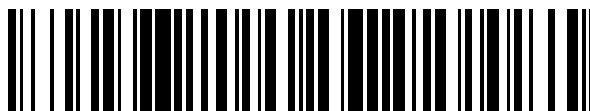


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 546 425**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/68 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **03.01.2007 E 12154337 (5)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **08.07.2015 EP 2487260**

54 Título: **Métodos basados en microARN y composiciones para el diagnóstico y el tratamiento de cánceres sólidos**

30 Prioridad:

05.01.2006 US 756585 P

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

23.09.2015

73 Titular/es:

**THE OHIO STATE UNIVERSITY RESEARCH
FOUNDATION (100.0%)
1524 North High Street
Columbus, OH 43201, US**

72 Inventor/es:

**CROCE, CARLO;
CALIN, GEORGE y
VOLINIA, STEFANO**

74 Agente/Representante:

VALLEJO LÓPEZ, Juan Pedro

ES 2 546 425 T3

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

DESCRIPCIÓN

Métodos basados en microARN y composiciones para el diagnóstico y el tratamiento de cánceres sólidos

5 **Antecedentes de la invención**

El cáncer, el crecimiento incontrolado de células malignas, es un problema de salud importante de la era médica moderna y es una de las principales causas de muerte en los países desarrollados. En los Estados Unidos, una de cada cuatro muertes está provocada por cáncer (Jemal, A. *et al.*, *CA Cancer J. Clin.* 52: 23-47 (2002)). Entre los cánceres, los que surgen de órganos y tejidos sólidos, conocidos como cánceres sólidos, conocidos como cánceres sólidos (por ejemplo, cáncer de colon, cáncer de pulmón, cáncer de mama, cáncer de estómago, cáncer de próstata, cáncer pancreático) están entre los cánceres humanos más habitualmente identificados.

Por ejemplo, el cáncer de próstata es el tumor maligno no cutáneo diagnosticado más frecuentemente entre hombres en países industrializados y, en los Estados Unidos, 1 de cada 8 hombres desarrollarán cáncer de próstata durante su vida (Simard, J. *et al.*, *Endocrinology* 143(6): 2029-40 (2002)). La incidencia del cáncer de próstata ha aumentado drásticamente durante las últimas décadas y el cáncer de próstata es ahora una causa principal de muerte en los Estados Unidos y en Europa Occidental (Peschel, R. E. y J. W. Colberg, *Lancet* 4: 233-41 (2003); Nelson, W. G. *et al.*, *N. Engl. J. Med* 349(4): 366-81 (2003)). Los hombres con cáncer de próstata están afectados por una reducción media de 40 % en la esperanza de vida. Si se detecta de forma temprana, antes de la metástasis y propagación local más allá de la cápsula, el cáncer de próstata puede con frecuencia curarse (por ejemplo, usando cirugía). Sin embargo, si se diagnostica después de su propagación y metástasis de la próstata, el cáncer de próstata es normalmente una enfermedad letal con tasas de curación bajas. Aunque la exploración basada en antígeno específico de próstata (PSA) ha ayudado al diagnóstico temprano del cáncer de próstata, no es ni altamente sensible ni específico (Punglia *et al.*, *N. Engl. J. Med* 349(4): 335-42 (2003)). Esto significa que se asocia con el ensayo un alto porcentaje de diagnósticos de falso negativo y falso positivo. Las consecuencias son tanto muchos casos de cánceres pasados por alto como biopsias de seguimiento innecesarias para las personas sin cáncer.

El cáncer de mama sigue siendo la segunda causa principal de muertes relacionadas con cáncer en mujeres, afectando a más de 180.000 mujeres en los Estados Unidos cada año. Para las mujeres en Norteamérica, las probabilidades en tiempo de vida de tener cáncer de mama son ahora de una de cada ocho. Aunque el descubrimiento de BRCA1 y BRCA2 fueron etapas importantes en la identificación de factores genéticos clave implicados en cáncer de mama, se ha hecho evidente que las mutaciones en BRCA1 y BRCA2 representan solamente una fracción de la susceptibilidad heredada a cáncer de mama (Nathanson, K. L., *et al.*, *Human Mol. Gen.* 10(7): 715-720 (2001); Anglican Breast Cancer Study Group. *Br. J. Cancer* 83(10): 1301-08 (2000); y Syrjakoski, K., *et al.*, *J. Natl. Cancer Inst.* 92: 1529-31 (2000)). A pesar de investigación considerable sobre terapias para cáncer de mama, el cáncer de mama sigue siendo difícil de diagnosticar y tratar eficazmente, y la alta mortalidad observada en pacientes con cáncer de mama indica que se necesitan mejoras en el diagnóstico, tratamiento y prevención de la enfermedad.

Excluyendo cáncer de piel, el cáncer colorrectal, es el tercer cáncer diagnosticado con más frecuencia en los Estados Unidos y Canadá (después de pulmón y mama en mujeres, y pulmón y próstata en hombres). La Sociedad Americana del Cáncer estima que habrá aproximadamente 145.000 casos nuevos de cáncer colorrectal diagnosticados en los Estados Unidos en 2005 (Cancer Facts and Figures 2005. Atlanta, GA: American Cancer Society, 2005. Disponibles en www.cancer.org/do-croot/STT/stt_0.asp, accedida el 19 de diciembre de 2005). El cáncer colorrectal es la segunda causa principal de muerte por cáncer entre hombres y mujeres en los Estados Unidos y Canadá (después del cáncer de pulmón).

La incidencia anual del cáncer pancreático es casi equivalente a la mortalidad anual, que se estima que es de 31.860 y 31.270, respectivamente, en los Estados Unidos en 2004 (Cancer Facts and Figures 2004. Atlanta, GA: American Cancer Society, 2004. Disponible en www.cancer.org/docroot/STT/stt_0_2004.asp, accedida el 21 de agosto de 2005). Los pacientes con cáncer pancreático localmente avanzado y metastásico tienen diagnósticos negativos, y el diagnóstico generalmente se realiza demasiado tarde para que la cirugía o la radioterapia sea curativa (Burr, H. A., *et al.*, *The Oncologist* 10(3): 183-190, (2005)). La quimioterapia puede proporcionar alivio de los síntomas para algunos pacientes con cáncer pancreático avanzado, pero su impacto en la supervivencia ha sido moderado hasta la fecha.

En los Estados Unidos, se diagnostica a más de 20.000 individuos cáncer de estómago (gástrico) cada año. La Sociedad Americana del Cáncer estima que habrá 22.710 casos nuevos de cáncer colorrectal diagnosticados en los Estados Unidos en 2004 (Cancer Facts and Figures 2004. Atlanta, GA: American Cancer Society, 2004. Disponible en www.cancer.org/docroot/STT/stt_0_2004.asp, accedida el 21 de agosto de 2005). Debido a que el cáncer de estómago puede aparecer sin síntomas, puede estar en estadios avanzados en el momento en que se realice el diagnóstico. Después el tratamiento se dirige a aumentar la comodidad del paciente y mejorar su calidad de vida.

El cáncer de pulmón provoca más muertes en todo el mundo que cualquier otra forma de cáncer (Goodman, G. E., *Thorax* 57: 994-999 (2002)). En los Estados Unidos, el cáncer de pulmón es la causa principal de muerte por cáncer

tanto en hombres como en mujeres. En 2002, la tasa de muerte de cáncer de pulmón fue una estimación de 134.900 muertes, que excede el total combinado de cáncer de mama, próstata y colon. Misma referencia. El cáncer de pulmón también es la causa principal de muerte por cáncer en todos los países Europeos, y los números de muertes relacionadas con cáncer de pulmón están aumentando rápidamente también en los países en desarrollo.

5 La tasa de supervivencia a cinco años entre todos los pacientes de cáncer de pulmón, independientemente del estadio de la enfermedad en el momento de diagnóstico, es solo de aproximadamente 13 %. Esto se diferencia de una tasa de supervivencia a los cinco años de 46 % entre casos detectados cuando la enfermedad aún está localizada. Sin embargo, solamente 16 % de los cánceres de pulmón se descubren antes de que la enfermedad se
10 haya propagado. La detección temprana es difícil ya que los síntomas clínicos con frecuencia no se observan hasta que la enfermedad ha alcanzado un estadio avanzado. A pesar de la investigación sobre terapias para este y otros cánceres, el cáncer de pulmón sigue siendo difícil de diagnosticar y tratar eficazmente.

15 Claramente, la identificación de marcadores y genes que son responsables de la susceptibilidad a formas particulares de cáncer sólido (por ejemplo, cáncer de próstata, cáncer de mama, cáncer de pulmón, cáncer de estómago, cáncer de colon, cáncer pancreático) es uno de los principales retos a los que se enfrenta la oncología en la actualidad. Existe la necesidad de identificar medios para la detección temprana de individuos que tengan una susceptibilidad genética al cáncer de modo que puedan instituirse regímenes de exploración e intervención más agresivos para la detección y tratamiento temprano del cáncer. Los genes de cáncer también pueden revelar rutas
20 moleculares clave que pueden manipularse (por ejemplo, usando fármacos de peso molecular grande o pequeño) y pueden conducir a tratamientos más eficaces independientemente del estadio de cáncer cuando se diagnostique por primera vez un cáncer particular.

25 Los microARN son una clase de ARN no codificantes, pequeños que controlan la expresión génica hibridando con y desencadenando la represión de la traducción o, menos frecuentemente, la degradación de una diana de ARN mensajero (ARNm). El descubrimiento y estudio de los miARN ha revelado mecanismos reguladores de genes mediados por miARN que desempeñan papeles importantes en el desarrollo de los organismos y diversos procesos celulares, tales como diferenciación celular, crecimiento celular y muerte celular (Cheng, A. M., *et al.*, *Nucleic Acids Res.* 33: 1290-1297 (2005)). Estudios recientes sugieren que la expresión aberrante de los miARN particulares
30 puede estar implicada en enfermedades humanas, tales como trastornos neurológicos (Ishizuka, A., *et al.*, *Genes Dev.* 16: 2497-2508 (2002)) y cáncer. En particular, se ha descubierto expresión errónea de miR-16-1 y/o miR-15a en leucemias linfocíticas crónicas humanas (Calin, G. A., *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 99: 15524-15529 (2002)).

35 El documento WO 2005/078139 analiza la asociación entre genes de miARN y elementos cromosómicos implicados en la etiología de diferentes cánceres y sugiere que el cáncer puede tratarse restaurando el nivel de expresión génica de miARN al normal.

40 Claramente, existe una gran necesidad en la técnica de métodos mejorados para detectar y tratar cánceres sólidos (por ejemplo, cáncer de próstata, cáncer de mama, cáncer de pulmón, cáncer de estómago, cáncer de colon, cáncer pancreático). La presente invención proporciona nuevos métodos para el diagnóstico de cáncer pancreático. También se desvelan métodos para el diagnóstico y tratamiento de cánceres sólidos y composiciones para el diagnóstico y tratamiento de cánceres sólidos.

45 **Compendio de la invención**

La presente invención se basa, en parte, en la identificación de miARN específicos que tienen niveles de expresión alterados en cánceres sólidos particulares.

50 En consecuencia, la invención abarca métodos para diagnosticar si un sujeto tiene un cáncer sólido. De acuerdo con los métodos de la invención, el nivel de al menos un primer producto génico de miR-92-2 en una muestra de ensayo se compara con el nivel del producto génico de miR correspondiente en una muestra de control. Una alteración (por ejemplo, un aumento, una reducción) en el nivel del producto génico de miR en la muestra de ensayo, en relación con el nivel del producto génico de miR correspondiente en una muestra de control, es indicativa de que el sujeto
55 tiene un cáncer sólido. El cáncer sólido puede ser cáncer de mama, cáncer pancreático o cáncer de próstata.

También se desvelan métodos en los que el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-21, miR-191, miR-17-5p y combinaciones de los mismos. Como alternativa, el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que
60 consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de mama o cáncer de pulmón y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-210, miR-213
65 y una combinación de los mismos.

También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de colon, cáncer de estómago, cáncer de próstata o cáncer de páncreas y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo es miR-218-2.

- 5 También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de mama y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-125b-1, miR-125b-2, miR-145, miR-21 y combinaciones de los mismos. Como alternativa, el cáncer sólido es cáncer de mama y el al menos un producto génico de miR en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-21, miR-29b-2, miR-146, miR-125b-2, miR-125b-1, miR-10b, miR-145, miR-181a, miR-140, miR-213, miR-29a prec, miR-181b-1, miR-199b, miR-29b-1, miR-130a, miR-155, let-7a-2, miR-205, miR-29c, miR-224, miR-100, miR-31, miR-30c, miR-17-5p, miR-210, miR-122a, miR-16-2 y combinaciones de los mismos.

- 15 También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de colon y el al menos un producto génico de miR en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-24-1, miR-29b-2, miR-20a, miR-10a, miR-32, miR-203, miR-106a, miR-17-5p, miR-30c, miR-223, miR-126*, miR-128b, miR-21, miR-24-2, miR-99b prec, miR-155, miR-213, miR-150, miR-107, miR-191, miR-221, miR-9-3 y combinaciones de los mismos.

- 20 También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de pulmón y el producto génico de miR en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-21, miR-205, miR-200b, miR-9-1, miR-210, miR-148, miR-141, miR-132, miR-215, miR-128b, let-7g, miR-16-2, miR-129-1/2 prec, miR-126*, miR-142-as, miR-30d, miR-30a-5p, miR-7-2, miR-199a-1, miR-127, miR-34a prec, miR-34a, miR-136, miR-202, miR-196-2, miR-199a-2, let-7a-2, miR-124a-1, miR-149, miR-17-5p, miR-196-1 prec, miR-10a, miR-99b prec, miR-196-1, miR-199b, miR-191, miR-195, miR-155 y combinaciones de los mismos se usa para diagnosticar cáncer de pulmón.

- 25 También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido es cáncer pancreático y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-103-1, miR-103-2, miR-155, miR-204 y combinaciones de los mismos.

- 30 En una realización, el miR-92-2 y al menos un producto génico de miR adicional seleccionado del grupo que consiste en miR-103-2, miR-103-1, miR-24-2, miR-107, miR-100, miR-125b-2, miR-125b-1, miR-24-1, miR-191, miR-23a, miR-26a-1, miR-125a, miR-130a, miR-26b, miR-145, miR-221, miR-126*, miR-16-2, miR-146, miR-214, miR-99b, miR-128b, miR-155, miR-29b-2, miR-29a, miR-25, miR-16-1, miR-99a, miR-224, miR-30d, miR-199a-1, miR-223, miR-29c, miR-30b, miR-129-1/2, miR-197, miR-17-5p, miR-30c, miR-7-1, miR-93-1, miR-140, miR-30a-5p, miR-132, miR-181b-1, miR-152 prec, miR-23b, miR-20a, miR-222, miR-27a, miR-92-1, miR-21, miR-129-1/2 prec, miR-150, miR-32, miR-29b-1 y combinaciones de los mismos se usan para diagnosticar cáncer pancreático.

- 40 En otra realización, el producto génico de miR-92-2 y al menos un miR adicional en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en let-7d, miR-128a prec, miR-195, miR-203, let-7a-2 prec, miR-34a, miR-20a, miR-218-2, miR-29a, miR-25, miR-95, miR-197, miR-135-2, miR-187, miR-196-1, miR-148, miR-191, miR-21, let-7i, miR-198, miR-199a-2, miR-30c, miR-17-5p, miR-146, miR-181b-1 prec, miR-32, miR-206, miR-184 prec, miR-29a prec, miR-29b-2, miR-149, miR-181b-1, miR-196-1 prec, miR-93-1, miR-223, miR-16-1, miR-101-1, miR-124a-1, miR-26a-1, miR-214, miR-27a, miR-24-1, miR-106a, miR-199a-1 y combinaciones de los mismos se usa para diagnosticar el cáncer de próstata.

- 45 En una realización adicional, el producto génico de miR-92-2 y un producto génico de miR adicional se selecciona del grupo que consiste en miR-223, miR-21, miR-218-2, miR-103-2, miR-25, miR-136, miR-191, miR-221, miR-125b-2, miR-103-1, miR-214, miR-222, , miR-125b-1, miR-100, miR-107, miR-92-1, miR-96, miR-192, miR-23a, miR-215, miR-7-2, miR-138-2, miR-24-1, miR-99b, miR-33b, miR-24-2 y combinaciones de los mismos.

- 50 El nivel del al menos un producto génico de miR puede medirse usando diversas técnicas que se conocen bien por los expertos en la materia (por ejemplo, RT-PCR cuantitativa o semicuantitativa, análisis de transferencia de Northern, detección de hibridación en solución). En una realización particular, el nivel de al menos un primer miR-92-2 se mide por transcripción inversa de al menos ARN de miR-92-2 de una muestra de ensayo obtenida del sujeto para proporcionar al menos un oligodesoxinucleótido diana de miR-92-2, hibridando el oligodesoxinucleótido diana con una microserie que comprende oligonucleótidos sonda específicos de miARN para proporcionar un perfil de hibridación para la muestra de ensayo, y comparando el perfil de hibridación de la muestra de ensayo con un perfil de hibridación de una muestra de control. Una alteración en la señal de al menos un primer producto génico de miR-92-2 en la muestra de ensayo en relación con la muestra de control es indicativa de que el sujeto tiene un cáncer sólido. Los oligonucleótidos diana pueden hibridarse con una microserie que comprende oligonucleótidos sonda específicos de miARN para uno o más miARN seleccionados del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

- 65 La presente divulgación también abarca métodos para inhibir tumorigénesis en un sujeto que tiene, o se sospecha que tiene, un cáncer sólido (por ejemplo, cáncer de próstata, cáncer de estómago, cáncer pancreático, cáncer de pulmón, cáncer de mama, cáncer de colon), en el que al menos un producto génico de miR está desregulado (por

ejemplo, regulado negativamente, regulado positivamente) en las células de cáncer del sujeto. Cuando el al menos un producto génico de miR aislado está regulado negativamente en las células de cáncer, el método comprende administrar una cantidad eficaz de un producto génico de miR aislado, una variante aislada o un fragmento biológicamente activo del producto génico de miR o variante, de modo que se inhiba la proliferación de células cancerosas en el sujeto. El al menos un producto génico de miR aislado puede seleccionarse del grupo que consiste en miR-145, miR-155, miR-218-2 y combinaciones de los mismos. El producto génico de miR no puede ser miR-15a o miR-16-1. Cuando el al menos un producto génico de miR aislado está regulado positivamente en las células cancerosas, el método puede comprender administrar al sujeto una cantidad eficaz de al menos un compuesto para inhibir la expresión del al menos un producto génico de miR (denominado en la presente memoria un “compuesto de inhibición de la expresión de miR”), de modo que se inhibe la proliferación de células cancerosas en el sujeto. El al menos un compuesto de inhibición de la expresión de miR puede ser específico para un producto génico de miR seleccionado del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

Los métodos para inhibir la tumorigénesis en un sujeto pueden comprender adicionalmente la etapa de determinar la cantidad de al menos un producto génico de miR en células cancerosas del sujeto, y comparar ese nivel del producto génico de miR en las células con el nivel de un producto génico de miR correspondiente en células de control. Si la expresión del producto génico de miR está desregulada (por ejemplo, regulada negativamente, regulada positivamente) en células cancerosas, los métodos comprenden además alterar la cantidad del al menos un producto génico de miR expresado en las células cancerosas. La cantidad del producto génico de miR expresado en las células cancerosas puede ser menor que la cantidad de producto génico de miR expresado en una célula de control (por ejemplo, células de control), y se administra al sujeto una cantidad eficaz del producto génico de miR regulado negativamente, variante aislada o fragmento biológicamente activo del producto génico de miR o variante. Los productos génicos de miR adecuados incluyen miR-145, miR-155, miR-218-2 y combinaciones de los mismos, entre otros. El producto génico de miR puede no ser miR-15a o miR-16-1. La cantidad del producto génico de miR expresado en las células cancerosas puede ser mayor que la cantidad del producto génico de miR expresado en la célula de control (por ejemplo, células de control), y puede administrarse al sujeto una cantidad eficaz de al menos un compuesto para inhibir la expresión del al menos un producto génico de miR regulado positivamente. Los compuestos adecuados para inhibir la expresión del al menos un producto génico de miR incluyen, pero sin limitación, compuestos que inhiben la expresión de miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

La presente divulgación proporciona además composiciones farmacéuticas para tratar cánceres sólidos (por ejemplo, cáncer de próstata, cáncer de estómago, cáncer pancreático, cáncer de pulmón, cáncer de mama, cáncer de colon). Las composiciones farmacéuticas pueden comprender al menos un producto génico de miR aislado y un vehículo farmacéuticamente aceptable. El al menos un producto génico de miR puede corresponder a un producto génico de miR que tenga una nivel reducido de expresión en células cancerosas en relación con las células de control. El producto génico de miR aislado puede seleccionarse del grupo que consiste en miR-145, miR-155, miR-218-2 y combinaciones de los mismos.

Las composiciones farmacéuticas pueden comprender al menos un compuesto de inhibición de la expresión de miR y un vehículo farmacéuticamente aceptable. El al menos un compuesto de inhibición de la expresión de miR puede ser específico de un producto génico de miR cuya expresión es mayor en células cancerosas que en células de control. El compuesto de inhibición de la expresión de miR puede ser específico para uno o más productos génicos de miR seleccionados del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

También se desvelan métodos para identificar un inhibidor de tumorigénesis, que comprenden proporcionar un agente de ensayo a una célula y medir el nivel de al menos un producto génico de miR en la célula. El método puede comprender proporcionar un agente de ensayo a una célula y medir el nivel de al menos un producto génico de miR asociado con niveles de expresión reducidos en cánceres sólidos (por ejemplo, cáncer de próstata, cáncer de estómago, cáncer pancreático, cáncer de pulmón, cáncer de mama, cáncer de colon). Un aumento en el nivel del producto génico de miR en la célula, en relación con una célula de control adecuada, es indicativo de que el agente de ensayo es un inhibidor de tumorigénesis. El al menos un producto génico de miR asociado con niveles de expresión reducidos en células de cáncer sólido pueden seleccionarse del grupo que consiste en miR-145, miR-155, miR-218-2 y combinaciones de los mismos.

El método puede comprender proporcionar un agente de ensayo a una célula y medir el nivel de al menos un producto génico de miR asociado con aumento de los niveles de expresión en cánceres sólidos. Una reducción en el nivel del producto génico de miR en la célula, en relación con una célula de control adecuada, es indicativa de que el agente de ensayo es un inhibidor de tumorigénesis. El al menos un producto génico de miR asociado con niveles de expresión aumentados en células de cáncer sólido puede seleccionarse del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1,

miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

Breve descripción de los dibujos

5 La FIGURA 1 representa un análisis de agrupamiento de 540 muestras, que representan 6 cánceres sólidos (parte superior) y los tejidos normales respectivos. Los miARN incluidos en el árbol (n=137) representan aquellos cuyo nivel de expresión (intensidad con fondo restado) fue mayor que el valor umbral (256) en al menos 50 % de las muestras analizadas. Las series se centraron en la mediana y se normalizaron usando Gene Cluster 2.0. Se realizó agrupamiento de enlace medio usando métrica de correlación no centrada. Los colores indican la diferencia en el nivel de expresión de la mediana para los microARN de cada muestra.

10 La FIGURA 2 representa un análisis no supervisado de los datos de expresión de microARN. Los perfiles de microARN de 540 muestras (indicadas en la parte superior del panel) que abarcaban mama, colon, pulmón, páncreas, próstata y estómago (tejidos normales y tumores) se filtraron, centraron y normalizaron para cada característica. Los datos se sometieron a agrupamiento jerárquico tanto en las muestras (orientadas horizontalmente) como en las características (orientadas verticalmente) con enlace medio y correlación de Pearson como una medida de similitud. Los nombres de las muestras se indican en la parte superior de la figura y los nombres de los miARN a la izquierda. El ID de la sonda se indica entre paréntesis, ya que el mismo microARN puede medirse por diferentes oligonucleótidos. Los colores indican la diferencia en los niveles de expresión de la mediana para los microARN en cada muestra.

15 La FIGURA 3 representa la expresión de miARN regulados diferencialmente entre cánceres sólidos (parte superior). Se representan sesenta y un microARN, que están presentes en al menos 90 % de los cánceres sólidos tisulares (derecha del panel). El árbol presenta los valores de expresión absolutos medios para cada uno de los microARN enumerados después de transformación \log_2 . La media se calculó sobre todas las muestras del mismo histotipo tumoral o tejido. Los genes se centraron en la media y se normalizaron usando Gene Cluster 2.0. Se realizó agrupamiento de enlace medio usando la distancia Euclídea.

20 La FIGURA 4 representa el factor de cambio en la expresión de miARN presentes en al menos 75 % de los tumores sólidos con al menos un valor absoluto de tumor mayor que 2 en diferentes muestras de cáncer (parte superior), en relación con muestras normales. El árbol presenta la transformación \log_2 del factor de cambio medio (cáncer frente a normal). La media se calculó sobre todas las muestras del mismo histotipo tumoral o tejido. Las matrices se centraron en la media y se normalizaron usando Gene Cluster 2.0. Se realizó agrupamiento de enlaces medio usando métrica de correlación no centrada.

25 La FIGURA 5 representa el factor de cambio en la expresión de miARN presentes en los distintivos de al menos 50 % de los tumores sólidos en muestras de cáncer frente a normales. El árbol representa la transformación \log_2 del factor de cambio medio (cáncer frente a normal). La media se calculó sobre todas las muestras del mismo histotipo tumoral o tejido. Las matrices se centraron en la media y se normalizaron usando Gene Cluster 2.0. Se realizó agrupamiento de enlace medio usando métrica de correlación no centrada.

30 La FIGURA 6A representa gráficas de barra que indican que las UTR 3' de diferentes genes que codifican proteína de cáncer permiten la regulación del cáncer por microARN. La represión relativa de expresión de luciferasa de luciérnaga (Factor de Cambio) se normalizó a un control de luciferasa de renilla. PLAG1, gen de adenoma pleiomórfico 1; TGFBR2, receptor de factor de crecimiento transformante beta II; Rb, gen de retinoblastoma. Se usó pGL-3 (Promega) como el vector vacío. Se usaron oligoARN *miR-20a*, *miR-26a-1* y *miR-106* (con sentido y mezclados) para transfecciones. Se muestra en el panel inferior un segundo experimento que usa versiones mutadas de cada ARNm diana que carecen del sitio de complementariedad del extremo de miARN 5' (MUT). Todos los experimentos se realizaron dos veces por triplicado (n=6).

35 La FIGURA 6B representa transferencias de Western que indican que, en ciertos cánceres (por ejemplo, pulmón, mama, colon, gástrico), los niveles de proteína RB1 (Rb) presentan una correlación inversa con el nivel de expresión de *miR-106a*. Se usó β actina como un control para normalización. N1, muestra normal; T1 y T2, muestra tumoral.

40 La FIGURA 7 representa transferencias de Northern que muestran regulación negativa de la expresión de miR-145 (parte superior) y regulación positiva de la expresión de miR-21 (parte inferior) en muestras de cáncer de mama (serie P y serie numerada) en relación con muestras normales. Se realizó normalización con una sonda específica de U6.

45 La FIGURA 8 representa transferencias de Northern que muestran regulación positiva de la expresión de miR-103 y regulación negativa de la expresión de miR-155 (parte superior) en diferentes muestras de cáncer pancreático endocrino (WDET, tumores endocrinos pancreáticos bien diferenciados, WDEC, carcinomas endocrinos pancreáticos bien diferenciados y ACC, carcinomas de células de acinos pancreáticos) en relación con muestras normales (serie K), así como regulación positiva de la expresión de miR-204 (parte inferior) en insulinomas (serie F) en relación con muestras normales (serie K) y muestras no secretoras/no actuantes (serie NF). Se realizó normalización con una sonda específica para ARN 5S.

50

55

60

Descripción detallada

65 La presente divulgación se basa, en parte, en la identificación de microARN particulares cuya expresión está alterada en células cancerosas asociadas con diferentes cánceres sólidos, tales como cáncer de colon, de estómago, pancreático, de pulmón, de mama y de próstata, en relación con células de control normales.

Como se usa en la presente memoria de forma intercambiable un “producto génico de miR”, “microARN”, “miR” o “miARN” se refiere al transcrito de ARN no procesado (por ejemplo, precursor) o procesado (por ejemplo, maduro) de un gen de miR. Ya que los productos génicos de miR no se traducen a proteína, la expresión “productos génicos de miR” no incluye proteínas. El transcrito génico de miR no procesado también se denomina un “precursor de miR” o “miR prec” y normalmente comprende un transcrito de ARN de aproximadamente 70-100 nucleótidos de longitud. El precursor de miR puede procesarse por digestión con una RNasa (por ejemplo, Dicer, Argonaut o RNasa III (por ejemplo RNasa III de *E. coli*)) en una molécula de ARN de 19-25 nucleótidos activa. Esta molécula de ARN de 19-25 nucleótidos activa también se denomina el transcrito génico de miR “procesado” o miARN “maduro”.

- 5
- 10 La molécula de ARN de 19-25 nucleótidos activa puede obtenerse del precursor de miR mediante vías de procesamiento naturales (por ejemplo, usando células intactas o lisados celulares) o mediante vías de procesamiento sintéticas (por ejemplo, usando enzimas de procesamiento aisladas, tales como Dicer, Argonaut o RNasa III aislada). Se entiende que la molécula de ARN de 19-25 nucleótidos activa también puede producirse directamente por síntesis biológica o química, sin haberse procesado a partir del precursor de miR. Cuando se hace referencia a un microARN en la presente memoria por nombre, el nombre corresponde a las formas tanto precursoras como maduras, a no ser que se indique de otro modo.
- 15

Las Tablas 1a y 1b representan las secuencias de nucleótidos de microARN humanos maduros y precursores particulares.

20

Tabla 1a- Secuencias precursoras de microARN humano

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
<i>let-7a-1</i>	CACUGGGGAUGAGGUAGUAGGUUUAUAGUUUUAAGGGUCAC ACCCACCACUGGAGUAACUAUACAAUCUACUGUCUUUCCU AACGUG	1
<i>let-7a-2</i>	AGGUAGAGGUAGUAGGUUUAUAGUUUAAGAAUUAUCAUAAG GGAGAUAAACUGUACAGCCUCCUAGCUUUUCCU	2
<i>let-7a-3</i>	GGGUGAGGUAGUAGGUUUAUAGUUUUGGGCCUCUGCCUCCU AUGGGAUAAACUAUACAAUCUACUGUCUUUCCU	3
<i>let-7a-4</i>	GUGACUGCAUUCUCCAGGUUAGGUAGUAGGUUUAUAGUU UAGAAUUAACAAGGGAGUAACUGUACAGCCUCCUAGCUUU CCUUGGUCUUGCAUAAACAAC	4
<i>let-7b</i>	GGCGGGGUGAGGUAGUAGGUUUGGUUUCAGGGCAGUGA UGUUGCCCCUCGGAAGAUAAACUAUACAACCUACUGCCUCCU UG	5
<i>let-7c</i>	GCAUCCGGGUJUGAGGUAGUAGGUUUAUGGUUUAAGAUUACA CCUUGGGAGUUAACUGUACAACCUUUAAGCUUUCUUGGAGC	6
<i>let-7d</i>	CCUAGGAAGAGGUAGUAGGUUUGCAUAGUUUAAGGGCAGGGAU UUUGCCCACAAGGAGGUAAACUAUACGACCUCUGCCUUCUU AGG	7
<i>let-7d-v1</i>	CUAGGAAGAGGUAGUAGGUUUGCAUAGUUUAAGGGCAAAAGAU UUUGCCCACAAGUAGUAGGUUUAACGACCUCUGCCUUCUU AG	8

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
let-7d-v2	<p>CUGGCCU<u>GAGGUA</u>GUAGUUUGUCUGU<u>UUGGUCGGGUUGGACA</u> UUGCCCUCUGGAGAUAAACUGCGCAAACUACUGCCUUGCUA G</p>	9
let-7e	<p>CCCGGCUGA<u>GGUAGG</u>GUUUAUAGUUAGU<u>UAGGAGCACCC</u> AAGGAGAUCAUAACGGCCUCCUAGCUUCCCCAGG</p>	10
let-7f-1	<p>UCAGAGUGA<u>GGUAGUA</u>UUGUAUAGU<u>UUGGGGUA</u>GUGAU UUUAACCCUUCAGGAGUAACUAUACA<u>AUCUAUUGCCUUC</u> CUGA</p>	11
let-7f-2-1	<p>CUGUGGAU<u>GAGGUA</u>GUAGAU<u>UUAAGUUGGGUAGUG</u> AUUUACCCUUCAGGAGUAACUAUACA<u>AUCUAUUGCCU</u> CCCUGA</p>	12
let-7f-2-2	<p>CUGUGGAU<u>GAGGUA</u>GUAGAU<u>UUAAGUUGGUA</u>UAGGUA CCCCUCUUGGAGUAACUAUACA<u>GUCUACUGUCUUC</u>CCAC GG</p>	13
let-7g	<p>UUGCCU<u>GAUUC</u>CGGUGAGGUA<u>GUUUGUACAGU</u>UUGAG GGUCUAUGAUACCA<u>CCCGUACAGGAGUA</u>ACUGUACAGGCC ACUGCCUUGCCAGGAACAGCGCGC</p>	14
let-7i	<p>CUGGCUGA<u>GGUAGUA</u>GUUUG<u>UCUUGGUCGGGUUGGACA</u> UUGCCCUCUGGAGUAACUGCGCAAACUACUGCCUUGCUA G</p>	15

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3)*	SEC ID Nº.
miR-1b-1-1	<p>ACCUACUCAGAGUACAUAUUUUUAUGUACCCAUUAUGAACA UACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUUUUUGGUAG</u> GC</p>	16
miR-1b-1-2	<p>CAGCUAACAACUAGUAUACCUACUCAGAGUACAUCUUCU UUAUGUACCCAUUAUGAACAUACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGA</u> <u>AGUAUGUAUUUUUGGUAGGCAUA</u> GCCUGCUUGGGAAACAUAUUUUUAUUGCCCAU<u>AUGGACC</u> UGCUAAGCUA<u>UGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUCUCAGGCCCGG</u> G</p>	17
miR-1b-2	<p>UGGAAACAUAUUUUUAUUGCCCAU<u>AUGGACCUCUAAG</u> CU<u>UGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUCA</u> ACCUACUCAGAGUACAUAUUUUUAUGUACCCAU<u>AUGAACA</u> UACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUUUUUGGUAG</u> GC</p>	18
miR-1b	<p>UGGAAACAUAUUUUUAUUGCCCAU<u>AUGGACCUCUAAG</u> CU<u>UGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUCA</u> ACCUACUCAGAGUACAUAUUUUUAUGUACCCAU<u>AUGAACA</u> UACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUUUUUGGUAG</u> GC</p>	19
miR-1d	<p>UGGAAACAUAUUUUUAUUGCCCAU<u>AUGGACCUCUAAG</u> CU<u>UGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUCA</u> ACCUACUCAGAGUACAUAUUUUUAUGUACCCAU<u>AUGAACA</u> UACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUUUUUGGUAG</u> GC</p>	20
miR-7-1a	<p>UGGAAACAUAUUUUUAUUGCCCAU<u>AUGGACCUCUAAG</u> CU<u>UGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUCA</u> ACCUACUCAGAGUACAUAUUUUUAUGUACCCAU<u>AUGAACA</u> UACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUUUUUGGUAG</u> GC</p>	21
miR-7-1b	<p>UGGAAACAUAUUUUUAUUGCCCAU<u>AUGGACCUCUAAG</u> CU<u>UGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUCA</u> ACCUACUCAGAGUACAUAUUUUUAUGUACCCAU<u>AUGAACA</u> UACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUUUUUGGUAG</u> GC</p>	22
miR-7-2	<p>UGGAAACAUAUUUUUAUUGCCCAU<u>AUGGACCUCUAAG</u> CU<u>UGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUCA</u> ACCUACUCAGAGUACAUAUUUUUAUGUACCCAU<u>AUGAACA</u> UACA<u>AUGCUAUGGAAUGUAAGAAGUAUGUAUUUUUGGUAG</u> GC</p>	23

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-7-3	<p>AGAUUAGAGUGGCCUGUGGUCUA<u>GUGCUGUGUGGAAGACUAGU</u> <u>GAUUUGUUGUUCUGAUGUACUACGACAACAAGUCACAGCCG</u> GCCUCAUAGCCAGACUCCCUCCGAC</p>	24
miR-9-1	<p>CGGGUUGGUU<u>GUUAUCUUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGG</u> <u>UGUGGAGUCUUCUAAAAGCUAGAUACCCGAAAGUAAAAUAA</u> CCCC</p>	25
miR-9-2	<p>GGAGCGAGUUGUUAUCUUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGU <u>AUUGGUCUUCAUAAAGCUAGAUACCCGAAAGUAAAACUCCU</u> UCA</p>	26
miR-9-3	<p>GGAGGCCCGUUCUCUCUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGC <u>CACAGAGCCGUCAUAAAGCUAGAUACCCGAAAGUAGAAUGA</u> UUCUCA</p>	27
miR-10a	<p>GAUCUGUCUGUCUUCUGUAUA<u>UACCCUGUAGAUCCGAAUUG</u> <u>UGUAAAGAAUUUGUGGUCACA AUUCGUUUAUCUAGGGGAUA</u> UGUAGUUGACAUAACACUCCGCUCU</p>	28
miR-10b	<p>CCAGAGGUUGUAACGUUGUCUUAUA<u>UACCCUGUAAGAACCGA</u> <u>AUUUGUGUGUAUCCGUUAUGUCACAGAUUCGAUUCUAGGGG</u> AAUAUUGGUCGAUGCAAAAACUUA GCGCGAAUGUGUUUAAAAAAAUAAAACCUUGGAGUAAAG</p>	29
miR-15a-2	<p><u>UAGCAGCACAUAAUGGUUUGUGGAUUUGAAAAAGGUGCAGGC</u> CAUAUUUGUCUCCUCAA AAUAC</p>	30
miR-15a	<p>CCUUGGAGUAAA<u>GUAGCAGCACAUAAUGGUUUGUGGAUUUUG</u> AAAAGGUGCAGGCCAUUUUGUCUGCCUCAA AAAUACAAGG</p>	31

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3)'	SEC ID N°.
miR-15b-1	CUGUAGCAGCACAUCAUGGGUUUAUCAUGCUACAGUCAAGAUGC GAUCAUUUUUUGCUCUAG	32
miR-15b-2	UUGAGGCCUUAAAGUACUGUAGCAGCAGCACAUCAUGGUUACA GCUACAGUCAAGAUGCGAAUCAUUUUUUGCUCUAGAAAAU UUAAGGAAAUUCAU	33
miR-16-1	GUCAAGCAGUGCCUUAGCAGCAGCGUAAUAUUGGCCGUUAAGAU UCUAAAUAUUCUCCAGUAUUAACUGUGCUCUGAAAGUAAGG UUGAC	34
miR-16-2	GUUCCACUCUAGCAGCAGUAAAUAUUGGCCGUAGUGAAUAU AUAUUAAAACCAAUAUAUCUGUGCUCUUAUGUGAC GCAGUGCCUJAGCAGCAGUAAAUAUUGGCCGUUAAGAUUCA	35
miR-16-13	AAUUUAUCUCCAGUAUAACUGUGCUCUGAAAGGU GUCAGAAUAUUGUCAAGUGCUUACAGUGCAGGUAUGUAU	36
miR-17	GUGCAUCUACUGCAGUGAAGGCACUUGUAGCAUUAUGGUGAC UGUUCUAAAGGUGCAUCUAGUGCAGAUAGUGAAGUAUAUJAGC	37
miR-18	AUCUACUGCCCUAAGUGCUCCUUCUGCA UUUUUGUUCUAAAGGUGCAUCUAGUGCAGAUAGUGAAGUAGAU	38
miR-18-13	UAGCAUCUACUGCCCUAAGUGCUCCUUCUGGCAUAAAGAA GCAGGCCUCUGUUAUUUGCAUAGUUGCAGUACACAGAGAA	39
miR-19a	UGUAGUUGUGCAAAUCUUAUGCAAACUGAUGGUGGCCUCG	40
miR-19a-13	CAGUCCUCUGUAGUUUGCAUAGUUGCAGUACUACAAAGAAAU GUAUUUGUGCAAUUCUUAUGCAAACUGAUGGUGGCCUCG	41
miR-19b-1	CACUUUUCUAGUGGUAGUUUUGCAGGUUUGCAUCCAGCUGUG UGAUUUUCUGUGGCAAUCCAUUGCAAACUGACUGUGGUA GUUG	42

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-19b-2	ACA <u>UUGCUACU</u> ACAAUUA <u>GUUUUGCAGGUUUGCAUUUCAGC</u> GUAUAUAGUAUAUGUGGC <u>UGUGCAAUAUCCAUGCAAACUGA</u> UUUGAUAAUGU	43
miR-19b-13	UUUAU <u>GGUUA</u> GUUUUGCA <u>GGUUGCAUCCAGCUGUGUA</u> UU <u>CUGCUGGCAAAUCCAUGCAAACUGACUGGGUAG</u>	44
miR-19b-X	UUACA <u>AUUAGUUUGCAGGUUUGCAUUUCAGCGUAUAUAUGU</u> AU <u>UUGGGCUGGCAAAUCCAUGCAAACUGAUUGUGAU</u>	45
miR-20 (miR-20a)	GUAGCA <u>CUAAA</u> GU <u>CCUUAUAGUGCAGGUA</u> GUGUU <u>AGUUAUC</u> UACUGCA <u>UAUAGAGCACUUAAGUACUGC</u>	46
miR-21	UG <u>UCGGGUAGCUUAUCAGACUGAUGUUGACUGUUGAAUCUCA</u> UGGCAACACCA <u>GUCGAU</u> GGGCUGUCUGACA	47
miR-21-17	ACCUUG <u>CGGGUAGCUUAUCAGACUGAUGUUGACUGUUGAU</u> CUCAUGGCAACACCA <u>GUCGAU</u> GGGCUGUCUGACA <u>UUUUG</u>	48
miR-22	GGCUGAGCCGCAGUA <u>GUUCUUCAGUGGCAAGCUUUAUGUCCU</u> GACCCAGCUAAAGCUGCCAGU <u>UGAAGAACUGUUGCCCCUUGC</u> C	49
miR-23a	GGCCGGCU <u>GGGUUCCUGGGGAUGGGAUUUUGCUUCCUGUCAC</u> AA <u>UACAUU</u> GCCAGGGAU <u>UUC</u> ACCGACC	50
miR-23b	CUCA <u>GGUCUCUGGCUGUUGGGUUCUCCUGGCAUGCUUGAUUUG</u> UGACUUAAGAUAA <u>AUACAUUGCCAGGGAU</u> ACCACCGCAA CCACGACCUUGGC	51

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-23-19	CCACGGCCGGCUGGGGUJCCUUGGGGAUUGGGAUJUUGCUUCCUG UCACA <u>AUCACA</u> UUGCCAGGGAUJCCACCAGCCUGA	52
miR-24-1	CUCGGUGCCUACUGAGCCUGAUACA <u>GUUCUCAUUUUA</u> CACA CUGGCUCAGUJUCAGCAGGAACAGGAG	53
miR-24-2	CUCUGCCUCCGGUGCCUACUGAGCCUGAAAACACAGUUGGUJUG UGUACACUGGCUCAGUJUCAGCAGGAACAGGG	54
miR-24-19	CCUCGGGCUUGCCUCCCGUGCCUACUGAGCCUGAAACACAGU UGGUJUGUACACUGGCUCAGUJUCAGCAGGAACAGGGG	55
miR-24-9	CCUCCGGUGCCUACUGAGCCUGAUACA <u>GUUCUCAUUUUA</u> ACA CACUGGCUCAGUJUCAGCAGGAACAGCAUC	56
miR-25	GGCCAGUUGUAGAGCGCGGAGACUJGGGCAAUJUGCGGACGC UGCCUGGGCAUJUGCACUJUGUCUGGUCUGACAGUGCCGGCC AGCCCGUGGCCUCGUJUCAAGUA <u>AUCCAGGAJAGGCUGUGCAG</u> GUCCCAUUGGCCUAUCUJGGUUA <u>CUUGCACGGGGACGGGGGC</u> CU	57
miR-26a	AGCCCGUGGCCUCGUJUCAAGUA <u>AUCCAGGAJAGGCUGUGCAG</u> GUCCCAUUGGCCUAUCUJGGUUA <u>CUUGCACGGGGACGGGGGC</u> CU	58
miR-26a-1	GUGGCCUCGUJUCAAGUA <u>AUCCAGGAJAGGCUGUGCAGGUC</u> CC AAUGGGCCUAUUCUUGGUUACUJUGCACGGGGACGC	59
miR-26a-2	GGCUGGGCUGGAUJUCAAGUA <u>AUCCAGGAJAGGCUGUJUCA</u> UCUGUGAGGCCUAUUCUUGAUUA <u>CUUGUUCUGGAGGCA</u> GCU	60
miR-26b	CCGGACCCAGUJUCAAGUA <u>AUCCAGGAJAGGCUGUGUGUCUGU</u> CCAGCCUGUUCUCCAUJACUJGGCUCGGGGACCGG	61

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-27a	CUGAGGAGCAGGGCCUAGCUGCUUGUGAGCAGGGUCCACACC AAGUCGUGUUCACAGUGGCCUAAGUUCGCCCCCCAG	62
miR-27b-1	AGGUCAGAGCCUAGCUGAUUGGUGAACAGUGAUUGGUUCC GCUUUGUUCACAGUGGCCUAAAGUUCUGCACCCU	63
miR-27b-2	ACCUCUCUACAAGGUCGAGAGCCUAGCUGAUUGGUGAACAG UGAUUGGUUUCGCCUUGUUCACAGUGGCCUAAAGUUCUGCACACC UGAAGAGAGAGGUG	64
miR-27-19	CCUGAGGAGCAGGGCCUAGCUGCUUGUGAGCAGGGUCCACAC CAAGUCGUGUUCACAGUGGCCUAAAGUUCGCCCCCCAGG	65
miR-28	GGUCCUUGCCCUCAAGGAGCUCACAGUCUUAUUGAGUUAACUU UCUGACUUUCCCAUAGAUUGUGAGCUCUCCUGGAGGGCAGGCA CU	66
miR-29a-2	CCUUCUGUGACCCCUUAGAGGAGUCUGAUUUUUGGUGU UCAGAGUCAAUUAUUAUUUUCUAGCACCACUUCUGAAAUCGGUUA UAAUGAUUGGGGAAGACCAUUG AUGACUGAUUUCUUUUGGUGUUCAGAGUCAAUUAUUAUUUUCU AGCACCAUCUGAAAUCGGUUAU	67
miR-29a	UAAUGAUUGGGGAAGACCAUUG AUGACUGAUUUCUUUUGGUGUUCAGAGUCAAUUAUUAUUUUCU AGCACCAUCUGAAAUCGGUUAU	68
miR-29b-1	CUUCAGGAGCUGGUUUCAUUUGGUGGUUUAAGAUUUAUUAG UGAUUGUCUAGCACCAUUGAAUUCAGUGUUCUUGGGG CUUCUGGAGCUGGUUUCACUUGGUGGUUUAAGAUUUAUUUCCAU CUUUGUAUCUAGCACCAUUGAAUUCAGUGUUAUUAGGAG	69
miR-29b-2	CUUCUGGAGCUGGUUUCACUUGGUGGUUUAAGAUUUAUUAG UGAUUGUCUAGCACCAUUGAAUUCAGUGUUCUUGGGG CUUCUGGAGCUGGUUUCACUUGGUGGUUUAAGAUUUAUUUCCAU CUUUGUAUCUAGCACCAUUGAAUUCAGUGUUAUUAGGAG	70

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3)'	SEC ID Nº.
miR-29c	ACCACUGGCCCAUCUCUUAACAAGCCUGACCGGAUUUCUCCUG GUGUUCAGAGUCUGUUUUGUCUAGCACC <u>CAUUUGAAAU</u> CGGU' UAUGAUGUAGGGGAAAGCAGCAGC	71
miR-30a	GCGACUGUAAACAUCUCCGACUGGAAGCUGAAGCCACAGA UGGGCUUUCAGUCGGAGUUUGCAGCUGC	72
miR-30b-1	AUGUAAACAUCUACACUCAGCUGUAUAACAUGGAUUGGCUG GGAGGUGGAUGUUUACGU	73
miR-30b-2	ACCAAGUUUUCAGUUCUUAACAUCUACACUCAGCUGUAA UACAUGGAUUGCCUGGAGGUGGAUGUUUACUUCAGCUGACU UGGA	74
miR-30c	AGAUAUCUGUAAACAUCUACACUCAGCUGGAAAGUAAG AAAGCUGGGAGAGGCUGUUUACUCUUUCU	75
miR-30d	GUUGUUUUAACAUCUCCGACUGGAAGCUGUAAGACAGCU AAGCUUUCAGUCAGAUUUUGCUGCUAC	76
miR-30e	CUGUAAACAUCUUGACUGGAAAGCUGUAAAGGUGUUCAGAGGA GCUUUCAGUCGGAGUUUACAG	77
miR-31	GGAGAGGAGGCAAGAUUCUGGCAUAGCUGUUAACUGGGAAC CUGCUAUGCCCAACAUAUUGCCAUCUUUCC	78
miR-32	GGAGAUUUGCACAUAUAAGUUGCAUGUUGUACCGGCCUC AAUGCAAUUUAGUGUGUGUGAUUUUUC	79

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-33b	GGGGCCGAGAGAGCGGGCCGGCCCGGGGUGCAUUGCUGUU GCAUUGCACCGUGUGAGCGGGGUGCAGUGCCUCGGCAGUGC AGCCCGGAGCCGGCCCGCCUGGCACCAC	80
miR-33b-2	ACCAAGUUCAGUUCAGUAAACAUCUACACUCAGCUGUAA UACAUGGADUJGGCUGGGAGGUGGAUGUUAUUAUUCAGCUGACU UGGA	81
miR-33	CUGUGGUGCAUUGUAGUUGCAUUGCAUGUUCUGGUGGUACCC AUGCAAUGUUUCCACAGUGCAUCACAG	82
miR-34-a	GGCCAGCUGAGUGUUUCUJUGGCAUGUCUUAAGCUGGUUG UUGAGCAAUAUAAGGAAGCAAUCAGCAAUAUAUCUGCCC UAGAAUGUCUGCACGUUGUGGGGCC	83
miR-34-b	GUGCUCGGUUUGUAGGCAGUGUCAUJAGCUGAUUGUACUGUG GUGGUACAUAUCUAACUCCACUGCCAUCAAACAAGGCAC	84
miR-34-c	AGUCUAGUUACUAGGCAGUGUAGUUAAGCUGAUUGCUAAUAGU ACCAUUCACUAAACCACAGGCCAGGUAAAAGAUAU	85
miR-91-13	UCAGAAUAAUGUCAAAAGUUCUACAGUCAGGUAAGUUAUG UGCAUCUACUGCAGUGAAGGCACUJUGUAGCAUUAUGGUGA CUUUCUACACAGGUJGGGUAUCGGUUGCAAUGCUGUGUUCUG UAUGGUAUJUGCACUJUGUCCCGCCUGUAGUJUGG	86
miR-92-1	UCAUCCCGGGGGAUUUGUUGCAUUAUCUUGUGUUCUUA UAAAUAUJUGCACUJUGUCCCGCCUGUGGAAGA	87
miR-92-2		88

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-93-1 (miR-93-2)	<u>CUGGGGCUCCAAAGUGCUGUUCUGGCAGGUA</u> GUGUGAUUAC CCAA <u>CCUACUGCUGAGCUAGCACUUC</u> CCCGAGCCCCCGG	89
miR-95-4	AACACAGUGGGCACUCA <u>AAUAUAUGUCUGUUGAAUUGAAUUGC</u> GUJAC <u>AUUC</u> AA <u>CGGUAUUUAUU</u> GAGCA <u>CCCACUCUGUG</u>	90
miR-96-7	UGGCCGAUUUU <u>UGGCACUAGCACAUUUUUGCUUGUCUCUCC</u> GCUCUGAGCA <u>AUCAUGUGCAGUGCCAAUAUUGGAAA</u>	91
miR-97-6 (miR-30*)	GUGAGCGACUGUAA <u>CAUCCUCCGACUGGAA</u> GCUGAGAA <u>GCCA</u> CAGU <u>GGGUUCAGUCGGAUUUUGCAGCUGGCCUACU</u>	92
miR-98	<u>GUGAGGUAGUAAGUUUAUUUUGUUGGGGUA</u> GGGAUAUUAG GCCCCAA <u>UUAGAAGUAACUUA</u> CAACUUA <u>CUACU</u> UUCC	93
miR-99b	GGCA <u>CCCA</u> CCCGUAGAA <u>CCGACCUUUGCGGGCCUUCGCCGCAC</u> ACAAGCUCGUGUCUGUGGGUCCGUGUC	94
miR-99a	CCCA <u>UUGCAUAA</u> CCCGUAGAUCCG <u>AUCUUGUGGUAAGUG</u> GACCGCA <u>CAAGCUCUCUUAUUGGGUCUGUGUCAGUGUG</u>	95
miR-100-112	AAGAGAGAA <u>GAUAUUAGAGGCCUUGUCCACA</u> AACCCGUAGAU <u>CCGAACUUGGUUAUJAGUCCGCACAAGCUU</u> GUUAUCUAUAGG UAUGUGUCUGUUA <u>GGCAAU</u> CUCAC	96
mi R-100-11	CCUGU <u>GCCACA</u> AACCCGUAGAUCCGGA <u>ACUJUGGUA</u> UUAGU CCGCACAAGCUU <u>GUUAUCUAUAGGUA</u> UGUGUCUGUAGG	97

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-101-1/2	AGGCUGCCUUGGCUACAGUUAUCACAGUGCUGAUGCCUGUCUAU UCUAAAGGUACAGUACUGUGAUAAUCUGAAGGAUGGCAGCCAU CUJACCUUCCAUACAGAGGCCUCAC	98
mi R-101	UCAGUUAUACAGUGCUGAUGCUGUCCAUUCUAAAGGUACAG <u>UACUGUAUACUGA</u>	99
miR-101-1	UGCCUUGCUCAGUUUAUCACAGUGCUGAUGCUGUCUAUUCUA AAGGUACAGUACUGUGAUAAUCUGAAGGAUGGCA	100
miR-101-2	ACUGUCCUUUUUCCGGUUAUCAUGGUACCGAUGCUGUAUUCU GAAAGGUACAGUACUGUGAUAAUCUGAAGAAUGGGUGGU	101
miR-101-9	UGUCCUUUUUCCGGUUAUCAUGGUACCGAUGCUGUAUUCUGA AAGRIACAGUAUUGUUAACUUGAAGAATIGRIIG	102
mi R-102-1	CUUCUGGAAGCUGGUUUUACAUUGGUGGCUUAGAUUUUUCU CUUUGUAUCUAGCACCAUUUGAAAUACAGUGUUUJAGGAG	103
miR-102-7.1 (miR-102-7.2)	CUUCAGGAAGCUGGUUUUACAUUGGUGGCUUJAGAUUUAAUAG <u>UGAUUGUCUAGCACCAUUUGAAAUACAGUGUUUCUUGGGGG</u>	104
miR-103-2	UUGUCUUUACAGCUUCUUUACAGUGCUGCCUUGUAGCAUUC GGUCAAGCAACAUUGUACAGGGCUAUGAAAGACCA	105
miR-103-1	UACUGCCUCCGGCUUCUUUACAGUGCUGCCUUGUUGCAUUG GAUCAAGCAGCAUUGUACAGGGCUAUGAAGGCAUUG	106
miR-104-17	AAUUGUCAGACAGCCCAUCGACUGGUGUUGCCAUAGAGAUCA ACAGUCAACAUCAGUCUGAUAGCUACCCCGACAAGG	107
miR-105-1	UGUGCAUCGUGUCAAAUUGCUACAGACUCCUGUGGUGGCGUCU CAUGCACCAACCGAUGUUGAGCAUGUGCUACGGUGUCUA	108

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-105-2	UGUGCAUCGUGGUCAAAUGCCUCAGACUCCUGUGGUGGCUGCU UAUGCACCA CGGAUGUUUGAGCAUGUGCCUAUGGUGUCUA	109
miR-106-a	CCUUGGCCAUGUAAAAGUGCUUACAGUGCAGGUAGCUUUUUG AGAUUACUGCAAUGUAAGCA CUUCUUACAUAUACCAUUG	110
miR-106-b	CCUGCCGGGGCUAAAAGUGCCUGACAGUGCAGAUAGUGGUCCUC UCCGUGCUACCGCACUGUGGGUA CUUGCUGCCUCCAGCAGG	111
miR-107	CUCUCUGCUUUCAGCUUCUUA CAGUGUUGCCUUGUGGCAUG GAGUUC AAGCAGCAUUGUACAGGGCUAUCAAAGCACAGA	112
miR-108-1-pequeño	ACACUGCAA GAACAUAAGGAUUUUUAGGGGCAUUUAUGACUG AGUCAGAAAACACAGCUGCCCCUGAAAAGUCCCUCAUUUUUCU UGCUGU	113
miR-108-2-pequeño	ACUGCAAGAGCAAUAAGGAUUUUUAGGGGCAUUUAUGAUAGUG GAUUGGAAACACAUCUGCCCCCAAAGUCCCUCAUUUU	114
miR-122a-1	CCUAGCAGAGCUGUGGAGUGGACAAUGGUGUUUGUGUCUA AACUAUCAAACGCCAUUAUCACACUA AAUA GCUACUGCUAGG C	115
miR-122a-2	AGCUGUGGAGUGGACAAUGGUGUUUGUCCAAACUAUCAA ACGCCAUUAUCACACUAAAUAAGCU	116
miR-123	ACAUUUAUACUUUUGGUACCGCGUGUGACACUCAAACUCUGU ACCGUGAGUAUAU AUGCGC	117

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-124a-1	AGGCCUCUCUCCGUGUUCACAGCGGACCUUGAUUUAAUG UCCAUACA <u>AUUAAAGGCACCGCGGUGAAUGCC</u> AA GAAU GGGCCU G	118
miR-124a-2	AUCAA GAUUAGAGGCUCUCUCCGUGUUCACAGCGGACCU UGAUUUAAUGUCAUACA <u>AUUAAAGGCACCGCGGUGAAUGCC</u> AA G AGCGGAGCCUACGGCUGCACUUGAAG	119
miR-124a-3	UGAGGGCCCCUCUGCGUGUUCACAGCGGACCUUGAUUUAAUG UCUAUACA <u>AUUAAAGGCACCGCGGUGAAUGCC</u> AA GAGAGGGCGCC UCC	120
miR-124a	CUCUGCGUGUUCACAGCGGACCUUGAUUUAAUGUCU <u>AUACA</u> A UUAAAGGCACCGCGGUGAAUGCCAA GAG	121
miR-124b	CUCUCCGUGUUCACAGCGGACCUUGAUUUAAUGUC <u>AUACA</u> AAU UAAGGCACCGCGGUGAAUGCCAA GAG	122
miR-125a-1	UGCCAGUCUCUAGGUGCCUGAGACCCUUUAAGCUGUGAGGAC AUCCAGGUCACAGGUGAGGUUCUUGGGAGCCUGCGGUCUGG CC	123
miR-125a-2	GGUCCCUAGAGACCCUUUAACCUGUGAGGACA <u>UCCAGGGUCAC</u> AGGUGAGGUUCUUGGGAGCCUUGG	124
miR-125b-1	UGCGCUCUCUCAGUCCUUGAGACCCU <u>AACUUGUGAUGUUUA</u> CCGUUUAAUCCACGGGUUAAGGCUCUUGGGAGCCUGCGGAGUCG UGCU	125

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-125b-2	<p>ACCAGACUUUCCUA<u>GUCCCUGAGACCCUAA</u>CUUGUGAGGUA UUUUAGUAACAUCACAAAGUCAGGCUCUUGGGACCUAAGCGGGA GGGGA</p>	126
miR-126-1	<p>CCUCGGCGACGGGACAUAUAUACUJUUGGUACGGCGCUGGAC ACUUCAAACUCCGUA<u>CCGUGAGUA</u>AUAUAGCGCCGUCCACGGC A</p>	127
miR-126-2	<p>ACAUAUAUAUUAUUGGUACGGCGCUGUGACACUUAACA<u>UCGU</u> <u>ACCGUGAGUA</u>AUAUAGCGC</p>	128
miR-127-1	<p>UGUGAUCACUGUCUCCAGCCUCCUGUAAGCUCAGAGGGCUCUG AUUCAGAAAUAUCAUCCGGAUCCGUCUGAGCCUUGGCUGGUCGG AAGUCUCAUCAUC</p>	129
miR-127-2	<p>CCAGCCUUCUGAAGCUCAGAGGCUCUGAUUCAGAAAGAUCA <u>UCGGAUCCGUCUGAGCUUGGCUGGUCGG</u></p>	130
miR-128a	<p>UGAGCUGUUGGAUUCGGGGCCGUAAGCACUCUGAGAGGJUJU ACAUUCUCACAGUGAACCGGUCUCUJUJUJUCAGCUGCUUC</p>	131
miR-128b	<p>GCCCCGACGCCACUGUGCAGUGGGAAGGGGGGCCGUAACACU GUACGAGAGUGAGUAGCAGGUCUCACAGUGAACCGGUCUCUJU <u>UCCCUACUGUGUCACACUCCUA</u>AUGG</p>	132
miR-128	<p>GUUGGAUUCGGGGCCGUAAGCACUCUGAGAGGJUJUACAUJU CUCACAGUGAACCGGUCUCUJUJUJUCAGC</p>	133

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
<i>miR-129-1</i>	<u>UGGAUCUUUUUGCGGUCUGGGUCUUGCGUCUUCUCCUCCUACAACAGU</u> AGUCAGGAAGCCCUUA CCCC AAAAGUAUCUA	134
<i>miR-129-2</i>	UGCCCUUCGGGA AUCUUUUUGCGGUCUGGGCUUGCUUACAU AACUCAUAAGCCGGAA GCCCUUA CCCC AAAAGCAUUUGCGG AGGGCG	135
<i>miR-130a</i>	UGCUGCUGCCAGAGCUCUUUUCACAUUGUCUACUGUCUGC ACCUGUACUAGCAGUCAUUGUAAAAGGGCAUUGGCCGUG UAGUG	136
<i>miR-131-1</i>	GCCAGGAGGCCGGUUGGUUUAUCUUUGGUUAUCUAGCUG UAUGAGUGGUGGAGUCUUAUAAGCUAGAUAAACCGAAAG UAAAUAACCCAUACACUGGCAG CACGGCGGCAGCGGCACUGGCUAAGGGAGGCCCGUUCUC UCUUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGCCACAGAGCCGUCUA AAGCUAGAUAAACCGAAAGUAGAAUG	137
<i>miR-131-3</i>	GUUGUUAUCUUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGUUAUUGGUCU UCAUAAAGCUAGAUAAACCGAAAGUAAAAC CCGCCCGCGUCUCCAGGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUAC UGUGGGAACUGGAGGUAACAGUCUACA GCCAUGGUCGCCCGG CAGCACGCCACGGCG GGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUUAUCUGUGGGAA CUGGAGGU AACAGUCUACA GCCAUGGUCGCC	138
<i>miR-131</i>	GUUGUUAUCUUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGUUAUUGGUCU UCAUAAAGCUAGAUAAACCGAAAGUAAAAC CCGCCCGCGUCUCCAGGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUAC UGUGGGAACUGGAGGUAACAGUCUACA GCCAUGGUCGCCCGG CAGCACGCCACGGCG GGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUUAUCUGUGGGAA CUGGAGGU AACAGUCUACA GCCAUGGUCGCC	139
<i>miR-132-1</i>	GUUGUUAUCUUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGUUAUUGGUCU UCAUAAAGCUAGAUAAACCGAAAGUAAAAC CCGCCCGCGUCUCCAGGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUAC UGUGGGAACUGGAGGUAACAGUCUACA GCCAUGGUCGCCCGG CAGCACGCCACGGCG GGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUUAUCUGUGGGAA CUGGAGGU AACAGUCUACA GCCAUGGUCGCC	140
<i>miR-132-2</i>	GUUGUUAUCUUUGGUUAUCUAGCUGUAUGAGUGUUAUUGGUCU UCAUAAAGCUAGAUAAACCGAAAGUAAAAC CCGCCCGCGUCUCCAGGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUAC UGUGGGAACUGGAGGUAACAGUCUACA GCCAUGGUCGCCCGG CAGCACGCCACGGCG GGGCAACCGUGGCUUUCGAUUGUUAUCUGUGGGAA CUGGAGGU AACAGUCUACA GCCAUGGUCGCC	141

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
<i>miR-133a-1</i>	<p>ACA AUGCUUUCUAGAGCUUGUAAA AUGGAACCAAAUCGCCU CUUCA AUGGAUUUGGUCCCCUUAACCAAGCUGUAGCUAUGCA UUGA</p>	142
<i>miR-133a-2</i>	<p>GGGAGCCAAAUGCUUUGCUAGAGCUUGUAAA AUGGAACCAAA UCGACUGUCCAAUGGAUUUGGUCCCCUUAACCAAGCUGUAGC UGUGCAUUGAUGGCCCG</p>	143
<i>miR-133</i>	<p>GCUAGAGCUUGUAAA AUGGAACCAAAUCGCCUUAUCAUGGA UUUGGUCCCCUUAACCAAGCUGUAGC</p>	144
<i>miR-133b</i>	<p>CCUCAGAGAAGAAUGGCCUCCCCUUGCUUGGUUCAAACCGGA ACCAAGUCCGUCUUCUGAGAGGUUUUGGUCCCCUUAACCCAG CUACAGCAGGCGUGGCAAUGGCCAGUCCUUUGGAGA</p>	145
<i>miR-133b-pequeño</i>	<p>GCCCCUUCUUGGUUCAAACGGAAACCAAGUCCGUUUCC UGAGAGGUUUUGGUCCCCUUAACCAAGCUGUACAGCAGGG</p>	146
<i>miR-134-1</i>	<p>CAGGGUGUGUAGACUGGUUUGACCAAGGGGCAUGCACUGUGUU CACCCUUGUGGGCCACCUAAGUACCAACCCUIC</p>	147
<i>miR-134-2</i>	<p>AGGGUGUGUAGACUGGUUUGACCAAGGGGCAUGCACUGUGUUC ACCCUUGGGCCACCUAGUACCAACCCU</p>	148

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-135a-1	AGGCCUCGCUUUCUCUAUGGCCUUUUUAUCCUAUGUGAUUC UACUGCCACUCUAUAUAGGGAUUGGAGCCGUGGGCCACGGCG. GGGACA	149
miR-135a-2 (miR-135-2)	AGAUAAUUCACUCUAGUGCUUUUAUGGCCUUUUUAUCCUAUG UGAUAGUAUAAGUCUCAUGUAGGGAUUGGAAAGCCAUUGAAU ACAUUGUGAAAAUCA	150
miR-135	CUAUGGCCUUUUUAUCCUAUGUGAUUCUACUGCCUCACUCAUA UAGGGAUUGGAGCCGUGG	151
miR-135b	CACUCUGCUGGGCCUAUGGCCUUUUUAUCCUAUGUGAUUC UGUCCCAAACUCUAUGUAGGGCUAAAAGCCAUUGGGCUACAGUG AGGGGGAGCUCC	152
miR-136-1	UGAGCCCUCCGGAGGACUCCAUUUUGUUUUUGAUUGGAUUUU AUGCUCCAUCAUCGUCUCAAUUGAGUCUUCAGAGGGUUUCU	153
miR-136-2	GAGGACUCCAUUUUGUUUUUGAUUGGAUUUUUUGCCUCCAU AUGGUCUCAAAUGAGUCUUC	154
miR-137	CUUCGGUGACGGGUUUUUUUUGGGUGGAUAUAACGGAUUACGU UGUUUUGCUUAAGAAUACGGGUAGUCGAGG	155
miR-138-1	CCUUGGCAUGGUGUGGUGGGCCAGCUGGGUUGUGUAUCAGG CCGUUGCCAAUCAGAGAAGCGGUACUUCACACACCAGGGCC. ACACCACACUACAGG	156

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-138-2	CGUUCUGCAGCUGGGUGUUGUGAAUCAGGCCGACGAGCAGCGG CAUCCUCUUAACCCGGCUAUUUUCACGACACCAAGGGUUGCAUCA	157
miR-138	CAGCUGGUGUUGUGAAUCAGGCCGACGAGCGCAUCCUCU UACCCGGCUAUUUUCACGACACCAAGGGUUG	158
miR-139	GUGUAUUUCUACAGUGCAGGUCUCCAGUGGUCUGGACGGAGGC UGGAGACGGGGCCCUUGUUGGAGUAAAC	159
miR-140	UGUGUCUCUCUCUGUGUCCUGCCAGUGGGUJUUAACCCUAUUGGU AGGUUACGUCUAGCUGUUCUACACACAGGGUAGAACCCACGGGAC AGGAIJACCGGGGCACC	160
miR-140as	UCCUGCCAGUGGUUUUAACCCUAUUGGUAGGUUACGUCUAGCUG UUCUACCAACAGGGUAGAACCCACGGACAGGA	161
miR-140as	CCUGCCAGUGGUUUUAACCCUAUUGGUAGGUUACGUCUAGCUGU UCUACCAACAGGGUAGAACCCACGGACAGG	162
miR-141-1	CGGCCGGCCCUUGGGUCCAUUUCCAGUACAGUGUUGGAUUGGU CUAAUUGUGAAGCUCCUUAACACUGUCUGGUAAAGAUUGGCUCUCC CGGGUGGGUUC	163
miR-141-2	GGGUCCAUUCUUCACAGUACAGUGUUGGAUUGGUCUAAUUGUGAA GCUCCUUAACACUGUCUGGUAAAGAUUGGCCCC	164

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-142	<u>ACCCA</u> AAAAGUAGAAAGCACUACUAACAGCACUGGAGGG <u>GU</u> AGUGUUCCUACUUAUGGAUG	165
miR-143-1	GGCAGGCECCUGUCUCCCGCCUGAGGGUGCAGUGCU <u>GCAUC</u> UCUGGUCAGUUGGGAGUCUGAGAUGAAGCACU <u>GUAGCCUCAGG</u> AAGAGAGAAAGUUGUUGCAGC	166
miR-143-2	CCUGAGGCGCAGUCUGCAUCUCUGGUCAGUUGGGAG <u>UCUGA</u> <u>GAUGAAGCACUGUAGCCUCAGG</u>	167
miR-144-1	UGGGCCUUGGCGGUAUCAUCAUAUAACUGUAAGU <u>UUGCG</u> AUGAGACACUACAGUAUAGUAUGAUGA <u>UACUAGUCCGGCACCC</u> CC	168
miR-144-2	GGCUGGGAUAUCAUAUAUCUGUAAGUUGCGAUGAGACAC <u>UACAGUAUAGUAUGUACUAGUC</u>	169
miR-145-1	CACCUUGUCCUCA CGGUCCAGUUUCCAGGA <u>UCCUUAGA</u> UGCUAAGAUGGGGAUCCUGGAAUAACUGUUCUUGAGGGUCAU GGU	170
miR-145-2	CUCAGGUCCAGUUUCCCGAGGAUCC <u>UUAGAUGCUAAGAU</u> GGGGAUCCUGGAAAUACUGUUCUUGAG	171

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-146-1	CCGAUGUGUAUCCUCAGCCUUGAGAACUGAAUCCAUUGGGUU GUGUCAGUGUCAGACCUCUGAAAUUCAGUUCUUCAGCUGGGA UAUCUCUGUCAUCGU	172
miR-146-2	AGCUUJUGAGAAUCUGAAUUCCAUGGGUUGUGUCAGUGUCAGAC CUGUGAAAUUCAGUUCUUCAGCCU	173
miR-147	AAUCUAAAAGACAACAUUUCUGGCACACACCAGACUAUGGAA GCCAGUGUGGAAAUGCUUCUGCUAGAUAU GAGGCAAAGUUCUGAGACACUCCGACUCUGAGUAUGAUAGAA GUACAGUGCACUACAGAAACUURIGIUC	174
miR-148a (miR-148)		175
miR-148b	CAAGCACGAUAGCAUUUGAGGUGAAAUUCUGUUAUACACUC AGGCUUGGCCUCUCUGAAAGUACAGUGCAUCACAGAACUUUGU UCUGAAAAGCUUUCUA	176
miR-148b-pequeño	AAGCACGAUAGCAUUUGAGGUGAAAUUCUGUUAUACACUCA GGCUGUGGCCUCUCUGAAAGUCAGUGCAU	177
miR-149-1	GCCGGGCCCGAGCUCUGGCCUCUGUCUUCACUCCCGUGCUU GUCCGAGGAGGAGGAGGACGGGACGGGGGCUUGUCUGGGCAGC UGGA	178
miR-149-2	GCUCUGGCCUCCGUGUCUUCACUCCCGUGCUUGUCCGAGGAGG GAGGGAGGGAC	179
miR-150-1	CUCCCCAUGGCCCUUCUCCCAACCCUUGUACCAUGUCUGGGC UCAGACCCUGGUACAGGCCUUGGGGACAGGGACCUUGGGGAC CCUUGUCUCCCAACCCUUGUACCAUGUCUGGGGCUACAGACCCUG GUACAGGCCUUGGGGACAGGG	180
miR-150-2		181

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-151	UUUCCUGCCCUCCGAGGCUCAAGUCUAGUAUGUCUCAUCC CCUACUAGACUCGAAAGCUCCUUGAGGACAGG	182
miR-151-2	CCUGUCCUCAAGGAGCUUCAGUCUAGUAGGGGAUGAGACAU CUAGACUGAGCUCUCCGAGGGCAGG	183
miR-152-1	UGUCCCCCGCCCGCCAGGUUCUGUGAUACACUCCGACUCGGGC UCUGGAGCAGUCAGUGCAUGACAGAAACUUUGGCCCGGAA GGA CC	184
miR-152-2	GGCCCAAGUUCUGUGAUACACUCCGACUCGGGCUUCUGGAGCA GUCAGUGCAUGACAGAACUUUGGCCCGG	185
miR-153-1-1	CUACAGCUGCCAGUGUCAUUUUUGUGAUCUGCAGCUAGUAU UCUCACUCCA <u>GUUGCAUAGUCACAAAGUGAUCAUUGGCAGG</u> UGUGGC	186
miR-153-1-2	UCUCUCUCCUCCUACAGCUGCCAGUGUCAUUUGCACAAAAG UGAUCAUUGGCAGGUGUGGCUCUGCAUG	187
miR-153-2-1	AGCGGUGGCCAGUGUCAUUUUUGUGAUGUUGCAGCUAGUAAU AUGAGCCCA <u>GUUGCAUAGUCACAAAGUGAUCAUUGGAAACU</u> GUG	188
miR-153-2-2	CAGUGUCAUUUUUGUGAUGUUGCAGCUAGUAAU <u>AUGAGCCCA</u> GUUGCAUAGUCACAAAAGUGAUCAUUG	189

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-154-1	GUGGUACUUGAAGAUAGGUUAUCCGUGUJGCCUUCGCUUUAU UUGUGACGAUCAUACACGGUUGACCUAUUUUUCAGUACCAA	190
miR-154-2	GAA GAUAGGUUAUCCGUGUJGCCUUCGCUUUAUUUGUGACGA ATTCATTACACCCCHHHCACCTTATHTTTTT	191
miR-155	CUGUUAUUGCUAAUCCGUGUAUAGGGGUUUUUUGCCUCCCAACUGA CTTCTTACATTTTATGCAITTTAACAG	192
miR-156 = miR-157 = - miR-141 solapamiento	CCU AACACUGUCUGGUAAGAUGGCCUCCCGGGUGGGUUCUCU CGGCAGU AACCUUCAGGGAGCCUCUGAAGACC AUGGAGGAC	193
miR-158-pequeño = miR-192	GCCGAGACCGAGUGGCACAGGGCCUCUGACCUAUGAAUUGACAG CCAGUGCUCUCGUCUCCCUUCUGGCCUCCAAUUCCAUAGGUCA CAGGTATGHTHTTCTTCAATTTCTAGC	194
miR-159-1-pequeño	UCCCCCCCCUGUAACAGCAAUCUCCAUUGGAAUGGCCACUG GUUCCAGUGGGGCGUCUGUUAUCUGGGGGGAGGGGCCA	195
miR-161-pequeño	AAAGCUGGGUUGAGAGGGCGGAAAAGGAUGAGGUGACUGGUC UGGGCUACGCCUAUGCUGCGGGCGCUCGGG	196
miR-163-1b-pequeño	CAUUGGCCUCCUAA GCCAGGGAUUGUGGGUUCGAGUCCACC CGGGUAAAGAAAAGGCCGAUU	197
miR-163-3-pequeño	CCUAAGCCAGGGAUUGUGGGUUCGAGUCCACCUGGGGUAGA GGUGAAA GUUCCUUUUAACGGAAUUUUUU	198

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-162	<p>CAU<u>GUCAGCAGUGCCU</u><u>UAGCAGCACGUA</u>AAUAU<u>UGCGUDA</u> AGAU<u>CUAAA</u>AUUAUCUCCA<u>GUAUA</u>AA<u>ACUGUGCUGCUGA</u>AAGU AAGGU<u>GACCAUACUCUACA</u>GUUG</p>	199
miR-175-pequeño = miR-224	<p>GGGCU<u>UACA</u>AGUCACUAGUGGU<u>UCCGUU</u>UAGUAGAU<u>GU</u> GCAU<u>GUUCAA</u>AAUGGUGCCCUAGUGACUACAAAGCCC</p>	200
miR-177-pequeño	<p>ACGCAAGUGUCCUAAAGGUGAGCUCAGGAGCACAGAAACCUC CAGUGGAACAGAAAGGGCAAAGCUCAUU</p>	201
miR-180-pequeño	<p>CAU<u>GUCACU</u>UUCAGGUGGA<u>GUU</u>UCAAGAGUCCCU<u>UCCUGG</u> UUCACCGUCUCCU<u>UUGCUCU</u>UCCACAAC</p>	202
miR-181a	<p>AGAA<u>GGCU</u>AUCAGGCCAGCCUUCAGAGGACUCCAAAGGAACA UUCAACCGCUGCGGUGAGU<u>JUGGGAU</u>JUGAAAAAACCA<u>CUGA</u> CCGUUGACUGUACCUUGGGGUCCUUA</p>	203
miR-181b-1	<p>CCUGGCAGAGAUUAUUUUJAAAGGUCACAAUCAA<u>ADUC</u> AUUGCUGUGCGGUGGULGAA<u>CU</u>GUGUGGACAAAGCUCACUGAA CAUUGAAUGCAA<u>CU</u>GUGGCCCGCCUJ</p>	204
miR-181b-2	<p>CUGAUGGCUGCACUCAACAU<u>U</u>CAUUGCUGUGCGGUGG<u>UUGA</u> GUCUGAAUCAACUCACUGAUCA<u>AUGAA</u>UGCAAACUGCGGACC AAACA</p>	205
miR-181c	<p>CGGAAAUUUGCCAA<u>GGGUU</u>UGGGGGAACA<u>U</u>CAAC<u>CUGUCG</u> GUGAGUUUGGCAGCUCAGGCAA<u>CCAU</u>CGACCGUUGAGUGG ACCU<u>GAGGCCUGGA</u>AUUGCCAUCCU</p>	206

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-182-as	GAGCUCUUGCCUCC <u>CCCCG</u> UUUU <u>UUGGCA</u> AUGGUA <u>GAA</u> CUCA CACUGGUGAGGUAACAGGAUCGGGUGGUUCUAGACUUGCCAA CUAUGGGCGGAGACUCAGCCGGCAC	207
miR-182	UUUU <u>UUGCA</u> AUGGUAGAA <u>CUCAC</u> ACUGGUGAGGUAAACAGGAU CCGGUGGUUCUAGACU <u>U</u> GGCAA <u>CU</u> AUGG	208
miR-183	CCGCAGAGUGGACUCCUGUUCUGU <u>UAUGGC</u> ACUGGUAGAA UUAC <u>U</u> GUGAACAGUCUCAGUCAGUGAACUUACCGAA <u>GGGCCA</u> UAAACAGAGCAGAGACAGAUCCACGA	209
miR-184-1	CCAGUCACGUCCCCU <u>AUC</u> ACUUUCCAGCCACGCUUUGUGAC UGUAAGUGUUGGACGGAGAACUGAAAGGGUA <u>GGUGAUUGA</u> CCUU <u>U</u> CA <u>CUUU</u> CCAGCCAGCUUUGUGACUGUAAGUGUU <u>G</u> GACGGAGAA <u>CU</u> GAUAA <u>GGGU</u> AGG	210
miR-184-2	AGGGGGGAGGGAUU <u>GGAG</u> AGAAAGGCAGUUCCUGAUGGUCC CCUCCCCAGGGGCU <u>U</u> GGCUUCCUUGGUCCUCCUCCCA AGGGAUU <u>GGAG</u> AGAAAGGCAGUUCCUGAUGGUCCUCCUCCCA GGGGCUGGCUUUCCU <u>CU</u> GGUCCUU	211
miR-185-1	UGCUUGUAACUUUCCAAAGAAUUCUCCUUUUGGGCUUUCUGG UUUUUUUUAAAGCCCAAGGUGAAUUUUUUGGGAAAGUUUGA GCU	212
miR-185-2	ACUUUCCAAAGAAUUCUCCUUUUGGGCUUUCUGGUUUUAUUU UAAGCCCAAGGUGAAUUUUUUGGGAAGU	213
miR-186-1	GGUCCGCUACCAUGACACAGUGUGAGACUCCGGGCUACAAC ACAGGACCCGGGGGCU <u>U</u> GGCUUGACCCCU <u>U</u> GGU <u>U</u> GU <u>U</u> GCAGCCGGAGGGACGCAGGUCCGA	214
miR-186-2	GGUCCGCUACCAUGACACAGUGUGAGACUCCGGGCUACAAC ACAGGACCCGGGGGCU <u>U</u> GGCUUGACCCCU <u>U</u> GGU <u>U</u> GU <u>U</u> GCAGCCGGAGGGACGCAGGUCCGA	215
miR-187	GGUCCGCUACCAUGACACAGUGUGAGACUCCGGGCUACAAC ACAGGACCCGGGGGCU <u>U</u> GGCUUGACCCCU <u>U</u> GGU <u>U</u> GU <u>U</u> GCAGCCGGAGGGACGCAGGUCCGA	216

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')	SEC ID N°.
miR-188-1	<u>UGC</u> CCCUCUCACAUCCCUUGCAUCCUUGCAUCCUUGGAGGGUGAGGCUU UCUGAAACCCUCCCAUCCCAUCCGAGGGUUUGCAGGAUGGCCGAG CC	217
miR-188-2	<u>UC</u> CACAUCCCUUGCAUCCUUGGAGGGUGAGCUUUCUGAAAAC CCUCCCAUCCAGGGUUUGCAGGA	218
miR-189-1	CUGUCGAUUGGACCCGCCUCCCGGUGCCUACUGAGCUGAUAU <u>CAG</u> UUCUAUUUACACACACUGGCCUAGUUCAGCAGGAACAGG AGUCGAGCCCUUGAGCAA	219
miR-189-2	<u>C</u> UCCGGUGCCUACUGAGCUGAUUACAGUUCUCAUUUACACA CUGGCUCAGUUCAGCAGGAACAGGAG	220
miR-190-1	UGCAGGCCUCUGUGUAUUGUUUGAUUAUUAGGUUGUUAU UUAAUCCAAUAUAUCAAAACAUAUCCUACAGUGUCUUGC	221
miR-190-2	<u>C</u> UGUGUAUUGUUUGAUUAUUAGGUUGUUAUUUAUCCA ACUUAUAUCAAAACAUUUCUACAG	222
miR-191-1	CGCUGGACAGCGGCCAACGGAAUCCCAAAGCAGCUGUUGU CUCCAGGCAUCCAGCUGGCCUUGGAUUUCGUCCCCUUGCUC UCCUGCCU	223
miR-191-2	AGCGGCCAACGGAAUCCCAAAGCAGCUGUUGUCCAGAGC AUUCCAGCUGGCCUUGGAUUUCGUCCCCUUGU	224
miR-192-2/3	CCGAGACCGAGUGCACAAGGCCUUCUGACCUAUGAAUUGACAGC <u>C</u> AGUCUCUGUCUCCCCUCUGGCCAAUUCCAUAGGUCAC AGGUAUGUCCGCCUCAUUGCCAG	225

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-192	GCCGAGACCGAGUGCACAGGGCCUCUGACCUAUGAAUUGACAG CCAGUGCUCUCGUCUCCCCUCUGGCUGCCA AUUCCAUAAGGUCA CAGGU AUGUUCGCCUCAUUGCCAGC CGAGG AUGGGAGCUGAGGGCCUGGGUCUUUUGGGCGGAGAU GA GGGUGUCGGAUCAACUGGGCCUACAAGUCCCAAGUUCUUCGGCC CCC GUGGGUCUUUGCGGGCGGAGUGAGGGGUGUCGGAUCAACUGG	226
miR-193-1	CCUACAAGUCCAGU AUGGUGUUACAAGUGUAACAGCAACUCCAUUGUGGACUGUGU ACCAAUUCCAGUGGAGAUCCUGUUA CUUUUGAUGGUUACCA A	227
miR-193-2	GUGUACAGCAACUCCAUUGGACUGUGUACCAAUUUCAGU GGAGUCUGUUA CUUUUGAU	228
miR-194-1	AGCUUCCUUGCCUUAAGCAGCACACAGAAAUUUGGCACAGGGA AGCGAGUCUGCCAAUAUUGGCUGUGCUCUCCAGGCAGGGUG GUG	229
miR-194-2	UAAGCACACAGAAUAUUGGCACAGGGAAGCGAGUCUGCCAA UAUUGGCUGUGCGCU	230
miR-195-1	CUAGAGCUUGAAUUGGAA CUGCUGAGUGAAUUAAGGUAGUUUC AUGUUGUUGGGCCUGGGUUUCUGAACACAACAUAUAACC ACCCGAUUCACGGCAGUUA CUGCUCC	231
miR-195-2	GUGAAUUAAGGUAGUUUCAUGUUUGUUGGGCCUGGGUUUCUGAA CACACAACAUAUAAACCCACCCGAUUCAC	232
miR-196-1		233
miR-196a-1		234

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-196a-2 (miR-196-2)	<u>UGCUCGCUCAGCUGAUCUGUGGCUJAGGUAGUUUCAUGUUUGU</u> <u>UUGGGAUUGAGUUUGAACUCUGGCAACAAGAAACUGCCUGAGU</u> <u>UACAUCAGUCGGUUUCGUCGAGGGC</u>	235
miR-196	<u>GUGAAUJAGGUAGUUUCAUGUUUGUUGGGCCUGGGUUUCUGAA</u> <u>CACAACAACAUAACCCACCCGATUJCAC</u> <u>ACUGGUCGGUAGUJAGGUAGUUJCCUUGUUGGGAUCCAC</u> <u>CUUUCUCGCACAGCACGACACUGCCUJUCAUUAUCUACAGUUG</u> <u>GGCUGGCCGGUAGAGAGGGCAGUGGGAGGUJAGAGCUCUU</u>	236
miR-196b	<u>CACCUUCACCCUUCUCCACCCAGCAUGGCC</u> <u>FUGCAUGUGUJAGUJAGUGUGCAUGUGCAUGUGUJAGUGUGA</u>	237
miR-197	<u>JGAGUGCAUGCCGUGUGGC</u>	238
miR-197-2	<u>UCAUUGGUCCAGAGGGGAGAUAGGUUCCUGUGAUUUUUCCUU</u> <u>CUUCUCUAUAGAAUAAAUGA</u> <u>GCCAAACCCAGUGUUCAGACUACCUUGUJUCAGGAGGCUCUCAAU</u> <u>GUGUACAGUAGUCUGGCACAUUGGUJAGGC</u> <u>AGGAAACUUCUGGAGAUCCUUGCUCGCCGCCAGUGUUCAG</u> <u>ACUACCUUGUUCAGGACAAUUGCCGUUGUJACAGUAGUCUCGCACA</u> <u>UUGGUJAGACUGGGCAAGGGAGAGCA</u> <u>CCAGAGGACACCCUCCACUCCGUCUACCCAGUGUUUAGACUUAU</u> <u>CUGUUCAGGACUCCAAAUUGUJACAGUAGUCUCGCACAUUGGU</u> <u>UAGGCUUGGCUGGGUJAGACCCUCGG</u> <u>GCCAAACCCAGUGUUCAGACUACCUUGUUCAGGAGGCUCUCAAU</u> <u>GUGUACAGUAGUCUGGCACAUUGGUJAGGC</u>	239
miR-198		240
miR-199a-1		241
miR-199a-2		242
miR-199b		243
miR-199s		244

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-200a	GCCGUGGCCAUCUACUGGGCAGCAUUGGAUGGAGUCAGGUC UCUAAUACUGCCUGGUAUUGAUGACGGC	245
miR-200b	CCAGCUCGGGCAGCCGUGGGCCAUUCUJACUGGGCAGCAUUGGA UGGAGUCAGGUCUCUAAUACUGCCUGGUAUUGAUGACGGCGG AGCCUUGCAG	246
miR-200c	CCUCGUCUACCCAGCAGUGUJUGGGUGCGGUJUGGGAGUCU CUAAUACUGCCGGUAUUGAUGGAGG	247
miR-202	GUUCCUUUUUCCUAUGCAUAUCUUCUUGAGGAUCUGGCCU AAAGAGGUUAAGGC AUGGAAG AUGGAGC GUGUUGGGACUCGGCGCUGGGUCCAGUGGUUCUUAACAGU UCAACAGUUCUGUAGCGCAAUUGUGAAAUGUUAUGGACCCACU AGACCCGGCGGGCGGCACAGGA	248
miR-203	GGCUACAGUCUUUCUUAUGUACUGGACUCGUGGACUCCUUCUUGU CAUCCU <u>AUGCCUGAGAAUAUAUGAAGGAGGCGGGAAGGCAA</u> AGGACGUUCAUUGUCAUCUGGC	249
miR-204	AAAGAUCCUCAGACAAUCCAUUGUGCUUCUCUUGCCUUCADU CCACCGGAGUCUGUCUAUACCCAAACCAUAUUCAGUGGAGU GAAGUUCAGGAGGCAUGGAGCUGACA	250
miR-205	UGCUUCCCGAGGCCACAUGCUUCUUUAUAUCCCCAUUUGGAU UACUUGCUAUGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGUUCGGCAAG UG	251
miR-206-1	AGGCCACAUGCUUCUUUAUCCCCAUUUGGAUUAUCUUGCU AUGGAAUGUAAGGAAGUGUGUGUUU	252
miR-206-2		253

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3)*	SEC ID Nº.
miR-208	<p>UGACGGCGGAGCUUUUUGGCCCGGGUUUAUACCUUGAUGCUCACG <u>UAUAAGACGAGCAAAAAGCUUUGGUCA</u></p>	254
miR-210	<p>ACCCGGCAGUGCCUCCAGGGCCAGGGCAGCCCCUGCCCCACCCG <u>ACACUGGCGUGCCCCAGACCCACUGUGGGUGAGACAGCGGCU</u> <u>GAUCUGCCUGGGCAGCGGACCC</u></p>	255
miR-211	<p>UCACCUGGCCAUUGAGACUUGUGGGCUUCCCUUUGUCAUCCUU <u>CGCCUAGGGCUCUGAGCAGGGCAGGGACAGCAAAGGGGUGCU</u> <u>CAGUUGUACUUGCCACAGCACGGAG</u></p>	256
miR-212	<p>CGGGCACCCCCGGCAGACAGCGCGCGGCACCUUGGCUUCUAG <u>ACUGCUUACUGCCCCGGCGCCUCAGUAACAGUCUCCAGUCA</u> <u>CGGCCACCGACGCCUGGCCCGCC</u></p>	257
miR-213-2	<p>CCUGUCAGAGAUUUUUUUAAGGUCACAUAACAUAUUC <u>AUUGCUGCGGUGGUUGAACUGUGUGGACAAGCUCACUGAA</u> <u>CAUUGAAUGCAACUGUGGCCCGCUU</u></p>	258
miR-213	<p>GAGUUUGAGGUUGCUUCAGUGAACAUUCAAGCUCUGCGGUG <u>AGUUUGGAAUUAUAUCAAAACCAUCGACCGUUGAUUGUACC</u> <u>CUAUGGCUAACCAUCAUCUCC</u></p>	259
miR-214	<p>GGCCUGGCGGACAGAGUUUGUCAUUGUGUCUGCCUUGUCUACAC <u>UUGCUGUGCAGACAUCGCCUCACCUGUACAGCAGGCACAGA</u> <u>CAGGCAGUCACAUAGACAACCCAGCCU</u></p>	260
miR-215	<p>AUCAUUCAGAAUUGGUUAUACAGGAAA<u>AUGACCUAUGAAUUGA</u> <u>CAGACAAUAUAGCUGAGUUUGUCUGUCAUUUCUUUAGGCCAA</u> <u>UAUUCUGUAUGACUGUGCUACUCAA</u></p>	261

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-216	<u>GAUGGCUGUGAGUUGGCUDAUCUCAGCUGGCAACUGUGAGA</u> <u>UGUUCAUACA AUCCUCACAGUGGUUCUCUGGGAUUAUGCUAA</u> <u>ACAGAGCAAUUUCUAGCCUCACGA</u> <u>AGUAUAUUUAUCAUAGUUUUUGAUGUCGAGAJACUGGCAU</u> <u>CAGGAACUGAUUGGAUAAGAUCAGUCACCAUCAGUUCCUAA</u> <u>UGCAUUGCCUUCAGCAUCUAAACAAG</u>	262
miR-217	<u>GUUAUAUGUAGCGAGAUUUUCUGUUGUCUUGAUUCUAACCA</u> <u>UGUGGUUGCGAGGUUUGAGUAAACAUGGUUCCGUCAAGCAC</u> <u>CAUGGAAAGCAGCGAGCUUUCUACA</u> <u>GACCAUGUCGUGCGGGGUUUCUUUGUGUCUUGAUUCUAACCA</u> <u>UGUGGUAGACGAUGGAAACCGAACAUGGUUCUGUCAAGCAC</u> <u>CGCGGAAAGCAGCGUCUCUCUGCA</u>	263
miR-218-1	<u>CCGCCCGGGCGCGGCUCCUGAUUUGUCCAAACGCAAUUCUCG</u> <u>AGUCUAUGGCUCGCGCGGAGAGUUGAGUCUGGACGUCGCCGAG</u> <u>CCGCCCGCCCCAAAACUUCGAGCGGG</u>	264
miR-218-2	<u>CCGCCCGGGCGCGGCUCCUGAUUUGUCCAAACGCAAUUCUCG</u> <u>AGUCUAUGGCUCGCGCGGAGAGUUGAGUCUGGACGUCGCCGAG</u> <u>CCGCCCGCCCCAAAACUUCGAGCGGG</u>	265
miR-219	<u>CCGCCCGGGCGCGGCUCCUGAUUUGUCCAAACGCAAUUCUCG</u> <u>AGUCUAUGGCUCGCGCGGAGAGUUGAGUCUGGACGUCGCCGAG</u> <u>CCGCCCGCCCCAAAACUUCGAGCGGG</u>	266
miR-219-1	<u>CCGCCCGGGCGCGGCUCCUGAUUUGUCCAAACGCAAUUCUCG</u> <u>AGUCUAUGGCUCGCGCGGAGAGUUGAGUCUGGACGUCGCCGAG</u> <u>CCGCCCGCCCCAAAACUUCGAGCGGG</u>	267
miR-219-2	<u>ACUCAGGGGCUUCGGCCACUGAUUGUCCAAACGCAAUUCUUGU</u> <u>ACGAGUCUGCGGCCAACCGAGAAUUGUGGCUUGGACAUUCUGUG</u> <u>GCUGAGCUCGCGGG</u>	268
miR-220	<u>GACAGUGUGGCAUUGUAGGGCUCCACACCGUAUCUGACACUU</u> <u>UGGGCGAGGGCACCAUGCUAGAGGUUUAUGAUGCGGUCUG</u> <u>GGAAACUCCUCA CGGAUCUUAUCUGAUG</u>	269

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-221	UGAACAUCCAGGUCUGGGGCAUGAACCCUGGCAUACA AUGUAG AUUUCUGUGUUCGUUAGGCAACAGCUACA UUGUCUGCUGGGU UUCAGGCUACCUAGGAAACAUGUUCUC	270
miR-222	GCUGCGGAAGGUGUAGGUAGCCUCA AUGGCUCAGUAGCCAG UGUAGAUCUGUCUUUCGUAAUACAGCAGCUACAUCUGGGCUAC UGGGUCUCUGAUGGCAUCUUCUAGCU	271
miR-223	CCUGGCCUCCUGCAGUCCACGCUCGCCGUGUAUUGACAA GCU GAGUUGGACACUCCAUUGUGGUA GAGUGUCAGUUGUCA AUA CCCCAAGUGCGGCACAUGCUUACCAG	272
miR-224	GGCUUUCAAAGUCACUAUGGGUUCGGUUAUGAUGAUUGU GCAUUGUJUCAA A AUGGUGCCCUAGUGACUACAAAGCCC CAAUCUCCUUAUCAUGGUAUUGAUUUAUGAGUGCUUCUCCU UUUGUGUGAGAGAA GAUA	273
miR-294-1 (chr16)		274
miR-296	AGGACCCUJCCAGAGGGCCCCCUCAAUCCUGUUGUGCCUAA UUCAGA GGGUUGGUGGAGGCUUCUCCUGAAGGGCUCU	275
miR-299	AAGAAUUGGUUAACCGUCCACACAUAUUGAUAUGUAUG UGGGAUGGUAACCCGCUUCU	276
miR-301	ACUGCUAACGAAUGCCUCUGACUUAUUGCACUACUGUACUUU ACAGCUAGCAGUGCAAUAGUAUUGUCA AAGCAUCUGAAAGCA GG	277
miR-302a	CCACCACUAAACGUGGAGUGUACUUGCUUUGAAACUAA GAA GUAAGUCUCCAUUGUUAUGGUGAUGG	278

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID N°.
miR-302b	GCUCCCUUCAA <u>CUUUACAUGGAAGUGCUUUUCUGACUUUA</u> AAAGUUAAGUGCUUCCAU <u>GUUUUA</u> GUAGGAGU	279
miR-302c	CCUUUGCUUUAA <u>CAUGGGGUACCUUGUGUGAAACA</u> AAAAG UAAAGUGCUUCCAU <u>GUUUACA</u> GUGGAGG	280
miR-302d	CCUCUACUUAA <u>CAUGGAGGCACUUGCUGUGACAUGACA</u> AAA AUAAGUGCUUCCAU <u>GUUUJUGAGUGUGG</u>	281
miR-320	GCUUCGCUC <u>CCUCCGCCUUCUUCUCCCGGUUCUCCCGGAGU</u> CGGAAAGCUGGGUUGAGAGGGCGAAAAGGAUGAGGU	282
miR-321	UUGGCCUCCUAAGCCAGGGAU <u>UUGGGUUCGAGUCCCA</u> CCCCG GGGUAAAGAAAGGCCGA	283
miR-323	UUUGGUACUU <u>GGAGAGAGUGGUCCGUCCGUGCGGUUCGUUUUAU</u> UUUUGGCGCA <u>CAUUACA</u> CGGUCGACCUCUUUGCAGUAUCUAA UC	284
miR-324	CUGACUAUGCCUCCCGCA <u>UCCCUA</u> GGGCAUUGGUGUAAG CUGGAGACCCACU <u>GCCCCAGGUCUCUGGGGUUGUAGUC</u>	285
miR-325	AUACAGUGCUUGGUUCCUA <u>GUAGGUGUCCAGUA</u> AGUGUUUGU GACAUAAUUUGUUUA <u>UUGAGGACCUCCUAUCA</u> AUCAAAGCACU GUGCUAGGCUCUGG	286
miR-326	CUCAUCUGUCUGUUGGGCU <u>GAGGCA</u> GGGCCUUUGUGAAAGC GGGUGGUGCUCA <u>GAUCGCCUCUGGGCCUUC</u> CCUCCAGCCCCCGA GGCGGAUUCA	287

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-328	UGGAGUGGGGGGCAGGAGGGGCUACGGGAGAAAGUGCAUAC AGCCCCUGGCCUCUCUGCCCUUCCGGUCCCCUG	288
miR-330	CUUUGCGGAUCAUGCCUCUCUGGCCUCUGUGCCUUAAGGCUCU GCAAGAUCAACCGAGCAAAAGCACACGGCCUUCAGAGAGGCGAG CGCUCUGCCC	289
miR-331	GAGUUUGGUUUUGUUUGGGUUUGUUUCUAGGUUUGGUCCCCAGG GAUCCCCAGAUCAAAACCAAGGCCUUGGGCCUUAUCCUAGAAACCAA CCUAAGGUC	290
miR-335	UGUUUUGAGGCGGGUJCAAGAGCAAUAACGAAAAAUUGUUUGU CAUAAACCGUUUUAUAUUGCCUCCUGACCUCUCUCAUUU GCUAUAUUCA	291
miR-337	GUAGUCAGUAGUUGGGGGUGGGAACGGCUUCAUACAGGAGU UGAUGCACAGUUAUCCAGCUCCUUAUAUGAUGCCUUUUCUUCAU CCCCUJCAA	292
miR-338	UCUCCAACAUAUCCUGGUGCUGAGUGAUGACUCAGGGGACU CCAGCAUCAGUGAUUUUGUUAGAAGA	293
miR-339	CGGGCGCCCGCUCUCCUUGUCCUCCAGGAGCUCACGUGUGCC UGCCUGUGAGCGCCUCGACGACAGAGCCGGCGCCUCCCCCAGU GUCUGCGC	294
miR-340	UUGUACCUGGUGUGAUUAUAAAGCAAUGAGACUGAUJUGUCAU AUGUCGUUUGUGGGAUCCGUCUCAGUUAUUUAUAGCCCAUAC CUGGUUUCUUA	295

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
miR-342	GAAACUGGGCCUCAAGGUGAGGGGUGCUAUCUGUGAUUGAGGG ACAUGGUUAAUGGAAUUGUCUCACACAGAAAUCCGCCACCCGUC ACCUJGGCCUACUUA	296
miR-345	ACCCAAACCCUAGGUCUGCUGACUCUAGUCCAGGGCCUGGUG AUGGCUUGGUGGCCCCUGAACGAGGGGUCUGGAGGCCCUUGGGUU UGAAUUCGACAGC	297
miR-346	GUCUGUCUGCCCGCAUGCCUGCCUCUCUGUUGCUCUGAAAGGA GGCAGGGCUGGGCCUGCAGCUGCCUGGGCAGAGCCGGCUCU GC	298
miR-367	CCAUUACUGUUGCUAAUAUGCAAACUCUGUUGAAUAUAAAUUG GAUUGCACUUAAGCAUUGGUAUGG	299
miR-368	AAAAGGUGGAUJUCCUUCUAUGUUUAUGUUUAUUAUGGUUA AACAUAGAGGAAAUUCCACGUUUU	300
miR-369	UUGAAGGGAGAUCCGACCGUGUUAUAUCCGCUUUAUUGACUUC GAAUAAUACAUGGUUGAUCUUUUCUCAG	301
miR-370	AGACAGAGAAGCCAGGUACAAGUCUCUGCAGUACACAGCUCA CGAGUGCCUGCUGGGGUGGAACCCUGGUCUGUCU	302
miR-371	GUGGCACUCAACUGUGGGGGCACUUUCUGCUCUCUGGUGAA AGUGCCGCCAUCUUUUGAGUGUUAUAC	303
miR-372	GUGGGCCUCAAAUGUGGAGCACUAUUCUGAUGUCCAAAGUGGA AAGUGCUGGGACAUUUUGAGCGGUCAC	304

Nombre del Precursor	Secuencia (5' a 3')*	SEC ID Nº.
<i>miR-373</i>	GGGAUACUCAA <u>AAU</u> GGGGGGCCUUUCCUUUUUGUCUGUACUG GGAA <u>GUGCUUC</u> GAUUUUUGGGGUGUCCCC	305
<i>miR-374</i>	UACAUCGGCCAU <u>UAUAUAACA</u> ACCUGAUAAGUGUUAUAGCAC UUAUCAGAUUGUAUU <u>GUAAUU</u> GUCUGUGUA	306
<i>miR-hes1</i>	AUGGAGCUGCCUCA <u>CCCUGUGGGCCUCA</u> AAUGUGGAGGAACUA UUCUGAUGUCCAAGUGGAAAGUGCUGCGACA <u>UUUGAGCGG</u> UCA CCGGUGACGCCCCAUAUCA	307
<i>miR-hes2</i>	GCAUCCCCUCA <u>GCCUGUGGCACUCA</u> AA <u>CUGUGGGGGCCACU</u> UU CUGCUCUCUGGUGAAAGUGCCCGCC <u>AUCUUUUGAGUGUU</u> A <u>CCG</u> . CUUGAGAAAGACUCAACC	308
<i>miR-hes3</i>	CGAGGAGCUCAUACUGGGGAUACUCAAA <u>AUGGGGGCCU</u> UCC UUUUUGUCUGUUACUGGGAAAGUGCUCCGAUUUU <u>GGGGUGUCC</u> . CUGUUUGAGUAGGGCAUC	309
* Una secuencia subrayada dentro de una secuencia precursora corresponde a un transcrito de miR procesado maduro (véase Tabla 1b). Algunas secuencias precursoras tienen dos secuencias subrayadas que indican dos miR maduros diferentes que derivan del mismo precursor. Todas las secuencias son humanas.		

ES 2 546 425 T3

Tabla 1b- Secuencias de microARN maduro humano.

Nombre de miARN Maduro	Secuencia de miARN Maduro (5' a 3')	SEC ID N°	microARN precursor correspondiente; véase Tabla 1a
<i>let-7a</i>	ugagguaguagguuguauaguu	310	<i>let-7a-1; let-7a-2; let-7a-3; let-7a-4</i>
<i>let-7b</i>	ugagguaguagguuguguguu	311	<i>let-7b</i>
<i>let-7c</i>	ugagguaguagguuguauuguu	312	<i>let-7c</i>
<i>let-7d</i>	agagguaguagguugcauagu	313	<i>let-7d; let-7d-v1</i>
<i>let-7e</i>	ugagguaggagguuguauagu	314	<i>let-7e</i>
<i>let-7f</i>	ugagguaguagauuguauaguu	315	<i>let-7f-1; let-7f-2-1; let-7f-2-2</i>
<i>let-7g</i>	ugagguaguaguuuguacagu	316	<i>let-7g</i>
<i>let-7i</i>	ugagguaguaguuugugcu	317	<i>let-7i</i>
<i>miR-1</i>	uggaauguaaagaaguaugua	318	<i>miR-1b; miR-1b-1; miR-1b-2</i>
<i>miR-7</i>	uggaagacuagugauuuuguu	319	<i>miR-7-1; miR-7-1a; miR-7-2; miR-7-3</i>
<i>miR-9</i>	ucuuugguuaucuagcuguauga	320	<i>miR-9-1; miR-9-2; miR-9-3</i>
<i>miR-9*</i>	uaaagcuagauaacggaaagu	321	<i>miR-9-1; miR-9-2; miR-9-3</i>
<i>miR-10a</i>	uaccugugaauccgaauuugug	322	<i>miR-10a</i>
<i>miR-10b</i>	uaccugugaauccgaauuugu	323	<i>miR-10b</i>
<i>miR-15a</i>	uagcagcacauaauuguuugug	324	<i>miR-15a; miR-15a-2</i>
<i>miR-15b</i>	uagcagcacaucauguuuaca	325	<i>miR-15b</i>
<i>miR-16</i>	uagcagcacguaaaauuugcg	326	<i>miR-16-1; miR-16-2; miR-16-13</i>
<i>miR-17-5p</i>	caaagugcuuacagugcagguagu	327	<i>miR-17</i>
<i>miR-17-3p</i>	acugcagugaaggcacuugu	328	<i>miR-17</i>
<i>miR-18</i>	uaaggugcaucuagugcagaua	329	<i>miR-18; miR-18-13</i>
<i>miR-19a</i>	ugugcaaaucuaugcaaaacuga	330	<i>miR-19a; miR-19a-13</i>
<i>miR-19b</i>	ugugcaaaucuaugcaaaacuga	331	<i>miR-19b-1; miR-19b-2</i>
<i>miR-20</i>	uaaagugcuuauagugcaggua	332	<i>miR-20 (miR-20a)</i>
<i>miR-21</i>	uagcuuauacagacugauguuga	333	<i>miR-21; miR-21-17</i>
<i>miR-22</i>	aagcugccagugaagaacugu	334	<i>miR-22</i>
<i>miR-23a</i>	aucacauugccagggauuucc	335	<i>miR-23a</i>
<i>miR-23b</i>	aucacauugccagggauuaccac	336	<i>miR-23b</i>
<i>miR-24</i>	uggcucaguucagcaggaacag	337	<i>miR-24-1; miR-24-2; miR-24-19; miR-24-9</i>
<i>miR-25</i>	cauugcacuugucucggucuga	338	<i>miR-25</i>
<i>miR-26a</i>	uucagaauuaccaggauaggcu	339	<i>miR-26a; miR-26a-1; miR-26a-2</i>
<i>miR-26b</i>	uucagaauuaccaggauaggu	340	<i>miR-26b</i>
<i>miR-27a</i>	uucacaguggcuaguuccgcc	341	<i>miR-27a</i>
<i>miR-27b</i>	uucacaguggcuaguucug	342	<i>miR-27b-1; miR-27b-2</i>
<i>miR-28</i>	aaggagcucacagucuauugag	343	<i>miR-28</i>
<i>miR-29a</i>	cuagcaccuucugaaaucgguu	344	<i>miR-29a-2; miR-29a</i>

ES 2 546 425 T3

<i>miR-29b</i>	uagcaccuuuugaaucagu	345	<i>miR-29b-1; miR-29b-2</i>
<i>miR-29c</i>	uagcaccuuuugaaucgguua	346	<i>miR-29c</i>
<i>miR-30a-5p</i>	uguaaacaucuccgacuggaagc	347	<i>miR-30a</i>
<i>miR-30a-3p</i>	cuuucagucggauuuugcagc	348	<i>miR-30a</i>
<i>miR-30b</i>	uguaaacaucacuacacucagc	349	<i>miR-30b-1; miR-30b-2</i>
<i>miR-30c</i>	uguaaacaucacuacucucagc	350	<i>miR-30c</i>
<i>miR-30d</i>	uguaaacaucuccgacuggaag	351	<i>miR-30d</i>
<i>miR-30e</i>	uguaaacaucuuugacugga	352	<i>miR-30e</i>
<i>miR-31</i>	ggcaagaugcuggcauagcug	353	<i>miR-31</i>
<i>miR-32</i>	uauugcacauuacuaaguugc	354	<i>miR-32</i>
<i>miR-33</i>	gugcauuguaguugcauug	355	<i>miR-33; miR-33b</i>
<i>miR-34a</i>	uggcagugucuagcugguugu	356	<i>miR-34a</i>
<i>miR-34b</i>	aggcagugucauagcugauug	357	<i>miR-34b</i>
<i>miR-34c</i>	aggcaguguaguagcugauug	358	<i>miR-34c</i>
<i>miR-92</i>	uauugcacuuguccggccugu	359	<i>miR-92-2; miR-92-1</i>
<i>miR-93</i>	aaagugcuguucgugcagguag	360	<i>miR-93-1; miR-93-2</i>
<i>miR-95</i>	uucaacggguauuuauugagca	361	<i>miR-95</i>
<i>miR-96</i>	uuuggcacuaagcacauuuuugc	362	<i>miR-96</i>
<i>miR-98</i>	ugagguaguaaguuguauuguu	363	<i>miR-98</i>
<i>miR-99a</i>	aaccgguagaucggaucuuugug	364	<i>miR-99a</i>
<i>miR-99b</i>	caccgguagaaccgaccuugcg	365	<i>miR-99b</i>
<i>miR-100</i>	uacaguacuguguaacugaag	366	<i>miR-100</i>
<i>miR-101</i>	uacaguacuguguaacugaag	367	<i>miR-101-1; miR-101-2</i>
<i>miR-103</i>	agcagcauuguacagggcuauaga	368	<i>miR-103-1</i>
<i>miR-105</i>	ucaaauugcucagacuccugu	369	<i>miR-105</i>
<i>miR-106-a</i>	aaaagugcuuacagugcagguagc	370	<i>miR-106-a</i>
<i>miR-106-b</i>	uaaagugcugacagugcagau	371	<i>miR-106-b</i>
<i>miR-107</i>	agcagcauuguacagggcuauca	372	<i>miR-107</i>
<i>miR-122a</i>	uggagugugacaauugguguuugu	373	<i>miR-122a-1; miR-122a-2</i>
<i>miR-124a</i>	uuaggcagcgggugaauGCCA	374	<i>miR-124a-1; miR-124a-2; miR-124a-3</i>
<i>miR-125a</i>	ucccugagaccuuuaaccugug	375	<i>miR-125a-1; miR-125a-2</i>
<i>miR-125b</i>	ucccugagaccuaacuuguga	376	<i>miR-125b-1; miR-125b-2</i>
<i>miR-126*</i>	cauuauuacuuuugguacgcg	377	<i>miR-126-1; miR-126-2</i>
<i>miR-126</i>	ucguaccgugaguaauaugc	378	<i>miR-126-1; miR-126-2</i>
<i>miR-127</i>	ucggaucgucugagcuuggcu	379	<i>miR-127-1; miR-127-2</i>
<i>miR-128a</i>	ucacagugaaccggucucuuuu	380	<i>miR-128; miR-128a</i>
<i>miR-128b</i>	ucacagugaaccggucucuuuc	381	<i>miR-128b</i>
<i>miR-129</i>	cuuuuugcggucugggcuugc	382	<i>miR-129-1; miR-129-2</i>

ES 2 546 425 T3

<i>miR-130a</i>	cagugcaauguuaaaagggc	383	<i>miR-130a</i>
<i>miR-130b</i>	cagugcaaugaugaagggc	384	<i>miR-130b</i>
<i>miR-132</i>	uaacagucucacagcgaugucg	385	<i>miR-132-1</i>
<i>miR-133a</i>	uuggucuccuuaaccagcugu	386	<i>miR-133a-1; miR-133a-2</i>
<i>miR-133b</i>	uuggucuccuuaaccagcua	387	<i>miR-133b</i>
<i>miR-134</i>	ugugacugguugaccagaggg	388	<i>miR-134-1; miR-134-2</i>
<i>miR-135a</i>	uauggcuuuuuauuccuauugua	389	<i>miR-135a; miR-135a-2 (miR-135-2)</i>
<i>miR-135b</i>	uauggcuuuuauuccuauugug	390	<i>miR-135b</i>
<i>miR-136</i>	acuccauuuuuugaugaugga	391	<i>miR-136-1; miR-136-2</i>
<i>miR-137</i>	uauugcuuaagaauacgcguag	392	<i>miR-137</i>
<i>miR-138</i>	agcugguguugugaauuc	393	<i>miR-138-1; miR-138-2</i>
<i>miR-139</i>	ucuacagugcacgugucu	394	<i>miR-139</i>
<i>miR-140</i>	agugguuuuaccuauugguag	395	<i>miR-140; miR-140as; miR-140s</i>
<i>miR-141</i>	aacacugucugguaaagaugg	396	<i>miR-141-1; miR-141-2</i>
<i>miR-142-3p</i>	uguaguguuuuccuacuuuauugga	397	<i>miR-142</i>
<i>miR-142-5p</i>	cauaaaguagaagcacuac	398	<i>miR-142</i>
<i>miR-143</i>	ugagaugaagcacuguagcuca	399	<i>miR-143-1</i>
<i>miR-144</i>	uacaguauagaugauguacuag	400	<i>miR-144-1; miR-144-2</i>
<i>miR-145</i>	guccaguuuuuccaggaaucccuu	401	<i>miR-145-1; miR-145-2</i>
<i>miR-146</i>	ugagaacugaauuccauggguu	402	<i>miR-146-1; miR-146-2</i>
<i>miR-147</i>	guguguggaaaugcuucugc	403	<i>miR-147</i>
<i>miR-148a</i>	ucagugcacuacagaacuuugu	404	<i>miR-148a (miR-148)</i>
<i>miR-148b</i>	ucagugcaucacagaacuuugu	405	<i>miR-148b</i>
<i>miR-149</i>	ucuggcuccgugucuucacucc	406	<i>miR-149</i>
<i>miR-150</i>	ucuccaaccuuguaaccagug	407	<i>miR-150-1; miR-150-2</i>
<i>miR-151</i>	acuagacugaagcuccuugagg	408	<i>miR-151</i>
<i>miR-152</i>	ucagugcaugacagaacuugg	409	<i>miR-152-1; miR-152-2</i>
<i>miR-153</i>	uugcauagucacaaaaguga	410	<i>miR-153-1-1; miR-153-1-2; miR-153-2-1; miR-153-2-2</i>
<i>miR-154</i>	uagguuauccguguugccuucg	411	<i>miR-154-1; miR-154-2</i>
<i>miR-154*</i>	aaucacuacacggguugaccuauu	412	<i>miR-154-1; miR-154-2</i>
<i>miR-155</i>	uuauugcuauucgugauagggg	413	<i>miR-155</i>
<i>miR-181a</i>	aacauucaacgcugucggugagu	414	<i>miR-181a</i>
<i>miR-181b</i>	aacauucauugcugucggugguu	415	<i>miR-181b-1; miR-181b-2</i>
<i>miR-181c</i>	aacauucaaccugucggugagu	416	<i>miR-181c</i>
<i>miR-182</i>	uuuggcaaugguagaacucaca	417	<i>miR-182; miR-182as</i>
<i>miR-182*</i>	ugguucuagacuugccaacua	418	<i>miR-182; miR-182as</i>
<i>miR-183</i>	uauggcacugguagaauucacug	419	<i>miR-183</i>

ES 2 546 425 T3

<i>miR-184</i>	uggacggagaacugauaaggggu	420	<i>miR-184-1; miR-184-2</i>
<i>miR-185</i>	uggagagaaaggcaguuc	421	<i>miR-185-1; miR-185-2</i>
<i>miR-186</i>	caaagaauucuccuuuugggcuu	422	<i>miR-186-1; miR-186-2</i>
<i>miR-187</i>	ucgugucuuguguugcagcgg	423	<i>miR-187</i>
<i>miR-188</i>	caucccuugcaugguggaggggu	424	<i>miR-188</i>
<i>miR-189</i>	gugccuacugagcugauaucagu	425	<i>miR-189-1; miR-189-2</i>
<i>miR-190</i>	ugauauguuugauauuuaggu	426	<i>miR-190-1; miR-190-2</i>
<i>miR-191</i>	caacggaaucacaaagcagcu	427	<i>miR-191-1; miR-191-2</i>
<i>miR-192</i>	cugaccuauagaauugacagcc	428	<i>miR-192</i>
<i>miR-193</i>	aacuggccuacaagucccag	429	<i>miR-193-1; miR-193-2</i>
<i>miR-194</i>	uguaacagcaacuccaugugga	430	<i>miR-194-1; miR-194-2</i>
<i>miR-195</i>	uagcagcacagaaauauggc	431	<i>miR-195-1; miR-195-2</i>
<i>miR-196a</i>	uagguaguuucauguuguugg	432	<i>miR-196a; miR-196a-2 (miR196-2)</i>
<i>miR-196b</i>	uagguaguuuuccuguugg	433	<i>miR-196b</i>
<i>miR-197</i>	uucaccaccuuccaccaccagc	434	<i>miR-197</i>
<i>miR-198</i>	gguccagaggggagauagg	435	<i>miR-198</i>
<i>miR-199a</i>	cccaguguucagacuaccuguuc	436	<i>miR-199a-1; miR-199a-2</i>
<i>miR-199a*</i>	uacaguagucugcacauugguu	437	<i>miR-199a-1; miR-199a-2; miR-199s; miR-199b</i>
<i>miR-199b</i>	cccaguguuuagacuauucuguuc	438	<i>miR-199b</i>
<i>miR-200a</i>	uaacacugucugguaacgaugu	439	<i>miR-200a</i>
<i>miR-200b</i>	cucuaauacugccugguaaugaug	440	<i>miR-200b</i>
<i>miR-200c</i>	aauacugccgguaaugaugga	441	<i>miR-200c</i>
<i>miR-202</i>	agagguauagggcaugggaaga	442	<i>miR-202</i>
<i>miR-203</i>	gugaaauguuuaggaccacuag	443	<i>miR-203</i>
<i>miR-204</i>	uucccuuugucauccuugccu	444	<i>miR-204</i>
<i>miR-205</i>	uccuucuuuccaccggagucug	445	<i>miR-205</i>
<i>miR-206</i>	uggaauguuaaggaagugugugg	446	<i>miR-206-1; miR-206-2</i>
<i>miR-208</i>	auaagacgagcaaaaagcuugu	447	<i>miR-208</i>
<i>miR-210</i>	cugugcgugugacagcggcug	448	<i>miR-210</i>
<i>miR-211</i>	uucccuuugucauccuugccu	449	<i>miR-211</i>
<i>miR-212</i>	uaacagucuccagucacggcc	450	<i>miR-212</i>
<i>miR-213</i>	accaucgaccguugauuguacc	451	<i>miR-213</i>
<i>miR-214</i>	acagcaggcacagacaggcag	452	<i>miR-214</i>
<i>miR-215</i>	augaccuauagaauugacagac	453	<i>miR-215</i>
<i>miR-216</i>	uaaucucagcuggcaacugug	454	<i>miR-216</i>
<i>miR-217</i>	uacugcaucaggaacugauuggau	455	<i>miR-217</i>
<i>miR-218</i>	uugugcuugaucuaaccaugu	456	<i>miR-218-1; miR-218-2</i>

ES 2 546 425 T3

<i>miR-219</i>	ugauuguccaaacgcaauucu	457	<i>miR-219; miR-219-1; miR-219-2</i>
<i>miR-220</i>	ccacaccguaucugacacuuu	458	<i>miR-220</i>
<i>miR-221</i>	agcuacaauugucugcugguuuc	459	<i>miR-221</i>
<i>miR-222</i>	agcuacaucuggcuacugggucuc	460	<i>miR-222</i>
<i>miR-223</i>	ugucaguuugucaaaauacccc	461	<i>miR-223</i>
<i>miR-224</i>	caagucacuagugguuccguuuua	462	<i>miR-224</i>
<i>miR-296</i>	agggccccccucaauccugu	463	<i>miR-296</i>
<i>miR-299</i>	ugguuuaccguccacauacau	464	<i>miR-299</i>
<i>miR-301</i>	cagugcaauaguauugucaaaagc	465	<i>miR-301</i>
<i>miR-302a</i>	uaagugcuuccauguuugguga	466	<i>miR-302a</i>
<i>miR-302b*</i>	acuuuaacauggaagugcuuucu	467	<i>miR-302b</i>
<i>miR-302b</i>	uaagugcuuccauguuuaguag	468	<i>miR-302b</i>
<i>miR-302c*</i>	uuuaacauggggguaccugcug	469	<i>miR-302c</i>
<i>miR-302c</i>	uaagugcuuccauguuucagugg	470	<i>miR-302c</i>
<i>miR-302d</i>	uaagugcuuccauguuugagugu	471	<i>miR-302d</i>
<i>miR-320</i>	aaaagcuggguugagagggcgaa	472	<i>miR-320</i>
<i>miR-321</i>	uaagccagggauuguggguuc	473	<i>miR-321</i>
<i>miR-323</i>	gcacauuacacggucgaccucu	474	<i>miR-323</i>
<i>miR-324-5p</i>	cgcaucccuagggaucuggugu	475	<i>miR-324</i>
<i>miR-324-3p</i>	ccacugcccaggugcugcugg	476	<i>miR-324</i>
<i>miR-325</i>	ccuaguagguguccaguaagu	477	<i>miR-325</i>
<i>miR-326</i>	ccucugggcccuuccuccag	478	<i>miR-326</i>
<i>miR-328</i>	cuggccucucugcccuuccgu	479	<i>miR-328</i>
<i>miR-330</i>	gcaaagcacacggccugcagaga	480	<i>miR-330</i>
<i>miR-331</i>	gccccugggccuauccuagaa	481	<i>miR-331</i>
<i>miR-335</i>	ucaagagcauaaacgaaaaugu	482	<i>miR-335</i>
<i>miR-337</i>	uccagcuccuauaugaugccuuu	483	<i>miR-337</i>
<i>miR-338</i>	uccagcaucagugauuuuguuga	484	<i>miR-338</i>
<i>miR-339</i>	ucccuguccuccaggagcuca	485	<i>miR-339</i>
<i>miR-340</i>	uccgucucaguuacuuuauagcc	486	<i>miR-340</i>
<i>miR-342</i>	ucucacacagaaaucgcacccguc	487	<i>miR-342</i>
<i>miR-345</i>	ugcugacuccuaguccagggc	488	<i>miR-345</i>
<i>miR-346</i>	ugucugcccgaugccugccucu	489	<i>miR-346</i>
<i>miR-367</i>	aaaugcacuuuagcaaugguga	490	<i>miR-367</i>
<i>miR-368</i>	acauagaggaaauuccacguuu	491	<i>miR-368</i>
<i>miR-369</i>	aaauaacaugguugaucuuu	492	<i>miR-369</i>
<i>miR-370</i>	gccugcugggguggaaccugg	493	<i>miR-370</i>
<i>miR-371</i>	gugccgccaucuuuugagugu	494	<i>miR-371</i>

<i>miR-372</i>	aaagugcugcgacauuugagcgu	495	<i>miR-372</i>
<i>miR-373*</i>	acucaaaugggggcgcuuucc	496	<i>miR-373</i>
<i>miR-373</i>	gaagugcuucgauuuuggggugu	497	<i>miR-373</i>
<i>miR-374</i>	uuauauacaaccugauaagug	498	<i>miR-374</i>

La presente invención abarca métodos para diagnosticar si un sujeto tiene un cáncer sólido, que comprende medir el nivel de al menos un primer producto génico miR-92-2 en una muestra de ensayo del sujeto y comparar el nivel del producto génico de miR en la muestra de ensayo con el nivel correspondiente del producto génico de miR en una muestra de control. Como se usa en la presente memoria un "sujeto" puede ser cualquier mamífero que tenga, o se sospeche que tiene, un cáncer sólido.

También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos. También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el producto génico de miR es miR-21, miR-191 o miR-17-5p. También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el producto génico de miR no es miR-15a o miR-16-1. También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el producto génico de miR no es miR 159-1 o miR-192. También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el producto génico de miR no es miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR-182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el producto génico de miR no es miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215 o miR-32. También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el producto génico de miR no es miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el producto génico de miR no es miR-15a, miR-16-1, miR-182, miR-181, miR-30, miR-15a, miR-16-1, miR-15b, miR-16-2, miR-195, miR-34, miR-153, miR-21, miR-217, miR-205, miR-204, miR-211, miR-143, miR-96, miR-103, miR-107, miR-129, miR-9, miR-137, miR-217, miR-186.

Los cánceres sólidos pueden ser cualquier cáncer que surja de órganos y tejidos sólidos. Dichos cánceres se asocian normalmente con la formación y/o presencia de masas tumorales y pueden ser carcinomas, sarcomas y linfomas. Los ejemplos específicos de cánceres sólidos que pueden diagnosticarse por los métodos desvelados en la presente memoria incluyen, pero sin limitación, cáncer de colon, cáncer rectal, cáncer de estómago (gástrico), cáncer pancreático, cáncer de mama, cáncer de pulmón, cáncer de próstata, cáncer bronquial, cáncer testicular, cáncer ovárico, cáncer uterino, cáncer peniano, melanoma y otros cánceres de la piel, cáncer de hígado, cáncer esofágico, cánceres de la cavidad oral y faringe (por ejemplo, cáncer de lengua, cáncer de boca), cánceres del sistema digestivo (por ejemplo, cáncer intestinal, cáncer de la vesícula biliar), cánceres de huesos y articulaciones, cánceres del sistema endocrino (por ejemplo, cáncer tiroideo), cáncer de cerebro, cáncer de ojo, cánceres del sistema urinario (por ejemplo, cáncer de riñón, cáncer de la vejiga urinaria), enfermedad de Hodgkin y linfoma no de Hodgkin. Los cánceres sólidos pueden no ser uno o más de cáncer de mama, cáncer de pulmón, cáncer de próstata, cáncer pancreático o cáncer gastrointestinal.

También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de mama o cáncer de pulmón y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-210, miR=213 y una combinación de los mismos.

También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de colon, cáncer de estómago, cáncer de próstata o cáncer de páncreas y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo es miR-218-2.

También se desvelan en la presente memoria métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de mama y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-125b-1, miR-125b-2, miR-145, miR-21 y combinaciones de los mismos. Como alternativa, el cáncer sólido es cáncer de mama y el al menos un producto génico de miR en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-21, miR-29b-2, miR-146, miR-125b-2, miR-125b-1, miR-10b, miR-145, miR-181a, miR-140, miR-213, miR-29a prec, miR-181b-1, miR-199b, miR-29b-1, miR-130a, miR-155, let-7a-2, miR-205, miR-29c, miR-224, miR-100, miR-31, miR-30c, miR-17-5p, miR-210, miR-122a, miR-16-2 y combinaciones de los mismos. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de mama y el al menos un producto génico de miR puede no ser miR-145, miR-21, miR-155, miR-10b, miR-125b-1, miR-125b-2, let7a-2, let7a-3, let-7d, miR-122a, miR-191, miR-206, miR-210, let-7i, miR-009-1 (miR131-1), miR-34 (miR-170), miR-102 (miR-29b), miR-123 (miR-126), miR-140-as, miR-125a, miR-194, miR-204, miR-213, let-7f-2, miR-101, miR-128b, miR-136, miR-143, miR-149, miR-191, miR-

196-1, miR-196-2, miR-202, miR-103-1, o miR-30c. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de mama y el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-125b-1, let-7a-2, let-7i, miR-100, let-7g, miR-31, miR-32a-1, miR-33b, miR-34a-2, miR-101-1, miR-135-1, miR-142as, miR-142s, miR-144, miR-301, miR-29c, miR-30c, miR-106a, o miR-29b-1. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de mama y el producto génico de miR puede no ser miR-159-1 o miR-192. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de mama y el producto génico de miR puede no ser miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR-182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de mama y el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215 o miR-32. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de mama y el producto génico de miR puede no ser miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de mama y el producto génico de miR puede no ser miR-181b, miR-181c, miR-181d, miR-30, miR-15b, miR-16-2, miR-153-1, miR-217, miR-205, miR-204, miR-103, miR-107, miR-129-2, miR-9 o miR-137.

También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido puede ser cáncer de colon y el al menos un producto génico de miR en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-24-1, miR-29b-2, miR-20a, miR-10a, miR-32, miR-203, miR-106a, miR-17-5p, miR-30c, miR-223, miR-126*, miR-128b, miR-21, miR-24-2, miR-99b prec, miR-155, miR-213, miR-150, miR-107, miR-191, miR-221, miR-9-3 y combinaciones de los mismos. Como alternativa el cáncer sólido puede ser cáncer de colon y el producto génico de miR puede no ser miR-159-1 o miR-192. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de colon y el producto génico de miR puede no ser miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR-182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de colon y el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215 o miR-32. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de colon y el producto génico de miR puede no ser miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de colon y el producto génico de miR puede no ser miR-181b, miR-181c, miR-181d, miR-30, miR-15b, miR-16-2, miR-153-1, miR-217, miR-205, miR-204, miR-103, miR-107, miR-129-2, miR-9 o miR-137.

También se desvelan en el presente documento métodos en los que el cáncer sólido es cáncer de pulmón y el producto génico de miR en la muestra de ensayo se selecciona del grupo que consiste en miR-21, miR-205, miR-200b, miR-9-1, miR-210, miR-148, miR-141, miR-132, miR-215, miR-128b, let-7g, miR-16-2, miR-129-1/2 prec, miR-126*, miR-142-as, miR-30d, miR-30a-5p, miR-7-2, miR-199a-1, miR-127, miR-34a prec, miR-34a, miR-136, miR-202, miR-196-2; miR-199a-2, let-7a-2, miR-124a-1, miR-149, miR-17-5p, miR-196-1 prec, miR-10a, miR-99b prec, miR-196-1, miR-199b, miR-191, miR-195, miR-155 y combinaciones de los mismos. Como alternativa el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el al menos un producto génico de miR puede no ser miR-15a o miR-16-1. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el al menos un producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-191, miR-126*, miR-210, miR-155, miR-143, miR-205, miR-126, miR-30a-5p, miR-140, miR-214, miR-218-2, miR-145, miR-106a, miR-192, miR-203, miR-150, miR-220, miR-192, miR-224, miR-24-2, miR-212, miR-9, miR-17, miR-124a-1, miR-95, miR-198, miR-216, miR-219-1, miR-197, miR-125a, miR-26a-1, miR-146, miR-199b, let7a-2, miR-27b, miR-32, miR-29b-2, miR-33, miR-181c, miR-101-1, miR-124a-3, miR-125b-1 o let7f-1. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el al menos un producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-182, miR-181, miR-30, miR-15a, miR-143, miR-205, miR-96, miR-103, miR-107, miR-129, miR-137, miR-186, miR-15b, miR-16-2, miR-195, miR-34, miR-153, miR-217, miR-204, miR-211, miR-9, miR-217, let-7a-2 o miR-32. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el producto génico de miR puede no ser let-7c, let-7g, miR-7-3, miR-210, miR-31, miR-34a-1, miR-a-2, miR-99a, miR-100, miR-125b-2, miR-132, miR-135-1, miR-195, miR-34, miR-123, miR-203. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el producto génico de miR puede no ser miR-159-1 o miR-192. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el producto génico de miR puede no ser miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR-182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215 o miR-32. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el producto génico de miR puede no ser miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de pulmón y el producto génico de miR puede no ser miR-181b, miR-181c, miR-181d, miR-30, miR-15b, miR-16-2, miR-153-1, miR-217, miR-205, miR-204, miR-103, miR-107, miR-129-2, miR-9 o miR-137.

También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido puede ser cáncer pancreático y el al menos un producto génico de miR medido en la muestra de ensayo se puede seleccionar del grupo que consiste en miR-103-1, miR-103-2, miR-155, miR-204 y combinaciones de los mismos.

En una realización de la presente invención, el miR-92-2 y al menos un producto génico de miR adicional seleccionado del grupo que consiste en miR-103-2, miR-103-1, miR-24-2, miR-107, miR-100, miR-125b-2, miR-125b-1, miR-24-1, miR-191, miR-23a, miR-26a-1, miR-125a, miR-130a, miR-26b, miR-145, miR-221, miR-126*, miR-16-2, miR-146, miR-214, miR-99b, miR-128b, miR-155, miR-29b-2, miR-29a, miR-25, miR-16-1, miR-99a, miR-224, miR-30d, miR-199a-1, miR-223, miR-29c, miR-30b, miR-129-1/2, miR-197, miR-17-5p, miR-30c, miR-7-1, miR-93-1, miR-140, miR-30a-5p, miR-132, miR-181b-1, miR-152 prec, miR-23b, miR-20a, miR-222, miR-27a, miR-92-1, miR-21, miR-129-1/2 prec, miR-150, miR-32, miR-106a, miR-29b-1 y combinaciones de los mismos se usan para diagnosticar cáncer pancreático.

10 También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido puede ser cáncer pancreático y el producto génico de miR puede no ser miR-15a o miR-16-1. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer pancreático y el producto génico de miR puede no ser miR-159-1 o miR-192. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer pancreático y el producto génico de miR puede no ser miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR-182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer pancreático y el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215 o miR-32. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer pancreático y el producto génico de miR puede no ser miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer pancreático y el producto génico de miR puede no ser miR-181b, miR-181c, miR-181d, miR-30, miR-15b, miR-16-2, miR-153-1, miR-217, miR-205, miR-204, miR-103, miR-107, miR-129-2, miR-9 o miR-137.

25 En otra realización de la presente invención el producto génico de miR-92-2 y al menos otro miR adicional se selecciona del grupo que consiste en let-7d, miR-128a prec, miR-195, miR-203, let-7a-2 prec, miR-34a, miR-20a, miR-218-2, miR-29a, miR-25, miR-95, miR-197, miR-135-2, miR-187, miR-196-1, miR-148, miR-191, miR-21, let-7f, miR-198, miR-199a-2, miR-30c, miR-17-5p, miR-146, miR-181b-1 prec, miR-32, miR-206, miR-184 prec, miR-29a prec, miR-29b-2, miR-149, miR-181b-1, miR-196-1 prec, miR-93-1, miR-223, miR-16-1, miR-101-1, miR-124a-1, miR-26a-1, miR-214, miR-27a, miR-24-1, miR-106a, miR-199a-1 y combinaciones de los mismos se usan para diagnosticar el cáncer de próstata.

35 También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido puede ser cáncer de próstata y el producto génico de miR puede no ser miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR-182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de próstata y el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215 o miR-32. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de próstata y el producto génico de miR puede no ser miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de próstata y el producto génico de miR puede no ser miR-181b, miR-181c, miR-181d, miR-30, miR-15b, miR-16-2, miR-153-1, miR-217, miR-205, miR-204, miR-103, miR-107, miR-129-2, miR-9 o miR-137.

45 En una realización adicional de la presente invención, el producto génico de miR-92-2 y al menos un miR adicional se selecciona del grupo que consiste en miR-223, miR-21, miR-218-2, miR-103-2, miR-25, miR-136, miR-191, miR-221, miR-125b-2, miR-103-1, miR-214, miR-222, miR-212 prec, miR-125b-1, miR-100, miR-107, miR-92-1, miR-96, miR-192, miR-23a, miR-215, miR-7-2, miR-138-2, miR-24-1, miR-99b, miR-33b, miR-24-2 y combinaciones de los mismos, se usa para diagnosticar cáncer de estómago.

50 También se desvelan métodos en los que el cáncer sólido puede ser cáncer de estómago y el producto génico de miR puede no ser miR-15a o miR-16-1. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de estómago y el producto génico de miR puede no ser miR-159-1 o miR-192. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de estómago y el producto génico de miR puede no ser miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR-182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de estómago y el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215, o miR-32. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de estómago y el producto génico de miR puede no ser miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. Como alternativa, el cáncer sólido puede ser cáncer de estómago y el producto génico de miR puede no ser miR-181b, miR-181c, miR-181d, miR-30, miR-15b, miR-16-2, miR-153-1, miR-217, miR-205, miR-204, miR-103, miR-107, miR-129-2, miR-9 o miR-137.

65 El nivel de al menos un producto génico de miR puede medirse en una muestra biológica (por ejemplo, células, tejidos) obtenida del sujeto. Por ejemplo, puede retirarse una muestra tisular (por ejemplo, de un tumor) de un sujeto que se sospecha que tiene un cáncer sólido por técnicas de biopsia convencionales. Como alternativa, puede

retirarse una muestra sanguínea del sujeto, y pueden aislarse células sanguíneas (por ejemplo, glóbulos blancos) para extracción de ADN por técnicas convencionales. La muestra de sangre o tejido se obtiene preferentemente del sujeto antes del inicio de la radioterapia, quimioterapia u otro tratamiento terapéutico. Puede obtenerse una muestra de tejido o sangre de control correspondiente de tejidos no afectados del sujeto, de un individuo humano normal o población de individuos normales, o de células cultivadas correspondientes a la mayoría de las células en la muestra del sujeto. La muestra de tejido o sangre de control se procesa después junto con la muestra del sujeto, de modo que los niveles de producto génico de miR producido a partir de un gen de miR dado en células de la muestra del sujeto puede compararse con los niveles de producto génico de miR correspondientes de células de la muestra de control. Puede usarse también un patrón de expresión de miR de referencia para la muestra biológica como un control.

Una alteración (por ejemplo, un aumento o reducción) del nivel de un producto génico de miR en la muestra obtenida del sujeto, en relación con el nivel de un producto génico de miR correspondiente en una muestra de control, es indicativa de la presencia de un cáncer sólido en el sujeto. El nivel del al menos un producto génico de miR en la muestra de ensayo puede ser mayor que el nivel del producto génico de miR correspondiente en la muestra de control (es decir, la expresión del producto génico de miR está "regulada positivamente"). Como se usa en la presente memoria, la expresión de un producto génico de miR está "regulada positivamente" cuando la cantidad de producto génico de miR en una muestra celular o tisular de un sujeto es mayor que la cantidad del mismo producto génico en una muestra celular o tisular de control. El nivel del al menos un producto génico de miR en la muestra de ensayo puede ser menor que el nivel del producto génico de miR correspondiente en la muestra de control (es decir, la expresión del producto génico de miR está "regulada negativamente"). Como se usa en la presente memoria, la expresión de un gen de miR está "regulada negativamente" cuando la cantidad de producto génico de miR producida de ese gen en una muestra celular o tisular de un sujeto es menor que la cantidad producida del mismo gen en una muestra celular o tisular de control. La expresión génica de miR relativa en las muestras de control y normales puede determinarse con respecto a uno o más patrones de expresión de ARN. Los patrones pueden comprender, por ejemplo, un nivel de expresión génica de miR cero, el nivel de expresión génica de miR en una línea celular convencional, el nivel de expresión génica de miR en tejidos no afectados del sujeto, o el nivel medio de expresión génica de miR previamente obtenido para una población de controles humanos normales.

El nivel de un producto génico de miR en una muestra puede medirse usando cualquier técnica que sea adecuada para detectar los niveles de expresión de ARN en una muestra biológica. Se conocen bien por los expertos en la materia técnicas adecuadas (por ejemplo, análisis de transferencia de Northern, RT-PCR, hibridación *in situ*) para determinar los niveles de expresión de ARN en una muestra biológica (por ejemplo, células, tejidos). El nivel de al menos un producto génico de miR puede detectarse usando análisis de transferencia de Northern. Por ejemplo, puede purificarse ARN celular total de células por homogeneización en presencia de tampón de extracción de ácidos nucleicos, seguido de centrifugación. Los ácidos nucleicos se precipitan, y el ADN se retira por tratamiento con DNasa y precipitación. Las moléculas de ARN se separan después por electroforesis en gel en geles de agarosa de acuerdo con técnicas convencionales, y se transfieren a filtros de nitrocelulosa. Después se inmoviliza el ARN en los filtros por calentamiento. Se consigue detección y cuantificación de ARN específico usando sondas de ADN o ARN marcadas de forma apropiada complementarias del ARN en cuestión. Véase, por ejemplo, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, J. Sambrook *et al.*, eds., 2ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Capítulo 7.

Pueden producirse sondas adecuadas para hibridación de transferencia de Northern de un producto génico de miR dado a partir de las secuencias de ácido nucleico proporcionadas en la Tabla 1a y Tabla 1b e incluyen, pero sin limitación, sondas que tienen complementariedad de al menos aproximadamente 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % o completa con un producto génico de miR de interés. Se describen métodos para preparación de sondas de ADN y ARN marcadas, y las condiciones para hibridación de las mismas con secuencias de nucleótidos diana en *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, J. Sambrook *et al.*, eds., 2ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Capítulos 10 y 11.

Por ejemplo, la sonda de ácido nucleico puede marcarse con, por ejemplo, un radionúclido, tal como ^3H , ^{32}P , ^{33}P , ^{14}C o ^{35}S ; un metal pesado; un ligando capaz de actuar como un miembro de par de unión específico para un ligando marcado (por ejemplo, biotina, avidina o un anticuerpo); una molécula fluorescente; una molécula quimioluminiscente; una enzima o similares.

Las sondas pueden marcarse a alta actividad específica por el método de traslación de muesca de Rigby *et al.* (1977), *J. Mol. Biol.* 113: 237-251 o por el método de cebadores aleatorios de Fienberg *et al.* (1983), *Anal. Biochem.* 132: 6-13. Este último es el método elegido para sintetizar sondas marcadas con ^{32}P de alta actividad específica a partir de ADN monocatenario o de moldes de ARN. Por ejemplo, reemplazando nucleótidos preexistentes con nucleótidos altamente radiactivos de acuerdo con el método de traslación de muescas, es posible preparar sondas de ácido nucleico marcadas con ^{32}P con una actividad específica bastante mayor de 10^8 cpm/microgramo. Después puede realizarse detección autorradiográfica de la hibridación exponiendo los filtros hibridados a película fotográfica. La exploración densitométrica de las películas fotográficas expuestas a los filtros hibridados proporciona una medición precisa de los niveles de transcrito génico de miR. Usando otro enfoque, los niveles de transcrito génico de miR pueden cuantificarse por sistemas de formación de imágenes computarizada, tales como el Phosphorimager Molecular Dynamics 400-B 2D disponible de Amersham Biosciences, Piscataway, NJ.

5 Cuando el marcaje con radionúclidos de sondas de ADN o ARN no es práctico, puede usarse el método de cebadores aleatorios para incorporar un análogo, por ejemplo, el análogo de dTTP 5-(N-(N-biotinil-épsilon-aminocaproil)-3-aminoalil)desoxiuridina trifosfato, en la molécula sonda. El oligonucleótido sonda biotinilado puede detectarse por reacción con proteínas de unión a biotina, tales como avidina, estreptavidina y anticuerpos (por ejemplo, anticuerpos anti-biotina) acoplados a colorantes fluorescentes o enzimas que producen reacciones de color.

10 Además de Northern y otras técnicas de hibridación de ARN, la determinación de los niveles de transcritos de ARN puede conseguirse usando la técnica de hibridación *in situ*. Esta técnica requiere menos células que la técnica de transferencia de Northern, e implica depositar células completas en un cubreobjetos de microscopio y explorar el contenido de ácido nucleico de la célula con una solución que contenga sondas de ácido nucleico radiactivas o marcadas de otro modo (por ejemplo, ADNc o ARN). Esta técnica es particularmente adecuada para analizar muestras de biopsia tisular de sujetos. La práctica de la técnica de hibridación *in situ* se describe en más detalle en la Patente de Estados Unidos N° 5.427.916. Pueden producirse sondas adecuadas para hibridación *in situ* de un producto génico de miR dado a partir de las secuencias de ácido nucleico proporcionadas en la Tabla 1a y Tabla 1b, e incluyen, pero sin limitación, sondas que tienen complementariedad de al menos aproximadamente 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % o completa con un producto génico de miR de interés, como se ha descrito anteriormente.

20 El número relativo de transcritos génicos de miR en células también puede determinarse por transcripción inversa de transcritos génicos de miR, seguido de amplificación de los transcritos de transcripción inversa por reacción en cadena de la polimerasa (RT-PCR). Los niveles de los transcritos génicos de miR pueden cuantificarse en comparación con un patrón interno, por ejemplo, el nivel de ARNm de un gen "constitutivo" presente en la misma muestra. Un gen "constitutivo" adecuado para su uso como un patrón interno incluye, por ejemplo, miosina y gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (G3PDH). Se conocen bien por los expertos en la materia métodos para realizar RT-PCR cuantitativa y semicuantitativa, y variaciones de la misma.

30 En algunos casos, puede ser deseable determinar simultáneamente el nivel de expresión de una pluralidad de productos génicos de miR diferentes en una muestra. En otros casos, puede ser deseable determinar el nivel de expresión de los transcritos de todos los genes de miR conocidos correlacionados con cáncer. La evaluación de los niveles de expresión específicos de cáncer para cientos de genes o productos génicos de miR consume tiempo y requiere una gran cantidad de ARN total (por ejemplo, al menos 20 µg para cada transferencia de Northern) y técnicas autorradiográficas que requieren isótopos radiactivos.

35 Para superar estas limitaciones, puede construirse una oligobiblioteca, en formato de microplaca (es decir, una microserie), que contenga un conjunto de sondas oligonucleotídicas (por ejemplo, oligodesoxinucleótidos) que son específicas para un conjunto de genes de miR. Usando dicha microserie, puede determinarse el nivel de expresión de múltiples microARN en una muestra biológica por transcripción inversa de los ARN para generar un conjunto de oligodesoxinucleótidos diana, e hibridarlos para explorar los oligonucleótidos de la microserie para generar un perfil de hibridación, o expresión. El perfil de hibridación de la muestra de ensayo puede después compararse con el de una muestra de control para determinar qué microARN tienen un nivel de expresión alterado en células de cáncer sólido. Como se usa en la presente memoria, "oligonucleótido sonda" u "oligodesoxinucleótido sonda" se refiere a un oligonucleótido que es capaz de hibridar con un oligonucleótido diana. "Oligonucleótido diana" u "oligodesoxinucleótido diana" se refiere a una molécula para detectar (por ejemplo, mediante hibridación). Por "oligonucleótido sonda específico de miR" u "oligonucleótido sonda específico para un miR" se entiende un oligonucleótido sonda que tiene una secuencia seleccionada para hibridar con un producto génico de miR específico, o con un transcrito inverso del producto génico de miR específico.

50 Un "perfil de expresión" o "perfil de hibridación" de una muestra particular es esencialmente una identificación del estado de la muestra; aunque dos estados pueden tener cualquier gen particular expresado de forma similar, la evaluación de varios genes permite simultáneamente la generación de un perfil de expresión génica que es único para el estado de la célula. Es decir, el tejido normal puede distinguirse del tejido canceroso (por ejemplo, tumoral), y dentro del tejido canceroso, pueden determinarse diferentes estados de pronóstico (por ejemplo, buenas o malas perspectivas de supervivencia a largo plazo). Comparando los perfiles de expresión de tejido de cáncer sólido en diferentes estados, se obtiene información con respecto a qué genes son importantes (incluyendo regulación tanto positiva como negativa de los genes) en cada uno de estos estados. La identificación de secuencias que se expresan diferencialmente en tejido de cáncer sólido, así como la expresión diferencial que da como resultado diferentes resultados de pronóstico, permiten el uso de esta información de varias maneras. Por ejemplo, puede evaluarse un régimen de tratamiento particular (por ejemplo, para determinar si un fármaco quimioterapéutico actúa para mejorar el pronóstico a largo plazo en un paciente particular). De forma similar, el diagnóstico puede realizarse o confirmarse comparando muestras de pacientes con perfiles de expresión conocidos. Además, estos perfiles de expresión génica (o genes individuales) permiten la exploración de candidatos farmacológicos que suprimen el perfil de expresión de cáncer sólido o convierten un perfil de pronóstico malo en un perfil de pronóstico mejor.

65 En consecuencia, la invención proporciona métodos para diagnosticar si un sujeto tiene un cáncer sólido, que comprenden transcribir de forma inversa al menos ARN de miR-92-2 de una muestra de ensayo obtenida del sujeto para proporcionar al menos un oligodesoxinucleótido diana de miR-92-2, hibridar el oligodesoxinucleótido diana con

una microserie que comprende oligonucleótidos sonda específico de miARN que incluyen al menos un oligonucleótido sonda específico de ARN de miR-92-2 para proporcionar un perfil de hibridación para la muestra de ensayo, y comparar el perfil de hibridación de la muestra de ensayo con un perfil de hibridación generado a partir de una muestra de control o patrón de referencia, en el que una alteración de la señal de ARN del primer miR-92-2 es
 5 indicativa de que el sujeto tiene un cáncer sólido. También se desvelan microseries que comprenden oligonucleótidos sonda específicos de miARN para una parte sustancial de todos los miARN humanos conocidos. La microserie puede comprender oligonucleótidos sonda específicos de miARN para uno o más miARN seleccionados del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-
 10 221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

La microserie puede prepararse a partir de sondas oligonucleotídicas específicas de genes generadas de secuencias de miARN conocidas. La serie puede contener dos sondas oligonucleotídicas diferentes para cada miARN, una que contiene la secuencia activa, madura y la otra que es específica para el precursor del miARN. La
 15 serie también puede contener controles, tales como una o más secuencias de ratón que difieren de ortólogos humanos en solamente algunas bases, que pueden actuar como controles para las condiciones de rigurosidad de hibridación. También pueden imprimirse ARNt u otros ARN (por ejemplo, ARNr, ARNm) de ambas especies en la microplaca, proporcionando un control positivo interno, relativamente estable, para hibridación específica. También pueden incluirse en la microplaca uno o más controles apropiados para hibridación no específica. Para este fin, las
 20 secuencias se seleccionan basándose en la ausencia de cualquier homología con cualquier miARN conocido.

La microserie puede fabricarse usando técnicas conocidas en este campo. Por ejemplo, los oligonucleótidos sonda de una longitud apropiada, por ejemplo, 40 nucleótidos, se modifican con amina 5' en la posición C6 y se imprimen usando sistemas de microseries disponibles en el mercado, por ejemplo, el Microarrayer GeneMachine OmniGrid™
 25 100 y portaobjetos activados Amersham CodeLink™. El oligómero de ADNc marcado correspondiente a los ARN diana se prepara por transcripción inversa del ARN diana con cebador marcado. Después de la síntesis de primera cadena, los híbridos de ARN/ADN se desnaturalizan para degradar los moldes de ARN. Los ADNc diana marcados preparados de este modo se hibridan después con la microplaca de microserie en condiciones de hibridación, por ejemplo, SSPE 6X/formamida 30 % a 25 °C durante 18 horas, seguido de lavado en TNT 0,75X (Tris HCl/NaCl/Tween 20) a 37 °C durante 40 minutos. En las posiciones de la serie en las que el ADN sonda inmovilizado reconoce un ADNc diana complementario en la muestra, se produce hibridación. El ADNc diana marcado marca la posición exacta en la serie donde se produce unión, permitiendo la detección y cuantificación automática. El resultado consiste en una lista de acontecimientos de hibridación, que indican la abundancia relativa de secuencias de ADNc específicas, y por lo tanto la abundancia relativa de los miR complementarios correspondientes, en la
 30 muestra del paciente. El oligómero de ADNc marcado puede ser un ADNc marcado con biotina, preparado a partir de un cebador marcado con biotina. La microserie se procesa después por dirección directa de los transcritos que contienen biotina usando, por ejemplo, conjugado de estreptavidina-Alexa 647, y se explora utilizando métodos de exploración convencionales. Las intensidades de la imagen de cada punto en la serie son proporcionales a la abundancia del miR correspondiente en la muestra del paciente.
 40

El uso de la serie tiene varias ventajas para la detección de expresión de miARN. En primer lugar, la expresión global de varios cientos de genes puede identificarse en la misma muestra en un punto temporal. En segundo lugar, mediante el diseño cuidadoso de las sondas oligonucleotídicas, puede identificarse la expresión de moléculas tanto maduras como precursoras. En tercer lugar, en comparación con análisis de transferencia de Northern, la microplaca requiere una cantidad pequeña de ARN, y proporciona resultados reproducibles usando 2,5 µg de ARN total. El número relativamente limitado de miARN (algunos cientos por especie) permite la construcción de una microserie común para varias especies, con sondas oligonucleotídicas distintas para cada una. Dicha herramienta permitiría el análisis de expresión entre especies para cada miR conocido en diversas condiciones.
 45

Además del uso para los ensayos de nivel de expresión cuantitativa de miR específicos, una microplaca que contiene oligonucleótidos sonda específicos de miARN correspondientes a una parte sustancial del miRNoma, preferentemente el miRNoma completo, puede emplearse para llevar a cabo la determinación de perfiles de expresión génica de miR, para análisis de patrones de expresión de miR. Las identificaciones de miR distintas pueden asociarse con marcadores de enfermedad establecidos, o directamente con una patología.
 50

De acuerdo con los métodos de realizaciones de perfiles de expresión descritos en la presente memoria, el ARN total de una muestra de un sujeto que se sospecha que tiene un cáncer (por ejemplo, un cáncer sólido) se transcribe de forma inversa cuantitativamente para proporcionar un conjunto de oligodesoxinucleótidos diana marcados complementarios del ARN en la muestra. Los oligodesoxinucleótidos diana se hibridan después con una microserie que comprende oligonucleótidos sonda específicos de miARN para proporcionar un perfil de hibridación para la muestra. El resultado es un perfil de hibridación para la muestra que representa el patrón de expresión de miARN en la muestra. El perfil de hibridación comprende la señal de la unión de los oligodesoxinucleótidos diana de la muestra con los oligonucleótidos sonda específicos de miARN en la microserie. El perfil puede registrarse como la presencia o ausencia de unión (señal frente a señal cero). Más preferentemente, el perfil registrado incluye la intensidad de la señal de cada hibridación. El perfil se compara con el perfil de hibridación generado de una muestra de control normal, es decir, no cancerosa. Una alteración en la señal es indicativa de la presencia de, o propensión a
 55
 60
 65

desarrollar, cáncer en el sujeto.

Otras técnicas para medir la expresión génica de miR también están dentro de la experiencia de este campo, e incluyen diversas técnicas para medir las tasas de transcripción y degradación de ARN.

5 La presente divulgación también proporciona métodos para determinar el pronóstico de un sujeto con un cáncer sólido, que comprenden medir el nivel de al menos un producto génico de miR que está asociado con un pronóstico particular en un cáncer sólido (por ejemplo, un pronóstico bueno o positivo, un pronóstico malo a adverso), en una muestra de ensayo del sujeto. De acuerdo con estos métodos, una alteración del nivel de un producto génico de miR
10 que está asociado con un pronóstico particular en la muestra de ensayo, en comparación con el nivel de un producto génico de miR correspondiente en una muestra de control, es indicativa de que el sujeto tiene un cáncer sólido con un pronóstico particular. El producto génico de miR puede asociarse con un pronóstico adverso (es decir, negativo). Los ejemplos de un pronóstico adverso incluyen, pero sin limitación, baja tasa de supervivencia y rápida progresión de enfermedad. El nivel del al menos un producto génico de miR puede medirse por ARN de transcripción inversa a partir de una muestra de ensayo obtenida del sujeto para proporcionar un conjunto de oligodesoxinucleótidos diana, hibridando los oligodesoxinucleótidos diana con una microserie que comprende oligonucleótidos sonda específicos de miARN para proporcionar un perfil de hibridación para la muestra de ensayo, y comparando el perfil de hibridación de la muestra de ensayo con un perfil de hibridación generado a partir de una muestra de control.

20 Sin desear quedar ligado a ninguna teoría, se cree que las alteraciones en el nivel de uno o más productos génicos de miR en células pueden dar como resultado la desregulación de una o más dianas pretendidas para estos miR, lo que puede conducir a la formación de cánceres sólidos. Por lo tanto, la alteración del nivel del producto génico de miR (por ejemplo, reduciendo el nivel de un producto génico de miR que está regulado positivamente en células de cáncer sólido, aumentando el nivel de un producto génico de miR que está regulado negativamente en células de
25 cáncer sólido) puede tratar exitosamente el cáncer sólido.

En consecuencia, la presente divulgación abarca métodos para inhibir la tumorigénesis en un sujeto que tiene, o se sospecha que tiene, un cáncer sólido en el que al menos un producto génico de miR está desregulado (por ejemplo, regulado positivamente, regulado negativamente) en las células cancerosas del sujeto. Cuando el al menos un producto génico de miR aislado está regulado negativamente en las células cancerosas (por ejemplo, miR-145, miR-155, miR-218-2), el método comprende administrar una cantidad eficaz del al menos un producto génico de miR aislado o una variante aislada o fragmento biológicamente activo de los mismos, de modo que se inhiba la proliferación de células cancerosas en el sujeto. El producto génico de miR aislado que se administra puede no ser miR-15a o miR-16-1. Como alternativa, el producto génico de miR puede no ser miR 159-1 o miR-192. Como
30 alternativa, el producto génico de miR puede no ser miR-186, miR-101-1, miR-194, miR-215, miR-106b, miR-25, miR-93, miR-29b, miR-29a, miR-96, miR-182s, miR=182as, miR-183, miR-129-1, let-7a-1, let-7d, let-7f-1, miR-23b, miR-24-1, miR-27b, miR-32, miR-159-1, miR-192, miR-125b-1, let-7a-2, miR-100, miR-196-2, miR-148b, miR-190, miR-21, miR-301, miR-142s, miR-142as, miR-105-1 o miR-175. Como alternativa, el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-301, miR-142as, miR-142s, miR-194, miR-215 o miR-32. Como alternativa, el producto génico de miR puede no ser miR-148, miR-10a, miR-196-1, miR-152, miR-196-2, miR-148b, miR-10b, miR-129-1, miR-153-2, miR-202, miR-139, let-7a, let-7f o let-7d. Como alternativa, el producto génico de miR puede no ser miR-30, miR-15b, miR-16-2, miR-217, miR-205, miR-204, miR-103, miR-107, miR-9 y miR-137. Como alternativa, el producto génico de miR puede no ser miR-145, miR-21, miR-155, miR-10b, miR-125b-1, miR-125b-2, let7a-3, let-7d, miR-122a, miR-191, miR-206, miR-210, let-7i, miR-009-1 (miR131-1), miR-34 (miR-170), miR-102 (miR-29b), miR-123 (miR-126), miR-140-as, miR-125a, miR-194, miR-204, miR-213, let-7f-2, miR-101, miR-128b, miR-136, miR-143, miR-149, miR-191, miR-196-1, miR-196-2, miR-202, miR-103-1 o miR-30c. Como alternativa, el producto génico de miR puede no ser miR-21, miR-125b-1, let-7a-2, let-7i, miR-100, let-7g, miR-31, miR-32a-1, miR-33b, miR-34a-2, miR-101-1, miR-135-1, miR-142as, miR-142s, miR-144, miR-301, miR-29c, miR-30c, miR-106a o miR-29b-1.

50 Por ejemplo, cuando un producto génico de miR está regulado negativamente en una célula cancerosa en un sujeto, la administración de una cantidad eficaz de un producto génico de miR aislado al sujeto puede inhibir la proliferación de la célula cancerosa. El producto génico de miR aislado que se administra al sujeto puede ser idéntico al producto génico de miR natural endógeno (por ejemplo, un producto génico de miR mostrado en la Tabla 1a o Tabla 1b) que está regulado negativamente en la célula cancerosa o puede ser una variante o fragmento biológicamente activo del mismo. Como se define en la presente memoria una "variante" de un producto génico de miR se refiere a un miARN que tiene menos de 100 % de identidad con un producto génico de miR natural correspondiente y posee una o más actividades biológicas del producto génico de miR natural correspondiente. Los ejemplos de dichas actividades biológicas incluyen, pero sin limitación, inhibición de la expresión de la molécula de ARN diana (por ejemplo, inhibiendo la traducción de una molécula de ARN diana, modulando la estabilidad de una molécula de ARN diana, inhibiendo el procesamiento de una molécula de ARN diana) e inhibición de un proceso celular asociado con cáncer sólido (por ejemplo, diferenciación celular, crecimiento celular, muerte celular). Estas variantes incluyen variantes de especie y variantes que son la consecuencia de una o más mutaciones (por ejemplo, una sustitución, una delección, una inserción) en un gen de miR. La variante puede ser al menos aproximadamente 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 % o 99 % idéntica a un producto génico de miR natural correspondiente.

65

Como se define en la presente memoria, un “fragmento biológicamente activo” de un producto génico de miR se refiere a un fragmento de ARN de un producto génico de miR que posee una o más actividades biológicas de un producto génico de miR natural correspondiente. Como se ha descrito anteriormente, los ejemplos de dichas actividades biológicas incluyen, pero sin limitación, inhibición de la expresión de una molécula de ARN diana e inhibición de un proceso celular asociado con cáncer sólido. El fragmento biológicamente activo puede ser de al menos aproximadamente 5, 7, 10, 12, 15 o 17 nucleótidos de longitud. Un producto génico de miR aislado puede administrarse a un sujeto en combinación con uno o más tratamientos antineoplásicos adicionales. Los tratamientos antineoplásicos adecuados incluyen, pero sin limitación, quimioterapia, radioterapia y combinaciones de las mismas (por ejemplo, quimiorradiación).

Cuando el al menos un producto génico de miR aislado está regulado positivamente en las células cancerosas, el método comprende administrar al sujeto una cantidad eficaz de al menos un compuesto para inhibir la expresión del al menos un producto génico de miR, denominado en la presente memoria compuesto de inhibición de la expresión génica de miR, de modo que se inhiba la proliferación de células de cáncer sólido. El al menos un compuesto de inhibición de la expresión de miR es específico para un producto génico de miR seleccionado del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos. Un compuesto de inhibición de la expresión génica de miR puede administrarse a un sujeto en combinación con uno o más tratamientos antineoplásicos adicionales. Los tratamientos antineoplásicos adecuados incluyen, pero sin limitación, quimioterapia, radioterapia y combinaciones de los mismos (por ejemplo, quimiorradiación).

Los términos “tratar”, “tratando” y “tratamiento”, como se usan en la presente memoria, se refieren a aliviar síntomas asociados con una enfermedad o afección, por ejemplo, un cáncer sólido, incluyendo prevenir o retardar la aparición de los síntomas de la enfermedad, y/o reducir la gravedad o frecuencia de los síntomas de la enfermedad o afección. Se define que los términos “sujeto”, “paciente” e “individuo” en la presente memoria incluyen animales, tales como mamíferos, incluyendo, pero sin limitación, primates, vacas, ovejas, cabras, caballos, perros, gatos, conejos, cobayas, ratas, ratones u otras especies bovinas, ovinas, equinas, caninas, felinas, roedoras o murinas. Preferentemente el animal es un ser humano.

Como se usa en la presente memoria, una “cantidad eficaz” de un producto génico de miR aislado es una cantidad suficiente para inhibir la proliferación de una célula cancerosa en un sujeto que padece cáncer sólido. Un experto en la materia puede determinar fácilmente una cantidad eficaz de un producto génico de miR para administrar a un sujeto dado, teniendo en cuenta factores tales como la talla y peso del sujeto; el alcance de la penetración de la enfermedad; la edad, salud y sexo del sujeto; la vía de administración; y si la administración es regional o sistémica.

Por ejemplo, una cantidad eficaz de un producto génico de miR aislado puede basarse en el peso aproximado de una masa tumoral para tratar. El peso aproximado de una masa tumoral puede determinarse calculando el volumen aproximado de la masa, en la que un centímetro cúbico de volumen es aproximadamente equivalente a un gramo. Una cantidad eficaz del producto génico de miR aislado basándose en el peso de una masa tumoral puede estar en el intervalo de aproximadamente 10-500 microgramos/gramo de masa tumoral. La masa tumoral puede ser de al menos aproximadamente 10 microgramos/gramo de masa tumoral, al menos aproximadamente 60 microgramos/gramo de masa tumoral o al menos aproximadamente 100 microgramos/gramo de masa tumoral.

Una cantidad eficaz de un producto génico de miR aislado también puede basarse en el peso corporal aproximado o estimado de un sujeto para tratar. Preferentemente, dichas cantidades eficaces se administran por vía parenteral o por vía entérica, como se describe en la presente memoria. Por ejemplo, una cantidad eficaz del producto génico de miR aislado que se administra a un sujeto puede variar de aproximadamente 53.000 microgramos/kilogramo de peso corporal, de aproximadamente 700-1000 microgramos/kg de peso corporal o más de aproximadamente 1000 microgramos/kg de peso corporal.

Un experto en la materia también puede determinar fácilmente un régimen de dosificación apropiado para la administración de un producto génico de miR aislado a un sujeto dado. Por ejemplo, puede administrarse un producto génico de miR al sujeto una vez (por ejemplo, como una única inyección o deposición). Como alternativa, puede administrarse un producto génico de miR una vez o dos veces al día a un sujeto durante un periodo de aproximadamente tres a aproximadamente veintiocho días, más particularmente de aproximadamente siete a aproximadamente diez días. En un régimen de dosificación particular, se administra un producto génico de miR una vez al día durante siete días. Cuando un régimen de dosificación comprende múltiples administraciones, se entiende que la cantidad eficaz del producto génico de miR administrado al sujeto puede comprender la cantidad total de producto génico administrado durante el régimen de dosificación completo.

Como se usa en la presente memoria, un producto génico de miR “aislado” es uno que se sintetiza, o se altera o retira del estado natural mediante intervención humana. Por ejemplo, un producto génico de miR sintético, o un producto génico de miR parcial o completamente separado de los materiales coexistentes de su estado natural, se considera que está “aislado”. Un producto génico de miR aislado puede existir en forma sustancialmente purificada, o puede existir en una célula en la que se ha suministrado el producto génico de miR. Por lo tanto, un producto

génico de miR que se suministra deliberadamente a, o se expresa en, una célula se considera un producto génico de miR “aislado”. También se considera que un producto génico de miR producido dentro de una célula a partir de una molécula precursora de miR es una molécula “aislada”. Los productos génicos de miR aislados descritos en la presente memoria pueden usarse para la fabricación de un medicamento para tratar un cáncer sólido en un sujeto (por ejemplo, un ser humano).

Pueden obtenerse productos génicos de miR aislados usando varias técnicas convencionales. Por ejemplo, los productos génicos de miR pueden sintetizarse químicamente o producirse recombinantemente usando métodos conocidos en este campo. Los productos génicos de miR pueden sintetizarse químicamente usando fosforamiditas ribonucleosídicas protegidas apropiadamente y un sintetizador de ADN/ARN convencional. Los proveedores comerciales de moléculas de ARN sintéticas o reactivos de síntesis incluyen, por ejemplo, Proligo (Hamburgo, Alemania), Dharmacon Research (Lafayette, CO, Estados Unidos), Pierce Chemical (parte de Perbio Science, Rockford, IL, Estados Unidos), Glen Research (Sterling, VA, Estados Unidos), ChemGenes (Ashland, MA, Estados Unidos) y Cruachem (Glasgow, Reino Unido).

Como alternativa, los productos génicos de miR pueden expresarse a partir de plásmidos de ADN circulares o lineales recombinantes usando cualquier promotor adecuado. Los promotores adecuados para expresar ARN a partir de un plásmido incluyen, por ejemplo, las secuencias promotoras de pol III de ARN U6 o H1, o los promotores de citomegalovirus. La selección de otros promotores adecuados está dentro de la experiencia de la técnica. Los plásmidos recombinantes también pueden comprender promotores inducibles o regulables para expresión de los productos génicos de miR en células cancerosas.

Los productos génicos de miR que se expresan a partir de plásmidos recombinantes pueden aislarse de sistemas de expresión de células cultivadas por técnicas convencionales. Los productos génicos de miR que se expresan a partir de plásmidos recombinantes también pueden suministrarse a, y expresarse directamente en, las células cancerosas. El uso de plásmidos recombinantes para suministrar los productos génicos de miR a células cancerosas se analiza en más detalle posteriormente.

Los productos génicos de miR pueden expresarse a partir de un plásmido recombinante separado, o pueden expresarse a partir del mismo plásmido recombinante. Los productos génicos de miR pueden expresarse como moléculas precursoras de ARN a partir de un único plásmido, y las moléculas precursoras se procesan en el producto génico de miR funcional por un sistema de procesamiento adecuado, incluyendo, pero sin limitación, sistemas de procesamiento existentes dentro de una célula cancerosa. Otros sistemas de procesamiento adecuados incluyen, por ejemplo, el sistema de lisado celular de *Drosophila in vitro* (por ejemplo, como se describe en la Solicitud de Patente Publicada en Estados Unidos N 2002/0086356 de Tuschl *et al.*) y el sistema de RNAsa III de *E. coli* (por ejemplo, como se describe en la Solicitud de Patente Publicada de Estados Unidos N° 2004/0014113 de Yang *et al.*).

La selección de plásmidos adecuados para expresar los productos génicos de miR, métodos para insertar secuencias de ácido nucleico en el plásmido para expresar los productos génicos, y métodos para suministrar el plásmido recombinante a las células de interés están dentro de la experiencia de la técnica. Véase, por ejemplo, Zeng *et al.* (2002), *Molecular Cell* 9: 1327-1333; Tuschl (2002), *Nat. Biotechnol.* 20: 446-448; Brummelkamp *et al.* (2002), *Science* 296: 550-553; Miyagishi *et al.* (2002), *Nat. Biotechnol.* 20: 497-500; Paddison *et al.* (2002), *Genes Dev.* 16: 948-958; Lee *et al.* (2002), *Nat. Biotechnol.* 20: 500-505; y Paul *et al.* (2002), *Nat. Biotechnol.* 20: 505-508.

Un plásmido que expresa los productos génicos de miR puede comprender una secuencia que codifica un ARN precursor de miR bajo el control del promotor intermedio-temprano de CMV. Como se usa en la presente memoria, “bajo el control” de un promotor significa que las secuencias de ácido nucleico que codifican el producto génico de miR se localizan 3’ del promotor, de modo que el promotor puede iniciar la transcripción de las secuencias codificantes del producto génico de miR.

Los productos génicos de miR también pueden expresarse a partir de vectores virales recombinantes. Se contempla que los productos génicos de miR pueden expresarse a partir de dos vectores virales recombinantes separados, o del mismo vector viral. El ARN expresado a partir de dos vectores virales recombinantes puede aislarse de sistemas de expresión de células cultivadas por técnicas convencionales, o puede expresarse directamente en células cancerosas. El uso de vectores virales recombinantes para suministrar los productos génicos de miR a células cancerosas se analiza en más detalle posteriormente.

Los vectores virales recombinantes comprenden secuencias que codifican los productos génicos de miR y cualquier promotor adecuado para expresar las secuencias de ARN. Los promotores adecuados incluyen, pero sin limitación, las secuencias promotoras de pol III de ARN U6 o H1, o los promotores de citomegalovirus. La selección de otros promotores adecuados está dentro de la experiencia de la técnica. Los vectores virales recombinantes también pueden comprender promotores inducibles o regulables para la expresión de los productos génicos de miR en una célula cancerosa.

Puede usarse cualquier vector viral capaz de aceptar las secuencias codificantes para los productos génicos de miR; por ejemplo, vectores derivados de adenovirus (AV); virus adenoasociados (AAV); retrovirus (por ejemplo, lentivirus (LV), Rhabdovirus, virus de leucemia murina); virus del herpes y similares. El tropismo de los vectores virales pueden modificarse por seudotipación de los vectores con proteínas de envoltura u otros antígenos superficiales de otros virus, o sustituyendo diferentes proteínas de cápsida viral, según sea apropiado.

Por ejemplo, los vectores lentivirales pueden seudotiparse con proteínas de superficie de virus de estomatitis vesicular (VSV), rabia, Ébola, Mokola y similares. Pueden realizarse vectores de AAV para dirigirse a células diferentes modificando por ingeniería genética los vectores para expresar diferentes serotipos de proteínas de la cápsida. Por ejemplo, un vector de AAV que expresa una cápsida de serotipo 2 en un genoma de serotipo 2 se denomina AAV 2/2. Este gen de cápsida de serotipo 2 en el vector de AAV 2/2 puede reemplazarse por un gen de cápsida de serotipo 5 para producir un vector de AAV 2/5. Las técnicas para construir vectores de AAV que expresan diferentes serotipos de proteínas de la cápsida están dentro de la experiencia de la técnica; véase, por ejemplo, Rabinowitz, J. E., *et al.* (2002), *J. Virol.* 76: 791-801.

La selección de vectores virales recombinantes, métodos para insertar secuencias de ácido nucleico para expresar ARN en el vector, métodos para suministrar el vector viral a las células de interés y recuperación de los productos de ARN expresados están dentro de la experiencia de la técnica. Véase, por ejemplo, Domburg (1995), *Gene Therapy* 2: 301-310; Eglitis (1988), *Biotechniques* 6: 608-614; Miller (1990), *Hum. Gene Therapy* 1: 5-14; y Anderson (1998), *Nature* 392: 25-30.

Son vectores virales particularmente adecuados los derivados de AV y AAV. Se describen un vector de AV adecuado para expresar los productos génicos de miR, un método para construir el vector de AV recombinante y un método para suministrar el vector a células diana, en Xia *et al.* (2002), *Nat. Biotech.* 20: 1006-1010. Se describen vectores de AAV adecuados para expresar los productos génicos de miR, métodos para construir el vector de AAV recombinante y métodos para suministrar los vectores a células diana en Samulski *et al.* (1987), *J. Virol.* 61: 3096-3101; Fisher *et al.* (1996), *J. Virol.*, 70: 520-532; Samulski *et al.* (1989), *J. Virol.* 63: 3822-3826; Patente de Estados Unidos Nº 5.252.479; Patente de Estados Unidos Nº 5.139.941; Solicitud de Patente Internacional Nº WO 94/13788; y Solicitud de Patente Internacional Nº WO 93/24641. En una realización, los productos génicos de miR se expresan a partir de un único vector de AAV recombinante que comprende el promotor intermedio temprano de CMV.

Un vector viral de AAV recombinante puede comprender una secuencia de ácido nucleico que codifique un ARN precursor de miR en conexión operativa con una secuencia de terminación poliT bajo el control de un promotor de ARN U6 humano. Como se usa en la presente memoria, "en conexión operativa con una secuencia de terminación poliT" significa que las secuencias de ácido nucleico que codifican las cadenas con sentido o antisentido están inmediatamente adyacentes a la señal de terminación poliT en la dirección 5'. Durante la transcripción de las secuencias de miR del vector, las señales de terminación poliT actúan para terminar la transcripción.

Como alternativa, puede administrarse al sujeto una cantidad eficaz de al menos un compuesto que inhibe la expresión de miR. Como se usa en la presente memoria, "inhibir la expresión de miR" significa que la producción del precursor y/o la forma madura, activa del producto génico de miR después del tratamiento es menor que la cantidad producida antes del tratamiento. Un experto en la materia puede determinar fácilmente si se ha inhibido la expresión de miR en una célula cancerosa, usando, por ejemplo, las técnicas para determinar el nivel de transcrito de miR analizadas anteriormente para el método de diagnóstico. La inhibición puede producirse al nivel de la expresión génica (es decir, inhibiendo la transcripción de un gen de miR que codifica el producto génico de miR) o el nivel de procesamiento (por ejemplo, inhibiendo el procesamiento de un precursor de miR en un miR activo, maduro).

Como se usa en la presente memoria, una "cantidad eficaz" de un compuesto que inhibe la expresión de miR es una cantidad suficiente para inhibir la proliferación de una célula cancerosa en un sujeto que padece un cáncer (por ejemplo, un cáncer sólido). Un experto en la materia puede determinar fácilmente una cantidad eficaz de un compuesto de inhibición de la expresión de miR para administrar a un sujeto dado, teniendo en cuenta factores tales como la talla y el peso del sujeto; el alcance de la penetración de la enfermedad; la edad, salud y sexo del sujeto; la vía de administración; y si la administración es regional o sistémica.

Por ejemplo, una cantidad eficaz del compuesto de inhibición de la expresión puede basarse en el peso aproximado de una masa tumoral para tratar, como se describe en la presente memoria. Una cantidad eficaz de un compuesto que inhibe la expresión de miR también puede basarse en el peso corporal aproximado o estimado de un sujeto para tratar, como se describen en la presente memoria.

Un experto en la materia también puede determinar fácilmente un régimen de dosificación apropiado para administrar un compuesto que inhibe la expresión de miR a un sujeto dado.

Los compuesto adecuados para inhibir la expresión génica de miR incluyen ARN bicatenario (tal como ARN de interferencia corto o pequeño o "ARNip"), ácidos nucleicos antisentido y moléculas de ARN enzimático, tales como ribozimas. Cada uno de estos compuestos puede dirigirse a un producto génico de miR dado e interferir con la expresión (por ejemplo, inhibir la traducción, inducir la escisión o destrucción) del producto génico de miR diana.

Por ejemplo, la expresión de un gen de miR dado puede inhibirse induciendo la interferencia de ARN del gen de miR con una molécula de ARN bicatenario ("ARNbc") aislada que tiene al menos 90 %, por ejemplo al menos 95 %, al menos 98 %, al menos 99 % o 100 % de homología de secuencia con al menos una parte del producto génico de miR. La molécula de ARNbc puede ser un "ARN de interferencia corto o pequeño" o "ARNip".

5 El ARNip útil en los presentes métodos comprende ARN bicatenario corto de aproximadamente 17 nucleótidos a aproximadamente 29 nucleótidos de longitud, preferentemente de aproximadamente 19 a aproximadamente 25 nucleótidos de longitud. El ARNip comprende una cadena de ARN con sentido y una cadena de ARN antisentido complementaria hibridadas entre sí por interacción de formación de pares de bases de Watson-Crick convencionales (en lo sucesivo en la presente memoria "con formación de pares de bases"). La cadena con sentido comprende una secuencia de ácido nucleico que es sustancialmente idéntica a una secuencia de ácido nucleico contenida dentro del producto génico de miR diana.

15 Como se usa en la presente memoria, una secuencia de ácido nucleico en un ARNip que es "sustancialmente idéntico" a una secuencia diana contenida dentro del ARNm diana es una secuencia de ácido nucleico que es idéntica a la secuencia diana, o que difiere de la secuencia diana en uno o dos nucleótidos. Las cadenas con sentido y antisentido del ARNip pueden comprender dos moléculas de ARN monocatenarias, complementarias, o pueden comprender una única molécula en la que dos partes complementarias forman pares de bases y están ligadas covalentemente por un área de "horquilla" monocatenaria.

20 El ARNip también puede ser ARN alterado que difiere del ARN de origen natural por la adición, delección, sustitución y/o alteración de uno o más nucleótidos. Dichas alteraciones pueden incluir la adición de material no nucleotídico, tal como en el extremo o los extremos del ARNip o en uno o más nucleótidos internos del ARNip, o modificaciones que hacen al ARNip resistente a la digestión por nucleasa, o la sustitución de uno o más nucleótidos en el ARNip con desoxirribonucleótidos.

30 Una o ambas cadenas del ARNip también puede comprender un saliente 3'. Como se usa en la presente memoria, un "saliente 3'" se refiere a al menos un nucleótido no emparejado que se extiende desde el extremo 3' de una cadena de ARN bicatenaria. Por lo tanto, el ARNip puede comprender al menos un saliente 3' de 1 a aproximadamente 6 nucleótidos (que incluye ribonucleótidos o desoxirribonucleótidos) de longitud, de 1 a aproximadamente 5 nucleótidos de longitud, de 1 a aproximadamente 4 nucleótidos de longitud, o de aproximadamente 2 a aproximadamente 4 nucleótidos de longitud. El saliente 3' puede estar presente en ambas cadenas del ARNip, y es de 2 nucleótidos de longitud. Por ejemplo, cada cadena del ARNip puede comprender salientes 3' de ácido ditimidílico ("TT") o ácido diuridílico ("uu").

35 El ARNip puede producirse de forma química o biológica, o puede expresarse a partir de un plásmido recombinante o vector viral, como se ha descrito anteriormente para los productos génicos de miR aislados. Se describen métodos ejemplares para producir y ensayar moléculas de ARNbc o ARNip en la Solicitud de Patente Publicada de Estados Unidos Nº 2002/0173478 de Gewirtz y en la Solicitud de Patente Publicada de Estados Unidos Nº 2004/0018176 de Reich *et al.*

45 La expresión de un gen de miR dado también puede inhibirse por un ácido nucleico antisentido. Como se usa en la presente memoria, un "ácido nucleico antisentido" se refiere a una molécula de ácido nucleico que se une a ARN diana por medio de interacciones de ARN-ARN, ARN-ADN o ARN-ácido peptidonucleico, que alteran la actividad del ARN diana. Son ácidos nucleicos antisentido adecuados para su uso en los presentes métodos ácidos nucleicos monocatenarios (por ejemplo, ARN, ADN, quimeras de ARN-ADN, ácido peptidonucleico (PNA)) que generalmente comprenden una secuencia de ácido nucleico complementaria de una secuencia de ácido nucleico contigua en un producto génico de miR. El ácido nucleico antisentido puede comprender una secuencia de ácido nucleico que es 50-100 % complementaria, 75-100 % complementaria o 95-100 % complementaria de una secuencia de ácido nucleico contigua en un producto génico de miR. Se proporcionan secuencias de ácido nucleico para los productos génicos de miR en las Tablas 1a y 1b. Sin desear quedar ligado a ninguna teoría, se cree que los ácidos nucleicos antisentido activan RNasa H u otra nucleasa celular que digiere la doble cadena de producto génico de miR/ácido nucleico antisentido.

55 Los ácidos nucleicos antisentido también pueden contener modificaciones de la cadena principal de ácido nucleico o de los restos de azúcar y base (o su equivalente) para potenciar la especificidad diana, resistencia a nucleasa, suministro u otras propiedades relacionadas con la eficacia de la molécula. Dichas modificaciones incluyen restos de colesterol, intercaladores bicatenarios, tales como acridina, o uno o más grupos resistentes a nucleasa.

60 Pueden producirse ácidos nucleicos antisentido de forma química o biológica, o pueden expresarse a partir de un plásmido o vector viral recombinante, como se ha descrito anteriormente para los productos génicos de miR aislados. Están dentro de la experiencia de la técnica métodos ejemplares para producir y ensayar; véase, por ejemplo, Stein y Cheng (1993), *Science* 261: 1004 y Patente de Estados Unidos Nº 5.849.902 de Woolf *et al.*

65 La expresión de un gen de miR dado también puede inhibirse por un ácido nucleico enzimático. Como se usa en la presente memoria, un "ácido nucleico enzimático" se refiere a un ácido nucleico que comprende una región de unión

a sustrato que tiene complementariedad con una secuencia de ácido nucleico contigua de un producto génico de miR, y que es capaz de escindir específicamente el producto génico de miR. La región de unión al sustrato de ácido nucleico enzimático puede ser, por ejemplo, 50-100 % complementaria, 75-100 % complementaria o 95-100 % complementaria de una secuencia de ácido nucleico contigua en un producto génico de miR. Los ácidos nucleicos enzimáticos también pueden comprender modificaciones en los grupos de base, azúcar y/o fosfato. Un ácido nucleico enzimático ejemplar para su uso en los presentes métodos es una ribozima.

Los ácidos nucleicos enzimáticos pueden producirse de forma química o biológica, o pueden expresarse a partir de un plásmido o vector viral recombinante, como se ha descrito anteriormente para los productos génicos de miR aislados. Se describen métodos ejemplares para producir y ensayar moléculas de ARNbc o ARNip en Werner y Uhlenbeck (1995), Nucl. Acids Res. 23: 2092-96; Hammann *et al.* (1999), Antisense and Nucleic Acid Drug Dev. 9: 25-31; y Patente de Estados Unidos N° 4.987.071 de Cech *et al.*

La administración de al menos un producto génico de miR, o al menos un compuesto para inhibir la expresión de miR, inhibirá la proliferación de células cancerosas en un sujeto que tiene un cáncer sólido. Como se usa en la presente memoria, "inhibir la proliferación de una célula cancerosa" significa destruir la célula, o detener permanente o temporalmente o ralentizar el crecimiento de la célula. La inhibición de la proliferación de células cancerosas puede inferirse si el número de dichas células en el sujeto permanece constante o se reduce después de la administración de los productos génicos de miR o los compuestos de inhibición de la expresión del gen de miR. Una inhibición de la proliferación de células cancerosas puede también inferirse si el número absoluto de dichas células aumenta, pero la tasa de crecimiento tumoral disminuye.

El número de células cancerosas en el cuerpo de un sujeto puede determinarse por medición directa, o mediante estimación del tamaño de las masas tumorales primarias o metastásicas. Por ejemplo, el número de células cancerosas en un sujeto puede medirse por métodos inmunohistológicos, citometría de flujo, u otras técnicas diseñadas para detectar marcadores de superficie característicos de células cancerosas.

El tamaño de una masa tumoral puede determinarse por observación visual directa, o por métodos de formación de imágenes de diagnóstico, tales como rayos X, formación de imágenes por resonancia magnética, ultrasonidos y escintigrafía. Pueden emplearse métodos de formación de imágenes de diagnóstico usados para determinar el tamaño de la masa tumoral con o sin agentes de contraste, como se conoce en la técnica. El tamaño de una masa tumoral también puede determinarse por medios físicos, tales como palpación de la masa tisular o medición de la masa tisular con un instrumento de medición, tal como un calibrador.

Los productos génicos de miR o compuestos de inhibición de la expresión génica de miR pueden administrarse a un sujeto por cualquier medio adecuado para suministrar estos compuestos a células cancerosas del sujeto. Por ejemplo, los productos génicos de miR o compuestos de inhibición de la expresión de miR pueden administrarse por métodos adecuados para transfectar células del sujeto con estos compuestos, o con ácidos nucleicos que comprenden secuencias que codifican estos compuestos. Las células se transfectan con un vector plasmídico o viral que comprende secuencias que codifican al menos un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR.

Se conocen bien en la técnica métodos de transfección para células eucariotas e incluyen, por ejemplo, inyección directa del ácido nucleico en el núcleo o pronúcleo de una célula; electroporación; transferencia de liposomas o transferencia mediada por materiales lipófilos; suministro de ácidos nucleicos mediado por receptor, biobalística o aceleración de partículas; precipitación con fosfato cálcico y transfección mediada por vectores virales.

Por ejemplo, las células pueden transfectarse con un compuesto de transferencia liposómico, por ejemplo, DOTAP (N-[1-(2,3-dioleoiloxi)propil]-N,N,N-trimetil-amonio metilsulfato, Boehringer-Mannheim) o un equivalente, tal como LIPOFECTINA. La cantidad de ácido nucleico usada no es crítica; pueden conseguirse resultados aceptables con 0,1-100 microgramos de ácido nucleico/10⁵ células. Por ejemplo, puede usarse una relación de aproximadamente 0,5 microgramos de vector plasmídico en 3 microgramos de DOTAP por cada 10⁵ células.

También puede administrarse un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR a un sujeto por cualquier vía de administración entérica o parenteral adecuada. Las vías de administración entéricas adecuadas para los presentes métodos incluyen, por ejemplo, suministro oral, rectal o intranasal. Las vías de administración parenterales adecuadas incluyen, por ejemplo, administración intravascular (por ejemplo, inyección de embolada intravenosa, infusión intravenosa, inyección de embolada intraarterial, infusión intraarterial e instilación por catéter en la vasculatura); inyección peri e intratisular (por ejemplo, inyección peritumoral e intratumoral, inyección intrarretinal o inyección subretinal); inyección o deposición subcutánea, incluyendo infusión subcutánea (tal como por bombas osmóticas); aplicación directa al tejido de interés, por ejemplo por un catéter y otro dispositivo de colocación (por ejemplo, un gránulo retinal o un supositorio o un implante que comprenda un material poroso, no poroso o gelatinoso); e inhalación. Son vías de administración particularmente adecuadas inyección, infusión e inyección directa en el tumor.

En los presentes métodos, puede administrarse un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión de producto génico de miR al sujeto como ARN desnudo, en combinación con un reactivo de suministro, o como un ácido nucleico (por ejemplo, un plásmido recombinante o vector viral) que comprende secuencias que expresan el producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión del producto génico de miR. Los reactivos de suministro adecuados incluyen, por ejemplo, el reactivo lipófilo Mirus Transit TKO; lipofectina; lipofectamina; celfectina; policationes (por ejemplo, polilisina) y liposomas.

Se analizan en la presente memoria y/o se conocen bien en la técnica plásmidos recombinantes y vectores virales que comprenden secuencias que expresan los productos génicos de miR o compuestos de inhibición de la expresión génica de miR, y técnicas para suministrar dichos plásmidos y vectores a células cancerosas.

Se usan liposomas para suministrar un producto génico de miR o compuestos de inhibición de la expresión génica de miR (o ácidos nucleicos que comprenden secuencias que los codifican) a un sujeto. Los liposomas también pueden aumentar la semivida en sangre de los productos génicos o ácidos nucleicos. Pueden formarse liposomas adecuados a partir de lípidos formadores de vesículas convencionales, que generalmente incluyen fosfolípidos neutros o cargados negativamente y un esteroles, tal como colesterol. La selección de lípidos generalmente se guía por la consideración de factores, tales como el tamaño de liposoma deseado y la semivida de los liposomas en el torrente sanguíneo. Se conocen diversos métodos para preparar liposomas, por ejemplo, como se describe en Szoka *et al.* (1980), *Ann. Rev. Biophys. Bioeng.* 9: 467; y Patentes de Estados Unidos N° 4.235.871, 4.501.728, 4.837.028 y 5.019.369.

Los liposomas para su uso en los presentes métodos pueden comprender una molécula ligando que dirige el liposoma a células cancerosas. Se prefieren ligandos que se unan a receptores prevalentes en células cancerosas, tales como anticuerpos monoclonales que se unen a antígenos celulares tumorales.

Los liposomas para su uso en los presentes métodos también pueden modificarse para evitar la eliminación por el sistema de macrófagos mononucleares ("MMS") y el sistema reticuloendotelial ("RES"). Dichos liposomas modificados tienen restos de inhibición de la opsonización en la superficie o incorporados en la estructura del liposoma. Un liposoma puede comprender tanto un resto de inhibición de la opsonización como un ligando.

Los restos inhibidores de la opsonización para su uso en la preparación de los liposomas son normalmente polímeros hidrófilos grandes que se unen a la membrana del liposoma. Como se usa en la presente memoria, un resto inhibidor de opsonización está "unido" a una membrana del liposoma cuando está química o físicamente unido a la membrana, por ejemplo, por la intercalación de un anclaje soluble en lípidos en la membrana en sí misma, o por unión directamente con grupos activos de lípidos de membrana. Estos polímeros hidrófilos inhibidores de opsonización forman una capa superficial protectora que reduce significativamente la captación de los liposomas por el MMS y RES; por ejemplo, como se describe en la Patente de Estados Unidos N° 4.920.016.

Los restos inhibidores de opsonización adecuados para modificar liposomas son preferentemente polímeros solubles en agua con un peso molecular medio en número de aproximadamente 500 a aproximadamente 40.000 Dalton, y más preferentemente de aproximadamente 2.000 a aproximadamente 20.000 Dalton. Dichos polímeros incluyen derivados de polietilenglicol (PEG) o polipropilenglicol (PPG); por ejemplo, metoxi PEG o PPG y estearato de PEG o PPG; polímeros sintéticos, tales como poli(acrilamida) o poli(N-vinil pirrolidona); poliamidoaminas lineales, ramificadas o dendríméricas; ácidos poli(acrílicos); polialcoholes, por ejemplo, polivinilalcohol y polixilitol a los que se unen químicamente grupos carboxílicos o amino, así como gangliósidos, tales como gangliósido GM1. También son adecuados copolímeros de PEG, metoxi PEG o metoxi PPG o derivados de los mismos. Además, el polímero inhibidor de opsonización puede ser un copolímero en bloque de PEG y un poliamino ácido, polisacárido, poliamidoamina, polietilenamina o polinucleótido. Los polímeros inhibidores de opsonización también pueden ser polisacáridos naturales que contienen aminoácidos o ácidos carboxílicos, por ejemplo, ácido galacturónico, ácido glucurónico, ácido manurónico, ácido hialurónico, ácido péptico, ácido neuramínico, ácido algínico, carragenina; polisacáridos u oligosacáridos aminados (lineales o ramificados); o polisacáridos u oligosacáridos carboxilados, por ejemplo, que han reaccionado con derivados de ácidos carbónicos con enlace resultante de grupos carboxílicos. Preferentemente, el resto de inhibición de la opsonización es un PEG, PPG o un derivado de los mismos. Los liposomas modificados con PEG o derivados de PEG se denominan en ocasiones "liposomas PEGilados".

El resto inhibidor de la opsonización puede estar unido a la membrana del liposoma por una cualquiera de numerosas técnicas bien conocidas. Por ejemplo, un éster de N-hidroxisuccinimida de PEG puede estar unido a un anclaje soluble en lípidos de fosfatidiletanolamina, y después unido a una membrana. De forma similar, un polímero de dextrano puede derivatizarse con un anclaje soluble en lípidos de estearilamina mediante aminación reductora usando $\text{Na}(\text{CN})\text{BH}_3$ y una mezcla de disolvente, tal como tetrahidrofurano y agua en una relación 30:12 a 60 °C.

Los liposomas modificados con restos inhibidores de opsonización permanecen en la circulación durante mucho más tiempo que los liposomas no modificados. Por esta razón, dichos liposomas se denominan en ocasiones liposomas "sigilosos". Se sabe que los liposomas sigilosos se acumulan en tejidos alimentados por microvasculatura porosa o "filtrante". Por lo tanto, el tejido caracterizado por dichos defectos de microvasculatura, por ejemplo, tumores sólidos, acumularán eficazmente estos liposomas; véase Gabizon, *et al.* (1988), *Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A.*, 18: 6949-53.

Además, la captación reducida por el RES reduce la toxicidad de los liposomas sigilosos evitando la acumulación significativa de los liposomas en el hígado y el bazo. Por lo tanto, los liposomas que se modifican con restos inhibidores de la opsonización son particularmente adecuados para suministrar los productos génicos de miR o compuestos de inhibición de la expresión génica de miR (o ácidos nucleicos que comprenden secuencias que los codifican) a células tumorales.

Los productos génicos de miR o compuestos de inhibición de la expresión génica de miR pueden formularse como composiciones farmacéuticas, denominadas en ocasiones "medicamentos", antes de administrarlos a un sujeto, de acuerdo con técnicas conocidas en este campo. En consecuencia, la presente divulgación abarca composiciones farmacéuticas para tratar un cáncer sólido. La composición farmacéutica puede comprender al menos un producto génico de miR aislado, o una variante aislada o fragmento biológicamente activo del mismo, y un vehículo farmacéuticamente aceptable. El al menos un producto génico de miR puede corresponder a un producto génico de miR que tiene un nivel reducido de expresión en células de cáncer sólido en relación con células de control adecuadas, El producto génico de miR aislado puede seleccionarse del grupo que consiste en miR-145, miR-155, miR-218-2 o combinaciones de los mismos.

Las composiciones farmacéuticas pueden comprender al menos un compuesto de inhibición de la expresión de miR. El al menos un compuesto de inhibición de la expresión génica de miR puede ser específico para un gen de miR cuya expresión es mayor en células de cáncer sólido que en células de control. El compuesto de inhibición de la expresión génica de miR es específico para uno o más productos génicos de miR seleccionados del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a y combinaciones de los mismos.

Las composiciones farmacéuticas se caracterizan como al menos estériles y sin pirógenos. Como se usa en la presente memoria, las "composiciones farmacéuticas" incluyen formulaciones para uso humano y veterinario. Los métodos para preparar las composiciones farmacéuticas están dentro de la experiencia de la técnica, por ejemplo como se describe en Remington's Pharmaceutical Science, 17^a ed., Mack Publishing Company, Easton, Pa. (1985).

Las presentes composiciones farmacéuticas comprenden al menos un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR (o al menos un ácido nucleico que comprende secuencias que los codifican) (por ejemplo, de 0,1 a 90 % en peso), o una sal fisiológicamente aceptable de los mismos, mezclados con un vehículo farmacéuticamente aceptable. Las composiciones farmacéuticas pueden comprender adicionalmente uno o más agentes antineoplásicos (por ejemplo, agentes quimioterapéuticos). Las formulaciones farmacéuticas también pueden comprender al menos un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR (o al menos un ácido nucleico que comprende secuencias que los codifican), que están encapsulados por liposomas y un vehículos farmacéuticamente aceptable. La composición farmacéutica puede comprender un gen o producto génico de miR que no es miR-15 y/o miR-16.

Son vehículos farmacéuticamente aceptables especialmente adecuados agua, agua tamponada, solución salina normal, solución salina 0,4 %, glicina 0,3 %, ácido hialurónico y similares.

Las composiciones farmacéuticas pueden comprender al menos un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR (o al menos un ácido nucleico que comprende secuencias que los codifican) que es resistente a la degradación por nucleasas. Un experto en la materia puede sintetizar fácilmente ácidos nucleicos que son resistentes a nucleasa, por ejemplo, incorporando uno o más ribonucleótidos que se modifican en la posición 2' en el producto génico de miR. Los ribonucleótidos modificados 2' adecuados incluyen los modificados en la posición 2' con fluoro, amino, alquilo, alcoxi y O-alilo.

Las composiciones farmacéuticas pueden comprender también excipientes y/o aditivos farmacéuticos convencionales. Los excipientes farmacéuticos adecuados incluyen estabilizadores, antioxidantes, agentes de ajuste de la osmolalidad, tampones y agentes de ajuste de pH. Los aditivos adecuados incluyen, por ejemplo, tampones fisiológicamente biocompatibles (por ejemplo, clorhidrato de trometamina), adiciones de quelantes (tales como, por ejemplo, DTPA o DTPA-bisamida) o complejos de quelado de calcio (tales como, por ejemplo, DTPA de calcio, CaNaDTPA-bisamida) u, opcionalmente, adiciones de sales de calcio o sodio (por ejemplo cloruro cálcico, ascorbato cálcico, gluconato cálcico o lactato cálcico). Las composiciones farmacéuticas pueden envasarse para su uso en forma líquida, o pueden liofilizarse.

Para composiciones farmacéuticas sólidas, pueden usarse vehículos farmacéuticamente aceptables sólidos no tóxicos convencionales; por ejemplo, usos farmacéuticos de manitol, lactosa, almidón, estearato de magnesio, sacarina sódica, talco, celulosa, glucosa, sacarosa, carbonato de magnesio y similares.

Por ejemplo, una composición farmacéutica sólida para administración oral puede comprender cualquiera de los vehículos y excipientes enumerados anteriormente y 10-95 %, preferentemente 25 %-75 %, del al menos un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR (o al menos un ácido nucleico que comprende secuencias que los codifican). Una composición farmacéutica para administración por aerosol (de

inhalación) puede comprender 0,01-20 % en peso, preferentemente 1 %-10 % en peso, del al menos un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR (o al menos un ácido nucleico que comprende secuencias que los codifican) encapsulado en un liposoma como se ha descrito anteriormente, y un propulsor. También puede incluirse un vehículo según se desee; por ejemplo, lecitina para suministro intranasal.

5 Las composiciones farmacéuticas pueden comprender además uno o más agentes antineoplásicos. Las composiciones comprenden al menos un producto génico de miR o compuesto de inhibición de la expresión génica de miR (o al menos un ácido nucleico que comprende secuencias que los codifican) y al menos un agente quimioterapéutico. Los agentes quimioterapéuticos que son adecuados para los métodos desvelados en la presente memoria incluyen, pero sin limitación, agentes alquilantes de ADN, agentes antibióticos antitumorales, agentes antimetabólicos, agentes estabilizadores de tubulina, agentes desestabilizadores de tubulina, agentes antagonistas de hormonas, inhibidores de topoisomerasa, inhibidores de proteína quinasa, inhibidores de HMG-CoA, inhibidores de CDK, inhibidores de ciclina, inhibidores de caspasa, inhibidores de metaloproteína, ácidos nucleicos antisentido, ADN de triple hélice, aptámeros de ácidos nucleicos y agentes virales, bacterianos y exotóxicos modificados molecularmente. Los ejemplos de agentes adecuados para las composiciones incluyen, pero sin limitación, arabinósido de citidina, metotrexato, vincristina, etopósido (VP-16), doxorubicina (adriamicina), cisplatino (CDDP), dexametasona, arglabina, ciclofosfamida, sarcolisina, metilnitrosourea, fluorouracilo, 5-fluorouracilo (5FU), vinblastina, camptotecina, actinomicina-D, mitomicina C, peróxido de hidrógeno, oxaliplatino, irinotecán, topotecán, leucovorina, carmustina, estreptoizocina, CPT-11, taxol, tamoxifeno, dacarbacina, rituximab, daunorrubicina, 1-β-D-arabinofuranosilcitosina, imatinib, fludarabina, docetaxel, FOLFOX4.

También se desvelan métodos para identificar un inhibidor de tumorigénesis, que comprenden proporcionar un agente de ensayo a una célula y medir el nivel de al menos un producto génico de miR en la célula. El método comprende proporcionar un agente de ensayo a una célula y medir el nivel de al menos un producto génico de miR asociado con niveles de expresión reducidos en células cancerosas. Un aumento del nivel del producto génico de miR de la célula después de que se proporcione el agente, en relación con una célula de control adecuada (por ejemplo, no se proporciona agente), es indicativo de que el agente de ensayo es un inhibidor de tumorigénesis. Al menos un producto génico de miR asociado con los niveles de expresión reducidos en células cancerosas puede seleccionarse del grupo que consiste en miR-145, miR-155, miR-218-2 y combinaciones de los mismos.

30 Como alternativa, el método puede comprender proporcionar un agente de ensayo a una célula y medir el nivel de al menos un producto génico de miR asociado con niveles de expresión aumentados en células cancerosas. Una reducción del nivel del producto génico de miR en la célula después de que se proporcione el agente, en relación con una célula de control adecuada (por ejemplo, no se proporciona agente) es indicativa de que el agente de ensayo es un inhibidor de tumorigénesis. Al menos un producto génico de miR que puede estar asociado con niveles de expresión aumentados en células cancerosas se selecciona del grupo que consiste en miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-155, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-92-2, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a.

40 Los agentes adecuados incluyen, pero sin limitación fármacos (por ejemplo, moléculas pequeñas, péptidos) y macromoléculas biológicas (por ejemplo, proteínas, ácidos nucleicos). El agente puede producirse de forma recombinante, sintética o puede aislarse (es decir purificarse) de una fuente natural. Se conocen bien en la técnica diversos métodos para proporcionar dichos agentes a una célula (por ejemplo, transfección), y varios de dichos métodos se han descrito anteriormente en la presente memoria. También se conocen bien en la técnica métodos para detectar la expresión de al menos un producto génico de miR (por ejemplo, transferencia de Northern, hibridación *in situ*, RT-PCR, perfiles de expresión). Varios de estos métodos también se han descrito anteriormente en la presente memoria.

La invención se ilustrará ahora por los siguientes ejemplos no limitantes.

50 Ejemplificación

Los siguientes Materiales y Métodos se usaron en los Ejemplos:

55 Muestras

Se usaron un total de 540 muestras, incluyendo 363 muestras de tumores primarios y 177 tejidos normales, en este estudio (Tabla 2). Se representaron los siguientes cánceres sólidos: carcinoma de pulmón, carcinoma de mama, carcinoma de próstata, carcinoma de estómago, carcinoma de colon y tumores endocrinos pancreáticos. Todas las muestras se obtuvieron con el consentimiento informado de cada paciente y se confirmaron histológicamente. Las muestras normales se emparejaron con muestras de individuos aquejados de carcinoma de pulmón y estómago, y de individuos normales para el resto de los tejidos. Todas las muestras de mama normales se obtuvieron agrupando 5 tejidos normales no relacionados. El ARN total se aisló de tejidos usando reactivo TRIzol™ (Invitrogen), de acuerdo con las instrucciones de fabricante.

65

Microseries de microARN

Se realizó análisis de microseries como se ha descrito previamente (Liu, C.-G., *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 101: 11755-11760 (2004)). Brevemente, se usaron 5 µg de ARN total para la hibridación en microplacas de microseries de miARN. Estas microplacas contienen sondas oligonucleotídicas de 40 unidades específicas de gen, aplicadas puntualmente por tecnologías de contacto y unidas covalentemente a una matriz polimérica. Las microseries se hibridaron en SSPE 6x (NaCl 0,9 M/NaH₂PO₄ 60 mM · H₂O/EDTA 8 mM, pH 7,4)/formamida 30 % a 25 °C durante 18 h, se lavaron en TNT 0,75x (Tris-HCl/NaCl/Tween 20) a 37 °C durante 40 minutos, y se procesaron usando detección directa en los transcritos marcados con biotina por conjugado de estreptavidina-Alexa647 (Molecular Probes). Los portaobjetos procesados se exploraron usando un explorador de microseries (GenePix Pro, Axon), con el láser ajustado a 635 nm, a ajustes de PMT fijos y una resolución de exploración de 10 mm. Los datos se confirmaron por transferencia de Northern como se describe (Calin, G. A., *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 101: 11755-11760 (2004); Iorio, M. V., *et al.*, Cancer Res. 65: 7065-7070 (2005)).

Tabla 2. Muestras usadas en el estudio (tumores y normales correspondientes).

Tipo de tumor	Muestras de cáncer	Muestras Normales
Carcinoma de pulmón	123	123
Carcinoma de mama	79	6*
Carcinoma de colon	46	8
Carcinoma gástrico	20	21
Tumores pancreáticos endocrinos	39	12
Cáncer de próstata	56	7
Todos los tejidos (527)	363	177

* Grupos de 5 tejidos de mama normales no relacionados por muestra (para un total de 30 individuos no relacionados).

Análisis computacional

Se analizaron imágenes de microseries usando GenePix Pro (Axon). De los valores medios de los puntos repetidos de cada miARN se restó el fondo, se normalizaron y se sometieron a análisis adicional. Se realizó normalización usando un método de normalización de mediana por microplaca, usando la mediana de la serie como una referencia. Finalmente, se seleccionaron los miARN medidos como presentes en al menos la menor de las dos clases en un conjunto de datos. Las ausencias tuvieron un umbral de 4,5 antes del análisis estadístico. Este nivel es el nivel de intensidad mínimo medio detectado en los experimentos. La nomenclatura de microARN fue de acuerdo con el Buscador del Genoma (www.genome.ucsc.edu) y la base de datos de microARN en el Centro Sanger (Griffiths-Jones, S., Nucleic Acids Res 32: D109-11(2004)); en caso de discrepancias los inventores siguieron la base de datos de microARN. Se identificaron microARN expresados diferencialmente usando el procedimiento de ensayo de t dentro de análisis significativo de microseries (SAM) (Tusher, V. G., *et al.*, Proc Natl Acad Sci USA 98: 5116-21 (2001)). SAM calcula una puntuación para cada gen basándose en el cambio de la expresión en relación con la desviación típica de todas las mediciones. Dentro de SAM, se usó el ensayo de t. Los distintivos de microARN se determinaron aplicando el método de centroides hundidos más cercanos. Este método identifica un subgrupo de genes que caracteriza mejor cada cáncer sólido de su homólogo normal respectivo. Se calculó el error de predicción por medio de validación cruzada 10 veces, y para cada cáncer se obtuvo el distintivo de miR que daba como resultado el error mínimo de predicción. Se realizó un ensayo de nueva toma de muestras por análisis de permutación aleatoria para calcular el p valor del distintivo compartido.

*Ejemplo 1: Identificación de un distintivo de expresión de microARN en cánceres sólidos humanos**Estadística*

La comparación de cánceres combinados/tejido normal se realizó usando un número reducido de muestras de pulmón (80 muestras de cáncer y 40 normales), para equilibrar los diferentes tejidos numéricamente, produciendo un total de 404 muestras. Para análisis estadístico, se retuvieron 137 miR, cuyos valores de expresión estaban por encima de 256 (valor umbral) en al menos 50 % de las muestras, de las 228 que se midieron. Se usó un ensayo de T para identificar microARN expresados diferencialmente (Tabla 3). Los p valores del ensayo de T se corrigieron para múltiples procedimientos de ensayo y para controlar las tasas de error de Tipo I. Se obtuvieron p valores ajustados realizando una nueva toma de muestras con 500.000 permutaciones (Jung, S. H., *et al.* Biostatistics 6: 157-69 (2005)). Este análisis se realizó para evaluar los resultados usando el mismo método que Lu y colaboradores (Lu, J., *et al.*, Nature 435: 834-8(2005)).

Como una alternativa al ensayo de T, se usó análisis de significación de microseries (SAM) para identificar microARN expresados diferencialmente. Este procedimiento permite el control de la tasa de detección falsa (FDR). El delta se eligió para dar como resultado una FDR menor de o igual a 0,01. Después se identificaron los subconjuntos de microARN que daban como resultado la mejor clasificación tumoral, es decir, que predecían mejor las dos clases (cáncer y normal), usando el método de los centroides hundidos más cercanos, como se implementa

en PAM (análisis de predicción de microseries). Se calculó el error de predicción por medio de validación cruzada 10 veces. Los microARN se seleccionaron produciendo el error de clasificación equivocada mínimo después de validación cruzada.

5 Resultados

Por el ensayo de T, se obtuvieron 43 miR expresados diferencialmente con un p valor ajustado por debajo de 0,05 (Tabla 3). Se sobreexpresaron 26 miR y 17 se infraexpresaron en relación con tejidos normales correspondientes cuando los seis cánceres sólidos se agruparon entre sí (mama, colon, pulmón, páncreas, próstata, estómago). Estos resultados indicaron que el espectro de miARN expresados en cánceres sólidos es muy diferente del de células normales (43 de 137 miARN, 31 %). Usando SAM, se identificaron 49 miARN expresados diferencialmente, de los cuales 34 estaban regulados positivamente (Tabla 4). Usando PAM, se identificaron 36 miARN sobreexpresados en cáncer (indicado por puntuaciones de cáncer positivas) y 21 miR regulados negativamente (indicados por puntuaciones de cáncer negativas) como expresados diferencialmente (Tabla 5). Sin embargo, estos análisis no están adaptados para identificar alteraciones en la expresión de miR que da como resultado uniformemente transformación, debido a que la expresión de miR es muy específica de tejido (He, L., *et al.* Nature 435: 828-833 (2005); véase también FIG. 1 y FIG. 2).

El agrupamiento de miR basado en perfiles de expresión derivados de 363 muestras de cáncer sólido y 177 normales usando 228 miR se muestra en la FIGURA 1. El árbol, que muestra una muy buena separación entre los diferentes tejidos, se construyó usando 137 miARN diferentes que se expresaron en al menos 50 % de las muestras usadas en el estudio.

Tabla 3. miR regulados diferencialmente en 6 tipos de cáncer sólido frente a tejidos normales (estadística de ensayo de T)*.

miR	ID	Media de Cáncer	Media Normal	Estadística de ensayo	p sin procesar	p Aj
miR-21	Nº 47	11,538663	9,648338	7,861136	2,00E-06	2,00E-06
miR-141	Nº 137	9,024091	7,905398	6,238014	2,00E-06	2,00E-06
miR-212	Nº 208	13,540651	14,33617	-6,57942	2,00E-06	2,00E-06
miR-128a prec	Nº 113	12,32588	13,522675	-6,76388	2,00E-06	2,00E-06
miR-138-2	Nº 133	11,739557	13,144746	-7,01204	2,00E-06	2,00E-06
miR-218-2	Nº 221	11,279787	12,539366	-7,40557	2,00E-06	2,00E-06
miR-23b	Nº 51	14,169748	15,949736	-8,37744	2,00E-06	2,00E-06
miR-195	Nº 184	10,343991	9,172985	5,763262	2,00E-06	1,00E-05
miR-212 prec	Nº 209	12,68696	13,661761	-5,83132	4,00E-06	1,00E-05
miR-29b-2	Nº 95	11,27556	9,940731	5,660854	2,00E-06	1,40E-05
miR-199a-1	Nº 191	10,032008	8,920183	5,528849	2,00E-06	3,00E-05
miR-9-3	Nº 128	11,461922	12,570412	-5,43006	2,00E-06	4,60E-05
miR-128a	Nº 114	13,024235	13,856624	-5,35102	6,00E-06	7,30E-05
let-7a-1	Nº 1	12,616569	13,455246	-5,35346	2,00E-06	7,20E-05
let-7b	Nº 5	13,42636	14,063521	-5,17701	1,00E-05	0,000146
miR-16-2	Nº 39	10,460707	9,305895	5,048375	4,00E-06	0,000224
miR-199a-2	Nº 192	9,714225	8,759237	4,862553	1,00E-05	0,000494
miR-152 prec	Nº 151	11,388676	12,357529	-4,83716	2,00E-06	0,00053
miR-16-1	Nº 38	10,443169	9,338182	4,755258	1,00E-05	0,00071
miR-30d	Nº 72	13,982017	14,775206	-4,5707	1,20E-05	0,001476
miR-34a	Nº 78	10,675566	9,63769	4,467301	2,00E-05	0,00217
miR-17-5p	Nº 41	11,567344	10,281468	4,341834	3,80E-05	0,0034
miR-128b	Nº 115	10,930395	9,947746	4,304764	3,80E-05	0,003912
miR-20a	Nº 46	11,409852	10,19284	4,304678	3,20E-05	0,003912
miR-181b-1 prec	Nº 211	9,577504	8,804294	4,285968	4,80E-05	0,004126
miR-132	Nº 121	9,599947	8,775966	4,284737	5,60E-05	0,004126
miR-200b	Nº 195	9,475221	8,527243	4,221511	4,00E-05	0,0052
let-7a-3	Nº 4	10,436089	9,511546	4,08952	0,000104	0,008242
miR-138-1	Nº 432	8,299613	9,200253	-4,05204	5,60E-05	0,00931
miR-29e	Nº 65	11,291005	10,326912	4,019385	0,000144	0,010312
miR-29a	Nº 62	11,381359	10,461075	4,013697	0,00015	0,010398

ES 2 546 425 T3

miR-96	Nº 86	11,37218	12,136636	-3,94825	0,000138	0,012962
miR-191	Nº 177	13,498207	12,729872	3,817228	0,000158	0,02015
miR-27a	Nº 59	10,399338	9,548582	3,715048	0,000344	0,028096
let-7g	Nº 15	10,819688	10,01157	3,653239	0,000426	0,033874
miR-9-1	Nº 24	10,102819	9,212988	3,651886	0,000388	0,033874
miR-125a	Nº 107	10,960998	10,005312	3,651356	0,000452	0,033874
miR-95	Nº 84	9,435733	8,751331	3,59406	0,000478	0,039594
miR-155	Nº 157	12,505359	13,231221	-3,58369	0,000614	0,040394
miR-199b	Nº 194	9,755066	9,082751	3,55934	0,000588	0,04314
miR-24-2	Nº 54	12,611696	11,612557	3,518774	0,00087	0,048278
let-7c	Nº 11	12,497795	13,055093	-3,51589	0,00054	0,048354
miR-92-1	Nº 81	16,081074	16,592426	-3,50446	0,000928	0,49828

* - Cuarenta y tres miR tienen un p valor ajustado menor de 0,05. Veintiséis miR están sobreexpresados y 17 regulados negativamente en carcinomas de mama, colon, pulmón, páncreas, próstata, estómago.

Tabla 4. miR regulados diferencialmente en 6 tipos de cáncer sólido frente a tejidos normales (SAM, análisis de significación de microseries)*.

miR	ID	Valor d.	devtip	Valor p	Valor q	Factor de R
miR-21	Nº 47	3,156	0,24	0	0	2,593
miR-23b	Nº 51	-3,117	0,212	0	0	0,443
miR-138-2	Nº 133	-2,514	0,2	0	0	0,402
miR-218-2	Nº 221	-2,383	0,17	0	0	0,384
miR-29h-2	Nº 95	2,246	0,236	0	0	1,868
miR-128a prec	Nº 113	-2,235	0,177	0	0	0,368
miR-195	Nº 184	2,085	0,203	0	0	1,695
miR-141	Nº 137	2,08	0,179	0	0	2,459
miR-199a-1	Nº 191	1,987	0,201	0	0	1,945
miR-9-3	Nº 28	-1,97	0,204	0	0	0,433
miR-16-2	Nº 39	1,966	0,229	0	0	1,788
miR-17-5p	Nº 41	1,964	0,296	0	0	0,725
miR-20a	Nº 46	1,898	0,283	0	0	0,969
miR-16-1	Nº 38	1,87	0,232	0	0	1,447
miR-212 prec	Nº 209	-1,854	0,167	0	0	0,509
miR-34a	Nº 78	1,756	0,232	0	0	1,219
miR-152 prec	Nº 151	-1,734	0,2	0	0	0,46
miR-199a-2	Nº 192	1,721	0,196	0	0	1,838
miR-128b	Nº 115	1,674	0,238	0	0	1,266
miR-212	Nº 208	1,659	0,121	0	0	0,627
let-7a-1	Nº 1	-1,628	0,157	0	0	0,461
miR-200b	Nº 195	1,626	0,225	0	0	1,432
miR-128a	Nº 114	-1,619	0,156	0	0	0,511
miR-29c	Nº 65	1,611	0,24	0	0	1,225
let-7a-3	Nº 4	1,581	0,226	0	0	1,109
miR-29a	Nº 62	1,565	0,229	0	0	1,706
miR-24-2	Nº 54	1,555	0,284	0	0	0,831
miR-138-1	Nº 132	1,551	0,222	0	0	0,432
miR-125a	Nº 107	1,541	0,262	0	0	1,164
miR-106a	Nº 99	1,514	0,275	0	0	0,952
miR-132	Nº 121	1,496	0,192	0	0	2,158
miR-30d	Nº 72	-1,491	0,174	0	0	0,424
miR-9-1	Nº 24	1,478	0,244	0	0	0,763
miR-27a	Nº 59	1,448	0,229	0	0	1,174
miR-181b-1 prec	Nº 211	1,435	0,18	0	0	1,525

ES 2 546 425 T3

let-7g	Nº 15	1,394	0,221	0	0	1,072
miR-96	Nº 86	-1,384	0,194	0	0	0,519
miR-191	Nº 177	1,372	0,201	0	0	1,165
miR-93-1	Nº 83	1,363	0,266	0	0	0,775
miR-136	Nº 130	-1,355	0,267	0	0	0,364
miR-205	Nº 201	1,343	0,309	0	0	1,281
miR-185	Nº 170	1,287	0,222	0,001	0,001	0,609
miR-125b-1	Nº 109	1,262	0,283	0,001	0,001	1,215
miR-10a	Nº 30	1,252	0,327	0,001	0,001	1,643
miR-95	Nº 84	1,247	0,19	0,001	0,001	1,509
miR-199b	Nº 194	1,228	0,189	0,001	0,001	1,246
miR-10b	Nº 32	1,219	0,232	0,002	0,001	1,342
let-7i	Nº 10	1,216	0,203	0,002	0,001	1,026
miR-210	Nº 205	1,213	0,237	0,002	0,001	1,088

* -Treinta y cinco miR están sobreexpresados y 14 están regulados negativamente en carcinomas de mama, colon, pulmón, páncreas, próstata, estómago (Delta = 0,9, FDR=0,001).

Tabla 5. MicroARN seleccionados por PAM (análisis de predicción de microserie) en 6 tipos de cáncer sólido frente a tejidos normales

miR	ID	Puntuación de cáncer sólido	Puntuación de tejidos normales
miR-21	Nº 47	0,0801	-0,2643
miR-138-2	Nº 133	-0,055	0,1815
miR-218-2	Nº 221	-0,0535	0,1765
miR-23b	Nº 51	-0,0516	0,17
miR-128a prec	Nº 113	-0,0498	0,1642
miR-29b-2	Nº 95	0,0457	-0,1508
miR-195	Nº 184	0,0404	-0,1333
miR-17-5p	Nº 41	0,0383	-0,1263
miR-9-3	Nº 28	-0,0357	0,1176
miR-212 prec	Nº 209	-0,0342	0,1129
miR-20a	Nº 46	0,0322	-0,1061
miR-141	Nº 137	0,0322	-0,1061
miR-199a-1	Nº 191	0,0319	-0,1053
miR-16-2	Nº 39	0,0315	-0,1037
miR-152 prec	Nº 151	-0,0283	0,0933
miR-16-1	Nº 38	0,0277	-0,0913
miR-34a	Nº 78	0,0269	-0,0886
miR-212	Nº 208	-0,0265	0,0375
let-7a-1	Nº 1	-0,0264	0,0872
miR-128a	Nº 114	-0,0259	0,0855
miR-128b	Nº 115	0,0254	-0,0839
miR-24-2	Nº 54	0,0244	-0,0803
miR-29c	Nº 65	0,0224	-0,0738
miR-199a-2	Nº 192	0,0223	-0,0736
let-7a-3	Nº 4	0,0221	-0,073
miR-191	Nº 177	0,0188	-0,062
miR-125a	Nº 107	0,0186	-0,0613
miR-30d	Nº 72	-0,0185	0,061
miR-29a	Nº 62	0,0184	-0,0608
miR-106a	Nº 99	0,0177	-0,0584
miR-93-1	Nº 83	0,0163	-0,0537
miR-200b	Nº 195	0,0159	-0,0524
let-7g	Nº 15	0,0158	-0,0521
miR-27a	Nº 59	0,0157	-0,0518
miR-96	Nº 86	-0,0156	0,0514
let-7b	Nº 5	-0,0152	0,0501
miR-138-1	Nº 132	-0,0151	0,0499
miR-9-1	Nº 24	0,0136	-0,0448
miR-181b-1 prec	Nº 211	0,0134	-0,0442
miR-155	Nº 157	-0,0128	0,0423
miR-132	Nº 131	0,0127	-0,0418
miR-136	Nº 130	-0,0112	0,037

let-7i	Nº 10	0,0103	-0,034
miR-210	Nº 205	0,0074	-0,0245
miR-205	Nº 201	0,0073	-0,024
*. miR-185	Nº 170	0,0071	-0,0234
miR-24-1	Nº 52	0,007	-0,023
miR-199b	Nº 194	0,0064	-0,021
miR-135b-1	Nº 109	0,006	-0,0199
miR-206 prec	Nº 203	-0,005	0,0166
miR-10a	Nº 30	0,0045	-0,015
miR-95	Nº 84	0,0045	-0,0149
let-7c	Nº 11	-0,0039	0,013
miR-124a-3	Nº 106	-0,0028	0,0091
miR-10b	Nº 32	0,002	-0,0066
miR-185 prec	Nº 171	-0,0014	0,0047
miR-92-1	Nº 81	-2,00E-04	5,00E-04

* - $T=1.5$ y error de clasificación equivocada = 0,176. Treinta y seis miR sobreexpresados en cáncer están indicados por puntuaciones de cáncer positivas; 21 miR regulados negativamente están indicados por puntuaciones de cáncer negativas.

Ejemplo 2: Identificación de distintivos de expresión de microARN asociados con diversos cánceres sólidos humanos.

5 **Resultados**

Para identificar microARN que son pronóstico de estado de cáncer asociado con tumores sólidos, sin incurrir en una desviación debido a la especificidad de tejido, se usó un enfoque alternativo. En primer lugar, se obtuvieron seis distintivos específicos de tejido, uno para cada histotipo de cáncer, realizando ensayos de PAM independientes (resumidos en las Tablas 6 y 7). Se muestran distintivos específicos para cada cáncer en las Tablas 8-13: por ejemplo, mama-Tabla 8; colon-Tabla 9; pulmón-Tabla 10; páncreas-Tabla 11; próstata-Tabla 12; estómago-Tabla 13. Usando estos datos, se identificaron microARN desregulados que se compartían entre los distintivos de miARN de diferentes histotipos (Tabla 14). Para calcular los p valores para este análisis comparativo, se realizó un ensayo de nueva toma de muestras con 1.000.000 de permutaciones aleatorias sobre la identidad del miARN. El p valor se definió como la frecuencia relativa de puntuaciones de simulación que sobrepasaban la puntuación real. Se identificaron 21 microARN regulados erróneamente que eran comunes de al menos 3 tipos de cánceres sólidos (p valor = $2,5 \times 10^{-3}$) (Tabla 14).

Tabla 6. MicroARN usados para clasificar cánceres humanos y tejidos normales*.

Cáncer	miR regulados positivamente	miR regulados negativamente	Error de clasificación equivocada después de validación cruzada 10 veces
Mama	15	12	0,08
Colon	21	1	0,09
Pulmón	35	3	0,31
Páncreas	55	2	0,02
Próstata	39	6	0,11
Estómago	22	6	0,19

* - Se realizó normalización de la mediana y se usó el método de los centroides hundidos más cercanos para seleccionar miARN predictivos.

20

Tabla 7. microARN desregulados en cánceres comunes sólidos*.

Cáncer	Regulados positivamente por PAM	Regulados positivamente por SAM	Regulados negativamente por PAM	Regulados negativamente por SAM
Mama	15	3 (FDR=0,33)	12	47
Colon	21	42 (FDR<=0,06)	1	5
Pulmón	35	38 (FDR<=0,01)	3	3
Páncreas	55	50 (FDR<=0,01)	2	8
Estómago	22	22 (FDR=0,06)	6	4
Próstata	39	49 (FDR=0,06)	6	3

* - El análisis de predicción de microseries (PAM) identifica los genes que caracterizan mejor cánceres y tejidos normales, mientras que el análisis de significación de microseries (SAM) identifica los que tienen expresión diferencial en las dos clases. Las tasas de detección falsa (FDR) calculadas en SAM se indican entre paréntesis.

Tabla 8. MicroARN seleccionados por análisis de predicción de microserie (PAM) en cáncer de mama (cáncer frente a tejidos normales)*.

miR	Puntuación de cáncer	Puntuación normal
miR-21 (Nº 47)	0,0331	-0,4364
miR-29b-2 (Nº 95)	0,0263	-0,3467
miR-146 (Nº 144)	0,0182	-0,2391
miR-125b-2 (Nº 111)	-0,0174	0,2286
miR-125b-1 (Nº 109)	-0,0169	0,222
miR-10b (Nº 32)	-0,0164	0,2166
miR-145 (Nº 143)	-0,0158	0,2076
miR-181a (Nº 158)	0,0153	-0,201
miR-140 (Nº 136)	-0,0122	0,1613
miR-213 (Nº 160)	0,0116	-0,1527
miR-29a prec (Nº 63)	0,0109	-0,1441
miR-181b-1 (Nº 210)	0,0098	-0,1284
miR-199b (Nº 194)	0,0089	-0,1172
miR-29b-1 (Nº 64)	0,0084	-0,1111
miR-130a (Nº 120)	-0,0076	0,1001
miR-155 (Nº 157)	0,0072	-0,0951
let-7a-2 (Nº 3)	-0,0042	0,0554
miR-205 (Nº 201)	-0,004	0,0533
miR-29c (Nº 65)	0,0032	-0,0423
miR-224 (Nº 228)	-0,003	0,0399
miR-100 (Nº 91)	-0,0021	0,0283
miR-31 (Nº 73)	0,0017	-0,022
miR-30c (Nº 70)	-7,00E-04	0,009
miR-17-5p (Nº 41)	7,00E-04	-0,0089
miR-210 (Nº 205)	4,00E-04	-0,0057
miR-122a (Nº 101)	4,00E-04	-0,005
miR-16-2 (Nº 39)	-1,00E-04	0,0013

* 27 miR seleccionados, error de clasificación equivocada después de validación cruzada de 0,008. Diecisiete miR sobreexpresados en cáncer se indican por puntuaciones de cáncer positivas; 12 miR regulados negativamente se indican por puntuaciones de cáncer negativas.

Tabla 9. MicroARN seleccionados por análisis de predicción de microserie (PAM) en colon (cáncer frente a tejidos normales)*.

miR	Puntuación de cáncer	Puntuación normal
miR-24-1 (Nº 52)	0,0972	-0,5589
miR-29b-2 (Nº 95)	0,0669	-0,3845
miR-20a (Nº 46)	0,0596	-0,3424
miR-10a (Nº 30)	0,0511	-0,2938
miR-32 (Nº 75)	0,0401	-0,2306
miR-203 (Nº 197)	0,0391	-0,2251
miR-106a (Nº 99)	0,0364	-0,2094
miR-17-5p (Nº 41)	0,0349	-0,2005
miR-30c (Nº 70)	0,0328	-0,1888
miR-223 (Nº 227)	0,0302	-0,1736
miR-126* (Nº 102)	0,0199	-0,1144
miR-128b (Nº 115)	0,0177	-0,102
miR-21 (Nº 47)	0,0162	-0,0929
miR-24-2 (Nº 54)	0,0145	-0,0835
miR-99b prec (Nº 88)	0,0125	-0,0721
miR-155 (Nº 157)	0,0092	-0,0528
miR-213 (Nº 160)	0,0091	-0,0522
miR-150 (Nº 148)	0,0042	-0,0243
miR-107 (Nº 100)	0,003	-0,0173
miR-191 (Nº 177)	0,0028	-0,0159

5

miR-221 (Nº 224)	0,002	-0,0116
miR-9-3 (Nº 28)	-0,0014	0,0083

* 22 miR seleccionados, error de clasificación equivocada después de validación cruzada de 0,09. Veintiún miR sobreexpresados en cáncer se indican por puntuaciones de cáncer positivas; 1 miR regulado negativamente se indica por una puntuación de cáncer negativa

Tabla 10. MicroARN seleccionados por análisis de predicción de microserie (PAM) en cáncer de pulmón (cáncer frente a tejidos normales)*.

miR	Puntuación de cáncer	Puntuación normal
miR-21 (Nº 47)	0,175	-0,175
miR-205 (Nº 201)	0,1317	-0,1317
miR-200b (Nº 195)	0,1127	-0,1127
miR-9-1 (Nº 24)	0,1014	-0,1014
miR-210 (Nº 205)	0,0994	-0,0994
miR-148 (Nº 146)	0,0737	-0,0737
miR-141 (Nº 137)	0,0631	-0,0631
miR-132 (Nº 121)	0,0586	-0,0586
miR-215 (Nº 213)	0,0575	-0,0575
miR-128b (Nº 115)	0,0559	-0,0559
let-7g (Nº 15)	0,0557	-0,0557
miR-16-2 (Nº 39)	0,0547	-0,0547
miR-129-1/2 prec (Nº 118)	0,0515	-0,0515
miR-126* (Nº 102)	-0,0406	0,0406
miR-142-as (Nº 139)	0,0366	-0,0366
miR-30d (Nº 72)	-0,0313	0,0313
miR-30a-5p (Nº 66)	-0,0297	0,0297
miR-7-2 (Nº 21)	0,0273	-0,0273
miR-199a-1 (Nº 191)	0,0256	-0,0256
miR-127 (Nº 112)	0,0254	-0,0254
miR-34a prec (Nº 79)	0,0214	-0,0214
miR-34a (Nº 78)	0,0188	-0,0188
miR-136 (Nº 130)	0,0174	-0,0174
miR-202 (Nº 196)	0,0165	-0,0165
miR-196-2 (Nº 188)	0,0134	-0,0134
miR-199a-2 (Nº 192)	0,0126	-0,0126
let-7a-2 (Nº 3)	0,0109	-0,0109
miR-124a-1 (Nº 104)	0,0081	-0,0081
miR-149 (Nº 147)	0,0079	-0,0079
miR-17-5p (Nº 41)	0,0061	-0,0061
miR-196-1 prec (Nº 186)	0,0053	-0,0053
miR-10a (Nº 30)	0,0049	-0,0049
miR-99b prec (Nº 88)	0,0045	-0,0045
miR-196-1 (Nº 185)	0,0044	-0,0044
miR-199b (Nº 194)	0,0039	-0,0039
miR-191 (Nº 177)	0,0032	-0,0032
miR-195 (Nº 184)	7,00E-04	-7,00E-04
miR-155 (Nº 157)	7,00E-04	-7,00E-04

* 38 miR seleccionados, error de clasificación equivocada después de validación cruzada de 0,31. Treinta y cinco miR sobreexpresados en cáncer se indican por puntuaciones de cáncer positivas; 3 miR regulados negativamente se indican por una puntuaciones de cáncer negativas.

5 Tabla 11. MicroARN seleccionados por análisis de predicción de microserie (PAM) en cáncer pancreático (cáncer frente a tejidos normales)*.

miR	Puntuación de cáncer	Puntuación normal
miR-103-2 (Nº 96)	0,4746	-1,582
miR-103-1 (Nº 97)	0,4089	-1,3631
miR-24-2 (Nº 54)	0,4059	-1,3529
miR-107 (Nº 100)	0,3701	-1,2336
miR-100 (Nº 91)	0,3546	-1,182
miR-125b-2 (Nº 111)	0,3147	-1,0489
miR-125b-1 (Nº 109)	0,3071	-1,0237
miR-24-1 (Nº 52)	0,2846	-0,9488
miR-191 (Nº 177)	0,2661	-0,887
miR-23a (Nº 50)	0,2586	-0,8619
miR-26a-1 (Nº 56)	0,2081	-0,6937

miR-125a (Nº 107)	0,1932	-0,644
miR-130a (Nº 120)	0,1891	-0,6303
miR-26b (Nº 58)	0,1861	-0,6203
miR-145 (Nº 143)	0,1847	-0,6158
miR-221 (Nº 224)	0,177	-0,59
miR-126* (Nº 102)	0,1732	-0,5772
miR-16-2 (Nº 39)	0,1698	-0,5659
miR-146 (Nº 144)	0,1656	-0,552
miR-214 (Nº 212)	0,1642	-0,5472
miR-99b (Nº 89)	0,1636	-0,5454
miR-128b (Nº 115)	0,1536	-0,512
miR-155 (Nº 157)	-0,1529	0,5098
miR-29b-2 (Nº 95)	0,1487	-0,4956
miR-29a (Nº 62)	0,1454	-0,4848
miR-25 (Nº 55)	0,1432	-0,4775
miR-16-1 (Nº 38)	0,1424	-0,4746
miR-99a (Nº 90)	0,1374	-0,4581
miR-224 (Nº 228)	0,1365	-0,4549
miR-30d (Nº 72)	0,1301	-0,4336
miR-92-2 (Nº 82)	0,116	-0,3865
miR-199a-1 (Nº 191)	0,1158	-0,3861
miR-223 (Nº 227)	0,1141	-0,3803
miR-29c (Nº 65)	0,113	-0,3768
miR-30b (Nº 68)	0,1008	-0,3361
miR-129-1/2 (Nº 117)	0,1001	-0,3337
miR-197 (Nº 189)	0,0975	-0,325
miR-17-5p (Nº 41)	0,0955	-0,3185
miR-30c (Nº 70)	0,0948	-0,316
miR-7-1 (Nº 19)	0,0933	-0,311
miRs-93-1 (Nº 83)	0,0918	-0,3061
miR-140 (Nº 136)	0,0904	-0,3015
miR-30a-5p (Nº 66)	0,077	-0,2568
miRs-132 (Nº 121)	0,0654	-0,2179
miR-181b-1 (Nº 210)	0,0576	-0,1918
miR-152 prec (Nº 151)	-0,0477	0,1591
miR-23b (Nº 51)	0,0469	-0,1562
miR-20a (Nº 46)	0,0452	-0,1507
miRs-222 (Nº 225)	0,0416	-0,1385
miR-27a (Nº 59)	0,0405	-0,1351
miRs-92-1 (Nº 81)	0,0332	-0,1106
miRs-21 (Nº 47)	0,0288	-0,0959
miR-129-112 prec (Nº 118)	0,0282	-0,0939
miR-150 (Nº 148)	0,0173	-0,0578
miR-32 (Nº 75)	0,0167	-0,0558
miR-106a (Nº 99)	0,0142	-0,0473
miR-29b-1 (Nº 64)	0,0084	-0,028

* 57 miR seleccionados, error de clasificación equivocada después de validación cruzada de 0,02. Cincuenta y siete miR se sobreexpresan y 2 se regulan negativamente en cáncer (indicado por puntuaciones positivas y negativas, respectivamente).

Tabla 12. MicroARN seleccionados por análisis de predicción de microserie (PAM) en cáncer de próstata (cáncer frente a tejidos normales)*.

miR	Puntuación de cáncer	Puntuación normal
let-7d (Nº 8)	0,0528	-0,4227
miR-128a prec (Nº 113)	-0,0412	0,3298
miR-195 (Nº 184)	0,04	-0,3199
miR-203 (Nº 197)	0,0356	-0,2851
let-7a-2 prec (Nº 2)	-0,0313	0,2504
miR-34a (Nº 78)	0,0303	-0,2428
miR-20a (Nº 46)	0,029	-0,2319
miR-218-2 (Nº 221)	-0,0252	0,2018
miR-29a (Nº 62)	0,0247	-0,1978
miR-25 (Nº 55)	0,0233	-0,1861
miR-95 (Nº 84)	0,0233	-0,1861
miR-197 (Nº 189)	0,0198	-0,1587

miR-135-2 (Nº 128)	0,0198	-0,1582
miR-187 (Nº 173)	0,0192	-0,1535
miR-196-1 (Nº 185)	0,0176	-0,1411
miR-148 (Nº 146)	0,0175	-0,1401
miR-191 (Nº 177)	0,017	-0,136
miR-21 (Nº 47)	0,0169	-0,1351
let-7i (Nº 10)	0,0163	-0,1303
miR-198 (Nº 190)	0,0145	-0,1161
miR-199a-2 (Nº 192)	0,0136	-0,1088
miR-30c (Nº 70)	0,0133	-0,1062
miR-11-5p (Nº 41)	0,0132	-0,1053
miR-92-2 (Nº 82)	0,012	-0,0961
miR-146 (Nº 144)	0,0113	-0,0908
miR-181b-1 prec (Nº 211)	0,011	-0,0878
miR-32 (Nº 75)	0,0109	-0,0873
miR-206 (Nº 202)	0,0104	-0,083
miR-184 prec (Nº 169)	0,0096	-0,0764
miR-29a prec (Nº 63)	-0,0095	0,076
miR-29b-2 (Nº 95)	0,0092	-0,0739
miR-149 (Nº 147)	-0,0084	0,0676
miR-181b-1 (Nº 210)	0,0049	-0,0392
miR-196-1 prec (Nº 186)	0,0042	-0,0335
miR-93-1 (Nº 83)	0,0039	-0,0312
miR-223 (Nº 227)	0,0038	-0,0308
miR-16-1 (Nº 38)	0,0028	-0,0226
miR-101-1 prec (Nº 92)	0,0015	-0,0123
miR-124a-1 (Nº 104)	0,0015	-0,0119
miR-26a-1 (Nº 56)	0,0015	-0,0119
miR-214 (Nº 212)	0,0013	-0,0105
miR-27a (Nº 59)	0,0011	-0,0091
miR-24-1 (Nº 53)	-8,00E-04	0,0067
miR-106a (Nº 99)	7,00E-04	-0,0057
miR-199a-1 (Nº 191)	4,00E-04	-0,0029

* - T=1, 45 miR seleccionados, error de clasificación equivocada después de validación cruzada de 0,11. Treinta y nueve miR sobreexpresados en cáncer se indican por puntuaciones de cáncer positivas; 6 miR regulados negativamente se indican por puntuaciones de cáncer negativas.

Tabla 13. MicroARN seleccionados por análisis de predicción de microserie (PAM) en cáncer de estómago (cáncer frente a tejidos normales)*.

miR	Puntuación de cáncer	Puntuación normal
miR-223 (Nº 227)	0,1896	-0,1806
miR-21 (Nº 47)	0,1872	-0,1783
miR-218-2 (Nº 221)	-0,1552	0,1478
miR-103-2 (Nº 96)	0,1206	-0,1148
miR-92-2 (Nº 82)	0,1142	-0,1088
miR-25 (Nº 55)	0,1097	-0,1045
miR-136 (Nº 130)	-0,1097	0,1045
miR-191 (Nº 177)	0,0946	-0,0901
miR-221 (Nº 224)	0,0919	-0,0876
miR-125b-2 (Nº 111)	0,0913	-0,0869
miR-103-1 (Nº 97)	0,0837	-0,0797
miR-214 (Nº 212)	0,0749	-0,0713
miR-222 (Nº 225)	0,0749	-0,0713
miR-212 prec (Nº 209)	-0,054	0,0514
miR-125b-1 (Nº 109)	0,0528	-0,0503
miR-100 (Nº 91)	0,0526	-0,0501
miR-107 (Nº 100)	0,0388	-0,0369
miR-92-1 (Nº 81)	0,0369	-0,0351
miR-96 (Nº 86)	-0,0306	0,0291
miR-192 (Nº 178)	0,0236	-0,0224
miR-23a (Nº 50)	0,022	-0,021
miR-215 (Nº 213)	0,0204	-0,0194
miR-7-2 (Nº 21)	0,0189	-0,018
miR-138-2 (Nº 133)	-0,0185	0,0176

miR-24-1 (Nº 52)	0,0151	-0,0144
miR-99b (Nº 89)	0,0098	-0,0093
miR-33b (Nº 76)	-0,0049	0,0046
miR-24-2 (Nº 54)	0,0041	-0,0039

* - T=1, 28 miR seleccionados, error de clasificación equivocada después de validación cruzada de 0,19. Veintidós miR sobreexpresados en cáncer se indican por puntuaciones de cáncer positivas; 6 miR regulados negativamente se indican por puntuaciones de cáncer negativas.

Tabla 14. Los microARN compartidos por los distintivos de los 6 cánceres sólidos*.

miR	N	Tipo de Tumor
miR-21	6	Mama Colon Pulmón Páncreas Próstata Estómago
miR-17-5p	5	Mama Colon Pulmón Páncreas Próstata
miR-191	5	Colon Pulmón Páncreas Próstata Estómago
miR-29b-2	4	Mama Colon Páncreas Próstata
miR-223	4	Colon Páncreas Próstata Estómago
miR-128b	3	Colon Pulmón Páncreas
miR-199a-1	3	Pulmón Páncreas Próstata
miR-24-1	3	Colon Páncreas Estómago
miR-24-2	3	Colon Páncreas Estómago
miR-146	3	Mama Páncreas Próstata
miR-155	3	Mama Colon Pulmón
miR-181b-1	3	Mama Páncreas Próstata
miR-20a	3	Colon Páncreas Próstata
miR-107	3	Colon Páncreas Estómago
miR-32	3	Colon Páncreas Próstata
miR-92-2	3	Páncreas Próstata Estómago
miR-214	3	Páncreas Próstata Estómago
miR-30c	3	Colon Páncreas Próstata
miR-25	3	Páncreas Próstata Estómago
miR-221	3	Colon Páncreas Estómago
miR-106a	3	Colon Páncreas Próstata

* - La lista incluye 21 microARN regulados positivamente habitualmente en 3 o más (N) tipos de cánceres sólidos (p valor = $2,5 \times 10^{-3}$).

5 Para maximizar la concisión, se calcularon los niveles de expresión absolutos medios de los miR desregulados para los 6 pares de cáncer/normal. Usando el nivel de expresión de los miR en el subconjunto exhaustivo, los diferentes tejidos se clasificaron correctamente independientemente de su estado de enfermedad (FIGURA 3).

10 La FIGURA 4 muestra la expresión diferencial de los microARN comunes entre los diferentes tejidos tumorales, en relación con los tejidos normales. El árbol presenta los diferentes tipos de cáncer según el factor de cambio en el subconjunto de miARN. Los tejidos de próstata, colon, estómago y pancreático son más similares entre ellos, mientras que los tejidos de pulmón y de mama se representaron por un distintivo bastante diferente (FIGURA 4). Este árbol claramente muestra qué miARN están asociados con un histotipo de cáncer particular.

15 Sorprendentemente, miR-21, miR-191 y miR-17-5p están significativamente sobreexpresados en todos, o en 5 de 6, de los tipos tumorales que se consideraron. Se indicó que miR-21 estaba sobreexpresado en glioblastoma y que tenía propiedades antiapoptóticas (Chan, J. A., *et al.*, Cancer Res. 65: 6029-6033 (2005)). El cáncer de pulmón comparte una parte de su distintivo con el cáncer de mama y una parte con los otros tumores sólidos, incluyendo

miR-17/20/92, los tres de los cuales son miembros del grupo de microARN que coopera activamente con c-Myc para acelerar la linfomagénesis (He, L., *et al.*, Nature 435: 828-833 (2005)). La identificación de estos microARN como sobreexpresados es una excelente confirmación del enfoque de los inventores. Un segundo grupo de miARN que está activado incluye miR-210 y miR-213, junto con miR-155, que ya se había indicado que estaba amplificado en linfomas de células grandes (Eis, P. S., *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 102: 3627-3632 (2005)), niños con linfoma de Burkitt (Metzler, M., *et al.*, Genes Chromosomes Cancer 39: 167-169 (2004)) y diversos linfomas de linfocitos B (Kluiver, J., *et al.*, J. Pathol., publicado digitalmente en línea, 22 de julio de 2005). Estos microARN son los únicos regulados positivamente en cáncer de mama y pulmón. miR-218-2 está uniformemente regulado negativamente en cánceres de colon, estómago, próstata y páncreas, pero no en carcinomas de pulmón y mama.

Varias observaciones refuerzan estos resultados. En primer lugar, en el presente estudio, los niveles de expresión tanto del pre-miARN precursor como del miARN maduro se determinaron para la mayoría de los genes. Debe observarse que con la excepción de miR-212 y miR-128a, en todos los otros casos, la región expresada de forma anómala era la correspondiente al producto génico activo. En segundo lugar, como se muestra en la FIGURA 3, la variación de expresión de los miARN en el subconjunto exhaustivo era con frecuencia unívoca (concretamente regulación positiva o negativa) entre los diferentes tipos de cánceres, lo que sugiere un mecanismo común en la tumorigénesis humana. En tercer lugar, los datos de microseries se validaron por hibridación de solución para 12 muestras de mama (miR-125b, miR-145 y miR-21; Iorio, M. V., *et al.*, Cancer Res. 65: 7065-7070 (2005)) y 17 muestras normales y pancreáticas endocrinas (miR-103, miR-155 y miR-204; datos no mostrados), lo que confirma fuertemente la precisión de los datos de microseries.

Ejemplo 3: Identificación de dianas predichas para microARN que están desregulados en tumores sólidos.

Materiales y métodos:

Predicciones de diana de oncogén y supresor de tumores

Se usaron las predicciones de TargetScan más recientes (Abril de 2005) para identificar dianas de microARN potenciales. Estas incluyen esencialmente las dianas de UTR 3' indicadas por Lewis *et al.* (Lewis, B. P., *et al.*, Cell 120: 15-20 (2005)), con algunos cambios que surgen de las definiciones de límite génico actualizadas del mapeo del Buscador de Genoma de UCSC de Abril de 2005 de los ARNm RefSeq para el ensamblaje de genoma humano hg17. Entre las dianas potenciales, se especificaron genes de cáncer conocidos (supresores de tumores y oncogenes) de acuerdo con su identificación en el Censo Génico del Cáncer, al que puede accederse en el sitio de Internet www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/Census/, o como se indica por OMIM en www.ncbi.nlm.nih.gov.

Ensayos in vitro de diana

Para experimentos de indicador de luciferasa, se amplificaron segmentos UTR 3' de Rb1, TGFBR2 y Plag1 que se predice que interaccionarán con microARN asociados con cáncer específico por PCR a partir de ADN genómico humano y se insertaron en el vector de control pGL3 (Promega) usando el sitio XbaI inmediatamente cadena abajo del codón de terminación de la luciferasa. La línea celular megacariocítica humana, MEG-01, se cultivó en FBS 10 % en medio RPMI 1640, complementado con aminoácido no esencial 1x y 1 mmol de piruvato sódico a 37 °C en una atmósfera humidificada de CO₂ 5 %. Las células se cotransfectaron en placas de 12 pocillos usando siPORT neoFX (Ambion, Austin, TX), de acuerdo con el protocolo del fabricante, con 0,4 µg del vector indicador de luciferasa de luciérnaga y 0,08 µg del vector de control que contiene luciferasa de Renilla, pRL-TK (Promega). Para cada pocillo, se usaron oligonucleótidos de microARN (Dharmacon Research, Lafayette, CO) y oligonucleótidos antisentido o mezclados (Ambion) a una concentración de 10 nM. Las actividades de luciferasa de luciérnaga y Renilla se midieron consecutivas a las 24 horas después de la transfección usando ensayos de luciferasa dobles (Promega).

Transferencia de Western para RB1

Los niveles de proteína RB1 se cuantificaron usando un anticuerpo anti-RB1 monoclonal de ratón (Santa Cruz, CA) usando procedimientos convencionales para transferencia de Western. La normalización se realizó con anticuerpo anti Actina monoclonal de ratón (Sigma).

Resultados

Es necesario entender la importancia funcional de la desregulación del microARN en cáncer. En tumores sólidos, parece que el acontecimiento de microARN más habitual es la ganancia de expresión, mientras que la pérdida de expresión en cáncer es un acontecimiento más limitado, y más específico de tejido. Los inventores usaron un enfoque consecuente de tres etapas en el siguiente orden: en primer lugar, predicción informática de dianas, después ensayo de luciferasa para la primera validación de dianas relevantes para cáncer y, finalmente, correlación de tumor *ex vivo* entre la expresión del miARN (por microserie) y expresión de proteína diana (por transferencia de Western) para un par de interacción miARN:ARNm específico. Las dianas relevantes para miARN de cáncer podrían ser genes de cáncer recesivos (por ejemplo, supresores de tumores) o dominantes (por ejemplo, oncogenes). Para ensayar la hipótesis de que los microARN que se desregulan en tumores sólidos se dirigen a oncogenes o

supresores de tumores conocidos, las dianas predichas para estos miARN se determinaron usando Target-Scan, una base de datos de dianas de microARN de UTR 3' conservadas (Lewis, B. P., *et al.*, Cell 120: 15-20 (2005)). TargetScan contenía 5.121 predicciones para 18 miARN que están desregulados en tumores sólidos, en las 22.402 predicciones totales (26,5 %). Se predijeron ciento quince de 263 (44 %) genes de cáncer bien conocidos como dianas para estos 18 miARN (Tabla 15). Debido a que un alto porcentaje de genes de cáncer son dianas de miR que están desregulados en tumores sólidos, es poco probable que estas predicciones se deban a la casualidad (P<0,0001 en ensayo exacto de Fisher).

Las predicciones informáticas para tres genes de cáncer diferentes, Retinoblastoma (Rb), receptor de TGF-beta-2 (TGFB2) y gen de adenoma pleiomórfico 1 (PLAG1), se confirmaron experimentalmente por ensayos *in vitro*. Usando un ensayo de indicador de luciferasa, tres microARN ensayados (miR-106a, miR-20a y miR-26a-1) provocaron una reducción significativa de la traducción de proteínas en relación con los oligoARN de control mezclados en células MEG-01 transfectadas (FIGURA 6). Se descubrió, por ejemplo, que las UTR 3' de retinoblastoma interaccionaban funcionalmente con miR-106a. La importancia biológica de esta interacción miARN:ARNm se refuerza por informes previos que muestran que el gen de Rb1 se transcribe de forma normal en cánceres de colon, mientras que diversas fracciones de células no expresan proteína Rb1 (Ali, A.A., *et al.*, FASEB. J. 7: 931-937 (1993)). Este hallazgo sugiere la existencia de un mecanismo postranscripcional para regular Rb1 que podría explicarse por sobreexpresión de miR-106a conjunta en carcinoma de colon (FIGURA 4). Además, miR-20a está regulado negativamente en cáncer de mama (FIGURA 4) y la proteína TGFB2 se expresa en el epitelio de células de cáncer de mama (Buck, M. B., *et al.*, Clin. Cancer Res. 10: 491-498 (2004)). Por el contrario, la sobreexpresión de miR-20a en cáncer de colon puede representar un mecanismo nuevo para regular negativamente TGFB2, además de inactivación mutacional (Biswas, S., *et al.*, Cancer Res. 64: 687-692 (2004)).

Finalmente, se ensayó un conjunto de muestras de paciente para verificar si la expresión de la proteína RB1 se correlacionaba con la expresión de *miR-106a* (FIGURA 5 y FIGURA 6B). Como se esperaba, en muestras de tumor gástrico, de próstata y de pulmón RB1 estaba regulado negativamente (con respecto al normal emparejado) y se descubrió que *miR-106a* estaba sobreexpresado, mientras que en muestras de tumor de mama, donde *miR-106a* está ligeramente regulado negativamente (FIGURA 5 y FIGURA 6B), RB1 se expresa a niveles ligeramente mayores que en el control normal emparejado.

Estas pruebas experimentales refuerzan la hipótesis de que genes clave del cáncer están regulados por expresión aberrante en miR en cánceres sólidos. Estos datos añaden nuevos ejemplos a la lista de microARN con importantes dianas de genes de cáncer, como se ha mostrado previamente por Johnson *et al.* (Johnson, S. M., *et al.*, Cell 120: 635-647 (2005)) para la interacción let-7:Ras, O'Donnell, *et al.* (O'Donnell, K. A., *et al.*, Nature 435: 839-843 (2005)) para la interacción miR-17-5p:cMyc, y Cimmino *et al.* (Cimmino, A., *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 102: 13944-13949 (2005)) para la interacción miR-16:Bcl2. Notablemente, miR-17-5p y miR-16 son miembros del distintivo de cáncer sólido de miARN descrito en la presente memoria.

Tabla 15. Oncogenes y genes supresores de tumores predichos por TargetScanS como dianas de microARN del subconjunto de cáncer exhaustivo.*

Gen de miARN	Nombre del gen	Descripción del gen
miR-26a, miR-146	ABL2	homólogo de oncogén viral de leucemia murina de Abelson v-abl 2 (arg, gen relacionado con Abelson)
miR-107	AF5q31	gen fusionado con ALL1 de 5q31
miR-20, miR-125b	AKT3	homólogo de oncogén viral de timoma murino v-akt 3
miR-26a, miR-155 miR-125b	APC	poliposis adenomatosa de colon
miR-26a, miR-218	ARHGEF12	factor de intercambio de nucleótidos de guanina de RHO (GEF) 12 (LARG)
miR-107, miR-221	ARNT	translocador nuclear de receptores de hidrocarburos de arilo
miR-192	ATF1	factor de transcripción activador 1
miR-26a	ATM	ataxia telangiectasia mutada (incluye grupos de complementación A, C y D)
miR-24	AXL	tirosina quinasa receptora de AXL
miR-26a, miR-107, miR-146,	BCL11A	CLL de linfocitos B/linfoma 11A
miR-155 miR-138, miR-92	BCL11B	CLL de linfocitos B/linfoma 11B (CTIP2)
miR-20	BCL2	CLL de linfocitos B/linfoma 2
miR-21	BCL6	CLL de linfocitos B/linfoma 6 (proteína de dedo de cinc 51)
miR-26a, miR-26a miR-20,	BCL9	CLL de linfocitos B/linfoma 9
miR-92	BCL9	CLL de linfocitos B/linfoma 9
miR-26a, miR-223 miR-221,	CBFB	subunidad beta del factor de unión al núcleo
miR-125b		
miR-218	CCDC6	Dominio superenrollado que contiene 6 ciclinas D1 (PRAD1:adenomatosis paratiroidea 1)
miR-20	CCND1	

miR-26a, miR-20	CCND2	ciclina D2
miR-26a, miR-107, miR-9	CDK6	quinasa dependiente de ciclina 6
miR-20	CDKN1A	inhibidor de quinasa dependiente de ciclina 1A (p21, Cip1)
miR-221, miR-92	CDKN1C	inhibidor de quinasa dependiente de ciclina 1C (p57, Kip2)
miR-24	CDX2	factor de transcripción de caja homeótica de tipo caudal 2
miR-92	CEBPA	CCAAT/proteína de unión potenciadora (C/EBP), alfa
miR-26a	CLTC	clatrina, polipéptido pesado (Hc)
miR-218	COL1A1	colágeno, tipo I, alfa 1
miR-26a	CREBBP	proteína de unión a CREB (CBP)
miR-20	CRK	homólogo del oncogén CT10 del virus del sarcoma aviar v-crk
miR-20	CSF1	factor estimulante de colonias 1 (macrófagos)
miR-221, miR-192	DDX6	polipéptido 6 de la caja DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) (helicasa de ARN, 54 kD)
miR-138	DEK	oncogén DEK (unión a ADN)
miR-20	E2F1	factor de transcripción de E2F 1
miR-20	ELK3	ELK3, proteína de dominio ETS (proteína accesoria de SRF 2)
miR-24	ELL	gen de ELL (gen de leucemia rica en lisina 11-19)
miR-26a, miR-138	ERBB4	tipo homólogo de oncogén viral de leucemia eritroblástica aviar v-erb-a 4
miR-221, miR-155, miR-125b	ETS1	homólogo 1 del oncogén E26 de virus de eritroblastosis aviar v-ets
miR-20	ETV1	gen variante de ets 1
miR-125b	ETV6	gen variante de ets 6 (oncogén TEL)
miR-223	FAT	homólogo de supresor de tumores FAT (<i>Drosophila</i>)
miR-223, miR-125b, miR-218	FGFR2	receptor de factor de crecimiento de fibroblastos 2
miR-92	FLI1	integración de virus de leucemia de Friend 1
miR-24, miR-20	FLT1	tirosina quinasa 1 relacionada con fins (factor de crecimiento endotelial vascular/receptor de factor de permeabilidad vascular)
miR-221	FOS	homólogo del oncogén viral de osteosarcoma murino v-fos FBJ
miR-92	FOXG1B	G1B de caja forkhead
miR-223	FOXO3A	O3A de caja forkhead box
miR-125b	GOLGA5	autoantígeno de golgi, subfamilia a de golgina, 5 (PTC5)
miR-138	GPHN	gefirina (GPH)
miR-107, miR-223, miR-20, miR-218	HLF	factor de leucemia hepática
miR-26a, miR-107	HMGA1	gancho AT de grupo de alta movilidad 1
miR-20	HOXA13	A13 de caja homeótica
miR-92	HOXA9	A9 de caja homeótica
miR-125b	IRF4	factor regulador de interferón 4
miR-146, miR-20, miR-138	JAZF1	yuxtapuesto con otro gen de dedo de cinc 1
miR-92	JUN	homólogo del oncogén 17 del virus de sarcoma aviar v-jun
miR-155	KRAS	homólogo del oncogén viral de sarcoma de rata de Kirsten 2 v-Ki-ras 2
miR-218	CLASP1	proteína LIM y SH3 1
miR-218	LHFP	compañero de fusión de HMGIC de lipoma
miR-125b, miR-218	LIFR	receptor de factor inhibidor de leucemia
miR-223	LMO2	dominio de LIM solamente 2 (tipo rombotina 1) (RBTN2)
miR-223, miR-155, miR-125b, miR-92	MAF	homólogo del oncogén de fibrosarcoma musculoponeurótico (aviar) v-maf
miR-92	MAP2K4	proteína quinasa quinasa activada por mitógeno 4
miR-146, miR-20	MAP3K8	proteína quinasa quinasa activada por mitógeno 8
miR-125b	MAX	proteína MAX
miR-218	MCC	mutada en cánceres colorrectales
miR-24	MEN1	neoplasia endocrina múltiple I
miR-138	MLLT6	leucemia mieloide/linfoide o de linaje mixto (homólogo de trithorax, <i>Drosophila</i>) translocado a 6 (AF17)
miR-192	MSN	moesina
miR-24	MYB	homólogo del oncogén viral de mieloblastosis aviar v-myb
miR-107, miR-223, miR-146, miR-221, miR-155, miR-218	MYBL1	tipo homólogo de oncogén viral de mieloblastosis aviar v-myb 1

ES 2 546 425 T3

miR-107, miR-20	MYCN	derivado de neuroblastoma de oncogén relacionado con virus de mielocistomatosis aviar v-myc
miR-107, miR-92	MYH9	miosina, polipéptido pesado 9, no muscular
miR-24	MYST4	histona acetiltransferasa MYST (leucemia monocítica) 4 (MORF)
miR-20	NBL1	neuroblastoma, supresión de tumorigenicidad 1
miR-125b	NIN	nineína (proteína que interacciona con GSK3B)
miR-26a, miR-107	NKTR	secuencia de reconocimiento de tumor de citolítica natural
miR-92	NOTCH1	homólogo de Notch 1, asociado a translocación (<i>Drosophila</i>) (TAN1)
miR-24	NTRK3	tirosina quinasa neurotrófica, receptor, tipo 3
miR-125b	PCSK7	subtilisina de proproteína convertasa/quexina tipo 7
miR-24, miR-146	PER1	homólogo de periodo 1 (<i>Drosophila</i>)
miR-146, miR-125b, miR-138, miR-155	PHOX2B	homeocaja de tipo emparejado 2b
miR-24, miR-26a	PICALM	proteína de ensamblaje de clatrina de unión a fosfatidilinositol (CALM)
miR-24, miR-26a, miR-21, miR-107, miR-20, miR-155	PIM1	oncogén pim-1
miR-218	PLAG1	gen de adenoma pleiomórfico 1
miR-24, miR-221	RAB8A	RAB8A, miembro de la familia de oncogén RAS
miR-138	RALA	homólogo A del oncogén viral de leucemia de simio v-ral (relacionado con ras)
miR-20, miR-192	RARA	receptor de ácido retinoico, alfa
miR-20,	RB1	retinoblastoma 1 (incluyendo osteosarcoma)
miR-20	RBL1	tipo retinoblastoma 1 (p107)
miR-155, miR-138	RBL2	tipo retinoblastoma 2 (p130)
miR-20, miR-138	REL	homólogo de oncogén viral de reticuloendoteliosis aviar v-rel
miR-20, miR-192	RHOC	familia del gen homólogo de ras, miembro C
miR-107, miR-223	RUNX1	factor de transcripción relacionado con nunt 1 (AML1)
miR-146, miR-20, miR-125b	SEPT6	septina 6
miR-21, miR-20, miR-155, miR-218	SET	translocación de SET
miR-26a, miR-146	SKI	homólogo de oncogén viral de sarcoma aviar v-ski
miR-155	SMAD4	SMAD, homólogo 4 de madres contra DPP (<i>Drosophila</i>)
miR-125b	SPI1	oncogén de integración proviral de virus formador de focos de bazo (SFFV) spi1
miR-107, miR-155	SS18	translocación de sarcoma sinovial, cromosoma 18
miR-92	SUFU	supresor de homólogo fusionado (<i>Drosophila</i>)
miR-26a, miR-221, miR-138	TAF15	ARN polimerasa II TAF15, factor asociado a proteína de unión a caja TATA (TBP), 68 kDa
miR-21, miR-20	TCF12	factor de transcripción 12 (HTF4, factores de transcripción de hélice-bucle-hélice 4)
miR-24, miR-26a, miR-92	TGFBR2	factor de crecimiento transformante, receptor beta II (70-80 kD)
miR-138	TOP1	topoisomerasa (ADN) I
miR-120	TPM4	tropomiosina 4
miR-92	TRIP11	factor de interacción con el receptor de hormona tiroidea 11
miR-20	TSC1	esclerosis tuberosa 1
miR-20	TSG101	gen de susceptibilidad tumoral 101
miR-24	TUSC2	candidato supresor de tumores 2
miR-125b	VAV1	oncogén vav 1
miR-107	VAV2	oncogén vav 2
miR-138	WMSC1	candidato de síndrome de Wolf-Hirschhorn 1 (MMSET)
miR-26a	WHSC1L1	tipo candidato 1 de síndrome de Wolf-Hirschhorn 1 (NSD3)
miR-26a, miR-20, miR-125b	WNT5A	familia del sitio de integración de MNDTV de tipo wingless, miembro 5A
miR-107, miR-221	YES1	homólogo del oncogén viral de sarcoma de Yamaguchi 1 v-yes-1
	ZNF198	proteína de dedo de cinc 198

miR-218 ZNFN1A1 proteína de dedo de cinc, subfamilia 1A, 1 (Ikaros)

* - Los genes de cáncer conocidos (por ejemplo, supresores de tumores, oncogenes) comprenden los identificados en el Censo de Genes de Cáncer en www.sanger.ac.uk/genetics/CGP/Census o presentados por OMIM en www.ncbi.nlm.nih.gov.

Aunque la presente invención se ha mostrado particularmente y se ha descrito con referencia a realizaciones preferidas de la misma, se entenderá por los expertos en la materia que pueden realizarse diversos cambios en la forma y detalles de la misma sin alejarse de la invención abarcada por las reivindicaciones adjuntas.

5

LISTADO DE SECUENCIAS

10	<110> CROCE, CARLO M. CALIN, GEORGE A. VOLINIA, STEFANO	
	<120> MÉTODOS BASADOS EN MICRO ARN Y COMPOSICIONES PARA EL DIAGNÓSTICO Y TRATAMIENTO DE CÁNCERES SÓLIDOS	
15	<130> 1-28349	
	<140> 12/160.061 <141> 03-01-2008	
20	<150> PCT/US07/000159 <151> 03-01-2007	
	<150> 60/756.585 <151> 05-01-2006	
25	<160> 498	
	<170> PatentIn versión 3.5	
30	<210> 1 <211> 90 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 1	
	cacuguggga ugagguagua gguuguauag uuuuaggguc acaccaccca cugggagaua	60
	acuauacaau cuacugucuu uccuaacgug	90
40	<210> 2 <211> 72 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 2	
	agguugaggu aguagguugu auaguuuaga auuacaucac gggagauaac uguacagccu	60
	ccuagcuuuc cu	72
50	<210> 3 <211> 74 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 3	

	gggugaggua guagguugua uaguuuuggg cucugcccug cuaugggaua acuauacaau	60
	cuacugucuu uccu	74
5	<210> 4 <211> 107 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 4	
	gugacugcau gcucccaggu ugagguagua gguuguaug uuuaagaaua cacaagggag	60
10	auaacuguaac agccuccuag cuuuccuugg gucuugcacu aaacaac	107
15	<210> 5 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 5	
	ggcgggguga gguaguaggu ugugugguuu cagggcagug auguugcccc ucggaagaua	60
20	acuauacaac cuacugccuu cccug	85
25	<210> 6 <211> 84 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 6	
	gcauccgggu ugagguagua gguuguaugg uuuaagaua cacccuggga guuaacugua	60
	caaccuucua gcuuccuug gagc	84
30	<210> 7 <211> 87 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 7	
	ccuaggaaga gguaguaggu ugcuauguuu uagggcaggg auuuugccca caaggaggua	60
	acuauacgac cugcugccuu ucuuagg	87
40	<210> 8 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 8	
	cuaggaagag guaguaguuu gcauaguuu agggcaaaga uuuuugccac aaguaguug	60
	cuauacgacc ugcagccuuu uguag	85
50	<210> 9 <211> 85 <212> ARN	

ES 2 546 425 T3

	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 9		
	cuggcugagg uaguaguug ugcuguggu cggguuguga cauugcccg uguggagaua	60	
5	acugcgcaag cuacugccuu gcuag	85	
	<210> 10		
	<211> 79		
10	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 10		
	ccccggcuga gguaggaggu uguauaguug aggaggacac ccaaggagau cacuauacgg	60	
	ccuccuagcu uccccagg	79	
15	<210> 11		
	<211> 87		
	<212> ARN		
20	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 11		
	ucagagugag guaguagauu guauaguugu gggguaguga uuuuaccug uucaggagau	60	
	aacuauaca ucuauugccu ucccuga	87	
25	<210> 12		
	<211> 89		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 12		
	cugugggag agguaguaga uuguauagu uggggguagu gauuuacc ugucaggag	60	
	auaacuauac aaucuauugc cucccuga	89	
35	<210> 13		
	<211> 85		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 13		
	cugugggag agguaguaga uuguauagu uuagggucac acccaucuu ggagauaacu	60	
	auacagucua cugucuuucc cacgg	85	
45	<210> 14		
	<211> 108		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 14		

ES 2 546 425 T3

	uugccugauu ccaggcugag guaguaguuu guacaguuug agggucuaug auaccacccg	60
	guacaggaga uaacuguaca ggccacugcc uugccaggaa cagcgcgc	108
5	<210> 15 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 15	
	cuggcugagg uaguaguuuug ugcuguuggu cggguuguga cauugcccgc uguggagaua	60
10	acugcgcaag cuacugccuu gcuag	85
15	<210> 16 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 16	
	accuacucag aguacauacu ucuuuauqua cccauaugaa cauacaaugc uauggaauqu	60
20	aaagaaguau guauuuuugg uaggc	85
25	<210> 17 <211> 108 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 17	
	cagcuaacaa cuuaguaaua ccuacucaga guacauacuu cuuuauquac ccuauugaac	60
30	auacaauquc auuggaauqua aagaaguauq uauuuuuggu aggcaaua	108
35	<210> 18 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 18	
	gccugcuugg gaaacauacu ucuuuauaug cccauaugga ccugcuagc uauggaauqu	60
40	aaagaaguau guaucucagg ccggg	85
45	<210> 19 <211> 71 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 19	
	ugggaaacau acuucuuuau augcccauau ggaccugcua agcuauuggaa uguaaaagaag	60
	uauquaucuc a	71
	<210> 20 <211> 85	

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 20		
	accuacucag aguacauacu ucuuuaugua cccauaugaa cauacaaugc uauggaaugu	60	
	aaagaaguau guauuuuugg uaggc	85	
10	<210> 21 <211> 108 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 21		
	uggauguugg ccuaguucug uguggaagac uagugauuuu guuguuuuu gauaacuaaa	60	
15	ucgacaacaa aucacagucu gccauauggc acaggccaug ccucuaca	108	
20	<210> 22 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 22		
	uggauguug gccuaguucu guguggaaga cuagugauuu uguuguuuu agauaacuaa	60	
25	aucgacaaca aaucacaguc ugccaauugg cacaggccaug gccucuacag	110	
30	<210> 23 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 23		
	cuggauacag aguggaccgg cuggccccaug cuggaagacu agugauuuug uuguugucu	60	
	acugcgcuca acaacaauc ccagucuacc uaauggugcc agccaucgca	110	
35	<210> 24 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 24		
	agauuagagu ggcugugguc uagugcugug uggaagacua gugauuuugu uguucugaug	60	
	uacuacgaca acaagucaca gccggccuca uagcgcagac ucccuucgac	110	
45	<210> 25 <211> 89 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 25		

	cgggguuggu uguuauuuu gguuauuuu cuuauuuu gguuauuuu cuuauuuu	60
	cuagauaacc gaaaguaaa auaacccca	89
5	<210> 26 <211> 87 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 26	
	ggaagcgagu uguuauuuu gguuauuuu cuuauuuu gguuauuuu cuuauuuu	60
10	agauaaccga aaguaaaaac uccuua	87
15	<210> 27 <211> 90 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 27	
	ggaggcccgu uucucucuuu gguuauuuu cuuauuuu gguuauuuu cuuauuuu	60
20	cuagauaacc gaaaguagaa augauucua	90
25	<210> 28 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 28	
	gaucugucug ucuucugua auaccugua gaucggaauu uguguaagga auuuuguggu	60
30	cacaaauucg uauuagggg aauauguagu ugacauaac acuccgcucu	110
35	<210> 29 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 29	
	ccagagguug uacguuguc uauauuacc cuuauuuu gguuauuuu cuuauuuu	60
40	uagucacaga uucgauucua ggggaauua uggucgaugc aaaaacuua	110
45	<210> 30 <211> 108 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 30	
	gcgcgaauu guguuuuuu aaaaauaac cuuggaguaa aguagcagca cauaugguu	60
50	uguggauuuu gaaaggggc aggccauuu ggcugccuc aaaaauac	108
	<210> 31 <211> 83 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	

ES 2 546 425 T3

	<400> 31		
		ccuuggagua aaguagcagc acauaauggu uuguggauuu ugaaaaggug caggccauau	60
		ugugcugccu caaaaauaca agg	83
5	<210> 32 <211> 64 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
10	<400> 32		
		cuguagcagc acaucauggu uuacaugcua cagucaagau gcgaaucuu auuugcugcu	60
		cuag	64
15	<210> 33 <211> 98 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
20	<400> 33		
		uugaggccuu aaaguacugu agcagcacau caugguuuac augcuacagu caagaugcga	60
		aucuuuuuu gcugcucuag aaauuuuagg aaauucau	98
25	<210> 34 <211> 89 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 34		
		gucagcagug ccuuagcagc acguaaaau uggcguaaag auucuaaaa uaucuccagu	60
30		auuaacugug cugcugaagu aagguugac	89
35	<210> 35 <211> 81 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 35		
		guuccacucu agcagcacgu aaauauuggc guagugaaau auauuuuuu caccauuuu	60
40		acugugcugc uuuaguguga c	81
45	<210> 36 <211> 81 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 36		
		gcagugccuu agcagcacgu aaauauuggc guuaagauuc uaaaauuuuc uccaguauuu	60
		acugugcugc ugaaguaagg u	81
50	<210> 37		

ES 2 546 425 T3

	<211> 84 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 37		
	gucagaauaa ugucaaagug cuuacagugc agguagugau augugcaucu acugcaguga	60	
	aggcacuugu agcauuauagg ugac	84	
10	<210> 38 <211> 71 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 38		
	uguucuaagg ugcaucuagu gcagauagug aaguagauua gcaucuacug ccuaagugc	60	
	uccuucuggc a	71	
20	<210> 39 <211> 81 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 39		
	uuuuuguucu aaggugcauc uagugcagau agugaaguag auuagcaucu acugcccuaa	60	
25	gugcuccuuc uggcauaaga a	81	
30	<210> 40 <211> 82 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 40		
	gcaguccucu guuaguuug cauaguugca cuacaagaag aauguaguug ugcaaaucua	60	
	ugcaaaaacug augguggccu gc	82	
35	<210> 41 <211> 80 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 41		
	caguccucug uuaguuuugc auaguugcac uacaagaaga auguaguugu gcaaaucua	60	
	gcaaaaacuga ugguggccug	80	
45	<210> 42 <211> 87 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 42		

	cacuguucua	ugguuaguuu	ugcagguuug	cauccagcug	ugugauauuc	ugcugugcaa	60
	auccaugcaa	aacugacugu	gguagug				87
5	<210> 43	<211> 96	<212> ARN	<213> <i>Homo sapiens</i>			
	<400> 43						
	acaauugcuac	uuacaauuag	uuuugcaggu	uugcauuuca	gCGuauauau	guauaugugg	60
10	cugugcaaaau	ccaugcaaaa	cugauuguga	uaaugu			96
	<210> 44	<211> 80	<212> ARN	<213> <i>Homo sapiens</i>			
15	<400> 44						
	uucuaugguu	aguuuugcag	guuugcaucc	agcuguguga	uaucugcug	ugcaaaucca	60
	ugcaaaacug	acugugguag					80
20	<210> 45	<211> 81	<212> ARN	<213> <i>Homo sapiens</i>			
25	<400> 45						
	uuacaauuag	uuuugcaggu	uugcauuuca	gCGuauauau	guauaugugg	cugugcaaaau	60
	ccaugcaaaa	cugauuguga	u				81
30	<210> 46	<211> 71	<212> ARN	<213> <i>Homo sapiens</i>			
35	<400> 46						
	guagcacuaa	agugcuuaua	gugcagguag	uguuuaguua	ucuacugcau	uaugagcacu	60
	uaaaguacug	c					71
40	<210> 47	<211> 72	<212> ARN	<213> <i>Homo sapiens</i>			
	<400> 47						
	ugucggguag	cuuauacagac	ugauguugac	uguuugaaucu	cauggcaaca	ccagucgaug	60
45	ggcugucuga	ca					72
50	<210> 48	<211> 81	<212> ARN	<213> <i>Homo sapiens</i>			

ES 2 546 425 T3

	<400> 48		
		accuugucgg guagcuuau	60
		agacugaugu ugacuguuga	
		aucucauggc aacaccaguc	
		gaugggcugu cugacauuuu	81
5	<210> 49 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
10	<400> 49		
		ggcugagccg caguaguucu	60
		ucaguggcaa gcuuuauguc	
		cugacccagc uaaagcugcc	
		aguugaagaa cuguugcccu	85
		cugcc	
15	<210> 50 <211> 73 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
20	<400> 50		
		ggccggcugg gguuccuggg	60
		gaugggauuu gcuuccuguc	
		acaaucaca uugccaggga	
		uuuccaaccg acc	73
25	<210> 51 <211> 97 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 51		
		cucaggugcu cuggcugcuu	60
		ggguuccugg caugcugauu	
		ugugacuuaa gauuzaaac	
30		acauugccag ggauuaccac	97
		gcaaccacga ccuuggc	
35	<210> 52 <211> 81 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 52		
		ccacggccgg cugggguucc	60
		uggggauuggg auuugcuucc	
		ugucacaaau cacauugcca	
40		gggauuucca accgaccug	81
		a	
45	<210> 53 <211> 68 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 53		
		cuccggugcc uacugagcug	60
		auaucaguuc ucauuuaca	
		cacuggcuca guucagcagg	
		aacaggag	68

ES 2 546 425 T3

	<210> 54		
	<211> 73		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 54		
	cucugccucc cgugccuacu gagcugaaac acaguugguu uguguacacu ggcucaguuc	60	
	agcaggaaca ggg	73	
10	<210> 55		
	<211> 81		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 55		
	cccugggcuc ugccucccgu gccuacugag cugaaacaca guugguuugu guacacuggc	60	
	ucaguucagc aggaacaggg g	81	
	<210> 56		
	<211> 71		
20	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 56		
	cccuccggug ccuacugagc ugauaucagu ucucauuua cacacuggcu caguucagca	60	
25	ggaacagcau c	71	
	<210> 57		
	<211> 84		
30	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 57		
	ggccaguguu gagaggcggg gacuugggca auugcuggac gcugcccugg gcauugcacu	60	
	ugucucgguc ugacagugcc ggcc	84	
35	<210> 58		
	<211> 86		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 58		
	aggccguggc cucguucaag uauccagga uaggcugugc aggucccaau ggccuauuu	60	
	gguaacuugc acggggacgc gggccu	86	
45	<210> 59		
	<211> 77		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 59		

ES 2 546 425 T3

	guggccucgu ucaaguaauc caggauaggc ugugcagguc ccaaugggcc uauucuuggu	60
	uacuugcacg gggacgc	77
5	<210> 60 <211> 84 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 60	
	ggcugugggcu ggauucaagu aauccaggau aggcuguuuc caucugugag gccuauucuu	60
10	gauuacuugu uucuggaggc agcu	84
15	<210> 61 <211> 77 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 61	
	ccgggaccca guucaaguaa uucaggauag guugugugcu guccagccug uucuccauua	60
20	cuuggcucgg ggaccgg	77
25	<210> 62 <211> 78 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 62	
	cugaggagca gggcuuagcu gcuugugagc aggguccaca ccaagucgug uucacagugg	60
	cuaaguuccg cccccag	78
30	<210> 63 <211> 73 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 63	
	aggugcagag cuuagcugau uggugaacag ugauugguuu ccgcuuuguu cacaguggcu	60
	aaguucugca ccu	73
40	<210> 64 <211> 97 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 64	
	accucucuaa caaggugcag agcuuagcug auuggugaac agugauuggu uuccgcuuug	60
	uucacagugg cuaaguucug caccugaaga gaaggug	97
	<210> 65 <211> 80	

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 65		
5		ccugaggagc agggcuuagc ugcuuugugag caggguccac accaagucgu guucacagug	60
		gcuaaguucc gccccccagg	80
	<210> 66		
	<211> 86		
10	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 66		
		gguccuugcc cucaaggagc ucacagucua uugaguuacc uuucugacuu ucccacuaga	60
15		uugugagcuc cuggagggca ggcacu	86
	<210> 67		
	<211> 108		
	<212> ARN		
20	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 67		
		ccuucuguga ccccuuagag gaugacugau uucuuuuggu guucagaguc aaauaaauuu	60
		ucuagcacca ucugaaaucg guauuaauga uuggggaaga gcaccaug	108
25	<210> 68		
	<211> 64		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 68		
		augacugauu ucuuuuggug uucagaguca auauaaauuu cuagcaccau cugaaaucgg	60
		uuau	64
	<210> 69		
35	<211> 81		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 69		
40		cuucaggaag cugguuucan auggugguuu agauuuuuuu agugauuguc uagcaccauu	60
		ugaaaucagu guucuuuggg g	81
	<210> 70		
	<211> 81		
45	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 70		
		cuucuggaag cugguuucac auggugguuu agauuuuucc aucuuuguau cuagcaccau	60
50		uugaaaucag uguuuuagga g	81

ES 2 546 425 T3

<210> 71
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 71

accacuggcc caucucuuaac acagggcugac cgauuucucc ugguguucag agucuguuuu 60
ugucuagcac cauuugaaau cgguaaugau guagggggaa aagcagcagc 110
 10
 <210> 72
 <211> 71
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 15
 <400> 72

gcgacuguaa acauccucga cuggaagcug ugaagccaca gaugggcuuu cagucggaug 60
uuugcagcug c 71
 20
 <210> 73
 <211> 60
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25
 <400> 73
 auguaaacau ccuacacuca gcuguaauac auggauuggc ugggaggugg auguuuacgu 60
 30
 <210> 74
 <211> 88
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 <400> 74

accaaguuuu aguucaugua acauccuac acucagcugu aauacaugga uggcuggga 60
gguggauguu uacuucagcu gacuugga 88
 35
 <210> 75
 <211> 72
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 40
 <400> 75

agauacugua acauccuac acucucagcu guggaaagua agaaagcugg gagaaggcug 60
uuuacucuuu cu 72
 45
 <210> 76
 <211> 70
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 50
 <400> 76

guuguuguaa acauucccga cuggaagcug uaagacacag cuagcuuuc agucagaugu 60
uugcugcuac 70

ES 2 546 425 T3

	<210> 77		
	<211> 64		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 77		
	cuguaaacau ccuugacugg aagcuguaag guguucagag gagcuuucag ucggauguuu	60	
	acag	64	
10	<210> 78		
	<211> 71		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 78		
	ggagaggagg caaugcug gcaugcugu ugaacuggga accugcuug ccaacauuu	60	
	gccaucuuuc c	71	
20	<210> 79		
	<211> 70		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
25	<400> 79		
	ggagauuuug cacauuacua aguugcaugu ugucacggcc ucaaugcaau uuagugugug	60	
	ugauuuuuuc	70	
30	<210> 80		
	<211> 110		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 80		
	gggggcccag agaggcgggc ggccccggg ugcauugcug uugcauugca cgugugugag	60	
35	gcgggugcag ugccucggca gugcagccc gagccggccc cuggcaccac	110	
40	<210> 81		
	<211> 88		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 81		
	accaaguuuu aguucaugua acauccuac acucagcugu aaucaugga uuggcuggga	60	
	gguggauguu uacuucagcu gacuugga	88	
45	<210> 82		
	<211> 69		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 82		

	cugugggugca uuguaguugc auugcauguu cuggugguac ccaugcaaug uuuccacagu	60
	gcaucacag	69
5	<210> 83 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 83	
	ggccagcugu gaguguuucu uuggcagugu cuuagcuggu uguugugagc aauaguaagg	60
	aagcaaucag caaguauacu gcccuagaag ugcugcacgu uguggggcc	110
10	<210> 84 <211> 84 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
15	<400> 84	
	gugcucgguu uguaggcagu gucauuagcu gauuguacug uggugguuac aaucacuaac	60
	uccacugcca ucaaaacaag gcac	84
20	<210> 85 <211> 77 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 85	
	agucuaguua cuaggcagug uaguuagcug auugcuaaua guaccaauca cuaaccacac	60
	ggccagguaa aaagauu	77
30	<210> 86 <211> 82 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 86	
	ucagaauaau gucaaagugc uuacagugca gguagugaua uguugcaucua cugcagugaa	60
	ggcacuugua gcauuauggu ga	82
40	<210> 87 <211> 78 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 87	
	cuuucuacac agguugggau cgguugcaau gcuguguuuc uguaugguau ugcacuuguc	60
45	ccggccuguu gaguuugg	78
	<210> 88 <211> 75 <212> ARN	

ES 2 546 425 T3

	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 88		
	ucaucccugg guggggauuu guugcauuac uuguguucua uauaaaguau ugcacuuguc	60	
5	ccggccugug gaaga	75	
	<210> 89		
	<211> 80		
	<212> ARN		
10	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 89		
	cugggggcuc caaagugcug uucgugcagg uagugugauu acccaaccua cugcugagcu	60	
	agcacuuccc gagccccgg	80	
15	<210> 90		
	<211> 81		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
20	<400> 90		
	aacacagugg gcacucaaua aaugucuguu gaaaugaaau gcguuacauu caacggguau	60	
	uuauugagca cccacucugu g	81	
25	<210> 91		
	<211> 78		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 91		
	uggccgauuu uggcacuagc acauuuuugc uugugucucu ccgcucugag caaucaugug	60	
	cagugccaau augggaaa	78	
35	<210> 92		
	<211> 80		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 92		
	gugagcgacu guaaacaucc ucgacuggaa gcugugaagc cacagauggg cuuucagucg	60	
	gauguuugca gcugccuacu	80	
45	<210> 93		
	<211> 80		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 93		

	gugagguagu aaguuguauu guuguggggu agggauauua ggcccgaauu agaagauaac	60
	uauacaacuu acuacuucc	80
5	<210> 94 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 94	
	ggcaccacc cguagaaccg accuugcggg gccuucgccg cacacaagcu cgugucugug	60
10	gguccguguc	70
15	<210> 95 <211> 81 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 95	
	cccauuggca uaaaccgga gauccgaucu uguggugaag uggaccgcac aagcucgcuu	60
20	cuaugggucu gugucagugu g	81
25	<210> 96 <211> 108 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 96	
	aagagagaag auauugaggc cuguugccac aaaccggaug auccgaacuu gugguauuag	60
	uccgcacaag cuuguaucua uagguaugug ucuguuaggc aaucucac	108
30	<210> 97 <211> 80 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 97	
	ccuguugcca caaaccgga gauccgaacu ugugguauua guccgcacaa gcuuguaucu	60
	auagguaugu gucuguuagg	80
40	<210> 98 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 98	
	aggcugcccu ggcucaguuu ucacagugcu gaugcugucu auucuaaagg uacaguacug	60
	ugauaacuga aggauggcag ccaucuuacc uuccaucaga ggagccucac	110
50	<210> 99 <211> 57 <212> ARN	

ES 2 546 425 T3

	<213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 99	
5	ucaguuauca cagugcugau gcuguccauu cuaaagguac aguacuguga uaacuga	57
	<210> 100	
	<211> 75	
	<212> ARN	
10	<213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 100	
	ugcccuggcu caguauacac agugcugaug cugucuauc uaaagguaca guacugugau	60
	aacugaagga uggca	75
15	<210> 101	
	<211> 79	
	<212> ARN	
	<213> <i>Homo sapiens</i>	
20	<400> 101	
	acuguccuuu uucgguauc augguaccga ugcuguaau cugaaaggua caguacugug	60
	auaacugaag aaugguggu	79
25	<210> 102	
	<211> 75	
	<212> ARN	
	<213> <i>Homo sapiens</i>	
30	<400> 102	
	uguccuuuuu cgguaucac gguaccgaug cuguaauacu gaaagguaca guacugugau	60
	aacugaagaa uggug	75
35	<210> 103	
	<211> 81	
	<212> ARN	
	<213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 103	
	cuucuggaag cugguuucac augguggcuu agauuuuucc aucuuuguau cuagcaccuu	60
40	uugaaaucag uguuuuagga g	81
45	<210> 104	
	<211> 81	
	<212> ARN	
	<213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 104	
	cuucagggaag cugguuucac augguggruu agauuuuuuu agugauuguc uagcaccuu	60
50	ugaaaucagu guucuuuggg g	81

ES 2 546 425 T3

	<210> 105		
	<211> 78		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 105		
	uugugcuuuc agcuucuuua cagugcugcc uuguagcauu caggucaagc aacauuguac	60	
	agggcuauga aagaacca	78	
10	<210> 106		
	<211> 78		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 106		
	uacugcccuc ggcuuuuua cagugcugcc uuguugcaua uggaucaagc agcauuguac	60	
	agggcuauga aggcauug	78	
20	<210> 107		
	<211> 78		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
25	<400> 107		
	aaaugucaga cagcccucg acugguguug ccaugagauu caacagucaa caucagucug	60	
	auaagcuacc cgacaagg	78	
30	<210> 108		
	<211> 81		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 108		
	ugugcaucgu ggucaaaugc ucagacuccu gugguggcug cucaugcacc acggauguuu	60	
35	gagcaugugc uacggugucu a	81	
40	<210> 109		
	<211> 81		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 109		
	ugugcaucgu ggucaaaugc ucagacuccu gugguggcug cuuauugcacc acggauguuu	60	
45	gagcaugugc uauugugucu a	81	
50	<210> 110		
	<211> 81		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 110		

	ccuuggccau guaaaagugc uuacagugca gguagcuuuu ugagaucuac ugcaauguaa	60
	gcacuucuua cauuaccaug g	81
5	<210> 111 <211> 82 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 111	
	ccugccgggg cuaaagugcu gacagugcag auaguggucc ucuccgugcu accgcacugu	60
10	ggguacuugc ugcuccagca gg	82
15	<210> 112 <211> 81 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 112	
	cucucugcuu ucagcuucu uacaguguug ccuuguggca uggaguucua gcagcauugu	60
20	acagggcuau caaagcacag a	81
25	<210> 113 <211> 90 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 113	
	acacugcaag aacaauaagg auuuuagggc gcauuangac ugagucagaa aacacagcug	60
30	ccccugaaag ucccucuuuu uucuuugcugu	90
35	<210> 114 <211> 80 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 114	
	acugcaagag caauaaggau uuuuaggggc auuauagauag uggaauggaa acacaucugc	60
40	ccccaaaagu cccucuuuu	80
45	<210> 115 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 115	
	ccuuagcaga gcuguggagu gugacaugg uguuuguguc uaaacuauc aacgccauua	60
	ucacacuaaa uagcuacugc uaggc	85
	<210> 116 <211> 66	

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 116	agcuguggag ugugacaauug guguuugugu ccaaacuauu aaacgccauu aucacacuaa	60
		auagcu	66
10	<210> 117 <211> 61 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 117	acauuauuac uuuugguacg cgcugugaca cuucaaacuc guaccgugag uauaaugcg	60
15		c	61
20	<210> 118 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 118	aggccucucu cuccguguuc acagcggacc uugauuuaaa uguccauaca auuaaggcac	60
25		gcggugaaug ccaagaaugg ggcug	85
30	<210> 119 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 119	aucaagauua gaggcucugc ucuccguguu cacagcggac cuugauuuua ugucuuuaca	60
		uuuaggcacg cggugaaugc caagagcggga gccuacggcu gcacuugaag	110
35	<210> 120 <211> 87 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 120	ugagggcccc ucugcguguu cacagcggac cuugauuuua ugucuuuaca auuaaggcac	60
		gcggugaaug ccaagagagg cgcucc	87
45	<210> 121 <211> 68 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 121		

	cucugcgugu ucacagcggg ccuugauuuu augucuauac aauuaaggca .cgcgugaau	60
	gccaagag	68
5	<210> 122 <211> 67 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 122	
	cucuccgugu ucacagcggg ccuugauuuu augucauaca auaaaggcac gcggugaau	60
10	ccaagag	67
15	<210> 123 <211> 86 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 123	
	ugccagucuc uaggucccug agaccuuua accugugagg acauccaggg ucacagguga	60
20	gguuuuuggg agccuggcgu cuggcc	86
25	<210> 124 <211> 65 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 124	
	ggucccugag acccuuaac cugugaggac auccaggguc acaggugagg uucuugggag	60
30	ccugg	65
35	<210> 125 <211> 88 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 125	
	ugcgcuccuc ucagucccug agaccuaac uugugauguu uaccguuaa auccacgggu	60
40	uaggcucuug ggagcugcga gucgugcu	88
45	<210> 126 <211> 89 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 126	
	accagacuuu uccuaguccc ugagaccua acuugugagg uauuuuagua acaucacaag	60
50	ucaggcucu ugggaccuagg cggagggga	89
	<210> 127 <211> 85 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	

ES 2 546 425 T3

	<400> 127		
		cgcgggcgac gggacauuau uacuuuuggu acgcgcugug acacucaaa cucguaccgu	60
		gaguaaauau gcgccgucca cggca	85
5	<210> 128 <211> 61 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 128		
10		acaauuuuac uuuugguacg cgcugugaca cuucaaacuc guaccgugag uauuazugcg	60
		c	61
15	<210> 129 <211> 97 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 129		
		ugugaucacu gucuccagcc ugcugaagcu cagagggcuc uguuucagaa agaucaucgg	60
20		auccgucuga gcuuggcugg ucggaagucu caucauc	97
25	<210> 130 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 130		
		ccagccugcu gaagcucaga gggcucugau ucagaaagau caucggaucc gucugagcuu	60
30		ggcuggucgg	70
35	<210> 131 <211> 82 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 131		
		ugagcuguug gauucggggc cguagcacug ucugagaggu uuacauuucu cacagugaac	60
		cggucucuuu uucagcugcu uc	82
40	<210> 132 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
45	<400> 132		
		gccccggcagc cacugugcag ugggaagggg ggccgauaca cuguaccgaga gugaguagca	60
		ggucucacag ugaaccgguc ucuuucccua cugugucaca cuccuaaugg	110
50	<210> 133 <211> 70		

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 133	guuggauucg gggccguagc acugucugag agguuuacau uucucacagu gaaccggucu	60
		cuuuuucagc	70
10	<210> 134 <211> 74 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 134	uggaucuuuu ugcggucugg gcuugcuguu ccucucaaca guagucagga agcccuuacc	60
15		ccaaaaagua ucua	74
20	<210> 135 <211> 90 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 135	ugcccuucgc gaaucuuuuu gcgguucuggg cuugcuguac auaacucaau agccggaagc	60
25		ccuuacccca aaaagcauuu gcgagggcg	90
30	<210> 136 <211> 89 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 136	ugcugcuggc cagagcucuu uucacauugu gcuacugucu gcaccuguca cuagcagugc	60
35		aauguuaaaa gggcauuggc cguguagug	89
40	<210> 137 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 137	gccaggaggc gggguugguu guuaucuuug guuaucuaagc uguaugagug guguggaguc	60
45		uucauaaagc uagauaacgg aaaguazaaa uaaccccaua cacugcgag	110
50	<210> 138 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 138	cacggcgcgg cagcggcacu ggcuaaggga ggcccguuuc ucucuugggu uaucuagcug	60
		uauaguggcc acagagccgu cauaaaagcua gauaaccgaa aguagaaaug	110

ES 2 546 425 T3

	<210> 139		
	<211> 72		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 139		
	guuguuauucu uugguuauucu agcuguauuga guguaauuggu cuucauaaag cuagauaacc	60	
	gaaaguaaaaa ac	72	
10	<210> 140		
	<211> 101		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 140		
	ccgccccccgc gucuccaggg caaccguggc uuucgauugu uacuguggga acuggaggua	60	
	acagucuaca gccauggucg cccccgagca cggcccacgcg c	101	
20	<210> 141		
	<211> 66		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
25	<400> 141		
	gggcaaccgu ggcuuucgau uguuacugug ggaacuggag guaacagucu acagccaugg	60	
	ucgccc	66	
30	<210> 142		
	<211> 88		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
35	<400> 142		
	acaaugcuuu gcuagagcug guaaaaugga accaaaucgc cucuucuaug gauuuggucc	60	
	ccuucaccca gcuguagcua ugcauuga	88	
40	<210> 143		
	<211> 102		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
45	<400> 143		
	gggagccaaa ugcuuugcua gagcugguaa aauggaacca aaucgacugu ccaauggauu	60	
	ugguccccuu caaccagcug uagcugugca uugauggcgc cg	102	
50	<210> 144		
	<211> 68		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 144		

	gcuagagcug guaaaaugga accaaaucgc cucuucaaug gauuuggucc ccuucacca	60
	gcuguagc	68
5	<210> 145 <211> 119 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 145	
	ccucagaaga aagaugcccc cugcucuggc uggucaaacg gaaccaaguc cgucuuuccug	60
	agagguuugg ucccuucaa ccagcuacag cagggcuggc aaugcccagu ccuuggaga	119
10	<210> 146 <211> 80 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
15	<400> 146	
	gccccugcu cuggcugguc aaacggaacc aaguccgucu uccugagagg uuuggucucc	60
	uucaaccagc uacagcaggg	80
20	<210> 147 <211> 73 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 147	
	cagggugugu gacugguuga ccagaggggc augcacugug uccaccugug gggccaccua	60
	gucaccaacc cuc	73
30	<210> 148 <211> 71 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 148	
	agggugugug acugguugac cagaggggca ugcacugugu ucaccugug gggccaccuag	60
	ucaccaaccc u	71
40	<210> 149 <211> 90 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 149	
	aggccucgcu guucucuauug gcuuuuuuuu ccuaugugau ucuacugcuc acucauauag	60
45	ggauuggagc cguggcgcac ggcgggggaca	90
	<210> 150 <211> 100 <212> ARN	

ES 2 546 425 T3

	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 150		
	agauaaauuc acucuagugc uuuauggcuu uuuaauccua ugugauagua auaaagucuc	60	
5	auguagggau ggaagccaug aaauacaauug ugaaaaauca	100	
	<210> 151		
	<211> 60		
10	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 151		
	cuauggcuuu uuauuccuau gugauucucac ugcucacuca uauagggauu ggagccgugg	60	
15	<210> 152		
	<211> 97		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
20	<400> 152		
	cacucugcug uggccuaugg cuuuucauuc cuaugugauu gcugucccaa acucauguag	60	
	ggcuaaaagc caugggcuaac agugaggggc gagcucc	97	
	<210> 153		
25	<211> 82		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 153		
30	ugagcccucg gaggacucca uuuguuuuga ugauggauuc uuauugcucca ucaucgucuc	60	
	aaugagucuu ucagaggguu cu	82	
	<210> 154		
35	<211> 62		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 154		
	gaggacucca uuuguuuuga ugauggauuc uuauugcucca ucaucgucuc aaugagucuu	60	
40	uc	62	
	<210> 155		
	<211> 73		
45	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 155		
	cuucggugac ggguaucuu ggguggauaa uacggauuac guuguuauug cuuaagaaua	60	
50	cgcguaugucg agg	73	

ES 2 546 425 T3

	<210> 156		
	<211> 99		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 156		
	cccuggcaug gugugguggg gcagcuggug uugugaauca ggccguugcc aaucagagaa	60	
	cgguacuuc acaacaccag ggccacacca cacuacagg	99	
10	<210> 157		
	<211> 84		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 157		
	cguugcugca gcugguguug ugaauccaggc cgacgagcag cgcauccucu uaccggcua	60	
	uuucacgaca ccaggguugc auca	84	
20	<210> 158		
	<211> 71		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
25	<400> 158		
	cagcuggugu ugugaauccag gccgaccgagc agcgcauccu cuuacccggc uauuucacga	60	
	caccaggguu g	71	
30	<210> 159		
	<211> 68		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 159		
	guguauucua cagugcacgu gucuccagug uggcucggag gcuggagacg cggcccuguu	60	
35	ggaguaac	68	
40	<210> 160		
	<211> 100		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 160		
	ugugucucuc ucuguguccu gccagugguu uuaccuauug guagguuacg ucaugcuguu	60	
	cuaccacagg guagaaccac ggacaggaua ccggggcacc	100	
45	<210> 161		
	<211> 72		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 161		

	uccugccagu gguuuuaccc uaugguaggu uacgucaugc uguucuacca cagguagaa	60
	ccacggacag ga	72
5	<210> 162 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 162	
	ccugccagug guuuuacccu augguagguu acgucaugcu guucuaccac agguagaa	60
10	cacggacagg	70
	<210> 163 <211> 95 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
15	<400> 163	
	cgccggccc uggguccauc uuccaguaca guguuggaug gucuaauugu gaagcuccua	60
	acacugucug guaaagaugg cucccgggug gguuc	95
20	<210> 164 <211> 72 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 164	
	ggguccaucu uccaguacag uguuggaugg ucuaauugug aagcuccuaa cacugucugg	60
	uaaagauggc cc	72
30	<210> 165 <211> 64 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 165	
	acccauaaag uagaaagcac uacuaacagc acuggagggu guaguguuuc cuacuuuug	60
	gaug	64
40	<210> 166 <211> 106 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 166	
45	gcgcagcgcc cugucucca gccugaggug cagugcugca ucucugguca guugggaguc	60
	ugagaugaag cacuguagcu caggaagaga gaaguuguuc ugcagc	106
50	<210> 167 <211> 63 <212> ARN	

ES 2 546 425 T3

	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 167		
	ccugaggugc agugcugcau cucuggucag uugggagucu gagaugaagc acuguagcuc	60	
5	agg	63	
	<210> 168		
	<211> 86		
10	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 168		
	uggggccccug gcugggauau caucauauac uguaaguug cgaugagaca cuacaguaua	60	
15	gaugauguac uaguccgggc accccc	86	
	<210> 169		
	<211> 66		
	<212> ARN		
20	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 169		
	ggcuggggaau ucaucauaua cuguaaguuu gccaugagac acuacaguau agaugaugua	60	
	cuaguc	66	
25	<210> 170		
	<211> 88		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 170		
	caccuugucc ucacggucca guuuucccag gaaucuccua gaugcuaaga uggggauucc	60	
	uggaaauacu guucuugagg ucaugguu	88	
35	<210> 171		
	<211> 70		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 171		
	cucacggucc aguuuuccca ggaaucccuu agaugcuaag auggggauuc cuggaaauac	60	
	uguucuugag	70	
45	<210> 172		
	<211> 99		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 172		

ES 2 546 425 T3

	ccgaugugua uccucagcuu ugagaacuga auuccauggg uugugucagu gucagaccuc	60
	ugaaauucag uucuucagcu gggauaucuc ugucaucgu	99
5	<210> 173 <211> 65 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 173	
	agcuuugaga acugaauucc auggguugug ucagugucag accugugaaa uucaguucuu	60
10	cagcu	65
15	<210> 174 <211> 72 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 174	
	aaucuaaaaga caacauuucu gcacacacac cagacuaugg aagccagugu guggaaaugc	60
20	uucugcuaga uu	72
25	<210> 175 <211> 68 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 175	
	gaggcaaaagu ucugagacac uccgacucug aguaugauag aagucagugc acuacagaa	60
30	uuugucuc	68
35	<210> 176 <211> 99 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 176	
	caagcacgau uagcauuuga ggugaaguuc uguuauacac ucaggcugug gcucucugaa	60
40	agucagugca ucacagaacu uugucucgaa agcuuucua	99
45	<210> 177 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 177	
	aagcacgaau agcauuugag gugaaguucu guuauacacu caggcugugg cucucugaaa	60
	gucagugcau	70

ES 2 546 425 T3

	<210> 178		
	<211> 89		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 178		
	gccggcgccc gagcucuggc uccgugucuu cacucccgug cuuguccgag gagggagggga	60	
	gggacggggg cugugcuggg gcagcugga	89	
10	<210> 179		
	<211> 53		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 179		
	gcucuggcuc cgugucuuca cucccgugcu uguccgagga gggagggagg gac	53	
	<210> 180		
	<211> 84		
20	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 180		
	cuccccaugg cccugucucc caaccuuugu accagugcug ggcucagacc cugguacagg	60	
25	ccuggggggac agggaccugg ggac	84	
	<210> 181		
	<211> 64		
30	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 181		
	cccugucucc caaccuuugu accagugcug ggcucagacc cugguacagg ccuggggggac	60	
	aggg	64	
35	<210> 182		
	<211> 72		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 182		
	uuuccugccc ucgaggagcu cacagucuaug uaugucucau ccccuacuag acugaagcuc	60	
	cuugaggaca gg	72	
45	<210> 183		
	<211> 69		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 183		
	ccuguccuca aggagcuuca gucuaguagg ggaugagaca uacuagacug ugagcuccuc	60	
	gagggcagg	69	

ES 2 546 425 T3

	<210> 184		
	<211> 87		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 184		
	ugucceccccc ggcccagguu cugugauaca cuccgacucg ggcucuggag cagucagugc	60	
	augacagaac uugggcccg aaggacc	87	
10	<210> 185		
	<211> 71		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 185		
	ggcccagguu cugugauaca cuccgacucg ggcucuggag cagucagugc augacagaac	60	
	uugggcccg g	71	
20	<210> 186		
	<211> 90		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
25	<400> 186		
	cucacagcug ccagugucau uuuugugauc ugcagcuagu auucucacuc caguugcaua	60	
	gucacaaaag ugaucauugg cagguguggc	90	
30	<210> 187		
	<211> 71		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 187		
	ucucucucuc ccucacagcu gccaguguca uugucacaaa agugaucauu ggcaggugug	60	
35	gcugcugcau g	71	
40	<210> 188		
	<211> 87		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 188		
	agcgguggcc agugucauuu uugugauguu gcagcuagua auaugagccc aguugcauag	60	
45	ucacaaaagu gaucauugga aacugug	87	
50	<210> 189		
	<211> 69		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 189		

	cagugucauu uuugugaugu ugcagcuagu aauaugagcc caguugcaua gucacaaaag	60
	ugaucauug	69
5	<210> 190 <211> 84 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 190	
	gugguacuug aagauagguu auccguguug ccuucgcuu auuugugacg aaucacuac	60
10	gguugaccua uuuuucagua ccaa	84
15	<210> 191 <211> 66 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 191	
	gaagauaggu uauccguguu gccuucgcuu uauuugugac gaucacuaca cgguugaccu	60
20	auuuuu	66
25	<210> 192 <211> 65 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 192	
	cuguuaaagc uauccgugau agggguuuuu gccuccaacu gacuccuaca uauuagcauu	60
30	aacag	65
35	<210> 193 <211> 82 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 193	
	ccuaacacug ucugguaaag auggcucccg gguggguucu cucggcagua accuucaggg	60
40	agcccugaag accauggag ac	82
45	<210> 194 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 194	
	gccgagaccg agugcacagc gcucugaccu augaaugac agccagugcu cucgucuccc	60
	cucuggcugc caauuccaua ggucacaggu auguucgccu caaugccagc	110
	<210> 195 <211> 80	

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 195		
	ucccgcoccc uguaacagca acuccaugug gaagugccca cugguuccag uggggcugcu	60	
	guuauucuggg gcgagggcca	80	
10	<210> 196 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 196		
	aaagcugggu ugagagggcg aaaaaggauug aggugacugg ucugggcuac gcuaugcugc	60	
15	ggcgcucggg	70	
20	<210> 197 <211> 64 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 197		
	cauuggccuc cuaagccagg gauugugggu ucgaguccca cccgggguaa agaaaggccg	60	
25	aaau	64	
30	<210> 198 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 198		
	ccuaagccag ggauuguggg uucgaguccc accuggggua gaggugaaag uuccuuuac	60	
	ggaaauuuuu	70	
35	<210> 199 <211> 108 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 199		
	caaugucagc agugccuuag cagcacguaa auauuggcgu uaagauucia aaauuauuc	60	
	caguauaac ugugcugcug aaguaagguu gaccuauuc uacaguug	108	
45	<210> 200 <211> 81 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 200		

ES 2 546 425 T3

	gggcuuucaa gucacuagug guuccguuuu guagaugauu gugcauuguu ucaaaauggu	60
	gcccuaguga cuacaaagcc c	81
5	<210> 201 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 201	
	acgcaagugu ccuaagguga gcucagggag cacagaaacc uccaguggaa cagaagggca	60
10	aaagcucauu	70
15	<210> 202 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 202	
	caugugucac uuucaggugg aguuucaaga gucccuuccu gguucaccgu cuccuuugcu	60
20	cuuccacaac	70
25	<210> 203 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 203	
	agaagggcua ucaggccagc cuucagagga cuccaaggaa cauucaacgc ugucggugag	60
30	uuugggauuu gaaaaaacca cugaccguug acuguaccuu gggguccua	110
35	<210> 204 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 204	
	ccugugcaga gauuauuuuu uaaaagguca caaucaacau ucauugcugu cgguggguug	60
40	aacugugugg acaagcucac ugaacaauga augcaacugu ggccccgcuu	110
45	<210> 205 <211> 89 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 205	
	cugauggcug cacucaacau ucauugcugu cgguggguuu gagucugaau caacucacug	60
	aucaaugaau gcaaacugcg gaccaaaca	89
	<210> 206	

ES 2 546 425 T3

	<211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 206		
	cggaauuu gccagggu ugggggaaca uucaaccugu cggugaguu gggcagcuca	60	
	ggcaaaccu cgaccguuga guggaccug aggcuggaa uugccauccu	110	
10	<210> 207 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 207		
	gagcugcuug cccccccg uuuuuggcaa ugguagaacu cacacuggug agguaacagg	60	
	auccgguggu ucuagacuug ccaacuauagg ggcgaggacu cagccggcac	110	
20	<210> 208 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 208		
	uuuuuggcaa ugguagaacu cacacuggug agguaacagg auccgguggu ucuagacuug	60	
25	ccaacuauagg	70	
30	<210> 209 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 209		
	ccgcagagug ugacuccugu ucuguguaug gcacugguag aaucacugu gascagucuc	60	
	agucagugaa uuaccgaagg gccauaaaca gagcagagac agauccacga	110	
35	<210> 210 <211> 84 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 210		
	ccagucacgu cccuuauca cuuuuccagc ccagcuugu gacuguaagu guuggacgga	60	
	gaacugauaa ggguaagguga uuga	84	
45	<210> 211 <211> 65 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 211		

	ccuuaucacu uuuccagccc agcuuuguga cuguaagugu uggacggaga acugauaagg	60
	guagg	65
5	<210> 212 <211> 82 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 212	
	agggggcgag ggauuggaga gaaaggcagu uccugauggu cccuuccca ggggcuggcu	60
10	uuccucuggu ccuuccucc ca	82
15	<210> 213 <211> 66 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 213	
	agggauugga gagaaaggca guuccugaug gucccccucc caggggcugg cuuuccucug	60
20	guccuu	66
25	<210> 214 <211> 86 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 214	
	ugcuuguaac uuuccaaaga auucuccuuu ugggcuuuu gguuuuuuu uaagcccaaa	60
	ggugaauuuu ugggaaguu ugagcu	86
30	<210> 215 <211> 71 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 215	
	acuuuccaaa gaauucuccu uuugggcuuu cugguuuuau uuuaagccca aaggugaauu	60
	uuuugggaag u	71
40	<210> 216 <211> 109 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 216	
	ggucgggcuc accaugacac agugugagac ucgggcuaca acacaggacc cggggcgcug	60
	cucugacccc ucgugucuuu uguugcagcc ggagggacgc agguccgca	109
50	<210> 217 <211> 86 <212> ARN	

ES 2 546 425 T3

	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 217		
	ugcuccccucu cucacauccc uugcauggug gagggugagc uuucugaaaa ccccucccac	60	
5	augcagggguu ugcaggauhg cgagcc	86	
	<210> 218		
	<211> 68		
	<212> ARN		
10	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 218		
	ucucacaucc cuugcauggu ggagggugag cuuucugaaa acccucccac caugcaggggu	60	
	uugcagga	68	
15			
	<210> 219		
	<211> 102		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
20	<400> 219		
	cugucgauhg gaccgcgccu ccggugccua cugagcugau aucaguucuc auuuuacaca	60	
	cuggcucagu ucagcaggaa caggagucga gcccuugagc aa	102	
25			
	<210> 220		
	<211> 68		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 220		
	cuccggugcc uacugagcug auaucaguuc ucauuuuaca cacuggcuca guucagcagg	60	
	aacaggag	68	
35			
	<210> 221		
	<211> 85		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 221		
	ugcaggccuc ugugugauau guuugauaua uuagguugu auuuaucca acuaauauc	60	
	aaacauauuc cuacaguguc uugcc	85	
45			
	<210> 222		
	<211> 67		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 222		
	cugugugaua uguuugauau auuagguugu uauuuauucc aacuauauau caaacauuu	60	
50	ccuacag	67	

	<210> 223		
	<211> 92		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 223		
	cggcuggaca gcgggcaacg gaaucctaaa agcagcuguu gucuccagag cauuccagcu	60	
	gcgcuuuggau uucguccccc gcucuccugc cu	92	
10	<210> 224		
	<211> 74		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 224		
	agcgggcaac ggaaucccaa aagcagcugu ugucuccaga gcauuccagc ugcgcuuugga	60	
	uuucguccccc ugcu	74	
20	<210> 225		
	<211> 108		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
25	<400> 225		
	ccgagaccga gugcacaggg cucugaccua ugaauugaca gccagugcuc ucgucucucc	60	
	ucuggcugcc aauuccauag gucacaggua uguucgccuc aaugccag	108	
30	<210> 226		
	<211> 110		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 226		
	gccgagaccg agugcacagg gcucugaccu augaaugac agccagugcu cucgucucucc	60	
35	cucuggcugc caauuccaua ggucacaggu auguucgccu caaugccagc	110	
40	<210> 227		
	<211> 88		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 227		
	cgaggauuggg agcugagggc ugggucuuug cgggcgagau gagggugucg gaucaacugg	60	
	ccuacaaagu cccaguucuc ggcccccg	88	
45	<210> 228		
	<211> 58		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 228		
	gcugggucuu ugcgggcgag augaggugu cggaucaacu ggccuacaaa guccaguu	58	

ES 2 546 425 T3

	<210> 229		
	<211> 85		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 229		
	au gguguuau caaguguaac agcaacucca uguggacugu guaccaauuu ccaguggaga		60
	ugcuguuacu uuugaugguu accaa		85
	<210> 230		
	<211> 63		
10	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 230		
	guguaacagc aacuccaugu ggacugugua ccaauuucca guggagaugc uguuacuuuu		60
15	gau		63
	<210> 231		
	<211> 87		
20	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 231		
	agcuucccug gcucuagcag cacagaaaua uuggcacagg gaagcgaguc ugccaauuu		60
	ggcugugcug cuccaggcag gguggug		87
25	<210> 232		
	<211> 58		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 232		
	uagcagcaca gaaauuugg cacaggaag cgagucugcc aauauuggcu gugcugcu 58		
	<210> 233		
35	<211> 110		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 233		
40	cuagagcuug aauuggaacu gcugagugaa uuagguaguu ucauguuguu gggccugggu		60
	uucugaacac aacaacauua aaccacccga uucacggcag uuacugcucc		110
	<210> 234		
	<211> 70		
45	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 234		
	gugaauuagg uaguuucaug uuguugggcc ugguuuucug aacacaacaa cauuaaacca		60
50	cccrauuac		70
	<210> 235		
	<211> 110		

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 235		
5		ugcucgcuca gcugaucugu ggcuuaggua guuucauguu guugggauug aguuuugaac	60
		ucggcaacaa gaaacugccu gaguacauc agucgguuuu cgucgagggc	110
	<210> 236		
	<211> 70		
10	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 236		
		gugaauuagg uaguuucaug uuguugggcc ugguuuucug aacacaacaa cauuuaacca	60
15		cccgauucac	70
	<210> 237		
	<211> 84		
20	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 237		
		acuggucggu gauuuaggua guuuccuguu guugggaucc accuuucucu cgacagcacg	60
		acacugccuu cauuacuua guug	84
25			
	<210> 238		
	<211> 75		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 238		
		ggcugugccg gguagagagg gcagugggag guaagagcuc uucacccuuc accacccuuc	60
		ccacccagca uggcc	75
35			
	<210> 239		
	<211> 60		
	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 239	gugcaugugu auguagugu gcaugugcau guguauugu augagugcau gcguguguc	60
	<210> 240		
	<211> 62		
45	<212> ARN		
	<213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 240		
		ucauuggucc agaggggaga uagguuccug ugauuuuucc uucucucua uagaauaaau	60
50		ga	62
	<210> 241		

ES 2 546 425 T3

	<211> 71 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 241	gccaacccag uguucagacu accuguucag gaggcucuca auguguacag uagucugcac	60
		auugguuagg c	71
	<210> 242 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
10	<400> 242	aggaagcuuc uggagauccu gcuccgucgc cccaguguuc agacuaccug uucaggacaa	60
		ugccguugua caguagucug cacauugguu agacugggca agggagagca	110
15			
	<210> 243 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
20	<400> 243	ccagaggaca ccuccacucc gucuaccag uguuuagacu aucuguucag gacuccaaa	60
		uuguacagua gucugcaca ugguuaggcu gggcuggguu agaccucgg	110
25			
	<210> 244 <211> 71 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 244	gccaacccag uguucagacu accuguucag gaggcucuca auguguacag uagucugcac	60
		auugguuagg c	71
35			
	<210> 245 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 245	gccguggcca ucuuacuggg cagcauugga uggagucagg ucucuaauac ugccugguaa	60
		ugaugacggc	70
45			
	<210> 246 <211> 95 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 246		

	ccagcucggg cagccguggc caucuucug ggcagcauug gauggaguca ggucucuaau	60
	acugccuggu aaugaugacg gcgagcccu gcacg	95
5	<210> 247 <211> 68 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 247	
	cccucgucuu acccagcagu guuugggugc gguugggagu cucuaauacu gccggguaau	60
10	gauggagg	68
15	<210> 248 <211> 72 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 248	
	guuccuuuuu ccuaugcaua uacuucuuug aggaucuggc cuaaagaggu auagggcaug	60
20	ggaagaugga gc	72
25	<210> 249 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 249	
	guguugggga cucgcgcgc cuuccagug guucuaaaca guucaacagu ucuguagcgc	60
	aaugugaaa uguuuaggac cacuagacc gccgggccc gcgacagcga	110
30	<210> 250 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 250	
	ggcuacaguc uuucuucaug ugacucgugg acuuccuuu gucauccuau gccugagaau	60
	auaugaagga ggcugggaag gcaaggac guucaauugu caucacuggc	110
40	<210> 251 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 251	
	aaagaucuc agacaaucca ugugcuucuc uuguccuua uccaccgga gucugucua	60
	uacccaacca gauuucagug gagugaagu caggaggcau ggagcugaca	110
	<210> 252 <211> 86	

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 252	ugcuucccga ggccacaugc uucuuuauau ccccauauagg auuacuuugc uauggaaugu	60
		aaggaagugu gugguuucgg caagug	86
10	<210> 253 <211> 69 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 253	aggccacaug cuucuuuaua ucccacauaug gauuacuuug cuauggaug uaaggaagug	60
15		ugugguuuu	69
20	<210> 254 <211> 71 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 254	ugacgggcga gcuuuuggcc cggguuauac cugaugcuca cguauaagac gagcaaaaag	60
25		cuuguugguc a	71
30	<210> 255 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 255	accggcgagu gccuccaggc gcagggcagc ccugcccac cgcacacugc gcugccccag	60
		accacugug cgugugacag cggcugaucu gugccugggc agcgcgaccc	110
35	<210> 256 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 256	ucaccuggcc augugacuug ugggcuuccc uuugucaucc uucgccuagg gcucugagca	60
		gggcagggac agcaaagggg ugucucaguug ucacuuccca cagcacggag	110
45	<210> 257 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 257		

ES 2 546 425 T3

cggggcaccc cgcccggaca gcgcgccggc accuuggcuc uagacugcuu acugcccggg 60
ccgcccucag uaacagucuc cagucacggc caccgacgcc uggccccgcc 110

5 <210> 258
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 <400> 258

ccugugcaga gauuuuuuu uaaaagguca caaucaacau ucauugcugu cgguggguug 60
aacugugugg acaagcucac ugaacaauga augcaacugu ggccccgcuu 110

10 <210> 259
 <211> 108
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 <400> 259

gaguuuugag guugcuucag ugaacauuca acgcugucgg ugaguuugga auuuuuuauca 60
aaaccaucga ccguugauug uaccuauugg cuaaccauca ucuacucc 108

20 <210> 260
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25 <400> 260

ggccuggcug gacagaguug ucaugugucu gccugucua acuugcugug cagaacaucc 60
gcucaccugu acagcaggca cagacaggca gucacaugac aaccagccu 110

30 <210> 261
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 35 <400> 261

aucauuçaga aaugguauac aggaaaauga ccuaugaauu gacagacaau auagcugagu 60
uugucuguca uuucuuuagg ccaauauucu guaugacugu gcuaucucaa 110

40 <210> 262
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45 <400> 262

gauggcugug aguuggcuua aucucagcug gcaacuguga gaugucaua caaucccuca 60
caguggucuc ugggaaauug cuaaacagag caauuuccua gccucacga 110

<210> 263
 <211> 110

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 263		
5		aguauaauua uuacauaguu uuugaugucg cagauacugc aucaggaacu gauuggauaa	60
		gaaucaguca ccaucaguuc cuaaugcauu gccuucagca ucuaaacaag	110
	<210> 264 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
10			
	<400> 264		
		gugauaaugu agcgagauuu ucuguugugc uugaucuaac caugugguug cgagguauga	60
15		guaaaacaug guuccgucaa gcaccaugga acgucacgca gcuuucuaca	110
	<210> 265 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
20			
	<400> 265		
		gaccagucgc ugcggggcuu uccuuugugc uugaucuaac cauguggugg aacgauggaa	60
25		acggaacaug guucugucaa gcaccgcgga aagcaccgug cucuccugca	110
	<210> 266 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
30			
	<400> 266		
		ccgccccggg ccgcggcucc ugauugucca aacgcaauuc ucgagucuau ggcuccggcc	60
35		gagaguugag ucuggacguc ccgagccgcc gcccccaaac cucgagcggg	110
	<210> 267 <211> 110 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40			
	<400> 267		
		ccgccccggg ccgcggcucc ugauugucca aacgcaauuc ucgagucuau ggcuccggcc	60
45		gagaguugag ucuggacguc ccgagccgcc gcccccaaac cucgagcggg	110
	<210> 268 <211> 97 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50			
	<400> 268		

ES 2 546 425 T3

acucaggggc uucgccacug auuguccaaa cgcaauucuu guaccgagucu gcggccaacc 60
gagaauugug gcuggacauc uguggcugag cuccggg 97

5 <210> 269
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

10 <400> 269

gacagugugg cauuguaggg cuccacaccg uaucugacac uuugggcgag ggcaccaugc 60
ugaagguguu caugaugcgg ucugggaacu ccucacggau cuuacugaug 110

15 <210> 270
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

<400> 270

ugaacaucca ggucuggggc augaaccugg cauacaaugu agauuucugu guucguuagg 60
caacagcuac auugucugcu ggguuucagg cuaccuggaa acauguucuc 110

20

25 <210> 271
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

<400> 271

gcugcuggaa gguguaggua cccucaaugg cucaguagcc aguguagauc cugucuuucg 60
uaaucagcag cuacaucugg cuacuggguc ucugauggca ucuucuagcu 110

30

35 <210> 272
 <211> 110
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

<400> 272

ccuggccucc ugcagugcca cgcuccgugu auuugacaag cugaguugga cacuccaugu 60
gguagagugu caguuuugua aauaccccaa gugcggcaca ugcuuaccag 110

40

45 <210> 273
 <211> 81
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

<400> 273

gggcuuucaa gucacuagug guuccguuuu guagaugauu gugcauuguu ucaaaauggu 60
gcccuauguga cuacaaagcc c 81

<210> 274

ES 2 546 425 T3

	<211> 60 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 274 caaucuuccu uaucauggu auugauuuuu cagugcuucc cuuuugugug agagaagaua	60	
	<210> 275 <211> 80 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
10	<400> 275 aggaccuuc cagagggccc ccccucauc cuguugugcc uauucagag gguugggugg	60	
	aggcucuccu gaagggcucu	80	
15	<210> 276 <211> 63 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
20	<400> 276 aagaauggu uuaccgucc acauacauuu ugaauaugua ugugggaugg uaaaccgcuu	60	
	cuu	63	
25	<210> 277 <211> 86 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
30	<400> 277 acugcuaacg aaugcucuga cuuuauugca cuacuguacu uuacagcuag cagugcaaua	60	
	guauugucaa agcaucugaa agcagg	86	
35	<210> 278 <211> 69 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 278 ccaccacuua aacguggaug uacuugcuuu gaaacuaaag aaguaagugc uuccauguuu	60	
	uggugaugg	69	
45	<210> 279 <211> 73 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 279 gcucccuuca acuuuaacau ggaagugcuu ucugugacuu uaaaaguaag ugcuucaug	60	
50	uuuuaguagg agu	73	
	<210> 280 <211> 68		

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 280	ccuuugcuuu aacauggggg uaccugcugu gugaaacaaa aquaagugcu uccauguuuc	60
		aguggagg	68
10	<210> 281 <211> 68 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 281	ccucuacuuu aacauggagg cacuugcugu gacaugacaa aaauaagugc uuccauguuu	60
15		gagugugg	68
20	<210> 282 <211> 82 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 282	gcuucgcucc ccuccgccuu cucuucccgg uucuucccgg agucgggaaa agcuggguug	60
25		agagggcgaa aaaggauagag gu	82
30	<210> 283 <211> 59 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 283	uuggccuccu aagccagga uugugguuc gaguccacc cgggguaaag aaaggccga 59	
35	<210> 284 <211> 86 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 284	uugguacuug gagagaggug guccguggcg cguucgcuu auuauggcg cacauacac	60
		ggucgaccuc uuugcaguau cuaauc	86
45	<210> 285 <211> 83 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 285	cugacuaugc cuccccgc au ccccuagggc auugguguaa agcuggagac ccacugcccc	60
50		aggugcugcu ggggguugua guc	83
	<210> 286		

ES 2 546 425 T3

	<211> 98 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
5	<400> 286		
	auacagugcu ugguuccuag uaggugucca gaaaguguuu gugacauaa uuguuuauug	60	
	aggaccuccu aucaaucaag cacugugcua ggcucugg	98	
10	<210> 287 <211> 95 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
15	<400> 287		
	cucaucuguc uguugggucg gaggcagggc cuuugugaag gcggguggug cucagaucgc	60	
	cucugggccc uuccuccagc cccgagggcg auuca	95	
20	<210> 288 <211> 75 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 288		
	uggagugggg gggcaggagg ggcucagggg gaaagugcau acagccccug gccucucug	60	
25	cccuuccguc ccucg	75	
30	<210> 289 <211> 94 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 289		
	cuuuggcgau cacugccucu cugggccugu gucuuaaggcu cugcaagauc aaccgagcaa	60	
	agcacacggc cugcagagag gcagcgccu gcc	94	
35	<210> 290 <211> 94 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40	<400> 290		
	gaguuuugguu uuguuuugggu uuguucuagg uaugguccca gggaucccag aucaaaccag	60	
	gccccugggc cuauccuaga accaaccuaa gcuc	94	
45	<210> 291 <211> 94 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
50	<400> 291		

	uguuuugagc gggggucaag agcaauaacg aaaaauguuu gucauaaacg guuuuucauu	60
	auugcuccug accuccucuc auuugcuaua uuca	94
5	<210> 292 <211> 93 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 292	
	guagucagua guuggggggu gggaaacggcu ucauacagga guugaugcac aguuauccag	60
10	cuccuauaug augccuuucu ucauuccuuu caa	93
15	<210> 293 <211> 67 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 293	
	ucuccaacia uauccuggug cugagugaug acucagggca cuccagcauc agugauuuug	60
20	uuugaaga	67
25	<210> 294 <211> 94 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 294	
	cggggcgggc gcucuccug uccuccagga gcucacgugu gccugccugu gagcgccug	60
30	acgacagagc cggcgccugc cccagugucu gcgc	94
35	<210> 295 <211> 95 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 295	
	uuquaccugg ugugauuaa aagcaaugag acugauugc auaugucguu ugugggaucc	60
40	gucucaguua cuuuauagcc auaccuggua ucuua	95
45	<210> 296 <211> 99 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 296	
	gaaacugggc ucaagguag gggugcuauc ugugauugag ggacaugguu aauggaauug	60
	ucucacacag aaauccacc cgucaccuug gccuacuua	99
	<210> 297 <211> 98	

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
	<400> 297		
5		accctaaacc uaggucugcu gacuccuagu ccagggcucg ugauggcugg uggggccuga	60
		acgagggguc uggaggccug gguuugaaua ucgacagc	98
	<210> 298 <211> 86 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
10			
	<400> 298		
		gucugucugc ccgcaugccu gccucucugu ugcucugaag gaggcagggg cugggccugc	60
15		agcugccugg gcagagcggc uccugc	86
	<210> 299 <211> 68 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
20			
	<400> 299		
		ccaauacugu ugcuaauaug caacucuguu gaauaauau uggaauugca cuuuagcaau	60
		ggugaugg	68
25			
	<210> 300 <211> 66 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
30			
	<400> 300		
		aaaaggugga uauuccuucu auguuuauu uauuuauugu uaaacauaga ggaaauucca	60
		cguuuu	66
35			
	<210> 301 <211> 70 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
40			
	<400> 301		
		uugaaggagg aucgaccgug uuauauucgc uuauuugacu ucgaauaaua caugguugau	60
		cuuuucucag	70
	<210> 302 <211> 75 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>		
45			
	<400> 302		
50			

	agacagagaa gccaggucac gucucugcag uuacacagcu cacgagugcc ugcuggggug	60
	gaaccugguc ugucu	75
5	<210> 303 <211> 67 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 303	
	guggcacuca aacugugggg gcacuuucug cucucuggug aaagugccgc caucuuuuga	60
10	guguuac	67
15	<210> 304 <211> 67 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 304	
	guggggccuca aaugugggagc acuuuucuga uguccaagug gaaagugcug cgacuuuuga	60
20	gcgucac	67
25	<210> 305 <211> 69 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 305	
	gggauacuca aaaugggggc gcuuuccuuu uugucuguac ugggaagugc uucgauuuug	60
30	ggguguccc	69
35	<210> 306 <211> 72 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 306	
	uacaucggcc auuauaauc aaccugauaa guguuauagc acuuaucaga uuguuuuuga	60
40	auugucugug ua	72
45	<210> 307 <211> 102 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 307	
	auggagcugc ucaccugug ggccucaaau guggaggaac uauucugaug uccaagugga	60
	aagugcugcg acuuugagc gucaccggug acgcccuuu ca	102
	<210> 308 <211> 101	

<212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

<400> 308

5 **gcauccccuc agccugggc acucaaaacug ugggggcacu uucuggcucuc uggugaaagu **60****

gccgccaucu uuugaguguu accgcuugag aagacucaac c **101**

<210> 309
 <211> 102
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

10 <400> 309

cgaggaggcuc auacuggggau acucaaaaaug ggggggcuuu ccuuuuuguc uguuacuggg **60**

15 **a**agugcuucg auuuggggu gucccuguu gaguagggca uc **102**

<210> 310
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

20 <400> 310
 ugagguagua gguuguauag uu 22

25 <210> 311
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

30 <400> 311
 ugagguagua gguugugugg uu 22

35 <210> 312
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

40 <400> 312
 ugagguagua gguuguaugg uu 22

45 <210> 313
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 <400> 313
 agagguagua gguugcauag u 21

50 <210> 314
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

55 <400> 314
 ugagguagga gguuguauag u 21

60 <210> 315
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

	<400> 315	
	ugagguagua gauuguauag uu	22
5	<210> 316 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
10	<400> 316 ugagguagua guuuguacag u	21
	<210> 317 <211> 19 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
15	<400> 317 ugagguagua guuugugcu	19
20	<210> 318 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 318 uggaauaгаа агаагаауга а	21
	<210> 319 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
30	<400> 319 uggaagacua gugauuuugu u	21
35	<210> 320 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
40	<400> 320 ucuuugguuu ucuagcugua uга	23
45	<210> 321 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
50	<400> 321 uaaagcuaga uaaccгаааг u	21
	<210> 322 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
55	<400> 322 uaccguag auccгааuuu gug	23
60	<210> 323 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
65	<400> 323 uaccguag aaccгааuuu gu	22

ES 2 546 425 T3

<210> 324
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 324
 uagcagcaca uaaugguuug ug 22
 <210> 325
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 10
 <400> 325
 uagcagcaca ucaugguuuu ca 22
 <210> 326
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 20
 <400> 326
 uagcagcacg uaaaauuugg cg 22
 <210> 327
 <211> 24
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25
 <400> 327
 caaagugcuu acagugcagg uagu 24
 <210> 328
 <211> 20
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 35
 <400> 328
 acugcaguga aggcacuugu 20
 <210> 329
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 40
 <400> 329
 uaaggugcau cuagucaga ua 22
 <210> 330
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45
 <400> 330
 ugugcaaauc uaugcaaaac uga 23
 <210> 331
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 50
 <400> 331
 ugugcaaauc caugcaaaac uga 23
 <210> 332
 <211> 22

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
5	<400> 332 uaaagugcuu auagugcagg ua	22
10	<210> 333 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 333 uagcuuauca gacugauguu ga	22
15	<210> 334 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
20	<400> 334 aagcugccag uugaagaacu gu	22
25	<210> 335 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
30	<400> 335 aucacauugc cagggauuuc c	21
35	<210> 336 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
40	<400> 336 aucacauugc cagggauuac cac	23
45	<210> 337 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
50	<400> 337 uggcucaguu cagcaggaac ag	22
55	<210> 338 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
60	<400> 338 cauugcacuu gucucggucu ga	22
65	<210> 339 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 339 uucaaguaau ccaggauagg cu	22
	<210> 340 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	

ES 2 546 425 T3

	<400> 340 uucaaguaau ucaggauagg u	21
5	<210> 341 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
10	<400> 341 uucacagugg cuaaguuccg cc	22
15	<210> 342 <211> 20 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 342 uucacagugg cuaaguucug	20
20	<210> 343 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 343 aaggagcuca cagucuauug ag	22
30	<210> 344 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 344 cuagaccrau cugaaucgg uu	22
40	<210> 345 <211> 20 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 345 uagcaccrau ugaaucagu	20
45	<210> 346 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
50	<400> 346 uagcaccrau ugaaucggu ua	22
55	<210> 347 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 347 uguaaacauc cucgacugga agc	23
60	<210> 348 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
65	<400> 348 cuucagucg gauguugca gc	22

ES 2 546 425 T3

<210> 349
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 349
 uguaaacauc cuacacucag c 21
 <210> 350
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 10
 <400> 350
 uguaaacauc cuacacucuc agc 23
 <210> 351
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 20
 <400> 351
 uguaaacauc cccgacugga ag 22
 <210> 352
 <211> 20
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25
 <400> 352
 uguaaacauc cuugacugga 20
 <210> 353
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 30
 <400> 353
 ggcaagaugc uggcauagcu g 21
 <210> 354
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 35
 <400> 354
 uauugcacau uacuaaguug c 21
 <210> 355
 <211> 19
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 40
 <400> 355
 gugcauugua guugcauug 19
 <210> 356
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45
 <400> 356
 uggcaguguc uuagcugguu gu 22
 <210> 357
 <211> 22
 60
 65

ES 2 546 425 T3

	<212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
5	<400> 357 aggcaguguc auuagcugau ug	22
10	<210> 358 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 358 aggcagugua guuagcugau ug	22
15	<210> 359 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
20	<400> 359 uauugcacuu gucccggccu gu	22
25	<210> 360 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
30	<400> 360 aaagugcugu ucgugcaggu ag	22
35	<210> 361 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
40	<400> 361 uucaacgggu auuuauugag ca	22
45	<210> 362 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
50	<400> 362 uuuggcacua gcacauuuuu gc	22
55	<210> 363 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
60	<400> 363 ugagguagua aguuguauug uu	22
65	<210> 364 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 364 aaccguaga uccgaucuug ug	22
	<210> 365 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	

ES 2 546 425 T3

	<400> 365 caccguaga accgaccuug cg	22
5	<210> 366 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
10	<400> 366 uacaguacug ugauaacuga ag	22
	<210> 367 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
15	<400> 367 uacaguacug ugauaacuga ag	22
	<210> 368 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
20	<400> 368 agcagcauug uacagggcua uga	23
	<210> 369 <211> 20 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 369 ucaaagcuc agacuccugu	20
	<210> 370 <211> 24 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
30	<400> 370 aaaagugcuu acagugcagg uagc	24
	<210> 371 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 371 uaaagugcug acagugcaga u	21
	<210> 372 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
40	<400> 372 agcagcauug uacagggcua uca	23
	<210> 373 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 373 uggaguguga caaugguguu ugu	23

ES 2 546 425 T3

<210> 374
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 374
 uuaaggcagc gggugaugc ca 22
 <210> 375
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 10
 <400> 375
 ucccugagac ccuuuaaccu gug 23
 <210> 376
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 20
 <400> 376
 ucccugagac ccuaacuugu ga 22
 <210> 377
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25
 <400> 377
 cauuuuuacu uuugguacgc g 21
 <210> 378
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 30
 <400> 378
 ucguaccgug aguaauaauug c 21
 <210> 379
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 35
 <400> 379
 ucggauccgu cugagcuugg cu 22
 <210> 380
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 40
 <400> 380
 ucacagugaa ccggucucuu uu 22
 <210> 381
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45
 <400> 381
 ucacagugaa ccggucucuu uc 22
 <210> 382
 <211> 21

ES 2 546 425 T3

<212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 5 <400> 382
 cuuuuugcgg ucugggcuug c 21

 10 <210> 383
 <211> 20
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 <400> 383
 cagugcaaug uaaaaagggc 20

 15 <210> 384
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 20 <400> 384
 cagugcaaug augaaagggc au 22

 25 <210> 385
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 30 <400> 385
 uaacagucua cagccauggu cg 22

 35 <210> 386
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 40 <400> 386
 uugguucccu ucaaccagcu gu 22

 45 <210> 387
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 50 <400> 387
 uugguucccu ucaaccagcu a 21

 55 <210> 388
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 60 <400> 388
 ugugacuggu ugaccagagg g 21

 65 <210> 389
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 <400> 389
 uauggcuuuu uauuccuaug uga 23

 <210> 390
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

	<400> 390 uauggcuuuu cauuccuaug ug	22
5	<210> 391 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 391 acuccauuug uuuugaugau gga	23
10	<210> 392 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
15	<400> 392 uauugcuuaa gaauacgcgu ag	22
20	<210> 393 <211> 17 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 393 agcugguguu gugauc	17
30	<210> 394 <211> 18 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 394 ucuacagugc acgugucu	18
40	<210> 395 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 395 agugguuuuu cccuauggua g	21
50	<210> 396 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
55	<400> 396 aacacugucu gguaaagaug g	21
60	<210> 397 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
65	<400> 397 uguaguguuu ccuacuuuau gga	23
70	<210> 398 <211> 20 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
75	<400> 398 cauaaaguag aaagcacuac	20

ES 2 546 425 T3

<210> 399
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 399
 ugagaugaag cacuguagcu ca 22
 <210> 400
 <211> 22
 10 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 <400> 400
 15 uacaguauag augauguacu ag 22
 <210> 401
 <211> 24
 <212> ARN
 20 <213> *Homo sapiens*
 <400> 401
 guccaguuuu cccaggauc ccuu 24
 <210> 402
 25 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 <400> 402
 30 ugagaacuga auuccauggg uu 22
 <210> 403
 <211> 20
 <212> ARN
 35 <213> *Homo sapiens*
 <400> 403
 guguguggaa augcuucugc 20
 40 <210> 404
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45 <400> 404
 ucagugcacu acagaacuuu gu 22
 <210> 405
 <211> 22
 <212> ARN
 50 <213> *Homo sapiens*
 <400> 405
 55 ucagugcauc acagaacuuu gu 22
 <210> 406
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 60 <400> 406
 ucuggcuccg ugucuucacu cc 22
 <210> 407
 <211> 22
 <212> ARN
 65

ES 2 546 425 T3

<213> *Homo sapiens*
 <400> 407
 5 ucucccaacc cuuguaccag ug 22
 <210> 408
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 10 <400> 408
 acuagacuga agcucuuuga gg 22
 <210> 409
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 15 <400> 409
 20 ucagugcaug acagaacuug g 21
 <210> 410
 <211> 20
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25 <400> 410
 uugcauaguc acaaaaguga 20
 <210> 411
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 30 <400> 411
 35 uagguuaucc guguugccuu cg 22
 <210> 412
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 40 <400> 412
 45 aaucuuacac gguugaccua uu 22
 <210> 413
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 50 <400> 413
 uuaaugcuaa ucgugauagg gg 22
 <210> 414
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 55 <400> 414
 60 aacauucaac gcugucggug agu 23
 <210> 415
 <211> 24
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 65

	<400> 415 aacauucauu gcugucggug gguu	24
5	<210> 416 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
10	<400> 416 aacauucaac cugucgguga gu	22
15	<210> 417 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 417 uuuggcaaug guagaacuca ca	22
20	<210> 418 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
25	<400> 418 ugguucuaga cuugccaacu a	21
30	<210> 419 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
35	<400> 419 uauggcacug guagaauuca cug	23
40	<210> 420 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
45	<400> 420 uggacggaga acugauaagg gu	22
50	<210> 421 <211> 18 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
55	<400> 421 uggagagaaa ggcaguuc	18
60	<210> 422 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
65	<400> 422 caaagaauc uccuuuuggg cuu	23
	<210> 423 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 423 ucgugucuug uguugcagcc g	21

ES 2 546 425 T3

<210> 424
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 424
 caucccuugc augguggagg gu 22
 <210> 425
 <211> 23
 10 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 <400> 425
 15 gugccuacug agcugauauc agu 23
 <210> 426
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 20 <400> 426
 ugauauguuu gauauuuag gu 22
 <210> 427
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25 <400> 427
 30 caacggauc ccaaaagcag cu 22
 <210> 428
 <211> 21
 <212> ARN
 35 <213> *Homo sapiens*
 <400> 428
 cugaccuaug aaugacagc c 21
 40 <210> 429
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45 <400> 429
 aacuggccua caaaguccca g 21
 <210> 430
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 50 <400> 430
 55 uguaacagca acuccaugug ga 22
 <210> 431
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 60 <400> 431
 uagcagcaca gaaauuugg c 21
 <210> 432
 <211> 21
 <212> ARN
 65

	<213> <i>Homo sapiens</i>	
5	<400> 432 uagguaguuu cauguuguug g	21
10	<210> 433 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i> <400> 433 uagguaguuu ccuguuguug g	21
15	<210> 434 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
20	<400> 434 uucaccaccu ucuccacca gc	22
25	<210> 435 <211> 19 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
30	<400> 435 gguccagagg ggagauagg	19
35	<210> 436 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
40	<400> 436 cccaguguuc agacuaccug uuc	23
45	<210> 437 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
50	<400> 437 uacaguaguc ugacauugg uu	22
55	<210> 438 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
60	<400> 438 cccaguguuu agacuaucug uuc	23
65	<210> 439 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
	<400> 439 uaacacuguc ugguaacgau gu	22
	<210> 440 <211> 24 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	

<400> 440
 cucuaauacu gccugguaau gaug 24

5 <210> 441
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

10 <400> 441
 aaucugccg gguaaugaug ga 22
 <210> 442
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

15 <400> 442
 agagguauag ggcaugggaa ga 22

20 <210> 443
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

25 <400> 443
 gugaaauguu uaggaccacu ag 22

30 <210> 444
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

35 <400> 444
 uuccuuugu cauccaugc cu 22

40 <210> 445
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

45 <400> 445
 uccuucauuc caccggaguc ug 22

50 <210> 446
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

55 <400> 446
 uggaauguaa ggaagugugu gg 22

60 <210> 447
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

65 <400> 447
 auaagacgag caaaaagcuu gu 22

70 <210> 448
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

75 <400> 448
 cugugcgugu gacagcgcu g 21

ES 2 546 425 T3

<210> 449
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 449
 uuccuuugu cauccuucgc cu 22
 <210> 450
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 10
 <400> 450
 uaacagucuc cagucacggc c 21
 <210> 451
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 20
 <400> 451
 accaucgacc guugauugua cc 22
 <210> 452
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25
 <400> 452
 acagcaggca cagacaggca g 21
 <210> 453
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 35
 <400> 453
 augaccuaug aauugacaga c 21
 <210> 454
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45
 <400> 454
 uaaucucagc uggcaacugu g 21
 <210> 455
 <211> 24
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 50
 <400> 455
 uacugcauca ggaacugauu ggau 24
 <210> 456
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 60
 <400> 456
 uugugcuuga ucuaccaug u 21
 <210> 457
 <211> 21

ES 2 546 425 T3

<212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 5 <400> 457
 ugauugucca aacgcaauuc u 21
 <210> 458
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 10
 <400> 458
 ccacaccgua ucugacacuu u 21

 15 <210> 459
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 20 <400> 459
 agcuacauug ucugcugggu uuc 23

 25 <210> 460
 <211> 24
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 <400> 460
 agcuacaucu ggcuaucuggg ucuc 24
 30
 <210> 461
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 35 <400> 461
 ugucaguuug ucaaauacc c 21

 40 <210> 462
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 45 <400> 462
 caagucacua gugguuccgu uua 23

 50 <210> 463
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 <400> 463
 agggccccc cucauuccug u 21

 55 <210> 464
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 60 <400> 464
 ugguuuaccg ucccacauac au 22

 65 <210> 465
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

<400> 465
 cagugcaaua guauugucua agc 23

5 <210> 466
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

10 <400> 466
 uaagugcuuc cauguuuugg uga 23
 <210> 467
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

15 <400> 467
 acuuuaacau ggaagugcuu ucu 23

20 <210> 468
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

25 <400> 468
 uaagugcuuc cauguuuuag uag 23

30 <210> 469
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

35 <400> 469
 uuuuacaugg gguaccugc ug 22

40 <210> 470
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

45 <400> 470
 uaagugcuuc cauguucag ugg 23

50 <210> 471
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

55 <400> 471
 uaagugcuuc cauguugag ugu 23

60 <210> 472
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

65 <400> 472
 aaaagcuggg uugagagggc gaa 23

<210> 473
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

<400> 473
 uaagccagg auugugguu c 21

ES 2 546 425 T3

<210> 474
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 5
 <400> 474
 gcacauuaca cggucgaccu cu 22
 <210> 475
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 10
 <400> 475
 cgcauccccu agggcrauugg ugu 23
 <210> 476
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 20
 <400> 476
 ccacugcccc aggugcugcu gg 22
 <210> 477
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 25
 <400> 477
 ccuaguaggu guccaguaag u 21
 <210> 478
 <211> 20
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 30
 <400> 478
 ccucugggcc cuuccuccag 20
 <210> 479
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 35
 <400> 479
 cuggccucu cugccuucc gu 22
 <210> 480
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 40
 <400> 480
 gcaaagcaca cggccugcag aga 23
 <210> 481
 <211> 21
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*
 45
 <400> 481
 gccccugggc cuauccuaga a 21
 <210> 482
 <211> 23

<212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 <400> 482
 5 ucaagagcaa uaacgaaaaa ugu 23

 <210> 483
 <211> 23
 <212> ARN
 10 <213> *Homo sapiens*

 <400> 483
 uccagcuccu auaugaugcc uuu 23

 15 <210> 484
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 20 <400> 484
 uccagcauca gugauuuugu uga 23

 <210> 485
 <211> 21
 25 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 <400> 485
 30 uccuguccu ccaggagcuc a 21

 <210> 486
 <211> 23
 <212> ARN
 35 <213> *Homo sapiens*

 <400> 486
 uccgucucag uuacuuuaua gcc 23

 <210> 487
 <211> 24
 <212> ARN
 40 <213> *Homo sapiens*

 <400> 487
 45 ucucacacag aaaucgcacc cguc 24

 <210> 488
 <211> 21
 <212> ARN
 50 <213> *Homo sapiens*

 <400> 488
 ugcugacucc uaguccaggg e 21

 55 <210> 489
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> *Homo sapiens*

 60 <400> 489
 ugucugcccg caugccugcc ucu 23

 <210> 490
 <211> 22
 <212> ARN
 65 <213> *Homo sapiens*

	<400> 490 aaugcaccuu uagcaauggu ga	22
5	<210> 491 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
10	<400> 491 acauagagga aauccacgu uu	22
15	<210> 492 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
20	<400> 492 aauaaucacu gguugaucuu u	21
25	<210> 493 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
30	<400> 493 gccugcuggg guggaacgug g	21
35	<210> 494 <211> 21 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
40	<400> 494 gugccgccau cuuuugagug u	21
45	<210> 495 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
50	<400> 495 aaagugcugc gacauuugag cgu	23
55	<210> 496 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
60	<400> 496 acucaaaauug gggcgcuuu cc	22
65	<210> 497 <211> 23 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
70	<400> 497 gaagugcuuc gauuuugggg ugu	23
75	<210> 498 <211> 22 <212> ARN <213> <i>Homo sapiens</i>	
80	<400> 498 uuauaaucac accugauaag ug	22

REIVINDICACIONES

1. Un método para diagnosticar si un sujeto tiene cáncer de páncreas, próstata o estómago, que comprende:

5 medir el nivel de al menos un primer producto génico de miR-92-2 en una muestra de tejido de páncreas, próstata o estómago del sujeto, en el que una alteración en el nivel del primer producto génico de miR-92-2 en la muestra, en relación con el nivel del primer producto génico de miR-92-2 en una muestra de control, es indicativa de que el sujeto tiene cáncer de páncreas, próstata o estómago.

10 2. El método de la reivindicación 1, en el que un aumento en el nivel del primer producto génico de miR-92-2 se usa para diagnosticar cáncer **pancreático**.

15 3. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que el primer producto génico de miR y al menos un producto génico de miR adicional se usan para diagnosticar cáncer **pancreático**, seleccionándose al menos un producto génico de miR adicional entre el grupo que consiste en:

20 miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-128b, miR-199a-1, miR-24-1, miR-24-2, miR-146, miR-181b-1, miR-20a, miR-107, miR-32, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-221, miR-106a, miR-103-2, miR-103-1, miR-100, miR-125b-2, miR-125b-1, miR-23a, miR-26a-1, miR-125a, miR-130a, miR-26b, miR-145, miR-126*, miR-16-2, miR-99b, miR-155, miR-29a, miR-16-1, miR-99a, miR-224, miR-30d, miR-29c, miR-30b, miR-129-1/2, miR-197, miR-7-1, miR-93-1, miR-140, miR-30a-5p, miR-132, miR-152 prec, miR-23b, miR-222, miR-27a, miR-92-1, miR-129-1/2 prec, miR-150, miR-29b-1 y combinaciones de los mismos.

25 4. El método de la reivindicación 1, en el que un aumento en el nivel del primer producto génico de miR-92-2 se usa para diagnosticar cáncer de **próstata**.

30 5. El método de las reivindicaciones 1 o 4, en el que el primer producto génico de miR y al menos un producto génico de miR adicional se usa para diagnosticar cáncer de **próstata**, seleccionándose el al menos un producto génico adicional de miR entre el grupo que consiste en:

35 miR-21, miR-17-5p, miR-191, miR-29b-2, miR-223, miR-199a-1, miR-146, miR-181b-1, miR-20a, miR-32, miR-214, miR-30c, miR-25, miR-106a, let-7d, miR-128a prec, miR-195, miR-203, let-7a-2 prec, miR-34a, miR-218-2, miR-29a, miR-95, miR-197, miR-135-2, miR-187, miR-196-1, miR-148, let-7i, miR-198, miR-199a-2, miR-206, miR-184 prec, miR-29a prec, miR-149, miR-181b-1 prec, miR-196-1 prec, miR-93-1, miR-16-1, miR-101-1 prec, miR-124a-1, miR-26a-1, miR-27a, miR-24-1 y combinaciones de los mismos.

40 6. El método de la reivindicación 1, en el que un aumento en el nivel del primer producto génico de miR-92-2 se usa para diagnosticar cáncer de **estómago**.

7. El método de las reivindicaciones 1 o 6, en el que el primer producto génico de miR y al menos un producto génico de miR adicional se usa para diagnosticar cáncer de **estómago**, seleccionándose el al menos un producto génico adicional de miR entre el grupo que consiste en:

45 miR-21, miR-191, miR-223, miR-24-1, miR-24-2, miR-107, miR-214, miR-25, miR-221, miR-218-2, miR-103-2, miR-136, miR-125b-2, miR-103-1, miR-222, miR-212prec, miR-125b-1, miR-100, miR-92-1, miR-96, miR-192, miR-23a, miR-215, miR-7-2, miR-138-2, miR-99b, miR-24-1 y combinaciones de los mismos.

50 8. Un método para diagnosticar si un sujeto tiene cáncer de páncreas, próstata o estómago de acuerdo con la reivindicación 1, en el que medir el nivel del al menos un producto génico de miR-92-2 comprende:

(1) transcribir de forma inversa:

55 al menos un ARN de miR-92-2 de la muestra obtenida del sujeto para proporcionar al menos un oligodesoxinucleótido diana de miR-92-2; y

(2) hidridar:

60 el al menos un oligodesoxinucleótido diana de miR-92-2 con una microserie que comprende oligonucleótidos de sondas específicas de miARN que incluyen al menos un oligonucleótido sonda específico de ARN de miR-92-2 para proporcionar un perfil de hibridación para la muestra; y en la que determinar si hay una alteración en el nivel del primer producto génico de miR-92-2 en la muestra, en relación al nivel del primer producto génico de miR-92-2 en una muestra de control comprende:

65 (3) comparar:

el perfil de hibridación de la muestra de ensayo en relación a un perfil de hibridación generado de una muestra control, en donde una alteración en la señal de miR-92-2 es indicativa de que el sujeto tiene cáncer de páncreas, próstata o estómago.

Mama Colon Pulmón Páncreas Próstata Estómago

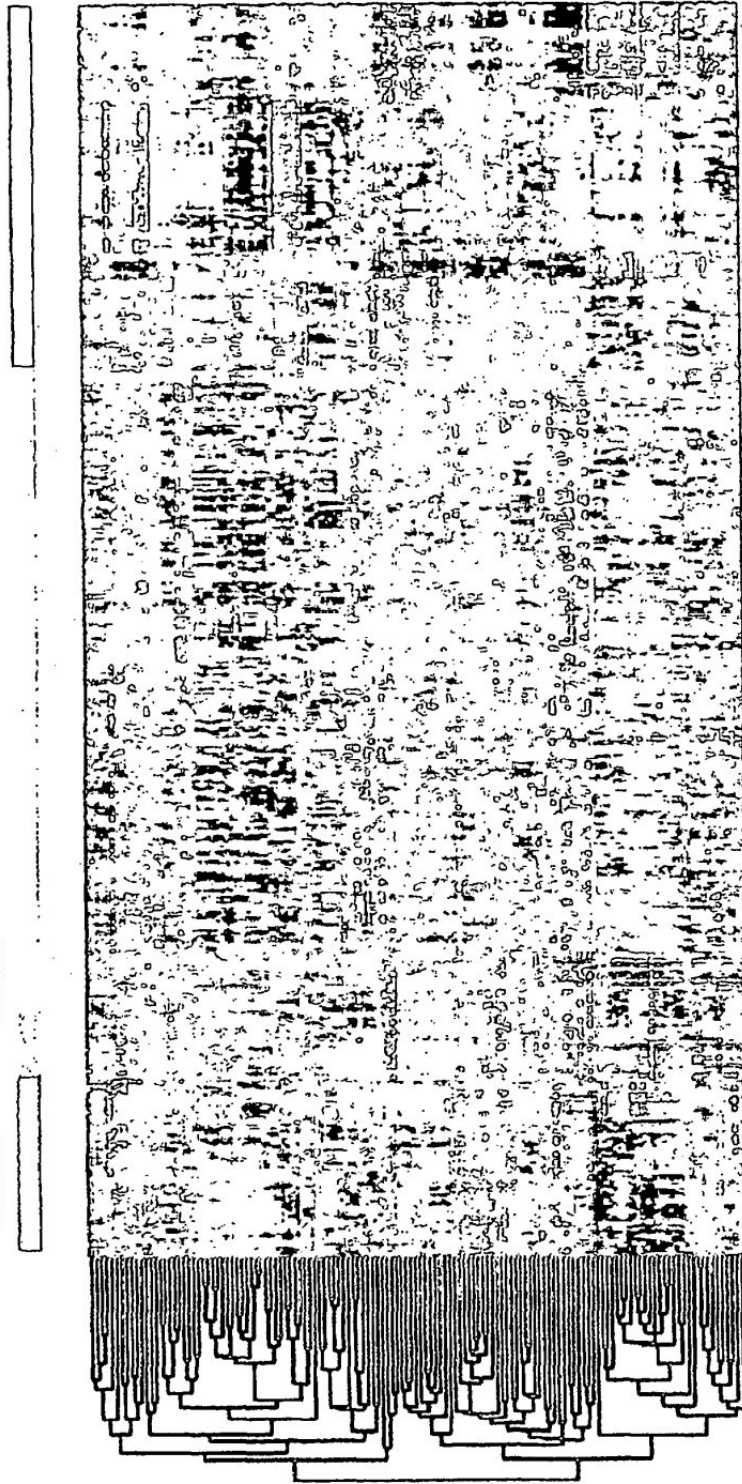


FIG. 1

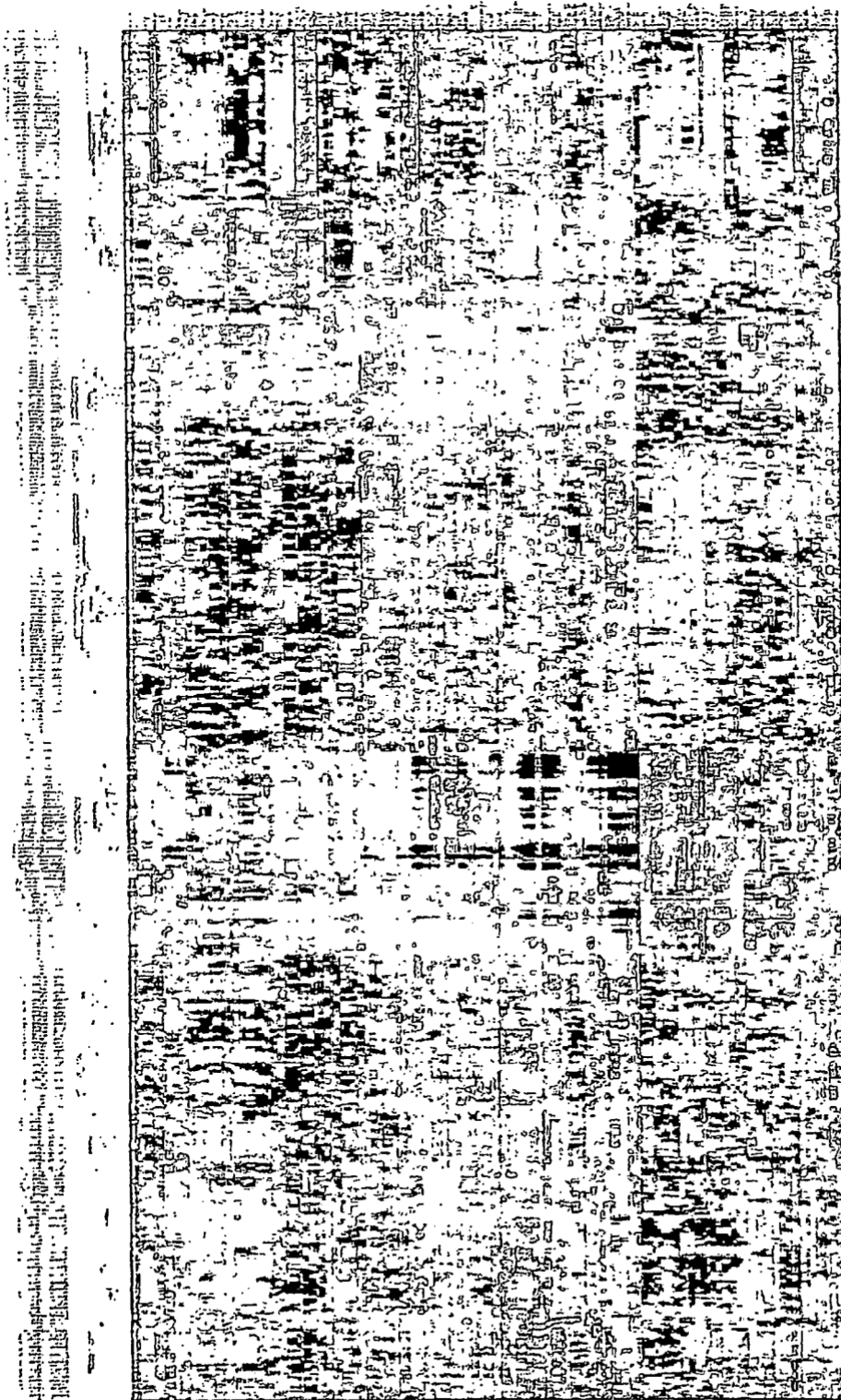


FIG. 2

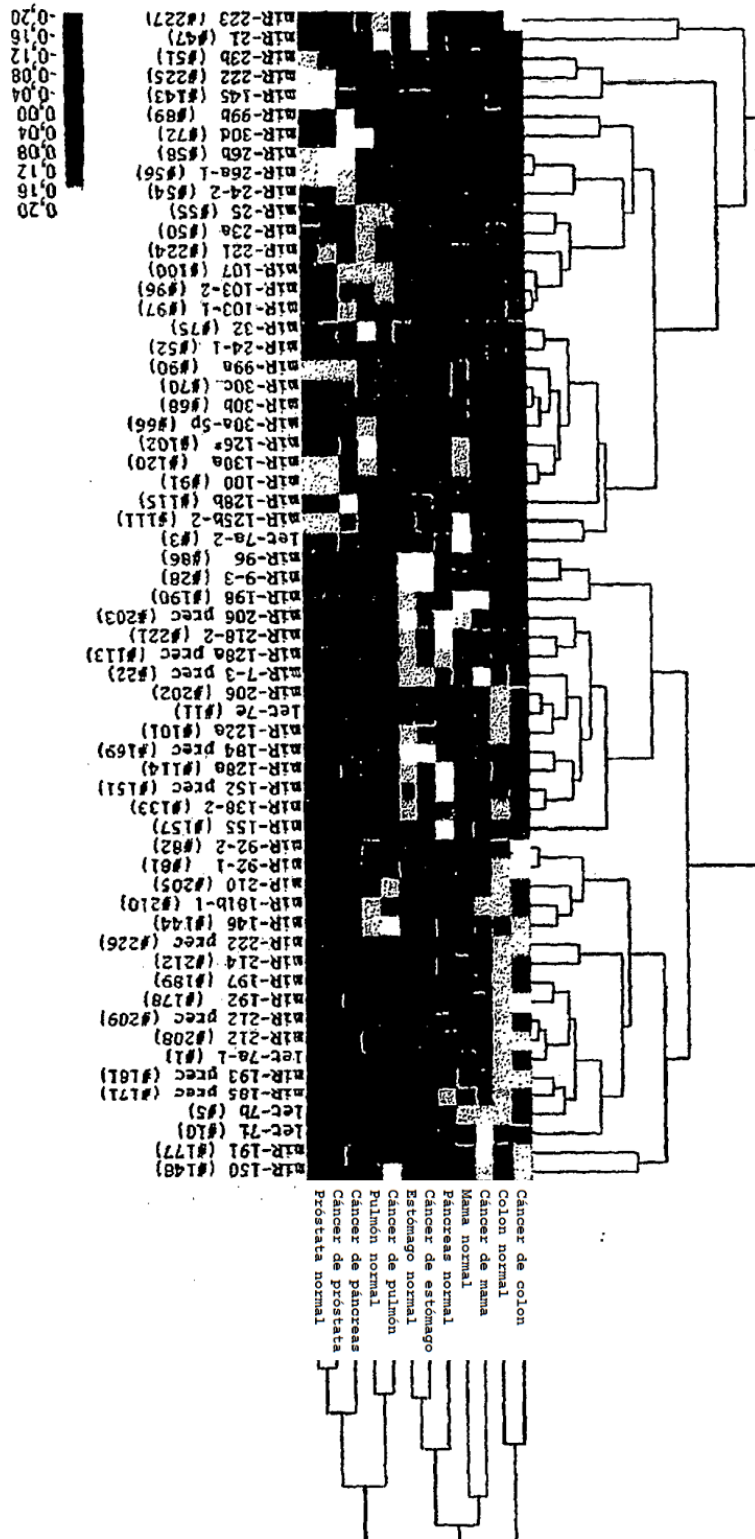


FIG. 3

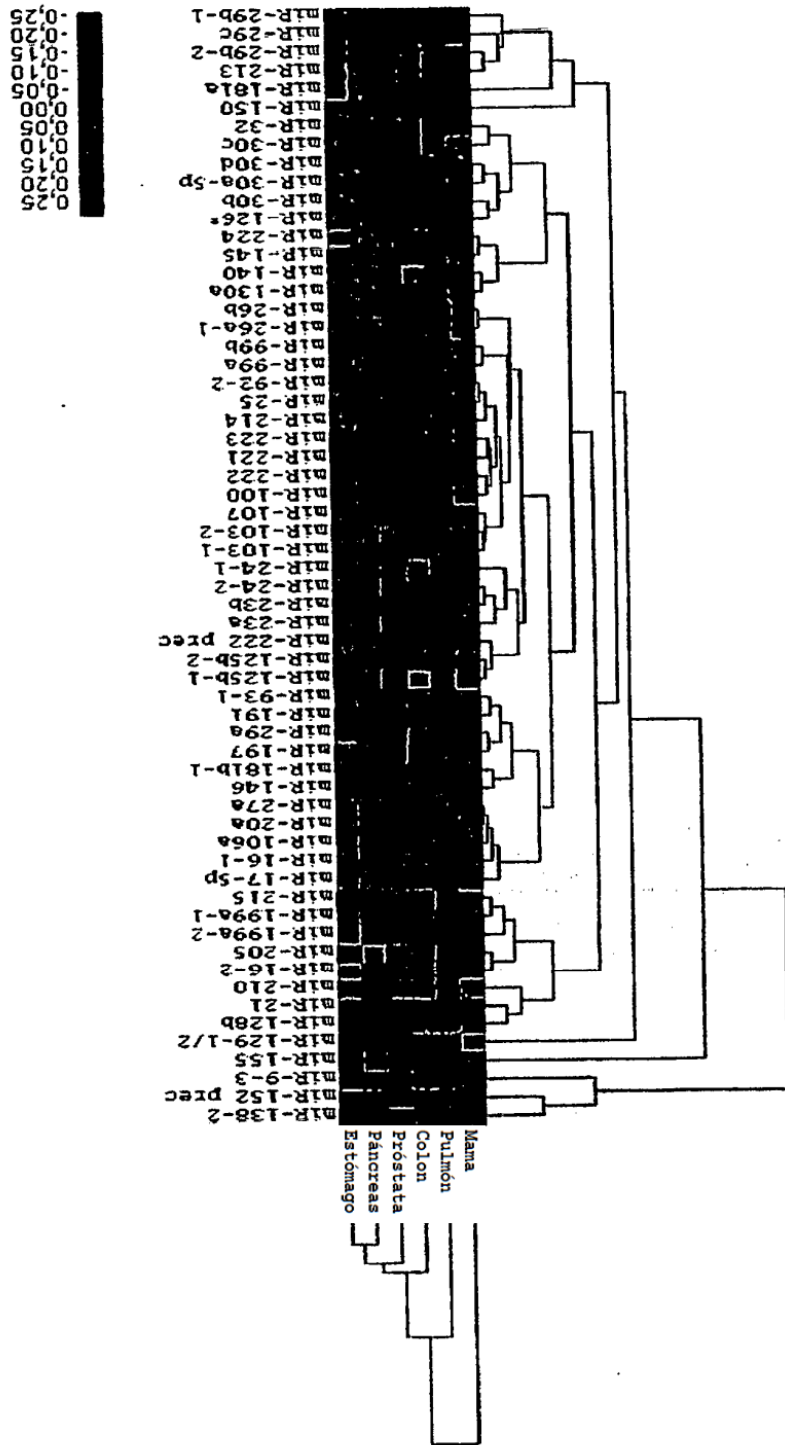


FIG. 4

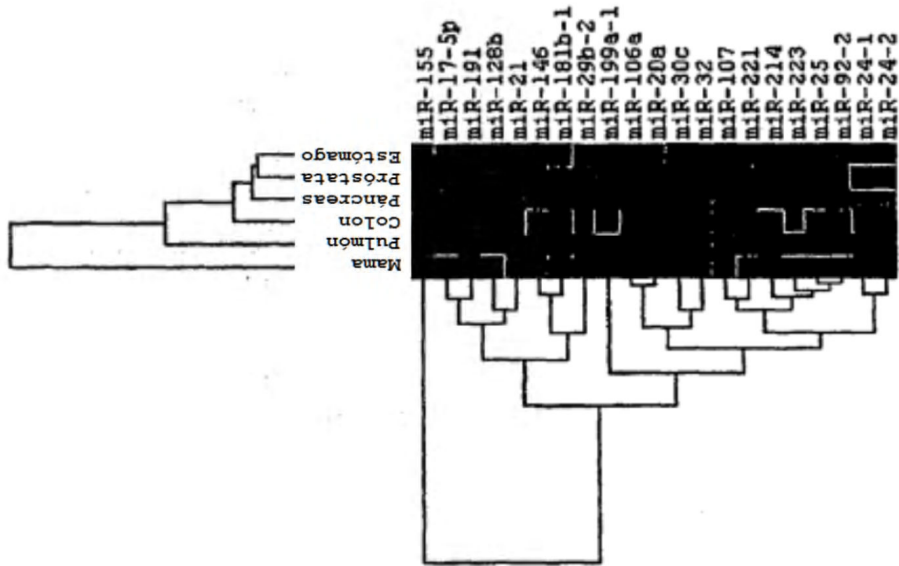


FIG. 5

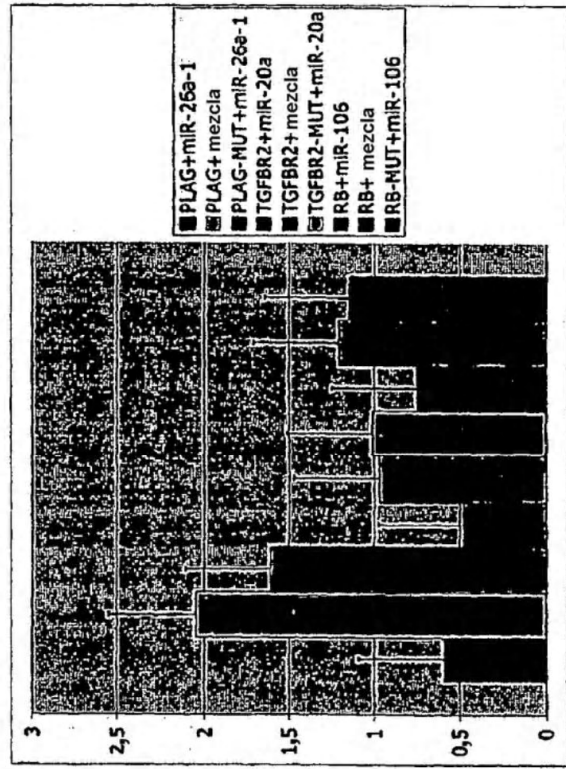
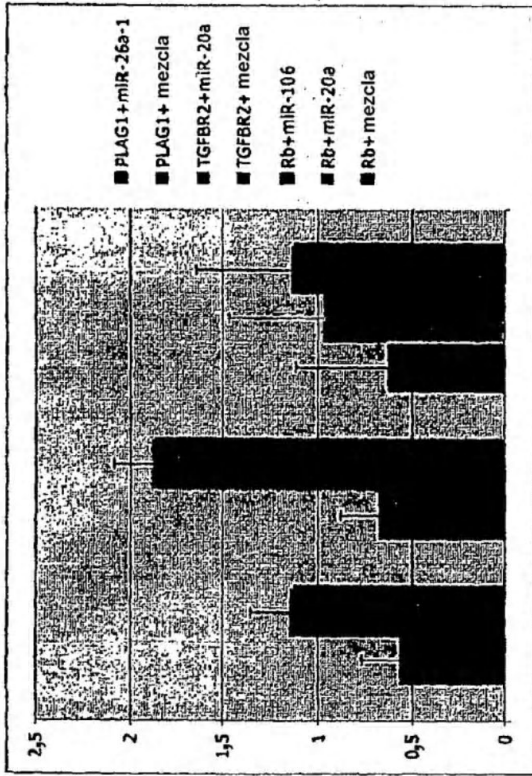


FIG. 6A



FIG. 6B

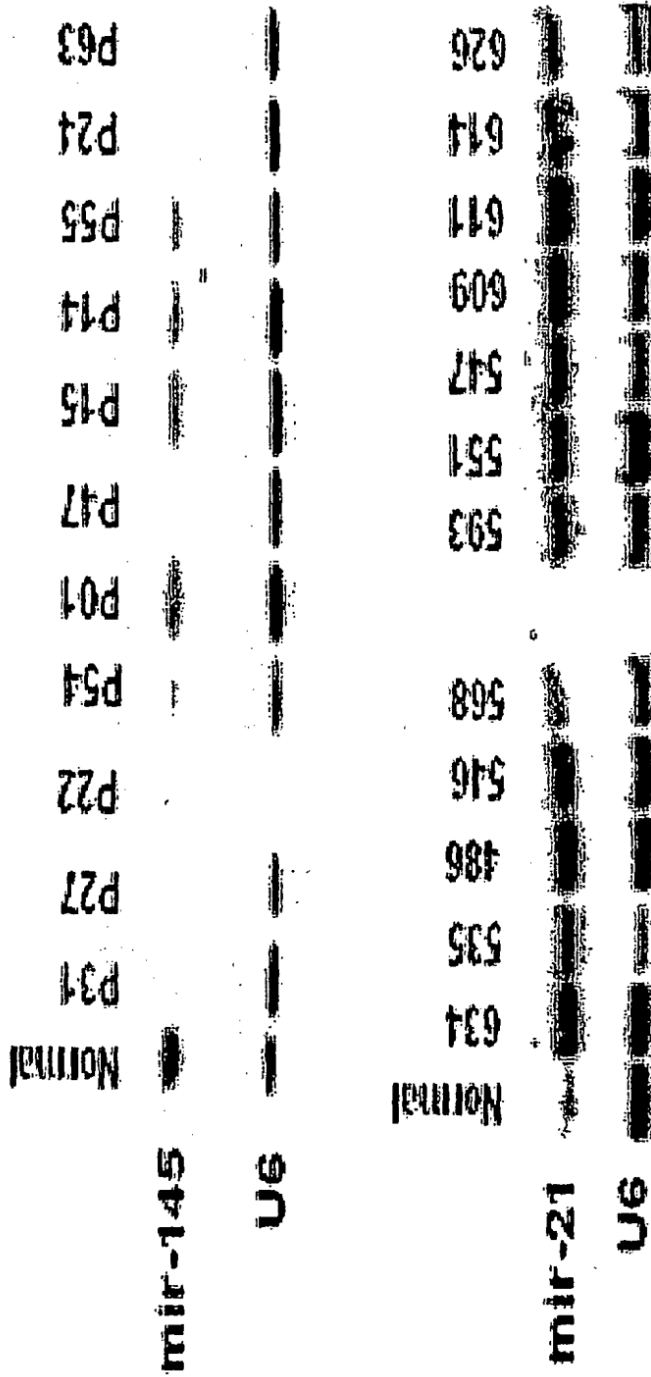


FIG. 7

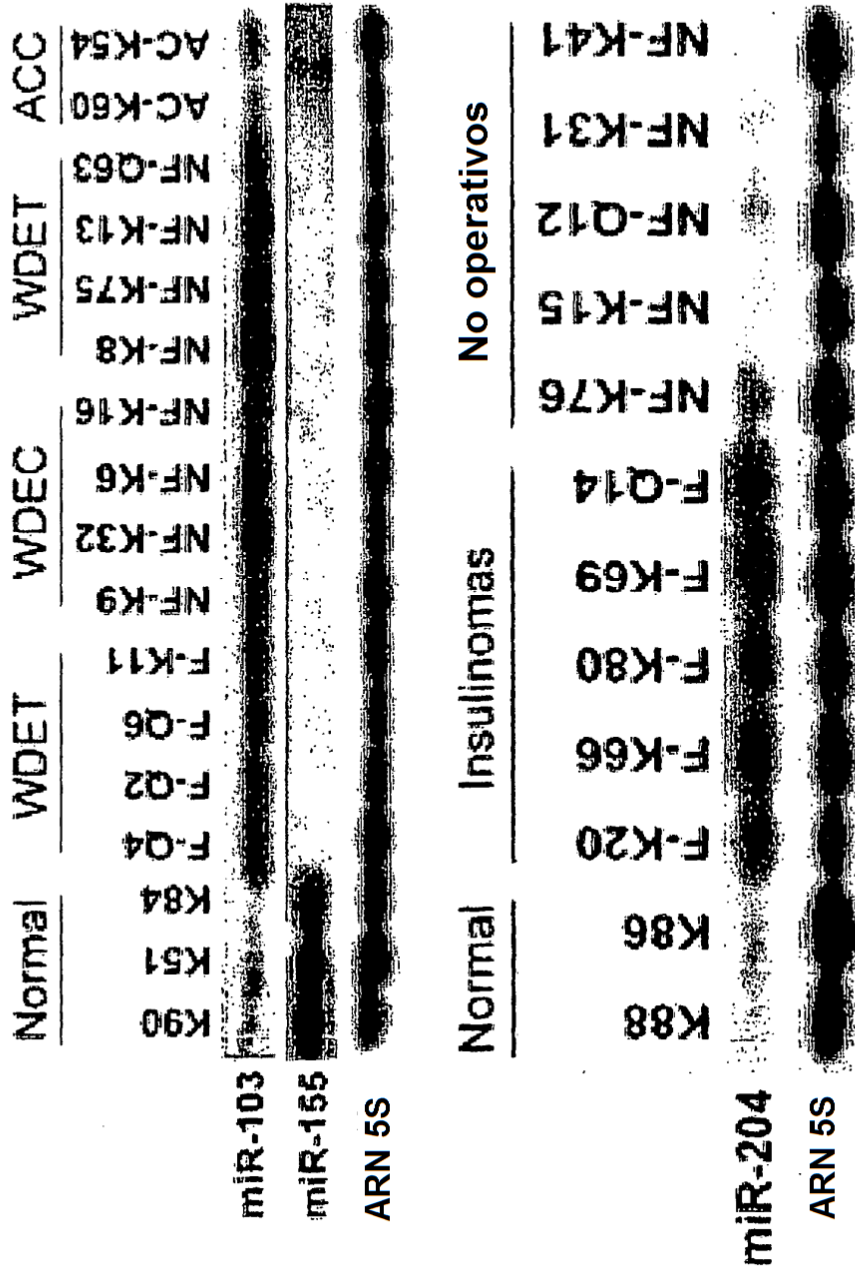


FIG. 8