003150.1	STAT3	537	TCACATGCCACTTTGGTGT	CTTGCAGGAAGCGGCTATAC	TCCTGGGAGAGATTGACCAACA
STAT5A.1	NM_003152	NM_003152.1	STAT5A	403	GAGGCGCTCAACATGAAATTC	GCCAGGAACACGAGGTCTC	CGGTTGCTCTGCACTTCGGCCT
STAT5B.2	NM_012448	NM_012448.1	STAT5B	857	CCAGTGGTGGTGA TCGTTCA	GCAAAAGCATTGTCCAGAGA	CAGCCAGGACAACAATGCACGG
STC2.1	NM_003714	NM_003714.2	STC2	6507	AAGGAGGCCATCA CCCAC	AGATGGAGCACAGGCTTC	TTCTGCTCACACTGAACCTGCACG
STK11.1	NM_000455	NM_000455.3	STK11	3383	GGACTCGGAGACCCTGTG	GGGATCCTTCGCAACTCTT	TTCTTGAGGATCTTGACGGCCTC
STK15.2	NM_003600	NM_003600.1	AURKA	341	CATCTTCCAGGAGGACCACT	TCCGACCTTCAATCATTTCA	CTCTGTGGCACCCTGGACTACCTG
STK4.1	NM_006282	NM_006282.2	STK4	5424	GAGCCATCTTCCTGCAACTT	CTGAGGTGCAACCCAGTCA	ACCTCTTCCCTCAGATGGGAGC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
STMY3.3	NM_005940	NM_005940.2	MMP11	741	CCTGGAGGCTGCA ACATACC	TACAATGGCTTTG GAGGATAGCA	ATCCTCCTGAAGCCC TTTTCGCAGC
SUCLG1.1	NM_003849	NM_003849.2	SUCLG1	6205	CCAAGCCGTAGTG TCCTTCA	CGGCATGACCCA TTCTTC	CCCAGGAGGAGCAG TTAAACCAGC
SULT1C2.1	NM_001056	NM_001056.3	SULT1C2	6206	GGGACCCAAAGCA TGAAAT	AGCACTGTTTCAT CCACCTTC	TTCCCATGAACTGCA TCACCTTCC
SURV.2	NM_001168	NM_001168.1	BIRC5	81	TGTTTTGATTCCCG GGCTTA	CAAAGCTGTCAG CTCTAGCAAAAG	TGCCTTCTCTCTCC TCACCTTCTCACCT
TACSTD2.1	NM_002353	NM_002353.2	TACSTD2	6335	ATCACCAACCGGAG AAAGTC	AAGCTCGGTTTCT TTCTCAA	CCCCCAGTTCTTTGA TCTCCACC
TAGLN.1	NM_003186	NM_003186.3	TAGLN	6073	CATGGAGCAGGTG GCTCAGT	AGTCTGGAACATG TCAGTCTTGATG	CCCATAGTCTCAGC CGCCTTCAG
TAP1.1	NM_000593	NM_000593.5	TAP1	3966	GTATGCTGCTGAAA GTGGGAA	TCCCAGTGTCTTAC AGCCC	CACCAGCTGCCAC CAATGTAGAG
TCF4.1	NM_003199	NM_003199.1	TCF4	4097	CACACCCTGGAATG GGAG	ATGTGGCAACTTG GACCCCT	CGCATCGAATCACAT GGGACAGAT
TCOF1.2	NM_001008656	NM_001008656.1	TCOF1	6719	AGCGAGGATGAGG ACGTG	CACCACATTGGTT CTGATGC	TCCCCTGACACAGT GCTTGACTC
TEK.1	NM_000459	NM_000459.1	TEK	2345	ACTTGGGTGCTACT TAACAACITACATC	CCTGGGCTTGG TGTTGAC	AGCTCGGACCAGT ACTGCTCCCTG
TERT.1	NM_003219	NM_003219.1		992	GACATGGAGAACAA GCTGTTTGC	GAGGTGTCACCA ACAAGAAATCAT	ACCAAACGAGGAG CAGCCCG
TFAP2B.1	NM_003221	NM_003221.3	TFAP2B	6207	CGTGTGACGTGCC AGAGA	CCACACGCTCTCA GGACC	ATGGACGCGCCTTG CTCTACTGT
TFAP2C.1	NM_003222	NM_003222.3	TFAP2C	4663	CATGCCTCACCAGA TGGA	CTGTCTGATCCTG CAGCAAC	CTGGTCTGCGACATT CTGCACCTC
TFPI.1	NM_006287	NM_006287.4	TFPI	6270	CCGAATGGTTTCC GGTG	TTGCGGAGTCAG GGAGTTA	ATGGAACCCAGCTCA ATGCTGTGA
TGFA.2	NM_003236	NM_003236.1	TGFA	161	GGTGTGCCACAGA CCTTCCT	ACGGAGTTCTTGA CAGAGTTTTGA	TTGGCCTGTAATCAC CTGTGCAGCCTT
TGFb1.1	NM_000660	NM_000660.3	TGFb1	4041	CTGTATTTAAGGAC ACCCGTGC	TGACACAGAGATC CGCAGTC	TCTCTCCATCTTTAA TGGGGCCCC
TGFb2.2	NM_003235	NM_003235.1	TGFb2	2017	ACCAGTCCCCCAGA AGACTA	CCTGGTGCTGTT GTAGATGG	TCCTGAGCCGAGG AAGTCCC
TGFb1.1	NM_000355	NM_000355.1	TGFb1	3768	GCTACGAGTGCTGT CCTGG	AGTGGTAGGGCT GCTGGAC	CCTTCTCCCAGGG ACCTTTTCAT

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
TGFBR1.1	NM_004612	NM_004612.1	TGFBR1	3385	GTCATCACCTGGCC TTGG	GCAGACGAAGCA CACTGGT	AGCAATGACAGCTG CCAGTTCCAC
TGFBR2.3	NM_003242	NM_003242.2	TGFBR2	864	AACACCAATGGGT CCATCT	CCTCTTCATCAGG CCAAACT	TTCTGGGCTCCTGAT TGCTCAAGC
THBD.1	NM_000361	NM_000361.2	THBD	4050	AGATCTGCGACGC ACTGC	GGAAATGACATC GGCAGC	CACCTAATGACAGTG CGCTCCTCG
THBS1.1	NM_003246	NM_003246.1	THBS1	2348	CATCCGCAAAGTGA CTGAAGAG	GTACTGAACTCCG TTGTGATAGCATA G	CCAATGAGCTGAGG CGGCCTCC
TIMP1.1	NM_003254	NM_003254.2	TIMP1	6075	TCCCTGCGGTCCC AGATAG	GTGGGAACAGGG TGGACACT	ATCCTGCCCGGAGT GGAAGCTGAAGC
TIMP2.1	NM_003255	NM_003255.2	TIMP2	606	TCACCTCTGTGA TTCATCGT	TGTGGTTCACGC TCTTCTCTG	CCCTGGGACACCCCT GAGCACCA
TIMP3.3	NM_000362	NM_000362.2	TIMP3	593	CTACCTGCCCTTGCT TTGTGA	ACCGAAATTGGA GAGCATGT	CCAAGAACGAGTGT CTCTGGACCG
TK1.2	NM_003258	NM_003258.1	TK1	264	GCCGGGAAGACCG TAATTGT	CAGCGGCACACG GTTGAG	CAAATGGGTTCTCT GGAAGTCCCA
TLR3.1	NM_003265	NM_003265.2	TLR3	6289	GGTTGGGCCACCT AGAAGT	CCATTCTGGCCT GTGAG	CTTGCCCAATTTTCAT TAAGGCCCA
TMEM27.1	NM_020665	NM_020665.2	TMEM27	3878	CCCTGAAAGAATGT TGTGGC	TCTGCACCTGGTT GACAGAG	TCTGGTGACTGCCAT TCATGCTGA
TMEM47.1	NM_031442	NM_031442.3	TMEM47	6713	GGATTCCACTGTTA CAGCCCTT	GCAAATAACCAAC AGCCAATG	CCGCCTGCTTATCCT ACCCAATGA
TMSB10.1	NM_021103	NM_021103.3	TMSB10	6076	GAAATCGCCAGCTT CGATAA	GTCCGGCAGGGT TTCTTCT	CGTCTCCGTTTCTT CAGCTTGGC
TNF.1	NM_000594	NM_000594.1	TNF	2852	GGAGAAGGGTGAC CGACTCA	TGCCAGACTCG GCAAAG	CGCTGAGATCAATC GGCCCGACTA
TNFAIP3.1	NM_006290	NM_006290.2	TNFAIP3	6290	ATCGTCTTGGCTGA GAAAGG	GTGGAATGGCTC TGGCTTC	CAACCCACGCGACTT GTGTGCTT
TNFAIP6.1	NM_007115	NM_007115.2	TNFAIP6	6291	AGGAGTGAAAGAT GGGATGC	CTGTAAGACGC CACCACAC	ATTGCTACAACCCAC ACGCAAAGG
TNFRSF10C.3	NM_003841	NM_003841.2	TNFRSF10C	6652	GGAGTTTGACCAGA GATGCAA	CTCTGTCCCAGAG GTTCCC	AACGGTAGGAAGCG CTCCTTCACC
TNFRSF10D.1	NM_003840	NM_003840.3	TNFRSF10D	4406	CCTCTCGCTTCTG TGGTC	GCTCAGGAATCTC TGCCCTA	AGGCATCCAGGGA CTCAGTTCAC
TNFRSF11B.1	NM_002546	NM_002546.2	TNFRSF11B	4675	TGGCGACCAAGAC ACCTT	GGGAAAGTGGTA CGTCTTTGAG	AGGGCCTAATGCAC GCACATAAGC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
5 TNFRSF1A.1	NM_001065	NM_001065.2	TNFRSF1A	4943	ACTGCCCTGAGCC CAAAT	GTCAGGCACGGT GGAGAG	TGCCAGACAGCTAT GGCCTCTCAC
TNFSF12.1	NM_003809	NM_003809.2	TNFSF12	2987	TAGGCCAGGAGT CCCAA	CACAGGGAA TCT CAAGGGA	TTGTCTTGTCTCTCG CCCTCACA
TNFSF13B.1	NM_006573	NM_006573.3	TNFSF13B	4944	CCTACGCCATGGG ACATC	TCGAAACAAAGTC ACCAGACTC	TCCCCAAAGACATGG ACCTTCTTCC
10 TNFSF7.1	NM_001252	NM_001252.2	CD70	4101	CCAACTCACTGC GACACTT	ACCCACTGCACCTC CAAAGAA	TGCCTTCCCGAAACA CTGATGAGA
TNIP2.1	NM_024309	NM_024309.2	TNIP2	3872	CATGTCAGAAAGC GCCGA	GCGACCTTTTCCT CCAGTT	AATCCTACTTTGAGC CCGTTCCCG
TOP2A.4	NM_001067	NM_001067.1	TOP2A	74	AATCCAAGGGGGA GAGTGAT	GTACAGATTTTGC CCGAGGA	CATATGGACTTTGAC TCAGCTGTGGC
15 TOP2B.2	NM_001068	NM_001068.1	TOP2B	75	TGTGGACATCTTC CCTCAGA	CTAGCCCGACCG GTTCGT	TTCCCTACTGAGCCA CCTTCTCTG
TP.3	NM_001953	NM_001953.2	TYMP	91	CTATATGCAGCCAG AGATGTGACA	CCACGAGTTTCTT ACTGAGAATCG	ACAGCCTGCCACTCA TCACAGCC
TRAIL.1	NM_003810	NM_003810.1	TNFSF10	898	CTTCACAGTGCTCC TGCAGTCT	CATCTGCTTCAGC TCGTTGGT	AAGTACAGGTAAGTT ACAGCCACACA
20 TS.1	NM_001071	NM_001071.1	TYMS	76	GCCTCGGTGTGCC TTTCA	CGTGATGTGCCG AATCATG	CATCGCCAGCTACG CCCTGCTC
TSC1.1	NM_000368	NM_000368.3	TSC1	6292	TCACCAAATCTCA CCCG	GTGTCAGCATAAG GGCTGGT	TTTCCTCATCGTTCA GCCGATGTC
TSC2.1	NM_000548	NM_000548	TSC2	5132	CACAGTGGCCTCTT TCTCCT	CAGGAAACGCTC CTGTGC	TACCACTCCAGCTG CCAAGGACAG
25 TSPAN7.2	NM_004615	NM_004615.3	TSPAN7	6721	ATCACTGGGGTGAT CCTGC	GGGAGATATAGG TGCCCAGAG	AAGTTTGCCCCAGAC TCCAACAGC
TSPAN8.1	NM_004616	NM_004616.2	TSPAN8	6317	CAGAAATCTCTGCA GGCAAGT	AATCCAGATGCC GTGAATTT	TGCTCCAGAGCATAT TGCAAGACA
TUBB.1	NM_001069	NM_001069.1	TUBB2A	2094	CGAGGACGAGGC TAAAAAC	ACCATGCTTCAG GACAACAG	TCTCAGATCAATCGT GCATCCTTAGTGAA
TUSC2.1	NM_007275	NM_007275.1	TUSC2	6208	CACCAAGAACGGG CAGAA	CGATGCCCTGAG GAATCA	TCTTATGCACCTGCC TCAGCTTGG
30 tusc4.2	NM_006545	NM_006545.4	TUSC4	3764	GGAGGAGCTAAAT GCCTCAG	CCTTCAAGTEGAT GGTGTG	ACTCATCAATGGGCA GAGTGCACC
TXLNA.1	NM_175852	NM_175852.3	TXLNA	6209	GCCAGAACGGGCTC AGTCT	ATGTCTTCCA3TT GGCGG	TCCTCAGAGACATCA CGAAGGGCC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
UBB.1	NM_018955	NM_018955.1	UBB	3303	GAGTCGACCCTGC ACCTG	GCGAATGCCATG ACTGAA	AATTAACAGCCACCC CTCAGGCG
UBE1C.1	NM_003968	NM_003968.3	UBA3	2575	GAATGCACGCTGG AACTTTA	CTGGTAGCCTGG GCATAGA	AATTTTCCCATGTGC ACCATTGCA
UBE2C.1	NM_007019	NM_007019.2	UBE2C	2550	TGTCTGGCGATAAA GGGATT	ATGGTCCCTACCC ATTTGAA	TCTGCCTTCCCTGAA TCAGACAACC
UBE2T.1	NM_014176	NM_014176.1	UBE2T	3882	TGTTCTCAAATTGC CACCAA	AGAGGTCAACACA GTTGCCA	AGGTGCTTGGAGAC CATCCCTCAA
UGCG.1	NM_003358	NM_003358.1	UGCG	6210	GGCAACTGACAAAC AGCCTT	AGGATCTACCCCT TTCAGTGG	CAAGCTCCCAGGTG TCTCTTCTGTA
UMOD.1	NM_003361	NM_003361.2	UMCD	6211	GCGTGGACCTGGA TGAGT	TTACGCAGCTGCT GTTGG	CCATTCTGGAGCTC ACAACCTGCT
upa.3	NM_002658	NM_002658.1	PLAU	89	GTGGATGTGCCCT GAAGGA	CTGCGGATCCAG GGAAGAA	AAGCCAGGCGTCTA CAGGAGAGTCTAC
USP34.1	NM_014709	NM_014709.2	USP34	4040	AAGCTGTGATGGC CAAGC	GGAATGGCCACA ACTGAGA	TCCCAGGACCCTGA GGTTGCTTTA
VCAM1.1	NM_001078	NM_001078.2	VCAM1	1220	TGGCTTCAGGAGCT GAATACC	TGCTGTCTGTAT GAGAAAATAGTG	CAGGCACACACAGG TGGGACACAAAT
VCAN.1	NM_004385	NM_004385.2	VCAN	5979	CCTGCTACACAGCC AACAAG	AGAAAGCGCTG AGGTCC	CCCAGCTGTGGAAGA CAAAGAGGCC
VDR.2	NM_000376	NM_000376.1	VDR	971	GCCCTGGATTTCAG AAAGAG	AGTTACAAGCCAG GGAAGGA	CAAGTCTGGATCTG GGACCCCTTTCC
VEGF.1	NM_003376	NM_003376.3	VEGF-A	7	CTGCTGTCTTGGGT GCATTG	GCAGCCTGGGAC CACTTG	TTGCCCTTGTGCTCT ACCTCCACCA
VEGFB.1	NM_003377	NM_003377.2	VEGF-B	964	TGACGATGGCCTG GAGTGT	GGTACCGGATCA TGAGGATCTG	CTGGGCAGCACCAA GTCCGGA
VHL.1	NM_000551	NM_000551.2	VHL	4102	CGGTTGGTGACTT GTCTGC	AAGACTTGTCCCT GCCTCAC	ATGCCCTCAGTCTTCC CAAAGCAGG
VIM.3	NM_003380	NM_003380.1	VIM	339	TGCCCTTAAAGGAA CCAATGA	GCTTCAACGGCA AAGTTCTCTT	ATTTCAGCATCTGG CGTTCCA
VTCN1.1	NM_024626	NM_024626.2	VTCN1	4754	ACAGTGGTCTGGG CATCC	GCTCAAAGCTGG TATTGGAGAC	CGAGAGATTGGCTC CCTGGTCAAC
VTN.1	NM_000638	NM_000638.2	VTN	4502	AGTCAATCTTCGCA CACGG	GTACTGAGCGAT GGAGCGT	TGGCACTGTGGAC CCTCCCTACC
VWF.1	NM_000552	NM_000552.3	VWF	6212	TGAAGCACAGTGC CCTCTC	CCAGTCTCCATT CACCGT	CTCCATGTCACTGTG CAGCTCGAC

Tabla A

Gen	Número de acceso	ID de secuencia	Símbolo oficial	ID de versión genética	Sec. de cebador F	Sec. de cebador R	Sec. de sonda
WIF.1	NM_007191	NM_007191.3	WIF1	6077	AACAAGCTGAGTGC CCAGG	CACCTCGAGATG CGTCTTT	TACAAAAGCCTCCAT TTCGGCACC
WISP1.1	NM_003882	NM_003882.2	WISP1	603	AGAGGCATCCATGA ACTTCACA	CAAACCTCCACAGT ACTTGGGTTGA	CGGGCTGCATCAGC ACACGC
WT1.1	NM_000378	NM_000378.3	WT1	6458	TGTACGGTCGGCAT CTGAG	TTATTGCAGCCTG GGTAAGC	CAGTGAGAAACGCC CCTTCATGTG
WWOX.5	NM_016373	NM_016373.1	WWOX	974	ATCGCAGCTGGTG GGTGATC	AGCTCCCTGTTG CATGGACTT	CTGTGTTTACCTTG GCGAGGCCCTTTG
XDH.1	NM_000379	NM_000379.3	XDH	5089	TGGTGGCAGACAT CCCTT	GCCACAACCTGTC CCAGTCTT	TGAAGCCAACTTGT ATCTGGCCA
XIAP.1	NM_001167	NM_001167.1	XIAP	80	GCAGTTGGAAGAC ACAGGAAAGT	TGCGTGGCACTA TTTTCAAGA	TCCCAAAATTGCAGA TTTATCAACGGC
XPNP2.2	NM_003399	NM_003399.5	XPNP2	6503	CACCTGCACTGAA CATACC	AAGGAGGATGAA TGCAAGG	CCTGCTGGCCATT GCCTAGAA
YB-1.2	NM_004559	NM_004559.1	YBX1	395	AGACTGTGGAGTTT GATGTTGTTGA	GGAACACCACCA GGACCTGTAA	TTGCTGCCTCCGCA CCCTTTTCT
ZHX2.1	NM_014943	NM_014943.3	ZHX2	6215	GAGTACGACCAGTT AGCGGC	TCTCCTTGAACCA ACGCAC	ATCTCAGTTCGGACC AGGCCAGTC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
5 A-Catenina.2	78	CGTTCCGATCCTCTATACTGCA1CCCAGGCA1GCCTACAGCAACCTGATGTGCGAGCCTATAAGGCCAA
A2M.1	66	CTCTCCCGCCTTCTCTAGCTGTCCAGTGGAGAAGGAACAAGC3CCTCACTGCA1CTGTGCAAAACGG
AAMP.1	66	GTGTGGCAGGTGGACACTAAGGAGGAGGTCTGGTCTTTGAACCGGGAGACCTGGAGTGGATGGAG
ABCB1.5	77	AAACACCACTGGAGCATTGACTACCAGGCTCGCCAATGATGC1GCTCAAGTTAAAGGGCTATAGGTTT
10 ACADSB.1	68	CAGGCTTG TGGCGGAGAACTAGCCATCAGCCTCCTGAAGCCTGCCATCAT1GTTAATTTGAGGACTGGGCTGTCTT
ACE.1	67	CCGCTGTACGAGGATTTCCTGCCCCTCAGCAATGAAGCCTAC1AGCAGGACGGCTTCACAGACACGG
ACE2.1	66	TACAATGAGAGGCTCTGGGCTTGGGAAAGCTGGAGATCTGAGGTCGGCAAGCAGCTGAGGCCATTA
ADAM17.1	73	GAAAGTCCAGGAGGCGATTATGCTACTTGCAAAGCGGTGTCT1TACTGCACAGGTAATAGCAGTGAGTG
15 ADAM8.1	67	CCCG GTCAGTGTGTCCAGCCACCCCTTCCAGTTCTGTCTACACCCGGCAGGCACCAAAGCAGGTCATCA
ADAMTS1.1	73	GGACAGGTGCAAGCTCATCTGCCAAGCCAAGGCATTGGCTA1TTCTTCGTTTTGACGCCAAGGTTGT
ADAMTS2.1	66	AGAT GAGAATGTCTGCCGCTG3GCCCTACCTGCAGCAGAAGCCAGACACGGGGCCACGATGAATACCAGAT
ADAMTS4.1	71	TTTGACAAGTGCATGGTGTGCGGAGCGGACGG11C1GGT1GCAGCAAGCAGTCAGGCTCCTTCAGGAA
20 ADAMTS5.1	79	ATT CACTGTGGCTCACGAAA1CGGACATT1TACTTGGCCTCTCCCATGACGATTCCAAAT1CTGTGAAGAGACC
ADAMTS8.1	72	TTTGGTTCC GCGAGT1CAAAGTGTTCGAGGCCAAGGTGATTGATGGCACCCCTGTGTGGGCCAGAAACACTGGCCATCT
ADAMTS9.1	66	GTG GCACAGGTTACACAACCCAAACAGAATGTCCCTATAACGGGAGGCGGGCGGATGACTGCCAATGTCTG
25 ADD1.1	74	GTCTACCCAGCAGTCCGCAAGGAGGGATGGCTGCCT1AAACAT1GAGTCTTGGTATGGTGACTCCTGTG
ADFP.1	67	AACGA AAGACCATCACCTCCGTGGCCATGACCAGTGCTCTGCCCATCATCCAGAAGCTAGAGCCGCAATTG
ADH1B.1	84	AAGCCAAGAAACCTTCCTTCTTAACGATTCTACTGTGTACCTTTGCCATTGAGG.AAAAATATTCTGTGA
ADH6.1	68	CTTCTTGCAATTT TGTTGGGGAGTAAACAC1TGGACCTCTGTATCCCACCATCTTGGGCCATGAAGGGGCTGGAATCGTT
30 ADM.1	75	TAAGCCACAAGCACACGGGGCTCCAGCCCCCGAGTGGAAAGTGCTCCCACTTTCTTTAGGATTAGG
AGR2.1	70	CGCCCA AGCCAACATGTGACTAATTGGAAGAAGAGCAAAGGGTGGTGACGTGTTGATGACGCAGATGGAGATCAG
		A

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
35 AGT.1	73	GATCCAGCCTCACTATGCCTCTGACCTGGACAAGGTGGAGGGTCTCACTTTCCAGCAAACTCCCTCAA
AGTR1.1	67	CTGG AGCATTGATCGATACCTGGCTATTGTTACCCAATGAAGTCCC3CCTTCGACGCACAATGCTTGATAG
40 AHR.1	69	GCGGCATAGAGACCGACTTAATACAGAGTTGGACCGTTTGGCTAGCCTGCTGCCTTTCCACAAGATGT
AIF1.1	71	GACGTTCCAGCTACCTGACTTTCTCAGGATGATGCTGGGUAAGAGATCTGCCATCCTAAAAATGATCCTG
AKT1.3	71	A CGCTTCTATGGCGCTGAGATTGTGTACGCCCTGGACTACCTGCACCTCGGAGAAGAAGCTGGTGTACCG
45 AKT2.3	71	GGA TCCTGCCACCCCTCAAACC1CAGGT1CACGTCCGAGGTGACACAAAGGTACTTCCATGATGAATTTACCG
AKT3.2	75	CC TTGTCTCTGCC11GGAC1ATC1ACAT1CCGGAAAGATTGTGTACCGTGATCTCAAGTTGGAGAATCTAAT
ALDH4.2	68	GCTGG GGACAGGGTAAGACCGTGATCCAAGCGGAGATTGACGCTGCAGCGGAACCTCAT3GACTTCTTCCGGTT
50 ALDH6A1.1	66	GGCTCTTTCAACAGCAGTCCTTGTGGGAGAAGCCAAGAAGTGCTGCCAGAGCTGGTGGAGCATGC
ALDOA.1	69	GCCTGTACGTGCCAGCTCCCCGACTGCCAGAGCCTCAACTGTCTCTGCTTCGAGATCAAGCTCCGATGA
ALDOB.1	80	CCCTCTACCAGAAGGACAGCCAGGGAAAGCTGTTACAGAAACATCCTCAAGGAAAAGGGATCGTGGTGG
ALOX12.1	67	GAATCAAGTTA AGTTCCCTCAATGGTGCCAACCCCATGCTGTTGAGACGCTCGACCTCTCTGCCCTCCAGGCTAGTGCT
55 ALOX5.1	66	GAGCTGCAGGACTTCGTGAACGATGTCTACGTGTACGGCATGCGGGGGCCGCAAGTCCCTCAGGCTTC
AMACR1.1	71	GGACAGTCAGTTTTAGGG11GCC1G1A1CCAG1AAC1CGGGGCTGTGTTCCCGTGGGTCTCTGGGCTG
ANGPT1.1	71	TC TCTACTTGGGG1GACAG1GCTCACGTG3CTCGACTATAGAAA1CTCCACTGACTGTGCGGGCTTTAAAAAG
ANGPT2.1	69	G CCGTGAAAGCTGCTCTGTAAAAGCTGACACAGCCCTCCCAAGTGAGCAGGACTGTTCTTCCCACTGCAA
60 ANGPTL2.1	66	GCCATCTGCGTCAACTCCAAGGAGCCT3AGGTGCTTCTGGAGAACCGAGTGCTAAGCAGGAGCTA
ANGPTL3.3	78	GTTGCGATTCTGGCAATGTCCCAATGCAATCCCGAAAACAAGATTGGTG1TTTCTACTTGGGATC
ANGPTL4.1	66	ACAAAGCA ATGACCTCAGATGGAGGCTGGACAGTAATTCAGAGGGGCCAC1ATGGCTCAGTGGACTTCAACCGG
ANGPTL7.1	67	CTGCACAGACTCCAACCTCAATGGAGTGTACTACCGCCTGGGTGAGCACAAATAAGCACCTGGATGGC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
ANTXR1.1	67	CTCCAGGTGTACCTCCAACCTAGCCTTCTGCCACAGCTGCCTACAACAGAGTCTCCAGCCTTCTC
ANXA1.2	67	GCCCCATCTACCTTCAATCCATCCTCGGATGTCGCTGCCTTGCATAAGGCCATAATGTTAAAGG
ANXA2.2	71	ACG
ANXA4.1	67	TGGGAGGGATGAAGGAAATTACTGGACGATGCTCTCGTGAGACAGGATGCCAGGACCTGTATGAG
ANXA5.1	67	GCTCAAGCCTGGAAGATGACGTGGTGGGGGACACTTCAGGGTACTACCAGCGGATGTTGGTGGTTCT
AP-1 (oficial de JUN).2	81	ACCTTATGGCTA
AP1M2.1	67	ACAACGACCGCAACCAICCCIIICATCCCGCTGATGGTGACTTTGAGCTCATGTATACCGCCTCAG
APAF1.2	66	CACAAGGAAGAAGCTGGTGAATGCAATTCAGCAGAAGCTCTCCAAATTGAAGGTGAACCAAGGATG
APC.4	69	GGACAGCAGGAATGTGTTTCTCCATACAGGTCACGGGGAGCCAATGGTTGAGAAACAAATCGAGTGGGT
APOC1.3	70	TG
APOE.1	75	GGTCAGG
APOL1.1	73	CGGACCAAGAACTGTGACCACAGGGCAGGGCAGCCACCAGGAGAGATATGCCTGGCAGGGGCCAGGA
APOLD1.1	66	GAGCAGCTGGAGTCTCGGGTTTCAGCTCTGCACCAAGTCCAGTCGTGGCCACGACCTCAAGATCTCT
AQP1.1	66	GCTTGCTGTATGACCCCTGCCACAGCCTTCCCTCTGCATTGACCTGGAGGGGAGAGGTGAGCCTT
AREG.2	82	AACGAACCAAA
ARF1.1	64	CAGTAGAGATCCCCGCAACTCGCTTGTCTTGGGTACCCCTGCATTCCATAGCCATGTGCTTGT
ARG99.1	67	GCATGGGCTACTGCTCCTTTTGTGTCACGGAGTGAGCAAGCTCTGCACCTGGCTGAATCGATGTGG
ARGHEF18.1	71	TTC
ARHA.1	73	CGAC
ARHGD1B.1	66	TGGTCCCTAGAACAAAGAGGCTTAAACCGGGCTTTACCCAACTGCTCCCTCTGATCCTCCATCA
ARRB1.1	69	TGCAGGAACGCCTCATCAAGAAGCTGGGCGAGCAGCCTTACCCTTTACCTTTGAGATCCCTCCAAACC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
ASS1.1	85	CCCCCAGATAAAGGTCAITGCTCCCTGGAGGATGCCTGAATTCTACAACCGTTCAAGGGCCGCAATGA
ATP1A1.1	67	AGAACGCCTATTTGGAGCTGGGGGGCCTCGGAGAACGAGTCTTAGGTTTCTGCCACCTCTTTCTGCC
ATP5E.1	66	CCGCTTTCGCTACAGCATGGTGGCCTACTGGAGACAGGCTGCCTCAGCTACATCCGATACTCCCA
ATP6V1B1.1	67	AACCATGGGGAACGCTGCTCCTTTTGTGCAACTTGGCCAATGACCCACGATCGAGCGGATCATCACC
AXL.1	66	TTGCAGCCCTGTCTTCTACCTATCCACCTCCATCCAGACAGGTCCCTCCCTTCTCTGTGCAG
AZU1.1	74	GGGAC
B-catenina.3	80	GGCTCTTGTGCGTACTGTCTTCCGGCTGGTGACAGGGAAGACATCACTGAGCTGCCATCTGTGCTCT
B2M.4	67	GGGATCGAGACATGTAAGCAGCATCATGGAGGTTTGAAGATGCGCATTTGGATTGGATGAATTCCA
BAD.1	73	AGCAG
BAG1.2	81	CGTTGTCAGCACTTGAATACAAGATGGTTGCCGGTTCATGT AATTGGGAAAAAGAACAGTCCACAGG
BAG2.1	69	CTAGGGGCAAAAAGCATGACTGCTTTTCTGTCTGGCATGGAATCACGCAGTCACCTTGGGCATTAG
Bak.2	66	CCATTCCGCACTTCTACCTGAGGCCAGGACGTCTGGGGTGTGGGATTGGTG3GTCTATGTTCCC
Bax.1	70	A
BBC3.2	83	ATGGAGCCCAATTAG
Bcl2.2	73	TAGG
BCL2A1.1	79	ACAGCTTCA
BCL2L12.1	73	TGAG
Bclx.2	70	G
BCRP.1	74	GTGGC
BFGF.3	77	CATCACCA

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
BGN.1	66	GAGCTCCGCAAGGATGACTTCAAGGGTCTCCAGCACCTCTACGCCCTCGTCCTGGTGAACAACAAG
BHLHB3.1	68	AGGAAGATCCCTCGCAGCCAGGAAAGGAAGCTCCCTGAATCCTTGCCTCCCGAAGGACGGAGGTTCAA
BIK.1	70	C
BIN1.3	76	CCTGCAAAAGGGAACAAGAGCCCTTCGCCTCCAGATGGCTCCCTGCCGCCACCCCCGAGATCAGAGT
BLR1.1	67	GACCAAGCAGGAAGCTCAGACTGGITGAGITCAGGTAGCTGCCCTGGCTCTGACCGAAACAGCGCT
BNIP3.1	68	CTGGACGGAGTAGCTCCAAGAGCTCTCACTGTGACAGCCACCTCGCTCGCAGACACCACAAGATACC
BRC1.1	65	TCAGGGGGCTAGAAATCTGTTGCTATGGGCCCTTCAACCAACA*GCCACAGATCAACTGGAATGG
BTRC.1	63	GTTGGGACACAGTTGGTCTGCAGTCGGCCAGGACGGTCTACTCAGCAAACTGACTGCTTCA
BUB1.1	68	CCGAGGTTAATCCAGCACGTATGGGGCCAAGTGTAGGCTCCAGCAGGAAGTGAAGAGCGCCATGTCTT
BUB3.1	73	AGC
c-kit.2	75	AGTGCC
C13 o f15.1	84	TAAATCAGCCCTTG
C1QA.1	66	CGGTATCACCACCCAGGAAGAACCGTACCAGAACCCTCCGCGCGATTCTGCTGCACTGTACCCG
C1QB.1	70	G
C20 o f1.1	65	TCAGCTGTGAGCTGCGGATACCGCCCGCAATGGGACCTGCTCTTAACCTCAACCTAGGACCGT
C3.1	67	CGTGAAGGAGTGCAGAAAGAGACATCCACCTGCAGACCTCAGTGACCAAGTCCCGGACCCGAGT
C3AR1.1	66	AAGCCGCATCCAGACTTGCTGAATCGGAATCTCTGGGGTTGGGACCCAGCAAGGGCACTTAACA
C7.1	69	T
CA12.1	66	CTCTCTGAAGGTGTCTGCGCCAGCCCTGGAGAAGCACTGGTCTCTGACAGACCCCTCAGTTCTGT
CA2.1	69	CAACGTGGAGTTTGATGACTCTCAGGACAAAGCAGTGCTCAAGGGAGGACCCCTGGATGGCACTTACAG

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
CA9.3	72	ATCCTAGCCCTGGTTTTTGGCCTCCTTTTTGCTGTGACACAGCCTCGCGTTCTTGTGCAGATGAGAAGG
CACNA2D1.1	68	CAAACATTAGCTGGGCCTGTTCCATGGCATAACACTAAGGCGCAGACTCCTAAGGCACCCACTGGCTG
CALD1.2	78	CTAATTGGC
CASP1.1	77	CCCACA
CASP10.1	66	ACCTTTCTCTTGGCCGGATGTCCTCAGGGCTGGCAGATGCAGTAGACTGCAGTGGACAGTCCCCAC
CASP6.1	67	CCTCACACTGGTGAACAGGAAAGTTCTCAGCGCCGAGTGGACTTTTGCAAGACCCCAAGTGCAATT
Caspasa 3.1	66	TGAGCCTGAGCAGAGACATGACTCAGCCTGTTCCATGAAGGCAGAGCCATGGACCACGCAGGAAGG
CAT.1	78	AAACCGGA
CAV1.1	74	CATTG
CAV2.1	66	CTTCCCTGGGACGACTTGCCAGCTCTGAGGCATGACAGTACGGGCCCCAGAAAGGTTGACAGGAG
CCL18.1	68	GCTCCTGTGCACAAAGTTGGTACCAACAAAGAGCTCTGCTGCCCTCGTCTATACCTCCTGGCAGATTCCA
CCL19.1	78	GTGCAGAGG
CCL20.1	69	CCATGTGCTGTACCAAGAGTTTGCTCCTGGCTGCTTTGATGTCACTGCTGCTACTCCACCTCTGCGGCG
CCL4.2	70	GG
CCL5.2	65	AGGTCTGAGCTCTGGCTTTGCCCTTGGCTTTGCCAGGGCTCTGTGACCAGGAAGGAAGTCAGCAT
CCNB1.2	84	TGCCCCAAGAAGATG
CCND1.3	69	GCATGTTCTGTCCTCTAAGATGAAGGAGACCATCCCCCTGACGGCCGAGAAAGCTGTGTCATCTACACCG
CCNE1.1	71	TC
Variante 1.1 de CCNE2	85	GGTCACCAAGAAACATCAGATGAAATTAGGAATTGTTGGCCACCTGTATTATCTGGGGGGATCAGTCT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5 CCNE2.2	82	ATGCTGTGGCTCCTTCCTAACTGGGGCTTTCTTGACATGTAGGTTGCTTGGTAATAACCTTTTGTATATC
CCR1.1	66	ACAATTTGGGT
CCR2.1	67	TCCAAGACCCAAATGGGAATTCACTCACCACACCTGCAGCCTTCACTTTCTCTCAGGAAAGCCTACGA
CCR4.2	82	CTCGGGAATCCTGAAAACCTGCTTCGGTGTGCGAAACGAGAGAAGAGGCATAGGGCAGTGAGAGTC
CCR5.1	67	AGACCCTGGTGGAGCTAGAAGTCTTCAGGACTGCACCTTTGAAAGATACTTGGACTATGCCATCCAGG
CCR7.1	64	CCACAGAAACTCT
CD105.1	75	CAGACTGAATGGGGGTGGGGGGGGCGCCTTAGGTACTTATTCCAGATGCCTTCTCCAGAGCAAACCAG
CD14.1	66	GGATGACATGCACTCAGCTCTTGCTCCACTGGGATGGGAGGAGAGGACAAGGGAATGTCAGG
CD18.2	81	GCAGGTGTGAGCAAGTATGATCAGCAATGAGGCGGTGGTCAATATCCTGTGAGCTCATCACCACAGCG
CD1A.1	78	GAAAAA
CD24.1	77	GTGTGCTAGCGTACTCCCGCTCAAGGAACTGACGCTCGAGGACCTAAAGATAACCGGCACCATGC
CD274.2	69	CGTCAGGACCCACCATGTCTGCCCATCACGCGGCCGAGACATGGCTTGGCCACAGCTCTTGAGGATG
CD31.3	75	TCACCAATTAACC
CD34.1	67	GGAGTGGAAGGAACTGAAACATTATTCCTGATACGCACCATTCGGTCAATTGAGGGAATTCGTAGATAC
CD36.1	67	GCCCATGA
CD3z.1	65	TCCAATAATGCCACCACCAAGGCGGCTGGTGGTGCCTGCA3TCAACAGCCAGTCTCTTCGTGCTCTC
CD4.1	67	ACTCTCTC
CD44.1	67	GCTGATGATCAGCTATGGTGGTGGCGACTACAAGCGAATTACTGTGAAAGTCAATGCCCCATACAACA
CD44s.1	78	TGTATTTCAAGACCTCTGTGCACTTATTTATGAACCTGCCCTGCTCCACAGAACACAGCAATTCCTCAG
CD44v6.1	78	GCTAA
	67	CCACTGCACACACCTCAGAGGCTGTCTTGGGGCCCTACACC TGAGGAGGGGCAGGTAACTCCTG
	67	GTAACCCAGGACGCTGAGGACAACACAGTCTCTTTCTGCAGGCCAATGGTGCCATCTTCGAACCTT
	65	AGATGAAGTGGGAAGCGCTTTTACCGCGGCCATCCTGCAGGCACAGTTGCCGATTACAGAGGCA
	67	GTGCTGGAGTCGGGACTAACCAGGTCCCTTGTCCCAAGTTCCACTGCTGCCTCTTGAATGCAGGGA
	67	GGCACCCTGCTTATGAAGGAACTGGAACCCAGAACACACACCTCCCTCATTACCATGAGCATC
	78	GACGAAGACAGTCCCTGGATCACCGACAGCAGACAGAGAATCCTGCTACCAGAGACCAAGACACATTG
	78	CACCCAGT
	78	CTCATACGACCATCCAATGCAAGGAAGGACAACACCAAGCCCAGAGGACAGTTCTGGACTGATTTCTT
	78	CAACCCAA

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35 CD53.1	72	CGACAGCATCCACCGTACCACTCAGACAATAGCACCAAGGCAGCGTGGGACTCCATCCAGTCATTCT
CD68.2	74	GCA
CD82.3	84	TGTTTCCCAGCCCTGTGTCCACCTCCAAGCCCAGATTAGAT CGAGTCATGTACACAACCCAGGGTGG
CD8A.1	68	GTGCAGGCTCAGGTGAAGTGTCTGCGGCTGGGTGAGCTTCTACAACCTGGACAGACAACGCTGAGCTCAT
CD99.1	77	GAATCGCCCTGAGGTC
cdc25A.4	71	AGGGTGAGGTGCTTGAGTCTCCAACGGCAAGGGAACAAGTACTTCTTGATACCTGGGATACTGTGCC
CDC25B.1	85	GTTCTCCGGTAGCTTTTTCAGATGCTGACCTTCCGATGGCGTTTCAGGTGGAGAAGGAAAAGGAGGCA
CDH1.3	81	GTGATGGT
CDH13.1	67	TCTTGCTGGCTACGCCCTCTTCTGTCCCTGTTAGACGTCCTCCGTCCATATCAGAAGTGTGCCAATGCA
CDH16.1	67	G
CDH2.1	66	AAACGAGCAGTTTGCCATCAGACGCTTCCAGTCTATGCCGGTGAGGCTGCTGGGCCACAGCCCCGTGC
CDH5.1	67	TTCGGAACATCACCAAC
CDH6.1	66	TGAGTGTCCCCCGGTATCTTCCCCGCCCTGCCAATCCCGATGAAATTGGAAATTTTATTGATGAAATCT
CDK4.1	66	GAAAGCGGCTG
CDK6.1	67	GCTACTTCTCCACTGTCCCGTTTCACTCTGAATGCTGCCACAACCAGCCAGGCAGGTCCACAGAGAGG
CDKN2A.2	79	67 GACTGTCTGAATGGCCAGGCAGCTAGCTGGGAGCTTGGCTCTGGCTCCATCTGAGTCCCCTGG
CEACAM1.1	71	66 TGACCGATAAGGATCAACCCCATACACCAGCCTGGAACGCAGTGTACAGAATCAGTGGCGGAGATC
CEBPA.1	66	67 ACAGGAGACGTGTTCCGCTTGGAGAGGCTGGACCGGGGAGAATATCTCAGAGTACCACCTCACTGCTG
CENPF.1	68	66 ACACAGGCGACATACAGGCCACCAAGAGGCTGGACAGGGAAGAAAAACCCGTTTACATCCTTCGAG
CFLAR.1	66	66 CCTTCCCATCAGCACAG TCGTGAGGTGGCTTTACTGAGGCGACTGGAGGCTTTTGAATCCCAA
	67	67 AGTGCCCTGTCTCACCCATCTTCCAGGACCTGGAAGGTTGCAAGAAACCTGGATTCCCACTGC
	79	AGCACTACGCCCCTAAGCGCACATTCATGTGGGCATTTCTTGCAGGCTCGCAGCCTCCGGAAGCTGTG
	71	GACTTCATGA
	66	ACTTGCCTGTTCCAGAGCACTCATTCCTTCCCACCCCAAGTCTGTCTATCACTCTAATTGGGATTTGCC
	66	TTGGTTTTGCTCGGATACTTGCCAAAATGAGACTCTCCGTGCGGAGCTGGGGGAAGGGTCTGAGAC
	68	CTCCCGTCAACAGCGTCTTTTCCAAACACTGGACCAGGAGTGCATCCAGATGAAAGGCCAGACTCACCC
	66	GGACTTTTGTCCAGTGACAGCTGAGACAACAAGGACCACGGGAGGAGGTGTAGGAGAGAAGCGCCG

ES 3 027 507 T3

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5	CGA (oficial de CHGA).3	76 CTGAAGGAGCTCCAAGACCTCGCTCTCCAAGGCGCCAAGGAGAGGGGCACATCAGCAGAAGAAACACAG
	Chk1.2	82 GATAAATTGGTACAAGGGATCAGCTTTTCCCAGCCCACATGTCCTGATCATATGCTTTTGAATAGTCAGTT
	Chk2.3	78 ATGTGGAACCCCACTACTTGGCGCCTGAAGTTCTTCTTTCTGTTGGGACTGCTGGGTATAACCGTGC
10	CIAP1.2	72 TGCCTGTGGTGGGAAGCTCAGTAACCTGGGAACCAAAGGATGATGCTATGTCAGAACACCGGAGGCATTT
	clAP2.2	86 GGATATTTCCGTGGCTCTTATTCAAACCTCTCCATCAAATCCTGTAAACTCCAGAGCAAATCAAGATTTTTTC
	CLCNKB.1	67 TGCCTTGATGAGAAG
	CLDN10.1	66 GTGACCCTGAAGCTGTCCCGAGAGACTTCCCTGCATGAGGCACACAACCTCTTTGAGCTGTTGAACC
15	CLDN7.2	74 GGTCTGTGGATGAACTGCGCAGGTAAACGCGTTGGGTTCTTTCCATTGCCGACCGCATTTTACTATC
	CLU.3	76 GGTCTGCCCTAGTCATCCTGGGAGGTGCACTGCTCTCCTGTTCTGTCTGGGAATGAGAGCAAGGCTG
	cMet.2	86 GGTAC
20	cMYC.3	84 TCCCAGGATACCTACCACTACCTGCCCTTCAGCCTGCCCAACCGGAGGCCTCACTTCTTTTCCCAAG
	COL18A1.1	67 GACATTTCCAGTCTGCACTCAATGCCTCTCTGCCCAACCTTTGTTTCACTGTGGCTGGTGCCACGACA
	COL1A1.1	68 AATGTGTGCGATCGGAG
25	COL1A2.1	80 TCCCTCCACTCGGAAGGACTATCCTGCTGCCAAGAGGGTCAAATTGGACAGTG CAGAGTCTCTGAGACA
	COL4A1.1	66 GATCAGCAACAACCG
	COL4A2.1	67 AGCTGCCATCACGCCTACATCGTGCTCTGCATTGAGAACAGC TCATGACTGCCTCCAAGTAGCCAC
	COL5A2.2	72 GTGGCCATCCAGCTGACCTTCTGCGCCTGATGTCCACCGAGGCCTCCAGAAATCACCTACCACTG
30	COL7A1.1	66 CAGCCAAGAACTGGTATAGGAGCTCCAAGGACAAGAAACAGCTCTGGCTAGGAGAACTATCAATGCTG
	COX2.1	79 GCAGCCAGTTT
		66 ACAAAAGGCTCCAGGATTGGATGGCATCCCTGGTGTCAAAG3AGAAGCAGGTCTTCTGGGACTC
		67 CAACCCTGGTGATGTCTGCTACTATGCCAGCCGGAACGACAAGTCCCTACTGGCTCTCTACCACTGCG
		72 GGTGAGGAACCCAAGGTCCGCCTGGTGCTACAGGATTTCTGTTCTGCGGGCAGAGTTGGACCTCC
		66 GGTGACAAAGGACCTCGGGGAGACAATGGGGACCCCTGGTGACAAGGGCAGCAAGGGAGAGCCTGGT
		79 TCTGCAGAGTTGGAAGCACTCTATGTTGACATCGATGCTGTGGAGCTGTATCCTGCCCTTCTGGTAGAA
		79 AAGCCTCGGC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35	CP.1	73 CGTGAGTACACAGATGCCTCCTTCACAAATCGAAAGGAGAGAGGCCCTGAAGAAGAGCATCTTGGCATC
	CPB2.1	67 CTGG
40	CRADD.1	69 GGCACATACGGATTCTTGCTGCCGGAGCGTTACATCAAACCCACCTGTAGAGAAGCTTTGCCCGCTG
	cripto (oficial de TDGF1).1	65 GATGGTGCCTCCAGCAACCGCTGGGGAGTGTGTCCCTGAGTCAATGTTGGGCTGAATCCTGACTTTCACTC
	CRP.1	66 GGGTCTGTGCCCATGACACCTGGCTGCCCAAGAGTGTTCCTGTGTAATGCTGGCAGCGGTCA
	CSF1.1	74 GACGTGAACCAAGGGTGTCTGTGACAGAGGAGCCATCTCCATCTCCCAAGCTCCCTATCTGGAG
45	CSF1R.2	80 TGCAGCGGTGATTGACAGTCAGATGGAGACCTCGTGCCAAATACATTTGAGTTTGAGACCAGGAAC
	CSF2.1	76 AGTTG
	CSF2RA.2	67 GAGCACAACCAACCTACGAGTGCAGGGCCCAACAGCGTGGGGAGTGGCTCCTGGGCCTTCATACC
	CSF3.2	79 CATCTCTGCAGG
50	CTGF.1	76 GAACCTGAAGGACTTTCTGCTGTGATCCCTTTGACTGCTGGGAGCCAGTCCAGGAGTGAGACCGGCC
	CTSB.1	62 AGATGAG
	CTSD.2	80 TACCACACCCAGCATTCCTCTGATCCCAGAGAAATCGGATCTGCGAACAGTGGCACCAGCCTCTAG
55	CTSH.2	77 CCCAGGCCTCTGTGCTTCCCTGCATTTCTGAGTTTCACTTCTGCTGCTGTAGCAGTGAGAAAAGCTC
	CTSL.2	74 CTGTCCTCC
	CTSL2.1	67 GAGTTCAAGTGCCCTGACGGCGAGGTGATGAAGAAGAACATGATGTTTCATCAAGACCTGTGCCTGCCAT
	CTSS.1	76 TACAAC
60	CUBN.1	71 GGCCGAGATCTACAAAACGGGCCGCTGGAGGGAGCTTTCTCTGTGTATTGCGACTTCTCTGC
	CUL1.1	71 GTACATGATCCCTGTGAGAAGGTGTCCACCTGCCCGCGATCACACTGAAGCTGGGAGGCAAAGGCT
	CUL4A.1	75 ACAAGCTGTCCC
		77 GCAAGTTCCAACCTGGAAGGCCATCGGCTTTGTCAAGGATG AGCCAACATCACAATCTATGACGAGG
		74 GGGAGGCTTATCTCACTGAGTGAGCAGAATCTGGTAGACTGC CTGGGCCTCAAGGCAATGAAGGCTGC
		67 AATGG
		67 TGTCTCACTGAGCGAGCAGAATCTGGTGGACTGTTCCGCTCCTCAAGGCAATCAGGGCTGCAATGGT
		76 TGACAACGGCTTTCCAGTACATCATTGATAACAGGGCATCGA CTGAGAGGCTTCTATCCCTACAAAGC
		71 GAGGCCGTTACTGTGGCACCGACATGCCCCATCCTATCACATCTTCAGCAGGCCCTGACGCTGAGAT
		71 TC
		71 ATGCCCTGGTAATGTCTCCATTCAACAATGACGCTGGCTTTGTGGCTGCTCTTGATAAGGCTTGTGGTCG
		75 C
		75 AAGCATCTTCTGTTCTT3GACCGCACCTATGTGCTGCAGAACTCCACGCTGCCCTCCATCTGGGATAT
		75 GGGATT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
CX3CL1.1	66	GACCCCTTGCCGTCTACC GAGGGGCTCTTATGGGCTGGGTT TACCCAGGTGCTAGGAACACTCC
CX3CR1.1	68	TTCCAGTTGTGACATGAGGAAGGATCTGAGGCTGGCCCTCAGTGTGACTGAGACGGTTGCATTTAGC
CXCL10.1	68	GGAGCAAATCGATGCAGTGCTTCCAAGGATGGACCACACAGAGGCTGCCTCTCCCATCACTTCCCTA
CXCL12.1	67	GAGCTACAGATGCCCATGCCGATTCTTCGAAAGCCATGTTGCCAGAGCCAAAGTCAAGCATCTCAA
CXCL14.1	74	ATTG
CXCL9.1	70	C
CXCR4.3	72	CT
CXCR6.1	67	CAGAGCCTGACGGATGTGTTCTGGTGAACCTACCCCTGGCTGACCTGGTGTGTTGCTGCACTCTGC
CYP2C8.2	73	CACT
CYP2C8v2.1	70	G
CYP3A4.2	79	GAGGTTTGC
CYR61.1	76	CAGCCAC
DAG1.1	67	GTGACTGGGCTCATGCCTCCAAGTCAGAGTTTCCCTGGTGGCCAGAGACAGGAGCACAAGTGGGAT
DAPK1.3	77	GAAAGAGA
DCBLD2.1	69	TCACCAGGGCAGGAAGTTTATCATGCCTATGCTGAACCACTCCCAATTACGGGGCTGAGTATGCAACC
DCC.3	75	CATTCA
DCN.1	67	GAAGGCCACTATCATCCTCTCTGCTTGACACAAGTTTCTGGTGGGACCGTTTCAACAGAGAGGC
DCXR.1	66	CCATAGCGTCTACTGCTCCACCAAGGGTGCCTGGACATGCTGACCAAGGTGATGGCCCTAGAGCT
DDC.1	67	CAGAGCCAGACACCATGAACGCAAGTGAATTCCGAAGGAGAGGGAAGGAGATGTTGGATTACGTGG
DEFB1.1	68	GATGGCCTCAGGTGGTAACTTCTCACAGGCCTTGGCCACAGATCTGATCATTACAATTGGCTCAGCA

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
DET1.1	70	G
DHPS.3	78	GGGAGAACGGGATCAATAGGATCGGAAACCTGCTGGTGCCCAATGAGAATTAC GCAAGTTTGAGGACT
DIABLO.1	73	GTGT
DIAPH1.1	62	CAAGCAGTCAAGGAGAACCAGAAGCGCGGGAGACAGAAGA AAGATGAGGCGAGCAAACT
DICER1.2	68	TCCAATTCCAGCATCACTGTGGAGAAAAGCTGTTTGTCTCCCCAGCATACTTATCGCCCTCACTGCC
DKFZP564O0823.1	66	CAGCTACACTGTCCGAGTCCGCTGCTGAGCCTCCACACTCATCTCCCTCAAAGCTCCAGCCTCAT
DLC1.1	68	GATTCAGACGAGGATGAGCCTTGTGCCATCAGTGGCAAATGGACTTTCCAAAGGACAGCAAGAGGTTG
DLL4.1	67	CACGGAGGTATAAGGCAGGAGCCTACCTGGACATCCCTGCTCAGCCCCGGCGGCTGGACCTTCTTCT
DPEP1.1	72	CTTA
DPYS.1	70	T
DR4.2	83	AATCAGATGAAGA
DR5.2	84	AGTTGGGCTCATGG
DUSP1.1	76	GTTTGTG
DUSP9.1	77	TTTGCGGG
E2F1.3	75	GGCCTG
EBAG9.1	66	CGCTCCTGTTTTCTCATCTGTGCAGTGGGTTTTGATTCCACCATGGCCATCACCCAGTTTCGGT
ECRG4.1	66	GCTCCTGCTCCTGTGCTGGGGCCAGGTGGCATAAGTGGAAATAAAGTCAAGC GATGCTTCAAAA
EDG2.1	72	GC
EDN1 endothelin.1	73	TCCA
EDN2.1	79	TTACGGCCTG

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5 EDNR.2	76	TTTCCTCAAATTTGCCTCAAGATGGAAACCCCTTTGCCTCAGGGCATCCTTTTGGCTGGCACTGGTTGGATGTGTAA
EDNRB.1	72	ACTGTGAACTGCCTGGTGCAGTGTCCACATGACAAAGGGGCGAGTAGCACCCCTCTCTACCCCATGCTGT
EEF1A1.1	67	CGAGTGGAGACTGGTGTCTCAAACCCGGTATGGTGGTCACCTTTGCTCCAGTCAACGTTACAACGG
EFNB1.2	66	GGAGCCCGTATCCTGGAGCTCCCTCAACCCCAAGTTCCTGAGTGGGAAGGGCTTGGTGATCTATCC
10 EFNB2.1	73	TGACATTATCATCCCGCTAAGGACTGCGGACAGCGTCTTCTGCCCTCACTACGAGAAGGTCAGCGGGGA
EGF.3	84	CTTTGCCTTGCTCTGTACAGTGAAGTCAGCCAGAGCAGGGCTGTTAAACTCTGTGAAATTTGTCATAAG
EGFR.2	62	GGTGTCAAGTATTTTGTGATGGAGCTTCCAGAACCACTGGGCGAGCTGCCAAAAGTGTGATCCAAGCTGTCCCAAT
EGLN3.1	68	TGTGATGGAGCTTCCAGAACCACTGGGCGAGCTGCCAAAAGTGTGATCCAAGCTGTCCCAAT
15 EGR1.1	76	GCTGGTCTCTACTGCGGAGCCGGCTGGGCAAACTACTACGTCAAGGAGAGGCTCTAAGGCAATGGTGG
EIF2C1.1	67	GTCCCCGCTGCAGATCTCTGACCCGTTCCGATCCTTTCTCACTCGCCACCATGGACAACCTACCCTAA
EIF4EBP1.1	66	GCTGGAG
ELTD1.1	66	CCCTCACGGACTCTCAGCGCGTTCGCTTCCACCAAGGAGATCAAGGGCCTGAAGGTGGAAGTCACCCA
20 EMCN.1	73	GGCGGTGAAGAGTCAAGTGTGAGATGGACATTTAAAGCACCAAGCATCGTGTGGAGCACTACCAA
EMP1.1	75	AGGTCTTTGTGCAAGAGGAGCCCTCGCTCTTCTGTTCTCTCGGCCACCACTGGATCTTTGGGGTT
ENO2.1	67	AGGCACTAGGGTGGAAAAATGCAAGCACTTCAGCAACCAAGCCGGTCTTATTCAGTATTATTTGCGG
ENPEP.1	67	GCTAGTACTTTGATGCTCCCTTGATGGGGTCCAGAGAGCCCTCCCTGCAGCCACCAGACTTGGCCTCCAG
ENPP2.1	67	CTGTTT
EPAS1.1	72	TCCTTGGCTTACCTGACCTCTTGCTGTCTCTGCTCGCCCTCCTTTCTGTGCCCTACTCATTGGGGTT
EPB41L3.1	66	CACCTACACGGAGAACG3ACAAGTCAAGAGCATAGTGGCCACCGATCATGAACCAACAGATGCCAGG
30 EPHA2.1	72	CTCCTGCGCACTAATACCTTCAGGCCAACCATGCCAGAG3AAGTTACCAGACCCAAATTATCCAGGGA
EPHB1.3	67	AAGCCTTGGAGGGTTTCATTGCCGTGGTGACCCAAGATGGCGACATGATCTTTCTGTGAGAAAACATCA
	72	GCA
	66	TCAGTGCCATACGCTCTCACTCTCTCCTTCCCTCTGGCTCTGT3CCTCTGCTACCTGGAGCCCAAG
		CGCCTGTTCAACCAAGATGACACCATTCGCCCCGATGAGATCACCGTCAGCAGCGACTTCGAGGCACGC
	72	CAC
	67	CCTTGGGAGGGAAGATCCCTGTGAGATGGACAGCTCCAGAGGCCATCGCCTACCGCAAGTTCACCTC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35 EPHB2.1	66	CAACCAGGCAGCTCCATCGGCAGTGTCCATCATGCATCAGGT3AGCCGACCCGTGGACAGCATTAC
EPHB4.1	77	TGAACGGGGTATCCTCCTTAGCCACGGGGCCCGTCCCATTGAGCCTGTCAATGTCACCACTGACCGAG
40 EPO.1	84	AGGTACCT
ErbB3.1	81	CAGTGCCAGCAATGACATCTCAGGGGCCAGAGGAACTGTCCAGAGAGCAACTCTGAGATCTAAGGATGT
ERBB4.3	86	CACAGGGCCAACTTG
ERCC1.2	67	CGGTTATGTCATGCCAGATACACACCTCAAAGGTAAGTCCCTCCCTCCCGGGAAGGCACCCCTTTCTTCAGT
ERCC4.1	67	GGGTCTCAGTTC
EREG.1	91	TGGCTCTTAATCAGTTTCGTTACCTGCCTCTGGAGAATTTACG3ATTATTCTGGGACAAAACCTTTATGAG
50 ERG.1	70	GATCGATATGCCTTG
ERK1.3	67	GTCCAGGTGGATGTGAAAGATCCCCAGCAGGCCCTCAAGGAGCTGGCTAAGATGTGTATCCTGGCCG
ERK2.3	68	CTGCTGGAGTACGAGCGACAGCTGGTGTGGAAGTGTGCTCGACACTGACGGGCTAGTAGTGTGCGCCC
ESPL1.3	70	ATAACAAAGTGTAGCTCTGACATGAATGGCTATTGTTTGCATG3ACAGTGCATCATTCTGGTGGACATGA
ESRRG.3	67	GTCAAAACTACTGCAGGTGTG
F2.1	77	CCAACACTAGGCTCCCCACCAGCCATATGCCTTCTCATCTGGGCACTTACTACTAAAGACCTGGCGGAG
F3.1	73	G
FABP1.1	66	ACGGATCACAGTGGAGGAAGCGCTGGCTCACCCCTACCTGGAGCAGTACTATGACCCGACGGATGAG
FABP7.1	72	AGTTCTTGACCCCTGGTCTGTCTCCAGCCCGTCTTGGCTTATCCACTTTGACTCCTTTGAGCCGTTT
FAP.1	66	ACCCCCAGACCGGATCAGGCAAGCTGGCCCTCATGTCCCTTCACGGTGTGTTGAGGAAGTCTGCCCTAC
fas.1	91	A
	67	CCAGCACCATTTGTTGAAGATCCCAGACCAAGTGTGAATACATGCTCAACTCGATGCCCAAGAGACT
		GCTGCATGTCTGGAAGGTAAGTGTGCTGAGGGTCTGGGTACC.AACTACCGAGGGCATGTGAACATCACC
	77	CGGTCAAG
	73	GTGAAGGATGTGAAGCAGACGTACTTGGCACGGGTCTTCTCTACCCGGCAGGGAATGTGGAGAGCAC
		CGGTT
	66	GGGTCCAAAGTGATCCAAAACGAATTCACGGTGGGGGAGGAATGTGAGCTGGAGACAATGACAGGG
	72	GGAGACAAAGTGGTCATCAGGACTCTCAGCACATTCAAGAACACGGAGATTAGTTTCCAGCTGGGAGAA
	66	GAG
		CTGACCAGAACCACGGCTTATCCGGCCTGTCCACGAACCACTTATACACCCACATGACCCACTTCC
		GGATTGCTCAACAACCATGTGGGCATCTGGACCCCTCCTACCTCTGGTCTTACGTCTGTGCTAGATTA
	91	TCGTCCAAAAGTGTTAATGCC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5 fas.2	80	GCACTTTGGGATTCTTTCCATTATGATTCTTTGTTACAGGCACCGAGAATGTTGATTTCAGTGAGGGTCTTCTTACATGC
FBXW7.1	73	AC
FCER1G.2	73	TGCCATCCTGTTTCTGTATGGAATTGTCTCACCCCTCCTCTACTGTGCGACTGAAGATCCAAGTGCGAAAGGCA
10 FCGR3A.1	67	GTCTCCAGTGGAAGGGAAGCCCATGATCTTCAAGCAGGGAAGCCCCAGTGA3TAGCTGCATTCTTGGATGATTACCTTGACCTCTTTGGGGACCCCAAGTGTGACCGGCAAAATGGCACTGACATCCAGGACAA
FDP5.1	77	CAAATGCA
FEN1.1	66	GTGGAGAAGGGTACGCCAGGGTCTGCTGAGAGACTCTGTTCTCCCTGGAGGGACTGGTTGCCATGAG
FGF1.1	66	GACACCGACGGGCTTTTATACGGCTCACAGACACCAATGAGGAATGTTTGTTCCTGGAAAGGCTG
15 FGF2.2	76	AGATGCAGGAGAGAGGAAGCCTTGCAAACCTGCAGACTGCTTTTGCCCAATATAGATTGGGTAAGGCTGCAAAAC
FGF9.1	67	CACAGCTGCCATACTTCCGACTTATCAGGATTCTGGCTGGTGGCCTGCGGAGGGTGCAGTCTTACTT
FGFR1.3	74	CACGGGACATTACCCACATCGACTACTATAAAAGACAACCAACGGCCGACTGCCTGTGAAGTGGATGGCA
Isoforma 1.1 de FH.1	80	AATTCCTCACTC
20 FHIT.1	67	ATGTTTGACAGCCCAAGT3ATGGGGAACCATGTTGCTGTCACTGTCCGAGGCGAGCAATGGACATTTTG
FHL1.1	66	CCAGTGGAGCGCTTCCATGACCTGGCTCCTGATGAAGTGGCCGATTTTTCAGACGACCCAGAGAG
FIGF.1	72	ATCCAGCCTTTTCCGAATACATCCTATCTGCCACACATCCAGCGTGAGGTCCCTCCAGCTACAAGG
FILIP1.1	66	GGTTCCAGCTTTCTGTAGCTGTAAAGCATTGGTGGCCACACCACCTCCTTACAAAGCAACTAGAACCTGGC
25 FKBP1A.1	76	GC
FLJ22655.1	82	ACACCGGTCAACAGTCATCTGCTCGAGGAACCCAGTCAGTGTGAGGACAAGACGGGTGATCCCAG
FLT1.1	75	CTGCCCTGACTGAATGTGTTCTGTCACTCAGCTTTGCTTCCGACACCTCTGTTTCTCTTCCCCTTTCTC
30 FLT3LG.1	71	CTCCTTCACACAGAACCCTTCATTTATTGTACAACATCACACTCACCCCTAACCTACTGGCGGACAGCGATC
		CCAGTTTGCCT
		GGCTCCTGAATCTATCTTTGACAAAATCTACAGCACCAAGAGCCACGTGTGGTCTTACGGAGTATTGCTG
		TGGGA
		TGGGTCCAAGATGCAAGGCTTGTCTGGAGCGGTGAACACGGAGATACACTTTGTACCAAATGTGCCTT
		TC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35 FLT4.1	69	ACCAAGAAGCTGAGGACCTGTGGCTGAGCCCGCTGACCATGGAAGATCTTGTCTGCTACAGCTTCCAGG
FN1.1	69	GGAAGTGACAGACGTGAAGGTCAACATCATGTGGACACCGCTGAGAGTGCACTGACCGGCTACCGTG
40 FOLR1.1	67	T
FOS.1	67	GAACGCCAAGCACCACAAGGAAMAGCCAGGCCCGAGGACAAGTTGCATGAGCAGTGTGACCCCTGG
FRAP1.1	66	CGAGCCCTTTGATGACTTCTGTTCACAGCATATCCAGGCCAGTGGCTCTGAGACAGCCCGCTCC
FRP1.3	75	AGCGCTAGAGACTGTGGACCGCTGACGGAGTCCCTGGATTGACTGACTATGCCTCCCGGATCAT
45 FST.1	72	TTGGTACCTGTGGGTAGCATCAAGTTCTCCCGAGGTAGAAITCAATCAGAGCTCCAGTTTGCAATTTGG
FZD2.2	78	ATGTG
G-Catenina,1	68	GTAAGTCGGATGAGCCTGTCTGTGCCAGTGACAATGCCACTTATGCCAGCGAGTGTGCCATGAAGGAAG
50 GADD45B.1	70	CTG
GAS2.1	68	TGGATCCTCACCTGGTGGGTGCTGTGCTGCGCTTCCACCTTCTCACTGTCAACCAGTACTTGGTAGAC
GATA3.3	75	ATGCAGCGC
GATM.1	67	TCAGCAGCAAGGGCATCATGGAGGAGGATGAGGCCTGCGGGGCGCCAGTACACGCTCAAGAAAACCAAC
GBL.1	66	ACCCCTCGACAAGACCACACTTTGGGACTTGGGAGCTGGGGCTGAAGTTGCTCTGTACCCATGAACCTCC
GBP2.2	83	A
GCLC.3	71	AACATGTCTATGGTCCGTGTGGGAGGAGGCTGGGAACTTTTG3AGGGTATTTGTTGAAACACGACCCC
GCLM.2	85	CAAAGGAGCTCACTGTGGTGTCTGTGTTCCAACCACTGAATCTGGACCCCATCTGTGAATAAGCCATTCT
GFRA1.1	69	GACTC
		GATCTCGGCTTGGACGAACCTTGACAGGATGGGTGCAGCGAACTTTCCAGAGCACCCAGGCAGCTAC
		GCTGTCAATAGCACCGGAACTGCTATGTCTGGAATCTGACGGGGGCACTTG3GACGAGGTGACC
		GCATGGGAACCATCAACCAGCAGGCCATGGACCAACTTCACTATGTGACAGAGCTGACAGATCGAATCA
		AGGCAAACTCCTCA
		CTGTTGCAGGAAGGCATTGATCATCTCCTGGCCAGCATGTTGCTCATCTCTTTATTAGAGACCCACTGA
		C
		TGTAGAATCAAACCTTTCATCATCAACTAGAAGTGCACTTGACATGGCCTGTTCACTCTTGGAGTTCCA
		CAGCTGGATTCTGTG
		TCCGGGTAAAGACAAGCCCTGGGGCCAGCAGGCTCTGAGAATGAAATTCCTCACTCATGTTTGGCAC

Tabla B

	Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5	GJA1.1	68	GTTCACTGGGGGTGTATGGGGTAGATGGGTGGAGAGGGAGGGGATAAGAGAGTGCATGTTGGTATTT
	GLYAT.1	68	TACCATTGCAAGGTGCCAGATGCTGCAGATGCTGGAGAAATCTTGAGGAAGAGCCTCCAGCATCC
	GMNN.1	67	GTTGCTACGAGGATTGAGCGTCTCCACCCAGTAAGTGGGCAAGAGGCGGCAGGAAGTGGGTACGCA
10	GNAS.1	72	GAACGTGCCTGACTTTGACTTCCCTCCCGAATTCTATGAGCATGCCAAGGCTCTGTGGGAGGATGAAGG
	GPX3.1	68	TGATGCGCCTGGAAACAGTCAGCAGGCAACTCCGAAGGACAACGAGATAAGCACCTTTTCAACCTCG
	GPX1.2	67	GCTTATGACCGACCCCAAGCTCATCACCTGGTCTCCGGTGTGTGCGCAACGATGTGCCTGGAACCTT
	GPX2.2	75	CACACAGATCTCCTACTCCATCCAGTCTGAGGAGCCTTAGGATGCAGCATGCCTTCAGGAGACACTGC
15	GPX3.1	69	TGGACC
	GRB14.1	76	GCTCTAGGTCCAATTGTTCTGCTCTAACTGATACCTCAACCTTGGGGCCAGCATCTCCCACTGCCTCCA
	GRB7.2	67	TCCCAGTGAAGCCCTTTCAGTTGCGGTTGAAGAAGGACTCGCTTGGAGGAAAAAGGATGTTACGCCT
	GRO1.2	73	GGGCACT
20	GSTM1.1	86	CCATCTGCATCCATCTTGTGTTGGGCTCCCCACCCTTGAGAAGTGCCTCAGATAATACCCTGGTGGCC
	GSTM3.2	76	CGAAAAGATGCTGAACAGTGACAAATCCAACCTGACCAGAAGGGAGGAGGAAGTCACTGGTGGCTGTTT
	GSTp.3	76	CTGA
25	GSTT1.3	66	AAGCTATGAGGAAAAGAAGTACACGATGGGGGACGCTCCTGATTATGACAGAAGCCAGTGGCTGAATGA
	GZMA.1	79	AAAATTCAAGCTGGGCC
	HADH.1	66	CAATGCCATCTTGGGCTACATCGCTCGCAAGCACACATGTGTGGTGAGACTGAAGAAGAAAAGATTGG
	HAVCR1.1	76	AGTGGAC
30	HDAC1.1	74	GAGACCCTGCTGTCCAGAACCCAGGGAGGCAAGACCTTCATTGTGGGAGACCAGATCTCCTTCGCTGAC
		76	TACAACC
		66	CACCATCCCCACCCTGTCTTCCACAGCCGCTGAAAGCCACAATGAGAATGATGCACACTGAGGCC
		79	GAAAAGAGTTTCCCTATCCATGCTATGACCCAGCCACACGCCAAGGTGACCTTAACTTTTACAGCTGACG
		66	GAAAAAGCA
		66	CCACCAGACAAGACCGATTGCTGGCCTCCATTTCTTCAACCCAGTGCCTGTCTGTAAGAACTTGTGG
		76	CCACCCACGGTCACGACTACTCCAATTGTCAAACTGTTCCAAACCGTCACGACTGTTGGAACGAGCACCA
		74	CTGTTT
		74	CAAGTACCACAGCGATGACTACATTAATTTCTTGGCTCCATCCGTCCAGATAACATGTGCGAGTACAGC
		74	AAGC

Tabla B

	Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35	Hepsin.1	84	AGGCTGCTGGAGGTCATCTCCGTGTGTGATTGCCCCAGAGGCCGTTTCTTGGCCGCCATCTGCCAAGA
	HER2.3	70	CTGTGGCCGCAGGAAG
40	HGD.1	76	CGGTGTGAGAAGTGCAAGCCCTGTGCCGAGTGTGCTATGGTCTGGGCATGGAGCACTTGCGAGA
	HGF.4	65	GG
	HGFAC.1	72	CTCAGGTCTGCCCTACAATCTCTATGCTGAGCAGCTCTCAGGATCGGCTTCACTTGTCCACGGAGCA
	HIF1A.3	82	CCAATAA
45	HIF1AN.1	66	CCGAAATCCAGATGATGATGCTCATGGACCCTGGTGCTACACGGGAAATCCACTCATTCCTTGGG
	HIST1H1D.1	67	CAGGACACAAGTGCCAGATTGCGGGCTGGGGCCACTTGGATGAGAAGCTGAGCGGCTACTCCAGCTCC
	HLA-B.1	78	CTGC
50	HLA-DPA1.1	78	TGAACATAAAGTCTGCAACATGGAAGGTATTGCACTGCACAGGCCACATTCACGTATATGATACCAACAG
	HLA-DPB1.1	73	TAACCAACCTCA
	HLA-DQB1.1	67	TGTTGGCCAGGTCTCACTGCAAGCTGCCCGAGGCTAACTGGCTAGAGCCTCCAGGCCCTATGATGC
	HLADQA1.2	76	CGCCCTGAAGAGAGAATGTTCCATATCAGAGCTGTGATCTTGAGAGCCCTCTCCTTGGCTTTCCTGCTGA
55	HMGB1.1	71	GTCTCCGA
	HNRPA1.1	84	TCCATGATGGTTCTGCAGGTTTCTGCGGGCCCCCGGACAGTGGCTCTGACGGCGTTACTGATGGTGCT
	HPCAL1.1	70	GCTCA
60	HPD.1	78	GGTCTGCTCGGTGACAGATTCTATCCAGGCCAGATCAAAGTCCGGTGGTTTCCGAATGATCAGGAG
	HSD11B2.1	69	CATCTTTCTCCTGTGGTCAACATCACATGGCTGAGCAATGGGCAGTCAGTCACAGAAGGTGTTCTGA
	HSP90AB1.1	66	GACCAGC
		71	TGGCCTGTCCATTGGTGATGTTGCCAAGAACTGGGAGAGATGTGGAATAACACTGCTGCAGATGACAA
		71	GC
		84	AGCAGGAGCGACCAACTGATCGCACACATGCTTTGTTTGGATATGGAGTGAACACAATTATGTACCAAAAT
		70	TAACCTTGGCAAAC
		78	CAGGCAGATGGACACCAACAATGACGGCAAACCTGTCTTGGAAAGAATTCATCAGAGGTGCCAAGAGCGA
		78	C
		78	AGCTGAAGACGGCCCAAGATCAAGGTGAAGGAGAACATTGATGCCCTGGAGGAGCTGAAAACTCCTGGTG
		78	GACTACGACG
		69	CCAACCTGCCTCAAGAGCTGCTGCAGGCCTACGGCAAGGACTACATCGAGCACTTGCATGGGCAGTTCC
		66	GCATTGTGACCAGCACCTACGGCTGGACAGCCAATATGGAGCGGATCATGAAAGCCCAGGCACCTC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5 HSPA1A.1	70	CTGCTGCGACAGTCCACTACCTTTTTCGAGAGTGACTCCCGT GTCCCAAGGCTTCCAGAGCGAACCTG
HSPA8.1	73	CCTCCCTCTGGTGGTGCTTCCTCAGGGCCCACCATTGAAGAGGTTGATTAAGCCAACCAAGTGTAGATG
HSPB1.1	84	CCGACTGGAGGAGCATAAAAGCGCAGCCGAGCCAGCCGCCCGCACTTTTCTGAGCAGACGTCCAGAG
HSPG2.1	66	CAGAGTCAGCCAGCAT
10 HTATIP.1	66	GAGTACGTGTGCCGAGTGTGGGCAGCTCCGTGCCTCTAGAGGCTCTGTCTGGTCAACATTGAG
HYAL1.1	78	66 TCGAATTGTTTGGGCACTGATGAGGACTCCAGGACAGCTCTGATGGAATACCGTCAGCACCCACGC
HYAL2.1	67	TGGCTGTGGAGTTCAAATGTGATGCTACCCTGGCTGGCAGGCACCGTGGTGTGAGCGGAAGAGCATG
HYAL3.1	67	TGGTGAATTGG
15 ICAM1.1	68	CAACCATGCACCTCCAGTCTACGCTTTACACGACCCACCTACAGCCGAGGCTCACGGGGCTTAGT
ICAM2.1	62	TATGTCCGCCTCACACACCGGAGATCTGGGAGGTTCTGTCCAGGATGACCTTGTGCAGTCCATTG
ICAM3.1	67	GCAGACAGTGACCATCTACAGCTTTCCGGCGGCCCAACGTGATCTGACGAAGCCAGAGGTCTCAGAAG
ID1.1	70	GGTCATCCTGACACTGCAACCCACTTTGGTGGCTGTGGGCAAGTCCCTTCAACATTGAGTGCA
20 ID2.4	76	67 GCCTTCAATCTCAGCAACGTGACTGGCAACAGTCCGATCCTC GCTCAGTGTACTGCAATGGCTCTC
ID3.1	80	AGAACCAGCAAGGTGAGCAAGGTGGAGATTCTCCAGCACGTCTATCGACTACATCAGGGACCTTCAGTTGG
IFI27.1	71	AACGACTGCTACTCCAAGCTCAAGGAGCTGGTGCCAGCATCCTCCAGAACAGAAGGTGAGCAAGATG
25 IGF1.2	76	76 GAAATCC
IGF1R.3	83	CTTCACCAAATCCCTTCTGGAGACTAAACCTGGTGCTCAGGAGCGAAGGACTGTGAACCTTGTGGCCTG
IGF2.2	72	80 AAGAGCCAGAG
IGFBP2.1	73	CTCTCCGGATTGACCAAGTTCATCCTGGGCTCCATTGGGTCTGCCATTGCGGCTGTCAATTGCCAGGTTT
IGFBP3.1	66	71 TA
		TCCGGAGCTGTGATCTAAGGAGGCTGGAGATGTATTGCGCACCCCTCAAGCCTGCCAAGTCAGCTCGCT
		76 CTGTCCG
		GCATGGTAGCCGAAGATTTTACAGTCAAATCGGAGATTTTGGTATGACGCGACATATCTATGAGACAGA
		83 CTATTACCGGAAA
		CCGTGCTTCCGGACAACTTCCCCAGATACCCCGTGGGCAAGTTCTTCCAATATCACACCTGGAAGCAGT
		72 CCA
		GTGGACAGCACCATGAACATGTTGGGCGGGGAGGCAGTGTGCGCCGGAAGCCCTCAAGTCGGGTA
		73 TGAAGG
		66 ACATCCCAACGCATGCTCCTGGAGCTCACAGCCTTCTGTGGTGTCAITTTCTGAAACAAGGGCGTGG

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35 IGFBP5.1	69	TGGACAAGTACGGGATGAAGCTGCCAGGCATGGAGTACGTTGACGGGGACTTTTCAAGTCCACACCTTC
IGFBP6.1	77	G
40 IL-7.1	71	TGAACCGCAGAGACCAACAGAGGAATCCAGGCACCTCTACCACGCCCTCCAGCCCAATTCTGCGGGT
IL-8.1	70	GTCCAAGAC
IL10.3	79	GCGGTGATTGCGAAATTCGCGAATTCCTCTGGTCTCATCCAGGTGCGCGGGAAGCAGGTGCCAGGA
IL11.2	66	GAG
45 IL15.1	79	AAGGAACCATCTCACTGTGTGTAACATGACTTCCAAGCTGGCCGTGGCTCTCTTGGCAGCCTTCCTGAT
IL1B.1	67	GGCGCTGTGATCGATTTCTTCCCTGTGAAAACAGAGCAAGGCCGTGGAGCAGGTGAAGAATGCCTTTA
IL6.3	72	79 ATAAGCTCCA
50 IL6ST.3	74	TGGAAGGTTCCACAAGTACCCTGTGATCAACAGTACCCGTATGGGACAAAGCTGCAAGGTCAAGA
ILT-2.2	63	GGCTGGGTACCAATGCTGCAGGTCAACAGCTATGCTGGTAGCTCCTGCCAGTGTGGAACCACTGACTA
IMP3.1	72	79 CTGGCTCTCA
INDO.1	66	67 AGCTGAGGAAGATGCTGGTTCCCTGCCACAGACCTTCCAGGAGAATGACCTGAGCACCTTCTTTCC
55 INHBA.1	72	CCTGAACCTTCCAAAGAAGGCTGAAAAAGATGGATGCTTCCAATCTGGATTCAA GAGGAGACTTGCCCTG
INHBB.1	72	GT
INSR.1	67	GGCCTAATGTTCCAGATCCTTCAAAGAGTCATATTGCCAGTGGTACACCTCACACTCCTCCAAGGCACAA
IQGAP2.1	66	74 TTTT
ISG20.1	70	63 AGCCATCACTCTCAGTGACGCCAGGTCTATCGTGGCCCTGAGGAGACCCCTGACTCTGCAGT
ITGA3.2	77	GTGGACTCGTCCAAGATCAAGCGGCACGTGCTAGAGTACAATGAGGAGCGCGATGACTTCGATCTGGAA
ITGA4.2	66	72 GCC
		CGCCTTGACGCTCTAGTTCTGGGATGCATCACCATGGCATATGTGTGGGGCAAAGGTGATGGAGAT
		GTGCCCGAGCCATATAGCAGGCACGTCCGGGTCTCACTGTCTTCCACTCAACAGTCATCAACCCACTA
		72 CCG
		AGCCTCCAGGATACCAAGAAATGGATGCGGTGACAAATGGCACTTAGCTACAAATGCCTGTGAGTCCGG
		72 AGA
		67 CAGTCTCCGAGAGCGGATTGAGTTCTCAATGAGGCCTCGGTATGAAGGGCTCACCTGCCATCAG
		66 AGAGACACCAGCAACTGCGCAACAGGAGGTAGACCATGCCACGGACATGGTGA3CCGTGCAATGAT
		GTGTCAGACTGAAGCCCCATCCAGCCCGTTCGCGAGGGACTAGAGGCTTTTCGGCTTTTGGGACAGCAA
		70 C
		CCATGATCCTCACTCTGCTGGTGGACTATACACTCCAGACCTCGCTTAGCATGGTAAATCACCGGGCTACA
		77 AAGCTTC
		66 CAACGCTTCAGTGATCAATCCCGGGGCGATTACAGATGCAGGATCGGAAAGAATCCCGGCCAGAC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
ITGA5.1	75	AGCCAGCCCTACATTATCAGAGCAAGAGCCGGATAGAGGACAAGGCTCAGATCTTGCTGGACTGTGGA GAAGAC
ITGA6.2	69	CAGTGACAAACAGCCCTTCCAACCCAAGGAATCCACAAAAGATGGCGATGACGCCCATGAGGCTAAAC GATATGATTGGTCGCTGCTTTGTGCTCAGCCAGGACCTGGCCATCCGGGATGAGTTGGATGGTGGGA
ITGA7.1	79	ATGGAAGTTCT ACTCGGACTGCACAAGCTATTTTGTATGACAGCTATTTGGGTATTCTGTGGCTGTGGGAGATTTCATG
ITGAV.1	79	GTGATGGCA TCAGAAITGGATTGGCTCATTGTGGAAAAGACTGTGATGCCTTACATTAGCACAAACCAGCTAAGCT
ITGB1.1	74	CAGG ACCGGGGAGCCCTACATGACGAAAATACCTGCAACCGTTACTCCGTGACGAGATTGAGTCAGTGAAAG
ITGB3.1	78	AGCTTAAGG
ITGB4.2	66	CAAGGTGCCCTCAGTGGAGCTCACCAACCTGTACCCGTATTGCGACTATGAGA-GAAGGTGTGGC TCGTGAAAGATGACCAGGAGGCTGTGCTATGTTTCTACAAAACCGCCAAGGACTGCGTCATGATGTTCA
ITGB5.1	71	CC
JAG1.1	69	TGGCTTACACTGGCAATGGTAGTTTCTGTGGTTGGCTGGGAAATCGAGTGCCGCATCTCACAGCTATGC GTCAAAATGGGAGGGACTAGGGCAGTTGGATAGCTCAACAAGATACAATCTCACTCTGTGGTGGTCC
K-ras.10	71	TG
KCNJ15.1	67	GGACGTTCTACCTGCCTTGAAGAAGACACCTGACCTGCGGAGTGAGTGACCAGTGTTTCCAGAGCCT
KDR.6	68	GAGGACGAAGGCCTCTACACCTGCCAGGCATGCAGTGTTCTTGGCTGTGCAAAAGTGGAGGCATTTTT CGGACTTTGGGTGCGACTTGACGAGCGGTGGTTGACAAAGTGGCTTGGGGCCGGATCGTCCAGTG
Ki-67.2	80	GAAGAGTTGTAA
KIAA1303 raptor.1	66	ACTACAGCGGGAGCAGGAGCTGGAGGTAGCTGCAATCAACCCAAATCACCTCTTGCTCAGATGCC
KIF1A.1	66	CTCCTACTGGTGCACACCTCACCTGAGGACATCAACTACGGTTCGAGAAAGCAGGTGTACCGGGA GTCCCGGGATGGATGTTTTGCCAAGTCATTGTTGGATAAGCGAGATGGTAGTACAATTGTCCAGACAGC
Kitlmg.4	79	TTGACTGATC GAGGTCTGTCTAAACCTGTGTCCCTGAGGGATCTGTCTCACTGGCATCTTGTTGAGGGCCTTGACAC
KL.1	72	TAG
KLK3.1	66	CCAAGCTTACCACCTGCACCCGGAGAGCTGTGTACCATGTGGGTCCCGGTGTCTTCTCACCCT
KLK1.2	70	TGAGAGCCAGGCTTCTTGTATGTCTCAAAATGCCAGCCTTCTCAAAGTATACAGCAAGAGGACCAGGAT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
KRT19.3	77	TGAGCGGCAGAATCAGGAGTACCAGCGGCTCATGGACATCAAAGTCGCGGCTGGAGCAGGAGATTGCCA CCTACCGCA
KRT5.3	69	TCAGTGGAGAAGGAGTTGGACCACTCAACATCTCTGTTGTACAAGCAGTGTTTCTCTGGATATGGCA TTCAGAGATGAACCGGGCCATCCAGAGGCTGCAGGCTGAGA-CGACAACATCAAGAACCAGCGTGCCAA
KRT7.1	71	GT
L1CAM.1	66	CTTGCTGGCCAATGCCTACATCTACGTTGTCCAGCTGCCAGCJAAGATCCTGACTGCGGACAATCA CAGATGAGGCACATGGAGACCCAGGCCAAGGACCTGAGGAATCAGTTGCTCAACTACCGTTCTGCCATT
LAMA3.1	73	TCAA
LAMA4.1	67	GATGCACTGCGGTTAGCAGCGCTCTCCATCGAGGAAGGCAAA-TCCGGGGTGC-GAGCGTATCCTCTG
LAMB1.1	66	CAAGGAGACTGGGAGGTGTCTCAAGTGCCTGTACCACACGGAAGGGGAACACTGTCAGTTCTGCCG
LAMB3.1	67	ACTGACCAAGCCTGAGACCTACTGCACCCAGTATGGCGAGTGCAGATGAAATGCTGCAAGTGTGAC ACTCAAGCGGAAATTTGAAGCAGATAGGTCTTATCAGCACAGTCTCCGCCTCCTGGATTGAGTGTCTCGG
LAMC2.2	80	CTTCAGGGAGT
LAPTM5.1	66	TGCTGGACTTCTGCCTGAGCATCCTGACCCTCTGCAGCTCCTACATGGAAGTGCCACCTATCTCA
LDB1.2	67	AACACCCAGTTTGACGCAGCCAACGGCATTGACGACGAGGACAGCTTTAACAACCTCCCTGCACTGG
LDB2.1	66	ATCACGTTGGACTGCGACCACTGTACCATGGTCACCCAGCACGGGAAGGCCATGTTTACCAAGGTA AGGCTACACATCCTGGGCTATTGGACTCTCTGTAGCAGATTGGCAGAGATTAAATGAAGAATCTTAGG
LDHA.2	74	CGGG GGGTGGAGTCTTCTGACAGCTGGTGCGCCTGCCCGGGAACATCCTCCTGGACTCAATCATGGCTTGTG
LGALS1.1	72	GTCT
LGALS3.1	69	AGCGGAAAATGGCAGACAATTTTCTGCTCCATGATGCGTTATCTGGGTCTGGAAACCCAAACCTCAAG
LGALS9.1	67	AGTACTTCCACCGCGTGCCCTTCCACCGTGTGGACACCATCTCCGTCAATGGC-CTGTGCAGCTGTCT
LIMK1.1	67	GCTTCAGGTGTTGTGACTGCAGTGCCTCCCTGTCCGACCACTACTATGAGAAGGATGGGCAGCTCTT
LMNB1.1	66	TGCAACCGCTGGTGTACAGCCAGCCCCCAACTGACC-CATCTGGAAGAACCAGAAGCTCGTGGGG GGCTGCCAGCAGAATATCGGGGACCGCTACTTCTGAAGGCCATCGACCACTACTGGCACGAGGACTG
LMO2.1	74	CCTGAG
LOX.1	66	CCAATGGGAGAAACAACGGGAGGTGTTTCAAGCTTGTGAGCCTGGGCTCACAGTACCAGCCTCAGCG
LRP2.1	66	GGCTGTAGACTGGGTTTCCAGAAAGCTCTACTGGTTGGATGCTCCGCTGGATGSCCTCTTTGTCTC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5 LRRC2.1	71	CCAGTGTCCCAATCTGTGTCTGCTGCGGATGTGCAATTTGCAGTGGTTGGATATCAGCAGCAATAACCTGACC
LTF.1	68	AACGGAAGCCTGTGACTGAGGCTAGAAGCTGCCATCTTGCCATGGCCCCGAATCATGCCGTGGTGTCTTTGCTGCAAGATAACATCGCTGATGCTGTAGCTTGTGCAAGAGGGGTTGCCGTGATCCACAAGGCATTAGAGCATGGGT
10 LYZ.1	80	GCTGCCCTTTGGTAAGAAATATGTCGTCCATCTTGCCATTACGCCGCCAGTTGTCAAGAGACTGCTGGGAGT
MADH2.1	70	TGGACATTACTGGCCTGTTCACAATGAGCTTGCATTCCAGCCTCCCATTTCCAATCATCCTGCTCCTGAGTATTGGT
MADH4.1	76	ATTGGT
MAL.1	66	GTTGGGAGCTTGCTGTGTCTAACCTCCAAGTGTGTGCTGTCTGCTAGGGTCACCTCCTGTTGTG
MAL2.1	67	CCTTCGTCTGCCTGGAGATTCTGTTCCGGGGTCTTGTCTGGATTTTGGTTGCCCTCCTCAATGTTCCGCCTTTCTTACCAGAAGCAGAAGGTGGGAGAAGTGAAGGATACGACTTTGAGAAGATCAGTGAGCTG
15 MAP2K1.1	76	GGGGCTG
MAP2K3.1	67	GCCCTCCAATGTCCTTATCAACAAGGAGGGCCATGTGAAGATGTGTGACTTTGGCATCAGTGGCTACGCCGTGTCAGGCACACAAGGGGCCCTTGAGCGTGGACTGGTTGGTTTGGCATTTTGTGTGTGTATGC
MAP4.1	72	TGC
MARCKS.1	67	CCCCTCTTGGATCTGTTGAGTTTCTTTGTTGAAGAAGCCAGCATGGGTGCCAGTTCTCCAAGACCGCAGATGGCCACTTTGAGAACATTTAGCTGACAACAGTGTGAACGACCAGACCAAAATCCTTGTGTGTTAA
20 Maspin.2	77	TGCTGCC
MCAM.1	66	CGAGTTCAGTGGCTGAGAGAAGAGACAGGCCAGGTGCTGGAAAGGGGGCCTGTGCTTCAGTTGCA
MCM2.2	75	GTGGC
25 MCM3.3	75	GAGAT
MCM6.3	82	TTTCCTGTCCCA
MCP1.1	71	C
MDH2.1	63	CCAACACCTTTGTTGCAGAGCTGAAGGGTTTGGATCCAGCTCGAGTCAACGTCCTGTCAATTG
30 MDK.1	66	GGAGCCGACTGCAAGTACAAGTTTGAAGTGGGGTGCCTGTGATGGGGGCACAGGCACCAAGTC
MDM2.1	68	CTACAGGGACGCCATCGAATCCGGATCTTGATGCTGGTGAAGTGAACATTGAGTGATTGGTTGGAT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35 MGMT.1	69	C
40 mGST1.2	79	GATATGGA
MICA.1	68	ATGGTGAATGTACCCGACGCGAGGCTCAGAGGGCAACATTACCGTGACATGACAGGGCTTCTGGCTT
MIF.2	66	CCGGACAGGGTCTACATCAACTATTACGACATGAACGCGGCCAATGTGGGCTG3AACAACTCCACC
MMP1.1	72	CCC
MMP10.1	66	TGGAGGTGACAGGGAAGCTAGACACTGACACTCTGGAGGTGATGCGCAAGCCAGGTGTGGAGTTTC
45 MMP14.1	66	GCTGTGGAGCTCTCAGGAAGGGCCCTGAGGAAGGCACACTTGTCTCTGTTGTGCTCCTGTCTTGGCTCCATGATGGAGAGGCAGACATCATGATCAACTTTGGCCGTGGGAGCATGGCGATGATACCCCTTTGA
MMP2.2	86	CGGTAAGGACGGACTCC
MMP7.1	79	GGACATTCC
50 MMP9.1	67	GAGAACCAATCTCACCGACAGGCAGCTGGCAGAGGAATACCTGTACCGCTATGTTTACACTCGGGTG
MRP1.1	79	AAGACAATCG
MRP2.3	65	AGGGGATGACTTGGACACATCTGCCATTGACATGACTGCAATTTTGACAAAGCCATGCAGTTTT
MRP3.1	91	TCTTGCTGATTCCACTCAACGG
55 MRP4.2	66	AGCGCTGGAACTTACAACCTCGGAGTCCAGTGTCTTCCCACTGTGCATCTTCTCTCCAGGGGCTCTGATGCAGAAATTGAGGCAGACTTTACAAGAAGATTACTTCGTGATTCACAGATCTTAACCGACTTGCCA
MSH2.3	73	AGA
MSH3.2	82	CATTTTCACAAG
MSH6.3	68	TCTATTGGGGGATTGGTAGGAACCGTTACCAGCTGGAAATTCCTGAGAATTTACCACTCGCAATTTG
60 MT1B.1	66	GTGGGCTGTGCCAAGTGTGCCAGGGCTGTGTCTGCAAGGCTCATCAGAGAAGTGCCGCTGCTGTGTCACCCACTGCCTCTTCCCTTCTCGCTTGGGAACCTCTAGTCTCGCCTCGGGTGCATGGACCCCAA
MT1G.1	74	CTGCT
MT1H.1	74	TGCT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5 MT1X.1	80	CTCCTGCAAATGCAAAGAGTGCAAATGCACCTCCTGCAAGAAAGAGCTGCTGCTCCTGCTGCCCTGTGGG
MUC1.2	71	GGCCAGGATCTGTGGTGGTACAATTGACTCTGGCCTCCGACAAGGTACCATCAATGTCCACGACGTGG
MVP.1	75	ACGAGAACGAGGGCATCTATGTGCAGGATGTCAAGACCCGAAAGGTGCCGCGCTGTGATTGGAAGCACC
10 MX1.1	78	GAAGGAATGGGAATCAGTCATGAGCTAATCACCTGGAGATCAGCTCCCGAGATGTCCCGGATCTGACT
MYBL2.1	74	GCCGAGATCGCCAAGATGTTGCCAGGGGAGGACAGACAATGC GTGAAGAATCACTGGAACCTTACCATC
MYH11.1	85	CGGTACTTCTCAGGGCTAATATATACGTACTCTGGCCTCTTCTGCGTGGTGGTCAACCCCTATAAACACC
15 MYRIP.2	69	CCTTCACCTTCCTCGTCAACACCAAGCGCCAGTGTGGAGATTGCAAATTCATGTCTGCAAGAGCTGCT
NBN.1	76	GCATCTACTTGGCAGAACCATAATTAACTTACTTCCAGTTCTGGCTGCTTGCAGGTGGAACCTCAGCTGC
NCF1.1	66	AAGGGA
NFAT5.1	70	GACACCTTCATCCGTACATCGCCCTGCTGGGCTTTGAGAAGCGCTTCGTACCCAGCCAGCACTAT
20 NFATC2.1	72	CTGAACCCCTCTCCTGGTCACCGAGAATCAGTCCCGGTGGAGTTCCCGCTCCACCTCGCCATCGTTTCC
NFKBp50.3	73	T
NFKBp65.3	68	CAGTCAAGGTCAGAGGCTGAGCCCGGGTTCCTACCCACAGTCATTACAGCAGCAGAATGCCACGAGCC
25 NFX1.1	74	AAAG
NME2.1	66	CAGACCAAGGAGATGGACCTCAGCGTGGTGGCGCTCATGTTTACAGCTTTTCTTCCGGATAGCACTGGC
NNMT.1	67	CTGCCGGGATGGCTTCTATGAGGCTGAGCTCTGCCCGGACCGCTGCATCCACAGTTTCCAGAACCTGG
30 NOL3.1	72	CCCTGCCATACCAGCTCACCCTGCCCTGTGACTGCTTGTAAAGCTAAGGTAGACCTACAGTGTGAATGT
NOS2A.3	67	GGACG
		ATGCTTGGGGAGACCAATCCAGCAGATTCAAAGCCAGGCACCATTCTGTTGGGACTTCTGCATTGAG
		CCTAGGGCAGGGATGGAGAGAGAGTCTGGGCATGAGGAGAGGCTCTCGGATGTTTGGCTGGACTAG
		CAGCCTTGGGAAGTGAGACTAGAAGAGGGGAGCAGAAAGGGACCTTGAGTAGACAAAGGCCACACACA
		TCAT
		GGGTCCATTATGACTCCCAAAAGTTTGACCAGAGGACCCAGGGACAAGCCTACCCCTCCAGATGAGC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35 NOS3.1	68	ATCTCCGCTCGCTCATGGGCACGGTGATGGCGAAGCGAGTGAAGGCGACAACTCTGATGGCTCCGA
NOTCH1.1	76	CGGGTCCACCAGTTTGAATGGTCAATGCGAGTGGCTGTCCCGCTGCAGAGCGGCATGGTCCGAACC
40 NOTCH2.1	75	AATACAAC
NOTCH3.1	67	CACCTCCCTGCTGGGATTATATCAACAACCAGTGTGATGAGCTGTGCAACACGC TCGAGTGCTGTG
NPD009 (oficial de ABAT).3	73	ACAAC
45 NPM1.2	84	TGTGGACGAGTGTGCTGGCCCCGACCCCTGTGGCCCTCATGGTATCTGCACCAACCTGGCAGGGAGT
NPPB.1	66	GGCTGTGGCTGAGGCTGTAGCATCTCTGCTGGAGGTGAGACACTCTGGGAACCTGATTGACCTCGAATG
NPR1.1	66	CTCC
NPY1R.1	70	AATGTTGTCCAGTTCTATTGCCAAGAATGTGTTGTCCAAAATGCTGTTTATGTTTTAAAGATGGAAC
50 NRG1.3	83	CACCCCTTTGCTTG
NUDT1.1	77	GACACCTGCTTCTGATTCCACAAGGGGCTTTTCTCAACCTGTGGCCGCTTTGAAGTGACTCA
OGG1.1	71	ACATCTGCAGCTCCCTGATGCCCTCAGAACCTCATGCTCCTGGCCCTGGAAGCTGGCTTGTGTG
55 OPN, osteopontina.3	80	GGATCTTCCCACTCTGCTCCCTTCCATTCCCAACCTTCTTCTTTAATAAGCAGGAGCGAAAAAGACAA
p21.3	65	CGAGACTCTCCTCATAGTGAAAGGTATGTGTGAGCCATGACCACCCCGGCTCG ATGTCACCTGTAGATT
p27.3	66	TCCACACGCCAAG
P53.2	68	ACTGGTTTCCACTCCTGCTTCAAGAAGAAAATTCACGGGTACTTCAAGTTCCAGGGTCAGGACACCAT
PAH.1	80	CCTGGAC
PAI1.3	81	ACCAAGGTGGCTGACTGCATCTGCCTGATGGCCCTAGACAAGCCCGAGCTGTGCCCGTGGATGTCCA
Pak1.2	70	TAT
		CAACCGAAGTTTTCACTCCAGTTGTCCCCACAGTAGACACATATGATGGCCGAGGTGATAGTGTGGTTTA
		TGGACTGAGG
		TGGAGACTCTCAGGGTCGAAAACGGCGGCAGACCAGCATGACAGATTCTACCACTCCAAACGCC
		CGGTGGACCACGAAGAGTTAACCCGGGACTTGGAGAAGCACTGCAGAGACATGGAAGAGGGCAGCC
		CTTTGAACCCCTTGTGCAATAGGTGTGCGTCAGAACCCAGGACTTCCATTTGCTTTGTCCCGGG
		TGGCTGATTCCATTACAGTGAATTTGGAATCCTTTGCAGTGCCTCCAGAAAATAAGTAAAGCCATGG
		ACAGAATGTG
		CCGCAACGTGGTTTTCTCACCCATATGGGGTGGCCTCGGTGTTGCCATGCTCCAGCTGACAACAGGAG
		GAGAAACCCAGCA
		GAGCTGTGGTTGTTATGGAATACTTGGCTGGAGGCTCCTTGACAGATGTGGTGACAGAACTTGCATG
		G

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
PARD6A.1	66	GATCCTCGAGGTCAATGGCATTGAAGTAGCCGGGAAGACCTTGGACCAAGTGACGGACATGATGGT
PBOV1.1	72	CC
PCCA.1	68	GGTGAAATCTGTGCACTGTCAAGCTGGAGACACAGTTGGAGAAGGGGATCTGCTCGTGGAGCTGGAAT
PCK1.1	66	CTTAGCATGGCCAGCAGCCAGCAGCCAACTGCCAAGATCTCCATGTCAACTGGTCCGGAAG
PCNA.2	71	CC
PCSK6.1	67	ACCTTGAGTAGCAGAGGCCCTCACACCTTCCTCAGAATGGACJCCCAGGTGAAATGGCTCCAGCAAC
PDCD1.1	73	AGCC
PDE4DIP.1	73	AGCT
PDGFA.3	67	TTGTTGGTGTGCCCTGGTGGCGTGGTGGCGGTCACTCCCTCTGCTGCCAGTGTGTTGGACAGAACCCA
PDGFB.3	62	ACTGAAGGAGACCCCTTGGAGCCTAGGGGCATCGGCAGCAGAATGTGTGGGCGAGGTTATTTA
PDGFC.3	79	CTCACCAGC
PDGFD.2	74	CGTTA
PDGFRa.2	72	GAAG
PDGFRb.3	66	CCAGCTCTCCCTCCAGCTACAGATCAATGTCCCTGTCCGAGTGTGGAGCTAAGTGAGAGCCACCC
PDZK1.1	75	CTGCG
PDZK3.1	68	GAGCTGAGAGCCTTGAGCATGCCTGACCTTGACAAGCTCTGCAGCGAGGATTACTCAGCAGGGCCGAG
PF4.1	73	AGGCC
PFKP.1	68	AGCTGATGCCGCATACATTTTCGAAGAGCCCTTCGACATCAGGATCTGCAGTCCAACGTGGAGCACC
PFN2.1	82	TGTGCTGTCCGC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
PGF.1	71	GCT
PI3K.2	98	TACTTCTTCTGGTTACTGAAGGACGGCCT
PI3KC2A.1	83	AAATGCTAGTGTG
PIK3CA.1	67	GTGATTGAAGGCATGCCAATTGGTCTGTATCCCGAGAAGCAGGATTAGCTATTCCCACGCAGGAC
PLA2G4C.1	68	CCCTTTCCCAAGTAGAAGAGGCTGAGCTGGATTGTGGTCCAAGGCCCGCCAGCTGCTACATCCT
PLAT.1	67	GATTTGCTGGGAAGTGCTGTGAAATAGATACCAGGGCCACGTGCTACGAGGACCAGGGCATCAGCTA
PLAUR.3	76	CCACCGG
PLG.1	77	GGATACAT
PLN.1	84	CCATGCAGACAGG
PLOD2.1	84	TGCATCCTGGGAGA
PLP1.1	66	AGAACAGACTGGCCTGAGGAGCAGCAGTTGCTGGTGGCTAATGGTGTAACTGAGATGGCCCTCTG
PMP22.1	66	CCATCTACACGGTGAGGCACCCGGAGTGGCATCTCAACTCGGATTACTCTACGGTTTCGCCCTACA
PPAP2B.1	77	TCTTCGTG
PPARG.3	72	GC
PPP1R3C.1	82	TGGAAAGCTGTG
PPP2CA.1	78	AGCCACAT
PRCC.1	67	GAGGAAGAGGAGGGGGTGGCTCCTACATCTGGGCCCGCTTTAGGGGGCTTGTTCGCTTCTCTCCCTG
PRKCA.1	70	C
PRKCB1.1	67	GACCCAGCTCCACTCCTGCTTCCAGACCATGGACCGCCTGTACTTTGTGATGGAGTACGTGAATGGG
PRKCD.2	68	CTGACACTTGCCGAGAGAAATCCCTTTCTCACCCACCTCATCTGCACCTTCCAGACCAAGGACCACCT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
PRKCH.1	68	CTCCACCTATGAGCGTCTGTCTCTGTGGGCTTGGGATGTTAAAGGAGCCAAAAGGAGGGAAAGTGTG
PRO2000.3	79	ATTGGAAAAACCTCGTCACCAGAGAAAGCCCAACATATTTATAGTGGCCGAGCTTCTCCTGCAAGACCA
PROM1.1	74	CTATGACAGGCATGCCACCCGACCCAGGCTGTGTCTCCAACACCGGAGGCGTCTTCTCATGGT
PROM2.1	67	TGGAG CTTCAGCGCATCCACTACCCGACTTCTCTCGTTTCAGATCCAGAGGCCCGTGGTGAAGACCAGCATGG
PRPS2.1	69	CACTGCACCAAGATTTCAGGTTCATTGACATTTCCATGATCTTGGCCGAAGCAATCCGAAGGACACACAAT
PRSS8.1	68	GTACACTCTGGCCTCCAGCTATGCCCTCCTGGATCCAAAGCAAAGTGACAGAACCCAGCCTCGTGTGG
PSMA7.1	67	GCCAAACTGCAGGATGAAAGAAGCTGCGGAAGATCTGCTTGGATGACACGCTGTCATGGCCT
PSMB8.1	66	CAGTGGCTATCGGCCTAATCTTAGCCCTGAAGAGGCCTATGAACCTTGGCCGAGGGCTATTGCTTA
PSMB9.1	66	GGGGTGTCTATCTACCTGGTCACTATTACAGCTGCCGGTGTGGACCATCGAGTCATCTTGGGCAATG
PTEN.2	81	TGGCTAAGTGAAGATGACAATCATGTTGCAGCAATTCAGTGTAAAGCTGGAAAGCGACGAAGTGGTGTA
PTGIS.1	66	TGATATGTGCA CCACACTGGCATCTCCCTGACCTTCTCCAGGGACAGAAGCAGAGTAAGTTTCTCATCCCATGGGC
PTHR1.1	73	CGAGGTAGAAGCTGAGATCAAGAAATCTTGGAGCCGCTGGACACTGGCACTGGACTTCAAGCGAAAGGC
PTK2.1	68	ACGC GACCGGTGGAATGATAAGGTGTACGAGAATGTGACGGGCTCTGTGAAAGCTGTCTCGAGATGTCCAG
PTK2B.1	74	CAAGCCGAGCCGACCTAAGTACAGACCCCTCCGCAAAACCAACCTCCTGGCTCCAAAGCTGCAGTTCCA
PTN.1	67	GGTTC CCTTCCAGTCCAAAATCCCGCCAAGAGAGCCCCAGAGCAGAAGAAAATCCAAAGTGAGAGAGGGG
PTPNS1.1	77	CTCCAGCTAGCACTAAGCAACATCTCGCTGTGGACGCCCTGTAAATTACTGAGAAATGTGAACGTGCAAT
PTPRB.1	68	CTTGAAA GATATGCGGTGAGGAACAGCTTGATGCACACAGACTCATCCGCCACTTTCACTATACGGTGTGGCCAG
PTPRC.1	74	TGGCCGTCAATGGAAGAAGGCACTCGGGCTTTTGAGATGTTGTTGTAAAGATCAACCAGCACAAAAGA
PTPRG.1	71	TGTCC GGACAGCGACAAGACTTGAAAGCCACCATTAGCCATGTCTCACCCGATAGCCTTTACCTGTTCCGAGTC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
PTTG1.2	74	GGCTACTCTGATCTATGTTGATAAGGAAAATGGAGAACCAGGCACCCGTGTGGTTGCTAAGGATGGGCT
PVALB.1	81	GAAGC AAACCAAGATGCTGATGGCTGCTGGAGACAAAGATGGGGACGGCAAAATGGCGTTGACGAATTTCTCCA
PXDN.1	67	CTCTGGTGGCTG GCTGCTCAAGCTGAACCCGCACTGCGGACGGCGACACCATCTACTATGAGACCAGGAAGATCGTGGGT
RAC1.3	66	TGTTGTAAATGTCTCAGCCCTCGTTCTTGGTCTGTCCCTTGGAACCTTTGTACGCTTTGCTCAA
RAD51.1	66	AGACTACTCGGGTCGAGGTGAGCTTTTCAGCCAGGCAGATGCATTTGGCCAGGTTTCTCGGGATGCT
RAF1.3	73	CGTCGTATGCCAGAGTCTGTTTCCAGGATGCCTGTTAGTTCTCAGCACAGATATTCTACACCTCAGCCT
RALBP1.1	84	TCA GGTGTGAGATATAAATGTGCAATGCCTTCTTGTCTGCTGCTGCGGTCTCAGTAC3TTCACTTTATAGCTG
RARB.2	78	CTGGCAATATCGAA TGCCCTGGACATCCTGATTCCTAGAATTTGCACCAGGTATACCCAGAACAAAGACACCATGACTTTCTCAG
RASSF1.1	75	ACGGCCTT AGGGCACGTGAAGTCATTGAGGCCCTGCTGCGAAAGTTCTTGGTGGTGGATGACCCCCGCAAGTTTGC
RB1.1	77	ACTCTTT CGAAGCCCTTACAAGTTTCTAGTTTCAACCTTACGGATTCTGAGGGAACATCTATATTTACCCCTGA
RBM35A.1	66	AGAGTCC TGGTTTTGAATCACCAGGGCCGCCATCAGGAGATGCCCTTTATCCAGATGAAGTCTGCGGACAGAG
REG4.1	83	TGCTAACTCCTGCACAGCCCGTCTCTTCTCTGCTAGCC-TGGCTAAATCTGCTCATTATTTAGAG
RET.1	71	GGGAAACCTAGCA GCCTGTGCAGTTCTTGTGCCCAACATCAGCGTGGCCTACAG3CTCCTGGAGGGTGAGGGTCTGCCCT
RGS1.1	84	TCC TGCCCTGTAAAGCAGAAGAGATATATAAAGCATTTGTGCATTGAGTGTGCTAAACAAATCAATATTGAC
RGS5.1	79	TTCCGCACTCGAG TTCAAACGGAGGCTCCTAAAGAGGTGAATATTGACCACTTCACTAAGGACATCACAATGAAGAACCTGGT
RHEB.2	78	GGAACCTTC GATGATTGAGAACAGCCTTGCTGTCACTGTCTAGAACACCCCTGGAGTTTGTGTTCTGTGTGAGAGTC
RhoB.1	67	TTGGGAGC AAGCATGAACAGGACTTGACCATCTTTCCAACCCCTGGGGAAGACATTTGCAACTGACTTTGGGAGG
rhoC.1	68	CCCCTTCGGTCTGAGGAAGGCCGGGACATGGCGAACCCGGATCAGTGCCTTTGGCTACCTTGAGTGCTC
RIPK1.1	67	AGTACCTTCAAGCCGGTCAAATTCAGCCACAGACAGCCTGGTTCACTGCACAGTTCCAGGGACTT
RND3.1	66	TCGGAATTGACTTTGGGAGGCCGGTGAGGAGTCAGGCTTAAACTTGTGTGAAGGGAGTAACCAG

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
5 ROCK1.1	73	AAAC
ROCK2.1	66	GATCCGAGACCCTCGCTCCCCATCAACGTGGAGAGCTTGCCTGGATGGCTTAATTCTTGGTCT
RPLP1.1	68	CAAGGTGCTCGGTCTTCCGAGGAAGCTAAGGCTGCGTTGGGGTGAGGGCCCTCACTTCATCCGGCGAC
10 RPS23.1	67	GTTCTGGTTGCTGGATTGGTCCGAAAGGTCATGCTGTTGGTGATATTCTGGAGTCCGCTTTAAGG
RPS27A.1	74	CAGCA
RPS6KAI.1	70	CG
RPS6KB1.3	81	TCTGTTTCTT
15 RRM1.2	66	GGGCTACTGGCAGCTACATTGCTGGGACTAATGGCAATTCCAATGGCCTTGTAACGATGCTGAGAG
RRM2.1	71	T
RUNX1.1	70	AACAGAGACATTGCCAACCATATTGGATCTGCTTGTCTGCCAAACCAGCAAACTTTCTGGGCAAAATCAC
S100A1.1	70	CT
20 S100A10.1	77	GGATAAA
S100A2.1	73	GGGA
SAA2.2	72	GCA
25 SCN4B.1	67	GCCTTCCTGGAGTACCCGAGTGCTCCCTATGCCTTTCCAAGCATTTCTACTTGGGGAATTGGGCCAC
SCNN1A.2	66	ATCAACATCCTGTGAGGCTGCCAGAGACTCTGCCATCCCTGGAGGAGGACACGCTGGGCAACTTC
SDHA.1	67	GCAGAACTGAAGATGGGAAGATTTATCAGCGTGCAATTTGGTG3ACAGAGCCTCAAGTTTGGAAAGGG
SDPR.1	66	ACCAGCACAAAGATGGAGCAGCGACAGATCAGTTTGGAGGGCTCCGTGAAGGGCATCCAGAATGACC
30 SELE.1	71	TT
SELENBP1.1	67	GGTACCAGCCTCGACACAATGTCATGATCAGCACTGAGTGGGCAGCTCCCAATGTCCTACGAGATGG

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
35 SELL.1	67	TGCAACTGTGATGTGGGGTACTATGGGCCCCAGTGTCAGTTTGTGATTAGTGTGAGCCTTTGGAGG
SEPLG.1	83	CCGTGCGTAATTAC
40 SEMA3B.1	71	GT
SEMA3C.1	66	ATGGCCATTCTGTTCCAGATTCTACCCAAGTGGAAACGGA3GAGCCGAAGACAAGATGTGAGAC
SEMA3F.3	86	GGATGTCAACGGCGAGTG
SEMA5B.1	67	CTCGAGGACAGCTCCAACATGAGCCTCTGGACCCAGAACATCACCGCCTGTCTGTGCGGAATGTGA
45 SERPINA5.1	66	CAGCATGGTAGTGGCAAAGAGAGGTCCAGAGTCTGGCCCTTGATGCCAGCTCAGTGCCACAAAG
SFN.1	70	CT
SGK.1	73	CTTCA
50 SHANK3.1	68	CTGTGCCCTCTACAACCAGGAGAGCTGTGCTCGTGTCTCTTCCGTGGAGCTAACAGGGATGTCC
SHC1.1	71	AG
SILV.1	66	CCGCATCTTCTGCTCTTGTCCCATTGGTGAGAATAGCCCCCTCCTCAGTGGGCAGCAGGTCTGAGT
SKIL.1	66	AGAGGCTGAATATGCAGGACAGTTGGCAGAAGTGGCAGAGATTGGACCATGCTGAGGCCGATAG
55 SLC13A3.1	66	CTTGCCCTCCAACAGGTCTGCCCCAGTACTTCTCGACACCAACTTCTCTTCTCAGTGGGCT
SLC16A3.1	68	ATGCGACCCACGTCTACATGTACGTGTTTCATCCTGGCGGGGC
SLC22A3.1	66	ATCGTCAGGAGTTTGA3CTGTGTGTCATCGTGATGCTGGACCTCAACCAAGCCATCCTG
SLC22A6.1	68	TCCGCCACCTCTTCTCTGCTCTGCCATGCTGTGGTTTGGCCATAGCTTTGCATCTATGGGCTGGTC
SLC2A1.1	67	GCCTGAGTCTCCTGTGCCACATCCAGGCTTCAACCTGAAT3GTTCCATGCCGAGGGTGGAGACT
60 SLC34A1.1	66	GCTGAGACCCACTGACCTGCAGACCTCATAGTGGGTGCCAGGATGTTGCTCTACGGAGAGAGGCT
SLC7A5.2	70	T
SLC9A1.1	67	CTTGAGATCTCCCTCTGGATCCTTCTGGCCTGCCCTCATGAAGATAGGTTTCCATGTGATCCCCACT
SLIT2.2	67	TTTACCGATGCACCTGTCCATATGGTTTCAAGGGCAGGACTGTGATGTCCCAATTCATGCCTGCAT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
5 SNAI1.1	69	CCCAATCGGAAGCCTAACTACAGCGAGCTGCAGGACTCTAATCCAGAGTTTACCTTCCAGCAGCCCTAC
SNRK.1	71	GAGGAAAAGTCAGGGCCGGGGCTCCAGCTGCAGTAGTTCGGAGACCAGTGATGATGATTCTGAAAGCC
SOD1.1	70	TGAAGAGAGGCATGTTGGAGACTTGGGCAATGTGACTGCTGACAAAGATGGTGTGGCCGATGTGTCTAT
10 SP3.1	69	TCAAGAGTCTCAGCAGCCAAACCAGTCAAGCCCAAATTGTGCAAGGTATTACACCACAGACAATCCATGG
SPARC.1	73	AGCT
SPARCL1.1	67	GGCAGAGTGAAGTGATGACTACTTCATCCCAAGCCAGGCCCTTTCTGGAGGCCGAGAGAGCTCAATC
SPAST.1	66	CCTGAGTTGTTACAGGGCTTAGAGCTCCTGCCAGAGGGCTGTTACTCTTTGGTCCACCTGGGAAT
SPHK1.1	67	GGCAGCTTCTTGAACCATTTATGCTGGCTATGAGCAGGTCACCAATGAAGACCTCCTGACCAACTGC
15 SPRY1.1	77	CAGACCAGTCCCTGGTCTATAGGCTGAAAGGGCAATCCGGACCCAGCCCAAGCAACTGATTGTGGATGA
SQSTM1.1	69	GGACCCGTCTACAGGTGAAGTCCAGTCCCTACAGATGCCAGAAATCCGAAGGGCCAAAGCTCTCTGGACCC
STAT1.3	81	GGGCTCAGCTTTCAGAAGTCTGAGTTGGCAGTTTCTCTGTGACCAAAAGAGGTCTCAATGTGGACCA
20 STAT3.1	70	GCTGAACATGT
STAT5A.1	77	TCACATGCCACTTTGGTGTTCATAATCTCCTGGGAGAGATTGACCAGCAGTATAGCCGGTTCCTGCAAG
STAT5B.2	74	GAGGCGCTCAACATGAAATTCAGGCCGAAGTGCAGAGCAACCGGGGCCCTGACCAAGGAGAACTCGT
25 STC2.1	67	GITCCTGGC
STK11.1	66	CCAGTGGTGGTGATCGTCATGGCAGCCAGGACAACAATGCGACGGCCACTGTTCTCTGGGACAATGCT
STK15.2	69	TTTGC
30 STK4.1	66	AAGGAGGCCATCACCCACAGCGTGCAGGTTCAAGTCTCAAGAAGAAGAAGTTGCGAAGGATCCC
STMY3.3	90	GGACTCGGAGACGCTGTGCAGGAGGGCCGTCAGATCCTCAAGAAGAAGAAGTTGCGAAGGATCCC
	69	CATCTTCCAGGAGGACCACTCTCTGTGGCACCCCTGGACTACCTGCCCCCTGAAATGATTGAAGGTCCGA
	66	GAGCCATCTTCTGCAACTTTACCTCTTTCCCTCAGATGGGGAGCCATGACTGGGTTGCACCTCAG
	90	CCTGGAGGCTGCAACATATCTCAATCCTGTCCCAGGCCGGATCCTCCTGAAGCCCTTTTCGCAGCACTG
		CTATCTCCAAAGCCAATTGTA

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
35 SUCLG1.1	66	CCAAGCCTGTAGTGTCTCTTCAITGCTGGTTTAACTGCTCCTCCTGGGAGAAGAATGGGTGATGCCG
SULT1C2.1	67	GGGACCCAAAGCATGAAATTCGGAAGGTGATGCAGTTTCATGGGAAAGAAGGTGGATGAAACAGTGCT
40 SURV.2	80	TGTTTTGATTCCCGGGCTTACCAGGTGAGAAGTGAGGGAGGAAGAAGGCAGTGTCCTTTTGTAGAGC
TACSTD2.1	80	TGACAGCTTTG
TAGLN.1	73	ATCACCAACCGGAGAAAAGTCGGGGAAGTACAAGAAGGTGGAGATCAAGGAAGTGGGGGAGTTGAGAAA
45 TAP1.1	72	GGAACCGAGCTT
TCF4.1	67	GATGGAGCAGGTGGCTCAGTTCTGAAGCGGGCTCAGGACTATGGGGTCAATCAAGACTGACATGTTCC
TCOF1.2	66	GTATGCTGCTGAAAGTGGGAATCCTCTACATTGGTGGGCAGCTGGTGACCAGTGGGGCTGTAAGCAGT
TEK.1	76	GCGA
50 TERT.1	85	GGGA
TFAP2B.1	67	CGTGTGACGTGCGAGACACGCGATGGACGCGCCTTGCTCTTACTGTGCAGGTCTGAGAGCGTGTGG
TFAP2C.1	68	CATGCCTCACCAGATGGACGAGGTGCAGAATGTGACGACCAGCACCTGTTGCTGCACGATCAGACAG
55 TFPI.1	69	CCGAATGGTTTCCAGGTGGATAATTATGGAACCCAGCTCAATGCTGTGAATAACTCCCTGACTCCGCAA
TGFA.2	83	GGTGTGCCACAGACCTTCTACTTGGCCTGTAATCACTGTGACGCTTTTGTGGGCCCTCAAACCTCTG
TGFb1.1	80	TCAAGAAGTCCGT
60 TGFB2.2	75	CTGTATTTAAGGACACCCGTGCCCAAGCCACCTGGGGCCCCATTAAAGATGGAGAGAGGACTGCGG
TGFB1.1	67	ATCTCTGTGTCA
TGFBR1.1	67	ACCACTCCCCCAGAAGACTATCCTGAGCCCCAGGAAGTCCCCCGGAGGTGATTTCCATCTACAACAGC
TGFBR2.3	66	ACCAGG
	67	GCTACGAGTGCTGTCTGGATATGAAAAGGTCCCTGGGGAGAAGGGGTGTCCAGCAGCCCTACCACT
	67	GTCATCACCTGGCCTTGGTCTGTGGAAGTGGCAGCTGTCATTGCTGGACCAAGTGTGCTTCGTCTGC
	66	AACACCAATGGGTTCATCTTCTGGGCTCCTGATTGCTCAAGCACAGTTTGGCCTGATGAAGAGG

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
THBD.1	68	AGATCTGCGACGGACTGCGGGGCCACCTAATGACAGTGCCTCCTCGGTGGCTGCCGATGTCATTCC
THBS1.1	85	CATCCGCAAAGTGACTGAAGAGAACAAAGAGTTGGCCAATGAGCTGAGGCGGCCTCCCTATGCTATCA
TIMP1.1	76	CAACGGAGTTCACTAC TCCCTGCGGTCCCAGATAGCCTGAATCCTGCCCGGAGTGGAAGCTGAAGCCTGCACAGTGTCCACCCCT
TIMP2.1	69	GTTCCAC
TIMP3.3	67	TCACCTCTGTGACTTCATCGTGCCCTGGGACACCCTGAGCAACACCCAGAAGAAGAGCCTGAACCACA
TK1.2	84	CTACCTGCCTTGCTTTGTGACTTCCAAGAACGAGTGTCTCTGACCCGACATGCCTCCAAATTTCCGGT
TLR3.1	71	GCCGGGAAGACCGTAATTGTGGCTGCCTGGATGGGACCTTCCAGAGGAAGCATTGGGGCCATCCT
TMEM27.1	75	GAACCTGGTGCCGCTG GGTTGGGCCACCTAGAAGTACTTGACCTGGGCCCTAATGAAATTGGGCAAGAACTCACAGGCCAGGAAT
TMEM47.1	71	GG
TMSB10.1	68	CCCTGAAAGAATGTTGTGGCTGCTCTTTTCTGGTGACTGCCATTGCTGTAACCTGTCAACCAGGT
TNF.1	69	GCAGA
TNFAIP3.1	68	GGATTCCACTGTTAGAGCCCTTACCGCCTGCTTATCCTACCCAAAGTACTACATTGGCTGTTGGTTATTGG
TNFAIP6.1	67	C
TNFRSF10C.3	67	GAAATCGCCAGCTTCGATAAGGCCAAGCTGAAGAAAACGGACACGCAGGAGAAAGAACCCCTGCCGAC
TNFRSF10D.1	66	GGAGAAGGGTGACCGACTCAGCGCTGAGATCAATCGGCCCGACTATCTCGACTTTGCCGAGTCTGGGC
TNFRSF11B.1	67	A
TNFRSF1A.1	71	ATCGTCTTGCTGAGAAAGGGAAAAGACACACAAGTCGCGTGGTTGGAAGCCAGAGCCATTCCAC
TNFSF12.1	68	AGGAGTGAAAGATGGGATGCCTATTGCTACAACCCACACGCAAGGAGTGTGGTGGCGTCTTTACAG
	67	GGAGTTTGACCAGAGATGCAAGGGGTGAAGGAGCGCTTCTACCGTTAGGGAACCTCTGGGGACAGAG
	66	CCTCTCGCTTCTGGTGGTCTGTGAACTGAGTCCCTGGGATGCCCTTTAGGGCAGAGATTCTGAGC
	67	TGGCGACCAAGACACCTTGAAGGGCCTAATGCACGCACTAAAACACTCAAAGACGTACCACATTCCC
	71	ACTGCCCTGAGCCCAATGGGGGAGTGAGAGGCCATAGCTGCTGGCATGGGCTCTCCACCGTGCCT
	71	GAC
	68	TAGGCCAGGAGTTCCCAAATGTGAGGGGCGAGAAACAAGACAAGCTCCTCCCTTGAGAATTCCCTGTG

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplicón
TNFSF13B.1	80	CCTACGCCATGGGACATCTAATTCAGAGGAAGAAGGTCCATCTCTTTGGGGATGAATTGAGTCTGGTGA
TNFSF7.1	67	CTTTGTTTCGA
TNIP2.1	66	CCAACTCACTGGGACACTTTTGCCTTCCCGAAACACTGATGAGACCTTCTTTCGAGTGCAGTGGGT
TOP2A.4	72	CATGTCAGAAAGGGCCGATCGGGAACGGGCTCAAAGTAGGATTCAAGAAGTGGAGGAAAAGGTGCG
TOP2B.2	66	AATCCAAGGGGGAGAGTGATGACTTCCATATGGACTTTGACTCAGCTGTGGCTCCTCGGGCAAATCTG
TP.3	82	TAC
TRAIL.1	73	TGTGGACATCTTCCCCTCAGACTTCCCTACTGAGCCACCTTCTCTGCCACGAACCGGTCCGGGCTAG
TS.1	65	CTATATGCAGCCAGAGATGTGACAGCCACCGTGGACAGCCTGCCACTCATCAGAGCCTCCATTCTCAGT
TSC1.1	66	AAGAAACTCGTGG
TSC2.1	69	CTTCACAGTGCTCCTGCAGTCTCTCTGTGTGGCTGTAACCTACGTGTACTTTACCAACGAGCTGAAGCAG
TSPAN7.2	67	ATG
TSPAN8.1	83	GCCTCGGTGTGCCTTTCAACATCGCCAGCTACGCCCTGCTCAGTACATGATTGCCGACATCAGC
TUBB.1	73	TCACCAAATCTCAGCCCGCTTTCCTCATCGTTACGCCGATGTACACCACGACCGTTATGCTGACAC
TUSC2.1	68	CACAGTGGCCTCTTCTCCTCCCTGTACCAGTCCAGCTGCCAAGGACAGCTGC4CAGGAGCGTTTCCTG
tusc4.2	68	ATCACTGGGGTGATCCTGCTGGCTGTGGAGTCTGGGGCAAACCTACTCTGGGCACCTATATCTCCC
TXLNA.1	68	CAGAAATCTCTGCAGGCAAGTTGCTCCAGAGCATATTGCAGGACAAGCCTGTAACGAATAGTTAATTCA
	73	CGGCATCTGGATT
	73	CGAGGACGAGGCTTAAAAACTTCTCAGATCAATCGTGATCCCTAGTGAACCTCTGTTGTCTCAAGCAT
	68	GGT
	68	CACCAAGAACGGGCAGAGCGGGCCAAGCTGAGGCGAGTGCATAAGAATCTGATTCCCTCAGGGCATCG
	68	GGAGGAGCTAAATGCCTCAGGCGGCTGCACTCTGCCATTGATGAGTCCAACACCATCCACTTGAAGG
	68	GCCAGAACGGCTCAGTCTGGGGCCCTTCGTGATGTCTCTGAGGAGCTGAGCCGCCAACTGGAAGACAT

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
5		GAGTCGACCCTGCACCTGGTCTGCGTCTGAGAGGTGGTATSCAGATCTTCG GAAGACCCTGACCGG CAAGACCATCACCTGGAAGTGGAGCCAGTGACACCATCGAAAATGTGAAGGCCAAGATCCAGGATAA AGAAGGCATCCCTCCCGACCAGCAGAGGCTCATCTTTGCAGGCAAGCAGCTGGAAGATGGCCGCACTC TTTCTGACTACAACATCCAGAAGGAGTCGACCCTGCACCTGGTCTGCGTCTGAGAGGTGGTATGCAGA TCTTCGTGAAGACCTGACCGGCAAGACCATCACTCTGGAAGTGGAGCCAGTGACACCATCGAAAATG TGAAGGCCAAGATCCAAGATAAGAAGGCATCCCTCCCGACCAGCAGAGGCTCATCTTTGCAGGCAAGC AGCTGGAAGATGGCCGCACTCTTCTGACTACAACATCCAGAAGGAGTCGACCCTGCACCTGGTCTGCG
10	UBB.1	522 GCCTGAGGGGTGGCTGTTAATTCTTCAGTCATGGCATTGCG GAATGCACGCTGGAACCTTATCCACCACAGGTTAATTTCCTATGTGCACCATTTCATCTATGCCCAGGC
	UBE1C.1	76 TACCAG
	UBE2C.1	67 TGTCTGGCGATAAAGGGATTCTGCTTCCCTGAATCAGACAACCTTTTCAAATGGGTAGGGACCAT
	UBE2T.1	67 TGTCTCAAATTTGCCACCAAAGGTGCTTGGAGACCATCCCTCAACATGGCAACTGTGTGACCTCT GGCAACTGACAAACAGCCTTATAGCAAGTCCCAGGTGCTCTCTTCTGAAACCACTGAAAGGGGTAGAT
15	UGCG.1	73 CCT
	UMOD.1	66 GCGTGGACCTGGATGAGTGCGCCATTCTGAGGCTCACAAC GCTCCGCCAACAGCAGCTGGGTAA GTGGATGTGCCCTGAAGGACAAGCCAGGCGTCTACACGAGAGTCTCACACTTCTTACCCTGGATCCGCA
	upa.3	70 G
	USP34.1	AAGCTGTGATGGCCAAGCTTTGCCCTCCAGGACCCTGAGGTGCTTTATCTC CAGTTGTGGCCATTG
20	VCAM1.1	70 C TGGCTTCAGGAGCTGAATACCTCCAGGCACACACAGGTGGGACACAATAAAGGTTTTGGAACCACT 89 ATTTTCTCATCAGACAGCA
	VCAN.1	69 CCTGCTACACAGCCAACAAGACCACCCACTGTGGAAGACAAAAGGCCCTTTGACCTCAGGCGCTTTCT
	VDR.2	67 GCCCTGGATTTTCAAGAAAGAGCCAAGTCTGGATCTGGGACCCTTTCTCTCTCCCTGGCTTGTAAT CTGCTGTCTTGGGTGCATTGGAGCCTTGCCCTGCTGCTCTACCTCCACCATGCCAAGTGGTCCAGGCT
25	VEGF.1	71 GC
	VEGFB.1	TGACGATGGCTGGAGTGTGTGCCACTGGGCAGCACCAAGTCCGGATGCAGATCCTCATGATCCGGT
	VHL.1	71 ACC 67 CGGTTGGTGACTTGTCTGCCTCTGCTTTGGGAAGACTGAGGCATCCGTGAGGCAGGGACAAGTCTT TGCCCTTAAAGGAACCAATGAGTCCCTGGAACGCCAGATGCGTGAATGGAAGAGAATTTGCCGTTGA
	VIM.3	72 AGC ACAGTGGTCTGGGCATCCCAAGTTGACCAGGGAGCCAACTTCTCGGAAGTCTCCAATACCAGCTTTGAG
30	VTCN1.1	70 C
	VTN.1	67 AGTCAATCTTCGCACACGGCGAGTGGACACTGTGGACCCTCCCTACCCACGCTCCATCGCTCAGTAC

Tabla B

Gen	Longitud de la secuencia diana	Secuencia del amplión
35	VWF.1	66 TGAAGCACAGTGCCTCTCCGTGAGCTGCACAGTGACATGGAGGTGACGGTGAATGGGAGACTGG
	WIF.1	67 AACAAAGCTGAGTGCCAGGCGGGTGCCGAAATGGAGGCTTTTGTAAATGAAAGACGCATCTGCGAGTG AGAGGCATCCATGAACCTTACACTTGCGGGCTGCATCAGCACACGCTCCTATCAACCCAAGTACTGTGG
40	WISP1.1	75 AGTTTG
	WT1.1	66 TGTACGGTCGGCATCTGAGACCAGTGAGAAACGCCCTTCATGTGTGCTTACCCAGGCTGCAATAA ATCGCAGCTGGTGGGTGTACACACTGCTGTTTACCTTGGCGGAGCCTTTCACCAAGTCCATGCAACAGG
	WVX5	74 GAGCT
	XDH.1	66 TGGTGGCAGACATCCC TCTGGCCAGATACAAGGTTGGCTTCATGAAGACTGGGACAGTTGTGGC GCAGTTGGAAGACACAGGAAAGTATCCCAAAATTGCAGATTATCAACCGCTTTTATCTTGAAAATAGTG
45	XIAP.1	77 CCACGCA CACCTGCACTGAACATACCCCAAGAGCCCTGCTGGCCATTTGCCTAGAAACCTTTGCATTATCCTCC
	XPNEP2.2	72 TT AGACTGTGGAGTTTGATGTTGTTGAAGGAGAAAAGGGTGGGAGGCAGCAATGTTACAGGTCCTGGTG
	YB-1.2	76 GTGTTCC
50	ZHX2.1	67 GAGTACGACCAGTTAGCGGCCAAGACTGGCCTGGTCCGAAC TGAGATTGTGCGTTGGTTCAAGGAGA

REIVINDICACIONES

1. Un método para determinar la probabilidad de recurrencia del carcinoma de células renales en un paciente con carcinoma de células renales que comprende:
 - (a) medir, en una muestra de carcinoma de células renales obtenida del paciente, el nivel de un transcrito de ARN de al menos CCL5;
 - (b) normalizar el nivel del transcrito de ARN de CCL5 para obtener un nivel de expresión de ARN normalizado; y
 - (c) determinar una probabilidad de recurrencia del carcinoma de células renales para el paciente basándose en el nivel de expresión normalizado de los genes,en donde el mayor nivel de expresión de ARN normalizado de CCL5 se correlaciona con un riesgo reducido de una recurrencia del carcinoma de células renales.
2. El método de la reivindicación 1, que comprende además medir el nivel de expresión de un transcrito de ARN de al menos otro gen, seleccionado de los transcritos de ARN de los genes enumerados en la tabla 3a, 3b, 8a, u 8b.
3. El método de la reivindicación 1 o 2, en donde los niveles del transcrito de ARN de los genes se normalizan con respecto a los datos del nivel de expresión promedio obtenidos para uno o más genes de referencia.
4. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, que comprende además generar un informe basándose en el nivel de expresión de ARN normalizado.
5. El método según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en donde la muestra de carcinoma de células renales es una muestra de tejido fijado o embebido en parafina.
6. El método según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en donde el nivel de expresión del transcrito de ARN se mide utilizando un método basado en PCR.

Consistencia entre el estadio I y III para los genes ilustrativos asociados con RFI

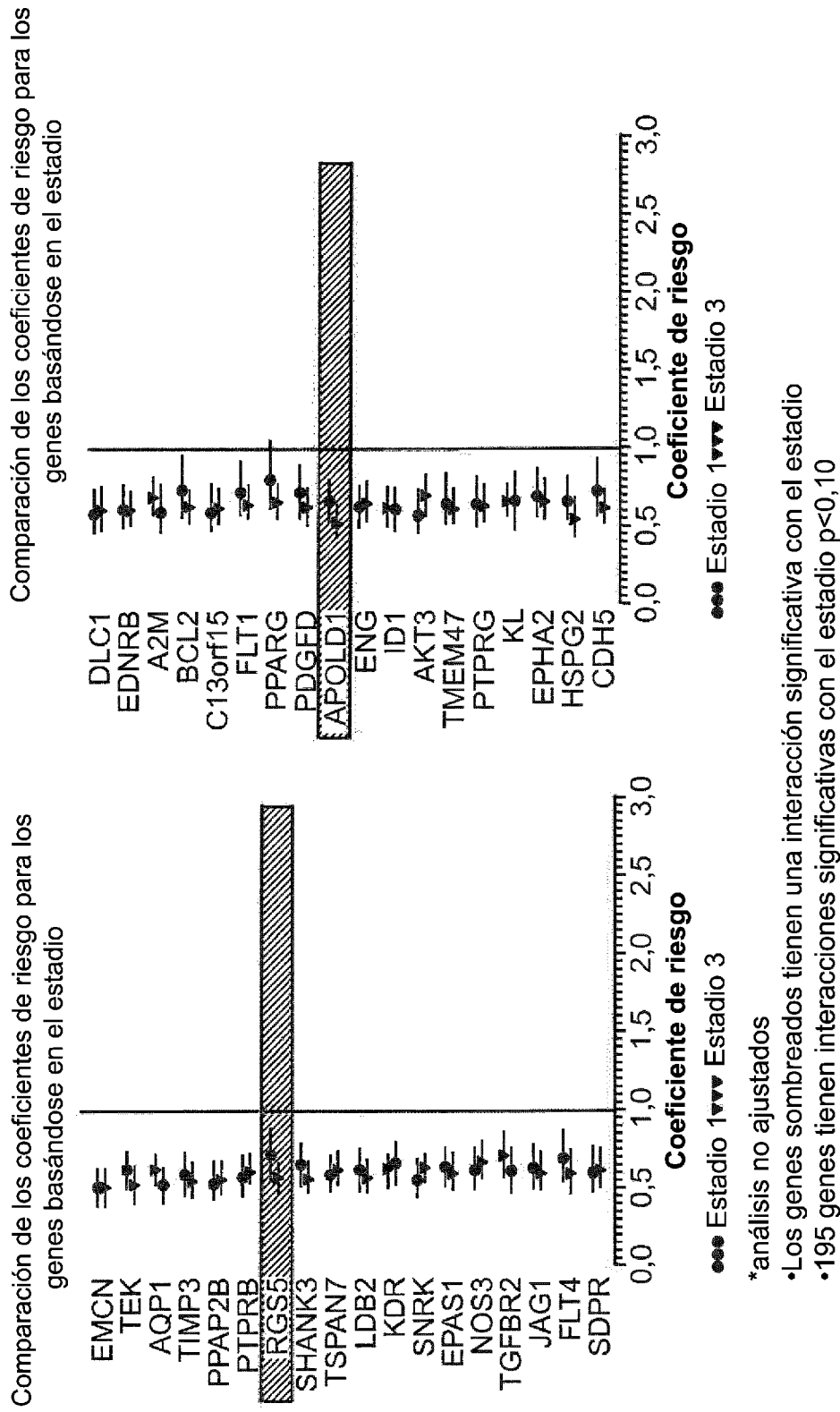


Figura 1a

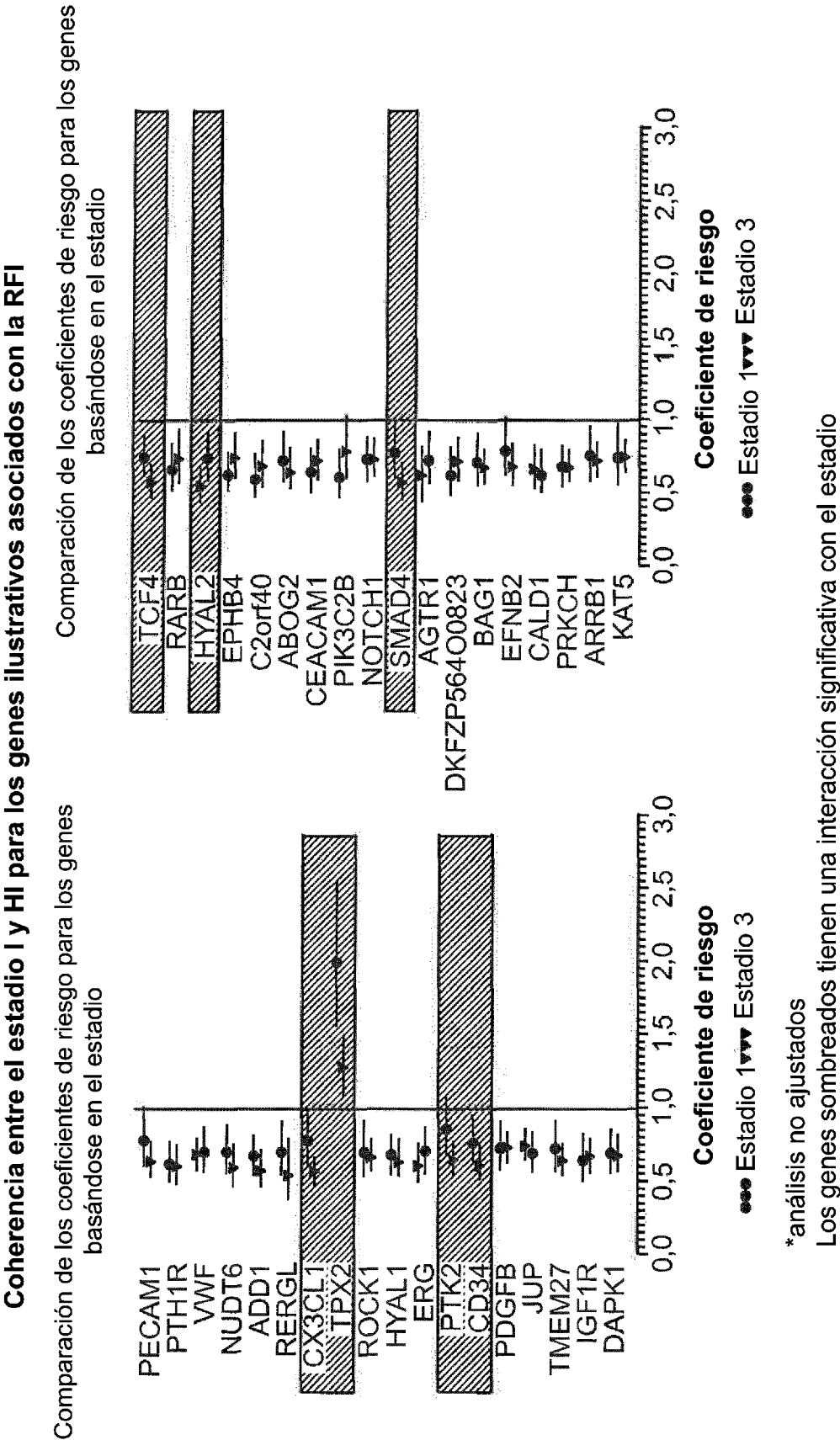
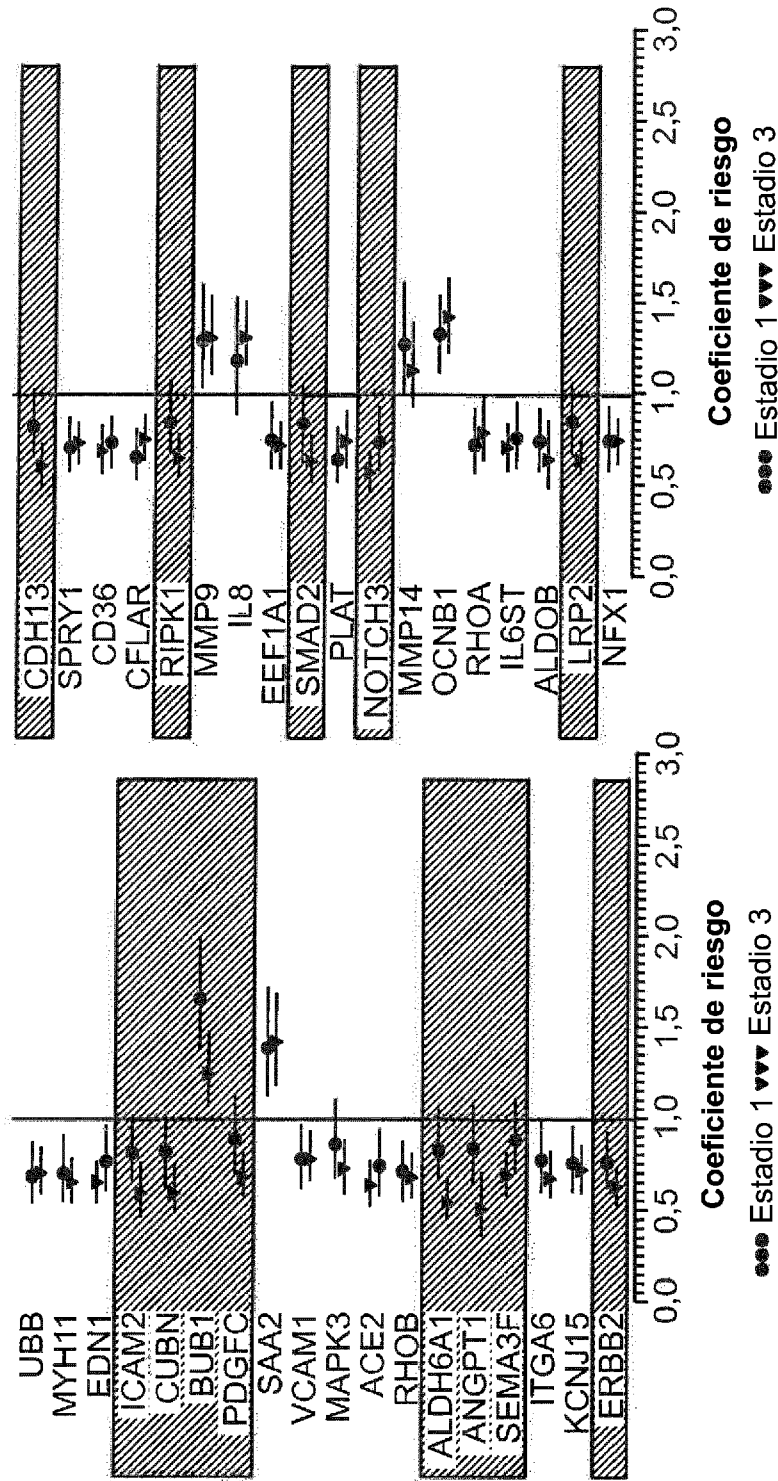


Figura 1b

Coherencia entre el estadio I y III para los genes ilustrativos asociados con la RFI

Comparación de los coeficientes de riesgo para los genes basándose en el estadio



*análisis no ajustados
Los genes sombreados tienen una interacción significativa con el estadio

Figura 1c

Resultado consistente en todos los criterios de valoración (RFI y OS) para genes ilustrativos

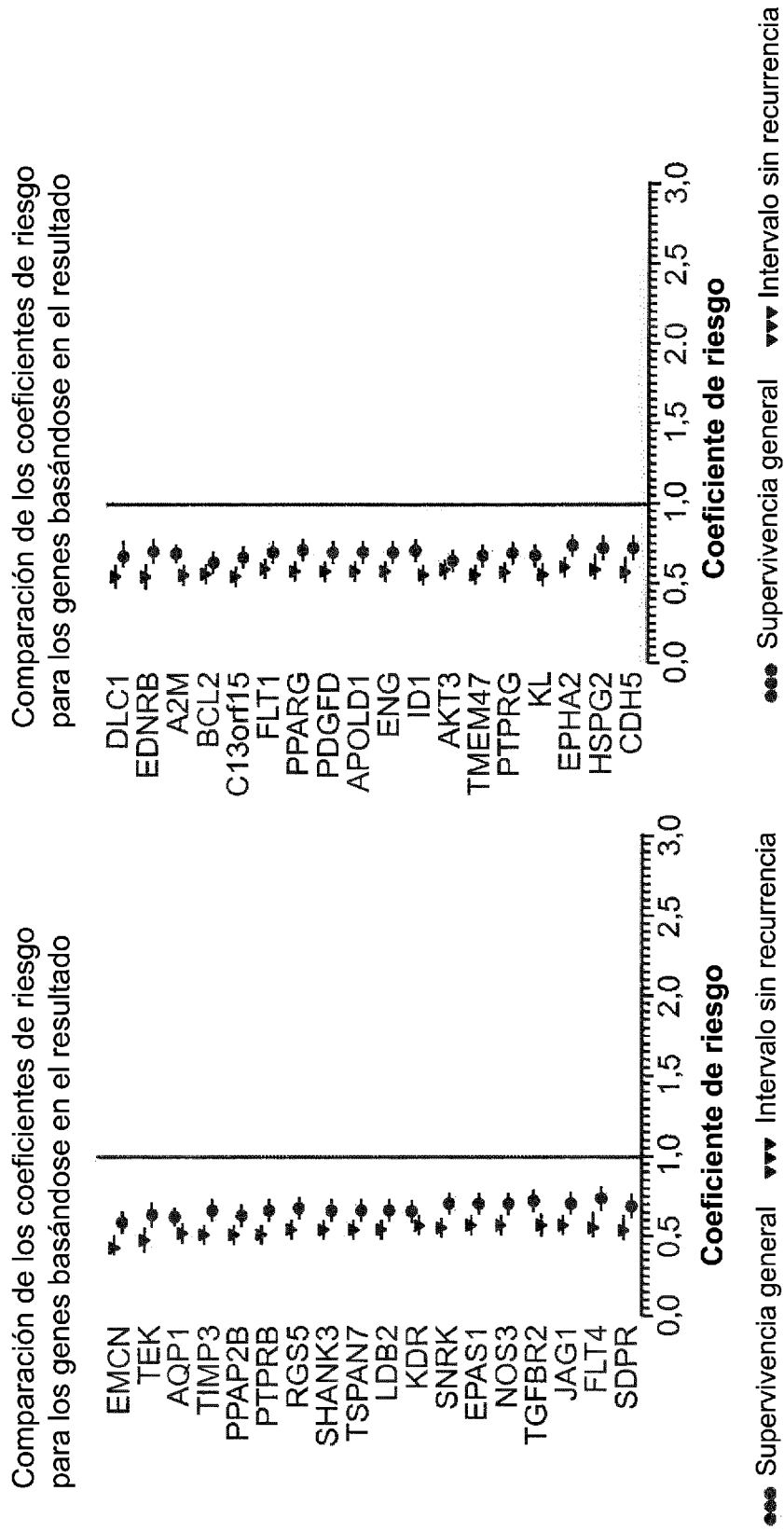


Figura 2

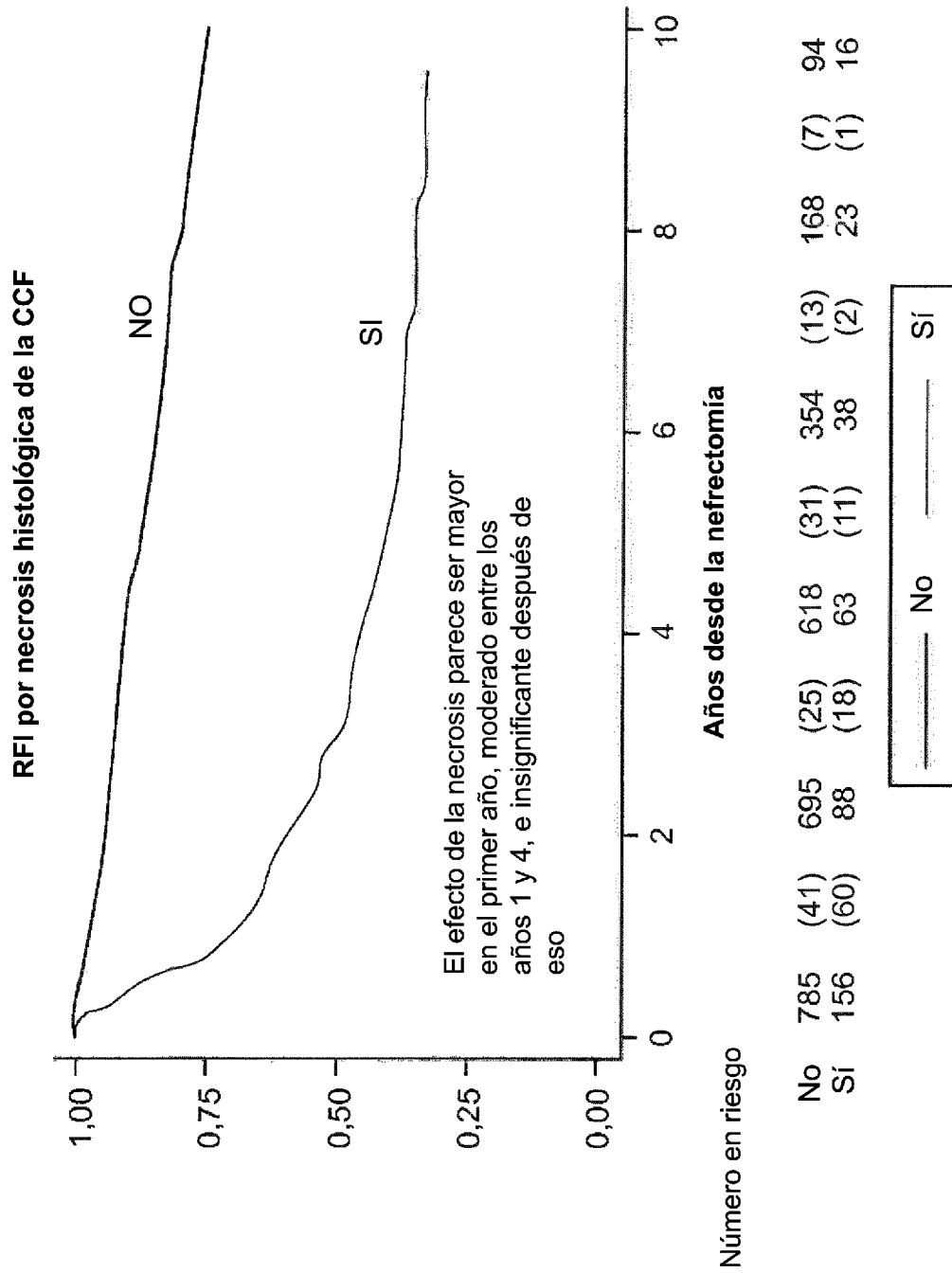
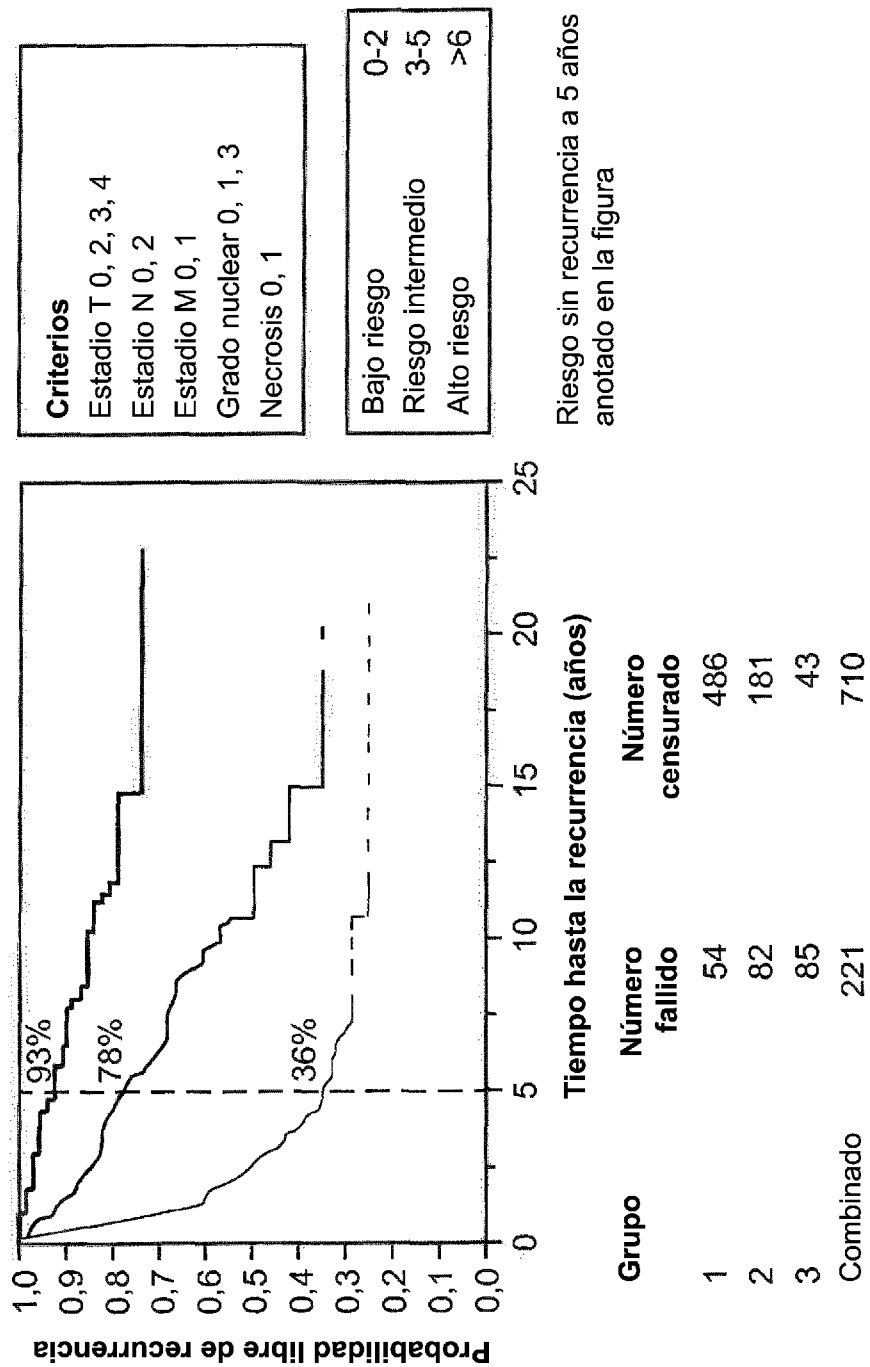


Figura 3

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

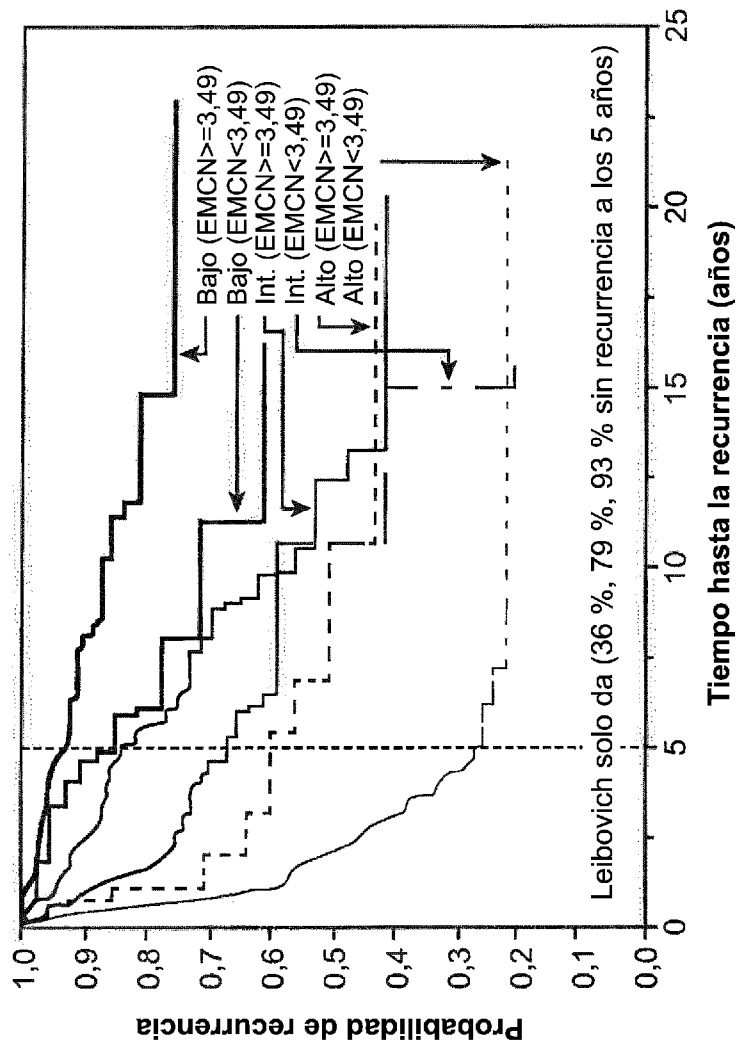


¹. Leibovich BC, Blute ML, Cheville JC, y col. Prediction of progression after radical nephrectomy for patients with clear cell renal cell carcinoma. Cancer 2003;97:1663-1671

«Riesgo sin recurrencia a 5 años» significa la proporción sin recurrencia a los 5 años

Figura 4

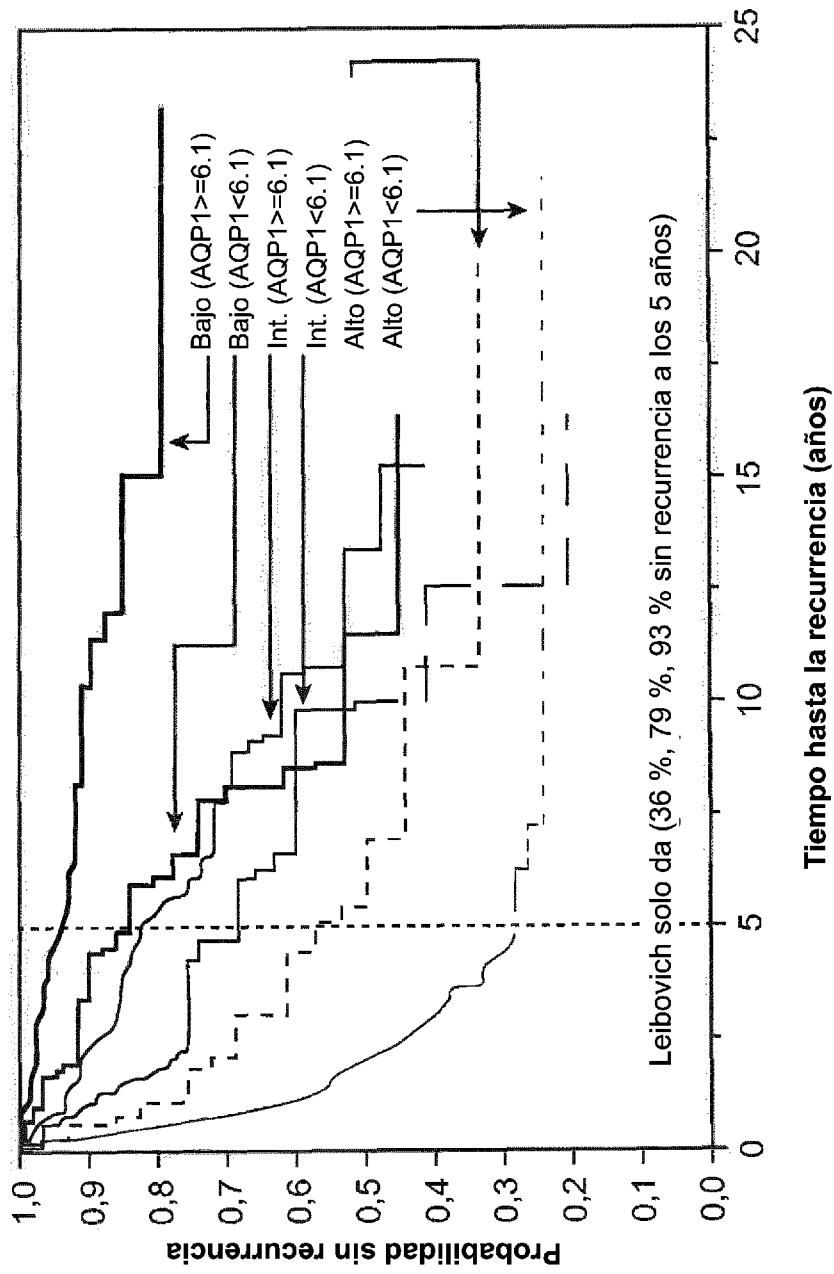
Ejemplo para utilizar 1 gen para mejorar la predicción: EMCN además de los criterios de Mayo (Leibovich y col.)



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

Figura 5

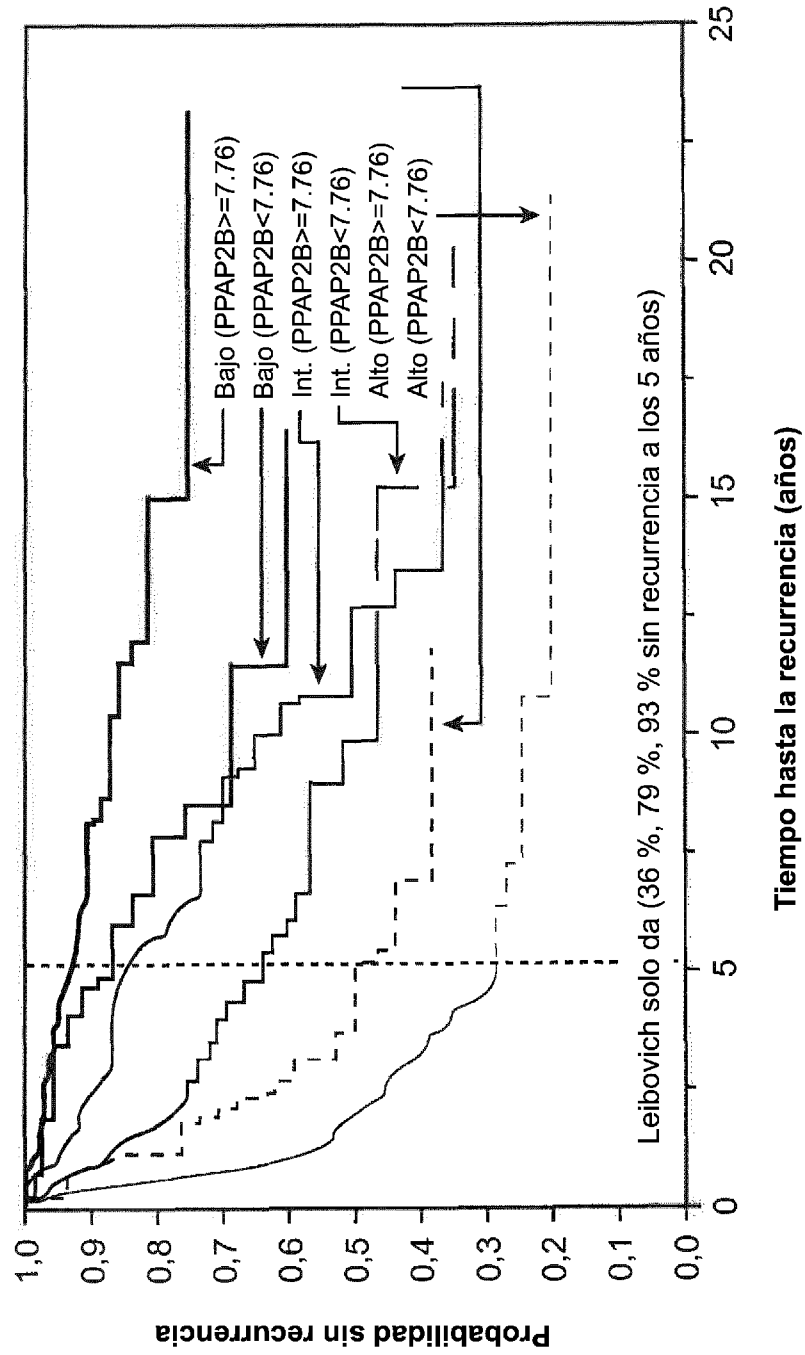
Ejemplo para utilizar 1 gen para mejorar la predicción: AQP1 además de los criterios de Mayo (Leibovich y col.)



Punto de corte para AQP1 obtenido al observar los cuartiles de expresión de AQP1 y sus curvas de KM para RFI

Figura 6

Ejemplo para utilizar 1 gen para mejorar la predicción: PPAP2B además de los criterios de Mayo (Leibovich y col.)



Punto de corte para PPAP2B obtenido al observar los cuantiles de expresión de PPAP2B y sus curvas de KM para RFI

Figura 7