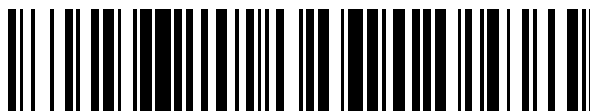


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 663 421**

51 Int. Cl.:

C12N 5/0735 (2010.01)

C12N 5/074 (2010.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **22.04.2009** E 13163321 (6)

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **31.01.2018** EP 2669366

54 Título: **Células pluripotenciales**

30 Prioridad:

24.04.2008 US 108872

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

12.04.2018

73 Titular/es:

JANSSEN BIOTECH, INC. (100.0%)
800/850 Ridgeview Drive
Horsham, PA 19044, US

72 Inventor/es:

REZANIA, ALIREZA

74 Agente/Representante:

IZQUIERDO BLANCO, María Alicia

ES 2 663 421 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).

Células pluripotenciales**DESCRIPCIÓN****5 Campo de la invención**

La presente invención proporciona un método para expandir células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo, que comprende los pasos de cultivar células bajo condiciones hipóxicas sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. La presente divulgación está dirigida a células madre pluripotenciales que pueden expandirse fácilmente en cultivo sobre poliestireno de cultivo de tejidos y no requieren una línea de células alimentadoras. La presente divulgación también proporciona métodos para derivar la línea de células madre pluripotenciales de células madre embrionarias humanas.

15 Antecedentes

Los avances en la terapia de reemplazo celular para la diabetes mellitus tipo I y la escasez de islotes de Langerhans trasplantables han centrado el interés en el desarrollo de fuentes de células productoras de insulina, o células β , apropiadas para el injerto. Un enfoque es la generación de células β funcionales a partir de células madre pluripotenciales, tales como, por ejemplo, células madre embrionarias.

Durante el desarrollo embrionario de los vertebrados, una célula pluripotencial da lugar a un grupo de células que comprenden tres capas germinales (ectodermo, mesodermo y endodermo) en un proceso conocido como gastrulación. Los tejidos tales como, por ejemplo, el tiroides, el timo, el páncreas, el intestino y el hígado, se desarrollarán a partir del endodermo, a través de una etapa intermedia. La etapa intermedia en este proceso es la formación de endodermo definitivo. Las células definitivas del endodermo expresan una serie de marcadores, tales como, HNF-3 beta, GATA-4, Mixl1, CXCR4 y SOX-17.

La formación del páncreas surge de la diferenciación de endodermo definitivo en el endodermo pancreático. Las células del endodermo pancreático expresan el gen homeobox duodenal-pancreático, PDX-1. En ausencia de PDX-1, el páncreas no logra desarrollarse más allá de la formación de yemas ventrales y dorsales. Por tanto, la expresión de PDX-1 marca una etapa crítica en la organogénesis pancreática. El páncreas maduro contiene, entre otros tipos de células, tejido exocrino y tejido endocrino. Los tejidos exocrinos y endocrinos surgen de la diferenciación del endodermo pancreático.

Las células que soportan las propiedades de las células de los islotes se han derivado, según se ha informado, de células embrionarias de ratón. Por ejemplo, Lumelsky *et al.* (Science 292:1389, 2001) señalan que la diferenciación de las células madre de embriones de ratón en estructuras secretoras de insulina es similar a la de los islotes pancreáticos. Soria *et al.* (Diabetes 49:157, 2000) señalan que las células secretoras de insulina derivadas de las células madre de embriones de ratón normalizan la glucemia en ratones con diabetes inducida por estreptozotocina.

En un ejemplo, Hori *et al.* (PNAS 99: 16105, 2002) divulgan que el tratamiento de las células madre de embriones de ratón con inhibidores de la fosfoinositido 3-quinasa (LY294002) produjo células que se parecían a las células β .

En otro ejemplo, Blyszczuk *et al.* (PNAS 100:998, 2003) informan que la generación de células productoras de insulina a partir de células madre de embriones de ratón expresan constitutivamente Pax4.

Micallef *et al.* informan que el ácido retinoico puede regular la implicación de las células madre embrionarias en la formación de endodermos pancreático positivo para PDX-1. El ácido retinoico es el más efectivo en la inducción de la expresión de PDX-1 cuando se añade a cultivos el día 4 de la diferenciación de la célula madre embrionaria, durante un período que se corresponde con el final de la gastrulación en el embrión (Diabetes 54:301, 2005).

Miyazaki *et al.* informan que una línea de células madre de embrión de ratón sobreexpresa PDX-1. Sus resultados muestran que la expresión exógena de PDX-1 potencia claramente la expresión de los genes de insulina, somatostatina, glucoquinasa, neurogenina 3, P48, Pax6 y HNF6 en las células diferenciadas resultantes (Diabetes 53: 1030, 2004).

Skoudy *et al.* informan que la activina A (un miembro de la superfamilia de TGF β) regula por aumento la expresión de los genes pancreáticos exocrinos (p48 y amilasa) y de los genes endocrinos (PDX-1, insulina y glucagón) en células madre de embrión de ratón. Se observó el máximo efecto utilizando activina A 1 nM. También se observó que el nivel de expresión de ARNm de insulina y PDX-1 no se veía afectados por el ácido retinoico; sin embargo, el tratamiento con FGF-7 3nM dio como resultado un incremento en el nivel de la transcripción de PDX-1 (Biochem. J. 379: 749, 2004).

Shiraki *et al.* estudiaron los efectos de los factores de crecimiento que potencian específicamente la diferenciación de las células madre embrionarias en el interior de las células positivas para PDX-1. Observaron que la

reproducibilidad de TGF β 2 producía una mayor proporción de células positivas para PDX-1 (Genes Cells. 2005 Jun; 10(6): 503–16.).

5 Gordon *et al.* demostraron la inducción de células del endodermo de +/HNF-3 beta+ a partir de células madre de embriones de ratón, en ausencia de suero y en presencia de activina, junto con un Inhibidor de la señalización de Wnt (documento US2006/0003446A1).

10 Gordon *et al.* (PNAS, Vol 103, página 16806, 2006) declara "se requirió la señalización simultánea de Wnt y TGF-beta/ nodal/ activina para la generación de la línea primitiva anterior."

Sin embargo, el desarrollo del modelo de células madre de embriones de ratón puede no imitar exactamente el programa de desarrollo en mamíferos superiores como, por ejemplo, los seres humanos.

15 Thomson *et al.* aislaron células madre embrionarias de blastocitos humanos (Science 282:114, 1998). Al mismo tiempo, Gearhart y colaboradores derivaron líneas de células germinales embrionarias humanas (hEG) a partir del tejido gonadal fetal (Shamblott *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:13726, 1998). A diferencia de las células madre embrionarias de ratón, a las que se puede impedir la diferenciación simplemente mediante el cultivo con el factor inhibidor de la leucemia (LIF), las células madre embrionarias humanas deben conservarse en condiciones muy especiales (patente de Estados Unidos n.º 6.200.806; documento WO 99/20741; documento WO 01/51616).

20 D'Amour *et al.* describen la producción de cultivos enriquecidos con endodermo definitivo derivado de células madre embrionarias de seres humanos en presencia de una elevada concentración de activina y baja de suero (D'Amour KA *et al.* 2005). El trasplante de estas células bajo la cápsula renal de los ratones dio como resultado la diferenciación en células más maduras con las características de algunos órganos endodérmicos. Las células de endodermo definitivo derivado de células madre embrionarias pueden diferenciarse adicionalmente en células positivas para PDX-1 tras la adición de FGF1 (documento US 2005/266554A1).

30 D'Amour *et al.* (Nature Biotechnology – 24, 1392 – 1401 (2006)) declaran "Hemos desarrollado un proceso de diferenciación que convierte las células madre embrionarias de humanos (hES) en células endocrinas capaces de sintetizar las hormonas pancreáticas: insulina, glucagón, somatostatina, polipéptido pancreático y grelina. Este proceso imita la organogénesis pancreática *in vivo* conduciendo las células a través de varias etapas que se parecen al endodermo definitivo, al endodermo del tubo intestinal, al endodermo pancreático y al precursor endocrino, en ruta hacia las células que expresan hormonas endocrinas".

35 En otro ejemplo, Fisk *et al.* señalan un sistema para producir células de los islotes pancreáticos a partir de células madre embrionarias humanas (documento US2006/0040387A1). En este caso, la vía de diferenciación se dividió en tres etapas. Primero, las células madre embrionarias humanas se diferenciaron en endodermo utilizando una combinación de butirato de sodio y activina A. A continuación, se cultivaron las células con antagonistas de TGF β , tal como Noggin combinado con EGF o betacelulina para generar células positivas para PDX-1. La diferenciación terminal se indujo con nicotinamida.

45 En un ejemplo, Benvenisty *et al.* declaran: "Concluimos que la sobreexpresión de PDX-1 potenciaba la expresión de los genes pancreáticos enriquecidos, que la inducción de la expresión de insulina puede requerir señales adicionales que solo están presentes *in vivo*" (Benvenisty *et al.*, Stem Cells 2006; 24:1923–1930).

Los métodos actuales para cultivar células madre embrionarias humanas requieren el uso de proteínas de la matriz extracelular o una capa de alimentación de fibroblastos, o la adición de factores de crecimiento exógenos, tales como, por ejemplo, bFGF.

50 En un ejemplo, Cheon *et al.* (BioReprod DOI: 10.1095/biolreprod.105.046870, 19 de octubre de 2005) divulgan un sistema de cultivo sin alimentador, sin suero, en el que se mantienen las células madre embrionarias en un medio de reemplazo de suero (SR) sin acondicionar suplementado con diferentes factores de crecimiento capaces de desencadenar la autorrenovación de células madre embrionarias.

55 En otro ejemplo, Levenstein *et al.* (Stem Cells 24: 568–574, 2006) divulgan métodos para el cultivo a largo plazo de células madre embrionarias humanas en ausencia de fibroblastos o medio acondicionado, utilizando medios suplementados con bFGF.

60 En otro ejemplo, el documento US20050148070 divulga un método para cultivar células madre embrionarias humanas en medios definidos sin suero y sin células alimentadoras de fibroblastos, comprendiendo el método: cultivar las células madre en un medio de cultivo que contiene albúmina, aminoácidos, vitaminas, minerales, al menos uno de transferrina o sustituto de transferrina, al menos una insulina o sustituto de insulina, el medio de cultivo esencialmente libre de suero fetal de mamífero y que contiene al menos aproximadamente 100 ng/ml de un factor de crecimiento de fibroblastos capaz de activar un receptor de señalización del factor de crecimiento de fibroblastos, en el que el factor de crecimiento se suministra a partir de una fuente distinta de una capa alimentadora de fibroblastos, soportando la proliferación de células madre en un estado indiferenciado sin células alimentadoras o

medio acondicionado.

5 En otro ejemplo, el documento US20050233446 divulga un medio definido útil en el cultivo de células madre, incluyendo células madre primordiales de primate no diferenciadas. En solución, el medio es sustancialmente isotónico en comparación con las células madre que se están cultivando. En un cultivo dado, el medio particular comprende un medio base y una cantidad de cada uno de bFGF, insulina y ácido ascórbico necesarios para soportar el crecimiento sustancialmente indiferenciado de las células madre primordiales.

10 En otro ejemplo, el documento US6800480 indica "En una realización, se proporciona un medio de cultivo celular para cultivar células madre primordiales derivadas de primates en un estado sustancialmente indiferenciado, que incluye un medio básico de baja presión osmótica y niveles bajos de endotoxina, que es eficaz para soportar el crecimiento de células madre primordiales derivadas de primates. El medio básico se combina con un suero nutriente eficaz para soportar el crecimiento de células madre primordiales derivadas de primates y un sustrato seleccionado del grupo que consiste en células alimentadoras y un componente de matriz extracelular derivado de células alimentadoras. El medio incluye además aminoácidos no esenciales, un antioxidante y un primer factor de crecimiento seleccionado del grupo que consiste en nucleósidos y una sal de piruvato."

20 En otro ejemplo, el documento US20050244962 indica: En un aspecto, la invención proporciona un método para cultivar células madre embrionarias de primate. Se cultivan las células madre en un cultivo esencialmente libre de suero fetal de mamífero (preferentemente, también esencialmente libre de cualquier suero animal) y en presencia de factor de crecimiento de fibroblastos que se suministra a partir de una fuente que distinta de solo la capa alimentadora de fibroblastos. En una forma preferida, la capa alimentadora de fibroblastos, previamente requerida para sostener un cultivo de células madre, se hace innecesaria mediante la adición de suficiente factor de crecimiento de fibroblastos.

25 En un ejemplo adicional, el documento WO2005065354 describe un medio de cultivo isotónico definido que está esencialmente libre de alimentación y exento de suero, que comprende: a. un medio basal; b. una cantidad de bFGF suficiente para soportar el crecimiento de células madre de mamífero sustancialmente indiferenciadas; c. una cantidad de insulina suficiente para soportar el crecimiento de células madre de mamífero sustancialmente indiferenciadas; y d. una cantidad de ácido ascórbico suficiente para soportar el crecimiento de células madre de mamíferos sustancialmente indiferenciadas.

30 En otro ejemplo, el documento WO2005086845 describe un método para el mantenimiento de una célula madre indiferenciada, comprendiendo dicho método exponer una célula madre a un miembro de la familia de proteínas del factor de crecimiento transformante-beta (TGF β), un miembro de la familia de proteínas del factor de crecimiento de fibroblastos (FGF), o nicotinamida (NIC) en una cantidad suficiente para mantener la célula en un estado indiferenciado durante un tiempo suficiente para conseguir el resultado deseado.

40 Además, la formación de las células pancreáticas endocrinas, células que expresan hormona pancreática o células que secretan hormona pancreática a partir de células embrionarias humanas puede requerir manipulación genética de las células madre embrionarias humanas. La transfección de células madre embrionarias humanas utilizando técnicas tradicionales, tales como, por ejemplo, lipofectamina o electroporación, es ineficiente.

45 El documento WO2007027157 divulga un método que comprende: (a) proporcionar una célula madre embrionaria (ES); y (b) establecer una línea de células progenitoras de la célula madre embrionaria, en la que se selecciona la línea de células progenitoras basándose en su capacidad de auto-renovación. Preferentemente, el método selecciona contra células somáticas basándose en su incapacidad de auto-renovación. Preferentemente, la línea de células progenitoras deriva o se establece en ausencia de co-cultivo, preferentemente en ausencia de células alimentadoras, que selecciona, preferentemente, contra las células madre embrionarias. Opcionalmente, el método 50 comprende (d) derivar una célula diferenciada de la línea de células progenitoras.

55 En consecuencia, sigue existiendo una necesidad significativa de desarrollar condiciones que permitan establecer líneas de células madre pluripotenciales que puedan expandirse para abordar las necesidades clínicas actuales, al tiempo que retienen el potencial para su diferenciación en células endocrinas pancreáticas, células que expresan hormona pancreática o células que secretan hormona pancreática.

Sumario

60 La invención proporciona un método para expandir células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo, que comprende los pasos de: cultivar las células bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular.

65 En una realización, la presente invención proporciona un método para expandir células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo, que comprende los pasos de cultivar las células bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. En una realización, las células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo se

derivan de células pluripotenciales formadas por los métodos de la presente invención.

5 La células pueden cultivarse bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular, en medio que contiene suero, activina-A, ligando de Wnt, un inhibidor de GSK-3B, y/o IGF-1.

10 Las células pueden ser células madre embrionarias humanas, o pueden ser células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo. Las células madre embrionarias humanas pueden cultivarse en condiciones normóxicas antes de cultivar las células sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. Alternativamente, las células madre embrionarias humanas pueden cultivarse en condiciones hipóxicas.

15 Las células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo pueden cultivarse en condiciones normóxicas antes de cultivar las células sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. Alternativamente, las células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo pueden cultivarse en condiciones hipóxicas.

20 La presente divulgación proporciona una población de células con características de células madre embrionarias humanas, que se pueden expandir fácilmente en cultivo, con poco suero, que no requieren ninguna línea celular alimentadora o un recubrimiento de proteínas de la matriz complejas, pueden pasarse en una suspensión celular individual, se puede transfectar con una eficacia muy alta y se cultivan en condiciones de hipoxia. Esta combinación de atributos únicos separa las células descritas en la presente divulgación de las de la técnica anterior.

25 La presente divulgación también proporciona un método para derivar una población de células que comprende células que expresan marcadores de pluripotencia, que comprende las etapas de:

- a. Obtener células y
- b. Cultivar las células en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular antes de cultivar las células.

30 Las células pueden ser células madre embrionarias humanas o pueden ser células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo. Las células madre embrionarias humanas pueden cultivarse en condiciones de normoxia antes de cultivar las células en un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. Como alternativa, las células madre embrionarias humanas pueden cultivarse en condiciones de hipoxia.

35 Las células madre embrionarias humanas pueden cultivarse en condiciones de normoxia antes de cultivar las células en un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular y se tratan con un inhibidor de la Rho quinasa. Como alternativa, las células madre embrionarias humanas se pueden cultivar en condiciones de hipoxia y tratarse con un inhibidor de la Rho quinasa.

40 Las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo pueden cultivarse en condiciones de normoxia antes de cultivar las células en un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. Como alternativa, las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo se pueden cultivar en condiciones de hipoxia.

45 La presente divulgación también proporciona un método para derivar una población de células que comprende células que expresan marcadores de pluripotencia, que comprende las etapas de:

- a. cultivar células madre embrionarias humanas,
- b. diferenciar las células madre embrionarias humanas en células que expresan marcadores característicos de células del endodermo definitivo, y
- c. eliminar las células y, después, cultivarlas en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular antes de cultivar las células.

50 Las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, activina A y un ligando Wtn. Como alternativa, las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, activina A, un ligando Wtn e IGF-1.

60 Las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, un inhibidor de la Rho quinasa, activina A y un ligando Wtn. Como alternativa, las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, un inhibidor de la Rho quinasa, activina A, un ligando Wtn e IGF-1.

La presente divulgación también proporciona un método para derivar una población de células que comprende células que expresan marcadores de pluripotencia, que comprende las etapas de:

- 5 a. cultivar células madre embrionarias humanas, y
- b. eliminar las células y, después, cultivarlas en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular.

10 Las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, activina A y un ligando Wtn. Como alternativa, las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, activina A, un ligando Wtn e IGF-1.

15 Las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, un inhibidor de la Rho quinasa, activina A y un ligando Wtn. Como alternativa, las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, un inhibidor de la Rho quinasa, activina A, un ligando Wtn e IGF-1.

20 Las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas por los métodos de la presente divulgación son capaces de expandirse en cultivo en condiciones hipóxicas, sobre sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular.

25 Breve descripción de las figuras

La **Figura 1** muestra la expresión de CXCR4 (CD 184, eje Y) y CD9 (eje X) en células de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 54 que se han diferenciado en endodermo definitivo después del tratamiento con concentraciones bajas de suero + activina-A + WNT-3A durante 4 días.

30 La **Figura 2** muestra el análisis de PCR en tiempo real de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 54 el día 4 y 6 del protocolo de diferenciación de endodermo definitivo indicado en el Ejemplo 5. Panel a) representa la expresión de AFP, Bry, CXCR4, GSC y SOX-7. Panel b) representa la expresión de SOX-17, GATA-4, y HNF-3 beta.

35 La **figura 3** muestra el protocolo de aislamiento utilizado para derivar células EXPRES a partir de células madre embrionarias de acuerdo con los métodos de la presente invención.

La **Figura 4** muestra la morfología de las células EXPRES expandidas a PO, el día 11, que se cultivaron en 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de activina-A (Panel a) o 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A (Panel b). El panel c muestra la morfología de las células EXPRES en el pase 3.

40 La **Figura 5** muestra el análisis de PCR en tiempo real de células EXPRES expandidas cultivadas en 2-5 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A durante tres pases. El panel a) representa la expresión de AFP, Bry, CXCR4, GSC y SOX-7. El panel b) representa la expresión de SOX-17, GATA-4 y HNF-3 beta.

45 La **Figura 6** muestra el efecto de la adición de Wnt-3A en la expresión génica en las células EXPRES. El panel a) representa la PCR en tiempo real de la expresión de SOX-17, GATA-4 y HNF-3 beta. El panel b) representa la PCR en tiempo real de la expresión de AFP, Bry, CXCR4, GSC y SOX-7.

La **Figura 7** muestra el efecto de la adición de IGF-1, Wnt-3A y activina-A sobre la expresión génica en las células EXPRES. El panel a) representa la PCR en tiempo real de la expresión de SOX-17, GATA-4 HNF-3 beta, Bry, CXCR4 y GSC. El panel b) representa la PCR en tiempo real de la expresión de SOX-7 y AFP. El panel c) representa la PCR en tiempo real de la expresión de OCT-4.

50 La **Figura 8** muestra la morfología de las células EXPRES expandidas derivadas de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 54, cultivadas en a) 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A, b) 2 % de FBS + DMEMF 12 + 100 ng/ml de AA, c) 2 % de FBS + DMEMF-12 + 50 ng/ml de IGF-I.

55 La **Figura 9** muestra el potencial de expansión de las células EXPRES 01 y 02 cultivadas en poliestireno de cultivo de tejidos en condiciones de hipoxia. Las células EXPRES 01 se cultivó en 2 % de FBS + DM-F 12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I y las células EXPRES 02 se cultivaron en 2 % de FBS + DM-F 12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de Wnt-3A.

60 La **Figura 10** muestra la morfología de las células EXPRES derivadas de una suspensión de células individuales de células ES no diferenciadas sobre TCPS (poliestireno de cultivo de tejidos) en DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml AA + 20 ng/ml de WNT3A + 50 ng/ml de IGF-I.

65 La **Figura 11** muestra la expresión proteica determinada mediante FACS en las células EXPRES 01 en las células de pase 24. El panel a) muestra los niveles de expresión de E-cadherina, el panel b) muestra los niveles de expresión de CXCR4, el panel c) muestra los niveles de expresión de CD9, el panel d) muestra los niveles de expresión de CDI 17, el panel e) muestra los niveles de expresión de CD30, el panel f) muestra los niveles de expresión del receptor LIF, el panel g) muestra los niveles de expresión de TRA 1-60, el panel h) muestra los niveles de expresión de TRA 1-81, el panel i) muestra los niveles de expresión de SSEA-I, el panel j) muestra los

niveles de expresión de SSEA-3, el panel k) muestra los niveles de expresión de SSEA-4 y el panel l) muestra los niveles de expresión de CD56.

La **Figura 12** muestra la expresión proteica determinada mediante FACS en las células EXPRES 02 en las células de pase 21.

El panel a) muestra los niveles de expresión de E-cadherina, el panel b) muestra los niveles de expresión de CXCR4, el panel c) muestra los niveles de expresión de CD9, el panel d) muestra los niveles de expresión de CDI 17, el panel e) muestra los niveles de expresión de CD30, el panel f) muestra los niveles de expresión del receptor LIF, el panel g) muestra los niveles de expresión de TRA 1-60, el panel h) muestra los niveles de expresión de TRA 1-81, el panel i) muestra los niveles de expresión de SSEA-I, el panel j) muestra los niveles de expresión de SSEA-3, el panel k) muestra los niveles de expresión de SSEA-4 y el panel l) muestra los niveles de expresión de CD56.

La **Figura 13** muestra imágenes inmunofluorescentes de las células EXPRES 01 en el pase 10 cultivadas en 2.5 de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF I. Panel a) Imagen DAPI para el panel b, panel b) Nanog, panel c) tinción conjunta de DAPI (azul) y Oct-4 (verde), panel d) imagen DAPI para el panel e, panel e) SOX-2 y panel f) tinción conjunta de DAPI (azul) y HNF-3 beta (verde).

La **Figura 14** muestra imágenes inmunofluorescentes de las células EXPRES 02 en el pase 9 cultivadas en 2 % de FBS + DMEM-F 12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A. Panel a) imagen DAPI para el panel b, panel b) HNF3B, panel c) imagen DAPI para el panel d, panel d) OCT-4, panel e) imagen DAPI para el panel f, panel f) SOX-2, panel g) imagen DAPI para el panel h, panel h) NANOG.

La **Figura 15** muestra la expresión génica según lo determinado mediante PCR en tiempo real para las células EXPRES 01, las células EXPRES 02, EB derivadas de células H9, SA002 cultivadas en MATRIGEL en MEF-CM y células H9 no diferenciadas cultivadas en MATRIGEL en MEF-CM. Todos los niveles de expresión se normalizan a células H9 no diferenciadas. El panel A) muestra la expresión de SOX-1, el panel b) muestra la expresión de FOXD3, MYOD1, POU5F1 y ZFP42, el panel c) muestra la expresión de ABCG2, conexina 43, conexina 45, y citoqueratina 15, el panel d) muestra la expresión de SOX-2, UTF1 y vimentina, el panel e) muestra la expresión de GATA-2, Brachyury, de TERT, y tubulina-beta III, el panel f) muestra la expresión de CFC1, y GATA-4, el panel g) muestra la expresión de AFP y FOXA2 y el panel h) muestra la expresión de IPF1A y MSX1.

La **Figura 16** muestra la expresión, determinada mediante FACS de CXCR4 (eje Y) y CD9 (eje x) en a) células EXPRES 01 células de pase 5 cultivadas en poliestireno de cultivo de tejido en medio de crecimiento y, después, se cambiaron a DMEM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A y 20 ng/ml de WNT3A durante 2 días, seguido de 2 días adicionales en DMEM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A, b) células EXPRES 02 células de pase 4 cultivadas en poliestireno de cultivo de tejidos en medio de crecimiento y, después, se cambiaron a DMEM-F 12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A y 20 ng/ml de WNT3A durante 2 días, seguido de 2 días adicionales en DMEM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A.

La **Figura 17** muestra la expresión génica determinada mediante PCR en tiempo real en a) células EXPRES 01 y b) células EXPRES 02 tratadas con bajas concentraciones de suero más AA + WNT3a.

La **Figura 18** muestra imágenes inmunofluorescentes de células EXPRES 01 en el pase 5 cultivadas en 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I y, después, se cambiaron a DMEM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A y 20 ng/ml de WNT3A durante 2 días, seguido de 2 días adicionales en DMEM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A. Panel a) imagen de DAPI para el panel b, panel b) GATA-4, panel c) imagen de DAPI para el panel d, panel d) SOX-17, panel e) imagen DAPI para el panel f, panel f) HNF-3 beta, panel g) imagen DAPI para el panel h y panel h) OCT-4.

La **Figura 19** muestra imágenes inmunofluorescentes de células EXPRES 02 en el pase 4 cultivadas en 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A y, después, se cambiaron a DMEM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A y 20 ng/ml de WNT3A durante 2 días, seguido de 2 días adicionales en DMEM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A. Panel a) imagen de DAPI para el panel b, panel b) GATA-4, panel c) imagen de DAPI para el panel d, panel d) SOX-17, panel e) imagen DAPI para el panel f, panel f) HNF-3 beta, panel g) imagen DAPI para el panel h y panel h) OCT-4.

La **Figura 20** muestra la expresión proteica determinada mediante FACS de CXCR4 (eje Y) y CD9 (eje x) para a) las células EXPRES 01 en las células de pase 19 y b) células EXPRES 02 en las células del pase 14 cultivadas en poliestireno de cultivo de tejidos en medio de crecimiento y, luego, se cambiaron a DMEM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A + 100 nM de inhibidor IX de GSK-3B y 20 ng/ml de WNT3A durante 4 días.

La **Figura 21** muestra imágenes inmunofluorescentes de las células EXPRES 01 en el pase 19 cultivadas en 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I y células EXPRES 02 en el pase 14 cultivadas en 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A y, después, se cambiaron a DMEM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A + inhibidor de GSK-3B 100 nM y 20 ng/ml de WNT3A durante 5 días. Panel a) imagen de DAPI para el panel d panel b, panel b) HNF-3 beta, panel c) imagen de DAPI para el panel d, panel d) imagen de GATA-4, panel e) imagen de DAPI para el panel f, panel f) SOX-17, panel g) imagen de DAPI para el panel h, panel h) HNF-3 beta, panel i) imagen de DAPI para el panel j) panel j, GATA-4, panel k), imagen de DAPI para el panel l) SOX-17.

La **Figura 22** muestra la expresión génica determinada por los datos de PCR en tiempo real para a) células EXPRES 01 y EXPRES 02 tratadas con bajas concentraciones de suero más AA + WNT3A + inhibidor IX de GSK-3B durante 5 días. El panel a muestra la expresión de AFP, Brachyury, CDX2, Moxl, OCT3/4, SOX-7 y ZIC1 y el panel b muestra los niveles de expresión de CXCR4, GATA-4, Goosecoid, HNF3B y SOX-17.

La **Figura 23** muestra la expresión génica determinada mediante PCR en tiempo real para células EXPRES 01 sembradas en 5000-40000 células/cm en poliestireno de cultivo de tejidos en medio de crecimiento y, después,

se cambian a DMEM-F 12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml AA + 20 ng/ml de WNT3A + inhibidor IX de GSK-3B 100 nM durante cuatro días en condiciones de hipoxia. El panel a representa los niveles de expresión de AFP, Brachyury, SOX-7 y OTX2. El panel b representa los niveles de expresión de CXCR4, HNF-3 beta, GATA-4, SOX-17 Cerb, y GSC.

5 La **Figura 24** muestra los resultados de un ensayo de longitud de los telómeros en células de control con bajas concentraciones de telómeros (carril 1), células EXPRES 01 en el pase 24 (carril 2), células EXPRES 02 en el pase 17 (carril 3), células indiferenciadas de la línea de células madre embrionarias humanas H1 en el pase 40 (carril 4) y células control de longitud larga de telómeros (carril 5).

10 La **Figura 25** muestra la expresión génica determinada por los datos de PCR en tiempo real para células EXPRES 01 células en el paso 21 que se han diferenciado en células del endodermo del intestino anterior (S3), células de endodermo pancreático (S4) y células endocrinas pancreáticas (S5).

15 La **Figura 26** muestra imágenes inmunofluorescentes de las células EXPRES 01 en el paseo 35 cultivadas de acuerdo Ejemplo 18. Panel a) imagen de DAPI para el panel b, panel b) Anti-tripsina 1, panel c) HNF-3 beta en albúmina verde en rojo, panel d) albúmina en rojo y DAPI (azul), panel e) imagen de DAPI para el panel f, panel f) PDX-1, panel g) imagen de DAPI para el panel h) panel h) SOX-17, panel i) imagen de DAPI para el panel j, panel j) CDX-2.

20 La **Figura 27** muestra gráficos de dispersión de datos de micromatrices que comparan, panel a) células EXPRES 01 (eje y) a células no diferenciadas de la línea de células madre embrionarias humanas H9 (eje x), panel b) células EXPRES 02 (eje y) a las células no diferenciadas de la línea de células madre embrionarias humanas H9 (eje x), panel c) células EXPRES 01 (eje y) a células EXPRES 02 (eje x), panel d) células EXPRES 01 (eje y) a células de la H9 línea de células madre embrionarias humanas que se han diferenciado en endodermo definitivo (eje x), panel e) células EXPRES 02 (eje y) a células de la línea de células madre embrionarias humanas H9 que se han diferenciado en endodermo definitivo (eje x), panel f) células indiferenciadas a partir de la línea de células madre embrionarias humana H9 (eje y) a células de línea de células madre embrionarias humanas H9 que se han diferenciado en endodermo definitivo (eje x).

25 La **Figura 28** muestra la morfología de los cuerpos EB formados por las células EXPRES 01.

30 La **Figura 29** muestra la expresión génica determinada mediante PCR en tiempo real para las células de la línea celular EXPRES 01, las células de la línea celular EXPRES 02 y las células de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 43, después de cinco semanas de trasplante debajo de la cápsula renal de ratones NOD-SCID. Los paneles a-e muestran marcadores del mesodermo. Los paneles f y g muestran marcadores del ectodermo. Los paneles h e i muestran marcadores del endodermo. El panel j muestra marcadores de endodermo embrionario adicionales. Los paneles k-m muestran marcadores de pluripotencia.

35 La **Figura 30** muestra el estado de proliferación y del ciclo celular de las células EXPRES 03, determinado mediante incorporación de BrdU. Las células EXPRES 03 se cultivaron en 2 % de FBS/DMEM/F12, complementado con, panel a) activina-A (100 ng/ml) y wnt3a (20 ng/ml), panel b) activina-A (100 ng/ml) y wnt3a (20 ng/ml) e IGF (50 ng/ml). Otras células mostradas incluyen, panel c) células hES (H9p43), panel d) células de líquido amniótico (AFDX002) y panel e) células MEF tratadas con mitomicina. Panel f) muestra la frecuencia de las células en fase S, fases G1 y G2/M del ciclo celular para diferentes poblaciones de células estudiadas.

40 La **Figura 31** muestra la eficiencia de la transfección y la expresión de EGFP en las células EXPRES 01 y las células madre embrionarias humanas sembradas como dispersiones de células individuales o grupos de células. Se analizaron las células 24 horas más tarde mediante microscopia de fluorescencia y citometría de flujo. El panel A) muestra los datos obtenidos de las células EXPRES 01. El panel B) muestra los datos obtenidos a partir de dispersiones de células individuales de células madre embrionarias humanas y el panel C) muestra los datos obtenidos a partir de grupos de células de células madre embrionarias humanas.

45 La **Figura 32** muestra las lecturas promedio de DO que representan la actividad de la enzima deshidrogenasa frente al número de células medida mediante el ensayo de MTS para a) células EXPRES 01 cultivadas en oxígeno atmosférico (aproximadamente 21 %), b) células EXPRES 01 cultivadas en 3 % de O₂, c) células EXPRES 02 cultivadas en oxígeno atmosférico (aproximadamente 21 %), d) células EXPRES 02 cultivadas en condiciones de 3 % de O₂.

50 La **Figura 33** muestra la expresión génica determinada mediante PCR en tiempo real para las células EXPRES 01 P27 sembradas a 10.000 células/cm² en poliestireno de cultivo tisular en DMEMF12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT3A + inhibidor IX de GSK-3B 100 nM. El panel a representa los niveles de expresión de AFP, Brachyury, SOX-7 y OTX2. El panel b representa los niveles de expresión de CXCR4, HNF-3 beta, GATA-4, SOX-17 Cer1 y GSC.

55 La **Figura 34** muestra la expresión proteica de CXCR4 (eje y) y CD9 (eje x), determinado mediante FACS para las células EXPRES 01 P27 cultivadas en poliestireno de cultivo de tejido en DMEM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT3A + inhibidor IX de GSK-3B 100 nM para tres pases.

60 La **Figura 35** muestra los efectos de la transfección del ARNip sobre la expresión de GSK-3B y beta-catenina. Las células EXPRES se analizaron mediante microscopia de fluorescencia y métodos de RT-PCR cuantitativa. A) Microscopia de fluorescencia de las células transfectadas con i) ARNip marcado con CY3 y ii) ARNip marcado con fluoresceína. B) Atenuación de genes diana expresada como el % de actividad restante en las células transfectadas con i) GSK3b y ii) secuencias de oligo-ARNip beta-catenina.

La **Figura 36** muestra el cariotipo de dos líneas celulares derivadas mediante métodos de la presente invención. Panel a: Línea celular EXPRES 01. Panel b: Línea celular EXPRES 02.

65 La **Figura 37** muestra la morfología de las células EXPRES 15 en el pase 0 después del cultivo 24 horas en a) 2 % de FBS + DM-F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml IGF o b) 2 % de FBS + DM-

F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF + inhibidor Y-27632 de la Rho quinasa 10 μ M.

La **Figura 38** muestra el cariotipo de las células EXPRES 15 cultivadas en 2 % de FBS + DM-F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF + inhibidor Y-27632 de la Rho quinasa para 12 pases.

5 La **Figura 39** muestra la proliferación determinada mediante A₄₉₀ de las células EXPRES 11 cultivadas en medio basal suplementado con IGF, activina-A, Wnt3A e inhibidor IX de GSK a las concentraciones indicadas a las 24 horas (panel a), 48 horas (panel b) y 96 horas (panel c).

10 Descripción detallada

En aras de la claridad de la divulgación, y no a modo de limitación, la descripción detallada de la invención se divide en las subsecciones que describen o ilustran ciertas características, realizaciones o aplicaciones de la presente invención.

15 Definiciones

20 Las células madre son células indiferenciadas definidas por su capacidad a nivel de una sola célula tanto para autorrenovarse como para diferenciarse para producir células descendientes, incluidas células progenitoras autorrenovantes, progenitoras no renovantes y células terminalmente diferenciadas. Las células madre también se caracterizan por su capacidad para diferenciarse *in vitro* en células funcionales de diversos linajes celulares a partir de múltiples capas germinales (endodermo, mesodermo y ectodermo), así como para dar lugar a los tejidos de múltiples capas germinales después del trasplante y para contribuir sustancialmente a la mayoría, si no todos, los tejidos después de inyectarse en blastocistos.

25 Las células madre se clasifican de acuerdo con su potencial de desarrollo como: (1) *totipotenciales*, que son capaces de dar lugar a todos los tipos de células embrionarias y extraembrionarias; (2) *pluripotenciales*, que significa que son capaces de dar lugar a todos los tipos de células embrionarias; (3) *multipotenciales*, que significa que son capaces de dar lugar a un subconjunto de linajes celulares, pero todos dentro de un tejido, órgano o sistema fisiológico concreto (por ejemplo, las células madre hematopoyéticas (HSC) pueden producir una descendencia que incluye HSC (autorrenovantes), progenitoras oligopotenciales limitadas a células sanguíneas, y todos los tipos de células y elementos (por ejemplo, plaquetas) que son componentes normales de la sangre. (4) oligopotenciales, que significa que son capaces de dar lugar a un subconjunto más restringido de linajes celulares que las células madre multipotenciales; y (5) unipotenciales, que significa que son capaces de dar lugar a un único linaje celular (por ejemplo, células madre espermatogénicas).

35 La diferenciación es el proceso mediante el cual una célula no especializada ("no comprometida") o menos especializada adquiere las características de una célula especializada, tal como, por ejemplo, una célula nerviosa o una célula muscular. Una célula diferenciada o inducida por diferenciación es la que ha adquirido una posición más especializada ("comprometida") dentro del linaje de una célula. El término "comprometida", cuando se aplica al proceso de diferenciación, se refiere a una célula que ha avanzado en la vía de diferenciación hasta un punto en la que, en circunstancias normales, continuará diferenciándose hasta un tipo de célula o subconjunto de tipos de células específico, y no puede, en circunstancias normales, diferenciarse a un tipo de célula diferente o volver a un tipo de célula menos diferenciada. Desdiferenciación se refiere al proceso mediante el cual una célula vuelve a una posición menos especializada (o comprometida) dentro del linaje de una célula. Tal como se utiliza en el presente documento, el linaje de una célula define la herencia de la célula, es decir, de qué células procedía y a qué células puede dar lugar. El linaje de una célula coloca a la célula dentro de un esquema hereditario de desarrollo y diferenciación. Un marcador específico de linaje se refiere a una característica específicamente asociada con el fenotipo de células de un linaje de interés y puede usarse para evaluar la diferenciación de una célula no comprometida con el linaje de interés.

50 "AFP" o "proteína alfa-fetoproteína" como se usa en el presente documento, se refiere a un antígeno producido en el inicio de desarrollo del hígado. AFP también puede expresarse en células extraembrionarias.

55 "Albúmina" es una proteína monomérica soluble que constituye aproximadamente la mitad de todas las proteínas séricas en adultos.

"Linaje de células β " se refiere a las células con expresión génica positiva para el factor de transcripción PDX-1 y al menos uno de los siguientes factores de transcripción: NGN-3, Nkx2.2, Nkx6.1, NeuroD, Isl-1, HNF-3 beta, MAFA, Pax4 y Pax6. Las células que expresan marcadores característicos del linaje de células β incluyen células β .

60 "Brachyury", como se usa en el presente documento, es un miembro de la familia del gen T-box. Es el marcador para las células de la línea primitiva y las células del mesodermo.

65 "Células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo", como se usa en el presente documento, se refiere a células que expresan al menos uno de los siguientes marcadores: SOX17, GATA-4, HNF3-beta, GSC, Cer1, Nodal, FGF8, Brachyury, proteína homeobox similar a Mix, FGF4 CD48, eomesodermina

(EOMES), DKK4, FGF17, GATA-6, CXCR4, C-Kit, CD99 o OTX2. Las células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo incluyen células precursoras de línea primitiva, células de línea primitiva, células del mesoendodermo y células de endodermo definitivo.

5 "c-Kit" y "CD¹⁷" se refieren ambos a un receptor de tirosina quinasa de la superficie celular que tiene una secuencia divulgada en GenBank, n.º de acceso X06182, o una secuencia variante de origen natural de la misma (variante por ejemplo, alélica).

10 "CD99", como se usa en el presente documento, se refiere a la proteína codificada por el gen ingenio el número de acceso NM_002414.

15 "Células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo pancreático", como se usa en el presente documento, se refiere a células que expresan al menos uno de los siguientes marcadores: PDX-1, HNF-1beta, PTF-1 alpha, HNF-6 o HB9. Las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo pancreático incluyen células de endodermo pancreático.

20 "Células que expresan marcadores característicos del linaje de endocrino pancreático", como se usa en el presente documento, se refiere a células que expresan al menos uno de los siguientes marcadores: NGN-3, NeuroD, Islet-1, PDX-1, NKX6.1, Pax-4, Ngn-3 o PTF-1 alfa. "Células que expresan marcadores característicos del linaje endocrino pancreático" incluyen células endocrinas pancreáticas, células que expresan hormona pancreática y células que secretan hormona pancreática y células del linaje de células β .

25 "Cer1" o "Cerebro" como se usa en el presente documento es un miembro de la superfamilia de nudo de cisteína de las proteínas.

"CXCR4", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere al factor derivado de células estromales (SDF-1), también conocido como "LESTR" o "fusina". En el embrión de ratón en gastrulación, CXCR4 se expresa en el endodermo y el mesodermo definitivos, pero no en el endodermo extraembrionario.

30 "Endodermo definitivo", como se usa en el presente documento, se refiere a células que llevan las características de las células derivadas de la epiblasto durante la gastrulación y que forman el tracto gastrointestinal y sus derivados. Las células del endodermo definitivo expresan los siguientes marcadores: HNF-3 beta, GATA-4, SOX-17, Cerberus, OTX2, gooseoid, C-Kit, CD99 y Mixl1.

35 "Endodermo extraembrionario", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a una población de células que expresan al menos uno de los siguientes marcadores: SOX-7, AFP y SPARC.

40 "FGF-2", "FGF-4" "FGF-8" "FGF-10" y "FGF-17" como se usa en el presente documento, son miembros de la familia del factor de crecimiento de fibroblastos.

"GATA-4" y "GATA-6" son miembros de la familia del factor de transcripción GATA. Esta familia de factores de transcripción es inducida por la señalización de TGF- β y contribuyen al mantenimiento de los marcadores de endodermo tempranos.

45 "GLUT-2", como se usa en el presente documento, se refiere a la molécula transportadora de glucosa que se expresa en numerosos tejidos fetales y adultos, incluyendo páncreas, hígado, intestino, cerebro, y riñón.

50 "Gooseoid" o "GSC" como se usa en el presente documento, se refiere a un factor de transcripción del homeodominio expresado en el labio dorsal del blastoporo.

"HB9" como se usa en el presente documento, se refiere al gen homeobox 9.

55 "HNF-1 alfa", "HNF-1 beta", "HNF-3 beta" y "HNF-6" pertenecen a la familia de factores de transcripción del factor nuclear hepático, que se caracteriza por un dominio de unión de ADN altamente conservado y dos dominios cortos carboxi-terminales.

"Islote-1" o "Isl-1" como se usa en el presente documento es un miembro de la familia de factores de transcripción de LIM*homeodominio y se expresa en el páncreas en desarrollo.

60 "MafA" como se usa en el presente documento es un factor de transcripción expresado en el páncreas y controla la expresión de genes implicados en la biosíntesis y secreción de la insulina.

65 "Marcadores", como se usa en el presente documento, son las moléculas de ácido nucleico o polipeptídicas que se expresan diferencialmente en una célula de interés. En este contexto, la expresión diferencial significa un aumento del nivel de un marcador positivo y una disminución del nivel de un marcador negativo. El nivel detectable del marcador ácido nucleico o polipéptido es suficientemente más alto o más bajo en las células de interés en

comparación con otras células, de tal manera que la célula de interés puede identificarse y distinguirse de otras células utilizando cualquiera de una variedad de métodos conocidos en la técnica.

5 "Célula del mesodermo", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a una célula que expresa al menos uno de los siguientes marcadores: CD48, eomesodermina (EOMES), SOX-17, DKK4, HNF-3 beta, GSC, FGF17, GATA-6.

10 "Mixl1", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a un gen homeobox, que es marcador de las células en la línea primitiva, mesodermo y endodermo.

"NeuroD", tal como se usa en el presente documento, es el factor de transcripción básico hélice-bucle-hélice (bHLH) implicado en la neurogénesis.

15 "NGN-3", Tal como se usa en el presente documento, es un miembro de la familia neurogenina de factores de transcripción básicos bucle-hélice-bucle.

"Nkx-2.2" y "Nkx-6.1", como se usa en el presente documento, son miembros de la familia del factor de transcripción Nkx.

20 "Nodal" como se usa en el presente documento, es un miembro de la superfamilia de TGF beta de las proteínas.

25 Oct-4" es un miembro del factor de transcripción POU-dominio y es ampliamente considerado como una característica de las células madre pluripotenciales. La relación de Oct-4 y las células madre pluripotenciales viene indicada por su expresión fuertemente restringida a células madre pluripotenciales no diferenciadas. Tras la diferenciación a linajes somáticos, la expresión de Oct-4 desaparece rápidamente.

30 "Célula pancreática endocrina" o "célula que expresa hormona pancreática", como se usa en el presente documento, se refiere a una célula capaz de expresar al menos una de las siguientes hormonas: insulina, glucagón, somatostatina y polipéptido pancreático.

"Célula que secreta hormona pancreática", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a una célula que puede secretar al menos una de las siguientes hormonas: insulina, glucagón, somatostatina y polipéptido pancreático.

35 "Pax-4" y "Pax-6", tal como se usa en el presente documento, son factores de transcripción específicos de células β pancreáticas que están implicados en el desarrollo de los islotes.

40 "PDX-1", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a un factor de transcripción del homeodominio implicado en el desarrollo del páncreas.

"Célula de la línea pre-primitiva", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a una célula que expresa al menos uno de los siguientes marcadores: Nodal o FGF8

45 "Célula de la línea primitiva", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a una célula que expresa al menos uno de los siguientes marcadores: Brachyury, proteína del homeodominio similar a Mix o FGF4.

50 "PTF-1 alfa", tal como se utiliza en el presente documento, se refiere a una proteína básica hélice-bucle-hélice de 48 kDa que es una subunidad de unión a ADN específica de la secuencia del factor 1 trimérico de transcripción del páncreas (PTF1).

"SOX-1", "SOX-2", "SOX-7" y "SOX-17", como se usa en el presente documento, son un miembro de la familia del factor de transcripción SOX, y están implicados en la embriogénesis.

55 "SPARC", como se usa en el presente documento, también se conoce como "proteína secretada ácida y rica en cisteína".

60 "SSEA-1" (antígeno-1 embrionario específico del estadio) es un antígeno de superficie de glicolípidos presente en la superficie de las células madre de teratocarcinoma murino (CE), células germinales embrionarias murinas y humanas (EG) y células madre embrionarias murinas (ES).

"SSEA-3" (antígeno-3 embrionario específico del estadio) es un antígeno de superficie de glicolípidos presente en la superficie de las células madre de teratocarcinoma humano (EC), células germinales embrionarias humanas (EG) y células madre embrionarias humanas (ES).

65 "SSEA-4" (antígeno-4 embrionario específico del estadio) es un antígeno de superficie de glicolípidos presente en la superficie de las células madre de teratocarcinoma humano (EC), células germinales embrionarias humanas (EG) y

células madre embrionarias humanas (ES).

"TRA1-60" es un antígeno relacionado con sulfato de queratina que se expresa sobre la superficie de las células madre de teratocarcinoma humano (EC), células germinales embrionarias humanas (EG) y células madre embrionarias humanas (ES).

"TRA1-81" es un antígeno relacionado con sulfato de queratina que se expresa sobre la superficie de las células madre de teratocarcinoma humano (EC), células germinales embrionarias humanas (EG) y células madre embrionarias humanas (ES).

"TRA2-49" es una isoenzima de la fosfatasa alcalina que se expresa en la superficie de las células madre de teratocarcinoma (CE) humano y células madre embrionarias humanas (ES).

"UTF-1", como se usa en el presente documento, se refiere un coactivador de la transcripción que se expresa en células madre embrionarias pluripotenciales y células extraembrionarias.

"Zic1", como se usa en el presente documento, es un miembro de la familia de factores de transcripción Zic. Zic1 regula la expresión de genes específicos de la cresta neural y neurales y se expresa en las células del tubo neural dorsal y la cresta neural premigratoria.

Método para obtener células que expresan marcadores de pluripotencia

La presente divulgación proporciona una población de células con características de células madre embrionarias humanas, que se pueden expandir fácilmente en cultivo, con poco suero, que no requieren ninguna línea celular alimentadora o un recubrimiento de proteínas de la matriz complejas, pueden pasarse en una suspensión celular individual, se puede transfectar con una eficacia muy alta y se cultivan en condiciones de hipoxia. Esta combinación de atributos únicos separa las células descritas en la presente divulgación de las de la técnica anterior.

La presente divulgación también proporciona un método para derivar una población de células que comprende células que expresan marcadores de pluripotencia, que comprende las etapas de:

- a. Obtener células y
- b. Cultivar las células en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular antes de cultivar las células.

Las células pueden ser células madre embrionarias humanas o pueden ser células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo. Las células madre embrionarias humanas pueden cultivarse en condiciones de normoxia antes de cultivar las células en un sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. Como alternativa, las células madre embrionarias humanas pueden cultivarse en condiciones de hipoxia.

Las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo pueden cultivarse en condiciones de normoxia antes de cultivar las células en un sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular. Como alternativa, las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo se pueden cultivar en condiciones de hipoxia.

La presente divulgación también proporciona un método para derivar una población de células que comprende células que expresan marcadores de pluripotencia, que comprende las etapas de:

- a. cultivar células madre embrionarias humanas,
- db. diferenciar las células madre embrionarias humanas en células que expresan marcadores característicos de células del endodermo definitivo, y
- c. eliminar las células y, después, cultivarlas en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular antes de cultivar las células.

La presente divulgación también proporciona un método para derivar una población de células que comprende células que expresan marcadores de pluripotencia, que comprende las etapas de:

- a. cultivar células madre embrionarias humanas y
- b. eliminar las células y, después, cultivarlas en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular.

Cultivo celular en condiciones de hipoxia sobre un sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular

En una realización, las células se cultivan en condiciones de hipoxia, sobre un sustrato de cultivo tisular que no está

- recubierto con una matriz extracelular durante aproximadamente 1 a aproximadamente 20 días. En una realización alternativa, las células se cultivan en condiciones de hipoxia, sobre un sustrato de cultivo tisular que no está recubierto con una matriz extracelular durante aproximadamente 5 a aproximadamente 20 días. En una realización alternativa, las células se cultivan en condiciones de hipoxia, sobre un sustrato de cultivo tisular que no está recubierto con una matriz extracelular durante aproximadamente 15 días.
- En una realización, la condición de hipoxia es de aproximadamente 1 % de O₂ a aproximadamente 20% de O₂. En una realización alternativa, la condición de hipoxia es de aproximadamente 2 % de O₂ a aproximadamente 10 % de O₂. En una realización alternativa, la condición de hipoxia es de aproximadamente 3 % de O₂.
- Las células se pueden cultivar en condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular en un medio que contiene suero, activina A y un ligando Wnt. Como alternativa, el medio puede contener también IGF-1.
- El medio de cultivo puede tener una concentración en suero en el intervalo de aproximadamente 2 % a aproximadamente 5 %. En una realización alternativa, la concentración en suero puede ser de aproximadamente 2 %.
- La activina-A se puede usar a una concentración de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 µg/ml. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 1 µg/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 50 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 100 ng/ml.
- El ligando Wnt puede seleccionarse del grupo que consiste de Wnt-1, Wnt-3a, Wnt-5a y Wnt-7a. En una realización, el ligando Wnt es el ligando Wnt-1. En una realización alternativa, el ligando Wnt es Wnt-3^a.
- El ligando Wnt puede usarse en una concentración de aproximadamente 1 ng/ml a aproximadamente 1000 ng/ml. En una realización alternativa, el ligando Wnt puede usarse en una concentración de aproximadamente 10 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En una realización, la concentración del ligando Wnt es de aproximadamente 20 ng/ml.
- IGF-1 puede usarse en una concentración de aproximadamente 1 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En una realización alternativa, el IGF-1 puede usarse en una concentración de aproximadamente 10 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En una realización, la concentración de IGF-1 es de aproximadamente 50 ng/ml.
- Las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas por los métodos de la presente invención son capaces de expandirse en cultivo en condiciones hipóxicas, sobre sustrato de cultivo tisular que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular.
- Las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención expresan al menos uno de los marcadores de pluripotencia siguientes seleccionados del grupo que consiste en: ABCG2, cripto, FoxD3, conexina 43, conexina 45, Oct4, SOX-2, Nanog, hTERT, UTF-1, ZFP42, SSEA-3, SSEA-4, Tra1-60 y Tra1-81.
- En una realización, las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención son capaces de expresar marcadores característicos de células de la línea pre-primitiva.
- En una realización, las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención son capaces de expresar marcadores característicos de células de la línea primitiva.
- En una realización, las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención son capaces de expresar marcadores característicos de células del mesoendodermo.
- En una realización, las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención son capaces de expresar marcadores característicos de células del endodermo definitivo.
- Diferenciación adicional de células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención**
- Las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención se pueden diferenciar en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo mediante cualquier método en la técnica.
- Por ejemplo, las células que expresan marcadores de pluripotencia obtenidas mediante los métodos de la presente invención pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos divulgados en D'Amour et al, Nature Biotechnology 23, 1534 – 1541 (2005).

Por ejemplo, las células que expresan marcadores de pluripotencia obtenidas mediante los métodos de la presente invención pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos divulgados en Shinozaki et al, *Development* 131, 1651 – 1662 (2004).

5 Por ejemplo, las células que expresan marcadores de pluripotencia obtenidas mediante los métodos de la presente invención pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos divulgados en McLean et al, *Stem Cells* 25, 29 – 38 (2007).

10 Por ejemplo, las células que expresan marcadores de pluripotencia obtenidas mediante los métodos de la presente invención pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos divulgados en D'Amour et al, *Nature Biotechnology* 24, 1392 – 1401 (2006).

15 Por ejemplo, las células que expresan marcadores de pluripotencia derivadas mediante los métodos de la presente invención pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo cultivando las células madre pluripotenciales en medio que contiene activina A en ausencia de suero, cultivando a continuación las células con activina A y suero y, después, cultivando las células con activina A y suero de una concentración diferente. Un ejemplo de este método se describe en D'Amour et al, *Nature Biotechnology*, 23, 1534–1541, 2005.

20 **Diferenciación adicional de células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo**

25 Las células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico pancreático por cualquier método en la técnica.

30 Por ejemplo, las células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico pancreático de acuerdo con los métodos divulgados en D'Amour et al, *Nature Biotechnology* 24, 1392 – 1401 (2006).

35 Por ejemplo, las células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo se diferencian adicionalmente en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico pancreático, tratando las células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo con un factor de crecimiento de fibroblastos y KAAD-ciclopamina, eliminando después el medio que contiene el factor de crecimiento de fibroblastos y KAAD-ciclopamina y, posteriormente, cultivando las células en medio que contiene ácido retinoico, un factor de crecimiento de fibroblastos y KAAD-ciclopamina. Un ejemplo de este método se describe en D' Amour et al, *Nature Biotechnology*, 24: 1392–1401, (2006).

40 **Diferenciación adicional de células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico pancreático**

45 Las células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico pancreático pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endocrino pancreático por cualquier método en la técnica.

Por ejemplo, las células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico pancreático pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endocrino pancreático de acuerdo con los métodos divulgados en D'Amour et al, *Nature Biotechnology* 24, 1392 – 1401 (2006).

50 Sin estar sujeto a limitación alguna, las siguientes secciones contienen ejemplos de métodos para obtener células que son materiales de partida adecuados para la formación de células que expresan marcadores de pluripotencia y marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos de la presente invención.

55 **Aislamiento, expansión y cultivo de células madre embrionarias humanas**

60 *Caracterización de células madre embrionarias humanas* Las células madre embrionarias humanas pueden expresar uno o más de los antígenos embrionarios específicos del estadio (SSEA) 3 y 4, y marcadores detectables usando los anticuerpos designados Tra-1-60 y Tra-1-81 (Thomson et al., *Science* 282:1145, 1998). La diferenciación de las células madre embrionarias humanas *in vitro* da como resultado la pérdida de expresión de SSEA-4, Tra-1-60 y Tra-1-81 (si está presente) y el aumento de expresión de SSEA-1. Las células madre embrionarias humanas no diferenciadas tienen, típicamente, actividad de fosfatasa alcalina, que puede detectarse mediante la fijación de las células con paraformaldehído al 4 % y, después, desarrollando con Vector Red como sustrato, como describe el fabricante (Vector Laboratories, Burlingame Calif.). Las células madre pluripotenciales no diferenciadas también expresan típicamente Oct-4 y TERT, según lo detectado mediante RT-PCR.

65 Otro fenotipo deseable de células madre embrionarias humana propagadas es un potencial de diferenciarse en

células de las tres capas germinales: tejidos de endodermo, mesodermo y ectodermo. Pluripotencia de las células madre embrionarias humanas se puede confirmar, por ejemplo, mediante la inyección de células en ratones SCID, fijando los teratomas que se forman usando 4 % de paraformaldehído y, después, examinándolos histológicamente para detectar evidencia de tipos de células de las tres capas germinales. Como alternativa, la pluripotencia se puede determinar mediante la creación de cuerpos embrioides y la evaluación de los cuerpos embrioides para determinar la presencia de marcadores asociados con las tres capas germinales.

Las líneas de células madre embrionarias humanas propagadas pueden cariotiparse utilizando una técnica de bandas G estándar y se comparan con los cariotipos publicados de las especies de primates correspondientes. Es deseable obtener células que tienen un "cariotipo normal", lo que significa que las células son euploides, en las que todos los cromosomas humanos están presentes y no están alterados de forma notable.

Fuentes de células madre embrionarias humanas Los tipos de células madre embrionarias humanas incluyen líneas establecidas de células embrionarias humanas derivadas de tejido formado después de la gestación, incluyendo tejido preembrionario (tal como, por ejemplo, un blastocisto), tejido embrionario o tejido fetal tomado en cualquier momento durante la gestación, típicamente, pero no necesariamente, antes de aproximadamente 10-12 semanas de gestación. Ejemplos no limitantes relevantes a la divulgación son líneas establecidas de células madre embrionarias humanas o células germinales embrionarias humanas, tales como, por ejemplo, las líneas de células madre embrionarias humanas H1, H7 y H9 (WiCell). También se divulga el uso de las composiciones de la presente divulgación durante el establecimiento o estabilización inicial de dichas células, en cuyo caso las células fuente serían células pluripotenciales primarias extraídas directamente de los tejidos fuente. También son relevantes para la divulgación las células obtenidas de una población de células madre pluripotenciales ya cultivadas en ausencia de células alimentadoras. También son relevantes para la divulgación las líneas mutantes de células madre embrionarias humanas, tales como, por ejemplo, BGO1v (BresaGen, Athens, GA).

En una parte de la divulgación, las células madre embrionarias humanas se preparan como se describe en Thomson et al. (patente de Estados Unidos n.º 5.843.780; Science 282:1145, 1998; Curr. Top. Dev. Biol. 38:133 ff., 1998; Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 92:7844, 1995).

Cultivo de células madre embrionarias humanas En una realización, las células madre embrionarias humanas se cultivan en un sistema de cultivo que está esencialmente libre de células alimentadoras, pero, no obstante, apoya la proliferación de células madre embrionarias humanas sin experimentar una diferenciación sustancial. El crecimiento de células madre embrionarias humanas en cultivos libres de alimentación sin diferenciación se soporta utilizando un medio acondicionado por cultivo previo con otro tipo celular. Como alternativa, el crecimiento de células madre embrionarias humanas en cultivo libre de alimento sin diferenciación se soporta utilizando un medio químicamente definido.

En una realización alternativa, las células madre embrionarias humanas son, inicialmente, una capa cultivada de células alimentadoras que soportan las células madre embrionarias humanas de varias formas. A continuación, se transfieren las células embrionarias humanas a un sistema de cultivo que está, esencialmente, libre de células alimentadoras, pero, no obstante, apoyan la proliferación de células madre embrionarias humanas sin experimentar una diferenciación sustancial.

Se divulgan ejemplos de medios acondicionados adecuados para uso en la presente divulgación en los documentos US20020072117, US6642048, WO2005014799, y Xu et al (Stem Cells 22: 972–980, 2004).

Un ejemplo de un medio definido químicamente adecuado para su uso en la presente divulgación puede encontrarse en el documento US20070010011.

Pueden prepararse medios de cultivo adecuados a partir de los siguientes componentes, tales como, por ejemplo, el medio de Eagle modificado por Dulbecco (DMEM), Gibco n.º 11965–092; medio de Eagle modificado por Dulbecco Knockout (KO DMEM), Gibco n.º 10829–018; medio basal de Ham F12/50 % DMEM; L–glutamina ; 200 mM, Gibco n.º 15039–027; solución de aminoácidos no esenciales, Gibco 11140–050; β–mercaptoetanol, Sigma n.º M7522; factor de crecimiento de fibroblastos básicos recombinantes humanos (bFGF), Gibco n.º 13256–029.

También se divulga un método donde las células madre embrionarias humanas se siembran en un sustrato de cultivo adecuado que está tratado antes del tratamiento de acuerdo con los métodos de la presente divulgación. En una realización, el tratamiento es un componente de matriz extracelular, tal como, por ejemplo, los derivados de la membrana basal o que pueden formar parte de los acoplamientos receptor de la molécula de adhesión-ligando. En una realización, el sustrato de cultivo adecuado es MATRIGEL (Becton Dickinson). MATRIGEL es una preparación soluble de células tumorales Engelbreth-Holm-Swarm que se gelifican a temperatura ambiente para formar una membrana basal reconstituida.

Otros componentes de la matriz extracelular y mezclas de componentes son adecuados como alternativa. Esto puede incluir laminina, fibronectina, proteoglicano, entactina, sulfato de heparano y similares, solos o en diversas combinaciones.

Las células madre embrionarias humanas se siembran en placas sobre el sustrato en una distribución adecuada y en presencia de un medio que estimula la supervivencia, propagación y retención de las características deseables. Todas estas características se benefician de una atención cuidadosa a la distribución de la siembra y pueden ser fácilmente determinadas por un experto en la técnica.

A continuación, se retiran las células madre embrionarias humanas del sustrato de cultivo tisular y se siembran en un sustrato de cultivo tisular no tratado antes del tratamiento de acuerdo con los métodos de la presente invención para formar células que expresan marcadores de pluripotencia y marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo.

Diferenciación de células madre embrionarias humanas en células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo

Las células madre embrionarias se pueden diferenciar en células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo mediante cualquier método en la técnica. Las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo son adecuadas para el tratamiento de acuerdo con los métodos de la presente divulgación.

Por ejemplo, las células madre embrionarias humanas pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos descritos en D'Amour et al, Nature Biotechnology 23, 1534 – 1541 (2005).

Por ejemplo, las células madre embrionarias humanas pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos descritos en Shinozaki et al, Development 131, 1651 – 1662 (2004).

Por ejemplo, las células madre embrionarias humanas pueden diferenciarse en células que expresan marcadores característicos del linaje endodérmico definitivo de acuerdo con los métodos descritos en McLean et al, Stem Cells 25, 29 – 38 (2007).

Diferenciación de células madre embrionarias humanas en una matriz extracelular en células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo

La presente divulgación también proporciona un método para la diferenciación de células madre embrionarias humanas que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo, que comprende las etapas de:

- a. sembrar en placas las células madre embrionarias humanas en un sustrato de cultivo tisular recubierto con una matriz extracelular, y
- b. cultivar las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt.

Las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo se tratan después mediante los métodos de la presente divulgación para formar células que expresan marcadores de pluripotencia y marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo.

El cultivo de las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt puede llevarse a cabo en un medio de cultivo individual. Como alternativa, el cultivo de las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt puede llevarse a cabo en más de un medio de cultivo. En una realización, el cultivo de las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt se lleva a cabo en dos medios de cultivo.

Matriz extracelular: En un aspecto de la presente divulgación, las células madre embrionarias humanas se cultivan y diferencian sobre un sustrato de cultivo tisular recubierto con una matriz extracelular. La matriz extracelular puede ser una preparación de membrana basal solubilizada extraída de células de sarcoma de ratón (comercializada por BD Biosciences con el nombre comercial MATRIGEL). Como alternativa, la matriz extracelular puede ser MATRIGEL con niveles reducidos de factor de crecimiento. Como alternativa, la matriz extracelular puede ser fibronectina. En una realización alternativa, las células madre embrionarias humanas se cultivan y diferencian sobre sustrato de cultivo tisular recubierto con suero humano.

La matriz extracelular se puede diluir antes de recubrir el sustrato de cultivo tisular. Ejemplos de métodos adecuados para la dilución de la matriz extracelular y para recubrir el sustrato de cultivo tisular se pueden encontrar en Kleinman, H.K., et al., Biochemistry 25:312 (1986) y Hadley, M.A., et al., J.Cell.Biol. 101:1511 (1985).

En una realización, la matriz extracelular es MATRIGEL. En una realización, el sustrato de cultivo tisular se recubre con MATRIGEL a una dilución 1:10. En una realización alternativa, el sustrato de cultivo tisular se recubre con MATRIGEL a una dilución 1:15. En una realización alternativa, el sustrato de cultivo tisular se recubre con MATRIGEL a una dilución 1:30. En una realización alternativa, el sustrato de cultivo tisular se recubre con

MATRIGEL a una dilución 1:60.

5 En una realización, la matriz extracelular es MATRIGEL con niveles reducidos de factor de crecimiento. En una realización, el sustrato de cultivo tisular se recubre con MATRIGEL con niveles reducidos de factor de crecimiento a una dilución 1:10. En una realización alternativa, el sustrato de cultivo tisular se recubre con MATRIGEL con niveles reducidos de factor de crecimiento a una dilución 1:15. En una realización alternativa, el sustrato de cultivo tisular se recubre con MATRIGEL con niveles reducidos de factor de crecimiento a una dilución 1:30. En una realización alternativa, el sustrato de cultivo tisular se recubre con MATRIGEL con niveles reducidos a una dilución 1:60.

10 Diferenciación de células madre embrionarias humanas en células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo en una matriz extracelular usando un único medio de cultivo: la presente divulgación también proporciona un método para la diferenciación de células madre embrionarias humanas que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo, que comprende las etapas de:

- 15 a. sembrar en placas las células madre embrionarias humanas en un sustrato de cultivo tisular recubierto con una matriz extracelular, y
b. cultivar las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt.

20 El medio de cultivo debe contener concentraciones suficientemente bajas de ciertos factores para permitir la diferenciación de las células madre embrionarias humanas en endodermo definitivo, tales como, por ejemplo, insulina e IGF (como se divulga en el documento WO2006020919). Esto se puede conseguir mediante la disminución de la concentración en suero o, como alternativa, mediante el uso de medios químicamente definidos que carecen de insulina y de IGF. Se divulgan ejemplos de medios químicamente definidos en Wiles et al (Exp Cell Res. 1999 Feb 25; 247(1): 241–8.).

25 El medio de cultivo puede tener una concentración en suero en el intervalo de aproximadamente 0 % a aproximadamente 10 %. En una realización alternativa, la concentración puede estar en el intervalo de aproximadamente 0 % a aproximadamente 5 %. En una realización alternativa, la concentración puede estar en el intervalo de aproximadamente 0 % a aproximadamente 2 %. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 2 %.

30 El tiempo de cultivo con activina-A y un ligando Wnt puede variar de aproximadamente 1 día a aproximadamente 7 días. En una realización alternativa, el tiempo de cultivo puede variar de aproximadamente 1 día a aproximadamente 3 días. En una realización alternativa, el tiempo de cultivo puede ser de aproximadamente 3 días.

35 La activina-A se puede usar a cualquier concentración adecuada para provocar la diferenciación de las células madre embrionarias humanas. La concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 µg/ml. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 1 µg/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 50 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 100 ng/ml.

40 La elección del ligando Wnt puede optimizarse para mejorar la eficiencia del proceso de diferenciación. El ligando Wnt puede seleccionarse del grupo que consiste de Wnt-1, Wnt-3a, Wnt-5a y Wnt-7a. En una realización, el ligando Wnt es el ligando Wnt-1. En una realización alternativa, el ligando Wnt es Wnt-3^a.

45 El ligando Wnt puede estar a una concentración de aproximadamente 1 ng/ml a aproximadamente 1000 ng/ml. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 10 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml.

50 El medio de cultivo único también puede contener un inhibidor de GSK-3B. El inhibidor de GSK-3B se puede seleccionar del grupo que consiste en el inhibidor IX de GSK-3B y el inhibidor XI de GSK-3B. En una realización, el inhibidor de GSK-3B es el inhibidor IX de GSK-3B.

55 Al cultivar las células madre embrionarias humanas con un inhibidor de GSK-3B, la concentración del inhibidor de GSK-3B puede ser de aproximadamente 1 nM a aproximadamente 1000 nM. En una realización alternativa, las células madre embrionarias humanas se cultivan con el inhibidor de GSK-3 B a una concentración de aproximadamente 10 nM a aproximadamente 100 nM.

60 El medio de cultivo solo puede contener también al menos otro factor adicional que puede mejorar la formación de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo a partir de células madre embrionarias humanas. Como alternativa, el al menos otro factor adicional puede aumentar la proliferación de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo formado por los métodos de la presente invención. Además, el al menos otro factor adicional puede mejorar la capacidad de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo formado por los métodos de la presente

65

invención para formar otros tipos de células o mejorar la eficiencia de cualquier otra etapa de diferenciación adicional.

5 El al menos un factor adicional puede ser, por ejemplo, nicotinamida, miembros de la familia del TGF- β , incluyendo TGF- β 1, 2, y 3, seroalbúmina, miembros de la familia del factor de crecimiento de fibroblastos, factor de crecimiento derivado de las plaquetas AA y BB, plasma rico en plaquetas, factor de crecimiento de insulina (IGF-I, II), factor de diferenciación del crecimiento (GDF-5, 6, 8, 10, 11), péptido I y II similar al glucagón (GLP-I y II), mimetocuerpo de GLP-I y GLP-2, exendina-4, ácido retinoico, hormona paratiroidea, insulina, progesterona, aprotinina, hidrocortisona, etanolamina, beta mercaptoetanol, factor de crecimiento epidérmico (EGF), gastrina I y II, quelantes del cobre, tales como, por ejemplo, trietilamina, pentamina, forskolina, butirato de Na, activina, betacelulina, ITS, noggin, factor de crecimiento de neuritas, nodal, ácido valproico, tricostatina A, butirato de sodio, factor de crecimiento de hepatocitos (HGF), esfingosina 1, VEGF, MG132 (EMD, CA), suplementos de N2 y B27 (Gibco, CA), alcaloide esteroide, tal como, por ejemplo, ciclopamina (EMD, CA), factor de de crecimiento de queratinocitos (KGF), familia de proteínas Dickkopf, extracto de pituitaria bovina, proteína asociada a la neogénesis de los islotes (INGAP), hedgehog indio, hedgehog sónico, inhibidores del proteasoma, inhibidores de la vía de Notch, inhibidores de la hedgehog sónica o combinaciones de los mismos.

20 El al menos otro factor adicional puede ser suministrado por medios acondicionados obtenidos de líneas de células pancreáticas, tales como, por ejemplo, PANC-1 (n.º de ATCC: CRL-1469), CAPAN-1 (n.º de ATCC: HTB-79), BxPC-3 (n.º de ATCC: CRL-1687), HPAF-II (n.º de ATCC: CRL-1997), líneas de células hepáticas, tales como, por ejemplo, HepG2 (n.º de ATCC: HTB-8065) y líneas de células intestinales, tales como, por ejemplo, FHs 74 (n.º de ATCC: CCL-241).

25 Diferenciación de células madre embrionarias humanas en células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo en una matriz extracelular usando dos medios de cultivo: La diferenciación de las células madre embrionarias humanas en células de un linaje de endodermo definitivo puede llevarse a cabo mediante el cultivo de las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt usando dos medios de cultivo. Por lo tanto, la diferenciación de las células madre embrionarias humanas puede llevarse a cabo como sigue:

30 sembrar en placas las células madre embrionarias humanas en un sustrato de cultivo tisular recubierto con una matriz extracelular,
cultivar las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt en un medio de cultivo, y
35 cultivar las células madre embrionarias humanas con activina-A y un segundo medio de cultivo.

El primer medio de cultivo puede contener suero a una concentración baja y el segundo medio de cultivo puede contener suero a una concentración más alta que la del primer medio de cultivo.

El segundo medio de cultivo puede contener un ligando Wnt.

40 Primer medio de cultivo: El primer medio de cultivo debe contener concentraciones suficientemente bajas de ciertos factores para permitir la diferenciación de las células madre embrionarias humanas en células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo, tales como, por ejemplo, insulina e IGF (como se divulga en el documento WO2006020919). Esto se puede conseguir mediante la disminución de la concentración en suero o, como alternativa, mediante el uso de medios químicamente definidos que carecen de insulina y de IGF. Se divulgan ejemplos de medios químicamente definidos en Wiles et al (Exp Cell Res. 1999 Feb 25; 247(1):241-8.).

50 En el primer medio de cultivo puede haber una concentración de suero menor en relación con el segundo medio de cultivo. El aumento de la concentración de suero en el segundo medio de cultivo aumenta la supervivencia de las células o, como alternativa, puede mejorar la proliferación de las células. La concentración de suero del primer medio puede estar en el intervalo de aproximadamente 0 % a aproximadamente 10 %. Como alternativa, la concentración de suero del primer medio puede estar en el intervalo de aproximadamente 0 % a aproximadamente 2 %. Como alternativa, la concentración de suero del primer medio puede estar en el intervalo de aproximadamente 0 % a aproximadamente 1 %. Como alternativa, la concentración de suero del primer medio puede ser de aproximadamente 0,5 %.

60 Al cultivar las células madre embrionarias humanas con activina-A y un ligando Wnt utilizando al menos dos medios de cultivo, el tiempo de cultivo en el primer medio de cultivo puede variar de aproximadamente 1 día a aproximadamente 3 días.

65 La activina-A se puede usar a cualquier concentración adecuada para provocar la diferenciación de las células madre embrionarias humanas. La concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 μ g/ml. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 1 μ g/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 50 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 100

ng/ml.

La elección del ligando Wnt puede optimizarse para mejorar la eficiencia del proceso de diferenciación. El ligando Wnt puede seleccionarse del grupo que consiste de Wnt-1, Wnt-3a, Wnt-5a y Wnt-7a. En una realización, el ligando Wnt es el ligando Wnt-1. En una realización alternativa, el ligando Wnt es Wnt-3^a.

El ligando Wnt puede estar a una concentración de aproximadamente 1 ng/ml a aproximadamente 1000 ng/ml. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 10 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml.

El primer medio de cultivo único también puede contener un inhibidor de GSK-3B. El inhibidor de GSK-3B se puede añadir al primer medio de cultivo, al segundo medio de cultivo o tanto al primero como al segundo medios de cultivo.

El inhibidor de GSK-3B se puede seleccionar del grupo que consiste en el inhibidor IX de GSK-3B y el inhibidor XI de GSK-3B. En una realización, el inhibidor de GSK-3B es el inhibidor IX de GSK-3B.

Al cultivar las células madre embrionarias humanas con un inhibidor de GSK-3B, la concentración del inhibidor de GSK-3B puede ser de aproximadamente 1 nM a aproximadamente 1000 nM. En una realización alternativa, las células madre embrionarias humanas se cultivan con el inhibidor de GSK-3 B a una concentración de aproximadamente 10 nM a aproximadamente 100 nM.

El primer medio de cultivo puede contener también al menos otro factor adicional que puede mejorar la formación de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo a partir de células madre embrionarias humanas. Como alternativa, el al menos otro factor adicional puede aumentar la proliferación de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo formado por los métodos de la presente divulgación. Además, el al menos otro factor adicional puede mejorar la capacidad de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo formado por los métodos de la presente divulgación para formar otros tipos de células o mejorar la eficiencia de cualquier otra etapa de diferenciación adicional.

El al menos un factor adicional puede ser, por ejemplo, nicotinamida, miembros de la familia del TGF- β , incluyendo TGF- β -1, 2, y 3, seroalbúmina, miembros de la familia del factor de crecimiento de fibroblastos, factor de crecimiento derivado de las plaquetas AA y BB, plasma rico en plaquetas, factor de crecimiento de insulina (IGF-I, II), factor de diferenciación del crecimiento (GDF-5, 6, 8, 10, 11), péptido I y II similar al glucagón (GLP-I y II), mimetocuerpo de GLP-I y GLP-2, exendina-4, ácido retinoico, hormona paratiroidea, insulina, progesterona, aprotinina, hidrocortisona, etanolamina, beta mercaptoetanol, factor de crecimiento epidérmico (EGF), gastrina I y II, quelantes del cobre, tales como, por ejemplo, trietilamina, pentamina, forskolina, butirato de Na, activina, betacelulina, ITS, noggin, factor de crecimiento de neuritas, nodal, ácido valproico, tricostatina A, butirato de sodio, factor de crecimiento de hepatocitos (HGF), esfingosina 1, VEGF, MG132 (EMD, CA), suplementos de N2 y B27 (Gibco, CA), alcaloide esteroide, tal como, por ejemplo, ciclopamina (EMD, CA), factor de de crecimiento de queratinocitos (KGF), familia de proteínas Dickkopf, extracto de pituitaria bovina, proteína asociada a la neogénesis de los islotes (INGAP), hedgehog indio, hedgehog sónico, inhibidores del proteasoma, inhibidores de la vía de Notch, inhibidores de la hedgehog sónica o combinaciones de los mismos.

El al menos otro factor adicional puede ser suministrado por medios acondicionados obtenidos de líneas de células pancreáticas, tales como, por ejemplo, PANC-1 (n.º de ATCC: CRL-1469), CAPAN-1 (n.º de ATCC: HTB-79), BxPC-3 (n.º de ATCC: CRL-1687), HPAF-II (n.º de ATCC: CRL-1997), líneas de células hepáticas, tales como, por ejemplo, HepG2 (n.º de ATCC: HTB-8065) y líneas de células intestinales, tales como, por ejemplo, FHs 74 (n.º de ATCC: CCL-241).

Segundo medio de cultivo: El segundo medio de cultivo debe contener ciertos factores, tales como, por ejemplo, insulina e IGF (como se divulga en el documento WO2006020919) a una concentración suficiente para estimular la supervivencia de las células cultivadas. Esto puede conseguirse mediante el aumento de la concentración de suero o, como alternativa, mediante el uso de medios químicamente definidos en los que las concentraciones de insulina e IGF se incrementan en relación con el primer medio de cultivo. Se divulgan ejemplos de medios químicamente definidos en Wiles et al (Exp Cell Res. 1999 Feb 25; 247(1): 241-8.).

En un segundo medio de cultivo con concentraciones más elevadas de suero, la concentración de suero del segundo medio de cultivo puede estar en el intervalo de aproximadamente 0,5 % a aproximadamente 10 %. Como alternativa, la concentración de suero del segundo medio de cultivo puede estar en el intervalo de aproximadamente 0,5 % a aproximadamente 5 %. Como alternativa, la concentración de suero del segundo medio de cultivo puede estar en el intervalo de aproximadamente 0,5 % a aproximadamente 2 %. Como alternativa, la concentración de suero del segundo medio de cultivo puede ser de aproximadamente 2 %. Al cultivar las células madre embrionarias humanas con el segundo medio de cultivo, el tiempo de cultivo puede variar de aproximadamente 1 día a aproximadamente 4 días.

De forma similar al primer medio de cultivo, la activina-A se puede usar a cualquier concentración adecuada para provocar la diferenciación de las células madre embrionarias humanas. La concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 µg/ml. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 1 µg/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 1 pg/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 50 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml. En otra realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 100 ng/ml.

El ligando Wnt puede estar a una concentración de aproximadamente 1 ng/ml a aproximadamente 1000 ng/ml. En una realización alternativa, la concentración puede ser de aproximadamente 10 ng/ml a aproximadamente 100 ng/ml.

El ligando Wnt puede seleccionarse del grupo que consiste de Wnt-1, Wnt-3a, Wnt-5a y Wnt-7a. En una realización, el ligando Wnt es el ligando Wnt-1. En una realización alternativa, el ligando Wnt es Wnt-3^a.

El segundo medio de cultivo también puede contener un inhibidor de GSK-3B. El inhibidor de GSK-3B se puede añadir al primer medio de cultivo, al segundo medio de cultivo o tanto al primero como al segundo medios de cultivo.

El inhibidor de GSK-3B se puede seleccionar del grupo que consiste en el inhibidor IX de GSK-3B y el inhibidor XI de GSK-3B. En una realización, el inhibidor de GSK-3B es el inhibidor IX de GSK-3B.

Al cultivar las células madre embrionarias humanas con un inhibidor de GSK-3B, la concentración del inhibidor de GSK-3B puede ser de aproximadamente 1 nM a aproximadamente 1000 nM. En una realización alternativa, las células madre embrionarias humanas se cultivan con el inhibidor de GSK-3 B a una concentración de aproximadamente 10 nM a aproximadamente 100 nM.

De forma similar al primer medio de cultivo, el segundo medio de cultivo también puede contener también al menos otro factor adicional que puede mejorar la formación de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo a partir de células madre embrionarias humanas. Como alternativa, el al menos otro factor adicional puede aumentar la proliferación de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo formado por los métodos de la presente invención. Además, el al menos otro factor adicional puede mejorar la capacidad de las células que expresan marcadores característicos del linaje de endodermo definitivo formado por los métodos de la presente invención para formar otros tipos de células o mejorar la eficiencia de cualquier otra etapa de diferenciación adicional.

El al menos un factor adicional puede ser, por ejemplo, nicotinamida, miembros de la familia del TGF-β, incluyendo TGF-β-1, 2, y 3, seroalbúmina, miembros de la familia del factor de crecimiento de fibroblastos, factor de crecimiento derivado de las plaquetas AA y BB, plasma rico en plaquetas, factor de crecimiento de insulina (IGF-I, II), factor de diferenciación del crecimiento (GDF-5, 6, 8, 10, 11), péptido I y II similar al glucagón (GLP-I y II), mimetocuerpo de GLP-I y GLP-2, exendina-4, ácido retinoico, hormona paratiroidea, insulina, progesterona, aprotinina, hidrocortisona, etanolamina, beta mercaptoetanol, factor de crecimiento epidérmico (EGF), gastrina I y II, quelantes del cobre, tales como, por ejemplo, trietilamina, pentamina, forskolina, butirato de Na, activina, betacelulina, ITS, noggin, factor de crecimiento de neuritas, nodal, ácido valproico, tricostatina A, butirato de sodio, factor de crecimiento de hepatocitos (HGF), esfingosina 1, VEGF, MG132 (EMD, CA), suplementos de N2 y B27 (Gibco, CA), alcaloide esteroide, tal como, por ejemplo, ciclopamina (EMD, CA), factor de de crecimiento de queratinocitos (KGF), familia de proteínas Dickkopf, extracto de pituitaria bovina, proteína asociada a la neogénesis de los islotes (INGAP), hedgehog indio, hedgehog sónico, inhibidores del proteasoma, inhibidores de la vía de Notch, inhibidores de la hedgehog sónica o combinaciones de los mismos.

El al menos otro factor adicional puede ser suministrado por medios acondicionados obtenidos de líneas de células pancreáticas, tales como, por ejemplo, PANC-1 (n.º de ATCC: CRL-1469), CAPAN-1 (n.º de ATCC: HTB-79), BxPC-3 (n.º de ATCC: CRL-1687), HPAF-II (n.º de ATCC: CRL-1997), líneas de células hepáticas, tales como, por ejemplo, HepG2 (n.º de ATCC: HTB-8065) y líneas de células intestinales, tales como, por ejemplo, FHs 74 (n.º de ATCC: CCL-241).

La presente invención se ilustra adicionalmente, aunque sin limitaciones, mediante los siguientes ejemplos.

Ejemplo de referencia 1

Cultivo de células madre embrionarias humanas

Las células madre son células indiferenciadas definidas por su capacidad a nivel de una sola célula tanto para autorrenovarse como para diferenciarse para producir células descendientes, incluidas células progenitoras autorrenovantes, progenitoras no renovantes y células terminalmente diferenciadas. Las células madre también se caracterizan por su capacidad para diferenciarse *in vitro* en células funcionales de diversos linajes celulares a partir de múltiples capas germinales (endodermo, mesodermo y ectodermo), así como para dar lugar a los tejidos de

múltiples capas germinales después del trasplante y para contribuir sustancialmente a la mayoría, si no todos, los tejidos después de inyectarse en blastocistos.

5 Las líneas de células madre embrionarias humanas H1, H7 y H9 se obtuvieron de WiCell Research Institute, Inc., (Madison, WI) y se cultivaron según las instrucciones proporcionadas por el Instituto fuente. Brevemente, las células se cultivaron en células alimentadoras de fibroblastos embrionarios de ratón (MEF) en medio celular ES que consiste en DMEM/F12 (Invitrogen/GIBCO) suplementado con 20 % de sustitución de suero de inactivación, aminoácidos no esenciales MEM 100 nM, beta-mercaptoetanol 0,5 mM, L-glutamina 2 mM con 4 ng/ml del factor de crecimiento de fibroblastos básico (bFGF) (todos de Invitrogen/GIBCO). Las células MEF, derivadas de E13 a 13,5 embriones de ratón, se adquirieron en Charles River. Las células MEF se expandieron en medio DMEM suplementado con 10 % de FBS (Hyclone), glutamina 2 mM y MEM 100 mM de aminoácidos no esenciales. Los cultivos de células MEF subconfluentes se trataron con 10 µg/ml de mitomicina C (Sigma, St. Louis, MO) durante 3 horas para detener la división celular, a continuación, se digirieron con tripsina y se sembraron en placas a $2 \times 10^4/\text{cm}^2$ en placas recubiertas con gelatina bovina al 0,1 %. Las células MEF del pase dos al cuatro se usaron como capas de alimentación. Las células madre embrionarias humanas sembradas en capas alimentadoras de células MEF se cultivaron a 37 °C en una atmósfera de 5 % de CO₂ en un incubador de cultivo tisular humidificado. Cuando llegaron a la confluencia (aproximadamente 5-7 días después de la siembra), las células madre embrionarias humanas se trataron con tipo 1 mg/ml de colagenasa de tipo IV (Invitrogen/GIBCO) durante 5-10 minutos y, después, se rasparon suavemente de la superficie usando una pipeta de 5 ml. Las células se centrifugaron a 900 rpm durante 5 minutos y el sedimento se resuspendió y se volvió a sembrar a una dilución de 1:3 a 1:4 de células en medio de cultivo fresco.

En paralelo, las células madre embrionarias humanas H1, H7 y H9 también se sembraron en placas recubiertas con una dilución 1:30 de MATRIGEL con niveles reducidos de factor de crecimiento (BD Biosciences) y se cultivaron en medio acondicionado-MEF suplementado con 8 ng/ml de bFGF. Las células cultivadas en MATRIGEL se pasaron rutinariamente con colagenasa IV (Invitrogen/GIBCO), dispasa (BD Biosciences) o enzima LIBERASE. Algunos de los cultivos de células madre embrionarias humanas se incubaron en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂).

30 Ejemplo de referencia 2

30 Análisis de clasificación celular activada por fluorescencia (FACS)

Las células madre embrionarias humanas adheridas se retiran de las placas de cultivo mediante una incubación de cinco minutos con una solución de TrypLE™ Express (Invitrogen, CA). Las células liberadas se resuspendieron en medio de cultivo de células madre embrionarias humanas y se recuperaron por centrifugación, seguida de lavado y resuspensión de las células en un tampón de tinción que consiste en 2 % de BSA, 0,05 % de azida sódica en PBS (Sigma, MO). Según sea apropiado, las células se bloquearon en el receptor de Fc durante 15 minutos usando una solución de 0,1 % de γ -globulina (Sigma). Las alícuotas (aproximadamente 1×10^5 células) se incubaron con anticuerpos monoclonales conjugados con ficoeritrina (PE) o alofocianina (APC) (5 µl de anticuerpos I por 1×10^6 células), como se indica en la **Tabla IA**, o con un anticuerpo primario sin conjugar. Los controles incluyeron anticuerpos apropiados de isotipo equivalente, células sin teñir y células teñidas únicamente con anticuerpo secundario conjugado. Todas las incubaciones con anticuerpos se llevaron a cabo durante 30 minutos a 4 °C, después de lo cual las células se lavaron con el tampón de tinción. Las muestras que se tiñeron con anticuerpos primarios no conjugados se incubaron durante 30 minutos adicionales a 4 °C con anticuerpos secundarios marcados conjugados con PE o APC. Véase la **Tabla IB** para obtener una lista de los anticuerpos secundarios utilizados. Las células lavadas se sedimentaron y se resuspendieron en el tampón de tinción y las moléculas de la superficie celular se identificaron utilizando una matriz de FACS (BD Biosciences), recogiendo al menos 10.000 sucesos.

50 Ejemplo de referencia 3

50 Inmunocitoquímica

Las células adheridas se fijaron con 4 % de paraformaldehído durante 20 minutos a temperatura ambiente. Las células fijadas se bloquearon durante 1 hora a temperatura ambiente con PBS/0,1 % de BSA/10 % de suero de pollo normal/0,5 % de Triton X-100 y después se incubaron durante la noche con anticuerpos primarios en PBS/0,1 % de BSA/10 % de suero de pollo normal a 4 °C. La lista de anticuerpos primarios y sus diluciones de trabajo se muestran en la **Tabla IA**. Después de tres lavados en PBS/0,1 % de BSA, se incubaron los anticuerpos secundarios fluorescentes (**Tabla IB**) a una dilución 1:100 en PBS con las células durante 1 hora a temperatura ambiente para permitir la unión. Las muestras de control incluyeron reacciones en las que se omitió el anticuerpo primario o en las que el anticuerpo primario se sustituyó con las correspondientes inmunoglobulinas de control negativo equivalentes a la misma concentración que los anticuerpos primarios. Las muestras teñidas se aclararon; a cada muestra se añadió una gota de PROLONG® (Invitrogen, CA) que contiene diamidino-2-fenilindol, dihidrocloruro (DAPI) para la tinción de contraste del núcleo y para que funcione como reactivo montante de fluorescencia. Las imágenes se adquirieron usando un microscopio confocal Nikon Eclipse CI invertido (Nikon, Japón) y un objetivo de 10-60X.

65 Ejemplo 4

Análisis PCR de las células derivadas de ES

5 *Extracción de ARNm, purificación y síntesis de ADNc* Las muestras de ARN se purificaron mediante la unión a una membrana de gel de sílice (RNeasy Mini Kit, Qiagen, CA) en presencia de un tampón rico en sales de que contiene etanol, seguido de lavado para eliminar los contaminantes. El ARN se purificó adicionalmente usando un kit TURBO DNA-free (Ambion, INC) y, a continuación, se eluyó ARN de alta calidad en agua. El rendimiento y la pureza se evaluaron mediante lecturas de A260 y A280 en un espectrofotómetro. Las copias del ADNc se hicieron a partir del ARN purificado utilizando un kit de archivo de ADNc de alta capacidad ABI (ABI, CA).

10 *Amplificación por PCR en tiempo real y análisis cuantitativo:* A menos que se indique lo contrario, todos los reactivos se adquirieron en Applied Biosystems. Las reacciones de PCR en tiempo real se realizaron usando el sistema de detección de secuencias ABI PRISM® 7900. Se usó TAQMAN® UNIVERSAL PCR MASTER MIX® (ABI, CA) con 20 ng de ARN sometido a transcripción inversa en un volumen de reacción total de 20 µl. Cada muestra de ADNc se realizó por duplicado para corregir los errores de pipeteo. Se usaron cebadores y sondas TAQMAN® marcadas con FAM a concentraciones de 200 nM. El nivel de expresión de cada gen diana se normalizó usando un control endógeno de gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (GAPDH) previamente desarrollado por Applied Biosystems. Los conjuntos de cebadores y sondas se enumeran en la **Tabla II**. Los cebadores de SOX-17 se diseñaron utilizando el programa de cebadores (ABI, CA) y eran las siguientes secuencias: SOX-17: 20 TGGCGCAGCAGATACCA, AGCGCCTTCCACGACTTG y CCAGCATCTTGCTCAACTCGGCG. Después de una incubación inicial a 50 °C durante 2 minutos, seguido de 95 °C durante 10 minutos, las muestras se sometieron a ciclos 40 veces en dos etapas, una etapa de desnaturalización a 95 °C durante 15 segundos, seguido de una etapa de hibridación/extensión a 60 °C durante 1 minuto. El análisis de datos se realizó utilizando el software de sistema de detección de secuencias GENEAMP®7000. Para cada conjunto de cebador/sonda, se determinó un valor de Ct como el número de ciclo en el cual la intensidad de la fluorescencia alcanzó un valor específico en el medio de la región exponencial de la amplificación. Los niveles de expresión génica relativa se calcularon utilizando el método comparativo de Ct. Brevemente, para cada muestra de ADNc, el valor de Ct control endógeno se restó del Ct del gen de interés para dar el valor Ct delta (Δ Ct). La cantidad normalizada de objetivo se calculó como $2^{-\Delta Ct}$, suponiendo que la amplificación tiene un 100 % de eficiencia. Los datos finales se expresaron en relación a una muestra del calibrador.

Ejemplo de referencia 5

35 **Diferenciación de células madre embrionarias humanas cultivadas sobre sustrato de cultivo tisular recubierto con MATRIGEL en endodermo definitivo (DE)**

40 Las células de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 54 se cultivaron en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) y se sembraron en MATRIGEL (dilución 1:30), las placas recubiertas se expusieron a medio DMEM/F12 suplementado con 0,5 % de FBS, 20 ng/ml de WNT-3a (n.º de catálogo 1324-WN-002, R & D Systems, MN), y 100 ng/ml de activina-A (R & D Systems, MN) durante dos días, seguido de tratamiento con medio DMEM/F12 suplementado con 2 % de FBS y 100 ng/ml de activina-A (AA) durante 3-4 días adicionales. La **Figura 1** representa la expresión de CXCR4 mediante FACS el día 4. La **Figura 2** muestra los datos de PCR en tiempo real para los cultivos de células de la línea de células madre embrionarias humanas tratadas con concentraciones bajas de suero + AA + WNT3A los días 4 y 6. Este protocolo tuvo como resultado una regulación por aumento significativa de marcadores de endodermo definitivo. Este procedimiento se denominará en adelante protocolo de DE (endodermo definitivo).

Ejemplo de referencia 6

50 **Aislamiento y expansión de embriones humanos de células madre de células derivadas disociados a la etapa de endodermo definitivo**

55 Las células de las líneas de células madre embrionarias humanas H1 y H9 de varios pases (Pases 30-54) se cultivaron en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) durante al menos tres pases. Las células fueron cultivadas en MEF-CM suplementado con 8 ng/ml de bFGF y se sembraron en placas recubiertas con MATRIGEL según el **Ejemplo 1**. Las células se expusieron al protocolo DE indicado en el **Ejemplo 5**. Los días 3-6 se expusieron los cultivos a la solución TrypLE™ Express (Invitrogen, CA) durante 5 minutos. Las células liberadas se resuspendieron en medio DMEM-F12 + 2 % de FBS, se recuperaron mediante centrifugación y se contaron usando un hemocitómetro. Las células liberadas se sembraron a 1000-10.000 células/cm² en matraces tratados con poliestireno de cultivo tisular (TCPS) y se cultivaron en DMEM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) a 37 °C en incubador de cultivo tisular estándar. Los matraces TCPS no se recubrieron con MATRIGEL ni ninguna otra proteína de la matriz extracelular. Los medios se cambiaron a diario. En algunos cultivos, el medio se suplementó adicionalmente con 10-50 ng/ml de IGF-I (factor de crecimiento de insulina I de R & D Systems, MN) o 1X de ITS (insulina, transferrina y selenio, de Invitrogen, CA). En algunas de las condiciones de cultivo, el medio basal (DM-F12 + 2 % de FBS) se suplementó además con mercaptoetanol 0,1 mM (Invitrogen, CA) y aminoácidos no esenciales (IX, NEAA, de Invitrogen, CA).

Las células de primer pase se denominan P1. En paralelo, se establecieron cultivos similares en condiciones de normoxia (aproximadamente 21 % de O₂). El esquema de este procedimiento de aislamiento se representa en la **Figura 3**.

- 5 Después de 5-15 días de cultivo, las colonias de células distintas aparecieron rodeadas por un gran número de células agrandadas que parecen estar en senescencia (**Figura 4a-b**). Aproximadamente a un 50-60 % de confluencia, los cultivos se pasaron mediante exposición a la solución TrypLE™ Express durante 5 minutos a temperatura ambiente. Las células liberadas se resuspendieron en DMEM-F12 + 2 % de medio FBS, se recuperaron mediante centrifugación, y se sembraron a 10.000 células/cm² en matraces tratados con poliestireno de cultivo tisular (TCPS) en DMEM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A +/- 50 ng/ml de IGF-I. Este medio se denominará en adelante "medio de crecimiento". La **figura 4c** muestra la morfología de las células en el pase 3 sembradas a 10.000 células/cm². En el pase 3 (**panel c**) después del aislamiento inicial, las células parecían tener una morfología de tipo epitelial uniforme con una relación núcleo:citoplasma grande.
- 10
- 15 En algunos cultivos, el medio de crecimiento se complementó adicionalmente con 1X de NEAA más mercaptoetanol 0,1 mM. Después de tres a cuatro pases, las células unidas parecían tener una morfología uniforme con una relación núcleo:citoplasma grande. Los cultivos paralelos establecidos en condiciones de normoxia no mostraron una formación sólida de colonias por las células unidas. Después de 2-3 pases, los cultivos establecidos en condiciones de normoxia se abandonaron debido a la mala tasa de crecimiento.
- 20

Ejemplo de referencia 7

Función de la activina-A, WNT3A e IGF-I en la expansión y el mantenimiento de los marcadores de DE tras múltiples pases

- 25 Los cultivos derivados de l línea de células madre embrionarias humanas parentales de acuerdo con los métodos descritos en el **Ejemplo 6** se pasaron cada 4-7 días. La **Figura 5** representa los resultados de la PCR en tiempo real para las células expandidas cultivadas en 2 % de FBS + DMEM-F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 de WNT3A para tres pases. Estos datos son para una línea aislada el día 6 del protocolo de DE esbozado en el **Ejemplo 5**. Hay una clara disminución de los marcadores de DE, tales como SOX-17 y HNF-3 beta después de cada pase. Como se muestra en la **Figura 6**, la adición de WNT3A al medio de crecimiento que contiene activina-A condujo a un aumento significativo de la expresión de marcadores de DE. Sin embargo, la adición de 50 ng/ml de IGF-I y la retirada de activina-A y WNT-3A (**Figura 7a-c**) condujo a un abrupto descenso de la expresión de los marcadores de DE junto con OCT-4 y un aumento de la expresión de marcadores de endodermo visceral, tales como SOX-7 y AFP. La **Figura 8 a-c** representa la morfología de células expandidas derivadas de H9p54 en el pase 5 se cultivaron en a) 2 % de FBS + DMF12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3aA, b) 2 % de FBS + DM-F12 + 100 ng/ml de activina-A, c) 2 % de FBS + DM-F12 + 50 ng/ml de IGF-I. La morfología de las células cultivadas en presencia de activina-A o activina-A + WNT3A fue muy similar y distinta de la morfología de las células cultivadas en 2 % de FBS + IGF-I.
- 30
- 35
- 40

Ejemplo de referencia 8

Potencial expansión de células derivadas de células madre embrionarias humanas diferenciadas en el estadio de endodermo definitivo

- 45 Los cultivos establecidos a partir de la línea de células madre embrionarias humanas parentales H9 de acuerdo con los métodos descritos en el **Ejemplo 6** se pasaron cada 4-5 días cuando el medio de crecimiento contenía 50 ng/ml de IGF-I o ITS. Sin embargo, los cultivos alimentados con medio de crecimiento que carece de suplementos de IGF o ITS mostraron una tasa de crecimiento más lenta y se pasaron cada 5-7 días. El tiempo de duplicación de la población de las células alimentadas con medio de crecimiento + 50 ng/ml de IGF-I fue de aproximadamente 55 horas, en tanto que el tiempo de duplicación de la población de cultivos alimentados solo con el medio de crecimiento fue de aproximadamente 75 horas. La población celular expandida de acuerdo con el **Ejemplo 6** se denominará células EXPRES (células de la línea PRE-primitiva que se pueden expandir). En la **Tabla III** se enumeran diversas células EXPRES establecidas de acuerdo con métodos descritos en el **Ejemplo 6**. El potencial de expansión de dos líneas celulares (EXPRES 01 y 02) se representa en la **Figura 9**.
- 50
- 55

Ejemplo de referencia 9

Derivación de células EXPRES de suspensiones de células madre embrionarias humanas individuales

- 60 Las células de las líneas de células madre embrionarias humanas H1 P33 y H9 P45 se cultivaron en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) durante al menos tres pases. Las células se cultivaron en MEF-CM suplementado con 8 ng/ml de bFGF y se sembraron en placas recubiertas con MATRIGEL acuerdo con el **Ejemplo 1**. Aproximadamente a una confluencia del 60 %, los cultivos se expusieron a una solución TrypLE™ Express (Invitrogen, CA) durante 5 minutos. Las células liberadas se resuspendieron en medio DMEM-F12 + 2 % de FBS, se recuperaron mediante centrifugación y se contaron usando un hemocitómetro. Las células liberadas se sembraron a
- 65

1000 a 10.000 células/cm² en matraces tratados con poliestireno de cultivo tisular (TCPS) y se cultivaron en DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I + mercaptoetanol 0,1 mM (Invitrogen, CA) y aminoácidos no esenciales (1X, NEAA de Invitrogen, CA) en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) a 37 °C en incubador de cultivo tisular estándar. Los matraces TCPS no se recubrieron con MATRIGEL ni ninguna otra proteína de la matriz extracelular. El medio se cambió a diario. Las células de primer pase se denominan P1. En paralelo, se establecieron cultivos similares en condiciones de normoxia (aproximadamente 21 % de O₂). Los cultivos establecidos en condiciones atmosféricas no dieron como resultado la formación de colonias y hubo poca proliferación celular. Sin embargo, los cultivos establecidos en condiciones de hipoxia dieron como resultado la formación de muchas colonias (**Figura 10**) que se asemejan a las colonias de células madre embrionarias cultivadas en MATRIGEL o en alimentadores MEF. Estos cultivos se parecen mucho a las propiedades de las células EXPRES aisladas durante la diferenciación ES a DE.

Ejemplo de referencia 10

15 Expresión de proteínas de la superficie celular por las células EXPRES

Las líneas celulares EXPRES 01 y EXPRES 02 se evaluaron para determinar la expresión de varios marcadores de la superficie celular, incluyendo los marcadores asociados con la pluripotencia. Las células de EXPRES 01 se evaluaron en los pases 9 a 24. Las células de EXPRES 02 se evaluaron en los pases 7 a 20. Ambas líneas exhibieron una fuerte expresión de los marcadores de pluripotencia típicamente asignados a las células madre embrionarias humanas indiferenciadas. Sin embargo, la línea EXPRES 02 mostró un mayor porcentaje de la expresión de los marcadores de diferenciación, tales como CXCR4, el receptor de LI y NCAM en comparación con la línea EXPRES 01. Los gráficos de FACS representativos se representan en la **Figura 11** para EXPRES 01 P24 y en la **Figura 12** para la línea P21 de EXPRES 02. En la **Tabla IV** se enumeran los niveles medios de expresión junto con los intervalos (entre paréntesis) de los marcadores de la superficie celular evaluados a partir de tres experimentos diferentes.

Ejemplo de referencia 11

30 Expresión de marcadores asociados a pluripotencia mediante tinción inmunofluorescente (IF) de células EXPRES

Las células EXPRES 01 y 02 se mantuvieron en sus respectivos medios de crecimiento se tiñeron para los marcadores asociados a pluripotencia usando los métodos indicados en el Ejemplo 3. La Figura 13 representa imágenes IF para OCT-4, Nanog, SOX-2 y HNF-3 beta para las células P10 de EXPRES 01 cultivadas en 2 % de FBS + DM-F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT3A + 50 ng/ml de IGF-I. La **Figura 14** representa IF imágenes para OCT-4, Nanog, SOX-2, y HNF-3 beta para las células EXPRES 02 del pase 9 cultivadas en 2 % de FBS + DM-F12 + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT3A. Las células EXPRES 01 se tiñen fuertemente positivas para OCT-4, Nanog y SOX-2 y débilmente para HNF-3 beta. Sin embargo, las células EXPRES 02 muestran una expresión más fuerte para HNF-3 beta y una expresión más débil de OCT-4, NANOG y SOX-2.

Ejemplo de referencia 12

45 Expresión de marcadores de endodermo definitivo y de células madre embrionarias no diferenciadas mediante PCR en tiempo real

El análisis de PCR en tiempo real de marcadores embrionarios (POU5F1, SOX-2, UTF1, ZFP42, conexina 43, conexina 45, FOXD3), marcadores extraembrionarios (AFP, KRT 15), marcadores del ectodermo (SOX-1, TUBB3, NESTINA), marcadores del endodermo (FOXA2, IPF1, KRT15, GATA-4), y marcadores del mesodermo (GATA-4, GATA-2, MYOD, MSX1, CFC1, ABCG2) expresados por las líneas EXPRES 01 de pase 11 y EXPRES 05 de pase 2 cultivadas en sus respectivos medios de crecimiento se representa en la Figura 15 a-h. Todos los datos se normalizan varias veces con respecto a las células indiferenciadas con respecto a la línea de células madre embrionarias humanas H9 cultivadas en MEF-CM en placas recubiertas con MATRIGEL. Como control, los cuerpos EB se formaron a partir de células H9 usando métodos estándar de digestión con colagenasa y la siembra en las superficies no tratadas en DMEM-F12 + 20 % de FBS durante aproximadamente 10 días. La expresión de genes de diversas capas germinales estaba regulada por aumento por los órganos de EB en comparación con las células ES no diferenciadas. Otra ARN de referencia se recogió de la línea SA002 indiferenciada (Cellartis, Suecia) cultivada en MATRIGEL en MEF-CM. Como cabía esperar, la expresión génica de varias capas germinales estaba fuertemente regulada por aumento por los órganos de EB en comparación con las líneas EXPRES 01, EXPRES 02, SA002 y H9. Las líneas EXPRES 01 y 02 mostraron la expresión de FOXA2 en comparación con las líneas SA002 y H9 no diferenciadas. Ninguna de las líneas EXPRES mostraron una fuerte expresión de marcadores extraembrionarios, del mesodermo o del ectodermo. Adicionalmente, la expresión de marcadores embrionarios por las células EXPRES era similar a las líneas celulares de referencia SA002 y H9.

65 Ejemplo de referencia 13

Varios medios de crecimiento útiles para la expansión de células EXPRES

5 Las células EXPRES se han cultivado con éxito en las siguientes composiciones de medios para al menos 2-30 pases:

- DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A
- DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I
- 10 DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 10 ng/ml de IGF-I
- DM-F12 + 2 % de FBS + 50 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I
- DM-F12 + 2 % de FBS + 50 ng/ml de AA + 10 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I
- DM-F12 + 2 % de FBS + 50 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A + 10 ng/ml de IGF-I
- 15 DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 10 ng/ml de WNT-3A + 10 ng/ml de IGF-I
- Los medios definidos HEScGRO (Chemicon, CA)

El componente basal de los medios mencionados anteriormente puede sustituirse por medios similares, tales como, RPMI, DMEM, CRML, Knockout™ DMEM y F12.

20 Ejemplo de referencia 14**Diferenciación de células EXPRES cultivadas en sustrato de cultivo tisular en células del endodermo definitivo (DE)**

25 Las células EXPRES 01 en el pase 5 y las células EXPRES 02 en el pase 4 cultivadas en TCPS en sus respectivos medios se expusieron al medio DMEM/F12 suplementado con 0,5 % de FBS, 20 ng/ml de WNT-3a, y 100 ng/ml activina-A (R & D Systems, MN) durante dos días, seguido de tratamiento con medio DMEM/F12 suplementado con 2 % de FBS y 100/ml de activina-A ng (AA) durante 3-5 días adicionales. La **Figura 16** representa la expresión de CXCR4 mediante FACS los días 4 para células EXPRES 01 (**Figura 16a**, aproximadamente 17 % CXCR4 positivas) y células EXPRES 02 (**Figura 16b**, aproximadamente 40 % CXCR4 positivas). La **figura 17** muestra los datos de PCR en tiempo real para células EXPRES 01 (**Figura 17a**) y células EXPRES 02 (**Figura 17b**) cultivadas tratadas con bajas concentraciones de suero + AA + WNT3A los días 2-5. Las **Figuras 18 y 19** representan imágenes de inmunofluorescencia de las células EXPRES 01 y 02, respectivamente, tratadas con el mismo tratamiento antes mencionado durante 4 días. En general, las células EXPRES 02 parecen mostrar una expresión más fuerte de marcadores de DE en comparación con las células EXPRES 01. Como se hace evidente mediante FACS, los datos de inmunotinción de la PCR, la reducción de la concentración de suero y la eliminación de IGF sí aumentó la expresión de los marcadores de DE. Sin embargo, el nivel de expresión general de los marcadores de DE, tales como CXCR4 y HNF-3 beta, fue más bajo que lo que se ha observado rutinariamente en cultivos de ES humanos indiferenciados en el estadio de DE.

40 Con el fin de mejorar la expresión de los marcadores de DE, el protocolo de diferenciación de DE se cambió al siguiente: las células EXPRES 01 en el pase 19 y las células EXPRES 02 en el pase 14 cultivadas en TCPS en sus respectivos medios se expusieron a medio DMEM/F12 suplementado con 0,5 % de FBS, 20 ng/ml de WNT-3a, 100 ng/ml de activina-A y el inhibidor IX de GSK-3B 100 nM (n.º de catálogo 361550, Calbiochem, CA) durante 4 a 5 días. La **Figura 20** representa la expresión de CXCR4 mediante FACS los días 4 para células EXPRES 01 (**Figura 20a**, aproximadamente 57 % CXCR4 positivas) y EXPRES 02 (**Figura 20b**, aproximadamente 86 % CXCR4 positivas). La **figura 21** representa las imágenes inmunofluorescentes correspondientes el día 5 para las células EXPRES 01 (**paneles a-f**) y las células EXPRES 02 (**paneles g-l**) diferenciados en el estadio de DE. La **Figura 22** muestra los datos de PCR en tiempo real para EXPRES 01 (**Figura 22a**) y EXPRES 02 (**Figura 22b**).

50 Ejemplo de referencia 15**Efecto de la densidad de la siembra sobre la diferenciación de las células EXPRES 01 a DE**

55 Las células EXPRES 01 P31 se sembraron a 5000, 10000, 20000 o 40000 células/cm² en placas TCPS en DM-F12 + 2 % de FBS + mercaptoetanol 0,1 mM + 1X, NEAA + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT3A en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) a 37 °C en una incubadora de cultivo tisular estándar. Después de dos días después de la siembra, se cambió el medio a DMEM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A + 20 ml WNT3A + inhibidor 1X de GSK-3B 100 nM durante cuatro días en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) a 37 °C en una incubadora de cultivo tisular estándar. La **Figura 23** representa el análisis de PCR en tiempo real de marcadores de endodermo definitivo el día 4 de la diferenciación. Parece que una densidad de siembra de al menos 10000-20000 células/cm² es necesaria para la sólida formación de endodermo definitivo.

65 Ejemplo de referencia 16

Longitud del telómero de las células EXPRES

La longitud de los telómeros de dos líneas EXPRES aisladas de acuerdo con el Ejemplo 5 junto con las células no diferenciadas de la línea de células madre embrionarias humanas H1 se analizó utilizando la el ensayo de longitud del telómero Teio TAGGG (Roche, IN) y siguiendo las instrucciones del fabricante.

La Figura 24 representa la longitud de los telómeros para las células EXPRES 01 en P24, las células EXPRES 02 en P 17, las células H1 en P40, los controles de telómeros altos y bajos proporcionados por el kit, junto con el marcador de escala. Ambas líneas parecen tener una longitud de los telómeros más corta que las células ES no diferenciadas.

Ejemplo de referencia 17

Diferenciación adicional de células EXPRES cultivadas en sustrato de cultivo tisular a endodermo pancreático

Las células EXPRES 01 en el pase 21 sufrieron una diferenciación de 5 días por tratamiento con 100 ng/ml de activina-A, 10 ng/ml de Wnt3a e inhibidor IX GSK-3-beta 100 nM en medio con 0,5 % de FBS, DMEM:F12. Las células se analizaron mediante FACS y se mostró que un 80 % de las células eran positivas para CXCR4. Las células se trataron a continuación durante 3 días en cada una de las etapas siguientes: 2 % de FBS DMEM:F12 que contiene 50 ng/ml de FGF-10 y KAAD-ciclopamina 0,25 µM (Calbiochem, CA); seguido de 1 % de B27 DMEM con concentraciones bajas de glucosa que contiene 50 ng/ml de FGF-10, KAAD-ciclopamina 0,25 µM y ácido retinoico 1µM (Sigma, MO); seguido de, 1 % de B27 DMEM, con concentraciones bajas de glucosa que contiene DAPT 1µM (Calbiochem, CA) más 50 ng/ml de exendina 4 (Sigma, MO); y, por último, seguido de 1 % de B27 DMEM CMRL que contiene 50 ng/ml de cada uno de IGF, HGF y exendina 4. Se tomaron muestras al final de cada etapa y el ARN se extrajo de las células. Se realizó Q-RT-PCR para los marcadores mostrados. Como se representa en la **Figura 25**, los niveles de insulina se aumentaron 100 veces con respecto a las células no tratadas y los niveles de PDX-1 también se incrementaron más de 1000 veces.

Ejemplo de referencia 18

Diferenciación adicional de células EXPRES cultivadas en sustrato de cultivo tisular a endodermo del intestino proximal

Las células EXPRES 01 en el pase 35 sufrieron una diferenciación de 5 días por tratamiento con 100 ng/ml de activina-A, 20 ng/ml de Wnt3a e inhibidor IX de GSK-3-beta 100 nM en medio con 0,5 % de FBS, DMEM:F12. Las células se analizaron mediante FACS y se mostró que aproximadamente un 70 % de las células eran positivas para CXCR4. Las células se trataron a continuación en cada una de las etapas siguientes: 2 % de FBS DMEM:F12 que contiene 50 ng/ml de FGF-10 y KAAD-ciclopamina 0,25 µM (Calbiochem, CA); durante 3 días; etapa 3, 1 % de B27 DMEM, con concentraciones bajas de glucosa que contiene 50 ng/ml de FGF-10, KAAD-ciclopamina 0,25 µM y ácido retinoico 1µM (Sigma, MO) durante 4 días; y la etapa 4, 1 % de B27 DMEM, con concentraciones bajas de glucosa que contiene DAPT 1µM (Calbiochem, CA) más 50 ng/ml de exendina 4 (Sigma, MO) durante 4 días. Este protocolo se basa en una publicación previa de D'Amour et al (Nature Biotech, 24, 1392, 2006). Las células se fijaron al final de la etapa 4 y se tiñeron para PDX-1, HNF-3 beta, SOX-17, albúmina, anti-tripsina y CDX-2. Como se representa en la Figura 26, las células EXPRES se pueden diferenciar fácilmente en endodermo de intestino anterior medido mediante la expresión de PDX-1 (aproximadamente el 20 % del cultivo teñido positivo), HNF-3 beta (aproximadamente 90 % positivas), albúmina (aproximadamente 5 % positivas), anti-1-tripsina (aproximadamente 70 % positivas), SOX-17 (aproximadamente 70 %) y CDX-2 (aproximadamente 5 % positivas).

Ejemplo de referencia 19

Análisis de micromatriz de células EXPRES frente a las células madre embrionarias humanas indiferenciadas

El ARN total se aisló a partir de cultivos de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 44, EXPRES 01 P11 y EXPRES 02 P7 usando un kit RNeasy mini (Qiagen): Todos los grupos contenían tres réplicas biológicas y cada réplica biológica se repitió en dos chips de genes separados. La preparación, hibridación y análisis de imágenes de la muestra se realizaron de acuerdo a la matriz Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0. Tras la normalización y una transformación logarítmica, el análisis de datos se realizó usando el software OmniViz® (MA) y GENESIFTER (VizX Labs, WA). Las diferencias significativas en la expresión génica entre las muestras se evaluaron mediante análisis de la varianza y una prueba F con valor P ajustado (corrección de Benjamini y Hochberg) menor o igual a 0,05. Solo los genes con una tendencia presente en al menos un grupo se incluyeron en el análisis. En la **Tabla V** se enumera la intensidad media de transformada logarítmica normalizada de los genes que muestran una diferencia de al menos 5 veces entre los grupos (células ES indiferenciadas, EXPRES 01 y EXPRES 02) junto con el valor P ajustado para cada gen. Los genes que representan la línea primitiva o el endodermo definitivo se resaltan en negrita. Sólo los mejores 200 genes que están regulados por aumento o por disminución se muestran en la **Tabla V**.

Ejemplo de referencia 20**5 Análisis de micromatriz de células EXPRES diferenciadas en el estadio de DE frente a células madre embrionarias humanas diferenciadas en el estadio DE**

El ARN se aisló de los siguientes cultivos usando un kit RNeasy mini kit (Qiagen): **A)** Las células H9P33 cultivadas en placas recubiertas con MATRIGEL (dilución 1:30) y se exponen a medio DMEM/F12 suplementado con 0,5 % de FBS y 100 ng/ml de activina-A y 20 ng/ml de wnt3A durante dos días, seguido de tratamiento con medio DMEM/F12 suplementado con 2 % de FBS y 100 ng/ml de activina-A (AA) durante tres días adicionales; **B)** células EXPRES 01 P24 cultivadas en TCPS y expuestas a medio DMEM/F12 suplementado con 0,5 % de FBS, 100 ng/ml de activina-A, 20 ng/ml de WNT3A y el inhibidor IX de GSK-3B 100 nm (n.º de catálogo 361550, Calbiochem, CA) durante cinco días **C)** células EXPRES02 P17 cultivadas en TCPS y expuestas a medio DMEM/F12 suplementado con 0,5 % de FBS, 100 ng/ml de activina-A, 20 ng/ml de WNT3A e inhibidor IX de GSK-3B 100 nm (n.º de catálogo 361550, Calbiochem, CA) durante cinco días, **D)** células H9P39 cultivadas en placas recubiertas con MATRIGEL (dilución 1:30) y expuestas a medio DMEM/F12 suplementado con 0,5 % de FBS y 100 ng/ml de activina-A y 20 ng/ml de wnt3A durante dos días, seguido de tratamiento con medio DMEM/F12 suplementado con 2 % de FBS y 100 ng/ml de activina-A (AA) durante dos días adicionales. Se recogieron muestras de ARN del grupo Da a las 2 horas, 6 horas, 24 horas, 30 horas, 48 horas, 72 horas y 96 horas. Las células EXPRES 01 y 02 cultivadas en sus respectivos medios de crecimiento también se incluyeron como controles. Todos los grupos contenían tres réplicas biológicas y cada réplica biológica se repitió en dos chips de genes separados.

La preparación, hibridación y análisis de imágenes de la muestra se realizaron de acuerdo a la matriz Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0. Tras la normalización y una transformación logarítmica, el análisis de datos se realizó usando el software OmniViz® (MA) y GENESIFTER (VizX Labs, WA). Las diferencias significativas en la expresión génica entre las muestras se evaluaron mediante análisis de la varianza y una prueba F con valor P ajustado (corrección de Benjamini y Hochberg) menor o igual a 0,05. Solo los genes con una tendencia presente en al menos un grupo se incluyeron en el análisis. En la **Tabla VI** se enumera la intensidad media de transformada logarítmica normalizada de los genes que muestran una diferencia de al menos 5 veces entre el grupo A, grupo B, grupo C y grupo D en varios puntos de tiempo junto con el valor P ajustado para cada gen. Sólo los mejores 200 genes que están regulados por aumento o por disminución se muestran en la **Tabla VI**. Los genes que representan la línea primitiva o el endodermo definitivo se resaltan en negrita. En la **Tabla VII** se enumeran el coeficiente de correlación para cada grupo de comparación. Los gráficos de dispersión correspondientes a los coeficientes de correlación se representan en la Figura 27. El perfil de expresión global de las células EXPRES 01 parece similar al perfil de expresión de las muestras a 30 horas o menos del estadio de DE, mientras que las células EXPRES 02 parecen similares al perfil de expresión de las muestras a más de 48 horas del estadio de DE.

Ejemplo de referencia 21**40 Formación de cuerpos embrioides y diferenciación en varios linajes**

Los cultivos EXPRES 01 del pase 27 se eliminaron como células individuales utilizando la solución TrypLE™ Express, se centrifugaron a 200 g durante 4 minutos y se resuspendieron en DMEM-F12 + 20% de FBS. La suspensión de células se sembró en placas Petri de baja adhesión. 3-4 días después de la siembra, se formaron estructuras de tipo cuerpo embrioide (EB) (**Figura 28**). El tratamiento de los cultivos con la expresión inducida por DMEM-F12 + 2 % de FBS + ácido retinoico 1 micromolar de los marcadores de ectodermo, tales como NeuroD.

Ejemplo de referencia 22**50 Formación de teratomas en las cápsulas renales de ratones NOD-SCID**

Las células no diferenciadas de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 42, las células EXSPRES 01, pase 30, y EXPRES 02 P22 se liberaron de los cultivos utilizando TRYPLE, se lavaron en medio basal y, después, se suspendieron en medio basal DMEM-F12. Aproximadamente 1×10^6 células H9 en el P42, 1,5 millones de células EXPRES 01 y 02 se inyectaron en la cápsula renal de ratones NOD-SCID de seis semanas. Cinco semana después del trasplante, se sacrificó a los animales; se extirparon los riñones y se fijaron en formalina o se colocaron en tampón de lisis para recoger ARN para su posterior análisis de PCR. La **Figura 29** representa la expresión de marcadores característicos del mesodermo, ectodermo, endodermo, endodermo visceral extraembrionario y marcadores de pluripotencia de las muestras recogidas. Al igual que en la línea H9, ambas líneas EXPRES muestran una fuerte expresión de todas las capas germinales embrionarias, junto con endodermo extraembrionario.

Ejemplo de referencia 23**65 Proliferación y análisis del ciclo celular de las células EXPRES 03**

Las células madre embrionarias humanas tienen un único estado del ciclo celular que se puede distinguir de otras células somáticas, caracterizadas por una alta proporción de células en la fase S y las fases Gap acortadas o truncadas (G1 y G2). Los mecanismos de control del ciclo celular en las células hES pueden estar funcionalmente ligados a su capacidad de autorrenovación y pluripotencia de estas células, y pueden ser diferentes del mecanismo de control en sus homólogos diferenciados/comprometidos. Estos experimentos se diseñaron para determinar la naturaleza del ciclo celular de las células EXPRES, que se ha demostrado que expresan muchos de los marcadores de células hES de pluripotencia

Métodos: Las células se sembraron a 5.000-10.000 células/cm² en matraces de cultivo tisular Cell Bind (Corning) y se cultivaron durante 2-4 días. Las células EXPRES 03 se cultivaron en medio de crecimiento que contenía 2 % de FBS en DMEM/F12 y activina-A (100 ng/ml), wnt3a (10-20 ng/ml) e IGF (50 ng/ml). Para el análisis comparativa de la proliferación, en ocasiones se omitió el IGF d el cóctel de factores de crecimiento. La proliferación celular se analizó utilizando el kit de flujo APC BRDU de acuerdo con las recomendaciones del fabricante (BD Biosciences, San Diego, CA). Brevemente, las células se sometieron a pulsos con BrdU durante 1-2 horas al final del periodo de cultivo, se liberaron usando Tryple E Express y se contaron. Las células se fijaron en tampón BD Cytotfix/Cytosperm, se incubaron durante 30 minutos, seguido de incubación con tampón de BD Cytoperm durante 10 minutos en hielo. A continuación, las células se trataron con ADNasa durante 1 hora a 37 °C para exponer a BRDU incorporado, seguido de tinción con anticuerpo anti-BRDU conjugado con APC. Para el análisis del ciclo celular, las células se tiñeron con TAA d y se analizaron en matriz de FACS.

Resultados: Similar a las células con niveles altos de hES, las células EXPRES retuvieron una tasa de proliferación muy alta, como se muestra por el elevado porcentaje de células en fase S determinado por su capacidad para incorporar BRDU en el cultivo. La frecuencia de células en fase S fue, típicamente, superior al 45 % (intervalo 40-60 %), similar a las células hES (**Figura 30 a-c**). Aunque el número de células EXPRES 03 cultivadas en presencia de IGF era 2-3 veces el número de células cultivadas en ausencia de IGF después de 3-4 días, solo hubo diferencias marginales en la frecuencia de células en fase S cuando las células se expusieron a BrdU durante 1 hora o más (**Figura 30 f**). Esta alta frecuencia de células en fase S y la estructura del ciclo celular es diferente a la observada en las células somáticas, como se muestra en el presente documento para las células humanas de líquido amniótico (AFDX002) (**Figura 30 d**). Además, las células tratadas con mitomicina de fibroblastos de embrión de ratón (MEF, **Figura 30e**) no pasaron a la fase S, pero muestran acumulación aparente en la fase G2/M (64 %), que puede estar relacionada con la incapacidad de las células tratadas con mitomicina para separar las hebras de ADN en la mitosis.

Ejemplo de referencia 24

35 Eficiencia de la transfección de las células ES frente a las células EXPRES

Una de las principales limitaciones de la manipulación genética de hES es su resistencia relativa a los métodos convencionales de transfección y transducción viral. Además de sus tasas de proliferación elevadas, las células EXPRES son fáciles de transfectar *in vitro*. Para comparar la eficiencia de transfección, en las células EXPRES y hES se transfectaron en cultivo con EGFP y se analizaron mediante métodos de microscopía de fluorescencia y citometría de flujo.

Métodos: Las células EXPRES 01 se sembraron en placas de cultivo tisular de 6 pocillos recubiertos con fibronectina humana 10ug/ml) en medio de crecimiento, que comprenden 2 % de FBS en DMEM/F12, activina-A (100 ng/ml), wnt3a (10-20 ng/ml) e IGF (50 ng/ml). Para grupos celulares, las células hES se sometieron a pases mediante métodos rutinarios utilizando colagenasa en placas de cultivo de 6 pocillos recubiertos con MATRIGEL y se cultivaron en medio MEF acondicionado para hES. Para las células individuales, las células hES se sometieron a pases mediante la exposición de las células a TRYPLE durante 3 minutos a 37 °C, seguido de la siembra en placas de cultivo de 6 pocillos recubiertos con MATRIGEL. Cuando las células alcanzaron la confluencia deseada (70-80 %), se transfectaron las células con Lipofectamine 2000 de acuerdo con las recomendaciones del fabricante (Invitrogen, Carlsbad, CA). Brevemente, se diluyeron 4 µg de ADN en 250 µl de medio Opti-MEM I reducido en suero. Se mezclaron cinco microlitros de Lipofectamine 200 en un total de 250 µl de medio Opti-MEM I durante 5 minutos y se mezclaron suavemente con ADN diluido. Se dejó que se formaran los complejos de ADN/Lipofectamine a temperatura ambiente durante 20 minutos y, después, se añadieron a los pocillos respectivos con movimientos de agitación suave de las placas para un mezclado suave. Las células se incubaron en presencia de complejos durante otras 24 horas, seguido de cambio completo del medio. Las células se analizaron mediante microscopía de fluorescencia y citometría de flujo 48 horas después de la transfección.

Resultados: La captación y la expresión de eGFP se compararon mediante transfección de las células EXPRES 01 células y las células hES sembradas como una dispersión de una célula individual o grupos de células y se analizaron 48 horas después. Las células EXPRES 01 mostraron el mayor nivel de expresión de la proteína eGFP, expresando un 75 % de las células eGFP mediante análisis de citometría de flujo (**Figura 31**). Por el contrario, hES eran más resistentes a la transfección, con solo un 3 % de células que expresan la proteína eGFP determinado mediante FACS cuando se utilizaron grupos de células. La preparación de una dispersión de una célula individual de hES aumentó el nivel de la captación de ADN y la expresión de eGFP a aproximadamente 20 %, pero todavía es aproximadamente tres veces menor que la expresión en las células EXPRES 01.

Ejemplo de referencia 25**Células EXPRES como herramienta versátil para el cribado**

5 Las células EXPRES se cultivaron en medio DMEM-F12 que contenía 2 % de FBS, 100 ng/ml de activina-A recombinante humana (R & D Systems) y 20 ng/ml de Wnt3a de ratón recombinante (R & D Systems). El medio de crecimiento para las células EXPRES 01 también contenía 50 ng/ml de IGF-I recombinante humano (R & D Systems). Ambas líneas celulares se cultivaron de forma rutinaria a 37 °C en una atmósfera con niveles bajos de oxígeno (3 %) y 5 % de CO₂. Las células EXPRES 01 y EXPRES 02 se liberaron del cultivo como una suspensión de células individuales utilizando digestión enzimática con TrypLE (Invitrogen, CA), después se lavaron y se contaron para determinar el número de células preciso y viabilidad (> 95 %). Las alícuotas que van desde 1.250 a 80.000 células se distribuyeron en pocillos recubiertos de fibronectina humanos de una placa de 96 pocillos (Corning-Costar) en un volumen final de 100 µl de medio de cultivo. Los pocillos de control también se recubrieron con fibronectina y contenían un volumen equivalente de medio de cultivo sin células. Las placas se dejaron equilibrar durante la noche en una cámara humidificada, se incubaron en atmósfera con niveles bajos de oxígeno estándar, 5 % de CO₂ a 37 °C. Durante este tiempo, las células fijadas como cultivos monocapa con diversos grados de confluencia dependiendo de la densidad inicial de la siembra. Después de cultivar durante la noche, a cada pocillo se añadieron 20 µl de reactivo MTS (CellTiter 96 Aqueous Assay; Promega). El MTS se reduce a formazán y se puede utilizar como medida de la actividad de la enzima deshidrogenasa directamente proporcional al número de células vivas. Una placa se devolvió al cultivo con niveles bajos de oxígeno, al tiempo que se incubó una placa paralela idéntica con niveles normales de oxígeno (20 %). Después de 4 horas, se leyó la absorbancia a 490 nm en un lector de placas espectrofotométrico (Molecular Devices). Los cálculos estadísticos para la DO media, la desviación estándar y el porcentaje de coeficiente de variación (CV) se determinaron para conjuntos de muestras duplicadas dentro de cada placa y, luego, en comparación con pocillos similares entre ambas placas.

La desviación estándar y los valores del coeficiente de variación en porcentaje demuestran que las células EXPRES pueden distribuirse de manera uniforme entre los pocillos para una alta eficiencia de la siembra en placas y una buena reproducibilidad de un pocillo a otro (**Tabla VIII a-f**). Como se ve con las lecturas de la DO₄₉₀ promedio para números equivalentes de células, la línea EXPRES 01 tiene una actividad metabólica más alta que la línea EXPRES 02. Para cada línea EXPRES, los valores del CV en porcentaje entre las dos placas sugieren que no hay diferencias en la actividad metabólica para condiciones paralelas, independientemente de los niveles de oxígeno atmosférico en este ensayo a corto plazo. El número de células óptimas por pocillo dentro del intervalo lineal para este ensayo se determinó mediante la representación gráfica de las lecturas de la DO promedio (**Figura 32**): menos de 20.000 células/pocillo para EXPRES 01 y menos de 40.000 células/pocillo para EXPRES 02. Una vez más, las diferencias atmosféricas en los niveles de oxígeno no afectaron a los resultados del número óptimo de células en este ensayo a corto plazo. Estos resultados sugieren que las células EXPRES son susceptibles a los protocolos de cribado que pueden medir los efectos toxicológicos de diversos agentes sobre la proliferación celular y/o la tasa metabólica.

Ejemplo de referencia 26**Expansión de las células de tipo DE derivadas de las células EXPRES**

Los ejemplos anteriores establecen que las células EXPRES pueden derivar de células madre embrionarias y pueden expandirse fácilmente sobre TCPS en diversos medios de crecimiento. La mayoría de estas formulaciones de medios contienen IGF como suplemento o insulina/IGF en 2 % de FBS usado en el medio de crecimiento. Se ha demostrado que estos factores inhiben los genes relacionados con DE a través de la ruta de la PI-3 quinasa (Stem cells, 25:29–38, 2007). Se formuló un medio alternativo a base de DM-F12 + 0,5 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT3A + inhibidor IX de GSK-3B 100 nM (denominado en adelante "medio de crecimiento para las células DE"). Las células EXPRES 01 del pase 27 cultivadas en el medio anterior fueron capaces de propagarse a la misma tasa que las células cultivadas en DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT3A + 50 ng/ml de IGF-I. Adicionalmente, las células cultivadas en el medio de crecimiento para las células DE expresaron marcadores de DE fuertes determinado mediante PCR en tiempo real (**Figura 33**) a través de tres pases. Aproximadamente el 72 % de las células expresó CXCR4 (**Figura 34**).

Ejemplo de referencia 27**Atenuación por ARNip de los genes diana en las células EXPRES**

La atenuación eficiente de genes diana en células madre embrionarias humanas utilizando ARNip está severamente limitada por la capacidad para alcanzar niveles altos de transfección en células madre embrionarias humanas cultivadas como colonias en racimo. Las células EXPRES se transfectan fácilmente con ARNip utilizando métodos convencionales y, por lo tanto, ofrecen un sistema valioso para detectar secuencias de oligo ARNip, así como para evaluar el papel desempeñado por los genes diana.

Métodos: Las células EXPRES 03 se sembraron en placas de cultivo tisular de 6 pocillos recubiertos con fibronectina

(10 µg/ml) en medio de crecimiento, que comprende 2 % de FBS en DMEM/F12, activina-A (100 ng/ml), wnt3a (10-20 ng/ml) e IGF (50 ng/ml). Para placas de 6 pocillos, se sembraron 200.000 células 24 horas antes de la transfección con las secuencias oligo de ARNip.

- 5 Para evaluar la atenuación del gen diana, se transfectaron células en células de confluencia del 70-80 % utilizando Lipofectamine 2000, de acuerdo a las recomendaciones del fabricante (Ambion (Applied Biosystems), Foster City, CA). Brevemente, se diluyó la cantidad apropiada de ARNip en 250 µl de medio Opti-MEM I con concentraciones reducidas de suero para alcanzar una concentración final de 100 nmol. Se diluyeron cinco microlitros de Lipofectamine 2000 en 250 µl de medio Opti-MEM I y se incubaron durante 5 minutos. Los complejos se incubaron durante 15-20 minutos a temperatura ambiente y, después, se añadieron a las células con movimientos de agitación suaves de las placas para un mezclado suave. Las células se incubaron en presencia de ARNip durante otras 24 horas, seguido de cambio completo del medio. Las células se visualizaron con microscopia de fluorescencia de 24-48 horas después de la transfección y el ARN cosechado para el análisis de la atenuación del gen diana mediante métodos de RT-PCR cuantitativa. Se analizaron las siguientes secuencias de oligo ARNip prevalidadas, adquiridas en Ambion: Beta-catenina (n.º de id. 42816) y GSK3b (n.º de id. 42839).

20 *Resultados:* La microscopia de fluorescencia reveló un nivel muy alto de captación de ARNip por las células EXPRES (> 80 %) cuando se utiliza el ARNip marcado con fluorescencia (**Figura 35**). El ARN cosechado de las células se analizó mediante PCR para la determinación de la atenuación del gen diana y se comparó con las células transfectadas con oligo ARNip de control. La beta-catenina y los oligos de ARNip de GSK3b alcanzaron niveles muy altos de atenuación génica en las células EXPRES, con más de un 93 % de atenuación génica. Otras secuencias de oligos no validadas oligo a otros objetivos génicos, por ejemplo, Hes-1, Oct-4 alcanzaron niveles más bajos y variables de atenuación del gen diana. La especificidad de las secuencias de oligo se verificó mediante análisis de otras transcripciones génicas, que no presenten ninguna atenuación apreciable.

25

Ejemplo de referencia 28

Análisis en matriz de anticuerpos de citocinas para las líneas EXPRES 01 y 02

- 30 Las líneas EXPRES 01 y 02 en el pase 22 y 23, respectivamente, se cultivaron hasta una confluencia de aproximadamente el 70 % en sus respectivos medios y, a continuación, se recogieron los lisados utilizando el kit de lisis celular de mamífero (Sigma-Aldrich, MO). El análisis en matriz de citocinas se completó usando paneles de matriz de citocinas proporcionadas por RayBiotech, GA (<http://www.raybiotech.com/>). En la **Tabla IX a-c** se enumeran la expresión de citocinas, el receptor de citocinas y del factor de crecimiento tras la normalización de los datos y la resta del fondo. Para cada panel, también se incluyen controles positivos y negativos. Los paneles se realizaron para dos muestras diferentes por tipo de célula.

35

Ejemplo de referencia 29

Análisis del cariotipo

- 40 El cariotipo de las células EXPRES 01 en el pase 20 y las células EXPRES 02 en el pase 15 se determinó mediante análisis de bandas G. El análisis citogenético se realizó en veintiún células en bandas G de EXPRES 01 y en veinte células en bandas G de EXPRES 02. La mitad de las células en bandas G EXPRES 01 mostró un cariotipo 46XX normal, mientras que el resto mostró un cariotipo anormal, tal como la trisomía 17. La línea EXPRES 02 también mostró una reordenación cromosómica con una duplicación de casi todo el brazo corto del cromosoma 1.

45

Ejemplo de referencia 30

Derivación de células EXPRES de una suspensión de células madre embrionarias humanas individuales en presencia de un inhibidor de la Rho quinasa (ROCK)

- 50 Las células de la línea de células madre embrionarias humanas H9 en el pase 35 se cultivaron en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) durante al menos tres pases. Las células se cultivaron en MEF-CM suplementado con 8 ng/ml de bFGF y se sembraron en placas recubiertas con MATRIGEL acuerdo con el **Ejemplo 1**. Aproximadamente a una confluencia del 60 %, los cultivos se expusieron a una solución TrypLE™ Express (Invitrogen, CA) durante 5 minutos. Las células liberadas se resuspendieron en medio DMEM-F12 + 2 % de FBS, se recuperaron mediante centrifugación y se contaron usando un hemocitómetro. Las células liberadas se sembraron a 1000 a 10.000 células/cm² en matraces tratados con poliestireno de cultivo tisular (TCPS) y se cultivaron en DM-F12 + 2 % de FBS + 100 ng/ml de activina-A + 20 ng/ml de WNT-3A + 50 ng/ml de IGF-I + mercaptoetanol 0,1 mM (Invitrogen, CA) y aminoácidos no esenciales (1X, NEAA de Invitrogen, CA) +/-inhibidor de ROCK10 µm Y-27632, Calbiochem, CA) en condiciones de hipoxia (aproximadamente 3 % de O₂) a 37 °C en incubador de cultivo tisular estándar. Los matraces TCPS no se recubrieron con MATRIGEL ni ninguna otra proteína de la matriz extracelular. El medio se cambió a diario. Las células de primer pase se denominan P1. Como se muestra en la **Figura 37**, 24 horas después de la siembra, la adición del inhibidor de ROCK dio como resultado un número significativamente mayor de células unidas en comparación con los cultivos derivados en ausencia del inhibidor de ROCK. Las células EXPRES

65

derivadas usando el inhibidor de ROCK, Y27632, se designaron EXPRES 15.

Ejemplo de referencia 31

5 Análisis del cariotipo

El cariotipo de las células EXPRES 15 en los pases 5 y 12 se determinaron mediante análisis de bandas G. El análisis citogenético se realizó en veintiún células en bandas G de EXPRES 15, todas las cuales mostraron un cariotipo 46XX normal (**Figura 38**). El análisis FISH de los cromosomas 12 y 17 también mostró que todas las células demostraron un patrón de señal normal para el gen ETV6 BAP (TEL) localizado en el cromosoma 12 y todas las células demostraron un patrón de señal normal para el gen Her2/neu y 17 centrómero en el cromosoma 17.

Ejemplo de referencia 32

15 Las células EXPRES se pueden mantener en medio que contiene un intervalo de concentraciones de IGF, WNT3A, activina-A e inhibidores de GSK-3B

Las células EXPRES 11 se cultivaron en medio DMEM/F12 (Invitrogen) que contiene 2 % de FBS, 100 ng/ml de activina-A, 20 ng/ml de Wnt3a y 50 ng/ml de IGF. Al 80 % de confluencia, se pasaron las células usando TrypLE Express (Invitrogen) en placas de 96 pocillos a una densidad de 4000 células/pocillo en DMEM/F12 que contiene 2 % de FBS. Las células se dejaron adherir al sustrato durante 1 hora en un incubador humidificado mantenido a 37 °C con 5 % de CO₂, antes de la adición de activina-A que va de 50 a 100 ng/ml, Wnt3a que va desde 10 a 20 ng/ml, IGF que va desde 10 a 50 ng/ml y el inhibidor de GSK-3B de 50 a 100 nM (IX). A las 24, 48 y 96 horas, la viabilidad celular se determinó usando el ensayo de proliferación celular CellTiter® 96 Aqueous One Solution (Promega). Brevemente, se añadió reactivo MTS a las placas de 96 pocillos y se dejó incubar con las células durante 1-4 horas y, a continuación, se leyó la absorbancia a 490 nm en un lector de placas. La lectura de absorbancia fue directamente proporcional al número de células vivas. La **Figura 39 a-c** muestra las lecturas de absorbancia a a) las 24 horas, b) 48 horas, y c) 96 horas después de la siembra.

30 **Tabla IA: Lista de anticuerpos primarios usados para análisis FACS e inmunotinción**

Anticuerpo	Proveedor	Isotipo	N.º de catálogo
SSEA-1	Chemicon (CA)	IgM de ratón	MAB4301
SSEA-3	Chemicon (CA)	IgG3 de ratón	MAB4303
SSEA-4	Chemicon (CA)	IgM de rata	MAB1435
TRA 1-60	Chemicon (CA)	IgM de ratón	MAB4360
TRA 1-81	Chemicon (CA)	IgM de ratón	MAB4381
TRA 1-85	Chemicon (CA)	IgG1 de ratón	MAB4385
AP	R&D Systems (MN)	IgG1 de ratón	FAB1448A
HNF3β	R&D Systems	IgG de cabra	AF2400
PDX1	Santa Cruz Biotechnology, INC (CA)	IgG de cabra	sc-14664
GATA4	R&D Systems	IgG de cabra	AF2606
Sox17	R&D Systems	IgG de cabra	AF1924
CD 9	BD Bioscience (CA)	IgG1 de ratón	341647
CXCR4	R&D Systems	IgG2A de ratón	FAB170A
SOX2	R&D Systems	IgG de cabra	AF2018
Nanog	R&D Systems	IgG de cabra	AF 1997
OCT4	R&D Systems	IgG de cabra	AF1759
Gata6	R&D Systems	IgG de cabra	AF1700
Ecad	R&D Systems	IgG de ratón	MAB1838
Ncam	R&D Systems	IgG de ratón	MAB777

HNF1b	R&D Systems	IgG de cabra	AF3330
b-catenina	R&D Systems	IgG de ratón	MAB13291
HNF1a	BD Bioscience	IgG de ratón	610902
CD99	Invitrogen (CA)	IgG de ratón	18-0235
Cerebus	Santa Cruz Biotechnology, INC	IgG de cabra	SC15131
Hex	Santa Cruz Biotechnology, INC	IgG de cabra	SC15129
AFP	R&D Systems	IgG de ratón	MAB1269
Antitripsina	DAKO (CA)	Conejo	A0012
Islote 1	R&D Systems	IgG de cabra	AF1837

Tabla IB: Lista de anticuerpos conjugados secundarios usados para análisis FACS e inmunotinción

Anticuerpo conjugado secundario	Proveedor	Dilución
IgG anti-ratón de cabra conjugado con APC	Jackson ImmunoResearch (PA)	1:200
IgG anti-ratón de cabra conjugado con PE	Jackson ImmunoResearch (PA)	1:200
Anti-conejo de burro conjugado con PE o con APC	Jackson ImmunoResearch (PA)	1:200
Anti-cabra de burro conjugado con PE o con APC	Jackson ImmunoResearch (PA)	1:200
IgM anti-ratón de cabra conjugado con PE	SouthernBiotech (AL)	1:200
IgM anti-rata de cabra conjugado con PE	SouthernBiotech (AL)	1:200
IgG3 anti-ratón de cabra conjugado con PE	SouthernBiotech (AL)	1:200

Tabla II Lista de cebadores usados para el análisis de PCR en tiempo real usando sondas TAQMAN®

<u>Cebador/Sonda</u>	<u>Número de catálogo</u>
18s	4310893E
ABCG2	Hs00184979_m1
AchE	Hs00241307_m1
AFP	Hs00173490_m1
ALB	Hs00609411_m1
Alfa-antitripsina	Hs02384981_m1
Amilasa	Hs00420710_g1
AP	Hs00240993_m1
Atoh1	Hs00944192_s1
B2MG	4310886E
B3Tubulina	Hs00964962_g1
B-catenina	Hs99999168_m1
Barx1	Hs00222053_m1
Brachyury (T)	Hs00610080_m1
CCK	Hs00174937_m1
Cdx1	Hs00156451_m1
Cdx2	Hs00230919_m1
CEBPa	Hs00269972_s1
CEBPb	Hs00942496_s1
Cerberus	Hs00193796_m1
CFC1 (Cripto)	Hs00414425_m1
CGA	Hs00174938_m1
CK19 (KRT19)	Hs00761767_s1
CLDN4 (claudina 4)	Hs00533616_s1
Proteína de unión a C-Myc	Hs00429315_g1
Conexina 32 (GJB-1)	Hs00939759_s1
Conexina 45	Hs00271416_s1
CTNNβ1	Hs00170025_m1
CXCR4	Hs00237052_m1
Ciclina D1	Hs00277039_m1
Dapper1 (DACT-1)	Hs00420410_m1
DKK1	Hs00183740_m1
DKK4	Hs00205290_m1
Endoglina	Hs00164438_m1
Exo1	Hs00243513_m1
F3	Hs00175225_m1
FAH	Hs00164611_m1
FGF4	Hs00173564_m1
FGF10	Hs00610298_m1

<u>Cebador/Sonda</u>	<u>Número de catálogo</u>
FGFR1	Hs00241111_m1
FGFR3	Hs00179839_m1
FGFR4	Hs00242558_m1
Fik1	Hs00911705_g1
FOXA1	Hs00270129_m1
FOXA3	Hs00270130_m1
FOXD3	Hs00255287_s1
FOXF1	Hs00230962_m1
GAPDH (humana)	4310884E
Gastrina	Hs00174945_m1
GATA1	Hs00231112_m1
GATA4	Hs00171403_m1
GATA5	Hs00388359_m1
GATA6	Hs00232018_m1
GCK	Hs00175951_m1
GFAP	Hs00157674_m1
GIP	Hs00175030_m1
Gli	Hs01110766_m1
Glucagón	Hs00174967_m1
Glut-2	Hs00165775_m1
Goosecoid	Hs00418279_m1
GS	Hs00374213_m1
Handy1	Hs00231848_m1
HB9	Hs00232128_m1
Hes1	Hs00172878_m1
Hex1	Hs00172696_m1
HEYL	Hs00232718_m1
HHIP (proteína de interacción hedgehog)	Hs01011009_m1
hHIF1a	Hs00153153_m1
HNF1	Hs00167041_m1
HNF1 α	Hs00167041_m1
HNF1 β	Hs00172123_m1
HNF3 β	Hs00232764_m1
HNF4 α	Hs00230853_m1
HNF6 (onecut)	Hs00413554_m1
HoxB1	Hs00157973_m1
IBSP	Hs00173720_m1
Insulina II	Hs00355773_m1
Islote-1	Hs00158126_m1
Jagged-1 (JAG1)	Hs00164982_m1
KDR	Hs00176676_m1

<u>Cebador/Sonda</u>	<u>Número de catálogo</u>
KRT15	Hs00267035_m1
MafA	Hs00999118_m1
MAML1	Hs00207373_m1
Map2	Hs00159041_m1
MapK14	Hs00176247_m1
MapK8	Hs00177083_m1
MBP (proteína básica de la mielina)	Hs00921945_m1
Mixl1	Hs00430824_g1
MMP1 (metaloproteasa de la matriz 1)	Hs00233958_m1
MOX1	Hs00793059_m1
MSX1	Hs00427183_m1
Mucina 1	Hs00904328_m1
Mucina 2	Hs00159374_m1
Myf5	Hs00271574_m1
MyoD1	Hs00159528_m1
N-Cadherina (CDH2)	Hs00169953_m1
N-Cam1	Hs00169851_m1
NEFH	Hs00606024_m1
NEFL	Hs00196245_m1
Nestina	Hs00707120_s1
NeuroD1	Hs00159598_m1
Ngn3	Hs00360700_q1
Nkx2.1	Hs00163037_m1
Nkx2.2	Hs00159616_m1
Nkx6.1	Hs00232355_m1
Notch1	Hs01062014_m1
NTS	Hs00175048_m1
O2	Hs00377820_m1
Oct3/4	Hs00742896_s1
OTX2	Hs00222238_m1
Pax3	Hs00240950_m1
Pax4	Hs00173014_m1
Pax6	Hs00240871_m1
Pax8	Hs00247586_m1
Pax9	Hs00196354_m1
PDX-1 (IPF1)	Hs00236830_m1
Ptch (Patched)	Hs00970985_m1
PTF1a	Hs00603586_q1
PYY	Hs01062281_m1
Receptor alfa de RA	Hs00230907_m1
RALDH	Hs01125173_m1

<u>Cebador/Sonda</u>	<u>Número de catálogo</u>
RBPSUH	Hs00794653_m1
Rex1 (ZFP42)	Hs00399279_m1
SCGB1	Hs00171092_m1
Secretina	Hs00360814_q1
sFRP	Hs00610060_m1
sFRP5	Hs00169366_m1
SHH	Hs00179843_m1
SLC5A8	Hs01068911_m1
Snai1	Hs00195591_m1
Snai2	Hs00161904_m1
Somatostatina	Hs00174949_m1
Sox1	Hs00534426_s1
Sox10	Hs00366918_m1
Sox17	véase la pestaña "Sox17"
Sox2	Hs00602736_s1
Sox3	Hs00271627_s1
Sox7	Hs00846731_s1
Sox9	Hs00165814_m1
Sparc	Hs00234160_m1
SP-C	Hs00161628_m1
TBX6	Hs00365539_m1
Terc	Hs00162669_m1
THBD	Hs00264920_s1
Twist1	Hs00361186_m1
Utf1	Hs00747497_q1
Vim	Hs00185584_m1
Wnt3a (humana)	Hs01055707_m1
Wnt3a (ratón)	Mm00437337_m1
WT1	Hs01103754_m1
Zic1	Hs00604749_m1
Zic2	Hs00600845_m1

Tabla III Lista de líneas EXPRES generadas a partir de las líneas parentales H1 y H9

N.º ID	ES línea parental, Número de pase	Día de derivación durante la diferenciación de DE	Medios usados para propagar células
EXPRES 01	H9P54	Día 4	Medio de crecimiento + 50 ng/ml IGF-I
EXPRES 02	H9P54	Día 6	DM-F12 + 2 % de FBS + +100 ng/ml de AA + 20 ng/ml de WNT-3A (medio de crecimiento)
EXPRES 03	H9P39	Día 3	Medio de crecimiento + 50 ng/ml IGF-I
EXPRES 04	H9P39	Día 4	Medio de crecimiento + 50 ng/ml IGF-I
EXPRES 05	H9P39	Día 5	Medio de crecimiento + 50 ng/ml IGF-I
EXPRES 06	H9P49	Día 5	Medios de crecimiento
EXPRES 07	H1P50	Día 5	Medios de crecimiento
EXPRES 08	H1P39	Día 4	Medio de crecimiento + 50 ng/ml de IGF-I + mercaptoetanol 0,1 mM
EXPRES 09	H1P39	Día 6	Medio de crecimiento + 50 ng/ml de IGF-I + mercaptoetanol 0,1 mM
EXPRES 10	H1P49	Día 4	Medios de crecimiento
EXPRES 11	H9P30	Día 4	Medio de crecimiento + 50 ng/ml de IGF-I + mercaptoetanol 0,1 mM
EXPRES 12	H9P30	Día 6	Medio de crecimiento + 50 ng/ml de IGF-I + mercaptoetanol 0,1 mM

Tabla IV Expresión de marcadores de la superficie celular por las líneas EXPRES 01 y 02

Marcador	EXPRES 01-% de expresión	EXPRES 02-% de expresión
TRA 1-60	100	100
TRA1-81	100	100
SSEA-3	100	86 (85-88)
SSEA-4	100	87 (83-88)
CD56 (NCAM)	< 1	38 (35-40)
CXCR4	< 1	20 (10-25)
SSEA-1	< 1	26 (9-32)
E-cadherina	90 (85-95)	75 (72-79)
CD9	99	66 (62-68)
CD30	97 (96-98)	43 (40-46)
Receptor de LIF	< 1	20 (15-21)
CD117	92 (90-95)	73 (67-75)

Tabla V EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES ENTRE LAS CÉLULAS MADRE EMBRIONARIAS INDIFERENCIADAS CULTIVADAS EN MATRIGEL™ Y CÉLULAS EXPRES 01 (A) Y 02 (B) CULTIVADAS EN TCPS

5 **A) ES frente a EXPRES 01 – Los valores de intensidad están en formato Log2.**

ES	EXPRES 01	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-5,03662	3,037629	269,52	Ascendente	8,34E-05	BG099432	EST
-2,82645	3,094183	60,57	Ascendente	3,88E-03	NM_013445	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD25 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD25 /FL = gb: NM_013445.1 gb: AF178853.1 gb: BC002815.1
-4,71714	0,961816	51,23	Ascendente	6,59E-05	AI796169	Proteína 3 de unión a GATA /FL = gb: NM_002051.1 gb: M69106.1 gb: BC003070.1
-1,57973	4,092731	51	Ascendente	6,13E-03	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
-2,24566	3,409815	50,4	Ascendente	1,19E-03	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1
-0,66473	4,897427	47,25	Ascendente	1,97E-04	R06655	EST, Moderadamente similar a la proteína AF078844 1 hqp0376 (H. sapiens)
-2,96204	2,589425	46,9	Ascendente	1,79E-03	NM_001311	Proteína 1 rica en cisteína (intestinal) de Homo sapiens (CRIP1), ARNm /PROD = proteína 1 rica en cisteína (intestinal) /FL = gb: U58630.1 gb: BC002738.1 gb: NM_001311.1 gb: U09770.1
-0,08298	5,388254	44,36	Ascendente	2,48E-04	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1

ES 2 663 421 T3

-4,21525	1,240929	43,9	Ascendente	4,36E-04	NM_006119	Factor 8 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (inducido por andrógenos) (FGF8), ARNm. /PROD = Factor 8 del crecimiento de fibroblastos ((inducido por andrógenos) /FL = gb: U36223.1 gb: U46212.1 gb: NM_006119.1
-3,11273	2,306225	42,78	Ascendente	5,07E-03	AW444761	EST
-4,05111	1,075159	34,93	Ascendente	1,19E-03	J03580	Proteína similar a la paratiroidea humana (asociada con hipercalcemia humoral de la neoplasia maligna), ARNm, cds completas. /FL = gb: J03580.1
-1,81534	3,025351	28,65	Ascendente	7,00E-04	AW590925	EST
-2,36335	2,448218	28,08	Ascendente	1,62E-02	AI189359	mevalonato (difosfo) descarboxilasa /FL = gb: NM_002461.1 gb: BC000011.1 gb: U49260.1
-3,00328	1,794842	27,82	Ascendente	7,77E-03	AI571798	Alfa inhibidor de disociación de Rho GDP (GDI)
-4,17258	0,510307	25,69	Ascendente	2,29E-04	AI040887	EST
-0,11332	4,420733	23,17	Ascendente	8,78E-05	NM_003670	Que contiene el dominio hélice-bucle-hélice de Homo sapiens, de clase B, 2 (BHLHB2), ARNm /PROD = gen 1 expresado en condrocitos embrionarios diferenciados 1 /FL = gb: AB004066.1 gb: NM_003670.1
-1,94	2,590871	23,12	Ascendente	3,90E-03	NM_016569	Isoproteína TBX3 de Homo sapiens, (TBX3-iso), ARNm. /PROD = isoproteína TBX3 /FL = gb: NM_016569.1 gb: AF216750.1
-2,18113	2,33099	22,82	Ascendente	1,12E-02	NM_004041	Arrestina de Homo sapiens, beta 1 (ARRB1), variante 1 del transcrito, ARNm. /PROD = arrestina beta 1, isoforma A /FL = gb: BC003636.1 gb: AF084040.1 gb: NM_004041.2
-2,85963	1,609384	22,15	Ascendente	6,37E-03	BC005961	Hormona similar a la hormona paratiroidea de Homo sapiens, clon MGC: 14611, ARNm, cds completa. /PROD = hormona similar a la hormona paratiroidea /FL = gb: BC005961.1
0,044298	4,505436	22,03	Ascendente	4,17E-05	W57613	EST

ES 2 663 421 T3

-3,65051	0,757197	21,23	Ascendente	7,11E-04	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
-1,25226	2,990178	18,93	Ascendente	2,70E-04	NM_013445	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD25 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD25 /FL = gb: NM_013445.1 gb: AF178853.1 gb: BC002815.1
-0,63516	3,41866	16,61	Ascendente	1,05E-03	AA149250	EST, débilmente similar al PRECURSOR PROTEICO WDNM1 DE RATA WDNM (R. norvegicus)
-0,14916	3,880272	16,33	Ascendente	8,45E-04	NM_002521	Precursor B del péptido natriurético (NPPB) de Homo sapiens, ARNm /PROD = Precursor B del péptido natriurético /FL = gb: NM_002521.1 gb: M25296.1
-2,88485	1,143234	16,31	Ascendente	2,83E-03	BF437711	EST
-2,7136	1,194285	15,01	Ascendente	2,14E-02	NM_001898	Cistatina SN (CST1) de Homo sapiens, ARNm /PROD = cistatina SN /FL = gb: J03870.1 gb: NM_001898.1
-0,07353	3,816817	14,83	Ascendente	1,62E-02	AF116616	ARNm de PRO0998 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PR00998 /FL = gb: AF116616.1
-1,44577	2,422113	14,6	Ascendente	1,34E-02	AL544576	EST
2,301255	6,091008	13,83	Ascendente	6,50E-05	BC020935	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4277593, ARNm.
3,006559	6,79047	13,77	Ascendente	8,80E-05	AI263909	Miembro B del gen homólogo de ras /FL = gb: NM_004040.1
-0,512	3,268087	13,74	Ascendente	2,96E-03	AF345910	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NYD-SP14 /FL = gb: AF345910.1
3,484047	7,24746	13,58	Ascendente	4,12E-04	NM_003564	Transgelina 2 (TAGLN2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transgelina 2 /FL = gb: D21261.1 gb: NM_003564.1
2,623145	6,382732	13,54	Ascendente	7,32E-05	AI050866	Homólogo nodal de ratón
2,91184	6,66195	13,46	Ascendente	1,44E-04	BC002616	Transgelina de Homo sapiens

ES 2 663 421 T3

						2, clon MGC: 2989, ARNm, cds completa. /PROD = transgelina 2 /FL = gb: BC002616.1
-1,18027	2,546953	13,24	Ascendente	1,42E-02	AI123555	EST
-0,92213	2,770179	12,93	Ascendente	1,08E-04	AK000345	ADNc de Homo sapiens FLJ20338 fis, clon HEP12179.
-1,85154	1,840613	12,93	Ascendente	6,40E-03	AI949760	EST, débilmente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
0,899321	4,507212	12,19	Ascendente	1,08E-04	AW 196940	EST
1,651788	5,252439	12,13	Ascendente	5,58E-05	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
-1,20347	2,387268	12,05	Ascendente	2,76E-02	BF063186	EST
3,669215	7,251816	11,98	Ascendente	2,01E-05	NM_000700	Anexina A1 de Homo sapiens (ANXA1), ARNm. /PROD = anexina I /FL = gb: BC001275.1 gb: NM_000700.1
-3,52039	0,041471	11,81	Ascendente	1,58E-02	AW 162210	ADNc de Homo sapiens FLJ11490 fis, clon HEMBA1001918
3,006317	6,564471	11,78	Ascendente	2,04E-04	NM_006183	Neurotensina (NTS) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de neurotensina /FL = gb: NM_006183.2 gb: U91618.1
3,227575	6,777916	11,72	Ascendente	2,01E-05	U15174	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD (BNIP3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1
1,869893	5,411751	11,65	Ascendente	2,01E-05	NM_001854	Colágeno alfa 1 de tipo XI de Homo sapiens (COL11A1), ARNm. /PROD = colágeno alfa 1 de tipo X /FL = gb: J04177.1 gb: NM_001854.1
2,851479	6,371229	11,47	Ascendente	3,61E-05	AI950472	EST
-0,1081	3,393761	11,33	Ascendente	1,39E-03	BG028597	EST
0,41954	3,911282	11,25	Ascendente	1,42E-04	AI670948	EST

ES 2 663 421 T3

-1,71451	1,771584	11,21	Ascendente	7,77E-03	B1254089	ADNc de inserto de longitud completa de Homo sapiens, clon ZD50E03
-1,66293	1,80547	11,07	Ascendente	2,68E-02	NM_000817	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD67 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD67 /FL = gb: NM_000817.1 gb: M81883.1 gb: L16888.1
0,451086	3,904705	10,96	Ascendente	5,45E-04	NM_007038	De tipo desintegrina y metaloproteasa (de tipo reprotisina) con motivo de trombospondina de tipo 1, 5 (agrecanasa 2) (ADAMTS5), ARNm. /PROD = una desintegrina y metaloproteasa con motivos de trombospodina-preproteína 5 /FL = gb: NM_007038.1 gb: AF14209
-1,44798	1,988376	10,83	Ascendente	1,07E-02	AW376860	EST
1,19822	4,633038	10,81	Ascendente	1,22E-04	NM_016931	NADPH oxidasa 4 (NOX4) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = NADPH oxidasa 4 /FL = gb: AF261943.1 gb: NM_016931.1 gb: AF254621.1 gb: AB041035.1
1,552808	4,981033	10,76	Ascendente	3,24E-04	NM_000602	Inhibidor de la serina (o cisteína) proteinasa, clado E (nexina, inhibidor del activador del plasminógeno tipo 1), miembro 1 (SERPINA 1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Inhibidor de la serina (o cisteína) proteinasa, clado E (nexina, inhibidor del activador de plasminógeno, de tipo 1), miembro
-0,62725	2,792215	10,7	Ascendente	3,24E-04	BC017942	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4285317, ARNm.
-1,22834	2,18828	10,68	Ascendente	2,50E-02	BG402859	EST
-0,85366	2,55067	10,59	Ascendente	3,53E-04	N36408	Proteína hipotética FLJ23306 /FL = gb: NM_024530.1
1,55625	4,952105	10,53	Ascendente	1,52E-03	BG164365	Proteína asociada a microtúbulos 1 B /FL = gb: NM_005909.1
0,93094	4,285883	10,23	Ascendente	4,17E-05	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4
-3,33551	0,008356	10,15	Ascendente	9,88E-03	BF221850	EST

ES 2 663 421 T3

-1,97569	1,35098	10,03	Ascendente	2,12E-02	NM_002149	Similar 1 a hipocalcina de Homo sapiens (HPCAL1), ARNm /PROD = similar a hipocalcina-1 /FL = gb: NM_002149.1 gb: D16227.1
0,624024	3,934756	9,92	Ascendente	2,01E-05	AF154054	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = DRM /FL = gb: NM_013372.1 gb: AF110137.2 gb: AF045800.1 gb: AF154054.1
-2,37515	0,931587	9,9	Ascendente	2,83E-02	NM_025136	Proteína hipotética FLJ22187 (FLJ22187) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ22187 /FL = gb: BC005059.1 gb: NM_025136.1
0,906004	4,154799	9,51	Ascendente	1,45E-04	NM_013372	Superfamilia 1 del nudo de cisteína de Homo sapiens, antagonista 1 de BMP (CKTSF1B1), ARNm. /PROD = Superfamilia 1 del nudo de cisteína, antagonista 1 de BMP /FL = gb: NM_013372.1 gb: AF110137.2 gb: AF045800.1 gb: AF154054.1
1,423659	4,64236	9,31	Ascendente	2,01E-05	AB019695	ARNm de Homo sapiens para tioredoxina reductasa II beta, cds completa. /PROD = tioredoxina reductasa II beta /FL = gb: AB019695.1
0,620478	3,822765	9,2	Ascendente	6,53E-05	AL567376	Receptor 39 acoplado a proteína G
2,317589	5,509474	9,14	Ascendente	1,02E-05	J04177	Clúster Incl. J04177: ARNm de colágeno de tipo XI alfa-1 humano (COL11A1), cds /cds completa = (161,5581) /gb = J04177 /gi = 179729 /ug = Hs.82772 /len = 6158
-0,01596	3,175621	9,14	Ascendente	9,88E-03	L37033	Clúster Incl. L37033: ARNm del homólogo de la proteína de unión FK-506 humano (FKBP38), cds /cds completa = (140,1207) /gb = L37033 /gi = 965469 /ug = Hs.173464 /len = 1613
3,119777	6,302535	9,08	Ascendente	5,07E-03	AI954041	Proteína 9 de solo la caja F /FL = gb: NM_012347.1
0,891337	4,058968	8,99	Ascendente	1,66E-04	NM_000325	Homeodominio similar pareado de Homo sapiens

ES 2 663 421 T3

						factor de transcripción 2 (PITX2), ARNm. /PROD = factor de transcripción 2 del homeodominio similar pareado /FL = gb: NM_000325.1 gb: U69961.1 gb: AF048720.1
2,106895	5,247359	8,82	Ascendente	2,13E-04	NM_001458	Filamina C de Homo sapiens, gamma (proteína 280 de unión a actina) (FLNC), ARNm. /PROD = filamina gamma /FL = gb: AF089841.1 gb: NM_001458.1
-1,42687	1,693258	8,69	Ascendente	2,43E-02	AF243424	ARNm de isoforma beta de SG2NA de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = isoforma beta de SG2NA
0,657996	3,771559	8,66	Ascendente	2,06E-02	AU158380	ADNc de Homo sapiens FLJ13698 fis, clon PLACE2000176
0,23287	3,334996	8,59	Ascendente	2,01E-05	R40917	fosfodiesterasa 4D, fosfodiesterasa E3 de homólogo (Drosophila)-dunce) específico de AMPc /FL = gb: L20969.1 gb: NM_006203.1 gb: U02882.1
-0,06159	3,027095	8,51	Ascendente	3,60E-04	U16797	ARNm de LERK-5 (EPLG5) humano, cds completa. /PROD = LERK-5 /FL = gb: U16797.1 gb: NM_004093.1 gb: L38734.1 gb: U81262.1
4,07051	7,149479	8,45	Ascendente	4,86E-05	M10943	Gen If de metalotioneína humana (hMT-If)
-0,35204	2,705807	8,33	Ascendente	1,09E-03	BC004490	homólogo del oncogén vírico de osteosarcoma murino v-fos FBJ de Homo sapiens, clon MGC: 11074, ARNm, cds completa. /PROD = homólogo del oncogén vírico de osteosarcoma murino FBJ v-fos /FL = gb: NM_005252.2 gb: BC004490.1
-2,0132	1,043139	8,32	Ascendente	3,61E-02	BE328496	Proteína hipotética PRO2032 /FL = gb: AF116683.1 gb: NM_018615.1
-0,68954	2,36447	8,31	Ascendente	8,94E-04	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2
-0,00953	3,031935	8,23	Ascendente	9,88E-03	AA831438	Homólogo de Mad4

ES 2 663 421 T3

3,079271	6,1137	8,19	Ascendente	4,17E-05	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
0,788995	3,806044	8,1	Ascendente	6,41E-05	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
0,9926	4,004698	8,07	Ascendente	8,48E-05	AI202327	EST
0,051719	3,059444	8,04	Ascendente	6,98E-04	NM_007350	Dominio similar de homología de pleckstrina de Homo sapiens, familia A, miembro 1 (PHLDA1), ARNm. /PROD = dominio similar de homología de pleckstrina de Homo sapiens, familia A, miembro 1 /FL = gb: NM_007350.1
-1,69103	1,312148	8,02	Ascendente	1,82E-03	U32500	ARNm del receptor Y del neuropéptido de tipo 2 humano, cds completa. /PROD = receptor Y del neuropéptido de tipo 2 /FL = gb: U42766.1 gb: U36269.1 gb: U32500.1
-0,93931	2,060071	8	Ascendente	6,51E-03	AA004300	Proteína hipotética DKFZp5661133
1,164666	4,161028	7,98	Ascendente	2,51E-03	BC005807	Homo sapiens, clon MGC: 10264, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 10264) /FL = gb: BC005807.1
2,462987	5,441963	7,88	Ascendente	1,45E-04	NM_016651	Nueva proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular de Homo sapiens (LOC51339), ARNm. /PROD = proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular /FL = gb: NM_016651.2 gb: AF251079.2
0,581498	3,560033	7,88	Ascendente	1,07E-04	U38945	ARNm de la proteína hipotética de 18,1 kD humana (CDKN2A), cds completa. /FL = gb: U38945.1 gb: U26727.1
0,470814	3,417829	7,71	Ascendente	8,26E-03	AF176039	ARNm de proteína R del grupo de alta movilidad de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína R del grupo de alta movilidad /FL = gb: AF176039.1
-1,50663	1,438639	7,7	Ascendente	7,38E-04	BF223214	EST
-2,43082	0,495104	7,6	Ascendente	1,71E-02	BF508288	EST

ES 2 663 421 T3

1,084464	4,009912	7,6	Ascendente	1,16E-03	BC004865	Proteína transmembrana 1 asociada al labio leporino y fisura palatina, clon MGC: 10593, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína transmembrana 1 asociada al labio leporino y fisura palatina /FL = gb: BC004865.1
4,232374	7,152167	7,57	Ascendente	1,54E-03	BF971587	Polipéptido de beta tubulina /FL = gb: BC001352.1
0,129315	3,042634	7,53	Ascendente	2,17E-04	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb: NM_005442.1
-0,20075	2,710846	7,52	Ascendente	2,58E-02	NM_003377	Factor B de crecimiento endotelial vascular (VEGFB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Factor de crecimiento endotelial vascular B /FL = gb: NM_003377.1 gb: U43368.1 gb: U52819.1
-0,45681	2,439084	7,44	Ascendente	7,82E-03	AI417362	Moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA J HUMANA ALU1 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN [H. sapiens]
0,155309	3,037724	7,37	Ascendente	8,78E-04	NM_007061	Proteína constituyente del suero (MSE55) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína constituyente del suero /FL = gb: M88338.1 gb: NM_007061.1
1,506057	4,362244	7,24	Ascendente	7,30E-05	NM_001425	Proteína 3 de la membrana epitelial (EMP3) de Homo sapiens, ARNm. PROD = Proteína 3 de la membrana epitelial 3/FL = gb: U52101.1 gb: NM_001425.1 gb: U87947.1
-1,75194	1,091177	7,18	Ascendente	3,15E-02	NM_021570	Homeobox 1 similar a BarH (BARX1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homeobox 1 similar a BarH /FL = gb: NM_021570.2 gb: AF213356.1
2,455614	5,294065	7,15	Ascendente	9,88E-03	AF279899	ARNm de PNAS-145 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-145 /FL = gb: U03105.1 gb: NM_006813.1 gb: AF279899.1

ES 2 663 421 T3

1,422626	4,257559	7,14	Ascendente	2,01E-05	NM_006365	Activador de la transcripción del promotor c-fos de Homo sapiens (CROC4), ARNm. /PROD = Activador de la transcripción del promotor c-fos /FL = gb: NM_006365.1 gb: U49857.1
-2,40588	0,424388	7,11	Ascendente	1,64E-02	NM_002433	Glicoproteína mielina de oligodendrocitos (MOG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glicoproteína mielina de oligodendrocitos /FL = gb: U18798.1 gb: U64564.1 gb: NM_002433.1
-1,86904	0,959227	7,1	Ascendente	4,35E-02	AB033831	ARNm de hSCDGF de Homo sapiens para el factor de crecimiento derivado de la médula espinal, cds completa. /PROD = factor de crecimiento derivado de la médula espinal /FL = gb: NM_016205.1 gb: AB033831.1 gb: AF091434.1 gb: AF244813.1
1,811736	4,639749	7,1	Ascendente	1,09E-03	M27830	Gen del ARN ribosómico 28S humano, cds completa.
-0,54131	2,28595	7,1	Ascendente	3,63E-03	BE504838	EST
4,065536	6,887587	7,07	Ascendente	4,08E-04	NM_005796	Factor de transporte nuclear 2 de Homo sapiens (proteína de la placenta 15) (PP15), ARNm. /PROD = Factor de transporte nuclear 2 (proteína de la placenta 15) /FL = gb: BC002348.1 gb: NM_005796.1 gb: U43939.1
-0,4348	2,379408	7,03	Ascendente	4,24E-03	BF686824	Proteína quinasa 3 asociada con la muerte /FL = gb: AB007144.1 gb: AB022341.1 gb: NM_001348.1
1,448288	4,255531	7	Ascendente	2,01E-05	AF096296	Precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico /FL = gb: AF142434.1 gb: AF096296.1 gb: AF124601.1 gb: AB010447.1 gb: NM_006072.1
3,504052	6,307554	6,98	Ascendente	4,05E-05	NM_006622	Quinasa inducible por suero (SNK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Quinasa inducible por suero /FL = gb: AF059617.1 gb: NM_006622.1 gb: AF223574.1

ES 2 663 421 T3

2,124541	4,927935	6,98	Ascendente	8,80E-05	J05008	Gen de la endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, cds completa /FL = gb: NM_001955.1
1,872394	4,674078	6,97	Ascendente	1,02E-05	AK022852	ADNc de Homo sapiens FLJ11490 fis, clon NT2RP2001985, débilmente similar a la proteína alfa E6TP1 dirigida a las oncoproteínas E5 de los virus del papiloma humano de alto riesgo de Homo sapiens, ARNm.
1,764338	4,563535	6,96	Ascendente	1,43E-04	AA909044	triptasa, alfa
1,401293	4,178686	6,86	Ascendente	1,66E-04	NM_003256	Inhibidor tisular de la metaloproteínasa 4 de Homo sapiens (TIMP4), ARNm. /PROD = precursor del inhibidor tisular de la metaloproteínasa 4 /FL = gb: NM_003256.1 gb: U76456.1
0,767075	3,54446	6,86	Ascendente	1,88E-03	AY029208	ARNm del precursor de la cadena de alfa 2 de colágeno de tipo VI (COL6A2) de Homo sapiens, cds completa, sometido a corte y empalme de forma alternativa. /PROD = precursor de la cadena de alfa 2 de colágeno de tipo VI /FL = gb: AY029208.1
-1,94468	0,831091	6,85	Ascendente	1,92E-02	NM_153036	Proteína hipotética FLJ32239 (FLJ32239) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_153036.1
0,586923	3,359675	6,83	Ascendente	4,17E-05	NM_000047	Arilsulfatasa E de Homo sapiens a (condrodisplasia punctata 1) (ARSE), ARNm. /PROD = precursor de arilsulfatasa E /FL = gb: X83573.1 gb: NM_000047.1
1,064878	3,834572	6,82	Ascendente	2,41E-04	NM_002610	Isoenzima 1 de piruvato deshidrogenasa quinasa (PDK1) de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = isoenzima 1 de piruvato deshidrogenasa quinasa /FL = gb: NM_002610.2 gb: L42450.1
-0,11882	2,64743	6,8	Ascendente	6,88E-04	AI702438	EST
-0,34208	2,418198	6,78	Ascendente	2,31E-04	AI860150	EST, débilmente similar a la región V-I de la cadena kappa de Ig A49134 (H. sapiens)

ES 2 663 421 T3

4,156522	6,9125	6,76	Ascendente	6,48E-05	NM_003240	Factor asociado con hemorragia endometrial de Homo sapiens (determinación izquierda-derecha, factor A; superfamilia del factor de crecimiento transformante beta) (EBAF), ARNm. /PROD = Factor transformante de crecimiento, beta 4 /FL = gb: U81523.1 gb: NM_003240.1 gb: AF081513.1
-1,8911	0,860193	6,73	Ascendente	2,83E-03	NM_001191	1 similar a BCL2 de Homo sapiens (BCL2L1), ARNm. /PROD = 1 similar a BCL2 /FL = gb: NM_001191.1
-0,53771	2,208449	6,71	Ascendente	1,41E-02	AI806338	Caja T 3 (síndrome ulnar mamario) /FL = gb: AF170708.2 gb: NM_005996.1
3,824397	6,568635	6,7	Ascendente	1,66E-04	AL031602	Secuencia de ADN humano del clon RP5-1174N9 en el cromosoma 1p34.1-35.3. Contiene el gen de una nueva proteína con dominio IBR, un gen (¿pseudo?) para una nueva proteína similar a MT1 E (metalotioneína 1E (funcional)), EST, STS, GSS y dos Cp putativos...
0,001822	2,741586	6,68	Ascendente	4,44E-05	NM_004904	Proteína CRE-BPa de unión al elemento de respuesta a AMPc de Homo sapiens (H_GS165L15.1), ARNm. /PROD = Proteína CRE-BPa de unión al elemento de respuesta a AMPc /FL = gb: NM_004904.1 gb: L05911.1
0,301216	3,030236	6,63	Ascendente	4,76E-04	AA812232	regulado por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
4,63387	7,360687	6,62	Ascendente	4,17E-05	BF217861	metalotioneína 1E (funcional)
0,413191	3,124723	6,55	Ascendente	5,00E-02	AL136925	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586H1320 (del clon DKFZp586H1320); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AL136925.1
-0,28056	2,427947	6,54	Ascendente	1,39E-03	AW090187	/PROD = 4 similar a dihidropirimidinasa /FL = gb: NM_006426.1 gb: AB006713.1
1,095892	3,804014	6,53	Ascendente	2,43E-04	NM_001146	Angiopoyetina 1 (ANGPT1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = angiopoyetina 1 /FL = gb: NM_001146.1 gb: D13628.1 gb: U83508.1
-0,0845	2,62025	6,52	Ascendente	2,59E-04	AA625683	EST

ES 2 663 421 T3

2,13274	4,835771	6,51	Ascendente	2,01E-04	AL574210	Inhibidor de la serina (o cisteína) proteinasa, clado E (nexina, inhibidor del activador del plasminógeno tipo 1), miembro 1 /FL = gb: NM_000602.1 gb: M16006.1
-0,64252	2,055951	6,49	Ascendente	2,10E-04	NM_001035	Receptor 2 de rianodina de Homo sapiens (cardíaco) (RYR2), ARNm. /PROD = Receptor 2 de rianodina (cardíaco) /FL = gb: NM_001035.1
4,450364	7,144308	6,47	Ascendente	3,61E-05	BF246115	Proteína relacionada con la ARN helicasa
0,405368	3,094055	6,45	Ascendente	6,25E-05	AW 188198	proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
-0,34351	2,332751	6,39	Ascendente	5,54E-05	NM_000077	Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina de Homo sapiens (melanoma, p16, inhibe CDK4) (CDKN2A), ARNm. /PROD = inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina (melanoma, p16, inhibe CDK4) /FL = gb: NM_000077.1 gb: L27211.1
-0,88122	1,790331	6,37	Ascendente	1,37E-03	AA775681	Proteína hipotética FLJ23091
3,508565	6,179917	6,37	Ascendente	8,80E-05	NM_000158	Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) de Homo sapiens (enzima ramificante de glucógeno, enfermedad de Andersen, enfermedad de almacenamiento de glucógeno tipo IV) (GBE1), ARN. /PROD = Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) (enzima ramificante de glucógeno) /FL = gb: L07956.1 gb: NM_000158.1
-1,84589	0,82486	6,37	Ascendente	3,13E-03	AV705309	EST
-0,18263	2,487276	6,36	Ascendente	1,49E-02	AC006942	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R31181
3,759854	6,426778	6,35	Ascendente	2,01E-05	AF313413	Proteína pequeña putativa de membrana NID67, ARNm, cds completa. PROD = Proteína NID67 de la membrana epitelial /FL = gb: AF313413.1
2,4094	5,066795	6,31	Ascendente	3,61E-05	AI809870	Proteína HSKM-B
-2,08089	0,570296	6,28	Ascendente	7,70E-03	BC016043	Proteína hipotética MGC2865 de Homo sapiens, clon MGC: 20246 IMAGE: 4635389, ARNm, cds completa. /FL = gb: BC016043.1
1,37641	4,004952	6,18	Ascendente	1,20E-04	AU148611	ARNm de pTR7 humano para secuencia repetitiva

ES 2 663 421 T3

1,384716	4,012773	6,18	Ascendente	4,52E-04	NM_006275	Factor 6 de corte y empalme de Homo sapiens, rico en arginina-serina (SFRS6), ARNm. /PROD = Factor 6 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina /FL = gb: U30883.1 gb: NM_006275.1
2,979212	5,604053	6,17	Ascendente	1,52E-04	M27830	Gen del ARN ribosómico 28S humano, cds completa.
0,310893	2,921559	6,11	Ascendente	3,42E-04	NM_007279	Factor auxiliar de ribonucleoproteína nuclear pequeña U2 de Homo sapiens (65kD) (U2AF65), ARNm. /PROD = Factor auxiliar de ribonucleoproteína nuclear pequeña U2 (65kD) /FL = gb: NM_007279.1
0,65284	3,256353	6,08	Ascendente	2,49E-04	AI819043	EST
1,609773	4,213168	6,08	Ascendente	1,35E-04	M29277	ARNm de glicoproteína MUC18 de aislado JuSo humano (variante 3), cds completa. /PROD = glicoproteína MUC18 /FL = gb: M29277.1
-0,62167	1,968272	6,02	Ascendente	4,11E-04	AI963304	EST
4,459837	7,047717	6,01	Ascendente	1,02E-04	NM_004052	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1
3,178404	5,762898	6	Ascendente	1,27E-04	AB037810	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1716, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1389
-1,08931	1,494664	6	Ascendente	2,35E-03	AB020683	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1716, cds parcial. /PROD = proteína KIAA0876
1,9194	4,501184	5,99	Ascendente	3,61E-05	AK000162	ADNc de FLJ20155 fis DE Homo sapiens, clon COL08754, altamente similar a la ACSA_ECOLI ACETIL-COENZIMA A SINTETASA.
0,671205	3,243641	5,95	Ascendente	2,48E-04	AA46362E	EST
0,091029	2,660133	5,93	Ascendente	9,55E-04	AF277174	ARNm de PNAS-137 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-137 /FL = gb: AF277174.1
1,479222	4,042679	5,91	Ascendente	6,34E-05	NM_005454	Homólogo de cerberus 1 (Xenopus laevis) de Homo sapiens (superfamilia del nudo de cisteína) (CER1), ARNm. /PROD = cerberus 1 /FL = gb: NM_005454.1

ES 2 663 421 T3

-0,29455	2,259676	5,87	Ascendente	2,79E-03	AF312393	Proteína de la cremallera de leucina de Homo sapiens FKSG13 (FKSG13), ARNm, cds completa. /PROD =proteína de la cremallera de leucina FKSG13 /FL = gb: AF312393.1
-0,81321	1,740607	5,87	Ascendente	3,72E-02	NM_002160	Hexabraquion de Homo sapiens (tenascina C, citotactina) (HXB9), ARNm /PROD = Hexabraquion (tenascina C, citotactina) /FL = gb: M55618.1 gb: NM_002160.1
0,167058	2,720179	5,87	Ascendente	1,02E-04	NM_021223	Cadena ligera 2a de miosina (LOC58498), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cadena ligera 2a de miosina /FL = gb: NM_021223.1
0,901323	3,451092	5,86	Ascendente	3,05E-05	NM_005767	Receptor purinérgico de Homo sapiens (grupo de la familia A) (P2Y5), ARNm. /PROD = receptor purinérgico de Homo sapiens (grupo de la familia A) /FL = gb: AF000546.1 gb: NM_005767.1
1,007578	3,543738	5,8	Ascendente	2,13E-04	NM_001955	Endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = endotelina 1 /FL = gb: NM_001955.1
1,327779	3,862686	5,8	Ascendente	1,51E-04	NM_007115	Proteína 6 inducida por alfa del factor de necrosis tumoral (TNFAIP6) de Homo sapiens, ARNm / PROD= proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
-0,2077	2,32716	5,8	Ascendente	1,52E-04	AA211909	EST
1,304257	3,835269	5,78	Ascendente	3,02E-04	NM_005451	Enigma de Homo sapiens (proteína del dominio LIM) (ENIGMA), ARNm. /PROD = proteína enigma /FL = gb: BC001093.1 gb: NM_005451.2 gb: AF265209.1
-0,30113	2,227329	5,77	Ascendente	4,58E-03	BE968750	Receptor 2 de rianodina de Homo sapiens (cardíaco) (RYR2), ARNm
1,678635	4,204607	5,76	Ascendente	9,75E-05	AA086229	enigma (proteína del dominio LIM)
1,411335	3,932627	5,74	Ascendente	1,58E-02	NM_003370	Fosfoproteína estimulada por vasodilatador de Homo sapiens (VASP), ARNm. /PROD = fosfoproteína estimulada por vasodilatador /FL = gb: NM_003370.1

ES 2 663 421 T3

-1,32153	1,183922	5,68	Ascendente	2,72E-02	AF217536	ARNm de mevalonato quinasa truncada de Homo sapiens, cds parcial, sometido a corte y empalme de forma alternativa. /PROD = mevalonato quinasa truncada
1,058988	3,560886	5,66	Ascendente	3,56E-03	H05812	receptor del factor 1 de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_000875.2
4,435207	6,93459	5,65	Ascendente	3,61E-05	AF078844	ARNm de la proteína hqp0376 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína hqp0376 /FL = gb: AF078844.1
2,418835	4,908301	5,62	Ascendente	3,47E-03	NM_012268	Similar al ORF de K4L HindIII del virus vacunal (HU-K4),ARNm. /PROD = similar al ORF de K4L HindIII del virus vacunal /FL = gb: U60644.1 gb: BC000553.1 gb: NM_012268.1
-0,56112	1,927121	5,61	Ascendente	6,37E-03	AL041124	Proteína hipotética PP1665
-1,63462	0,844727	5,58	Ascendente	4,98E-03	AI831874	EST
-0,34446	2,130828	5,56	Ascendente	3,75E-05	NM_006379	Dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3C de Homo sapiens (SEMA3C), ARNm. /PROD = dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3C /FL = gb: NM_006379.1 gb: AB000220.1
4,143258	6,618477	5,56	Ascendente	1,18E-05	AU146532	Isoenzima 1 de LA piruvato deshidrogenasa quinasa
-0,52233	1,950739	5,55	Ascendente	1,54E-03	AI091047	Familia 2 de transportadores de soluto (transportador facilitado de la glucosa), miembro 1 /FL = gb: K03195.1 gb: NM_006516.1
0,690529	3,155168	5,52	Ascendente	9,91E-04	BC033088	Homo sapiens, similar a la lamina AC, clon MGC: 45654 IMAGE: 3623265, ARNm, cds completa. /PROD = similar a la lamina AC /FL = gb: BC033088.1
-0,00098	2,454314	5,48	Ascendente	2,48E-04	NM_013281	Proteína 3 transmembrana rica en leucina de fibronectina de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 3 transmembrana rica en leucina de fibronectina /FL = gb: AF169677.1 gb: NM_013281.1
-0,87622	1,577138	5,48	Ascendente	1,84E-02	M15329	ARNm de interleuquina 1-alfa (IL-1A) humana, cds completa. /PROD = interleuquina 1-alfa IFL = gb: M15329.1

ES 2 663 421 T3

5,117294	7,564809	5,45	Ascendente	6,25E-05	M83248	ARNm de nefropontina humana, cds completa. /PROD = nefropontina /FL = gb: M83248.1
2,352834	4,796495	5,44	Ascendente	4,17E-05	AI653107	EST
3,27933	5,719116	5,43	Ascendente	3,24E-04	NM_016639	Proteína transmembrana de tipo I Fn14 de Homo sapiens (FN 14), ARNm. PROD = proteína transmembrana de tipo I Fn14 /FL = gb: NM_016639.1 gb: BC002718.1 gb: AB035480.1 gb: AF191148.1
-2,06232	0,368788	5,39	Ascendente	6,40E-03	AA148534	Proteína A plasmática asociada al embarazo /FL = gb: NM_002581.1 gb: U28727.1
3,982825	6,413408	5,39	Ascendente	7,48E-05	AA678241	estearoil-CoA desaturasa (delta-9-desaturasa) /FL = gb: AB032261.1 gb: AF097514.1 gb: NM_005063.1
0,399566	2,809822	5,32	Ascendente	7,81E-04	AF144103	ARNm de la proteína NJAC (NJAC) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína NJAC /FL = gb: AF144103.1 gb: AF106911.1 gb: AF073957.1 gb: BC003513.1 gb: NM_004887.1
4,15299	6,560926	5,31	Ascendente	6,59E-05	NM_000935	2-oxoglutarato 5-dioxigenasa (lisina hidroxilasa) 2 de procolágeno-lisina (PLOD2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 2-oxoglutarato 5-dioxigenasa (lisina hidroxilasa) 2 de procolágeno-lisina 2 /FL = gb: NM_000935.1 gb: U84573.1
0,319769	2,724257	5,29	Ascendente	8,94E-04	AL552534	ARNm humano para el antígeno CD44, 5UTR (secuencia desde el capuchón en 5 al codón de iniciación).
3,347359	5,750515	5,29	Ascendente	5,27E-03	AF047002	ARNm de ALY coactivador de la transcripción de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = coactivador de la transcripción ALY
4,571448	6,973787	5,29	Ascendente	3,53E-04	AI631159	Familia 2 de transportadores de soluto (transportador facilitado de la glucosa), miembro 3 /FL = gb: NM_006931.1 gb: M20681.1

ES 2 663 421 T3

1,93843	4,333496	5,26	Ascendente	1,21E-04	NM_019886	Hidrato de carbono de Homo sapiens (N-acetilglucosamina 6-O) sulfotransferasa 7 (CHST7), ARNm. /PROD = hidrato de carbono (N-acetilglucosamina 6-O) sulfotransferasa 7 /FL = gb: NM_019886.1 gb: AB037187.1 gb: AB040711.1
-0,3185	2,064012	5,21	Ascendente	1,55E-03	U83508	ARNm de angiopoyetina 1 humana cds completa. /PROD = angiopoyetina-1 /FL = gb: NM_001146.1 gb: D13628.1 gb: U83508.1
1,484424	3,866551	5,21	Ascendente	3,49E-04	BC000076	Ciclina D1 (PRAD1: adenomatosis paratiroide 1) de Homo sapiens, clon MGD: 2316, ARNm, cds completa. /PROD = ciclina D1 (PRAD1: adenomatosis paratiroide 1) /FL = gb: M73554.1 gb: BC000076.1
4,465458	6,844763	5,2	Ascendente	1,52E-04	AF003114	ARNm de CYR61 de Homo sapiens, cds completa. /FL = gb: AF003114.1
-1,33756	1,041706	5,2	Ascendente	8,51E-03	BF196010	EST
3,747557	6,125638	5,2	Ascendente	4,52E-04	AA554833	Proteína secretora neuroendocrina 55
-0,24196	2,129273	5,17	Ascendente	2,80E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
2,657439	5,023981	5,16	Ascendente	1,66E-04	NM_006472	Regulada por aumento por 1,25-dihidroxitamina D-3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulado por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
1,275689	3,642133	5,16	Ascendente	1,65E-04	BF982289	EST, Débilmente similar a la proteína similar a la elastina (D. melanogaster)
2,11271	4,458591	5,08	Ascendente	1,97E-04	H15920	EST, débilmente similar al RECEPTOR RTA ACOPLADO A PROTEÍNA G PROBABLE RTA DE RATA (R. norvegicus)
2,624088	4,968498	5,08	Ascendente	1,45E-04	M28882	ARNm de glicoproteína MUC18 humano, cds completa. /PROD = glicoproteína MUC18 /FL = gb: M28882.1
4,046173	6,388326	5,07	Ascendente	6,34E-05	NM_015641	Testina (DKFZP586B2022) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = testina /FL = gb: BC001451.1 gb: AF245357.1 gb: AF245356.1 gb: NM_015641.1

ES 2 663 421 T3

0,946455	3,284436	5,06	Ascendente	5,46E-04	BM976939	ADNc de Homo sapiens FLJ31611 fis, clon NT2RI2002923.
1,389207	3,725552	5,05	Ascendente	1,08E-04	AL136805	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434J1521 (del clon DKFZp434J1521); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AL136805.1
0,710433	3,041407	5,03	Ascendente	1,08E-03	NM_004472	Caja D1 forkhead de Homo sapiens (ARNM de FOXD1 /PROD = caja D1 forkhead /FL = gb: U59832.1 gb: NM_004472.1
2,800881	5,127991	5,02	Ascendente	6,53E-05	NM_017817	Proteína hipotética FLJ20429 (FLJ20429) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20429 /FL = gb: NM_017817.1
0,432778	2,759117	5,02	Ascendente	2,50E-03	A1692523	EST
-0,94056	1,385676	5,01	Ascendente	4,17E-03	AI927458	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434A196 (del clon DKFZp434A196); cds completa
0,224112	2,550074	5,01	Ascendente	4,11E-04	BF060767	EST
-0,47823	1,845598	5,01	Ascendente	2,75E-03	AA489100	EST
4,590104	-3,36994	249,01	Descendente	2,26E-04	AA167449	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
6,024741	-1,32044	162,6	Descendente	1,79E-03	AF017987	ARNm de la proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis de Homo sapiens (SARP2), cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis 3/FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
1,940449	-5,04898	127,07	Descendente	3,05E-05	BE644917	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
2,68759	-3,61621	79	Descendente	1,25E-03	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPC de Homo sapiens, cds completa
5,005827	-1,03397	65,79	Descendente	1,30E-04	NM_003020	Proteína neuroendocrina 1 granular secretora de Homo sapiens (proteína 7B2) (SGNE1), ARNm. /PROD = Proteína neuroendocrina 1 granular secretora (proteína 7B2) /FL = gb: BC005349.1 gb: NM_003020.1
0,357833	-5,67924	65,67	Descendente	2,26E-03	BG38978/9	ARNm humano regulado por aumento durante la apoptosis Inducida por captotecina de células U937.

ES 2 663 421 T3

6,500961	0,756526	53,61	Descendente	4,17E-05	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
2,077151	-3,59883	51,13	Descendente	3,75E-03	BF223193	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
3,29779	-2,3376	49,71	Descendente	3,05E-05	U17496	ARNm de la subunidad LMP7 del proteasoma (alelo LMP7B) humana, cds completa. /PROD = subunidad LMP7 del proteasoma /FL = gb: U17497.1 gb: U17496.1
4,803291	-0,78667	48,17	Descendente	3,75E-05	AA628440	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
4,124115	-1,42293	46,75	Descendente	7,16E-04	AW262311	EST
2,437935	-3,10907	46,75	Descendente	2,41E-04	BE672557	EST
4,276201	-1,19736	44,43	Descendente	9,47E-04	AV699347	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
1,710253	-3,7619	44,39	Descendente	8,66E-05	NM_016179	Canal 4 del receptor de potencial transitorio de Homo sapiens (TRPC4), ARNm. PROD = receptor de potencial transitorio 4 3/FL = gb: NM_016179.1 gb: AF175406.1
2,313549	-3,12747	43,44	Descendente	5,45E-04	AV726956	EST, Débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
2,835599	-2,26295	34,26	Descendente	2,50E-03	AI735586	EST
0,588183	-4,50758	34,2	Descendente	2,89E-04	AU118882	receptor de tipo A de la endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
0,349102	-4,73558	33,93	Descendente	2,50E-02	BM682352	ADNc de Homo sapiens FLJ37204 fis, clon BRALZ2006976.
-0,10303	-5,00884	29,98	Descendente	1,97E-04	NM_022168	Proteína 5 asociada a la diferenciación del melanoma (MDA5) de Homo sapiens, ARNm /PROD = proteína 5 asociada a la diferenciación del melanoma /FL = gb: AY017378.1 gb: NM_022168.1 gb: AF095844.1
2,325274	-2,506	28,47	Descendente	1,35E-04	AW193693	Proteína DKFZP566K1924
0,252976	-4,55112	27,94	Descendente	2,54E-02	NM_018043	Proteína hipotética FLJ10261 (FLJ10261) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10261 /FL = gb: NM_018043.1

ES 2 663 421 T3

2,719388	-2,08299	27,9	Descendente	1,72E-02	NM_002048	Proteína 1 específica del cese de crecimiento (GAS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 específica del cese de crecimiento /FL = gb: NM_002048.1 gb: L13698.1
3,257726	-1,54343	27,88	Descendente	6,25E-05	NM_004335	Antígeno 2 de células estromales de médula ósea de Homo sapiens (BST2), ARNm. /PROD = antígeno 2 de células estromales de médula ósea /FL = gb: NM_004335.2 gb: D28137.1
4,353788	-0,41404	27,24	Descendente	4,72E-04	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
4,387855	-0,27888	25,4	Descendente	6,82E-05	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc /FL = gb: AF225513.1
0,027478	-4,62508	25,15	Descendente	9,89E-03	NM_152647	Proteína hipotética FLJ32800 (FLJ32800) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_152647.1
1,767203	-2,80617	23,81	Descendente	4,44E-04	AI742043	EST
1,665643	-2,69521	20,55	Descendente	1,08E-04	AF282250	ARNm de calneuron 1 (CALN1) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = calneuron 1 /FL = gb: AF282250.1
0,414323	-3,84422	19,14	Descendente	3,42E-04	AF283777	Secuencia de ARNm del clon TCBAP0702TCBAP0702 de Homo sapiens.
3,779853	-0,4664	18,98	Descendente	4,72E-04	AV646597	Débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
1,995324	-2.233	18,74	Descendente	1,01E-03	NM_014862	Producto génico KIAA0307 de Homo sapiens (KIAA0307), ARNm /PROD = Producto génico KIAA0307 /FL = gb: AB002305.1 gb: NM_014862.1
1,946332	-2,24096	18,22	Descendente	2,40E-03	BG166705	Miembro 5 de la subfamilia b de citocinas inducibles pequeñas (Cys-X-Cys), (péptido 78 activador de neutrófilos derivado epitelial)

ES 2 663 421 T3

1,179963	-2,9904	18,01	Descendente	2,13E-04	U96136	ARNm de delta-catenina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = delta-catenina /FL = gb: NM_001332.1 gb: U72665.1 gb: AB013805.1 gb: U96136.1 gb: AF035302.1
2,060687	-2,07873	17,62	Descendente	1,01E-03	AI269290	Familia 18 de transportadores de soluto (monoamino vesicular) /FL = gb: L14269.1 gb: L23205.1 gb: L09118.1 gb: NM_003054.1
2,480221	-1,64839	17,49	Descendente	1,22E-03	NM_004900	Forbolina de Homo sapiens (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) (DJ742C19.2), ARNm. /PROD = forbolina (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) /FL = gb: NM_004900.1 gb: U61083.1
0,971941	-3,12304	17,09	Descendente	1,07E-02	NM_018018	Proteína hipotética FLJ10191 (FLJ10191) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10191 /FL = gb: NM_018018.1
2,263194	-1,81469	16,89	Descendente	2,69E-03	AF052108	Secuencia de ARNm del clon 23687 de Homo sapiens.
2,115848	-1,84267	15,55	Descendente	3,89E-02	AF213678	Proteína pequeña relacionada a HAI-2 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína pequeña relacionada a HAI-2 /FL = gb: AB038317.1 gb: AF213678.1
2,348373	-1,56046	15,02	Descendente	7,77E-03	NM_016354	Familia 21 del transportador de solutos (transportador de aniones orgánicos), miembro 12, (SLC21A12), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transportador de aniones orgánicos OATP-E /FL = gb: AB031051.1 gb: NM_016354.1 gb: AF205072.1 gb: AF187817.1
1,910263	-1,99418	14,97	Descendente	3,77E-04	NM_006994	Butirofilina de Homo sapiens, subfamilia 3, miembro A3 (BTN3A3), ARNm. /PROD = butirofilina, subfamilia 3, miembro A3 /FL = gb: U90548.1 gb: NM_006994.2

ES 2 663 421 T3

2,699795	-1,16113	14,53	Descendente	5,07E-03	NM_012281	Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 (KCND2), ARNm. /PROD = Canal dependiente de voltaje de potasio, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 /FL = gb: NM_012281.1 gb: AB028967.1 gb: AF121104.1
2,172559	-1,66608	14,31	Descendente	7,83E-03	BE673445	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R28379
0,265765	-3,53873	13,97	Descendente	2,21E-03	AI675836	Secuencia de ADN humano del clon RP11-446H13 en el extremo 3 del gen para una nueva proteína similar a KIAA1059 (ortólogo de la proteína receptora de dominio VPS10 de ratón SORCS), un RPL23A (proteína 23A ribosómica 60s), EST, STS
5,440506	1,644236	13,89	Descendente	6,34E-05	M34455	ARNm de indoleamina 2,3-dioxigenasa (IDO) inducible por interferón gamma humano, cds completa. /FL = gb: NM_002164.1 gb: M34455.1
0,330556	-3,45471	13,79	Descendente	5,46E-04	BE972639	EST
0,437404	-3,31877	13,51	Descendente	4,52E-04	H05254	EST
1,32524	-2,42314	13,44	Descendente	1,57E-02	H29627	EST
1,673028	-2,06656	13,36	Descendente	5,30E-03	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST
1,319614	-2,39234	13,1	Descendente	1,43E-02	NM_004389	Catenina (proteína asociada a cadherina), alfa 2 (CTNNA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = catenina (proteína asociada a cadherina), alfa 2 /FL = gb: NM_004389.1 gb: M94151.2
1,708627	-1,98647	12,95	Descendente	1,75E-02	NM_017596	Proteína KIAA0449 (KIAA0449), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética DKFZp434J212 /FL = gb: NM_017596.1
2,777148	-0,8902	12,71	Descendente	4,36E-04	NM_022034	Gen 1 regulado por estrógenos (ERG-1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = gen 1 regulado por estrógenos /FL = gb: AF305835.1 gb: NM_022034.1
1,982765	-1,67669	12,64	Descendente	6,88E-04	BE672659	EST
0,457009	-3,18081	12,45	Descendente	3,30E-04	AW449813	Proteína KIAA0918
0,510314	-3,12055	12,39	Descendente	1,71E-02	AW780006	EST

ES 2 663 421 T3

0,536704	-3,05382	12,05	Descendente	1,92E-02	AL049250	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564D113 (del clon DKFZp564D113);
2,294336	-1,27392	11,86	Descendente	1,66E-02	U11058	ARNm de la subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande de Homo sapiens (MaxiK), cds completa. /PROD = subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande /FL = gb: U23767.1 gb: NM_002247.1 gb: AF025999
2,177763	-1,38062	11,78	Descendente	8,80E-05	NM_002590	Protocadherina 8 (PCDH8) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = protocadherina 8 /FL = gb: NM_002590.2 gb: AF061573.2
-0,48821	-4,01809	11,55	Descendente	2,29E-02	AB040812	ARNm de Homo sapiens para la proteína quinasa PAK5, cds completa. /PROD = proteína quinasa
1,785431	-1,74236	11,53	Descendente	2,18E-03	R15072	PAK5 /FL = gb: AB040812.1 EST
1,459269	-2,00069	11	Descendente	3,74E-04	NM_000277	Fenilalanina hidroxilasa (PAH) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fenilalanina hidroxilasa /FL = gb: U49897.1 gb: NM_000277.1
1,995493	-1,44407	10,85	Descendente	7,11E-03	U91903	ARNm de Fritz humano, cds completa. /PROD = testina /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
0,679665	-2,7484	10,76	Descendente	5,57E-03	BC000568	Homo sapiens, clon MGC: 3040, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 3040) /FL = gb: BC000568.1
1,841888	-1,57619	10,69	Descendente	1,16E-03	AW072790	contactina 1
-0,42571	-3,8118	10,45	Descendente	1,58E-02	AK023699	ADNc de Homo sapiens FLJ13637 fis, clon PLACE1011165.
1,923237	-1,4606	10,44	Descendente	4,11E-04	AW072102	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434H205 (del clon DKFZp434H205)
0,931661	-2,45074	10,43	Descendente	1,07E-02	AW 149405	neurexina 1 /FL = gb: AB035356.1

ES 2 663 421 T3

0,781816	-2,56699	10,19	Descendente	2,50E-02	NM_000698	Araquidonato 5-lipoxigenasa (ALOX5) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = araquidonato 5-lipoxigenasa /FL = gb: NM_000698.1 gb: J03600.1 gb: J03571.1
1,939598	-1,40726	10,17	Descendente	2,29E-03	AB014737	ARNm de Homo sapiens para SMAP-2b, cds completa. /PROD = - 2b /FL = gb: AB014737.1
0,874376	-2,46854	10,15	Descendente	1,59E-02	U82671	Familia A2a del antígeno del melanoma del cromosoma Xq28 de Homo sapiens (MAGEA2A), familia A12 del antígeno del melanoma (MAGEA12), familia A2b del antígeno del melanoma (MAGEA2B), familia A3 del antígeno del melanoma (MAGEA3), caltractina (CALT), proteína similar a NAD(P)H deshidrogenasa (NSDHL), a...
3,315768	0,011663	9,88	Descendente	7,33E-04	AK098525	ADNc de Homo sapiens ARNm de FLJ25659 fis, clon TST00427, altamente similar a la proteína de interacción hedgehog de Mus musculus (cadera).
0,121165	-3,1782	9,84	Descendente	4,65E-03	AI985987	EST, Moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA J HUMANA ALU1 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,686587	-2,59339	9,71	Descendente	2,72E-02	NM_000439	Proteína convertasa subtilisina kexina de tipo 1 de Homo sapiens (PCSK1), ARNm. /PROD = proproteína convertasa subtilisina kexina de tipo 1 /FL = gb: NM_000439.2 gb: M90753.1
3,113317	-0,0881	9,2	Descendente	7,30E-05	AL565745	EST, Débilmente similar a 2108402A carnitina palmitoiltransferasa I (H. sapiens)
2,890305	-0,29832	9,12	Descendente	3,24E-04	NM_015474	Proteína DKFZP564A032 (DKFZP564A032), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína DKFZP564A032 /FL = gb: AF228421.1 gb: AL050267.1 gb: AB013847.1 gb: NM_015474.1
0,447048	-2,73882	9,1	Descendente	4,19E-02	BE645435	EST
3,142124	-0,03564	9,05	Descendente	3,76E-03	AL832535	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp547J1816 (del clon DKFZp547 J1816);

ES 2 663 421 T3

0,767101	-2,38787	8,91	Descendente	1,92E-02	BC003517	Homo sapiens, clon IMAGE: 3542589, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3542589)
4,315048	1,168713	8,85	Descendente	7,92E-04	NM_016139	Proteína DE 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1
-0,47937	-3,61302	8,78	Descendente	2,49E-02	BE968773	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564O1262 (del clon DKFZp564O1262)
3,26376	0,151239	8,65	Descendente	1,74E-04	BE644809	EST
0,384182	-2,72567	8,63	Descendente	3,02E-02	NM_005825	Proteína 2 liberadora de guanilo de RAS (regulada por calcio y DAG) (RASGRP2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 2 liberadora de guanilo de Ras (regulada por calcio y DAG) /FL = gb: AF043723.1 gb: NM_005825.1
2,363587	-0,72928	8,53	Descendente	7,38E-04	NM_024645	Proteína hipotética FLJ13842 (FLJ13842) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína hipotética FLJ13842 /FL = gb: NM_024645.1
4,756657	1,668488	8,5	Descendente	1,30E-04	AV715309	Débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,995551	-2,07915	8,43	Descendente	3,01E-02	NM_005386	Neuronatina (NNAT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuronatina /FL = gb: NM_005386.1 gb: BC001768.1 gb: AB002392.1 gb: U25033.1
2,380226	-0,68921	8,39	Descendente	8,34E-05	NM_016546	Precursor de la proteinasa similar a C1 r del complemento de Homo sapiens (LOC51279), ARNm. /PROD = precursor de la proteinasa similar a C1 r del complemento, /FL = gb: AF178985.1 gb: NM_016546.1
2,598916	-0,46577	8,37	Descendente	6,59E-05	AW051591	EST, moderadamente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
1,045717	-2,01579	8,35	Descendente	1,44E-02	AI937060	Proteína KIAA1151
3,009579	-0,04543	8,31	Descendente	7,08E-04	AB037730	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1309, cds parciales. /PROD = proteína KIAA1309
1,440541	-1,60998	8,29	Descendente	1,58E-02	BE503640	EST

ES 2 663 421 T3

0,4785	-2,56291	8,23	Descendente	2,46E-02	BG532690	Integrina alfa-4 (antígeno CD49D, subunidad alfa 4 del receptor VLA-4)
5,84374	2,812887	8,17	Descendente	6,34E-05	BC000069	Respondedor del receptor de ácido retinoico de Homo sapiens (inducido por tazaroteno) 2, clon MGC: 1544, ARNm, cds completa. /PROD = respondedor del receptor de ácido retinoico (inducido por tazaroteno) 2 /FL = gb: BC000069.1 gb: NM_002889.2 gb: AB015632.1 gb: U77594.1
1,110683	-1,89628	8,04	Descendente	8,48E-04	AA557324	EST, Débilmente similar a la hidroxilasa de ácidos grasos omega (H. sapiens)
1,386384	-1,61585	8,01	Descendente	3,53E-04	AF196571	ARNm de la proteína 1 similar a delta de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 similar a delta /FL = gb: NM_005618.2 gb: AF196571.1
5,363884	2,372618	7,95	Descendente	7,30E-05	NM_007015	Precursor de condromodulina 1 (CHM-I) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de condromodulina 1 /FL = gb: NM_007015.1 gb: AB006000.1
1,364581	-1,62447	7,94	Descendente	2,16E-02	NM_145280	Antígeno HCA557b asociado al carcinoma hepatocelular similar de Homo sapiens, (LOC151194), ARNm. /FL = gb: BC009462.1 gb: NM_145280.1
2,628136	-0,35867	7,93	Descendente	1,22E-04	NM_001957	Receptor de tipo A de endotelina (EDNRA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor de tipo A de endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
1,712212	-1,25121	7,8	Descendente	8,48E-04	R62432	Clúster Incl. R62432: ADNc de yg52e11.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-36023 /clon_fin = 3 /gb = R62432 /gi = 834311 /ug = Hs.12321 /len = 487
1,443731	-1,51616	7,78	Descendente	4,37E-03	AJ272267	ARNm parcial de Homo sapiens para la colina deshidrogenasa (gen chdh). /PROD = colina deshidrogenasa

ES 2 663 421 T3

3,106596	0,148375	7,77	Descendente	1,23E-02	NM_002305	Proteína soluble 1 de unión a galactósido, lectina (galectina 1) de Homo sapiens (LGALS1), ARNm. /PROD = precursor de lectina de unión a beta-galactosidasa /FL = gb: NM_002305.2 gb: BC001693.1 gb: J04456.1
1,961633	-0,98665	7,72	Descendente	8,93E-03	NM_001463	Proteína relacionada a frizzled (FRZB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína relacionada a frizzled /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
2,38092	-0,54428	7,6	Descendente	6,34E-04	AF053712	ARNm del ligando de la osteoprotegerina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = ligando de la osteoprotegerina /FL = gb: AF053712.1 gb: AF019047.1
0,685413	-2,22507	7,52	Descendente	2,98E-02	NM_018383	Proteína hipotética FLJ11294 (FLJ11294) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína hipotética FLJ11294 /FL = gb: NM_018383.1
-0,24717	-3,14972	7,48	Descendente	3,67E-04	AF429305	ARNm de C23up NCRMS de Homo sapiens; secuencia parcial, sometida a corte y empalme de forma alternativa.
3,893148	0,997757	7,44	Descendente	1,29E-04	AU144892	ADNc de Homo sapiens FLJ11569 fis, clon HEMBA1003304
0,82553	-2,06523	7,42	Descendente	4,10E-02	BC041933	Homo sapiens, clon IMAGE: 5300703, ARNm.
0,728978	-2,13318	7,27	Descendente	1,25E-03	AL573058	Componente 1 del complemento, subcomponente r
1,033324	-1,8148	7,2	Descendente	5,93E-03	N80918	Nuevo mapeo del gen humano al cromosoma 13
2,858719	0,013383	7,19	Descendente	4,37E-03	L10374	Secuencia de ARNm humana (clon CTG-A4).
2,260317	-0,57539	7,14	Descendente	1,02E-03	AI138603	EST
2,003902	-0,82254	7,09	Descendente	8,00E-03	BF109660	EST
3,85985	1,037668	7,07	Descendente	2,70E-04	R40892	EST
3,921983	1,12675	6,94	Descendente	3,53E-04	AA206141	EST
-0,17018	-2,96268	6,93	Descendente	2,08E-02	AV741130	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)

ES 2 663 421 T3

1,610685	-1,16078	6,83	Descendente	9,82E-04	AA886335	ARNm de antígeno NY-BR-20 de cáncer de mama definido serológicamente de Homo sapiens, cds parcial
2,859538	0,089114	6,82	Descendente	2,22E-03	AW014734	EST
3,212409	0,467551	6,7	Descendente	2,69E-04	BG434174	ADNc de Homo sapiens FLJ13555 fis, clon PLACE1007677
2,116702	-0,60252	6,59	Descendente	3,35E-03	AF107846	Gen p55 (XLalphas) de la proteína de Golgi específica neuroendocrina de Homo sapiens, exón XL2 y cds completa
3,179908	0,462842	6,58	Descendente	3,24E-04	U82811	ARNm de la proteína que contiene homeodominio (HANF) humana, cds completa. /PROD = HANF /FL = gb: U82811.1 gb: NM_003865.1
2,509452	-0,20066	6,54	Descendente	1,04E-03	NM_001609	Cadena de ramificación corta de la acil-Coenzima A deshidrogenasa (ACADSB) de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = precursor de la cadena de ramificación corta de la acil-Coenzima A deshidrogenasa /FL = gb: U12778.1 gb: NM_001609.1
2,596054	-0,10733	6,51	Descendente	1,39E-03	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
0,559211	-2,13754	6,48	Descendente	2,20E-02	BF000203	EST
4,534853	1,872557	6,33	Descendente	9,75E-05	R38389	proteína localizada en el ER relacionada con olfactomedina
2,068166	-0,59258	6,32	Descendente	1,69E-03	BF698797	EST
2,168796	-0,49174	6,32	Descendente	2,44E-04	NM_002522	Proteína pentraxina neuronal I (NPTX1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la pentraxina neuronal I /FL = gb: NM_002522.1 gb: U61849.1
-0,10024	-2,75761	6,31	Descendente	3,60E-02	BC033812	Homo sapiens, similar a la LOC155399, clon MGC: 45477 IMAGE: 5181460, ARNm, cds completa. /PROD = similar a LOC155399 /FL = gb: BC033812.1

ES 2 663 421 T3

0,994947	-1,65385	6,27	Descendente	7,39E-03	NM_024034	Proteína hipotética MGC3129 de Homo sapiens similar a la proteína asociada con la diferenciación inducida por gangliósido (MGC3129), ARNm. /PROD = proteína hipotética MGC3129 de Homo sapiens similar a la proteína asociada con la diferenciación inducida por gangliósido /FL = gb: NM_024034.1 gb: BC0
3,758058	1,109291	6,27	Descendente	4,39E-04	NM_005356	Proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
1,553207	-1,09181	6,26	Descendente	2,54E-02	AI653050	EST, débilmente similar a pa HPPD_4- HIDROXIFENILPIRUVATO DIOXIGENASA (H. sapiens)
3,702164	1,060081	6,24	Descendente	4,08E-04	U26662	ARNm de pentraxina II neuronal humana (NPTX2), cds parcial. /PROD = pentraxina II neuronal
4,260791	1,638346	6,16	Descendente	6,25E-05	AA603344	Débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
2,172331	-0,44991	6,16	Descendente	2,44E-04	NM_003839	Superfamilia del receptor del factor de necrosis tumoral de Homo sapiens, miembro 11a, activador de NFkB (TNFRSF11A), ARNm. /PROD = Superfamilia del receptor del factor de necrosis tumoral, miembro 11a, activador de NFkB /FL = gb: NM_003839.1 gb: AF018253.1
4,981307	2,359848	6,15	Descendente	4,17E-05	NM_005103	Proteína zeta 1 8zigina 1) de elongación y fasciculación (FEZ1), variante 1 del transcrito, ARNm. /PROD = cigina 1, isoforma 1 /FL = gb: U60060.1 gb: U69139.1 gb: NM_005103.2
3,826815	1,207679	6,14	Descendente	6,48E-05	BG401568	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434H1235 1235 (del clon DKFZp434H1235); cds parcial
1,027188	-1,59055	6,14	Descendente	8,40E-03	BG169832	adenilato quinasa 5 /FL = gb: NM_012093.1 gb: AF062595.1

ES 2 663 421 T3

2,054962	-0,54704	6,07	Descendente	2,86E-03	NM_002800	Subunidad de tipo beta del proteasoma (prosoma, macropain) de Homo sapiens, 9 (proteasa 2 grande multifuncional) (PSMB9), ARNm. /PROD = subunidad de tipo beta del proteasoma (prosoma, macropain), 9 (proteasa 2 grande multifuncional) /FL = gb: U01025.1 gb: NM_002800.1
5,372736	2,7744	6,06	Descendente	8,80E-05	AA669799	Clúster Incl. AA669799: ADNc de ag36c04.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-1118886 /clon_fin = 3 /gb = AA669799 /gi = 2631298 /ug = Hs.6315 /len = 679
0,24636	-2,3444	6,02	Descendente	1,31E-03	AW057589	EST
1,145878	-1,44369	6,02	Descendente	9,46E-03	AI056877	Secuencia de ADN humano del clon RP4-530115 en el cromosoma 20. Contiene el extremo 3 del gen PTPN1 para la proteína tirosina fosfatasa de tipo no receptora 1 (EC 3.1.3.48), el gen de una nueva proteína similar a la proteína placentaria DIFF40, una RPL36 (ribosoma 60S
0,976009	-1,61054	6,01	Descendente	5,39E-03	AW264204	EST
0,497515	-2,08762	6	Descendente	2,83E-02	AF052117	Secuencia de ARNm del clon 23809 de Homo sapiens.
0,381933	-2,20139	5,99	Descendente	8,66E-04	AI913749	EST
0,528494	-2,05438	5,99	Descendente	4,17E-02	BG290908	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
3,795925	1,232161	5,91	Descendente	2,20E-04	NM_004688	Interaccionador (NMI) con N-myc (y STAT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = interaccionador con N-myc y STAT /FL = gb: BC001268.1 gb: NM_004688.1 gb: U32849.1
1,934415	-0,62283	5,89	Descendente	4,93E-04	NM_001351	Homo sapiens, similar al delecionado en la azoospermia 3 (DAZ3), ARNm. /PROD = similar al delecionado en la azoospermia /FL = gb: U66726.2 gb: NM_001351.1 gb: U65918.1 gb: U66078.1
1,805448	-0,75007	5,88	Descendente	1,88E-03	AI681917	EST, altamente similar a la PROTEÍNA DE HOMEODOMINIO DE CLASE IROQUOIS DE RATÓN IRX-3 (M. musculus)
2,788534	0,237692	5,86	Descendente	7,40E-03	AW450929	ribonucleoproteína nuclear heterogénea A1

ES 2 663 421 T3

2,99034	0,457208	5,79	Descendente	5,23E-04	NM_002993	Subfamilia B de citoquinas inducibles pequeñas (Cys-X-Cys) de Homo sapiens, miembro 6 (proteína 2 quimiotáctica de granulocitos) (SCYB6), ARNm. /PROD = subfamilia B de citoquinas inducibles pequeñas (Cys-X-Cys) de / PROD=, miembro 6 (proteína 2 quimiotáctica de granulocitos) /FL = gb:b: U81234.1 gb: NM_00299
0,362564	-2,17012	5,79	Descendente	1,28E-02	AB018580	ARNm de Homo sapiens para hluPGFS, cds completa. /PROD = hluPGFS /FL = gb: NM_003739.2 gb: AF149416.2 gb: AB018580.1 gb: D17793.1
1,673874	-0,85315	5,76	Descendente	8,93E-03	NM_005965	Polipéptido quinasa ligera, miosina (MYLK), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = polipéptido quinasa ligera, miosina /FL = gb: AB037663.1 gb: AF069601.2 gb: NM_005965.1
1,858219	-0,66565	5,75	Descendente	2,13E-04	NM_005084	Fosfolipasa A2, grupo VII (acetilhidrolasa del factor activador de plaquetas, plasmática) (PLA2G7), ARNm. /PROD = fosfolipasa A2, grupo VII (acetilhidrolasa del factor activador de plaquetas, plasmática) /FL = gb: U20157.1 gb: U24577.1 gb: NM_005084.1
3,016209	0,501482	5,71	Descendente	6,48E-05	AW026379	EST
3,692792	1,179422	5,71	Descendente	1,52E-04	N21096	EST
1,28245	-1,23083	5,71	Descendente	3,20E-04	AF063824	ARNm de variante delta truncada de la proteína 4 relacionada con trp de Homo sapiens, cds completa. /PROD = variante delta truncada de la proteína 4 relacionada con trp /FL = gb: AF063824.1
3,772564	1,260638	5,7	Descendente	3,53E-04	AA404269	EST
2,016986	-0,49385	5,7	Descendente	6,37E-03	AI741439	EST
2,453774	-0,04433	5,65	Descendente	1,01E-03	NM_007191	Factor 1 inhibidor de Wnt de Homo sapiens (WIF-1), ARNm. /PROD = factor 1 inhibidor de Wnt /FL = gb: AF122922.1 gb: NM_007191.1
5,545158	3,061783	5,59	Descendente	1,71E-04	BF057809	EST

ES 2 663 421 T3

5,219258	2,740374	5,57	Descendente	1,08E-04	AA974416	Proteína fosfatasa 2 (antes 2A), subunidad B reguladora (PR52), isoforma beta
2,913327	0,434686	5,57	Descendente	2,99E-04	NM_012419	Regulador de la señalización de proteína G 17 (RGS17) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulador de la señalización de proteína G 17 /FL = gb: AF202257.2 gb: NM_012419.2
1,651332	-0,81962	5,54	Descendente	1,35E-02	NM_007181	Proteína activada por mitógeno quinasa quinasa quinasa quinasa 1 (MAP4K1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína activada por mitógeno quinasa quinasa quinasa quinasa 1 /FL = gb: U66464.1 gb: NM_007181.1
1,293775	-1,16956	5,51	Descendente	1,15E-02	BF593660	EST
1,417933	-1,04305	5,51	Descendente	4,93E-04	NM_002738	Proteína quinasa C, beta 1 (PRKCB1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína quinasa C, beta 1 /FL = gb: NM_002738.1
3,66812	1,207732	5,5	Descendente	1,97E-04	NM_133329	Subfamilia G, miembro 3, de los canales dependientes de voltaje de potasio (KCNG3) de Homo sapiens, variante 1 del transcrito, ARNm. /PROD = subfamilia G, miembro 3, de los canales dependientes de voltaje de potasio, isoforma 1 /FL = gb: AF454548.1 gb: AF348982.1 gb: AB070604.1 gb: NM_133329.4
3,002731	0,549124	5,48	Descendente	4,89E-04	R54042	EST
5,276628	2,824048	5,47	Descendente	6,48E-05	BC005127	proteína relacionada con la diferenciación adiposa de Homo sapiens, MGC: 10598, ARNm, cds completa. /PROD = proteína relacionada con la diferenciación adiposa /FL = gb: BC005127.1 gb: NM_001122.1
3,380946	0,937118	5,44	Descendente	1,22E-04	AU151342	ADNc de Homo sapiens FLJ12935 fis, clon NT2RP2004982
2,01577	-0,42783	5,44	Descendente	1,92E-03	BE220341	polipéptido alfa 1 de la caseína quinasa 2
1,307387	-1,12824	5,41	Descendente	1,08E-04	AK021452	ADNc de FLJ11390 fis de Homo sapiens, clon HEMBA1000561, débilmente similar a la PROTEÍNA EN DEDO DE CINC 91.
0,36507	-2,02151	5,23	Descendente	4,98E-03	BF062244	EST
0,756663	-1,62346	5,21	Descendente	1,69E-03	BG533580	EST

ES 2 663 421 T3

3,876819	1,518834	5,13	Descendente	4,76E-04	AI651212	EST
0,619594	-1,73795	5,12	Descendente	1,18E-03	BE467611	EST
0,482843	-1,87385	5,12	Descendente	1,04E-03	BG284890	EST
1,048359	-1,30538	5,11	Descendente	8,93E-03	AA464273	EST
3,527039	1,198446	5,02	Descendente	2,69E-03	BG283790	EST
2,522705	0,194248	5,02	Descendente	3,09E-03	U07236	ARNm de la proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) mutante humana, cds completa. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
2,356401	0,028606	5,02	Descendente	6,23E-04	NM_024893	Proteína hipotética FLJ14220 (FLJ14220) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ14220 /FL = gb: NM_024893.1
4,587367	2,264046	5	Descendente	2,70E-04	AL049589	Secuencia de ADN humano del clon 570L12 en el cromosoma Xq13.1-21.1. Contiene el gen PGK1 de la fosfoglicerato quinasa 1, el gen de una nueva proteína similar a TAF2G (factor asociado con la proteína de unión a la caja TATA (TBP), ARN polimerasa II G, 32 kD) (TAF...

B) ES frente a EXPRES 02 – Los valores de intensidad están en formato Log2.

ES	EXPRES 02	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-2,7136	7,077563	886	Ascendente	9,62E-04	NM_001898	Cistatina SN (CST1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cistatina SN /FL = gb: J03870.1 gb: NM_001898.1
-2,3713	6,959692	644,03	Ascendente	6,55E-05	R72286	Proteína 4 asociada a las microfibrillas
-3,78394	5,172093	496,63	Ascendente	1,06E-04	AW157548	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: M65062.1 gb: M62782.1 gb: NM_000599.1 gb: AF055033.1
-4,79257	3,432794	299,28	Ascendente	1,81E-03A	A352113	EST
-5,16453	3,053666	297,8	Ascendente	5,30E-03	NM_002345	Lumican (LUM) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = lumican /FL = gb: NM_002345.1 gb: U18728.1 gb: U21128.1

ES 2 663 421 T3

-2,55753	5,625595	290,65	Ascendente	1,79E-04	D87811	ARNm de Homo sapiens para GATA-6, cds completa. /PROD = GATA-6 /FL = gb: U66075.1 gb: NM_005257.1 gb: D87811.1
-5,03662	3,030028	268,1	Ascendente	7,79E-05	BG099432	EST
-2,97296	4,901727	234,7	Ascendente	5,95E-05	AI821586	EST, moderadamente similar a la proteína 1 b asociada con la transpantabilidad derivada de células JE0284 Mm-1 (H. sapiens)
-3,06613	4,772945	228,98	Ascendente	2,57E-03	AI422986	EST
-4,37538	3,399327	218,99	Ascendente	7,01E-05	AA552969	EST
-3,47045	4,200612	203,81	Ascendente	4,26E-03	NM_025140	Proteína hipotética FLJ22471 (FLJ22471) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ22471 /FL = gb: NM_025140.1
-4,82833	2,813842	199,77	Ascendente	1,40E-04	BF064262	EST
-5,1127	2,479359	192,95	Ascendente	1,06E-04	NM_002653	Factor de transcripción 1 (PITX1) del homeodominio similar pareado de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor de transcripción 1 del homeodominio similar pareado /FL = gb: NM_002653.1
-3,4841	4,092799	190,93	Ascendente	4,34E-04	BM128432	ADNc de inserto de longitud completa de Homo sapiens, clon YA81B05
-4,64254	2,721466	164,74	Ascendente	2,38E-05	AY177407	ARNm de goosecoid de la proteína de homeobox de Homo sapiens, cds completa. /PROD = goosecoid de la proteína de homeobox /FL = gb: AY177407.1 gb: NM_173849.1
-3,40132	3,923976	160,37	Ascendente	1,34E-02	BF589787	EST
-1,20324	6,071574	154,86	Ascendente	2,23E-04	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-3,4292	3,808106	150,89	Ascendente	4,62E-04	AB028021	Clúster Incl. AB028021: ARNm de HNF-3beta para el factor 3 beta nuclear de hepatocitos, cds completa/cds = (196,1569) /gb = AB028021 /gi = 4958949 /ug = Hs.155651 /len = 1944
-4,71714	2,374201	136,37	Ascendente	6,98E-05	AI796169	Proteína 3 de unión a GATA /FL = gb: NM_002051.1 gb: M69106.1 gb: BC003070.1

ES 2 663 421 T3

-2,26798	4,781861	132,5	Ascendente	9,04E-05	NM_001322	Cistatina SA (CST2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cistatina SA /FL = gb: NM_001322.1
-0,81321	6,174771	126,94	Ascendente	1,57E-03	NM_002160	Hexabraquion de Homo sapiens (tenascina C, citotactina) (HXB9), ARNm /PROD = Hexabraquion (tenascina C, citotactina) /FL = gb: M55618.1 gb: NM_002160.1
-2,38522	4,594021	126,17	Ascendente	6,89E-05	AA502609	Similar a anquirina con dominios 1 transmembrana (ANKTM1) de Homo sapiens, ARNm
-3,75387	3,204091	124,32	Ascendente	2,13E-04	AI991459	EST
-4,21525	2,671776	118,36	Ascendente	1,99E-04	NM_006119	Factor 8 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (inducido por andrógenos) (FGF8), ARNm. /PROD = Factor 8 del crecimiento de fibroblastos ((inducido por andrógenos) /FL = gb: U36223.1 gb: U46212.1 gb: NM_006119.1
-2,02474	4,768631	110,92	Ascendente	7,31E-03	NM_021827	Proteína hipotética FLJ23514 (FLJ23514) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ23514 /FL = gb: NM_021827.1
-2,38432	4,381798	108,84	Ascendente	1,01 E-03	AL534095	Proteína hipotética FLJ23091
-2,25187	4,311095	94,55	Ascendente	7,26E-03	AL136944	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586J0624 (del clon DKFZp586J0624); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AF215636.1 gb: NM_014585.1 gb: AF231121.1 gb: AF226614.1 gb: AL136944.1
-1,92189	4,619888	93,17	Ascendente	9,02E-04	AV700724	Proteína 4 de unión a GATA /FL = gb: NM_002052.1 gb: L34357.1 gb: D78260.1
-3,42725	2,997778	85,93	Ascendente	2,95E-03	NM_022469	Proteína hipotética FLJ21195 de Homo sapiens similar a la proteína relacionada con DAC y cerberus (FLJ21195), ARNm. /PROD = proteína hipotética FLJ21195 similar a la proteína relacionada con DAC y cerberus /FL = gb: NM_022469.1

ES 2 663 421 T3

-3,14404	3,270152	85,28	Ascendente	6,55E-05	AB028021	ARNm de HNF-3beta de Homo sapiens para el factor nuclear 3 beta de hepatocitos, cds completa. /PROD = factor nuclear 3 beta de hepatocitos /FL = gb: AB028021.1 gb: NM_021784.1
-0,88122	5,526622	84,91	Ascendente	1,25E-04	AA775681	Proteína hipotética FLJ23091
-2,96204	3,439168	84,52	Ascendente	1,08E-03	NM_001311	Proteína 1 rica en cisteína (intestinal) de Homo sapiens (CRIP1), ARNm /PROD = proteína 1 rica en cisteína (intestinal) /FL = gb: U58630.1 gb: BC002738.1 gb: NM_001311.1 gb: U09770.1
-3,42819	2,876705	79,06	Ascendente	2,31E-04	AL121722	Secuencia de ADN humano del clon RP4-788L20 en el cromosoma 20 contiene el gen HNF3B (factor nuclear 3 beta de hepatocitos), un nuevo gen basado en EST, EST, STS, GSS e islotes de CpG
-1,01231	5,27686	78,2	Ascendente	1,85E-04	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-2,13331	4,095704	75,01	Ascendente	2,99E-04	NM_003867	Factor 17 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (FGF17), ARNm. /PROD = factor 17 del crecimiento de fibroblastos /FL = gb: NM_003867.1 gb: AB009249.1
-0,14916	6,052967	73,63	Ascendente	2,30E-04	NM_002521	Precursor B del péptido natriurético (NPPB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Precursor B del péptido natriurético /FL = gb: NM_002521.1 gb: M25296.1
-2,9139	3,274181	72,91	Ascendente	9,48E-04	NM_005143	Haptoglobina (HP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = haptoglobina /FL = gb: K00422.1 gb: L29394.1 gb: NM_005143.1
-2,33028	3,85605	72,82	Ascendente	2,04E-04	X02162	ARNm humano para la apolipoproteína AI (apo AI = . /PROD = proteína preproapolipo AI
-4,75249	1,427636	72,51	Ascendente	8,97E-04	AJ276395	ARNm de Homo sapiens para MSF-FN70 (gen FN) /PROD = factor estimulante de la migración FN70

ES 2 663 421 T3

-1,50663	4,672617	72,47	Ascendente	9,82E-05	BF223214	EST
-4,40099	1,778003	72,45	Ascendente	8,87E-05	AI733179	EST
-2,56553	3,594638	71,51	Ascendente	4,24E-04	D31771	ARNm de Homo sapiens para MSX-2, cds completa. /PROD = MSX-2 /FL = gb: NM_002449.2 gb: D31771.1
-3,67415	2,447201	69,62	Ascendente	1,97E-02	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
-1,33141	4,770833	68,7	Ascendente	2,36E-04	AI640307	Protocadherina 10
-2,41293	3,673615	67,96	Ascendente	8,00E-04	NM_000846	Glutación-S-transferasa A2 (GSTA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutación-S-transferasa A2 /FL = gb: BC002895.1 gb: M25627.1 gb: M16594.1 gb: M14777.1 gb: M15872.1 gb: M21758.1 gb: NM_000846.1
-2,95346	3,079949	65,5	Ascendente	7,93E-05	NM_000420	Grupo sanguíneo de Kell (KEL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = antígeno del grupo sanguíneo de Kell /FL = gb: BC003135.1 gb: NM_000420.1
-3,41755	2,612638	65,35	Ascendente	1,03E-02	AI808090	EST
-4,08201	1,927438	64,42	Ascendente	5,56E-04	AK000680	ADNc de Homo sapiens FLJ20673 fis, clon KAIA4464. /FL = gb: AF240634.1 gb: NM_018440.1
-0,1416	5,830942	62,79	Ascendente	6,89E-05	NM_022454	Proteína hipotética FLJ22252 de Homo sapiens similar al gen 17 que contiene la caja SRY (FLJ22252), ARNm. /PROD = proteína hipotética FLJ22252 similar al gen 17 que contiene la caja SRY /FL = gb: NM_022454.1
-1,79329	4,15609	61,79	Ascendente	7,58E-04	AL575177	noggin /FL = gb: NM_005450.1
-0,88683	5,039046	60,79	Ascendente	8,36E-05	AI821669	EST
-3,76697	2,141612	60,07	Ascendente	2,25E-04	NM_001147	Angiopoyetina 2 (ANGPT2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = angiopoyetina 2 /FL = gb: AB009865.1 gb: AF004327.1 gb: NM_001147.1
0,720535	6,617979	59,61	Ascendente	5,95E-05	AW007532	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina humana (IGFBP5), ARNm
-1,03589	4,784337	56,5	Ascendente	2,23E-04	AI242583	ADNc de Homo sapiens FLJ11550 fis, clon HEMBA1002970

ES 2 663 421 T3

-2,28856	3,531402	56,49	Ascendente	4,54E-04	AF211891	ARNm de la proteína 1 de homeobox similar a Mix (MILD1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 de homeobox similar a Mix /FL = gb: AF211891.1
-2,04403	3,759502	55,85	Ascendente	2,17E-03	NM_000039	Apolipoproteína A-I (APOA1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-I /FL = gb: M27875.1 gb: M11791.1 gb: NM_000039.1 gb: BC005380.1
0,129315	5,920102	55,36	Ascendente	6,89E-05	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb: NM_005442.1
-1,57973	4,207564	55,23	Ascendente	5,25E-03	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
-4,11172	1,670966	55,05	Ascendente	4,57E-04	BG256677	Proteína 16 inducible por interferón gamma /FL = gb: AF208043.1
-0,28789	5,482347	54,58	Ascendente	6,89E-05	AW772192	Secuencia de ARNm del clon 23736 de Homo sapiens
-1,44577	4,307421	53,94	Ascendente	3,59E-03	AL544576	EST
-3,9513	1,76416	52,54	Ascendente	7,33E-05	NM_016341	Fosfolipasa C enriquecida de páncreas de Homo sapiens (LOC51196), ARNm. /PROD = fosfolipasa C enriquecida de páncreas /FL = gb: AF117948.1 gb: NM_016341.1 gb: AF190642.2
0,05538	5,762108	52,23	Ascendente	7,33E-05	AI817041	Receptor acoplado a proteína G
-3,52376	2,14189	50,76	Ascendente	8,23E-05	AW300217	EST, Moderadamente similar al C21ORF2H. DE LA PROTEÍNA DE 28,3 KD C212-HUMANA (H. sapiens)
-3,18877	2,469472	50,5	Ascendente	7,47E-03	AF260333	ARNm de AD036 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = AD036 /FL = gb: AF260333.1
-1.973	3,674867	50,14	Ascendente	1,91E-04	AA772920	EST
-2,30094	3,341814	49,96	Ascendente	7,23E-03	AI806174	Factor 8 de transcripción (reprime la expresión de interleucina 2)
-2,25531	3,356433	48,9	Ascendente	6,63E-03	AI380207	EST

ES 2 663 421 T3

-2,71676	2,892681	48,82	Ascendente	5,25E-04	AU 144167	ADNc de FLJ11428 fis de Homo sapiens, clon HEMBA1001071, altamente similar al PRECURSOR DE CADENA DE PROCOLÁGENO ALFA 1 (III)
-0,16429	5,442379	48,73	Ascendente	6,83E-04	L01639	ARNm del receptor del neuropéptido Y(NPYR) (clon HSY3RR) humano, cds completa. /PROD = neuropéptido receptor Y /FL = gb: L06797.1 gb: NM_003467.1 gb: AF025375.1 gb: AF147204.1 gb: M99293.1 gb: L01639.1
-4,03477	1,563749	48,45	Ascendente	1,19E-02	U12170	ARNm de la proteína de homeodominio del dedo de cinc humano, cds completa. /PROD = proteína de homeodominio del dedo de cinc /FL = gb: U12170.1
-0,08298	5,493663	47,72	Ascendente	2,19E-04	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
-2,99405	2,552238	46,73	Ascendente	4,78E-04	AI767388	Secuencia de ADN humano del clon RP5-1024N4 en el cromosoma 1p32.1-33. Contiene el gen de un nuevo miembro de la familia de simporte de sodio:soluto a SLC5A1 (SGLT1), un seudo gen similar a parte de los miembros de la familia de butirofilina, EST, STS, GS
-4,61432	0,925434	46,52	Ascendente	2,53E-04	NM_005221	Homeobox 5 distal-less (DLX5) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = homeobox 5 distal-less /FL = gb: NM_005221.3
-3,22309	2,302183	46,05	Ascendente	4,60E-03	AW207243	EST
-2,82645	2,655384	44,69	Ascendente	4,60E-03	NM_013445	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD25 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD25 /FL = gb: NM_013445.1 gb: AF178853.1 gb: BC002815.1

ES 2 663 421 T3

0,533443	5,958927	42,98	Ascendente	6,55E-05	NM_001899	Cistatina S (CST4) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cistatina S /FL = gb: NM_001899.1
0,116207	5,518477	42,29	Ascendente	1,27E-04	NM_000599	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP5), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: M65062.1 gb: M62782.1 gb: NM_000599.1 gb: AF055033.1
-2,1675	3,230235	42,16	Ascendente	1,53E-04	NM_021804	Enzima convertidora de angiotensina I (peptidil-dipeptidasa A) 2 (ECA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = enzima convertidora de angiotensina I (peptidil-dipeptidasa A) 2 /FL = gb: NM_021804.1 gb: AF241254.1 gb: AB046569.1 gb: AF291820.1
-0,61985	4,752547	41,42	Ascendente	3,54E-04	NM_001963	Factor de crecimiento epidérmico (beta-urogastrona) (EGF) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor de crecimiento epidérmico (beta-urogastrona) /FL = gb: NM_001963.2
-1,73746	3,627971	41,22	Ascendente	3,35E-04	NM_014391	Proteína de repetición de anquirina cardíaca de Homo sapiens (CARP), ARNm. /PROD = proteína de repetición de anquirina cardíaca /FL = gb: NM_014391.1
-3,68848	1,657514	40,67	Ascendente	2,86E-03	NM_018557	Proteína 1B relacionada con las lipoproteínas de baja densidad (delecionada en tumores) (LRP1B) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1B relacionada con las lipoproteínas de baja densidad (delecionada en tumores) /FL = gb: AF176832.1 gb: NM_018557.1
-3,11273	2,220281	40,31	Ascendente	5,02E-03	AW444761	EST
-2,78886	2,517881	39,58	Ascendente	7,89E-03	NM_001115	Adenilato ciclasa 8 de Homo sapiens (cerebro) (ADCY8), ARNm. /PROD = adenilato ciclasa 8 /FL = gb: NM_001115.1
-1,93668	3,348112	38,98	Ascendente	7,23E-03	BE670361	Receptor 72 acoplado a proteína G /FL = gb: NM_016540.1 gb: AF236081.1

ES 2 663 421 T3

-3,65051	1,595241	37,94	Ascendente	3,80E-04	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
0,767075	5,998268	37,56	Ascendente	2,55E-04	AY029208	ARNm del precursor de la cadena de alfa 2 de colágeno de tipo VI (COL6A2) de Homo sapiens, cds completa, sometido a corte y empalme de forma alternativa. /PROD = precursor de la cadena de alfa 2 de colágeno de tipo VI /FL = gb: AY029208.1
-2,34732	2,874499	37,32	Ascendente	6,51E-03	AI240545	Glicoforina B (incluye el grupo sanguíneo Ss)
-2,41622	2,773394	36,49	Ascendente	6,29E-04	NM_001977	Glutamil aminopeptidasa (aminopeptidasa A) (ENPEP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutamil aminopeptidasa (aminopeptidasa A) /FL = gb: L12468.1 gb: NM_001977.1 gb: L14721.1
-1,58875	3,588854	36,19	Ascendente	2,45E-03	NM_152506	Proteína hipotética FLJ32835 (FLJ32835) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_152506.1
-0,93849	4,238505	36,18	Ascendente	1,38E-02	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina
1,479222	6,611842	35,08	Ascendente	5,95E-05	NM_005454	Homólogo de cerberus 1 (Xenopus laevis) de Homo sapiens (superfamilia del nudo de cisteína) (CER1), ARNm. /PROD = cerberus 1 /FL = gb: NM_005454.1
-0,46494	4,666106	35,04	Ascendente	2,90E-04	AI141603	alfa 1 colágeno de tipo VI
-2,23021	2,897749	34,97	Ascendente	4,92E-04	NM_001785	Citidina desaminasa (CDA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = citidina desaminasa /FL = gb: L27943.1 gb: NM_001785.1
-3,12836	1,991299	34,77	Ascendente	8,63E-04	NM_002770	Proteasa de serina, 2 (tripsina 2) (PRSS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteasa de serina, 2 (tripsina 2) /FL = gb: M27602.1 gb: NM_002770.1

ES 2 663 421 T3

-0,98659	4,115782	34,35	Ascendente	1,19E-04	M65062	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina (IGFBP-5) humana, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: M65062.1 gb: M62782.1 gb: NM_000599.1 gb: AF055033.1
-2,50194	2,569744	33,63	Ascendente	4,84E-03	AJ277914	Gen LHX9 parcial de Homo sapiens para la homeobox LIM 9, 3UTR.
-1,27526	3,792158	33,53	Ascendente	1,12E-03	AI688418	plexina A2
-3,34034	1,708137	33,09	Ascendente	2,46E-03	AA781795	EST
1,339655	6,36612	32,59	Ascendente	7,93E-05	AJ224869	Gen CXCR4 de Homo sapiens que codifica el receptor CXCR4
-0,6944	4,326307	32,46	Ascendente	7,33E-05	R73554	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina humana (IGFBP5), ARNm
-0,67187	4,337831	32,22	Ascendente	7,54E-05	AI692659	Alfa proteína 1 del shock térmico de 90 kD,
-0,46298	4,533319	31,92	Ascendente	3,96E-04	S69738	MCP-1 = proteína quimiotáctica de monocitos (células endoteliales, aórticas, humanas, ARNm, 661 nt). /PROD = MCP-1
-2,56712	2,414446	31,59	Ascendente	1,67E-03	AI813758	alfa 1 colágeno de tipo III, (síndrome de Ehlers-Danlos de tipo IV, autosómico dominante) /FL = gb: NM_000090.1
-0,31684	4,651259	31,3	Ascendente	7,83E-04	BF130943	EST
-2,78124	2,184054	31,24	Ascendente	8,36E-05	NM_020995	Proteína relacionada con haptoglobina (HPR), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína relacionada con haptoglobina /FL = gb: NM_020995.1
-1,24179	3,719223	31,15	Ascendente	4,92E-04	AL534095	Proteína hipotética FLJ23091
-0,35003	4,606618	31,05	Ascendente	6,88E-03	NM_001778	Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) (CD48), ARNm. /PROD = Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) /FL = gb: NM_001778.1 gb: M37766.1 gb: M59904.1
-1,81534	3,141104	31,05	Ascendente	5,86E-04	AW590925	EST
-1,93655	3,000448	30,63	Ascendente	5,42E-03	NM_0133/69	ADN (citosina-5-) similar a metiltransferasa 3 de Homo sapiens (DNMT3L), ARNm. /PROD = ADN (citosina-5-) similar a metiltransferasa 3 /FL = gb: BC002560.1 gb: NM_013369.1 gb: AF194032.1

ES 2 663 421 T3

1,122063	6,03378	30,1	Ascendente	7,33E-05	X58851	Gen MLC1emb humano para cadena ligera alcalina de miosina embrionaria, promotor y exón 1
-0,4721	4,436335	30,03	Ascendente	7,93E-05	D89377	ARNm de Homo sapiens para MSX-2, cds completa. /PROD = MSX-2 /FL = gb: D89377.1
0,044298	4,952379	30,02	Ascendente	6,89E-05	W57613	EST
-0,59928	4,305866	29,96	Ascendente	1,03E-03	AF020769	ARNm de troponina C ventricular cardíaca de Homo sapiens, cds completa. /PROD = troponina C ventricular cardíaca /FL = gb: NM_003280.1 gb: AF020769.1
-1,04571	3,857701	29,93	Ascendente	4,57E-03	NM_001362	Desyodinasas, yodotironinas, de tipo III (DIO3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = tiroxina desyodinasas de tipo III /FL = gb: NM_001362.1 gb: S79854.1
-3,24802	1,648226	29,78	Ascendente	1,47E-03	AI694325	EST
-2,50665	2,356234	29,1	Ascendente	8,64E-03	BE222668	EST
-2,27119	2,568908	28,64	Ascendente	2,53E-03	NM_002608	Polipéptido beta del factor de crecimiento derivado de las plaquetas de Homo sapiens (homólogo del oncogén (v-sis9 vírico del sarcoma de simio) (PDGFB), ARNm. /PROD = Polipéptido beta del factor de crecimiento derivado de las plaquetas de / PROD = (homólogo del oncogén (v-sis9 vírico del sarcoma de simio) /FL = gb: M12783.1 gb: NM_002
-4,34018	0,485509	28,36	Ascendente	7,34E-05	AU144247	ADNc de Homo sapiens FLJ13443 fis, clon PLACE1002853
-1,02297	3,794799	28,2	Ascendente	3,36E-03	AF208043	ARNm de IFI16b (IFI16b) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = IFI16b /FL = gb: AF208043.1
-2,79469	2,013598	28,02	Ascendente	9,94E-05	AI700341	EST
-2,73255	2,070789	27,92	Ascendente	1,35E-03	X89271	ARNm de H. sapiens para el receptor huérfano de HG11. /PROD = receptor huérfano de HG11 /FL = gb: NM_005161.1
-3,05797	1,724772	27,53	Ascendente	3,48E-04	AI801626	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SB2 HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-2,83953	1,922194	27,13	Ascendente	5,16E-04	BG290193	Proteína hipotética FLJ14299 /FL = gb: NM_025069.1

ES 2 663 421 T3

-4,60716	0,149736	27,04	Ascendente	1,22E-02	NM_0046/96	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 4, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 4 /FL = gb: U59185.1 gb: NM_004696.1
-1,57919	3,174205	26,97	Ascendente	5,94E-04	AL524520	Receptor 49 acoplado a proteína G
-1,36626	3,37132	26,68	Ascendente	2,16E-03	AI824037	EST, débilmente similar al RECEPTOR FC EPSILON DE INMUNOGLOBULINA DE BAJA AFINIDAD DE RATÓN FCE2 (M. musculus)
0,167058	4,895371	26,51	Ascendente	6,90E-05	NM_021223	Cadena ligera 2a de miosina (LOC58498), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = ligera de miosina cadena 2a /FL = gb: NM_021223.1
-1,4009	3,316905	26,31	Ascendente	6,35E-04	BC029835	Homo sapiens, clon IMAGE: 5169759, ARNm.
-2,16518	2,549789	26,26	Ascendente	1,77E-03	AI521166	EST, Moderadamente similar a la PROTEÍNA 5 RELACIONADA CON MIOTUBULARINA HUMANA MTR5 (H. sapiens)
-3,32235	1,375121	25,95	Ascendente	2,00E-04	BC039433	Homo sapiens, clon IMAGE: 5303550, ARNm.
-5,7338	-1,05152	25,67	Ascendente	8,80E-03	NM_020130	Marco de lectura abierto 4 del cromosoma 8 de Homo sapiens (C8ORF4), ARNm. /PROD = marco de lectura abierto 4 del cromosoma 8 /FL = gb: NM_020130.1 gb: AF268037.1
1,214325	5,878585	25,36	Ascendente	7,93E-05	M36172	Cadena ligera alcalina de miosina embrionaria (MLC1) humana, ARNm, cds completa. /FL = gb: M36172.1 gb: M24121.1 gb: NM_002476.1
-2,20104	2,461597	25,33	Ascendente	4,67E-03	NM_000939	Propiomelanocortina (hormona estimulante de adrenocorticotropina beta–lipotropina alfa–melanocitos, hormona estimulante de beta-melanocitos beta endorfina) (POMC), ARNm. /PROD = propiomelanocortina (adrenocorticotropina beta–lipotropina alfa–melanocitos
-0,2674	4,336009	24,31	Ascendente	9,18E-05	N48299	EST, moderadamente similar a NFY–C (H. sapiens)

ES 2 663 421 T3

1,367677	5,968973	24,27	Ascendente	1,00E-04	AF116676	ARNm de PRO1957 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PRO1957 /FL = gb: AF116676.1
-0,62697	3,974228	24,27	Ascendente	4,69E-04	NM_005531	Proteína 16 inducible por interferón-gamma de Homo sapiens (IF16), ARNm. /PROD = inducible por interferón-gamma proteína 16 /FL = gb: M63838.1 gb: NM_005531.1
-3,90861	0,686447	24,17	Ascendente	3,72E-03	BC022531	Homo sapiens, olfactomedina 3, clon MGC: 26675 IMAGE: 4812035, ARNm, cds completa. /PROD = olfactomedina 3 /FL = gb: AF397394.1 gb: BC022531.1
-2,75089	1,840723	24,11	Ascendente	2,60E-04	AL365343	Clon del ADNc del inserto de longitud completa del clon del ARNm de Homo sapiens EUROIMAGE 32539.
-0,6097	3,975428	24	Ascendente	1,05E-04	L12468	ARNm de aminopeptidasa A de Homo sapiens, cds completa. /PROD = aminopeptidasa A /FL = gb: L12468.1 gb: NM_001977.1 gb: L14721.1
-3,18285	1,397334	23,92	Ascendente	3,32E-04	BC041441	Homo sapiens, clon IMAGE: 5167131, ARNm.
-1,92796	2,645248	23,81	Ascendente	1,20E-02	BE551416	ESTS, Débilmente similar a la proteína KIAA1330 (H. sapiens)
-4,05111	0,51291	23,65	Ascendente	1,05E-03	J03580	Proteína similar a la paratiroidea humana (asociada con hipercalcemia humoral de la neoplasia maligna), ARNm, cds completa. /FL = gb: J03580.1
-2,79378	1,767388	23,61	Ascendente	3,68E-02	AW291402	EST
-2,80173	1,752943	23,5	Ascendente	7,26E-03	AW088232	EST
0,422022	4,975085	23,48	Ascendente	1,38E-04	D49958	ARNm de Homo sapiens para la glicoproteína de membrana M6, cds completa. /PROD = glicoproteína de membrana M6 /FL = gb: D49958.1
-1,20314	3,343061	23,36	Ascendente	3,63E-04	M60721	Gen de homeobox humano, cds completa. /FL = gb: M60721.1 gb: NM_021958.1
1,932439	6,477785	23,35	Ascendente	7,33E-05	H92988	proteína de activación de la tirosina 3-monooxigenasa triptófano 5-monooxigenasa
-3,00328	1,524799	23,07	Ascendente	8,50E-03	AI571798	inhibidor alfa de disociación de Rho GDP (GDI)
0,526605	5,052252	23,03	Ascendente	7,01E-05	N71923	rica en leucina de fibronectina

ES 2 663 421 T3

						Proteína transmembrana 3 /FL = gb: AF169677.1 gb: NM_013281.1
-1,26047	3,239318	22,62	Ascendente	5,12E-03	NM_007250	Factor 8 similar a Kruppel (KLF8) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor 8 similar a Kruppel /FL = gb: U28282.1 gb: NM_007250.1
-1,93118	2,556654	22,44	Ascendente	2,34E-04	L33477	ARNm de Br-cadherina (clon 8B1) humana, cds completa. /PROD = Br-cadherina /FL = gb: L34057.1 gb: L33477.1 gb: NM_004061.1
0,005876	4,456564	21,87	Ascendente	6,89E-05	AK023621	ADNc de FLJ13559 fis de Homo sapiens, clon PLACE1007852, altamente similar al ARNm para la proteína KIAA0878
-1,94	2,509492	21,85	Ascendente	4,29E-03	NM_016569	Isoproteína TBX3 de Homo sapiens, (TBX3-iso), ARNm. /PROD = isoproteína TBX3 /FL = gb: NM_016569.1 gb: AF216750.1
-3,44347	1,001698	21,78	Ascendente	1,61E-02	AF187858	ARNm de isoforma 1 de angiopoyetina 2 de Homo sapiens, cds completa, sometido a corte y empalme de forma alternativa. /PROD = isoforma 1 de angiopoyetina 2 /FL = gb: AF187858.1
0,586923	5,027737	21,72	Ascendente	6,55E-05	NM_000047	Arilsulfatasa E de Homo sapiens a (condrodisplasia punctata 1) (ARSE), ARNm. /PROD = precursor de arilsulfatasa E /FL = gb: X83573.1 gb: NM_000047.1
1,422626	5,860875	21,68	Ascendente	5,95E-05	NM_006365	Activador de la transcripción del promotor c-fos de Homo sapiens (CROC4), ARNm. /PROD = Activador de la transcripción del promotor c-fos /FL = gb: NM_006365.1 gb: U49857.1
-4,18575	0,241573	21,52	Ascendente	7,54E-03	NM_001736	receptor 1 del componente 5 del complemento de Homo sapiens (ligando C5a) (C5R1), ARNm. /PROD = receptor 1 del componente 5 del complemento (ligando C5a) /FL = gb: M62505.1 gb: NM_001736.1
2,301255	6,712959	21,28	Ascendente	7,68E-05	BC020935	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4277593, ARNm.
-3,61192	0,788317	21,12	Ascendente	1,71E-03	R37101	EST

ES 2 663 421 T3

-0,62474	3,768383	21,01	Ascendente	6,55E-05	NM_000313	Proteína S (alfa) de Homo sapiens (PROS1), ARNm. /PROD = proteína S (alfa) /FL = gb: M15036.1 gb: NM_000313.1
-0,62725	3,760374	20,93	Ascendente	1,52E-04	BC017942	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4285317, ARNm.
-1,52261	2,858274	20,83	Ascendente	2,98E-03	NM_002614	Dominio PDZ de Homo sapiens que contiene 1 (PDZK1), ARN. /PROD = dominio PDZ que contiene 1 /FL = gb: NM_002614.1 gb: AF012281.1
-1,11347	3,25087	20,6	Ascendente	4,26E-03	N69091	EST
-0,11332	4,231933	20,33	Ascendente	1,05E-04	NM_003670	Que contiene el dominio hélice-bucle-hélice de Homo sapiens, de clase B, 2 (BHLHB2), ARNm /PROD = gen 1 expresado en condrocitos embrionarios diferenciados 1 /FL = gb: AB004066.1 gb: NM_003670.1
-1,69238	2,643704	20,2	Ascendente	3,73E-03	W05495	EST
-2,18113	2,138504	19,97	Ascendente	1,23E-02	NM_004041	Arrestina de Homo sapiens, beta 1 (ARRB1), variante 1 del transcrito, ARNm. /PROD = arrestina beta 1, isoforma A /FL = gb: BC003636.1 gb: AF084040.1 gb: NM_004041.2
1,306329	5,625069	19,96	Ascendente	6,90E-05	NM_001200	Proteína 2 morfogenética ósea (BMP2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
-1,23777	3,066156	19,75	Ascendente	6,27E-04	AI917371	EST
-0,00098	4,266076	19,25	Ascendente	9,82E-05	NM_013281	Proteína 3 transmembrana rica en leucina de fibronectina de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 3 transmembrana rica en leucina de fibronectina /FL = gb: AF169677.1 gb: NM_013281.1
-2,0132	2,250432	19,21	Ascendente	1,37E-02	BE328496	Proteína hipotética PRO2032 /FL = gb: AF116683.1 gb: NM_018615.1
1,758844	6,008618	19,02	Ascendente	6,55E-05	N21138	proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
0,095309	4,341668	18,98	Ascendente	8,55E-04	AA524250	delecionada en cáncer de hígado 1

ES 2 663 421 T3

-0,96212	3,265791	18,74	Ascendente	2,04E-04	AY113699	Factor b de estabilización de presenilina (PSF) de Homo sapiens, ARNm, cds completa; sometido a corte y empalme de forma alternativa. /PROD = factor b de estabilización de presenilina /FL = gb: AY113699.1
0,502339	4,722511	18,64	Ascendente	1,04E-04	AI676059	EST
-1,74369	2,474001	18,61	Ascendente	7,33E-05	NM_001882	Proteína de unión a la hormona liberadora de corticotropina (CRHBP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína de unión a la hormona liberadora de corticotropina /FL = gb: NM_001882.2
0,70975	4,924051	18,56	Ascendente	1,64E-04	BF939489	glicoproteína M6A /FL = gb: D49958.1
-2,40752	1,7892	18,34	Ascendente	4,46E-03	AI738662	homeobox HB9 /FL = gb: NM_005515.1
-1,34609	2,844235	18,26	Ascendente	7,33E-05	NM_018388	Proteína hipotética FLJ11316 (FLJ11316) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ11316 /FL = gb: NM_018388.1
-0,74044	3,448679	18,24	Ascendente	7,33E-05	N63706	EST
-1,55229	2,611591	17,92	Ascendente	4,34E-04	AU158444	ADNc de FLJ14216 fis de Homo sapiens, clon NT2RP3003672, débilmente similar al PRECURSOR DE LA GLICOPROTEÍNA E2 DE LA SUPERFICIE DE LAS CÉLULAS T
0,082922	4,230149	17,72	Ascendente	1,63E-04	AI632223	Proteína hipotética DKFZp434F2322
-1,66293	2,482886	17,7	Ascendente	1,56E-02	NM_000817	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD67 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD67 /FL = gb: NM_000817.1 gb: M81883.1 gb: L16888.1
-1,82505	2,319685	17,69	Ascendente	7,89E-03	T16257	receptor 37 acoplado a proteína G (receptor de endotelina similar a tipo B) /FL = gb: NM_005302.1 gb: AF017262.1

ES 2 663 421 T3

-3,11387	1,027176	17,64	Ascendente	9,68E-03	U70370	ARNm de proteína de homeobox backfoot (Bft) expresada en las extremidades traseras humana, ARNm, cds completa. /PROD = proteína de homeobox backfoot de las extremidades traseras /FL = gb: U70370.1 gb: BC003685.1
-0,98938	3,143558	17,54	Ascendente	6,04E-03	AF190725	ARNm de la enzima de escisión de APP de sitio beta (BACE) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = enzima de escisión de APP de sitio beta /FL = gb: AF200343.1 gb: AF204943.1 gb: AF190725.1 gb: AF201468.1 gb: NM_012104.1
-0,74839	3,363245	17,29	Ascendente	5,33E-03	M17955	ARNm de HLA-DQ-beta del MHC de clase II humano, cds completa. /FL = gb: M33907.1 gb: M17955.1 gb: M16996.1 gb: M17563.1 gb: M20432.1 gb: M26042.1
2,851479	6,958929	17,24	Ascendente	5,95E-05	AI950472	EST
-2,85963	1,242896	17,18	Ascendente	7,55E-03	BC005961	Hormona similar a la hormona paratiroidea de Homo sapiens, clon MGC: 14611, ARNm, cds completa. /PROD = hormona similar a la hormona paratiroidea /FL = gb: BC005961.1
-1,18027	2,905057	16,97	Ascendente	1,03E-02	AI123555	EST
-1,53522	2,547506	16,94	Ascendente	2,58E-03	NM_006456	Sialiltransferasa de Homo sapiens (STHM), ARNm. /PROD = sialiltransferasa /FL = gb: U14550.1 gb: NM_006456.1
1,620279	5,700292	16,91	Ascendente	1,08E-04	AI583173	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ beta 1
1,446234	5,516116	16,79	Ascendente	6,55E-05	AF348491	ARNm de receptor de quimioquinas CXCR4 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = receptor de quimioquinas CXCR4 /FL = gb: AF348491.1

ES 2 663 421 T3

0,880085	4,948285	16,77	Ascendente	6,90E-05	NM_006096	N-myc regulado aguas abajo (NDRG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = N-myc regulado aguas abajo /FL = gb: AF004162.1 gb: BC003175.1 gb: D87953.1 gb: NM_006096.1
-1,11823	2,945099	16,72	Ascendente	1,28E-02	NM_002100	Glicoforina B (incluye el grupo sanguíneo Ss) (GYPB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de glicoforina B /FL = gb: J02982.1 gb: NM_002100.2
-1,68075	2,377232	16,66	Ascendente	4,35E-03	NM_012431	Dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E de Homo sapiens (SEMA3E), ARNm. /PROD = dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E /FL = gb: NM_012431.1 gb: AB002329.1
0,70158	4,759011	16,65	Ascendente	1,07E-04	U46768	ARNm de estaniocalcina humana, cds completa. /PROD = estaniocalcina /FL = gb: U25997.1 gb: NM_003155.1 gb: U46768.1
2,429693	6,487025	16,65	Ascendente	6,89E-05	AA284532	proteína de activación de la tirosina 3-monooxigenasa triptófano 5-monooxigenasa polipéptido
1,964573	6,018949	16,61	Ascendente	1,18E-04	NM_030781	Receptor secuestrante con lectina de tipo C (SRCL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor secuestrante con lectina de tipo C /FL = gb: NM_030781.1
0,399566	4,451136	16,58	Ascendente	1,57E-04	AF144103	ARNm de la proteína NJAC (NJAC) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína NJAC /FL = gb: AF144103.1 gb: AF106911.1 gb: AF073957.1 gb: BC003513.1 gb: NM_004887.1
4,590104	-3,21322	223,38	Descendente	7,77E-05	AA167449	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
1,940449	-5,370717	158,81	Descendente	8,36E-05	BE644917	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3

ES 2 663 421 T3

3,29779	-3,911445	147,98	Descendente	2,38E-05	U17496	ARNm de la subunidad del proteasoma LMP7 (alelo LMP7B) humana, cds completa. /PROD = subunidad LMP7 del proteasoma /FL = gb: U17497.1 gb: U17496.1
4,124115	-2,85548	126,2	Descendente	2,99E-03	AW262311	EST
3,702164	-2,970402	102,01	Descendente	2,53E-03	U26662	ARNm de pentraxina II neuronal humana (NPTX2), cds parcial. /PROD = pentraxina II neuronal
1,785431	-4,509786	78,53	Descendente	1,45E-03	R15072	EST
5,545158	-0,710745	76,42	Descendente	7,01E-05	BF057809	EST
1,946332	-3,865792	56,19	Descendente	7,43E-04	BG166705	Miembro 5 de la subfamilia b de citocinas inducibles pequeñas (Cys-X-Cys), (péptido 78 activador de neutrófilos derivado epitelial)
1,717184	-3,902593	49,17	Descendente	1,30E-04	AF237813	ARNm de NPD009 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NPD009 /FL = gb: NM_020686.1 gb: AF237813.1
3,179908	-2,381796	47,23	Descendente	9,96E-04	U82811	ARNm de la proteína que contiene homeodominio (HANF) humana, cds completa. /PROD = HANF /FL = gb: U82811.1
2,359289	-3,177031	46,41	Descendente	1,72E-04	NM_006334	gb: NM_003865.1 proteína de neuroblastoma (tejido nervioso) (AMY) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína de neuroblastoma (tejido nervioso) /FL = gb: NM_006334.1 gb: D82343.1
4,276201	-1,247561	46,01	Descendente	7,33E-05	AV699347	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
2,435058	-2,963261	42,18	Descendente	1,36E-04	BF056204	Homo sapiens, clon IMAGE: 3603836, ARNm, cds parcial
2,348373	-2,98029	40,19	Descendente	7,34E-05	NM_016354	Familia 21 del transportador de solutos (transportador de aniones orgánicos), miembro 12, (SLC21A12), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transportador de aniones orgánicos OATP-E /FL = gb: AB031051.1 gb: NM_016354.1 gb: AF205072.1 gb: AF187817.1
4,315048	-0,819678	35,13	Descendente	3,33E-03	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1

ES 2 663 421 T3

2,348717	-2,72835	33,76	Descendente	9,42E-04	NM_001877	Receptor 2 del componente del complemento (virus 3d de Epstein Barr) (CR2), ARNm. /PROD = receptor 2 del componente del complemento (virus 3d de Epstein Barr) /FL = gb: NM_001877.1 gb: M26004.1
3,342331	-1,710595	33,2	Descendente	6,55E-05	AA876372	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp667D095 (del clon DKFZp667D095)
1,995324	-3,045119	32,91	Descendente	4,60E-03	NM_014862	Producto génico KIAA0307 de Homo sapiens (KIAA0307), ARNm /PROD = Producto génico KIAA0307 /FL = gb: AB002305.1 gb: NM_014862.1
2,890305	-2,133881	32,54	Descendente	1,71E-03	NM_015474	Proteína DKFZP564A032 (DKFZP564A032), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína DKFZP564A032 /FL = gb: AF228421.1 gb: AL050267.1 gb: AB013847.1 gb: NM_015474.1
2,443445	-2,518495	31,17	Descendente	7,43E-03	NM_152332	Marco de lectura abierto 47 del cromosoma 14 de Homo sapiens (C14orf47), ARNm. /FL = gb: NM_152332.1
3,692792	-1,250743	30,77	Descendente	8,80E-04	N21096	EST
2,266312	-2,653405	30,27	Descendente	7,22E-03	NM_003026	dominio SH3 de Homo sapiens similar a GRB2 (SH3GL2), ARNm. /PROD = 2 similar a SH3 – SH3 /FL = gb: AF036268.1 gb: NM_003026.1
2,453774	-2,402069	28,96	Descendente	7,93E-05	NM_007191	Factor 1 inhibidor de Wnt de Homo sapiens (WIF-1), ARNm. /PROD = factor 1 inhibidor de Wnt /FL = gb: AF122922.1 gb: NM_007191.1
2,325274	-2,512615	28,6	Descendente	3,19E-05	AW 193693	Proteína DKFZP566K1924
1,982765	-2,836916	28,24	Descendente	1,21E-04	BE672659	EST
0,997895	-3,793735	27,7	Descendente	3,97E-03	AW025928	EST, débilmente similar al homólogo de la transcriptasa inversa 138588 (H. sapiens)
4,756657	0,005012	26,94	Descendente	6,55E-05	AV715309	EST, Débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
4,803291	0,085342	26,32	Descendente	7,34E-05	AA628440	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3

ES 2 663 421 T3

1,124153	-3,582082	26,1	Descendente	5,42E-03	W52934	EST, débilmente similar a la serina treonina quinasa (<i>C. elegans</i>)
0,874376	-3,810554	25,72	Descendente	2,24E-02	U82671	Familia A2a del antígeno del melanoma en cromosoma Xq28 (MAGEA2A), familia A12 del antígeno del melanoma (MAGEA12), familia A2b del antígeno del melanoma (MAGEA2B), familia A3 del antígeno del melanoma (MAGEA3), caltractina (CALT), proteína similar a la NAD(P)H deshidrogenasa (NSDHL), a...
0,621075	-4,029928	25,12	Descendente	5,18E-03	BC028721	Similar a la familia 1 de transportadores de soluto (transportador de aspartato-glutamato de alta afinidad), miembro 6, clon MGC: 33092 IMAGE: 5269300, ARNm, cds completa. /PROD = similar a la familia 1 de transportadores de soluto (transportador de aspartato-glutamato de alta afinidad), miembro
1,49883	-3,130556	24,75	Descendente	7,87E-04	BF057784	EST
2,074855	-2,552806	24,72	Descendente	1,87E-03	AI420156	EST
3,2597	-1,357805	24,55	Descendente	1,05E-03	NM_017671	Proteína hipotética FLJ20116 (FLJ20116) de <i>Homo sapiens</i> , ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20116 /FL = gb: NM_017671.1
-0,10303	-4,717227	24,49	Descendente	7,33E-05	NM_022168	Proteína 5 asociada a la diferenciación del melanoma (MDA5) de <i>Homo sapiens</i> , ARNm /PROD = proteína 5 asociada a la diferenciación del melanoma /FL = gb: AY017378.1 gb: NM_022168.1 gb: AF095844.1
2,688175	-1,908993	24,2	Descendente	2,73E-04	NM_014178	Proteína HSPC156 (HSPC156), de <i>Homo sapiens</i> , ARNm. /PROD = proteína HSPC156 /FL = gb: NM_014178.1 gb: AF161505.1
1,24677	-3,309288	23,52	Descendente	2,54E-02	BC028359	<i>Homo sapiens</i> , clon IMAGE: 4828836, ARNm.
0,686587	-3,862863	23,42	Descendente	1,28E-03	NM_000439	Proteína convertasa subtilisina kexina de tipo 1 de <i>Homo sapiens</i> (PCSK1), ARNm. /PROD = proteína convertasa subtilisina kexina de tipo 1 /FL = gb: NM_000439.2 gb: M90753.1

ES 2 663 421 T3

5,363884	0,82261	23,28	Descendente	7,68E-05	NM_007015	Precursor de condromodulina 1 (CHM-I) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de condromodulina 1 /FL = gb: NM_007015.1 gb: AB006000.1
3,962328	-0,577927	23,27	Descendente	6,90E-05	AL533416	Transporte axonal de vesículas sinápticas
2,086969	-2,410461	22,59	Descendente	9,65E-03	AL359055	Clon del ADNc del inserto de longitud completa del clon del ARNm de Homo sapiens EUROIMAGE 2344436.
0,536704	-3,939442	22,26	Descendente	4,78E-03	AL049250	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564D113 (del clon DKFZp564D113);
4,260791	-0,214844	22,25	Descendente	6,89E-05	AA603344	EST, Débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,121165	-4,34837	22,15	Descendente	1,36E-04	AI985987	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA J HUMANA ALU1 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,437404	-4,019211	21,96	Descendente	2,48E-02	H05254	EST
2,263194	-2,16575	21,54	Descendente	7,34E-04	AF052108	Secuencia de ARNm del clon 23687 de Homo sapiens.
4,055226	-0,3701	21,49	Descendente	1,16E-04	NM_001307	Claudina 7 (CLDN7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = claudina 7 /FL = gb: BC001055.1 gb: NM_001307.1
5,440506	1,023282	21,37	Descendente	1,02E-04	M34455	ARNm de indoleamina 2,3-dioxigenasa (IDO)inducible por interferón gamma humano, cds completa. /FL = gb: NM_002164.1 gb: M34455.1
2,169025	-2,207268	20,77	Descendente	3,41E-03	NM_022467	N-acetilgalactosamina-4-O-sulfotransferasa (GALNAC-4-ST) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = N-acetilgalactosamina-4-O-sulfotransferasa /FL = gb: NM_022467.1 gb: AF300612.1
0,252976	-4,116368	20,67	Descendente	3,36E-03	NM_018043	Proteína hipotética FLJ10261 (FLJ10261) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10261 /FL = gb: NM_018043.1
1,353776	-3,010836	20,6	Descendente	2,85E-02	AF147427	ADNc de inserto de longitud completa de Homo sapiens, clon YP80A10.
2,437935	-1,918781	20,49	Descendente	1,70E-03	BE672557	EST

ES 2 663 421 T3

2,46341	-1,870689	20,17	Descendente	4,16E-04	NM_003182	Precursor 1 de taquicinina de Homo sapiens (sustancia K, sustancia P, neurocinina 1, neurocinina 2, neuromedina L, neurocinina alfa, neuropéptido K, neuropéptido gamma) (TAC1), variante beta del transcrito, ARNm. /PROD = precursor 1 de taquicinina, isoforma beta /FL = gb: U3
2,294336	-2,028037	20,01	Descendente	7,10E-03	U11058	ARNm de la subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande de Homo sapiens (MaxiK), cds completa. /PROD = subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande /FL = gb: U23767.1 gb: NM_002247.1 gb: AF025999
4,534853	0,221559	19,88	Descendente	7,68E-05	R38389	proteína localizada en el ER relacionada con olfactomedina
3,142124	-1,136699	19,41	Descendente	1,73E-02	AL832535	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp547J1816 (del clon DKFZp547J1816);
3,85985	-0,410223	19,29	Descendente	7,34E-05	R40892	EST
4,557488	0,304559	19,07	Descendente	1,43E-04	AK026546	ADNc de Homo sapiens: FLJ22893 fis, clon KAT04792.
5,966394	1,719122	18,99	Descendente	1,99E-04	AL117612	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564B1264 (del clon DKFZp564B1264);
1,212373	-3,013161	18,71	Descendente	5,22E-04	AI564075	EST
2,27629	-1,932316	18,49	Descendente	1,09E-04	BC044830	ADNc de Homo sapiens, similar to RIKEN gen 1700011F14, clon MGC: 35062 IMAGE: 5166167, ARNm, cds completa. /PROD = ADNc similar al gen 1700011F14 EN ADNc de RIKEN /FL = gb: BC044830.1
3,18092	-1,007603	18,23	Descendente	1,29E-03	AJ011712	Gen TNNT1 de Homo sapiens, exones 1-11 (y CDS unidas)
2,598916	-1,553059	17,78	Descendente	2,46E-03	AW051591	EST, moderadamente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
2,003902	-2,139208	17,67	Descendente	4,71E-03	BF109660	EST

ES 2 663 421 T3

1,905278	-2,229324	17,56	Descendente	5,05E-04	NM_0189/64	Familia 37 del transportador de solutos (transportador de glicerol-3-fosfato), miembro 1, (SLC37A1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = familia 37 del transportador de solutos (transportador de glicerol-3-fosfato), miembro 1 /FL = gb: NM_018964.1
0,330556	-3,792993	17,43	Descendente	3,26E-04	BE972639	EST
1,044277	-3,067425	17,29	Descendente	1,23E-02	AL529104	EST
0,733534	-3,349221	16,94	Descendente	4,39E-03	BF061389	EST, débilmente similar a la JC1405 6-piruvoyltetrahydropterina sintasa (H. sapiens)
2,684281	-1,394654	16,9	Descendente	2,91 E-04	BF449063	alfa 1 colágeno de tipo XIV (undulina)
4,572354	0,512428	16,68	Descendente	5,89E-04	BF437747	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
2,313549	-1,734907	16,55	Descendente	6,84E-03	AV726956	EST, Débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
0,679665	-3,355919	16,4	Descendente	1,43E-03	BC000568	Homo sapiens, clon MGC: 3040, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 3040) /FL = gb: BC000568.1
4,099873	0,092088	16,09	Descendente	6,90E-05	AI057619	EST, altamente similar a la proteína hipotética T42654 DKFZp434G 1115.1 (H. sapiens)
1,459269	-2.519	15,76	Descendente	6,26E-03	NM_000277	Fenilalanina hidroxilasa (PAH) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fenilalanina hidroxilasa /FL = gb: U49897.1 gb: NM_000277.1
2,220936	-1,733714	15,5	Descendente	1,34E-04	AF237813	ARNm de NPD009 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NPD009 /FL = gb: NM_020686.1 gb: AF237813.1
2,81177	-1,140906	15,48	Descendente	6,89E-05	NM_002593	Potenciador de la endopeptidasa C de procolágeno (PCOLCE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = potenciador de la endopeptidasa C de procolágeno /FL = gb: BC000574.1 gb: NM_002593.2 gb: AB008549.1 gb: L33799.1

ES 2 663 421 T3

1,529971	-2,399749	15,24	Descendente	2,29E-02	NM_024789	Proteína hipotética FLJ22529 (FLJ22529) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ22529 /FL = gb: NM_024789.1
0,255558	-3,655262	15,04	Descendente	4,26E-03	BC039509	Homo sapiens, clon IMAGE: 5578073, ARNm.
0,970967	-2,921559	14,85	Descendente	4,46E-03	AI144156	EST
2,38092	-1,504443	14,78	Descendente	4,36E-04	AF053712	ARNm del ligando de la osteoprotegerina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = ligando de la osteoprotegerina /FL = gb: AF053712.1 gb: AF019047.1
3,779853	-0,095194	14,67	Descendente	3,22E-04	AV646597	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
1,651332	-2,189895	14,33	Descendente	3,45E-03	NM_007181	proteína activada por mitógeno quinasa quinasa quinasa quinasa 1 (MAP4K1) de Homo sapiens, ARN. /PROD = proteína activada por mitógeno quinasa quinasa quinasa quinasa 1 /FL = gb: U66464.1 gb: NM_007181.1
3,786136	-0,030985	14,1	Descendente	1,49E-04	BF057731	EST
3,257726	-0,553697	14,04	Descendente	4,48E-04	NM_004335	Antígeno 2 de células estromales de médula ósea de Homo sapiens (BST2), ARNm. /PROD = antígeno 2 de células estromales de médula ósea /FL = gb: NM_004335.2 gb: D28137.1
-0,33527	-4,146199	14,03	Descendente	4,21E-03	BE968806	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SB2 HUMANA ALU4 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,349102	-3,450633	13,93	Descendente	1,30E-02	BM682352	ADNc de Homo sapiens FLJ37204 fis, clon BRALZ2006976.
2,172559	-1,624126	13,9	Descendente	2,32E-03	BE673445	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R28379
0,381933	-3,390833	13,67	Descendente	1,84E-02	AI913749	EST
1,120467	-2,648498	13,63	Descendente	1,85E-03	BE672607	EST
1,924097	-1,801676	13,23	Descendente	8,92E-03	AW242920	EST
1,491527	-2,224633	13,14	Descendente	7,01E-05	BG258131	EST

ES 2 663 421 T3

2,060687	-1,652733	13,12	Descendente	5,63E-03	AI269290	Familia 18 de transportadores de soluto (monoamino vesicular), miembro 2 /FL = gb: L14269.1 gb: L23205.1 gb: L09118.1 gb: NM_003054.1
2,886142	-0,811762	12,98	Descendente	4,93E-04	U83115	ARNm de la proteína similar a beta, gamma-cristalinas no de cristalino (AIM1) humana, cds parcial. /PROD = proteína similar a beta, gamma-cristalinas no de cristalino
0,626797	-3,063928	12,91	Descendente	4,51E-02	AF393369	ARNm de adaptina sigma 1C (AP1S3) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = adaptina sigma 1C /FL = gb: AF393369.1
1,575227	-2,112834	12,89	Descendente	1,85E-03	BE856544	Proteína hipotética FLJ22573
0,4785	-3,197824	12,78	Descendente	1,72E-04	BG532690	Integrina alfa-4 (antígeno CD49D, subunidad alfa 4 del receptor VLA-4)
1,707178	-1,969084	12,78	Descendente	1,84E-02	AF043179	ARNm de la cadena beta del receptor de células T (TCRBV13S1-TCRBJ2S1 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = cadena beta del receptor de células T /FL = gb: AF043179.1
0,47298	-3,177323	12,56	Descendente	8,00E-03	AF311324	ARNm de la proteína de fusión similar a la ubiquitina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína de fusión similar a la ubiquitina /FL = gb: AF311324.1
2,641731	-0,985721	12,36	Descendente	1,49E-04	AL133653	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434M2415 (del clon DKFZp434M2415);
2,913327	-0,707745	12,3	Descendente	3,70E-03	NM_012419	Regulador de la señalización de proteína G 17 (RGS17) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulador de la señalización de proteína G 17 /FL = gb: AF202257.2 gb: NM_012419.2
2,127724	-1,49095	12,28	Descendente	1,49E-03	NM_001275	Cromogranina A (proteína secretora de paratiroides 1) (CHGA), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cromogranina A /FL = gb: BC001059.1 gb: NM_001275.2 gb: J03915.1 gb: J03483.1
0,80034	-2,81487	12,25	Descendente	4,62E-03	AW003107	EST

ES 2 663 421 T3

2,11511	-1,494168	12,2	Descendente	1,27E-03	NM_000593	Casete de unión a ATP de Homo sapiens, subfamilia B (MDRTAP), miembro 2 (ABCB2), ARNm. /PROD = Casete de unión a ATP de Homo sapiens, subfamilia B, miembro 2 /FL = gb: NM_000593.2 gb: L21205.1 gb: L21206.1 gb: L21207.1 gb: L21204.1 gb: L21208.1
3,690675	0,086414	12,16	Descendente	1,85E-03	AW274018	EST
1,283746	-2,317044	12,13	Descendente	4,10E-03	NM_014031	Proteína VLCS-H1 (VLCS-H1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = homólogo 1 de cadena muy larga de la acil-coA sintetasa /FL = gb: AF064254.1 gb: NM_014031.1
0,467003	-3,132847	12,12	Descendente	4,39E-02	AL117530	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp434B172 (del clon DKFZp434B172); cds parcial. /PROD = proteína hipotética
2,6402	-0,955567	12,09	Descendente	3,80E-02	NM_013267	Glutaminasa de células de mama (GA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutaminasa de células de mama /FL = gb: AF110331.1 gb: AF110330.1 gb: AF223944.1 gb: NM_013267.1
1,858597	-1,724557	11,98	Descendente	5,91E-04	AA757457	EST
0,945333	-2,635993	11,97	Descendente	2,41E-03	BC040959	Homo sapiens, clon IMAGE: 5242616, ARNm.
3,795925	0,223304	11,9	Descendente	1,71E-03	NM_004688	Interaccionador (NMI) con N-myc (y STAT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = interaccionador con N-myc y STAT /FL = gb: BC001268.1 gb: NM_004688.1 gb: U32849.1
2,074972	-1,490898	11,84	Descendente	2,94E-03	NM_017933	Proteína hipotética FLJ20701 (FLJ20701) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20701 /FL = gb: NM_017933.1
-0,42571	-3,975429	11,71	Descendente	1,54E-03	AK023699	ADNc de Homo sapiens FLJ13637 fis, clon PLACE1011165.
3,742964	0,195658	11,69	Descendente	1,19E-04	T62571	Proteína 7 asociada a microtúbulos /FL = gb: NM_003980.1

ES 2 663 421 T3

1,621518	-1,924672	11,68	Descendente	2,63E-02	NM_003725	3-alfa hidroxiesteroide deshidrogenasa oxidativa de Homo sapiens; retinol deshidrogenasa; 3-hidroxiesteroide epimerasa (RODH),ARNm. /PROD = 3-alfa hidroxiesteroide deshidrogenasa oxidativa de / PROD=; retinol deshidrogenasa; 3-hidroxiesteroide epimerasa /FL = gb: AF016509.1 gb: A
6,076777	2,566425	11,4	Descendente	6,90E-05	AF229180	ARNm alfa-aminoadipato semialdehído sintasa de Homo sapiens, cds completa. /PROD = alfa-aminoadipato semialdehído sintasa /FL = gb: AF229180.1
3,758058	0,25238	11,36	Descendente	1,89E-04	NM_005356	Proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
3,797019	0,297284	11,31	Descendente	2,69E-04	AI871745	EST
2,469508	-1,020673	11,24	Descendente	9,14E-04	W63754	ARNm para glicosiltransferasa (ORF1) de Homo sapiens
1,048359	-2,438018	11,21	Descendente	1,39E-02	AA464273	EST
3,146674	-0,339455	11,21	Descendente	1,26E-04	BF435773	proteína de unión al dominio SH3 de cortactina
1,627801	-1,848139	11,13	Descendente	3,70E-03	L39833	ARNm de la subunidad beta de los canales de K ⁺ (clon hKvBeta3) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = subunidad beta de los canales de K ⁺ /FL = gb: U16953.1 gb: L39833.1
1,594689	-1,879508	11,11	Descendente	4,03E-02	AJ236915	ARNm de Homo sapiens para la proteína pak5 . /PROD = proteína pak5 /FL = gb: NM_020168.1 gb: AF276893.1
2,806504	-0,6571	11,03	Descendente	1,21E-04	NM_003645	Coenzima A ligasa 1 de ácidos grasos de cadena muy larga (FACVL1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Coenzima A ligasa 1 de ácidos grasos de cadena muy larga /FL = gb: AF096290.1 gb: D88308.1 gb: NM_003645.1
3,826815	0,364324	11,02	Descendente	6,55E-05	BG401568	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp434H1235 (del clon DKFZp434H1235); cds parcial.

ES 2 663 421 T3

2,99034	-0,471936	11,02	Descendente	7,16E-04	NM_002993	Subfamilia B de citoquinas inducibles pequeñas (Cys-X-Cys) de Homo sapiens, miembro 6 (proteína 2 quimiotáctica de granulocitos) (SCYB6), ARNm. /PROD = subfamilia B de citoquinas inducibles pequeñas (Cys-X-Cys) de / PROD=, miembro 6 (proteína 2 quimiotáctica de granulocitos) /FL = gb:b: U81234.1 gb: NM_00299
3,788599	0,329467	11	Descendente	8,58E-05	NM_002252	Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, rectificador retardado, subfamilia S, miembro 3 (KCNS3), ARNm. /PROD = Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, rectificador retardado, subfamilia S, miembro 3 /FL = gb: AF043472.1 gb: NM_002252.1 gb: BC004987.1 gb: BC004148.1
4,397278	0,939176	10,99	Descendente	1,22E-04	NM_021614	Canal activado por calcio de baja-intermedia conductancia de potasio, subfamilia N, miembro 2 (KCNN2), ARNm. /PROD = canal activado por calcio de baja-intermedia conductancia de potasio, subfamilia N, miembro 2 /FL = gb: NM_021614.1 gb: AF239613.1
1,027188	-2,423197	10,93	Descendente	1,22E-03	BG169832	adenilato quinasa 5 /FL = gb: NM_012093.1 gb: AF062595.1
1,022495	-2,421211	10,88	Descendente	2,47E-02	BC002832	Similar a butirofilina, subfamilia 3, miembro A2, de Homo sapiens, clon MGC: 3790, ARNm, cds completa. /PROD = similar a butirofilina, subfamilia 3, miembro A2 /FL = gb: U90144.1 gb: NM_007047.1 gb: U90546.1 gb: BC002832.1
0,311203	-3,122447	10,81	Descendente	1,70E-03	AI964053	EST
1,673874	-1,728682	10,57	Descendente	2,25E-03	NM_005965	Polipéptido quinasa ligera, miosina (MYLK), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = miosina, ligera polipéptido quinasa /FL = gb: AB037663.1 gb: AF069601.2 gb: NM_005965.1

ES 2 663 421 T3

1,443731	-1,955774	10,55	Descendente	1,43E-03	AJ272267	ARNm parcial de Homo sapiens para la colina deshidrogenasa (gen chdh). /PROD = colina deshidrogenasa
0,383563	-3,004508	10,47	Descendente	2,48E-02	AI377688	EST
0,995551	-2,39165	10,46	Descendente	5,14E-03	NM_005386	Neuronatina (NNAT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuronatina /FL = gb: NM_005386.1 gb: BC001768.1 gb: AB002392.1 gb: U25033.1
3,45531	0,070626	10,44	Descendente	1,94E-04	AV733308	integrina, alfa 6
3,527039	0,143408	10,44	Descendente	5,95E-05	BG283790	EST
2,950823	-0,418278	10,33	Descendente	1,38E-03	NM_003645	Coenzima A ligasa 1 de ácidos grasos de cadena muy larga (FACVL1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Coenzima A ligasa 1 de ácidos grasos de cadena muy larga /FL = gb: AF096290.1 gb: D88308.1 gb: NM_003645.1
1,55078	-1,80799	10,26	Descendente	3,70E-03	H28597	timopoyetina
5,005827	1,649812	10,24	Descendente	1,90E-04	NM_003020	Proteína neuroendocrina 1 granular secretora de Homo sapiens (proteína 7B2) (SGNE1), ARNm. /PROD = Proteína neuroendocrina 1 granular secretora (proteína 7B2) /FL = gb: BC005349.1 gb: NM_003020.1
0,760646	-2,590248	10,2	Descendente	2,29E-02	AW589793	EST
2,209313	-1,126222	10,09	Descendente	5,95E-05	AA747379	polipéptido relacionado con la calcitonina, beta /FL = gb: NM_000728.1
-0,10418	-3,43217	10,04	Descendente	4,66E-03	NM_017655	Proteína hipotética FLJ20075 (FLJ20075) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20075 /FL = gb: NM_017655.1
2,598488	-0,722855	10	Descendente	2,03E-03	L08599	ARNm de uvomorulina (E-cadherina) (UVO) humana, cds completa. /PROD = uvomorulina

ES 2 663 421 T3

1,858219	-1,457169	9,95	Descendente	1,81E-03	NM_005084	<p>/FL = gb: NM_004360.1 gb: L08599.1 Fosfolipasa A2, grupo VII (acetilhidrolasa del factor activador de plaquetas, plasmática) (PLA2G7) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fosfolipasa A2, grupo VII (acetilhidrolasa del factor activador de plaquetas, plasmática) /FL = gb: U20157.1 gb: U24577.1 gb: NM_005084.1</p>
1,910263	-1,3945	9,88	Descendente	1,27E-03	NM_006994	<p>Butirofilina de Homo sapiens, subfamilia 3, miembro A3 (BTN3A3), ARNm. /PROD = butirofilina, subfamilia 3, miembro A3 /FL = gb: U90548.1 gb: NM_006994.2</p>
2,001097	-1,297629	9,84	Descendente	1,19E-03	BC028721	<p>Similar a la familia 1 de transportadores de soluto (transportador de aspartato-glutamato de alta afinidad), miembro 6, clon MGC: 33092 IMAGE: 5269300, ARNm, cds completa. /PROD = similar a la familia 1 de transportadores de soluto (transportador de aspartato-glutamato de alta afinidad), miembro</p>
5,020283	1,723791	9,83	Descendente	1,63E-04	AK025084	<p>ADNc de Homo sapiens: FLJ21431 fis, clon COL04214, altamente similar a HSU80736 de Homo sapiens, ARNm de CAGF9.</p>
2,474373	-0,811562	9,75	Descendente	5,94E-03	NM_013272	<p>Familia 21 del transportador de solutos (transportador de aniones orgánicos), miembro 11, (SLC21A11), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = familia 21 del transportador de solutos (transportador de aniones orgánicos), miembro 11 /FL = gb: NM_013272.2 gb: AF205074.1 gb: AB031050.2 gb: AF187816.1</p>
2,116702	-1,16308	9,71	Descendente	4,40E-02	AF107846	<p>de Homo sapiens Gen p55 (XLalphas) de la proteína de Golgi específica neuroendocrina, exón XL2 y cds completa</p>
2,472358	-0,803312	9,68	Descendente	2,33E-03	NM_000363	<p>Troponina I cardíaca (TNNI3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = troponina I cardíaca /FL = gb: M64247.1 gb: NM_000363.1</p>

ES 2 663 421 T3

0,384182	-2,880367	9,61	Descendente	4,26E-03	NM_005825	Proteína 2 liberadora de guanilo de RAS (regulada por calcio y DAG) (RASGRP2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 2 liberadora de guanilo de RAS (regulada por calcio y DAG) /FL = gb: AF043723.1 gb: NM_005825.1
2,394742	-0,866876	9,59	Descendente	1,57E-04	AI733027	EST, débilmente similar a la PROTEÍNA II DE UNIÓN A RETINOL HUMANO RET2, CELULAR (H. sapiens)
1,319792	-1,930717	9,52	Descendente	5,95E-05	M18767	Subcomponente C1 del complemento humano, cadenas alfa y beta, cds completa. /FL = gb: J04080.1 gb: M18767.1 gb: NM_001734.1
3,859451	0,610002	9,51	Descendente	5,73E-04	AJ242502	ARNm de Homo sapiens para E-MAP-115105 (gen MAP) /PROD = proteína asociada a microtúbulos epiteliales
3,009579	-0,239729	9,51	Descendente	5,22E-04	AB037730	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1309, cds parciales. /PROD = proteína KIAA1309
2,600702	-0,646217	9,49	Descendente	1,43E-02	AA740186	Biliverdina reductasa A /FL = gb: NM_000712.1 gb: U34877.1
0,971941	-2,274152	9,49	Descendente	7,72E-04	NM_018018	Proteína hipotética FLJ10191 (FLJ10191) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10191 /FL = gb: NM_018018.1
0,414323	-2,829854	9,48	Descendente	6,30E-03	AF283777	Secuencia de ARNm del clon TCBAP0702 de Homo sapiens.
6,139688	2,900659	9,44	Descendente	4,48E-04	BC036488	Homo sapiens, clon MGC: 43145 IMAGE: 5261574, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 43145) /FL = gb: BC036488.1
1,569503	-1,668679	9,44	Descendente	1,24E-03	BF195118	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
1,665643	-1,567308	9,4	Descendente	8,63E-04	AF282250	ARNm de calneuron 1 (CALN1) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = calneuron 1 /FL = gb: AF282250.1
4,319584	1,104655	9,29	Descendente	5,53E-04	AA618420	ADNc de Homo sapiens: FLJ23597 fis, clon LNG15281
4,436354	1,227541	9,25	Descendente	2,94E-04	AI912275	Linfoma de LLC de células B (proteína dedo de cinc) /FL = gb: NM_022893.1 gb: NM_018014.1

ES 2 663 421 T3

1,923237	-1,283751	9,23	Descendente	3,70E-03	AW072102	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434H205 (del clon DKFZp434H205)
2,59299	-0,613677	9,23	Descendente	1,94E-04	NM_003887	Factor 2 de potenciación del desarrollo y diferenciación (DDEF2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína de activación de GTPasa dirigida al factor de ribosilación por ADP (arf) /FL = gb: AB007860.1 gb: NM_003887.1
3,20248	0,002668	9,19	Descendente	5,80E-04	AF220153	ARNm de la proteína 1 de cuatro dominios y medio LIM, isoforma C (FHL1), cds completa, sometida a corte y empalme de forma alternativa. /PROD = isoforma C de la proteína 1 de cuatro dominios y medio LIM /FL = gb: AF220153.1
1,689335	-1,505873	9,16	Descendente	2,46E-03	NM_031272	Secuencia 14 expresada en el testículo (TEX14) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = en el testículo secuencia 14 expresada /FL = gb: NM_031272.1
3,026209	-0,167981	9,15	Descendente	6,90E-05	BC032302	Similar a la proteína 2 similar a la UDP-glucosa ceramida glucosiltransferasa de Homo sapiens, clon MGC: 40268 IMAGE: 5169731, ARNm, cds completa. /PROD = similar a la proteína 2 similar a la UDP-glucosa ceramida glucosiltransferasa2 /FL = gb: BC032302.1
3,116245	-0,070826	9,11	Descendente	7,93E-05	NM_017947	Proteína hipotética FLJ20733 (FLJ20733) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20733 /FL = gb: NM_017947.1
2,91664	-0,26326	9,06	Descendente	1,68E-03	AW003367	Secuencia de ARNm del clon 25237 de Homo sapiens
4,453662	1,27718	9,04	Descendente	7,33E-05	AV681807	Homólogo 3 del oncogén vírico de la leucemia eritroblástica aviar v-erb-b2
3,454075	0,278604	9,03	Descendente	1,86E-04	AV691491	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564D1462 (del clon DKFZp564D1462)
1,883578	-1,291525	9,03	Descendente	2,67E-02	BF970287	Secuencia de ADN humano del clon RP1-310013 en el cromosoma 20q11.2. Contiene (parte de) cuatro genes nuevos, EST, STS, GSS y cuatro islas de CpG putativas

ES 2 663 421 T3

2,326737	-0,838174	8,97	Descendente	2,61E-03	NM_015982	Proteína de unión a la caja Y específica de células germinales (LOC51087) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína de unión a la caja Y específica de células germinales /FL = gb: NM_015982.1 gb: AF096834.1
0,392456	-2,771428	8,96	Descendente	2,73E-02	NM_003007	Semenofelina I (SEMG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = semenogelina I /FL = gb: J04440.1 gb: NM_003007.1
3,116953	-0,041715	8,93	Descendente	3,90E-04	AA469071	Clúster Incl. AA469071: ADNc de ne17f11.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-881517 /clon_fin = 3 /gb = AA469071 /gi = 2195605 /ug = Hs.180479 /len = 758
3,113317	-0,040507	8,9	Descendente	2,36E-03	AL565745	EST, débilmente similar a 2108402A carnitina palmitoiltransferasa I (H. sapiens)
5,010828	1,86984	8,82	Descendente	3,28E-04	AK027006	ADNc de Homo sapiens: FLJ23353 fis, clon HEP14321, altamente similar a HSU80736 de Homo sapiens, ARNm de CAGF9.
3,249727	0,113464	8,79	Descendente	2,14E-04	BC001745	Homo sapiens, clon MGC: 3328, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 3328) /FL = gb: BC001745.1 gb: NM_014392.1
1,532208	-1,601117	8,77	Descendente	3,19E-03	AI796813	Advilina
5,063502	1,934512	8,75	Descendente	1,01E-04	AB018289	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA0746, cds parcial. /PROD = proteína KIAA0746
1,934415	-1,192238	8,73	Descendente	3,13E-03	NM_001351	Homo sapiens, similar al deletado en la azoospermia 3 (DAZ3), ARNm. /PROD = similar al deletado en la azoospermia /FL = gb: U66726.2 gb: NM_001351.1 gb: U65918.1 gb: U66078.1
2,522705	-0,592752	8,67	Descendente	9,13E-03	U07236	ARNm de la proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) mutante humana, cds completa. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
3,995648	0,881994	8,66	Descendente	6,55E-05	AI961231	Producto génico KIAA0808 /FL = gb: AB018351.1 gb: NM_014729.1

ES 2 663 421 T3

2,077151	-1,020617	8,56	Descendente	7,33E-05	BF223193	Subfamilia 1 del receptor nuclear, grupo I, miembro 3
6,650173	3,554864	8,55	Descendente	8,55E-04	NM_004360	Cadherina 1, de tipo 1, E-cadherina (epitelial) (CDH1), ARNm. /PROD = cadherina 1, de tipo 1, E-cadherina (epitelial) /FL = gb: NM_004360.1 gb: L08599.1
1,440541	-1,650241	8,52	Descendente	1,11E-03	BE503640	EST
1,344522	-1,721548	8,37	Descendente	1,97E-02	AW071705	Dipeptidilpeptidasa VI
4,319671	1,253603	8,37	Descendente	1,05E-04	AF063002	ARNm SLIMMER de la proteína LIM de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína SLIMMER de LIM /FL = gb: AF063002.1 gb: AF098518.1
2,575606	-0,489298	8,37	Descendente	1,24E-03	BC016785	Similar a la proteína hipotética PRO1722 de Homo sapiens, clon IMAGE: 4096414, ARNm.
1,070412	-1,992167	8,35	Descendente	7,29E-04	AF070642	Secuencia de ARNm del clon 24488 de Homo sapiens.
3,083054	0,021788	8,35	Descendente	2,33E-03	BC026969	Homo sapiens, clon IMAGE: 5116073, ARNm, cds parcial.
6,075972	3,015223	8,34	Descendente	1,35E-04	NM_001449	Proteína 1 de cuatro dominios y medio LIM (FHL1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 1 de cuatro dominios y medio LIM /FL = gb: U60115.1 gb: NM_001449.1 gb: U29538.1
0,779095	-2,27952	8,33	Descendente	1,58E-02	AF497717	ARNm desconocido de pulmón de tipo tisular de Homo sapiens.
4,227241	1,173625	8,3	Descendente	3,47E-04	AI193252	EST, débilmente similar a AF133270 1 SLIT2 (H. sapiens)
1,139113	-1,908335	8,27	Descendente	1,40E-02	AI741469	EST
3,120689	0,079671	8,23	Descendente	6,27E-04	U01874	ARNm de me20m humana, cds completa. /PROD = me20m /FL = gb: NM_006928.1 gb: BC001414.1 gb: U01874.1
3,499377	0,460367	8,22	Descendente	2,16E-03	NM_024572	Proteína hipotética FLJ12691 (FLJ12691) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ12691 /FL = gb: NM_024572.1
2,568736	-0,463022	8,18	Descendente	4,78E-03	AA531287	EST

Tabla VI EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES ENTRE LAS CÉLULAS MADRE EMBRIONARIAS INDIFERENCIADAS CULTIVADAS EN MATRIGEL™ Y CÉLULAS EXPRES 01 (A) Y 02 (B) CULTIVADAS EN TCPS

5 A) H9P39 en el estadio DE 2 horas frente a EXPRES 01-Los valores de intensidad están en formato Log2.

EXPRES 01	2H DE	Relación	Dirección	adj. valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-3,61621	3,301718	120,92	Ascendente	0,001179	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-1,32044	4,320344	49,89	Ascendente	0,005081	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis 3/FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-3,12747	2,331072	43,97	Ascendente	0,000718	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
-2,3376	2,787516	34,9	Ascendente	0,000229	U17496	ARNm de la subunidad del proteasoma LMP7 (alelo LMP7B) humana, cds completa. /PROD = subunidad LMP7 del proteasoma /FL = gb: U17497.1 gb: U17496.1
-0,27888	4,715023	31,86	Ascendente	0,000339	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc /FL = gb: AF225513.1
-1,56608	3,343812	30,06	Ascendente	0,009753	NM_000767	Polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia NB (inducible por fenobarbital) (CYP2B6) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia IIB (inducible por fenobarbital) /FL = gb: NM_000767.2 gb: AF182277.1 gb: M29874.1
0,756526	5,558453	27,89	Ascendente	0,000271	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1

ES 2 663 421 T3

-1,03397	3,688335	26,4	Ascendente	0,000308	NM_003020	Proteína neuroendocrina 1 granular secretora de Homo sapiens (proteína 7B2) (SGNE1), ARNm. /PROD = Proteína neuroendocrina 1 granular secretora (proteína 7B2) /FL = gb: BC005349.1 gb: NM_003020.1
-1,64839	2,654165	19,73	Ascendente	0,000963	NM_004900	Forbolina de Homo sapiens (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) (DJ742C19.2), ARNm. /PROD = forbolina (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) /FL = gb: NM_004900.1 gb: U61083.1
-0,41404	3,88291	19,66	Ascendente	0,00068	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-4,55112	-0,49607	16,62	Ascendente	0,040292	NM_018043	Proteína hipotética FLJ10261 (FLJ10261) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10261 /FL = gb: NM_018043.1
-2,38787	1,639634	16,31	Ascendente	0,010236	BC003517	Homo sapiens, clon IMAGE: 3542589, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3542589)
-2,506	1,482042	15,87	Ascendente	0,000737	AW193693	Proteína DKFZP566K1924
-1,89835	2,076299	15,72	Ascendente	0,000308	AL122010	Secuencia de ADN humana del clon RP5-997D16 en el cromosoma 1 p34.1 – 35.3 Contiene parte del gen para la proteína DAP-I, STS, GSS y una isla de CpG
-2,80061	1,027087	14,2	Ascendente	0,005931	NM_014624	Proteína A6 de unión a calcio S100 (calciclina) de Homo sapiens (S100A6), ARNm. /PROD = Proteína A6 de unión a calcio S100 /FL = gb: NM_014624.2 gb: BC001431.1
-1,56046	2,251934	14,05	Ascendente	0,009772	NM_016354	Familia 21 del transportador de solutos (transportador de aniones orgánicos), miembro 12, (SLC21A12), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transportador de aniones orgánicos OATP-E /FL = gb: AB031051.1 gb: NM_016354.1 gb: AF205072.1 gb: AF187817.1

ES 2 663 421 T3

1,109291	4,853054	13,4	Ascendente	0,000308	NM_005356	Proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
-2,69521	1,04038	13,32	Ascendente	0,000271	AF282250	ARNm de calneuron 1 (CALN 1) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = calneuron 1 /FL = gb: AF282250.1
1,168713	4,897416	13,26	Ascendente	0,00105939	NM_0161	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína de 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1
-3,05488	0,645316	13	Ascendente	0,001719	AI569804	EST
-0,10733	3,574485	12,83	Ascendente	0,001042	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-3,12055	0,460578	11,97	Ascendente	0,018849	AW780006	EST
-0,8902	2,675714	11,84	Ascendente	0,001172	NM_022034	Gen 1 regulado por estrógenos (ERG-1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = gen 1 regulado por estrógenos /FL = gb: AF305835.1 gb: NM_022034.1
-2,233	1,292642	11,52	Ascendente	0,002196	NM_014862	Producto génico KIAA0307 de Homo sapiens (KIAA0307), ARNm /PROD = producto génico KIAA0307 /FL = gb: AB002305.1 gb: NM_014862.1
-1,16113	2,362911	11,5	Ascendente	0,007894	NM_012281	Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 (KCND2), ARNm. /PROD = Canal dependiente de voltaje de potasio, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 /FL = gb: NM_012281.1 gb: AB028967.1 gb: AF121104.1
-2,7484	0,710709	11	Ascendente	0,006544	BC000568	Homo sapiens, clon MGC: 3040, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 3040) /FL = gb: BC000568.1
-2,89467	0,509405	10,59	Ascendente	0,010729	AW971205	EST
-1,66608	1,669381	10,09	Ascendente	0,01208	BE673445	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R28379

ES 2 663 421 T3

-1,38062	1,947029	10,04	Ascendente	0,000277	NM_002590	Protocadherina 8 (PCDH8) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = protocadherina 8 /FL = gb: NM_002590.2 gb: AF061573.2
1,12675	4,40089	9,67	Ascendente	0,000277	AA206141	EST
-0,04543	3,208344	9,54	Ascendente	0,000875	AB037730	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1309, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1309
-3,12304	0,081126	9,22	Ascendente	0,025215	NM_018018	Proteína hipotética FLJ10191 (FLJ10191) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10191 /FL = gb: NM_018018.1
-2,26295	0,940715	9,21	Ascendente	0,013376	AI735586	EST
3,061783	6,265115	9,21	Ascendente	0,000149	BF057809	EST
-1,57619	1,598447	9,03	Ascendente	0,001707	AW072790	Contactina 1
1,260638	4,356898	8,55	Ascendente	0,000408	AA404269	EST
-1,79406	1,19242	7,93	Ascendente	0,023768	NM_004731	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 7, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 7 /FL = gb: AF058056.1 gb: NM_004731.1
-1,25121	1,703716	7,75	Ascendente	0,000875	R62432	Clúster Incl. R62432: ADNc de yg52e11 . yg52e11 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-36023 /clon_fin = 3 /gb = R62432 /gi = 834311 /ug = Hs.12321 /len = 487
-2,01579	0,901094	7,55	Ascendente	0,014339	AI937060	Proteína KIAA1151
0,194248	3,083487	7,41	Ascendente	0,002413	U07236	ARNm de la proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) mutante humana, cds completa. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1

ES 2 663 421 T3

-2,17012	0,714641	7,39	Ascendent e	0,011075	AB018580	ARNm de Homo sapiens para hluPGFS, cds completa. /PROD = hluPGFS /FL = gb: NM_003739.2 gb: AF149416.2 gb: AB018580.1 gb: D17793.1
1,872557	4,741366	7,3	Ascendent e	0,00031	1 R38389	Proteína localizada en el ER relacionada con olfactomedina
-1,81469	1,042382	7,25	Ascendent e	0,007408	AF052108	Secuencia de ARNm del clon 23687 de Homo sapiens.
-1,51616	1,329372	7,19	Ascendent e	0,007084	AJ272267	ARNm parcial de Homo sapiens para la colina deshidrogenasa (gen chdh). /PROD = colina deshidrogenasa
-0,54428	2,289592	7,13	Ascendent e	0,000308	AF053712	ARNm del ligando de la osteoprotegerina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = ligando de la osteoprotegerina /FL = gb: AF053712.1 gb: AF019047.1
-3,17826	-0,38807	6,92	Ascendent e	0,040995	AI798098	EST
-1,88254	0,903098	6,9	Ascendent e	0,007894	BF694956	Secuencia de ADN humano del clon RP1-187J11 en el cromosoma 6q11.1-22.33. Contáis el gen de una nueva proteína similar a las proteínas predichas de S. pombe y S. cerevisiae, el gen para una nueva proteína similar a los inhibidores de la proteína quinasa C, el extremo 3 de
-1,27392	1,50151	16,85	Ascendent e	0,036787	U11058	ARNm de la subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande de Homo sapiens (MaxiK), cds completa. /PROD = subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande /FL = gb: U23767.1 gb: NM_002247.1 gb: AF025999
-1,89628	0,858329	6,75	Ascendent e	0,001372	AA557324	EST, débilmente similar a la hidroxilasa de ácidos grasos omega (H .sapiens)
-2,62694	0,10781	6,66	Ascendent e	0,017924	NM_000055	Butirilcolinesterasa (BCHE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la butirilcolinesterasa /FL = gb: M16541.1 gb: M16474.1 gb: NM_000055.1

ES 2 663 421 T3

-0,69028	2,041376	6,64	Ascendent e	0,001589	M16276	ARNm de HLA-DR2-Dw12 del MHC de clase II humano DQw1 - beta, cds completa. /FL = gb: NM_002123.1 gb: M16276.1 gb: M60028.1 gb: M17564.1 gb: M81141.1 gb: M81140.1
1,037668	3,763873	6,62	Ascendent e	0,00068	R40892	EST
-1,4606	1,25243	6,56	Ascendent e	0,001042	AW072102	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434H205 (del clon DKFZp434H205)
-2,07873	0,629421	6,53	Ascendent e	0,006819	AI269290	Familia 18 de transportadores de soluto (monoamino vesicular), miembro 2 /FL = gb: L14269.1 gb: L23205.1 gb: L09118.1 gb: NM_003054.1
-1,17422	1,532018	6,53	Ascendent e	0,009466	AI962169	EST
-1,85153	0,844198	6,48	Ascendent e	0,022892	AL359062	Clon del ADNc del inserto de longitud completa del clon del ARNm de Homo sapiens EUROIMAGE 1913076.
-0,32746	2,355449	6,42	Ascendent e	0,000657	L39833	ARNm de la subunidad beta de los canales de K+ (clon hKvBeta3) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = subunidad beta de los canales de K+ /FL = gb: U16953.1 gb: L39833.1
-0,62283	2,054006	6,39	Ascendent e	0,000522	NM_001351	Homo sapiens, similar al delecionado en la azoospermia 3 (DAZ3), ARNm. /PROD = similar al delecionado en la azoospermia /FL = gb: U66726.2 gb: NM_001351.1 gb: U65918.1 gb: U66078.1
-0,04433	2,61928	6,34	Ascendent e	0,001042	NM_007191	Factor 1 inhibidor de Wnt de Homo sapiens (WIF-1), ARNm. /PROD = factor 1 inhibidor de Wnt /FL = gb: AF122922.1 gb: NM_007191.1
0,462867	3,108247	6,26	Ascendent e	0,006847	AI807026	EST
1,37261	4,006097	6,21	Ascendent e	0,000311	BC040605	Homo sapiens, clon IMAGE: 5271039, ARNm.
0,997757	3,610644	6,12	Ascendent e	0,000246	AU144892	ADNc de Homo sapiens FLJ11569 fis, clon HEMBA1003304
2,214091	4,82397	6,1	Ascendent e	0,000277	N98595	EST

ES 2 663 421 T3

-0,58317	2,018483	6,07	Ascendent e	0,000412	AL563460	Proteína 2 de unión a GATA /FL = gb: M68891.1
-3,21441	-0,62151	6,03	Ascendent e	0,033157	NM_021981	Proteína asociada a las células pre-TNK (1D12A) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína asociada a las células pre-TNK /FL = gb: L17325.1 gb: NM_021981.1
-1,61054	0,964359	5,96	Ascendent e	0,005872	AW264204	EST
-0,46577	2,083834	5,85	Ascendent e	0,00021	AW051591	EST, moderadamente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
-1,09181	1,45367	5,84	Ascendent e	0,027071	AI653050	EST, débilmente similar a pa HPPD_4- HIDROXIFENILPIRUVATO DIOXIGENASA (H. sapiens)
-1,64801	0,893628	5,82	Ascendent e	0,000875	AW779917	EST
-0,49174	2,041917	5,79	Ascendent e	0,005081	NM_002522	Proteína pentraxina neuronal I (NPTX1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la pentraxina neuronal I /FL = gb: NM_002522.1 gb: U61849.1
-0,7841	1,740263	5,75	Ascendent e	0,0011 1	BF672975	lipoproteína lipasa /FL = gb: M15856.1 gb: NM_000237.1
-0,75335	1,769582	5,75	Ascendent e	0,01551	AK023900	ADNc de FLJ13838 fis de Homo sapiens, clon THYRO1000756, débilmente similar a ALFA-N- ACETILGALACTOSAMINIDA ALFA-2,6- SIALILTRANSFERASA (EC 2.4.99.-). /FL = gb: NM_013443.1 gb: AB035173.1
1,174608	3,695562	5,74	Ascendent e	0,001082	AI659533	Proteína de interacción con ArgAbl, ArgBP2
-2,3444	0,162277	5,68	Ascendent e	0,00079	AW057589	EST
-1,70607	0,798713	5,68	Ascendent e	0,006868	BC040321	Similar a la proteína 8 de homeobox LIM de Homo sapiens, clon IMAGE: 4839343, ARNm.
-1,11642	1,371492	5,61	Ascendent e	0,016088	BC000185	Similar a la carnitina palmitoiltransferasa I de hígado de Homo sapiens, clon MGC: 1772, ARNm, cds completa. /PROD = similar a la carnitina palmitoiltransferasa I de hígado /FL = gb: BC000185.1
2,631289	5,118301	5,61	Ascendent e	0,002033	AK026546	ADNc de Homo sapiens: FLJ22893 fis, clon KAT04792.

ES 2 663 421 T3

-1,99418	0,464132	5,5	Ascendente	0,002048	NM_006994	Butirofilina de Homo sapiens, subfamilia 3, miembro A3 (BTN3A3), ARNm. /PROD = butirofilina, subfamilia 3, miembro A3 /FL = gb: U90548.1 gb: NM_006994.2
-2,05438	0,400672	5,48	Ascendente	0,047179	BG29090	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-0,0881	2,345496	5,4	Ascendente	0,001106	AL565745	EST, Débilmente similar a 2108402A carnitina palmitoiltransferasa I (H. sapiens)
-1,67442	0,753821	5,38	Ascendente	0,004073	AW117456	neurotrimina
-0,2823	2,124629	5,3	Ascendente	0,006868	NM_016582	Transportador peptídico 3 (LOC51296) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transportador peptídico 3 /FL = gb: NM_016582.1 gb: AB020598.1
-0,08433	2,303971	5,24	Ascendente	0,003841	NM_000767	Polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia NB (inducible por fenobarbital) (CYP2B6) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia IIB (inducible por fenobarbital) /FL = gb: NM_000767.2 gb: AF182277.1 gb: M29874.1
-0,49385	1,890277	5,22	Ascendente	0,005872	AI741439	EST
2,372618	4,749882	5,2	Ascendente	0,000339	NM_007015	Precursor de condromodulina 1 (CHM-I) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de condromodulina 1 /FL = gb: NM_007015.1 gb: AB006000.1
0,650035	3,011594	5,14	Ascendente	0,011507	NM_004744	Lecitina retinol acil transferasa (fosfatidilcolina-retino-O-aciltransferasa) (LRAT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Lecitina retinol acil transferasa (fosfatidilcolina-retino-O-aciltransferasa) /FL = gb: NM_004744.1 gb: AF071510.1
-1,60594	0,753467	5,13	Ascendente	0,027018	AL050090	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586F1018 (del clon DKFZp586F1018); /PROD = proteína hipotética
4,239108	6,593362	5,11	Ascendente	0,001589	BG542521	piruvato deshidrogenasa fosfatasa /FL = gb: NM_018444.1 gb: AF155661.1

ES 2 663 421 T3

0,040412	2,375678	5,05	Ascendente	0,00034	AA960844	Homo sapiens, clon IMAGE: 4081483, ARNm
1,986226	4,31181	5,01	Ascendente	0,000576	NM_018444	Piruvato deshidrogenasa fosfatasa (PDP), ARNm. / PROD=piruvato deshidrogenasa fosfatasa /FL = gb: NM_018444.1 gb: AF155661.1
3,409815	-3,01948	86,18	Descendente	0,000948	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1
5,388254	-0,10197	44,95	Descendente	0,000308	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
3,094183	-2,07205	35,91	Descendente	0,000277	NM_013445	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD25 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD25 /FL = gb: NM_013445.1 gb: AF178853.1 gb: BC002815.1
4,092731	-0,56561	25,25	Descendente	0,000149	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
2,990178	-1,65945	25,1	Descendente	0,012588	NM_013445	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD25 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD25 /FL = gb: NM_013445.1 gb: AF178853.1 gb: BC002815.1
6,777916	2,398415	20,81	Descendente	0,000465	U15174	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD (BNIP3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1

ES 2 663 421 T3

2,469646	-1,82868	19,68	Descende nte	0,035416	N76327	EST, altamente similar al receptor de la transferrina 1011297A (H. sapiens)
2,306111	-1,98162	19,53	Descende nte	0,000324	AI632223	Proteína hipotética DKFZp434F2322
3,834572	-0,18549	16,22	Descende nte	0,001082	NM_002610	Isoenzima 1 de piruvato deshidrogenasa quinasa (PDK1) de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = isoenzima 1 de piruvato deshidrogenasa quinasa /FL = gb: NM_002610.2 gb: L42450.1
1,790331	-2,19355	15,82	Descende nte	0,001383	AA775681	Proteína hipotética FLJ23091
2,770179	-1,16728	15,32	Descende nte	0,000149	AK000345	ADNc de Homo sapiens FLJ20338 fis, clon HEP12179.
3,025351	-0,90644	15,26	Descende nte	0,000718	AW590925	EST
4,505436	0,7876	13,16	Descende nte	0,000277	W57613	EST
4,749034	1,283923	11,04	Descende nte	0,001992	NM_002130	ARNm de 3-hidroxi-3-metilglutaril-Coenzima A sintasa 1 (soluble) (HMGCSI). /PROD = 3-hidroxi-3-metilglutaril-Coenzima A sintasa 1 (soluble) /FL = gb: NM_002130.1 gb: L25798.1 gb: BC000297.1
2,792215	-0,63797	10,78	Descende nte	0,000308	BC017942	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4285317, ARNm.
1,80547	-1,58337	10,47	Descende nte	0,003516	NM_0008	17 Glutamato descarboxilasa 1 (cerebro, 67kD) (GAD1) de Homo sapiens, variante de transcrito GAD67, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD67 /FL = gb: NM_000817.1 gb: M81883.1 gb: L16888.1
5,095598	1,712881	10,43	Descende nte	0,003841	NM_005542	Gen 1 inducido por insulina de Homo sapiens (INSIG1), ARNm. /PROD = Gen 1 inducido por insulina /FL = gb: NM_005542.1
3,268087	-0,094	10,28	Descende nte	0,000308	AF345910	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NYD-SP14 /FL = gb: AF345910.1
4,161028	0,812032	10,19	Descende nte	0,01551	BC005807	Homo sapiens, clon MGC: 10264, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 10264) /FL = gb: BC005807.1

ES 2 663 421 T3

2,62025	-0,70119	10	Descende nte	0,002196	AA625683	EST
1,840613	-1,45068	9,79	Descende nte	0,004024	AI949760	EST, Débilmente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
1,389794	-1,83973	9,38	Descende nte	0,001383	BG498699	EST
1,075159	-2,15236	9,37	Descende nte	0,002413	J03580	Proteína similar a la paratiroidea humana (asociada con hipercalcemia humoral de la neoplasia maligna), ARNm, cds completas. /FL = gb: J03580.1
0,757197	-2,44574	9,21	Descende nte	0,036787	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
0,831091	-2,3635	9,16	Descende nte	0,026606	NM_1530	Proteína hipotética 36 de Homo sapiens FLJ32239 (FLJ32239), ARNm. /FL = gb: NM_153036.1
4,507212	1,314761	9,14	Descende nte	0,000772	AW196940	EST
1,194285	-1,99568	9,13	Descende nte	0,018647	NM_001898	Cistatina SN (CST1) de Homo sapiens, ARNm /PROD = cistatina SN /FL = gb: J03870.1 gb: NM_001898.1
3,030236	-0,13469	8,97	Descende nte	0,001421	AA812232	regulado por aumento por la 1,25-hidroxivitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
2,422113	-0,73175	8,9	Descende nte	0,012832	AL544576	EST
6,091008	2,976341	8,66	Descende nte	0,000149	BC020935	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4277593, ARNm.
5,023981	1,92526	8,57	Descende nte	0,000702	NM_006472	Regulado por aumento por la 1,25-hidroxivitamina D-3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulado por aumento por la 1,25-hidroxivitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
4,285883	1,193881	8,53	Descende nte	0,000308	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4
6,371229	3,380355	7,95	Descende nte	0,000277	AI950472	EST

ES 2 663 421 T3

3,953402	0,998399	7,75	Descende nte	0,000728	BC005369	Homo sapiens, Marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1, clon MGC: 12484, ARNm, cds completa. /PROD = marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1 /FL = gb: AF277176.1 gb: NM_022051.1 gb: AF229245.1 gb: BC005369.1
2,759117	-0,13047	7,41	Descende nte	0,000277	AI692523	EST
1,143234	-1,73889	7,37	Descende nte	0,018647	BF437711	EST
2,36447	-0,49577	7,26	Descende nte	0,000358	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2
2,514693	-0,33184	7,19	Descende nte	0,000412	NM_145032	Proteína hipotética MGC21636 (MGC21636) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: BC020572.1 gb: NM_145032.2
1,956681	-0,85067	7	Descende nte	0,045693	NM_0052	1 similar al receptor del factor II (trombina) de coagulación 42 de Homo sapiens (F2RL1), ARNm. /PROD = precursor 1 similar al receptor del factor II (trombina) de coagulación /FL = gb: U34038.1 gb: NM_005242.2
4,103964	1,313863	6,92	Descende nte	0,000149	AA579773	EST
4,501184	1,716877	6,89	Descende nte	0,000149	AK000162	ADNc de FLJ20155 fis DE Homo sapiens, clon COL08754, altamente similar a la ACSA_ECOLI ACETIL-COENZIMA A SINTETASA.
2,660133	-0,12206	6,88	Descende nte	0,000412	AF277174	ARNm de PNAS-137 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-137 /FL = gb: AF277174.1
4,560288	1,812725	6,72	Descende nte	0,049122	BF979497	Escualeno epoxidasa
0,300578	-2,4423	6,69	Descende nte	0,047414	AM 10886)	protimosina, alfa (secuencia génica 28)
3,816817	1,093203	6,61	Descende nte	0,008646	AF116616	ARNm de PRO0998 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PRO0998 /FL = gb: AF116616.1

ES 2 663 421 T3

7,047717	4,332472	6,57	Descende nte	6,33E-05	NM_004052	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD (BNIP3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1
4,897427	2,262649	6,21	Descende nte	0,000149 R06655	EST,	Moderadamente similar a la proteína AF0788441 hqpO376 (H. sapiens)
4,424942	1,790634	6,21	Descende nte	0,010942	AF493929	Regulador de la señalización de proteína G 5 (RGS5) de Homo sapiens ARNm, cds completa. /PROD = regulador de la señalización de proteína G 5 /FL = gb: AF493929.1
2,28595	-0,34058	6,18	Descende nte	0,001421	BE504838	EST
2,276913	-0,33923	6,13	Descende nte	0,045179	AK025909	ADNc de Homo sapiens: FLJ22256 fis, clon HRC02860.
2,33099	-0,27829	6,1	Descende nte	0,020405	NM_004041	Arrestina beta 1 de Homo sapiens arrestina, beta 1 (ARRB 1), variante de transcrito 1, ARNm. /PROD = arrestina beta 1, isoforma A /FL = gb: BC003636.1 gb: AF084040.1 gb: NM_004041.2
5,319714	2,718977	6,07	Descende nte	0,00034	AL117352	Secuencia de ADN humano del clon RP5-876B10 en el cromosoma 1 q42.12-43. Contiene el extremo 3 del gen de GNPAT para la glicerofosfato-O-aciltransferasa (DHAPAT, DAPAT, dihidroxiacetona fosfato aciltransferasa, EC 2.3.1.42), el gen de una nueva proteína
6,618477	4,029022	6,02	Descende nte	0,000267	AU146532	Isoenzima 1 de LA piruvato deshidrogenasa quinasa
2,658828	0,094296	5,92	Descende nte	0,000277	NM_024603	Proteína hipotética FLJ 11588 (FLJ 11588) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ11588 /FL = gb: NM_024603.1
3,806044	1,246883	5,89	Descende nte	0,001383	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928

ES 2 663 421 T3

4,782763	2,225157	5,89	Descende nte	0,000229	NM_004199	Procolágeno–prolina, 2– oxoglutarato A– dioxigenasa (prolina A– hidroxilasa), polipéptido alfa II (P4HA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = procolágeno–prolina, 2– oxoglutarato A– dioxigenasa (prolina A– hidroxilasa), polipéptido alfa II /FL = gb: NM_004199.1 gb: U904
2,350127	-0,15742	5,69	Descende nte	0,001603	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a AF059516 proteína 2 similar a toloide (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.
5,979532	3,475949	5,67	Descende nte	0,038914	U18197	ATP humano: citrato liasa ARNm, cds completa. /PROD = ATP: citrato liasa /FL = gb: U18197.1
2,322104	-0,13595	5,49	Descende nte	0,001082	AW291369	EST
2,951696	0,4944	5,49	Descende nte	0,004024	AB019562	ARNm de Homo sapiens expresado únicamente en las vellosidades de la placenta, clon SMAP41 .
2,265595	-0,17155	5,42	Descende nte	0,00303	NM_022144	Proteína miodulina de Homo sapiens (LOC64102), ARNm. /PROD = proteína miodulina /FL = gb: AB055421.1 gb: AF191770.1 gb: NM_022144.1 gb: AF234259.1
5,606506	3,176643	5,39	Descende nte	0,000149	NM_0134	Folistatina 09 (FST) de Homo sapiens, variante del transcrito FST344, ARNm. /PROD = precursor FST344 de la isoforma de folistatina /FL = gb: NM_013409.1 gb: BC004107.1
4,03305	1,617698	5,33	Descende nte	0,000512	BE300521	gen 1 inducido por insulina /FL = gb: NM_005542.1
5,294065	2,87892	5,33	Descende nte	0,01743	AF279899	ARNm de PNAS–145 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS–145 /FL = gb: U03105.1 gb: NM_006813.1 gb: AF279899.1
5,807319	3,40016	5,3	Descende nte	0,000277	NM_018004	Proteína hipotética FLJ10134 (FLJ10134) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10134 /FL = gb: NM_018004.1
2,64743	0,242871	5,29	Descende nte	0,00111	AI702438	EST

4,257559	1,873346	5,22	Descendente	0,00021	NM_006365	Activador de la transcripción del promotor c-fos de Homo sapiens (CROC4), ARNm. /PROD = Activador de la transcripción del promotor c-fos /FL = gb: NM_006365.1 gb: U49857.1
----------	----------	------	-------------	---------	-----------	--

B) H9P39 a 6 h estadio DE frente a EXPRES 01 Los valores de intensidad están en formato Log2.

EXPRES 01	6HR DE	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-3,61621	3,039489	100,82	Ascendente	0,001521	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-1,32044	4,397292	52,63	Ascendente	0,005415	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis 3/FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-3,12747	2,554429	51,34	Ascendente	0,000785	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
-1,56608	3,285259	28,87	Ascendente	0,010886	NM_000767	Polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia NB (inducible por fenobarbital) (CYP2B6) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia IIB (inducible por fenobarbital) /FL = gb: NM_000767.2 gb: AF182277.1 gb: M29874.1
0,756526	5,442022	25,73	Ascendente	0,000181	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled de Homo sapiens (SFRP1), ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF656087.1 DG: nm_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-1,03397	3,570137	24,32	Ascendente	0,000451	NM_003020	Proteína neuroendocrina 1 granular secretora de Homo sapiens (proteína 7B2) (SGNE1), ARNm. /PROD = Proteína neuroendocrina 1 granular secretora (proteína 7B2) /FL = gb: BC005349.1 gb: NM_003020.1

ES 2 663 421 T3

-0,27888	4,229001	22,75	Ascendente	0,000262	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc /FL = gb: AF225513.1
-0,41404	4,064841	22,3	Ascendente	0,000713	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-1,64839	2,511027	17,87	Ascendente	0,001081	NM_004900	Forbolina de Homo sapiens (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) (DJ742C19.2), ARNm. /PROD = forbolina (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) /FL = gb: NM_004900.1 gb: U61083.1
-0,10733	3,921888	16,33	Ascendente	0,001963	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-1,89835	2,08573	15,82	Ascendente	0,000268	AL 122010	Secuencia de ADN humana del clon RP5-997D16 en el cromosoma 1 p34.1 – 35.3 Contiene parte del gen para la proteína DAP-I, STS, GSS y una isla de CpG
-2,38787	1,510394	14,91	Ascendente	0,012419	BC003517	Homo sapiens, clon IMAGE: 3542589, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3542589).
1,168713	4,97383	13,98	Ascendente	0,000908	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína de 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1
1,109291	4,713388	12,16	Ascendente	0,000639	NM_005356	Proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
-0,69028	2,890465	11,96	Ascendente	0,001335	M16276	ARNm de HLA- DR2-Dw12 de MHC de clase II DQwl – beta, cds completa. /FL = gb: NM_002123.1 gb: M16276.1 gb: M60028.1 gb: M17564.1 gb: M81141.1 gb: M81140.1

ES 2 663 421 T3

-2,89467	0,604102	1 1,3	Ascendente	0,009629	AW971205	EST
-1,66608	1,816524	11,18	Ascendente	0,011253	BE673445	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R28379
3,061783	6,476101	10,66	Ascendente	0,000192 B	F057809	EST
1,495888	4,907617	10,64	Ascendente	0,000719	NM_002133	Homo sapiens hemo oxigenasa (deciclación) 1 (HMOX1), ARNm. /PROD = hemo oxigenasa (deciclación) 1 /FL = gb: NM_002133.1
-3,05488	0,24579	9,85	Ascendente	0,002819	AI569804	EST
-2,233	1,058708	9,79	Ascendente	0,002994	NM_014862	Producto génico KIAA0307 de Homo sapiens (KIAA0307), ARNm /PROD = producto génico KIAA0307 /FL = gb: AB002305.1 gb: NM_014862.1
-3,588	-0,31418	9,67	Ascendente	0,048375	AI743261	EST
-2,01579	1,241268	9,56	Ascendente	0,012905	AI937060	Proteína KIAA1151
-2,16864	1,08358	9,53	Ascendente	0,053176	NM_001480	Receptor 1 de galanina de Homo sapiens (GALR1), ARNm. /PROD = receptor 1 de galanina /FL = gb: NM_001480.2 gb: U23854.1 gb: L34339.1 gb: U53511.1
-1,39784	1,792634	9,13	Ascendente	0,006895	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina
-1,79406	1,292814	8,5	Ascendente	0,025849	NM_004731	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 7, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 7 /FL = gb: AF058056.1 gb: NM_004731.1
-0,04543	3,025604	8,4	Ascendente	0,001481	AB037730	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1309, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1309
-2,62694	0,426879	8,3	Ascendente	0,015097	NM_000055	Butirilcolinesterasa (BCHE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de butirilcolinesterasa /FL = gb: M16541.1 gb: M16474.1 gb: NM_000055.1
-3,17826	-0,15901	8,11	Ascendente	0,032029	AI798098	EST
1,875596	4,86264	7,93	Ascendente	0,052512	M10098	Gen de ARNr 18S humano, cds completa.
-2,87679	0,053356	7,62	Ascendente	0,045164	AI378647	EST

ES 2 663 421 T3

-2,39234	0,513238	7,49	Ascendente	0,032932	NM_004389	Catenina de Homo sapiens catenina (proteína asociada a cadherina), alfa 2 (CTN N A2), ARNm. /PROD = catenina (proteína asociada a cadherina), alfa 2 /FL = gb: NM_004389.1 gb: M94151.2
-1,16113	1,724952	7,39	Ascendente	0,016804	NM_012281	Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 (KCND2), ARNm. /PROD = Canal dependiente de voltaje de potasio, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 /FL = gb: NM_012281.1 gb: AB028967.1 gb: AF121104.1
0,194248	3,078427	7,38	Ascendente	0,002349	U07236	ARNm de la proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) mutante humana, cds completa. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
-1,57619	1,300336	7,34	Ascendente	0,003836	AW072790	contactina 1
2,284174	5,158015	7,33	Ascendente	0,031092	M10098	Gen de ARNr 18S humano, cds completa.
-1,51992	1,341829	7,27	Ascendente	0,008657	AA460960	H. sapiens ARNm (clone ICRFp507L1876)
0,462867	3,324494	7,27	Ascendente	0,005747	AI807026	EST
-2,05438	0,78321	7,15	Ascendente	0,031227	BG290908	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,997757	3,818432	7,06	Ascendente	0,000204	AU 144892	ADNc de Homo sapiens FLJ11569 fis, clon HEMBA1003304
2,013831	4,834052	7,06	Ascendente	0,044501	M10098	Gen de ARNr 18S humano, cds completa.
-2,26295	0,550594	7,03	Ascendente	0,018367	AI735586	EST
-1,51616	1,294636	7,02	Ascendente	0,005536	AJ272267	ARNm parcial de Homo sapiens para la colina deshidrogenasa (gen chdh). /PROD = colina deshidrogenasa
-2,13754	0,667215	6,99	Ascendente	0,022696	BF000203	EST
0,466394	3,270039	6,98	Ascendente	0,000736	NM_003121	Factor de transcripción Spi-B (relacionado con Spi-1 PU.1) (SPIB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor de transcripción Spi-B (relacionado con Spi-1 PU.1) /FL = gb: NM_003121.1

ES 2 663 421 T3

-2,17012	0,632675	6,98	Ascendente	0,0112	AB018580	ARNm de Homo sapiens para hluPGFS, cds completa. /PROD = hluPGFS /FL = gb: NM_003739.2 gb: AF149416.2 gb: AB018580.1 gb: D17793.1
-2,45074	0,326451	6,86	Ascendente	0,021849	AW149405	neurexina 1 /FL = gb: AB035356.1
-0,8902	1,856598	6,71	Ascendente	0,001423	NM_022034	Gen 1 regulado por estrógenos (ERG-1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = gen 1 regulado por estrógenos /FL = gb: AF305835.1 gb: NM_022034.1
-1,25121	1,488908	6,68	Ascendente	0,001035	R62432	Clúster Incl. R62432: yg52e11.s1 ADNc de Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-36023 /clon_fin = 3 /gb = R62432 /gi = 834311 /ug = Hs.12321 /len = 487
-1,42062	1,315517	6,66	Ascendente	0,053176	AI830490	Glicerol quinasa
-1,85153	0,876867	6,63	Ascendente	0,021533	AL359062	Clon del ADNc del inserto de longitud completa del clon del ARNm de Homo sapiens EUROIMAGE 1913076.
-3,12055	-0,40125	6,59	Ascendente	0,044501	AW78000	EST
1,037668	3,7519	6,56	Ascendente	0,000736	R40892	EST
-2,07873	0,630876	6,54	Ascendente	0,00724	AI269290	Familia 18 de transportadores de soluto (monoamino vesicular), miembro 2 /FL = gb: L14269.1 gb: L23205.1 gb: L09118.1 gb: NM_003054.1
-1,88254	0,821519	6,52	Ascendente	0,006908	BF694956	Secuencia de ADN humano del clon RP1-187J11 en el cromosoma 6q11.1-22,33. Contiene el gen de una nueva proteína similar a las proteínas predichas de S. pombe y S. cerevisiae, el gen para una nueva proteína similar a los inhibidores de la proteína quinasa C, el extremo 3 de
-0,5392	2,15739	6,48	Ascendente	0,00126	AA769438	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA J HUMANA ALU1 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
1,872557	4,557858	6,43	Ascendente	0,000315	R38389	proteína localizada en el ER relacionada con olfactomedina
-2,06656	0,610015	6,39	Ascendente	0,01711	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST

ES 2 663 421 T3

-1,4606	1,189801	6,28	Ascendente	0,001394	AW072102	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp434H205 (del clon DKFZp434H205)
-1,17422	1,42382	6,05	Ascendente	0,007542	AI962169	EST
-1,27392	1,293844	5,93	Ascendente	0,042956	U11058	ARNm de la subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande de Homo sapiens (MaxiK), cds completa. /PROD = subunidad alfa de los canales de potasio dependientes de voltaje y de calcio de conductancia grande /FL = gb: U23767.1 gb: NM_002247.1
-0,04433	2,486339	5,78	Ascendente	0,001511	NNL007191	Factor 1 inhibidor de Wnt de Homo sapiens (WIF-1), ARNm. /PROD = factor 1 inhibidor de Wnt /FL = gb: /XF122922.1 gb: NM_00?191,1
-1,38062	1,126483	5,68	Ascendente	0,003297	NM_002590	Protocadherina 8 (PCDH8) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = protocadherina 8 /FL = gb: NM_002590.2 gb: AF061573.2
1,37261	3,87602	5,67	Ascendente	0,000713	BC040605	Homo sapiens, clon IMAGE: 5271039, ARNm.
-2,3444	0,156063	5,66	Ascendente	0,002001	AW057580	EST
-1,60594	0,882381	5,61	Ascendente	0,016783	AL050090	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586F1018 (del clon DKFZp586F1018); /PROD = proteína hipotética
-1,09181	1,384319	5,56	Ascendente	0,030796	AI653050	EST, débilmente similar a 4-HIDROXIFENILPIRUVATO DIOXIGENASA HPPDJ_HUMANA (H. sapiens)
-0,32746	2,147256	5,56	Ascendente	0,001039	L39833	ARNm de la subunidad beta de los canales de K ⁺ (clon hKvBeta3) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = subunidad beta de los canales de K ⁺ /FL = gb: U16953.1 gb: L39833.1
-0,46577	2,00387	5,54	Ascendente	0,000262	AW051591	EST, moderadamente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
-2,19527	0,241495	5,41	Ascendente	0,017156	NM_013333	Fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH (EPSIN) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH /FL = gb: NM_013333.1 gb: AF073727.1

ES 2 663 421 T3

1,684042	4,109252	5,37	Ascendente	0,000924	BE504979	similar al síndrome de Wiskott–Aldrich /FL = gb: D88460.1 gb: NM_003941.1
2,7744	5,196982	5,36	Ascendente	0,001859	AA669799	Clúster Incl. AA669799: ADNc de ag36c04.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE1118886 /clon_fin = 3 /gb = AA669799 /gi = 2631298 /ug = Hs.6315 /len = 679
0,623369	3,023579	5,28	Ascendente	0,000791	NM_006334	Proteína de neuroblastoma (tejido nervioso) (AMY) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína de neuroblastoma (tejido nervioso) /FL = gb: NM_006334.1 gb: D82343.1
-0,0881	2,307249	5,26	Ascendente	0,000742	AL565745	EST, débilmente similar a 2108402A carnitina palmitoiltransferasa I (H. sapiens)
0,225505	2,619908	5,26	Ascendente	0,000552	AI968440	EST
-1,67442	0,713629	5,23	Ascendente	0,008409	AW117456	neurotrimina
0,040412	2,394979	5,11	Ascendente	0,000552	AA960844	Homo sapiens, clon IMAGE: 4081483, ARNm
1,638346	3,992456	5,11	Ascendente	0,000281	AA603344	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
1,923146	4,275361	5,11	Ascendente	0,000799	BF057731	EST
1,398961	3,745146	5,08	Ascendente	0,000972	NM_024036	Proteína hipotética MGC3103 (MGC3103) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética MGC3103 /FL = gb: NM_024036.1 gb: BC000207.1
-0,2823	2,040956	5	Ascendente	0,007542	NM_016582	Transportador peptídico 3 (LOC51296) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transportador peptídico 3 /FL = gb: NM_016582.1 gb: AB020598.1
3,409815	-2,62843	65,72	Descendent e	0,0112	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1

ES 2 663 421 T3

5,388254	0,009545	41,61	Descendent e	0,000281	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
3,094183	-1,98643	33,84	Descendent e	0,012905	NM_013445	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD25 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD25 /FL = gb: NM_013445.1 gb: AF178853.1 gb: BC002815.1
3,025351	-1,81749	28,7	Descendent e	0,004056	AW590925	EST
4,092731	-0,55563	25,08	Descendent e	0,000627	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
6,777916	2,149128	24,74	Descendent e	0,000281	U15174	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD (BNIP3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1
0,959227	-3,66704	24,7	Descendent e	0,001627	AB033831	ARNm de hSCDGF de Homo sapiens para el factor de crecimiento derivado de la médula espinal, cds completa. /PROD = factor de crecimiento derivado de la médula espinal /FL = gb: NM_016205.1 gb: AB033831.1 gb: AF091434.1 gb: AF244813.1
1,470435	-3,07409	23,34	Descendent e	0,029826	L49506	ARNm de la ciclina G2 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = ciclina G2 /FL = gb: L49506.1
4,161028	-0,3587	22,94	Descendent e	0,006316	BC005807	Homo sapiens, clon MGC: 10264, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 10264) /FL = gb: BC005807.1

ES 2 663 421 T3

2,446762	-1,7919	18,88	Descendent e	0,029145	NM_005983	Proteína 2 asociada a quinasa en fase S (p45) de Homo sapiens (SKP2), ARNm. /PROD = Proteína 2 asociada a quinasa en fase S (p45) /FL = gb: U33761.1 gb: NM_005983.1
1,790331	-2,43995	18,77	Descendent e	0,001074	AA775681	Proteína hipotética FLJ23091
4,505436	0,27614	18,76	Descendent e	0,000281	W57613	EST
2,792215	-1,38592	18,1	Descendent e	0,013563	BC017942	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4285317, ARNm.
4,507212	0,470029	16,42	Descendent e	0,000262	AW196940	EST
2,469646	-1,56158	16,35	Descendent e	0,000649	N76327	EST, altamente similar al receptor de la transferrina 101 1297A (H. sapiens)
2,770179	-1,16077	15,25	Descendent e	0,000181	AK000345	ADNc de Homo sapiens FLJ20338 fis, clon HEP12179.
3,834572	-0,07465	15,02	Descendent e	0,000272	NM_002610	Isoenzima 1 de piruvato deshidrogenasa quinasa (PDK1) de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = isoenzima 1 de piruvato deshidrogenasa quinasa /FL = gb: NM_002610.2 gb: L42450.1
2,306111	-1,49375	13,93	Descendent e	0,004398	AI632223	Proteína hipotética DKFZp434F2322
3,030236	-0,72689	13,52	Descendent e	0,006371	AA812232	regulado por aumento por la 1,25-dihidroxivitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
3,268087	-0,40455	12,75	Descendent e	0,000114	AF345910	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NYD-SP14 /FL = gb: AF345910.1
5,294065	1,68926	12,17	Descendent e	0,001199	AF279899	ARNm de PNAS-145 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-145 /FL = gb: U03105.1 gb: NM_006813.1 gb: AF279899.1
0,173113	-3,3673	11,64	Descendent e	0,006169	NM_152490	Proteína hipotética MGC39558 (MGC39558) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: BC029564.1 gb: NM_152490.1
0,432613	-3,10597	11,62	Descendent e	0,013508	BC004884	Homo sapiens, clon MGC: 11141, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 11141) /FL = gb: BC004884.1
6,371229	2,841928	11,55	Descendent e	0,000432	AI950472	EST

ES 2 663 421 T3

5,023981	1,496597	11,53	Descendent e	0,000207	NM_006472	Regulada por aumento por 1,25– dihidroxivitamina D–3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulado por aumento por la 1 , 25–dihidroxivitamina D– 3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
2,036188	-1,4564	11,26	Descendent e	0,023936	U55936	ARNm de SNAP–23 humana, cds completa. /PROD = SNAP–23 /FL = gb: U55936.1 gb: BC000148.2 gb: BC003686.1 gb: Y09567.1
1,075159	-2,41498	11,24	Descendent e	0,004979	J03580	Proteína similar a la paratiroidea humana (asociada con hipercalcemia humoral de la neoplasia maligna), ARNm, cds completas. /FL = gb: J03580.1
6,091008	2,605414	11,2	Descendent e	0,000741	BC020935	Homo sapiens, similar a la otoconina 90, clon IMAGE: 4277593, ARNm.
0,783065	-2,6827	11,05	Descendent e	0,030265	AB014486	ARNm de Homo sapiens para RA70, cds completa. /PROD = RA70 /FL = gb: AF051323.1 gb: BC002893.1 gb: AB014486.1 gb: AF072166.1 gb: NM_003930.1
2,505869	-0,95096	10,98	Descendent e	0,001627	AV721177	Proteína de ensamblaje de clatrina de unión a fosfatidilinositol
4,749034	1,297636	10,94	Descendent e	0,000464	NM_002130	3–hidroxi–3–metilglutaril– coenzima A sintasa 1 (soluble) (HMGCS1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 3–hidroxi–3– metilglutaril–coenzima A sintasa 1 (soluble) /FL = gb: NM_002130.1 gb: L25798.1 gb: BC000297.1
1,840613	-1,60133	10,87	Descendent e	0,015976	AI949760	EST, débilmente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
2,060071	-1,36259	10,72	Descendent e	0,003053	AA004300	Proteína hipotética DKFZp566l133
2,990178	-0,3979	10,47	Descendent e	0,000924	NM_013445	Glutamato descarboxilasa 1 de Homo sapiens (cerebro, 67kD) (GAD1), variante GAD25 del transcrito, ARNm. /PROD = glutamato descarboxilasa 1, isoforma GAD25 /FL = gb: NM_013445.1 gb: AF178853.1 gb: BC002815.1

ES 2 663 421 T3

1,143234	-2,23959	10,43	Descendent e	0,00724	BF437711	EST
0,680039	-2,65005	10,06	Descendent e	0,005452	AW268357	EST, altamente similar al antígeno AF155116 1 NY-REN-60 (H. sapiens)
0,757197	-2,55666	9,94	Descendent e	0,012419	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
3,953402	0,655224	9,84	Descendent e	0,000312	BC005369	Marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1 de Homo sapiens, clon MGC: 12484, ARNm, cds completa. /PROD = marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1 /FL = gb: AF277176.1 gb: NM_022051.1 gb: AF229245.1 gb: BC005369.1
2,660133	-0.625	9,75	Descendent e	0,000281	AF277174	ARNm de PNAS-137 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-137 /FL = gb: AF277174.1
2,370141	-0,82549	9,16	Descendent e	0,011076	BC020691	Similar al factor potenciador de colonias de células B precursoras de Homo sapiens, clon MGC: 22427 IMAGE: 4717726, ARNm, cds completa. /PROD = similar al factor potenciador de colonias de células B precursoras /FL = gb: BC020691.1
1,250277	-1,93752	9,11	Descendent e	0,02358	BC035744	Proteína hipotética HSPC129 de Homo sapiens, clon MGC: 46091 IMAGE: 5744745, ARNm, cds completa. /FL = gb: BC035744.1
2,62025	-0,48479	8,6	Descendent e	0,002377	AA625683	EST
4,560288	1,479495	8,46	Descendent e	0,000799	BF979497	Escualeno epoxidasa
1,609384	-1,40302	8,07	Descendent e	0,03374	BC005961	Hormona similar a la hormona paratiroidea de Homo sapiens, clon MGC: 14611, ARNm, cds completa. /PROD = hormona similar a la hormona paratiroidea /FL = gb: BC005961.1
2,422113	-0,58962	8,07	Descendent e	0,035909	AL544576	EST
4,285883	1,280326	8,03	Descendent e	0,000262	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4

ES 2 663 421 T3

1,194285	-1,77245	7,82	Descendent e	0,029849	NM_001898	Cistatina SN (CST1) de Homo sapiens, ARNm /PROD = cistatina SN /FL = gb: J03870.1 gb: NM_001898.1
0,885541	-2,07053	7,76	Descendent e	0,025326	AV721958	EST
4,501184	1,559254	7,68	Descendent e	0,000103	AK00062	ADNc de FLJ20155 fis DE Homo sapiens, clon COL08754, altamente similar a la ACSA_ECOLI ACETIL-COENZIMA A SINTETASA.
2,264785	-0,65782	7,58	Descendent e	0,000552	AF005037	ARNm de la proteína de membrana transportadora secretora (SCAMPI), cds completa. /PROD = proteína de membrana transportadora secretora /FL = gb: AF038966.1 gb: AF005037.1 gb: NM_004866.1
5,095598	2,21166	7,38	Descendent e	0,001394	NM_005542	Gen 1 inducido por insulina (INSIG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = gen 1 inducido por insulina /FL = gb: NM_005542.1
5,979532	3,098176	7,37	Descendent e	0,003586	U18197	ARNm de ATP:citrato liasa humana, cds completa. /PROD = ATP: citrato liasa /FL = gb: U18197.1
4,782763	1,929757	7,23	Descendent e	0,000451	NM_004199	Procolágeno-prolina, 2-oxoglutarato A- dioxigenasa (prolina A- hidroxilasa), polipéptido alfa II (P4HA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = procolágeno-prolina, 2-oxoglutarato A- dioxigenasa (prolina A- hidroxilasa), polipéptido alfa II /FL = gb: NM_004199.1 gb: U904
5,356771	2,540614	7,04	Descendent e	0,000587	W92036	EST
1,41468	-1,38083	6,94	Descendent e	0,017389	NM_018470	Proteína del hipotálamo no caracterizada HT009 (HT009) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína del hipotálamo no caracterizada HT009 /FL = gb: AF220183.1 gb: NM_018470.1

ES 2 663 421 T3

7,047717	4,25951	6,91	Descendent e	0,000431	NM_004052	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1
1,815339	-0,96912	6,89	Descendent e	0,011253	BE206621	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434P228 (del clon DKFZp434P228)
5,319714	2,54291	6,85	Descendent e	0,000213	AL117352	Secuencia de ADN humano del clon RP5-876B10 en el cromosoma 1 q42.12-43. Contiene el extremo 3 del gen de GNPAT para la glicerofosfato-O-aciltransferasa (DHAPAT, DAPAT, dihidroxiacetona fosfato aciltransferasa, EC 2.3.1.42), el gen de una nueva proteína
4,010007	1,2423	6,81	Descendent e	0,00398	NM_006577	beta-1, 3-N-acetilglucosaminiltransferasa (BETA3GNT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = beta-1, 3-N-acetilglucosaminiltransferasa /FL = gb: NM_006577.2 gb: AF288208.1 gb: AF092051.2
1,390174	-1,34692	6,67	Descendent e	0,014402	BC001224	Homo sapiens, clon MGC: 982 IMAGE: 3354306, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 982) /FL = gb: BC001224.1
0,831091	-1,89825	6,63	Descendent e	0,025217	NM_153036	Proteína hipotética FLJ32239 (FLJ32239) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_153036.1
2,33099	-0,39642	6,62	Descendent e	0,000103	NM_004041	Arrestina de Homo sapiens, beta 1 (ARRB1), variante 1 del transcrito, ARNm. /PROD = arrestina beta 1, isoforma A /FL = gb: BC003636.1 gb: AF084040.1 gb: NM_004041.2
1,389794	-1,32346	6,56	Descendent e	0,006908	BG498699	EST
4,424942	1,717072	6,53	Descendent e	0,000627	AF493929	Regulador de la señalización de proteína G 5 (RGS5) de Homo sapiens ARNm, cds completa. /PROD = regulador de la señalización de proteína G 5 /FL = gb: AF493929.1

ES 2 663 421 T3

1,987876	-0,71603	6,52	Descendent e	0,032029	D84105	ARNm de CD46 humana, cds completa. /PROD = CD46 /FL = gb: D84105.1
2,224696	-0,43842	6,33	Descendent e	0,003781	NM_015601	Proteína DKFZP564G092 (DKFZP564G092) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína DKFZP564G092 /FL = gb: NM_015601.1
0,366041	-2,27572	6,24	Descendent e	0,017238	AI242583	ADNc de Homo sapiens FLJ11550 fis, clon HEMBA1002970
0,899011	-1,74189	6,24	Descendent e	0,031092	NM_002820	Hormona similar a la hormona paratiroidea (PTH LH) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = hormona similar a la hormona paratiroidea /FL = gb: J03802.1 gb: NM_002820.1
-0,00139	-2,64223	6,24	Descendent e	0,045323	NM_002837	Receptor de tipo B de la proteína tirosina fosfatasa (PTPRG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor de tipo B de la proteína tirosina fosfatasa /FL = gb: NM_002837.1
0,81216	-1,82788	6,23	Descendent e	0,021836	NM_017763	Proteína hipotética FLJ20315 (FLJ20315) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20315 /FL = gb: NM_017763.1
5,600865	2,995377	6,09	Descendent e	0,000713	AU 83997	regulador de la señalización de proteína G 5 /FL = gb: AB008109.1 gb: NM_003617.1 gb: AF159570.1
2,350127	-0,2504	6,07	Descendent e	0,030265	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a la proteína 2 similar a toloide AF059516 (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.
3,732985	1,134619	6,06	Descendent e	0,001697	AI459194	respuesta de crecimiento temprana 1
2,36447	-0,20141	5,92	Descendent e	0,000552	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm. /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2
3,621319	1,058823	5,91	Descendent e	0,001394	AY072911	Isoforma CAR37 del receptor de coxsackie- adenovirus (CXADR) de Homo sapiens, ARNm, cds completa; sometido a corte y empalme de forma alternativa. /PROD = isoforma CAR37 del receptor de coxsackie- adenovirus /FL = gb: AY07291

ES 2 663 421 T3

1,1

3,816817	1,261309	5,88	Descendent e	0,000279	AF116616	ARNm de PRO0998 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PRO0998 /FL = gb: AF116616.1
2,003811	-0,52279	5,76	Descendent e	0,012377	AK001291	ADNc de FLJ 10429 fis, clone NT2RP1000413, de Homo sapiens, altamente similar al ARNm para la proteína KIAA0587 de Homo sapiens.
2,951696	0,463484	5,61	Descendent e	0,000268	AB019562	ARNm de Homo sapiens expresado únicamente en las vellosidades de la placenta, clon SMAP41 .
4,654166	2,17714	5,57	Descendent e	0,006161	H09085	ARNm del clon FLC0675 PRO2870 de Homo sapiens, cds completa
2,590871	0,126582	5,52	Descendent e	0,00106	NM_016569	Isoproteína TBX3 de Homo sapiens, (TBX3-iso), ARNm. /PROD = isoproteína TBX3 /FL = gb: NM_016569.1 gb: AF216750.1
2,432066	-0,0298	5,51	Descendent e	0,005455	NM_007034	Proteína 40 del shock térmico similar a DnaJ (HLJ1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 40 del shock térmico similar a DnaJ /FL = gb: NM_007034.2 gb: U40992.2
5,807319	3,352042	5,48	Descendent e	0,000612	NM_018004	Proteína hipotética FLJ10134 (FLJ10134) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10134 /FL = gb: NM_018004.1
2,006604	-0,43301	5,42	Descendent e	0,000713	NM_004087	Discos de Homo sapiens, homólogo 1 grande (Drosophila) (DLG1), ARNm. /PROD = Discos de Homo sapiens, homólogo 1 grande /FL = gb: NM_004087.1 gb: U13896.1
0,72592	-1,71056	5,41	Descendent e	0,014643	AB050856	ARNm de beta3GalNAcT-1 de Homo sapiens para la globósido sintasa, cds completa, clon: tipo 2. /PROD = globósido sintasa /FL = gb: AB050856.1
3,805066	1,369345	5,41	Descendent e	0,001099	BG330076	ARNm de alfa-catenina humana, cds parcial.
3,70002	1,279892	5,35	Descendent e	0,014262	NM_006544	Proteína 1 similar SEC10 (S. cerevisiae) de Homo sapiens (SEC10L1), ARNm. /PROD = 1 similar SEC10 (S. cerevisiae) /FL = gb: U85946.1 gb: NM_006544.1
0,873551	-1,53444	5,31	Descendent e	0,031228	AW293376	EST

ES 2 663 421 T3

5,850582	3,443167	5,31	Descendent e	0,008657	AF394735	ARNm de la variante 1 similar a MAD2 deficiente en la detención mitótica (MAD2L1) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = variante 1 similar a MAD2 deficiente en la detención mitótica /FL = gb: AF394735.1
5,252439	2,850969	5,28	Descendent e	0,000192	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
1,275104	-1,11616	5,25	Descendent e	0,031092	AU146738	ADNc de Homo sapiens FLJ11985 fis, clon HEMBA1001356
4,255531	1,866771	5,24	Descendent e	0,001003	AF096296	Precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico /FL = gb: AF142434.1 gb: AF096296.1 gb: AF124601.1 gb: AB010447.1 gb: NM_006072.1
4,075321	1,687619	5,23	Descendent e	0,000791	AI652662	aminotransferasa 1 de cadena ramificada, citosólica
3,806044	1,418363	5,23	Descendent e	0,010886	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
2,276913	-0,10568	5,21	Descendent e	0,042222	AK025909	ADNc de Homo sapiens: FLJ22256 fis, clon HRC02860.
3,264799	0,883433	5,21	Descendent e	0,001003	NM_016076	Proteína de CGI-146 de Homo sapiens (LOC51029), ARNm. /PROD = proteína CGI-146 /FL = gb: NM_016076.1 gb: AF151904.1
-0,70217	-3,08122	5,2	Descendent e	0,046444	AV735100	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA J HUMANA ALU1 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
2,28595	-0,08329	5,17	Descendent e	0,001394	BE504838	EST
0,424388	-1,93597	5,13	Descendent e	0,039624	NM_002433	Glicoproteína mielina de oligodendrocitos (MOG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glicoproteína mielina de oligodendrocitos /FL = gb: U18798.1 gb: U64564.1 gb: NM_002433.1

ES 2 663 421 T3

5,450694	3,100148	5,1	Descendent e	0,000281	AF095771	Proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH (B1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH /FL = gb: AF095771.1
2,176455	-0,15806	5,04	Descendent e	0,000603	AB033281	ARNm de isoforma C de la proteína beta-TRCP2 de repeticiones de la caja F y WD de Homo sapiens, cds completa. /PROD = isoforma C de la proteína beta-TRCP2 de repeticiones de la caja F y WD /FL = gb: AF176022.1 gb: AB033281.1
4,103964	1,770836	5,04	Descendent e	0,000114	AA579773	EST
4,970228	2,637225	5,04	Descendent e	0,005013	AF450454	Proteína 42 dedo de cinc putativa (ZFP42) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 42 dedo de cinc putativa 3/FL = gb: AF450454.1
1,951234	-0,37257	5,01	Descendent e	0,032802	NM_016277	Miembro de la familia de oncogenes RAS, RAB23, (RAB23) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína RAB23 /FL = gb: NM_016277.1 gb: AB034244.1

C) H9P39 en el estadio DE 24 horas frente a EXPRES 01-Los valores de intensidad están en formato Log2.

EXPRES 01	24HRS	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-3,61621	3,252949	116,9	Ascendente	1,09E-03	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-3,12747	2,81955	61,69	Ascendente	5,09E-04	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
-0,27888	4,796134	33,71	Ascendente	2,25E-04	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc /FL = gb: AF225513.1
-3,26893	1,684842	30,99	Ascendente	1,95E-04	NM_001785	Citidina desaminasa (CDA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = citidina desaminasa /FL = gb: L27943.1 gb : NM_001785.1
-3,88742	0,690893	23,89	Ascendente	2,83E-03	AA180985	EST
-1,32044	3,115913	21,65	Ascendente	9,44E-03	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis 3/FL = gb: AF056087.1 gb : NM_003012.2 gb : AF017987.1 gb : AF001900.1
1,168713	5,393939	18,7	Ascendente	4,05E-04	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb : AF078845.1 gb : BC003079.1
-2,69521	1,432079	17,48	Ascendente	7,06E-05	AF282250	ARNm de calneuron 1 (CALN 1) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = calneuron 1 /FL = gb: AF282250.1
-2,506	1,523432	16,33	Ascendente	2,66E-04	AW193693	Proteína DKFZP566K1924
-0,10733	3,827249	15,29	Ascendente	5,09E-04	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-3,62742	0,232422	14,52	Ascendente	1,32E-02	AA772920	EST

ES 2 663 421 T3

-0,69028	3,077263	13,62	Ascendente	8,84E-04	M16276	ARNm de HLA-DR2-Dw12 del MHC de clase II humano DQw1 - beta, cds completa. /FL = gb: NM_002123.1 gb : M16276.1 gb : M60028.1 gb : M17564.1 gb : M81141.1 gb : M81140.1
-2,38787	1,308962	12,97	Ascendente	1,24E-02	BC003517	Homo sapiens, clon IMAGE: 3542589, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3542589)
-1,03397	2,650732	12,86	Ascendente	4,41E-04	NM_003020	Proteína neuroendocrina 1 granular secretora de Homo sapiens (proteína 7B2) (SGNE1), ARNm. /PROD = Proteína neuroendocrina 1 granular secretora (proteína 7B2) /FL = gb: BC005349.1 gb : NM_003020.1
-2,05438	1,576656	12,39	Ascendente	1,46E-U2	BG290908	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,756526	4,2504	11,27	Ascendente	1,84E-04	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb : NM_003012.2 gb : AF017987.1 gb : AF001900.1
-1,39784	2,037775	10,82	Ascendente	4,58E-03	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina
-3,12304	0,280186	10,58	Ascendente	1,86E-02	NM_018018	Proteína hipotética FLJ10191 (FLJ10191) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10191 /FL = gb: NM_018018.1
2,01579	1,387151	10,58	Ascendente	7,46E-03	A1937060	Proteína KIAA1151
2,19527	1,171426	10,32	Ascendente	2,14E-03	NM_013333	Fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH (EPSIN) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH /FL = gb: NM_013333.1 gb : AF073727.1

ES 2 663 421 T3

-1,16113	2,202477	10,29	Ascendente	8,90E-03	NM_012281	Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 (KCND2), ARNm. /PROD = canal dependiente de voltaje de potasio, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 /FL = gb: NM_012281.1 gb : AB028967.1 gb : AF121104.1
1,109291	4,425076	9,96	Ascendente	3,72E-04	NM_005356	Proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb : NM_005356.1 gb : M36881.1
-1,66608	1,62119	9,76	Ascendente	1,29E-02	BE673445	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R28379
-2.233	1,032915	9,62	Ascendente	4,41E-03	NM_014862	Producto génico KIAA0307 de Homo sapiens (KIAA0307), ARNm /PROD = producto génico KIAA0307 /FL = gb: AB002305.1 gb : NM_014862.1
-3,17826	0,063512	9,46	Ascendente	2,56E-02	AI798098	EST
3,042634	6,275162	9,4	Ascendente	1 84E-04	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb : NM_005442.1
-2,62694	0,564089	9,13	Ascendente	1,08E-02	NM_000055	Butirilcolinesterasa (BCHE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la butirilcolinesterasa /FL = gb: M16541.1 gb : M16474.1 gb : NM_000055.1
-3.588	-0,42279	8,97	Ascendente	5,08E-02	AI743261	EST
-1,75731	1,403919	8,95	Ascendente	3,72E-02	BC008992	Homo sapiens, clon MGC: 16926 IMAGE : 4183000, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 16926) /FL = gb: BC008992.1
-1,56608	1,492453	8,33	Ascendente	3,48E-02	NM_000767	Polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia NB (inducible por fenobarbital) (CYP2B6) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = polipéptido 6 del citocromo P450, subfamilia IIB (inducible por fenobarbital) /FL = gb: NM_000767.2 gb : AF182277.1 gb : M29874.1

ES 2 663 421 T3

-1,64839	1,373964	8,12	Ascendente	2,63E-03	NM_004900	Forbolina de Homo sapiens (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) (DJ742C19.2), ARNm. /PROD = forbolina (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) /FL = gb: NM_004900.1 gb : U61083.1
-2,85395	0,154004	8,04	Ascendente	3,89E-02	AY063451	Secuencia de ARNm de D21 S2088E de Homo sapiens.
-1,61054	1,380575	7,95	Ascendente	3,70E-03	AW264204	EST
-3,12055	-0,14826	7,85	Ascendente	3,16E-02	AW780000	EST
-0,48291	2,475412	7,77	Ascendente	6,01E-04	NM_000273	Albinismo ocular 1 de Homo sapiens (Nettleship-Falls) (OAI) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína del albinismo ocular 1 (Nettleship-Falls) /FL = gb: NM_000273.1
-0,01122	2,91624	7,61	Ascendente	5,09E-04	AI356398	factor 2 de respuesta al butirato (factor 2 de respuesta a EGF) /FL = gb: BC005010.1 gb : NM_006887.1
-0,41404	2,492138	7,5	Ascendente	1,22E-03	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb : NM_003012.2 gb : AF017987.1 gb : AF001900.1
-0,04543	2,826104	7,32	Ascendente	8,38E-04	AB037730	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1309, cds parcial. /PROD = proteína KIAAI 309
3,061783	5,932074	7,31	Ascendente	2,39E-04	BF057809	EST
1,750623	4,603127	7,22	Ascendente	3,35E-04	AA176289	EST
1,37261	4,224545	7,22	Ascendente	2,56E-04	BC040605	Homo sapiens, clon IMAGE: 5271039, ARNm.
0,194248	2,977224	6,88	Ascendente	1,76E-03	U07236	ARNm de la proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) mutante humana, cds completa. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb : NM_005356.1 gb : M36881.1
-2,17012	0,571059	6,69	Ascendente	1,11E-02	AB018580	ARNm de Homo sapiens para hluPGFS, cds completa. /PROD = hluPGFS /FL = gb: NM_003739.2 gb : AF149416.2 gb : AB018580.1 gb : D17793.1

ES 2 663 421 T3

0,270429	2,998558	6,63	Ascendente	2,01E-02	AF493872	ARNm de la proteína gamma 4 de unión al nucleótido guanina (GNG4) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína gamma 4 de unión al nucleótido guanina /FL = gb: AF493872.1
0,462867	3,188675	6,62	Ascendente	5,56E-03	AI807026	EST
-2,3444	0,379948	6,61	Ascendente	5,18E-04	AW057589	EST
-2,06656	0,644395	6,55	Ascendente	1,48E-02	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST
-1,88254	0,823917	6,53	Ascendente	5,94E-03	BF694956	Secuencia de ADN humano del clon RP1-187J11 en el cromosoma 6q11.1-22,33. Contiene el gen de una nueva proteína similar a las proteínas predichas de S. pombe y S. cerevisiae, el gen para una nueva proteína similar a los inhibidores de la proteína quinasa C, el extremo 3 de
-2,14678	0,54813	6,48	Ascendente	2,59E-02	AA143060	EST, altamente similar a la proteína mutada ubicua del melanoma 138945 (H. sapiens)
-1,09181	1,594917	6,44	Ascendente	2,17E-02	AI653050	EST, débilmente similar a 4-HIDROXIFENILPIRUVATO DIOXIGENASA HUMANA HPPD (H. sapiens)
-1,57619	1,107388	6,42	Ascendente	2,44E-03	AW072790	Contactina 1
-1,42062	1,262234	6,42	Ascendente	5,27E-02	AI830490	Glicerol quinasa
-1,51992	1,159662	6,41	Ascendente	4,58E-03	AA460960	ARNm de H. sapiens (clon ICRFp507L1876)
0,828954	3,501807	6,38	Ascendente	9,79E-04	AK026659	ADNc de Homo sapiens: FLJ23006 fis, clon LNG00414.
0,040412	2,69519	6,3	Ascendente	3,16E-04	AA960844	Homo sapiens, clon IMAGE: 4081483, ARNm
-0,0881	2,555378	6,25	Ascendente	1,84E-04	AL565745	EST, débilmente similar a 2108402A carnitina palmitoiltransferasa I (H. sapiens)
-0,66924	1,971531	6,24	Ascendente	1,10E-02	AI986120	beta proteína 1 de unión al factor beta transformante de crecimiento latente /FL = gb: M34057.1 gb : NM_000627.1
-1,25121	1,36043	6,11	Ascendente	8,84E-04	R62432	Clúster Incl. R62432: ADNc de yg52e11 . yg52e11 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-36023 /clon_fin = 3 /gb = R62432 /gi = 834311 /ug = Hs.12321 /len = 487
1,285793	3,892769	6,09	Ascendente	1,84E-04	AI949827	EST

ES 2 663 421 T3

-1,4606	1,131857	6,03	Ascendente	1,46E-03	AW072102	ARNm de Homo sapiens; ADN DKFZp434H205 (del clon DKFZp434H205)
1,037668	3,589262	5,86	Ascendente	3,89E-04	R40892	EST
-2,13754	0,412333	5,86	Ascendente	2,35E-02	BF000203	EST
1,470195	4,017332	5,84	Ascendente	1,93E-04	AI676059	EST
0,780689	3,30524	5,75	Ascendente	2,66E-04	AI016316	EST
-1,41031	1,100005	5,7	Ascendente	2,17E-02	AI832477	antígeno 43 de cáncer de colon definido serológicamente
-0,68225	1,819364	5,66	Ascendente	3,04E-03	N48299	EST, moderadamente similar a NFY-C (H. sapiens)
0,937118	3,415706	5,57	Ascendente	2,66E-04	AU151342	ADNc de Homo sapiens FLJ12935 fis, clon NT2RP2004982
-0,41626	2,0614	5,57	Ascendente	1,39E-03	BF110534	EST
2,167442	4,632856	5,52	Ascendente	2,19E-04	NM_001552	Proteína 4 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP4), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 4 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: M62403.1 gb : NM_001552.1
-0,46577	1,990737	5,49	Ascendente	1,62E-04	AW051591	EST, moderadamente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
-1,98038	0,474231	5,48	Ascendente	1,22E-02	NM_002442	Homólogo 1 (Drosophila) de Musashi (MSH) (Drosophila), ARNm. /PROD = homólogo 1 de Musashi (Drosophila) /FL = gb: AB012851.1 gb : NM_002442.1
0,466394	2,917466	5,47	Ascendente	6,01E-04	NM_003121	Factor de transcripción Spi-B (relacionado con Spi-1 PU.1) (SPIB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor de transcripción Spi-B (relacionado con Spi-1 PU.1) /FL = gb: NM_003121.1
-2,73733	-0,30853	5,38	Ascendente	1,36E-03	L41944	ARNm del receptor de interferón ifnar2-1 de Homo sapiens (variante de corte y empalme IFNAR2-1) cds completa. /PROD = receptor de interferón /FL = gb: NM_000874.1 gb : L41944.1
0,923781	3,31197	5,23	Ascendente	2,23E-04	BE897866	EST
1,198446	3,56619	5,16	Ascendente	3,79E-03	BG283790	EST
0,013383	2,37551	5,14	Ascendente	7,45E-03	L10374	Secuencia de ARNm humana (clon CTG-A4).
-1,39667	0,965049	5,14	Ascendente	2,75E-03	AI018174	EST

ES 2 663 421 T3

-3,38515	-1,06056	5,01	Ascendente	3,31E-02	NM_172368	Proteína LG30 putativa (G30) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína LG30 putativa /FL = gb: AY138548.1 gb : NM_172368.1
3,409815	-1,99672	42,42	Descendente	8,38E-04	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb : BC002683.1 gb : AF136631.1
4,092731	-0,75499	28,79	Descendente	3,57E-04	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb : NM_004207.1
5,388254	0,591477	27,8	Descendente	4,11E-05	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb : NM_004207.1
2,306225	-2,24414	23,43	Descendente	1,14E-03	AW444761	EST
2,306111	-1,93483	18,91	Descendente	7,20E-04	AI632223	Proteína hipotética DKFZp434F2322
3,025351	-1,21304	18,87	Descendente	6,42E-03	AW590925	EST
0,757197	-3,40795	17,94	Descendente	7,19E-03	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb : M83941.1 gb : AF213459.1
0,959227	-3,03425	15,93	Descendente	1,27E-02	AB033831	ARNm de hSCDGF de Homo sapiens para el factor de crecimiento derivado de la médula espinal, cds completa. /PROD = factor de crecimiento derivado de la médula espinal /FL = gb: NM_016205.1 gb : AB033831.1 gb : AF091434.1 gb : AF244813.1
4,505436	0,524918	15,79	Descendente	1,36E-04	W57613	EST
0,942774	-2,97701	15,13	Descendente	8,44E-04	AW957786	EST, débilmente similar a la fosfoproteína estimulada por vasodilatador S51797 (H. sapiens)

ES 2 663 421 T3

1,1136	-2,73154	14,37	Descendent e	1,61E-02	Z70519	ARNm de FASAp0 1 para la proteína soluble FAS (clon FAS Exo4Del). /PROD = proteína soluble FAS
1,389794	-2,42829	14,1	Descendent e	1,11E-02	BG498699	EST
1,312148	-2,42325	13,32	Descendent e	5,09E-04	U32500	ARNm del receptor Y del neuropéptido de tipo 2 humano, cds completa. /PROD = receptor Y del neuropéptido de tipo 2 /FL = gb: U42766.1 gb : U36269.1 gb : U32500.1
2,62025	-1,04008	12,64	Descendent e	1,04E-03	AA625683	EST
3,268087	-0,32148	12,04	Descendent e	1,86E-04	AF345910	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NYD-SP14 /FL = gb: AF345910.1
4,152765	0,57732	11,92	Descendent e	3,06E-04	AW003173	Estaniocalcina 1
6,777916	3,231028	11,69	Descendent e	3,37E-05	U15174	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD (BNIP3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb : NM_004052.2 gb : U15174.1
1,143234	-2,39818	11,64	Descendent e	6,01E-04	BF437711	EST
2,36447	-1,1716	11,6	Descendent e	3,57E-04	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm. /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb : NM_005181.2
4,285883	0,80481	1 11,17	Descendent e	3,89E-04	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4
5,023981	1,567701	10,98	Descendent e	2,66E-04	NM_006472	Regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb : S73591.1
2,590871	-0,83277	10,73	Descendent e	2,00E-03	NM_016569	Isoproteína TBX3 de Homo sapiens, (TBX3-iso), ARNm. /PROD = isoproteína TBX3 /FL = gb: NM_016569.1 gb : AF216750.1

ES 2 663 421 T3

2,332751	-1,07983	10,65	Descendent e	2,06E-02	NM_000077	Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina de Homo sapiens (melanoma, p16, inhibe CDK4) (CDKN2A), ARNm. /PROD = inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina (melanoma, p16, inhibe CDK4) /FL = gb: NM_000077.1 gb : L27211.1
1,577138	-1,83389	10,64	Descendent e	3,70E-03	M15329	ARNm de interleuquina 1-alfa (IL-1A) humana, cds completa. /PROD = interleuquina 1- alfa /FL = gb: M15329.1
0,831091	-2,57623	10,61	Descendent e	1,77E-02	NM_1530	Proteína hipotética 36 FLJ32239 (FLJ32239) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_153036.1
2,350127	-1,04844	10,55	Descendent e	2,83E-03	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a la proteína 2 similar a toloide AF059516 (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.
4,927935	1,558948	10,33	Descendent e	6,84E-04	J05008	Gen de la endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, cds completa /FL = gb: NM_001955.1
2,951696	-0,34119	9,8	Descendent e	5,52E-04	AB019562	ARNm de Homo sapiens expresado únicamente en las vellosidades de la placenta, clon SMAP41 .
-0,42962	-3,66853	9,44	Descendent e	3,14E-02	D28364	ARNm humano para la anexina II, 5UTR (secuencia desde el capuchón en 5 al codón de iniciación).
3,030236	-0,19682	9,36	Descendent e	3,06E-04	AA812232	regulado por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb : S73591.1
4,528627	1,33908	9,12	Descendent e	1,86E-04	NM_003155	Estaniocalcina 1 (STC1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = estaniocalcina 1 /FL = gb: U25997.1 gb : NM_003155.1 gb : U46768.1
2,660133	-0,51613	9,04	Descendent e	3,37E-05	AF277174	ARNm de PNAS-137 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-137 /FL = gb: AF277174.1
2,422113	-0,74259	8,97	Descendent e	6,51E-03	AL544576	EST
3,806044	0,684261	8,7	Descendent e	3,17E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928

ES 2 663 421 T3

3,953402	0,872354	8,46	Descendent e	1,12E-03	BC005369	Marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1 de Homo sapiens, clon MGC: 12484, ARNm, cds completa. /PROD = marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1 /FL = gb: AF277176.1 gb : NM_022051.1 gb : AF229245.1 gb : BC005369.1
3,437271	0,406885	8,17	Descendent e	1,28E-04	AB029025	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1102, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1102
2,469646	-0,53314	8,02	Descendent e	1,95E-03	N76327	EST, altamente similar al receptor de la transferrina 1011297A (H. sapiens)
4,255531	1,305501	7,73	Descendent e	2,22E-03	AF096296	Precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico /FL = gb: AF142434.1 gb : AF096296.1 gb : AF124601.1 gb : AB010447.1 gb : NM_006072.1
1,609384	-1,3385	7,72	Descendent e	3,57E-04	BC005961	Hormona similar a la hormona paratiroidea de Homo sapiens, clon MGC: 14611, ARNm, cds completa. /PROD = hormona similar a la hormona paratiroidea /FL = gb: BC005961.1
5,356771	2,475735	7,37	Descendent e	2,39E-04	W92036	EST
4,055862	1,176103	7,36	Descendent e	1,54E-04	AK026815	ADNc de Homo sapiens: FLJ23162 fis, clon LNG09734.
4,782763	1,926881	7,24	Descendent e	2,56E-04	NM_004199	Procolágeno–prolina, 2–oxoglutarato A– dioxigenasa (prolina A– hidroxilasa), polipéptido alfa II (P4HA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = procolágeno–prolina, 2–oxoglutarato A– dioxigenasa (prolina A– hidroxilasa), polipéptido alfa II /FL = gb: NM_004199.1 gb : U904
4,749034	1,911794	7,15	Descendent e	6,01E-04	NM_002130	3–hidroxi–3–metilglutaril–coenzima A sintasa 1 (soluble) (HMGCS1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 3–hidroxi–3–metilglutaril–coenzima A sintasa 1 (soluble) /FL = gb: NM_002130.1 gb : L25798.1 gb : BC000297.1

ES 2 663 421 T3

4,501184	1,674786	7,09	Descendent e	3,37E-05	AK000162	ADNc de FLJ20155 fis de Homo sapiens, clon COL08754, altamente similar a la ACSA ECOLI ACETIL-COENZIMA A SINTETASA.
4,103964	1,279587	7,08	Descendent e	1,86E-04	AA579773	EST
5,294065	2,498324	6,94	Descendent e	3,17E-04	AF279899	ARNm de PNAS-145 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-145 /FL = gb: U03105.1 gb : NM_006813.1 gb : AF279899.1
6,179917	3,394324	6,9	Descendent e	2,56E-04	NM_000158	Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) de Homo sapiens (enzima ramificante de glucógeno, enfermedad de Andersen, enfermedad de almacenamiento de glucógeno tipo IV) (GBE1), ARNm. /PROD = Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) (enzima ramificante de glucógeno) /FL = gb: L07956.1 gb : NM_000158.1
3,880272	1,125517	6,75	Descendent e	2,25E-04	NM_002521	Precursor B del péptido natriurético (NPPB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Precursor B del péptido natriurético /FL = gb: NM_002521.1 gb : M25296.1
1,075159	-1,64214	6,58	Descendent e	2,88E-03	J03580	Proteína similar a la paratiroidea humana (asociada con hipercalcemia humoral de la neoplasia maligna), ARNm, cds completa. /FL = gb: J03580.1
0,031255	-2,68323	6,56	Descendent e	1,26E-02	AU 142380	ADNc de FLJ34825 fis de Homo sapiens, clon NT2NE2008785, débilmente similar a la PROTEÍNA APG RICA EN PROLINA ESPECÍFICA DE ANTER.
5,252439	2,540223	6,55	Descendent e	1,93E-04	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb : L19182.1
1,58166	-1,12925	6,55	Descendent e	3,72E-02	AF207990	ARNm de la proteína 3 similar a fer-1 (FER1L3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 3 similar a fer-1 /FL = gb: AF207990.1
3,732985	1,022527	6,55	Descendent e	8,08E-04	AI459194	respuesta de crecimiento temprana 1

ES 2 663 421 T3

6,1137	3,411176	6,51	Descendent e	2,56E-04	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb : L19182.1
4,507212	1,810296	6,48	Descendent e	1,84E-04	AW196940	EST
2,770179	0,094942	6,39	Descendent e	7,20E-04	AK000345	ADNc de Homo sapiens FLJ20338 fis, clon HEP12179.
4,633038	1,983552	6,27	Descendent e	5,56E-04	NM_016931	NADPH oxidasa 4 (NOX4) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = NADPH oxidasa 4 /FL = gb: AF261943.1 gb : NM_016931.1 gb : AF254621.1 gb : AB041035.1
5,099016	2,450575	6,27	Descendent e	4,88E-04	NM_018192	Proteína hipotética FLJ10718 (FLJ10718) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10718 /FL = gb: NM_018192.1
3,41866	0,772516	6,26	Descendent e	1,05E-03	AA149250	EST, débilmente similar al PRECURSOR PROTEICO WDNM1 DE RATA WDNM (R. norvegicus)
4,506475	1,891343	6,13	Descendent e	2,83E-04	AI300520	Estaniocalcina 1 /FL = gb: U25997.1 gb : NM_003155.1 gb : U46768.1
0,060743	-2,53505	6,05	Descendent e	3,08E-02	NM_014795	Homeobox 1 B dedo de cinc (ZFHX1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = homeobox 1B dedo de cinc /FL = gb: NM_014795.1 gb : AB011141.1
1,470435	-1,11845	6,02	Descendent e	1,04E-03	L49506	ARNm de la ciclina G2 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = ciclina G2 /FL = gb: L49506.1
7,564809	4,992443	5,95	Descendent e	2,36E-04	M83248	ARNm de nefropontina humana, cds completa. /PROD = nefropontina /FL = gb: M83248.1
3,508683	0,95049	5,89	Descendent e	3,89E-04	AK027231	ADNc de Homo sapiens: FLJ23578 fis, clon LNG12709.
3,543738	0,987655	5,88	Descendent e	4,67E-04	NM_001955	Endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = endotelina 1 /FL = gb: NM_001955.1

ES 2 663 421 T3

0,279226	-2,24474	5,75	Descendent e	3,73E-02	AF278532	ARNm de beta-netrina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = beta-netrina /FL = gb: AF119916.1 gb : AF297711.1 gb : NM_021229.1 gb : AF278532.1
1,771584	-0,72454	5,64	Descendent e	1,63E-03	BI254089	ADNc de inserto de longitud completa de Homo sapiens, clon ZD50E03
5,450694	2,958035	5,63	Descendent e	1,84E-04	AF095771	Proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH (B1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH /FL = gb: AF095771.1
2,648874	0,166558	5,59	Descendent e	1,84E-04	AW007532	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina humana (IGFBP5), ARNm
4,420733	1,940312	5,58	Descendent e	1,95E-04	NM_003670	Que contiene el dominio hélice-bucle-hélice de Homo sapiens, de clase B, 2 (BHLHB2), ARNm /PROD = genes expresados en condrocitos embrionarios diferenciados /FL = gb: AB004066.1 gb : NM_003670.1
1,659275	-0,81556	5,56	Descendent e	6,51E-03	L16895	gen de la lisil oxidasa (LOX) humana, exón 7
3,334996	0,86328	5,55	Descendent e	8,21E-04	R40917	fosfodiesterasa 4D, fosfodiesterasa E3 de homólogo (Drosophila)-dunce) específico de AMPc /FL = gb: L20969.1 gb : NM_006203.1 gb : U02882.1
2,886643	0,429864	5,49	Descendent e	1,63E-03	NM_022036	Receptor acoplado a proteína G de Homo sapiens, familia C, grupo 5, miembro C (GPRC5C), variante 1 del transcrito, ARNm. /PROD = receptor acoplado a proteína G de Homo sapiens, familia C, grupo 5, miembro C, isoforma a, precursor /FL = gb: AF207989.1 gb : NM_022036.1
5,319714	2,870709	5,46	Descendent e	1,84E-04	AL117352	Secuencia de ADN humano del clon RP5-876B10 en el cromosoma 1 q42.12-43. Contiene el extremo 3 del gen de GNPAT para la glicerofosfato-O-aciltransferasa (DHAPAT, DAPAT, dihidroxiacetona fosfato aciltransferasa, EC 2.3.1.42), el gen de una nueva proteína
5,398488	2,949509	5,46	Descendent e	3,37E-05	NM_001134	Alfa-fetoproteína (AFP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = alfa-fetoproteína /FL = gb: NM_001134.1 gb : J00077.1

ES 2 663 421 T3

3,904705	1,46154	5,44	Descendent e	4,81E-04	NM_007038	Similar a desintegrina y metaloproteasa (de tipo reprotisina) con motivo de trombospondina de tipo 1, 5 (agrecanasa 2) (ADAMTS5), ARNm. /PROD = una desintegrina y metaloproteasa con motivos de trombospondina-preproteína 5 /FL = gb: NM_007038.1 gb : AF14209
2,001263	-0,41849	5,35	Descendent e	2,30E-03	U46768	ARNm de estaniocalcina humana, cds completa. /PROD = Estaniocalcina /FL = gb: U25997.1 gb : NM_003155.1 gb : U46768.1
5,095598	2,679984	5,34	Descendent e	3,06E-04	NM_005542	Gen 1 inducido por insulina (INSIG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = gen 1 inducido por insulina /FL = gb: NM_005542.1
0,899011	-1,48844	5,23	Descendent e	7,45E-03	NM_0028	Hormona similar a la hormona paratiroidea 20 (PTH1H) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = hormona similar a la hormona paratiroidea /FL = gb: J03802.1 gb : NM_002820.1
2,933166	0,546859	5,23	Descendent e	1,54E-04	NM_005780	Pareja de fusión HMGIC de lipoma (LHFP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = pareja de fusión HMGIC de lipoma /FL = gb: NM_005780.1 gb : AF098807.1
2,454314	0,080053	5,18	Descendent e	3,37E-05	NM_013281	Proteína 3 transmembrana rica en leucina de fibronectina de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 3 transmembrana rica en leucina de fibronectina /FL = gb: AF169677.1 gb : NM_013281.1
4,981033	2,626098	5,12	Descendent e	1,14E-03	NM_000602	Inhibidor de la serina (o cisteína) proteinasa, clado E (nexina, inhibidor del activador del plasminógeno tipo 1), miembro 1 (SERPINA 1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Inhibidor de la serina (o cisteína) proteinasa, clado E (nexina, inhibidor del activador de plasminógeno, de tipo 1), miembro
5,209052	2,857021	5,11	Descendent e	2,66E-04	AI754404	2-oxoglutarato 5-dioxigenasa (lisina hidroxilasa) 2 de procolágeno-lisina 2 /FL = gb: NM_000935.1 gb : U84573.1

ES 2 663 421 T3

7,251816	4,921229	5,03	Descendente	5,18E-04	NM_000700	Anexina A1 de Homo sapiens (ANXA1), ARNm. /PROD = anexina I /FL = gb: BC001275.1 gb : NM_000700.1
----------	----------	------	-------------	----------	-----------	--

C) H9P39 en el estadio DE 30 h frente a EXPRES 01-Los valores de intensidad están en formato Log2.

EXPRES 01	30HR DE	Relación	Dirección	adj. valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-3,61621	3,085829	104,12	Ascendente	1,25E-03	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-3,12747	2,633618	54,23	Ascendente	5,47E-04	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
-3,26893	2,480892	53,81	Ascendente	3,52E-04	NM_001785	Citidina desaminasa (CDA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = citidina desaminasa /FL = gb: L27943.1 gb: NM_001785.1
-3,62742	1,93392	47,22	Ascendente	3,24E-03	AA772920	EST
-0,27888	4,672575	30,94	Ascendente	2,20E-04	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc /FL = gb: AF225513.1
-3,88742	0,719139	24,36	Ascendente	2,32E-03	AA180985	EST
1,168713	5,535315	20,63	Ascendente	4,09E-04	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína de 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1
-2,05438	2,234331	19,54	Ascendente	9,02E-03	BG29090	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-0,69028	3,350018	16,45	Ascendente	8,76E-04	M16276	ARNm de HLA-DR2-Dw12 del MHC de clase II humano DQw1 - beta, cds completa. /FL = gb: NM_002123.1
-1,32044	2,675867	15,96	Ascendente	1,31E-02	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis 3/FL = gb: AF056087.1

ES 2 663 421 T3

3,042634	6,981126	15,33	Ascendente	2,51E-04	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo IFL de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb: NM_005442.1
-0,41626	3,4773	14,86	Ascendente	5,42E-04	BF110534	EST
-2,69521	1,031628	13,24	Ascendente	7,80E-05	AF282250	ARNm de calneuron 1 (CALN 1) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = calneuron 1 /FL = gb: AF282250.1
-2,38787	1,314022	13,01	Ascendente	1,37E-02	BC003517	Homo sapiens, clon IMAGE: 3542589, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3542589)
-2,45311	1,22951	12,84	Ascendente	4,18E-02	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
-0,68225	2,956253	12,45	Ascendente	2,72E-04	N48299	EST, moderadamente similar a NFY-C (H. sapiens)
-0,18256	3,454591	12,44	Ascendente	2,72E-04	AI583173	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ beta 1
-0,26005	3,330481	12,05	Ascendente	1,37E-03	R72286	Proteína 4 asociada a las microfibrillas
-1,75731	1,805232	11,81	Ascendente	2,70E-02	BC008992	Homo sapiens, clon MGC: 16926 IMAGE: 4183000, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 16926) /FL = gb: BC008992.1
-3,76077	-0,22572	11,59	Ascendente	2,57E-02	AI040305	EST
0,756526	4 287575	11,56	Ascendente	4,69E-04	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRFP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-1,61054	1,918985	11,55	Ascendente	2,71E-03	AW264204	EST
-2,30432	1,221219	11,52	Ascendente	3,31E-02	BC017958	Homo sapiens, clon IMAGE: 4607409, ARNm.
-1,16113	2,306767	11,06	Ascendente	6,77E-03	NM_012281	Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 (KCND2), ARNm. /PROD = Canal dependiente de voltaje de potasio, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 /FL = gb: NM_012281.1 gb: AB028967.1 gb: AF121104.1

ES 2 663 421 T3

-1,03397	2,369328	10,58	Ascendente	5,45E-04	NM_003020	Proteína neuroendocrina 1 granular secretora de Homo sapiens (proteína 7B2) (SGNE1), ARNm. /PROD = Proteína neuroendocrina 1 granular secretora (proteína 7B2) /FL = gb: BC005349.1 gb: NM_003020.1
-0,80043	2,583204	10,44	Ascendente	9,08E-04	D87811	ARNm de Homo sapiens para GATA-6 cds completa. /PROD = GATA-6 /FL = gb: U66075.1 gb: NM_005257.1 gb: D87811.1
-1,16952	2,129685	9,84	Ascendente	4,80E-02	NM_001343	Homólogo 2 disabled (Drosophila) de Homo sapiens (fosfoproteína respondedora a mitógeno) (DAB2), ARNm. /PROD = Homólogo 2 disabled (Drosophila) /FL = gb: U39050.1 gb: NM_001343.1 gb: U53446.1 gb: BC003064.1
-0,10733	3,157091	9,61	Ascendente	2,31E-03	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-0,70855	2,511903	9,32	Ascendente	2,13E-03	AI917371	EST.
1,109291	4,227073	8,68	Ascendente	1,36E-03	NM_005356	Proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
-1,39784	1,697082	8,54	Ascendente	1,04E-02	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina
-2,23133	0,840905	8,41	Ascendente	8,31E-03	AA044140	Inhibidor del factor nuclear del potenciador de genes polipeptídicos de la cadena ligera kappa en linfocitos B, beta
-1,64839	1,38707	8,2	Ascendente	2,49E-03	NM_004900	Forbolina de Homo sapiens (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) (DJ742C19.2), ARNm. /PROD = forbolina (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) /FL = gb: NM_004900.1 gb: U61083.1
0,502333	3,532743	8,17	Ascendente	1,88E-03	AF211891	ARNm de la proteína 1 de homeobox similar a Mix (MILD1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 de homeobox similar a Mix /FL = gb: proteína AF211891.1

ES 2 663 421 T3

1,470195	4,487924	8,1	Ascendente	4,48E-04	AI676059	EST
-1,66608	1,305765	7,85	Ascendente	1,61E-02	BE673445	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R28379
-2,17012	0,717557	7,4	Ascendente	8,40E-03	AB018580	ARNm de Homo sapiens para hluPGFS, cds completa. /PROD = hluPGFS /FL = gb: NM_003739.2 gb: AF149416.2 gb: AB018580.1 gb: D17793.1
-3,17826	-0,30252	7,34	Ascendente	3,88E-02	AI798098	EST
-2,62694	0,235765	7,27	Ascendente	1,61E-02	NM_000055	Butirilcolinesterasa (BCHE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la butirilcolinesterasa /FL = gb: M16541.1 gb: M16474.1 gb: NM_000055.1
-2,13754	0,709615	7,2	Ascendente	1,59E-02	BF000203	EST
1,750623	4,592477	7,17	Ascendente	3,86E-04	AA176289	EST
0,923781	3,753533	7,11	Ascendente	5,45E-04	BE897866	EST
-1,51616	1,306468	7,07	Ascendente	3,70E-03	AJ272267	ARNm parcial de Homo sapiens para la colina deshidrogenasa (gen chdh). /PROD = colina deshidrogenasa
-3,12304	-0,30584	7,05	Ascendente	3,13E-02	NM_018018	Proteína hipotética FLJ10191 (FLJ10191) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10191 /FL = gb: NM_018018.1
0,828954	3,642692	7,03	Ascendente	1,53E-03	AK026659	ADNc de Homo sapiens: FLJ23006 fis, clon LNG00414.
3,061783	5,870643	7,01	Ascendente	1,32E-04	BF057809	EST
-0,20066	2,598953	6,96	Ascendente	8,90E-04	NM_001609	Cadena de ramificación corta de la acil-Coenzima A deshidrogenasa (ACADSB) de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = precursor de la cadena de ramificación corta de la acil- Coenzima A deshidrogenasa /FL = gb: U12778.1 gb: NM_001609.1
-0,5777	2,186912	6,8	Ascendente	2,34E-03	BC036592	Homo sapiens, clon IMAGE: 4814184, ARNm.
-2,20139	0,556645	6,76	Ascendente	1,88E-03	AI913749	EST
-2,19527	0,555455	6,73	Ascendente	3,02E-03	NM_013333	Fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH (EPSIN) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH /FL = gb: NM_013333.1 gb: AF073727.1

ES 2 663 421 T3

0,194248	2,884093	6,45	Ascendente	3,02E-03	U07236	ARNm de la proteína tirosina quinasa específica de linfocitos (LCK) mutante humana, cds completa. /PROD = proteína tirosina quinasa específica de linfocitos /FL = gb: U07236.1 gb: NM_005356.1 gb: M36881.1
-1,4606	1,195222	6,3	Ascendente	1,88E-03	AW07210	ARNm de Homo sapiens; 2 ADNc DKFZp434H205 (del clon DKFZp434H205)
-0,41404	2,208672	6,16	Ascendente	1,88E-03	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-1,98038	0,627155	6,09	Ascendente	9,18E-03	NM_002442	Homólogo 1 (Drosophila) de Musashi (MSH) (Drosophila), ARNm. /PROD = homólogo 1 de Musashi (Drosophila) /FL = gb: AB012851.1 gb: NM_002442.1
-3,12055	-0,51875	6,07	Ascendente	4,51E-02	AW780006	EST
2,428594	5,011314	5,99	Ascendente	8,90E-04	BF510715	Factor 4 de crecimiento de fibroblastos (proteína 1 transformante secretora de heparina, oncogén de sarcoma de Kaposi) iFL = gb: M17446.1 gb: NM_002007.1
-2,06656	0,511613	5,97	Ascendente	1,81E-02	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST
-1,18368	1,389404	5,95	Ascendente	1,12E-03	AB011152	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA0580, cds parcial. /PROD = proteína KIAA0580
0,884916	3,44953	5,92	Ascendente	2,61E-04	NM_000104	Citocromo P450, subfamilia I (inducible con dioxina), polipéptido 1 (glaucoma 3 primario infantil) (CYP1 B1), ARNm. /PROD = polipéptido 1 del citocromo P450, subfamilia I (inducible por fenobarbital) /FL = gb: U03688.1 gb: NM_000104.2
1,380324	3,936779	5,88	Ascendente	4,48E-04	NM_006895	Histamina N-metiltransferasa (HNMT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = histamina N-metiltransferasa /FL = gb: NM_006895.1 gb: D16224.1 gb: U08092.1
0,937118	3,476237	5,81	Ascendente	5,45E-04	AU 151342	ADNc de Homo sapiens FLJ12935 fis, clon NT2RP2004982

ES 2 663 421 T3

-2,3444	0,189019	5,79	Ascendente	3,32E-03	AW057589	EST
-1,09181	1,43832	5,78	Ascendente	2,62E-02	AI653050	EST, débilmente similar a 4-HIDROXIFENILPIRUVATO DIOXIGENASA HUMANA HPPD (H. sapiens)
0,270429	2,788184	5,73	Ascendente	2,50E-02	AF493872	ARNm de la proteína gamma 4 de unión al nucleótido guanina (GNG4) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína gamma 4 de unión al nucleótido guanina /FL = gb: AF493872.1
2,453593	4,950008	5,64	Ascendente	4,67E-04	NM_005410	Selenoproteína P plasmática 1 (SEPP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la selenoproteína P /FL = gb: NM_005410.1
-1,88254	0,61166	5,63	Ascendente	6,09E-03	BF694956	Secuencia de ADN humano del clon RP1-187J11 en el cromosoma 6q11.1-22,33. Contiene el gen de una nueva proteína similar a las proteínas predichas de S. pombe y S. cerevisiae, el gen para una nueva proteína similar a los inhibidores de la proteína quinasa C, el extremo 3 de
0,462867	2,940232	5,57	Ascendente	8,05E-03	AI807026	EST
-0,04543	2,430022	5,56	Ascendente	1,88E-03	AB037730	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1309, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1309
-0,01122	2,462282	5,55	Ascendente	2,31E-03	AI356398	factor 2 de respuesta al butirato (factor 2 de respuesta a EGF) /FL = gb: BC005010.1 gb: NM_006887.1
1,285793	3,745524	5,5	Ascendente	2,58E-03	AI949827	EST
1,37261	3,832097	5,5	Ascendente	4,48E-04	BC040605	Homo sapiens, clon IMAGE: 5271039, ARNm.
-0,67823	1,780805	5,5	Ascendente	3,24E-04	AA040057	Protocadherina 20
-1,41031	1,030229	5,43	Ascendente	1,98E-02	AI832477	antígeno 43 de cáncer de colon definido serológicamente
1,076427	3,500322	5,37	Ascendente	1,17E-03	AI640307	Protocadherina 10
-0,35323	2,051621	5,3	Ascendente	2,59E-03	BM666010	ADNc de Homo sapiens FLJ23803 fis, clon HEP22811.
0,040412	2,442774	5,29	Ascendente	3,56E-04	AA960844	Homo sapiens, clon IMAGE: 4081483, ARNm
-1,51992	0,881919	5,28	Ascendente	6,04E-03	AA460960	ARNm de H. sapiens (clon ICRFp507L1876)
-2,32443	0,069216	5,25	Ascendente	3,43E-03	BC035759	Homo sapiens, clon IMAGE: 5557641, ARNm.
4,072718	6,466193	5,25	Ascendente	1,53E-03	AU 144598	Molécula de reconocimiento celular Caspr2 /FL = gb: AF193613.1 gb: NM_014141.1

ES 2 663 421 T3

0,143628	2,506522	5,14	Ascendente	1,36E-02	AB037763	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1342, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1 342 /FL = gb: AF299075.1
-0,46577	1,883396	5,1	Ascendente	6,92E-04	AW051591	EST, moderadamente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
0,780689	3,126868	5,08	Ascendente	7,58E-04	AI016316	EST
3,409815	-2,82988	75,57	Descendent e	1,48E-02	NM_0165	Neuritina 88 (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1
0,757197	-4,3571	34,64	Descendent e	4,81E-03	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
5,388254	0,288621	34,29	Descendent e	4,14E-05	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
4,092731	-0,8862	31,54	Descendent e	7,12E-04	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
2,30611 1	-2,22732	23,16	Descendent e	8,51E-04	AI632223	Proteína hipotética DKFZp434F2322
3,030236	-1,2974	20,08	Descendent e	8,31E-03	AA812232	regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
4,505436	0,504147	16,01	Descendent e	1,23E-04	W57613	EST
3,025351	-0,90728	15,27	Descendent e	2,53E-04	AW590925	EST
3,268087	-0,54228	14,03	Descendent e	2,76E-05	AF345910	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NYD-SP14 /FL = gb: AF345910.1
2,62025	-1,1154	13,32	Descendent e	1,12E-03	AA625683	EST

ES 2 663 421 T3

6,777916	3,123818	12,59	Descendent e	6,00E-05	U15174	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD (BNIP3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1
2,590871	-1,03729	12,36	Descendent e	1,53E-03	NM_016569	Isoproteína TBX3 de Homo sapiens, (TBX3-iso), ARNm. /PROD = isoproteína TBX3 /FL = gb: NM_016569.1 gb: AF216750.1
4,152765	0,533234	12,29	Descendent e	2,53E-04	AW003173	Estaniocalcina 1
4,528627	0,921256	12,19	Descendent e	7,80E-05	NM_003155	Estaniocalcina 1 (STC1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Estaniocalcina 1 /FL = gb: U25997.1 gb: NM_003155.1 gb: U46768.1
1,544409	-1,9767	11,48	Descendent e	4,92E-02	NM_000599	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP5), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: M65062.1 gb: M62782.1 gb: NM_000599.1 gb: AF055033.1
5,023981	1,530419	11,26	Descendent e	2,80E-04	NM_006472	Regulada por aumento por 1,25-dihidroxitamina D-3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
2,36447	-1,00627	10,34	Descendent e	1,88E-03	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm. /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2
4,285883	0,94478	10,13	Descendent e	7,80E-05	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4
4,782763	1,624946	8,92	Descendent e	4,14E-05	NM_004199	Procolágeno-prolina, 2-oxoglutarato A- dioxigenasa (prolina A- hidroxilasa), polipéptido alfa II (P4HA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = procolágeno-prolina, 2-oxoglutarato A- dioxigenasa (prolina A- hidroxilasa), polipéptido alfa II /FL = gb: NM_004199.1 gb: U904

ES 2 663 421 T3

2,660133	-0,48383	8,84	Descendent e	3,01E-04	AF277174	ARNm de PNAS-137 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-137 /FL = gb: AF277174.1
1,99849	-1,11713	8,67	Descendent e	1,48E-02	NM_002317	Lisil oxidasa (LOX) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = lisil oxidasa /FL = gb: AF039291.1 gb: NM_002317.1 gb: M94054.1
4,927935	1,83445	8,54	Descendent e	4,77E-04	J05008	Gen de la endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, cds completa /FL = gb: NM_001955.1
5,356771	2,317383	8,22	Descendent e	1,92E-05	W92036	EST
3,806044	0,77917	8,15	Descendent e	1,32E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
2,350127	-0,67445	8,14	Descendent e	1,86E-02	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a la proteína 2 similar a toloide AF059516 (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.
5,450694	2,473087	7,88	Descendent e	2,35E-04	AF095771	Proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH (B1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH /FL = gb: AF095771.1
2,208449	-0,76852	7,87	Descendent e	5,20E-03	Al806338	Caja T 3 (síndrome ulnar mamario) /FL = gb: AF170708.2 gb: NM_005996.1
2,951696	-0,00873	7,78	Descendent e	4,48E-04	AB019562	ARNm de Homo sapiens expresado únicamente en las vellosidades de la placenta, clon SMAP41 .
3,953402	0,998843	7,75	Descendent e	2,51E-04	BC005369	Marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1 de Homo sapiens, clon MGC: 12484, ARNm, cds completa. /PROD = marco de lectura abierto 12 del cromosoma 1 /FL = gb: AF277176.1 gb: NM_022051.1 gb: AF229245.1 gb: BC005369.1
4,507212	1,576505	7,62	Descendent e	2,04E-04	AW196940	EST
4,055862	1,195121	7,26	Descendent e	5,45E-04	AK026815	ADNc de Homo sapiens: FLJ23162 fis, clon LNG09734.
4,103964	1,24922	7,23	Descendent e	8,28E-05	AA579773	EST

ES 2 663 421 T3

2,001263	-0,84882	7,21	Descendent e	3,24E-03	U46768	ARNm de estaniocalcina humana, cda completa. /PROD = Estaniocalcina /FL = gb: U25997.1 gb: NM_003155.1 gb: U46768.1
1,1136	-1,73388	7,2	Descendent e	3,21E-04	Z70519	ARNm de FASAp1 para la proteína soluble FAS (clon FAS Exo4Del). /PROD = proteína soluble FAS
2,332751	-0,46123	6,94	Descendent e	1,69E-04	NM_000077	Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina de Homo sapiens (melanoma, p16, inhibe CDK4) (CDKN2A), ARNm. /PROD = Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina (melanoma, p16, inhibe CDK4) /FL = gb: NMJ)00077.1 gb: L27211.1
5,187988	2,402941	6,89	Descendent e	3,52E-04	AA074145	homólogo de prolina oxidasa
4,255531	1,471522	6,89	Descendent e	3,24E-04	AF096296	Precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico de Homo sapiens, ARNm, cda completa. /PROD = precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico /FL = gb: AF142434.1 gb: AF096296.1 gb: AF124601.1 gb: AB010447.1 gb: NM_006072.1
4,501184	1,72274	6,86	Descendent e	7,80E-05	AK000162	ADNc de FLJ20155 fis de Homo sapiens, clon COL08754, altamente similar a la ACSA_ECOLI ACETIL- COENZIMA A SINTETASA.
2,770179	0,000064	6,82	Descendent e	2,31E-03	AK000345	ADNc de Homo sapiens FLJ20338 fis, clon HEP12179.
6,1137	3,356776	6,76	Descendent e	2,20E-04	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
4,506475	1,751272	6,75	Descendent e	2,53E-04	AI300520	Estaniocalcina 1 /FL = gb: U25997.1 gb: NM_003155.1 gb: U46768.1
3,404056	0,670009	6,65	Descendent e	4,14E-05	AI62321	Proteína 1 específica de linfocitos
2,469646	-0,26027	6,63	Descendent e	4,40E-03	N76327	EST, altamente similar al receptor de la transferrina 1011297A (H. sapiens)

ES 2 663 421 T3

5,252439	2,542675	6,54	Descendent e	3,24E-04	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
5,294065	2,607826	6,44	Descendent e	1,45E-03	AF279899	ARNm de PNAS-145 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = PNAS-145 /FL = gb: U03105.1 gb: NM_006813.1 gb: AF279899.1
1,312148	-1,30796	6,15	Descendent e	2,85E-04	U32500	ARNm del receptor Y del neuropéptido de tipo 2 humano, cds completa. /PROD = receptor Y del neuropéptido de tipo 2 /FL = gb: U42766.1 gb: U36269.1 gb: U32500.1
6,179917	3,561259	6,14	Descendent e	3,24E-04	NM_000158	Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) de Homo sapiens (enzima ramificante de glucógeno, enfermedad de Andersen, enfermedad de almacenamiento de glucógeno tipo IV) (GBE1), ARNm. /PROD = Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) (enzima ramificante de glucógeno) /FL = gb: L07956.1 gb: NM_000158.1
0,959227	-1,64817	6,09	Descendent e	2,57E-02	AB033831	ARNm de hSCDGF de Homo sapiens para el factor de crecimiento derivado de la médula espinal, cds completa. /PROD = factor de crecimiento derivado de la médula espinal /FL = gb: NM_016205.1 gb: AB033831.1 gb: AF091434.1 gb: AF244813.1
0,579765	-1,99563	5,96	Descendent e	2,00E-02	AI393930	EST
3,508683	0,978051	5,78	Descendent e	4,14E-05	AK027231	ADNc de Homo sapiens: FLJ23578 fis, clon LNG12709.
1,577138	-0,9435	5,74	Descendent e	1,09E-02	M15329	ARNm de interleuquina 1-alfa (IL-1A) humana, cds completa. /PROD = interleuquina 1-alfa /FL = gb: M15329.1
2,982965	0,463474	5,73	Descendent e	5,03E-04	AK026829	ADNc de Homo sapiens: FLJ23176 fis, clon LNG10452.

ES 2 663 421 T3

3,86075	1,347537	5,71	Descendent e	7,64E-04	U85995	Clúster Incl. U85995: ARNm de la proteína desconocida del clon IMAGE-22181 humana, cds /CdS = (0,1291) /gb = U85995 /gi = 1835749 /ug = Hs.79340 /len = 1696
2,64743	0,138623	5,69	Descendent e	2,04E-04	AI702438	EST
3,437271	0,928673	5,69	Descendent e	5,45E-04	AB029025	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1102, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1102
2,886643	0,386181	5,66	Descendent e	1,25E-03	NM_022036	Receptor acoplado a proteína G de Homo sapiens, familia C, grupo 5, miembro C (GPRC5C), variante 1 del transcrito, ARNm. /PROD = receptor acoplado a proteína G de Homo sapiens, familia C, grupo 5, miembro C, isoforma a, precursor /FL = gb: AF207989.1 gb: NM_022036.1
5,099016	2,60798	5,62	Descendent e	4,48E-04	NM_018192	Proteína hipotética FLJ10718 (FLJ10718) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10718 /FL = gb: NM_018192.1
5,807319	3,321529	5,6	Descendent e	3,21E-04	NM_018004	Proteína hipotética FLJ10134 (FLJ10134) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10134 /FL = gb: NM_018004.1
1,659275	-0,80393	5,51	Descendent e	2,08E-03	L16895	gen de la lisil oxidasa (LOX) humana, exón 7
2,060071	-0,40069	5,51	Descendent e	5,45E-04	AA004300	Proteína hipotética DKFZp566l133
3,094055	0,633797	5,5	Descendent e	6,17E-04	AW188198	proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
1,865674	-0,57364	5,42	Descendent e	1,88E-03	AU 156421	ADNc de Homo sapiens FLJ13457 fis, clon PLACE1003343
5,207569	2,775215	5,4	Descendent e	1,32E-04	AA083478	Clon del ADNc del inserto de longitud completa del clon del ARNm de Homo sapiens EUROIMAGE 746039
2,322104	-0,10923	5,39	Descendent e	1,89E-03	AW291369	EST
3,862686	1,433656	5,39	Descendent e	1,88E-03	NM_007115	Proteína 6 inducida por alfa del factor de necrosis tumoral (TNFAIP6) de Homo sapiens, ARNm / PROD= proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1

ES 2 663 421 T3

4,881197	2,470702	5,32	Descendent e	1,33E-03	NM_001975	Enolasa 2 de Homo sapiens, (gamma, neuronal (ENO2), ARNm. /PROD = enolasa 2, (gamma, neuronal) /FL = gb: NM_001975.1 gb: BC002745.1 gb: M22349.1
5,318139	2,908344	5,31	Descendent e	4,67E-04	U87408	Clúster Incl. U87408: ARNm de la proteína desconocida del clon IMAGE-74593 humana, cds /CdS = (0,1362) /gb = U87408 /gi = 1842104 /ug = Hs.79340 /len = 198
3,41866	1,024231	5,26	Descendent e	1,40E-03	AA149250	EST, débilmente similar al PRECURSOR PROTEICO WDNM1 DE RATA WDNM (R. norvegicus)
2,28595	-0,10789	5,26	Descendent e	1,74E-03	BE504838	EST
1,143234	-1,2451	5,24	Descendent e	2,07E-03	BF437711	EST
2,164901	-0,22261	5,23	Descendent e	2,00E-03	AI559300	EST
0,38149	-2,00456	5,23	Descendent e	1,36E-02	Z25433	Gen de la proteína serina-treonina quinasa de Homo sapiens, CDS completa. /PROD = proteína serina-treonina quinasa /FL = gb: Z25433.1
2,271332	-0,11134	5,22	Descendent e	1,88E-03	NM_015198	Proteína KIAA0633 (COBL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína KIAA0633 /FL = gb: NM_015198.1
2,933166	0,558335	5,19	Descendent e	1,04E-03	NM_005780	Pareja de fusión HMGIC de lipoma (LHFP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = pareja de fusión HMGIC de lipoma /FL = gb: NM_005780.1 gb: AF098807.1
3,77776	1,406437	5,17	Descendent e	3,24E-04	BU729850	Proteína hipotética LOC153469
3,113698	0,751705	5,14	Descendent e	7,12E-04	NM_002196	1 asociada a insulinoma (INSM1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 asociada a insulinoma /FL = gb: NM_002196.1 gb: M93119.1
7,564809	5,218561	5,09	Descendent e	5,70E-04	M83248	ARNm de nefropontina humana, cds completa. /PROD = nefropontina /FL = gb: M83248.1
5,209052	2,875305	5,04	Descendent e	3,17E-04	AI754404	2-oxoglutarato 5-dioxigenasa (lisina hidroxilasa) 2 de procolágeno-lisina 2 /FL = gb: NM_000935.1 gb: U84573.1

ES 2 663 421 T3

1,639038 -0,68383 5 Descendente 2,00E-03 AW027879 EST, débilmente similar al precursor de decorina NBHUC8 (H. sapiens)

E) H9P39 en el estadio DE 48 h frente a EXPRES 01-Los valores de intensidad están en formato Log2.

EXPRES 01	48 h	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-3,62742	4,403382	261,52	Ascendente	9,26E-04	AA772920	EST
-3,26893	4,712617	252,75	Ascendente	7,47E-05	NM_001785	Citidina desaminasa (CDA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = citidina desaminasa /FL = gb: L27943.1 gb: NM_001785.1
-4,01441	3,67249	206,06	Ascendente	1,83E-04	AB028021	Clúster Incl. AB028021: ARNm de HNF-3beta para el factor 3 beta nuclear de hepatocitos, cds completa /cds = (196, 1569) /gb = AB028021 /gi = 4958949 /ug = Hs.155651 /len = 1944
-4,29896	3,38304	205,36	Ascendente	6,25E-05	AY177407	ARNm de goosecoid de la proteína de homeobox de Homo sapiens, cds completa. /PROD = goosecoid de la proteína de homeobox /FL = gb: AY177407.1 gb: NM_173849.1
-0,80043	6,55024	163,22	Ascendente	7,98E-05	D87811	ARNm de Homo sapiens para GATA-6, cds completa. /PROD = GATA-6 /FL = gb: U06075.1 gb: NM_005257.1 gb: D87811.1
-2,178	4,977566	142,57	Ascendente	5,92E-4	NM_014420	Homólogo 4 de dickkopf (Xenopus laevis) (DKK4) de Homo sapiens, ARNm. /PROD homólogo 4 de dickkopf (Xenopus laevis) /FL = gb: AB017788.1 gb: AF177397.1 gb: NM_014420.1
-3,61621	3,360873	125,98	Ascendente	8,64E-04	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-3,8752	2,947466	113,19	Ascendente	8,92E-05	AB028021	ARNm de HNF-3beta de Homo sapiens para el factor nuclear 3 beta de hepatocitos, cds completa. /PROD = factor nuclear 3 beta de hepatocitos /FL = gb: AB028021.1 gb: NM_021784.1

ES 2 663 421 T3

-0,62093	5,956038	95,47	Ascendente	7,47E-05	NM_022454	Proteína hipotética FLJ22252 de Homo sapiens similar al gen 17 que contiene la caja SRY (FLJ22252), ARNm. /PROD = proteína hipotética FLJ22252 similar al gen 17 que contiene la caja SRV /FL = gb: NM_022454.1
-1,11159	5,388499	90,52	Ascendente	1,05E-04	NM_003867	Factor 17 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (FGF17), ARNm. /PROD = factor 17 del crecimiento de fibroblastos /FL = gb: NM_003867.1 gb: ABO09249.1
-3,7558	2,70012	87,79	Ascendente	1,88E-03	AW47365	EST
0,83997	5,315997	71,31	Ascendente	2,36E-04	AI821669	EST
0,26005	5,721539	63,19	Ascendente	1,82E-04	R72286	Proteína 4 asociada a las microfibrillas
-1,32044	4,378147	51,93	Ascendente	4,06E-03	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis 3/FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-3,12747	2,481837	48,82	Ascendente	4,18E-04	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
-0,69028	4,779809	44,33	Ascendente	1,82E-04	M16276	ARNm de HLA-DR2-Dw12 del MHC de clase II humano DQw1 – beta, cds completa. /FL = gb: NM_002123.1 gb: M16276.1 gb: M60028.1 gb: M17564.1 gb: M81141.1 gb: M81140.1
-4,79201	0,661683	43,83	Ascendente	3,06E-04	NM_012431	Dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E de Homo sapiens (SEMA3E), ARNm. /PROD = dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E /FL = gb: NM_012431.1 gb: AB002329.1
-1,55323	3,862277	42,68	Ascendente	1,26E-04	AI821586	EST, Moderadamente similar a JE0284 Mm-1 proteína 1 b asociada a la transplantabilidad derivada de células (H. sapiens)
-5,25658	0,098569	40,93	Ascendente	1,11 E-03	AW005572	Proteína putativa de 47 kD

ES 2 663 421 T3

-2,4531	1 2,87165	40,08	Ascende nte	1,40E-02	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
-3,10357	2,19103	39,25	Ascende nte	6,25E-05	NM_001453	Caja C1 forkhead (FOXC1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Caja C1 forkhead /FL = gb: NM_001453.1
-0,27888	4,97765	38,23	Ascende nte	7,98E-05	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPC de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPC /FL = gb: AF225513.1
-0,81978	4,345795	35,89	Ascende nte	3,86E-04	AI824037	EST, débilmente similar al RECEPTOR FC EPSILON DE INMUNOGLOBULINA DE BAJA AFINIDAD DE RATÓN FCE2 (M. musculus)
-2,4051	2,697137	34,35	Ascende nte	6,25E-05	NM_021020	Gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina de Homo sapiens (FEZ1), ARNm. /PROD = gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina /FL = gb: AF123659.1 gb: NM_021020.1
0,756526	5,856918	34,31	Ascende nte	7,98E-05	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-0,41626	4,620452	32,82	Ascende nte	2,24E-04	BF110534	EST
0,502333	5,516306	32,31	Ascende nte	1,26E-04	AF211891	ARNm de la proteína 1 de homeocaja similar a Mix (MILD1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 de homeocaja similar a Mix /FL = gb: AF211891.1
-2,39338	2,604622	31,96	Ascende nte	3,59E-03	M17955	ARNm de HLA-DQ-beta del MHC de clase II humano, cds completa. /FL = gb: M33907.1 gb: M17955.1 gb: M16996.1 gb: M17563.1 gb: M20432.1 gb: M26042.1
-0,5292	4,348346	29,4	Ascende nte	1,25E-03	AI127440	EST
-4,15276	0,716875	29,24	Ascende nte	1,59E-04	AA129444	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1263, cds parcial

ES 2 663 421 T3

-0,18256	4,556137	26,7	Ascendente	5,90E-05	AI583173	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ beta 1
-3,47945	1,255979	26,64	Ascendente	2,39E-04	NM_000854	Glutación-S-transferasa teta 2 (GSTT2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutación-S-transferasa teta 2 /FL = gb: L38503.1 gb: BC002415.1 gb: NM_000854.2
-3,39007	1,340459	26,55	Ascendente	9,26E-03	NM_006614	Molécula de adhesión celular de Homo sapiens con homología a L1CAM (homólogo próximo de L1) (CHL1), ARNm. /PROD = molécula de adhesión celular de Homo sapiens con homología a L1CAM (homólogo próximo de L1) /FL = gb: AF002246.1 gb: NM_006614.1
-1,61054	3,07301	1 25,7	Ascendente	6,48E-04	AW264204	EST
-0,68225	3,994036	25,57	Ascendente	8,92E-05	N48299	EST, moderadamente similar a NFY-C (H. sapiens)
-2,69284	1,94677	24,93	Ascendente	1,03E-02	R33964	ADNc de Homo sapiens FLJ11022 fis, clon PLACE1003771
-3,3099	1,316389	24,7	Ascendente	4,00E-03	NM_172037	Retinol deshidrogenasa 10 de Homo sapiens (todo- trans) (RDH 10), ARNm. / PROD=piruvato deshidrogenasa fosfatasa /FL = gb: NM_172037.1 gb: AF456765.1
-2,23941	2,381967	24,61	Ascendente	2,32E-03	NM_005413	Homólogo 3 de homeobox sine oculis (Drosophila) (SIX3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = homólogo 3 de homeobox sine oculis (Drosophila) /FL = gb: NM_005413.1
-2,6422	1,964075	24,36	Ascendente	8,92E-05	BF589787	EST
-2,05438	2,54631	24,26	Ascendente	6,59E-03	BG29090	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens).
1,168713	5,686572	22,91	Ascendente	2,60E-04	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína 16.7Kd /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1

ES 2 663 421 T3

-0,77864	3,712574	22,49	Ascendente	5,77E-04	NM_022055	Reservado (KCNK12) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = canal de potasio dominio de poros en tándem TH IK-2 /FL = gb: NM_022055.1 gb: AF287302.1
-0,70855	3,762307	22,17	Ascendente	7,67E-04	AI917371	EST
-2,06656	2,392721	22	Ascendente	2,94E-03	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST
3,042634	7,476267	21,61	Ascendente	5,90E-05	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb: NM_005442.1
-1,28224	3,131936	21,32	Ascendente	2,22E-04	NM_005568	Proteína 1 de homeobox LIM de Homo sapiens (LHX1), ARNm. /PROD = Proteína 1 de homeobox LIM /FL = gb: NM_005568.1 gb: U14755.1
2,83906	1,564539	21,16	Ascendente	4,15E-04	T15545	EST
-0,5777	3,802538	20,82	Ascendente	8,57E-04	BC036592	Homo sapiens, clon IMAGE: 4814184, ARNm.
3,88742	0,452273	20,25	Ascendente	2,18E-03	AA180985	EST
1,95127	2,384447	20,19	Ascendente	2,26E-03	L12468	ARNm de aminopeptidasa A de Homo sapiens, cds completa. /PROD = aminopeptidasa A /FL = gb: L12468.1 gb: NM_001977.1 gb: L14721.1
-4,63418	-0,31383	19,98	Ascendente	2,41 E-02	BF112218	EST
-2,30432	1,94413	19,01	Ascendente	1,88E-02	BC017958	Homo sapiens, clon IMAGE: 4607409, ARNm.
-2,9769	1,2531	18,77	Ascendente	1,55E-02	AW612111	EST
0,420056	4,641313	18,65	Ascendente	7,47E-05	NM_012242	Homólogo 1 de dickkopf (Xenopus laevis) (DKK1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo 1 de dickkopf (Xenopus laevis) /FL = gb: AF177394.1 gb: NM_012242.1 gb: AF127563.1

ES 2 663 421 T3

-0,41404	3,780442	18,31	Ascend nte	4,24E-04	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-2,90798	1,272589	18,13	Ascend nte	1,07E-04	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-3,84662	0,311955	17,86	Ascend nte	2,27E-02	BF445031	EST
-0,48487	3,656098	17,64	Ascend nte	7,98E-05	BG150534	EST
0,442286	4,570914	17,49	Ascend nte	1,50E-04	NM_001778	Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) (CD48), ARNm. /PROD = Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) /FL = gb: NM_001778.1 gb: M37766.1 gb: M59904.1
-2,0457	2,013773	16,67	Ascend nte	9,72E-04	AI422986	EST
-1,37391	2,670539	16,5	Ascend nte	1,44E-02	NM_006605	Similar a la proteína 2 dedo ret de Homo sapiens (RFPL2), ARNm. /PROD = similar a la proteína 2 dedo ret /FL = gb: NM_006605.1
-3,51429	0,527621	16,47	Ascend nte	2,50E-03	AA352113	EST
-0,15629	3,869435	16,29	Ascend nte	4,57E-04	AI799018	EST
-0,81856	3,176308	15,94	Ascend nte	8,74E-05 AI 129628	EST	
-2,38787	1,575045	15,59	Ascend nte	9,00E-03	BC003517	Homo sapiens, clon IMAGE: 3542589, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3542589)
-1,39784	2,47691	14,67	Ascend nte	2,38E-03	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina
-2,20139	1,663866	14,57	Ascend nte	7,98E-05	AI913749	EST
-3,18081	0,676419	14,49	Ascend nte	2,33E-04	AW449813	Proteína KIAA0918
-2,14545	1,70837	14,46	Ascend nte	3,27E-03	NM_015831	Acetilcolinesterasa (grupo sanguíneo YT) (ACHE), variante del transcrito E4–E5, ARNm. /PROD = precursor de la forma ligada a PI e la acetilcolinesterasa /FL = gb: NM_015831.1

ES 2 663 421 T3

-2.233	1,502044	13,32	Ascendente	1,33E-03	NM_014862	Producto génico KIAA0307 de Homo sapiens (KIAA0307), ARNm /PROD = producto génico KIAA0307 /FL = gb: AB002305.1 gb: NM_014862.1
-0,21464	3,518576	13,3	Ascendente	5,92E-04	NM_005045	Reelina (RELN) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = reelina /FL = gb: U79716.1 gb: NM_005045.1
-0,96765	2,760723	13,25	Ascendente	1,83E-04	NM_024426	Tumor 1 de Wilms (WT1) de Homo sapiens, variante D del transcrito, ARNm. /PROD = isoformA D del tumor 1 de Wilms /FL = gb: NM_024424.1 gb: NM_024426.1
1,076427	4,796662	13,18	Ascendente	6,25E-05	AI640307	Protocadherina 10
1,197921	4,916826	13,17	Ascendente	6,25E-05	AW150720	Proteína hipotética FLJ10262
0,366041	4,082294	13,14	Ascendente	1,82E-04	AI242583	ADNc de Homo sapiens FLJ11550 fis, clon HEMBA1002970
-0,13396	3,581638	13,14	Ascendente	5,99E-04	NM_006206	Alfa polipéptido del receptor del factor de crecimiento derivado de las plaquetas (PDGFRA), ARNm. IPRGU = receptor del factor de crecimiento derivado de las plaquetas, alfa-polipéptido /FL = gb: NM_006206.1 gb: M21574.1
-2,08299	1,631534	13,13	Ascendente	3,64E-02	NM_002048	Proteína 1 específica del cese de crecimiento (GAS 1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 específica del cese de crecimiento /FL = gb: NM_002048.1 gb: L13698.1
0,502235	4,214192	13,1	Ascendente	2,47E-04	NM_014899	Proteína de KIAA0878 de Homo sapiens (KIAA0878), ARNm. /PROD = proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
0,500662	4,2088	13,07	Ascendente	4,57E-04	AB043703	ARNm de FZD8 de Homo sapiens para el receptor de siete dominios transmembrana Frizzled-8, cds completa. /PROD = receptor de siete dominios transmembrana Frizzled-8 /FL = gb: AB043703.1
-1,80959	1,846066	12,6	Ascendente	2,72E-03	BF447246	Proteína KIAA0960
0,804491	4,446299	12,48	Ascendente	2,36E-04	AA583044	proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1

ES 2 663 421 T3

0,937118	4,57509	12,45	Ascendente	7,47E-05	AU 151342	ADNc de Homo sapiens FLJ12935 fis, clon NT2RP2004982
2,428694	6,062052	12,41	Ascendente	7,98E-05	BF510715	Factor 4 de crecimiento de fibroblastos (proteína 1 transformante secretora de heparina, oncogén de sarcoma de Kaposi) /FL = gb: M17446.1 gb: NM_002007.1
-4,25059	-0,61821	12,4	Ascendente	2,17E-02	AL834407	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp547H074 (del clon DKFZp547H074);
-2,64131	0,98784	12,37	Ascendente	4,22E-02	AU 157303	EST
1,370117	4,998653	12,37	Ascendente	2,02E-04	M33653	ARNm de colágeno de tipo IV alfa-2 (clones HT- (125,133)) humano (COL4A2) ARNm, cds completa. /PROD = colágeno de tipo IV alfa- 2 /FL = gb: M33653.1
-0,05814	3,523836	11,98	Ascendente	5,01 E-04	BF308645	Proteína KIAA1415
0,85401	4,424822	11,88	Ascendente	3,70E-04	NM_001742	Receptor de la calcitonina (CALCR) de Homo sapiens, ARNm /PROD = receptor de la calcitonina /FL = gb: AB022177.1 gb: NM_001742.1 gb: U26553.1 gb: U26554.1
-0,4843	3,086083	11,88	Ascendente	1,07E-04	NM_001766	Antígeno CD1D de Homo sapiens, polipéptido d (CD1 D), ARNm. /PROD = Antígeno CD1D, polipéptido d /FL = gb: NM_001766.1 gb: J04142.1
-3,03319	0,529885	11,82	Ascendente	3,86E-02	AI378026	EST
-0,45718	3,095926	11,74	Ascendente	2,21 E-04	BF939489	glicoproteína M6A /FL = gb: D49958.1
-1,35345	2,18761	11,64	Ascendente	3,72E-03	AW157571	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T00331 KIAA0555 (H. sapiens)
1,829497	5,364987	11,6	Ascendente	2,65E-04	AA534817	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
0,828954	4,325235	11,28	Ascendente	4,08E-04	AK026659	ADNc de Homo sapiens: FLJ23006 fis, clon LNG00414.

ES 2 663 421 T3

-1,68521	1,795916	11,17	Ascendente	5,31 E-03	NM_002770	Proteasa de serina, 2 (tripsina 2) (PRSS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteasa de serina, 2 (tripsina 2) /FL = gb: M27602.1 gb: NM_002770.1
-1,75731	1,71717	11,12	Ascendente	2,72E-02	BC008992	Homo sapiens, clon MGC: 16926 IMAGE: 4183000, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 16926) /FL = gb: BC008992.1
-0,33264	3,138536	11,09	Ascendente	2,48E-04	NM_020353	Fosfolípido escramblasa 4 de Homo sapiens (LOC57088), ARNm. /PROD = fosfolípido escramblasa 4 /FL = gb: NM_020353.1 gb: AF199023.1
-2,84061	0,614927	10,97	Ascendente	1,85E-03	AI123532	EST
-0,11092	3,32528	10,82	Ascendente	1,51 E-04	BF591483	EST
-2,87916	0,555292	10,81	Ascendente	6,20E-03	BF529886	ADNc de Homo sapiens FLJ39329 fis, clon OCBBF2015751.
0,378586	3,8114	10,8	Ascendente	6,60E-05	BF109231	EST
0,53123	3,962218	10,79	Ascendente	5,00E-04	BF112171	Proteína DKFZP564O0423
-1,82351	1,607197	10,78	Ascendente	1,13E-03	AA603467	Proteína ribosómica S11
-2,56291	0,847807	10,63	Ascendente	1,68502	BG532690	Integrina alfa-4 (antígeno CD49D, subunidad alfa 4 del receptor VLA-4)
0,1187	3,529403	10,63	Ascendente	1,31 E-04	N21184	Clúster Incl. N21184: ADNc de yx41a10.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE1118886 /clon_fin = 3 /gb = N21184 /gi = 1126354 /ug = Hs.93605 /len = 619
-3,12055	0,266255	10,46	Ascendente	1,87E-02	AW780006	EST
-0,27888	3,087584	10,31	Ascendente	1,05E-04	NM_003078	Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia b, miembro 3 (SMARCD3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia b, miembro 3 /FL = gb: NM_003078.1 gb

ES 2 663 421 T3

1,223968	4,582504	10,26	Ascende nte	1,32E-04	AL574912	EST, débilmente similar a la serina proteasa (H. sapiens)
-0,52859	2,828373	10,25	Ascende nte	6,20E-03	AW590614	EST
-1,20714	2,140319	10,18	Ascende nte	1,22E-03	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
1,59762	4,944335	10,17	Ascende nte	1,33E-03	NM_018649	Histona nuclear macroH2A2.2 (MACROH2A2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = histona nuclear macroH2A2.2 /FL = gb: AF151534.1 gb: NM_018649.1
-0,75724	2,582097	10,12	Ascende nte	5,49E-03	AL445192	Secuencia de ADN humano del clon RP11-269H4 en el cromosoma 20. Contiene el extremo 3 del gen KIAA1415 similar a la proteína 1 inductora de invasión y metástasis del linfoma T, EST, STS y GSS
0,884916	4,219652	10,09	Ascende nte	9,57E-05	NM_000104	Citocromo P450, subfamilia I (inducible con dioxina), polipéptido 1 (glaucoma 3 primario infantil) (CYP1 B1), ARNm. /PROD = polipéptido 1 del citocromo P450, subfamilia I (inducible por fenobarbital) /FL = gb: U03688.1 gb: NM_000104.2
-2,62694	0,700178	10,04	Ascende nte	8,15E-03	NM_000055	Butirilcolinesterasa (BCHE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la butirilcolinesterasa /FL = gb: M16541.1 gb: M16474.1 gb: NM_000055.1
1,388898	4,709109	9,99	Ascende nte	1,48E-04	BE620739	EST
0,345528	3,626449	9,72	Ascende nte	6,25E-05	AW276186	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ beta 1
1,563993	4,835093	9,65	Ascende nte	7,47E-05	NM_002413	Glutación-S-transferasa 2 microsomal (MGST2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutación-S-transferasa 2 microsomal /FL = gb: NM_002413.1 gb: U77604.1
0,923781	4,188917	9,61	Ascende nte	7,47E-05	BE897866	EST
-1,64839	1,585806	9,41	Ascende nte	1,44E-03	NM_004900	Forbolina de Homo sapiens (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) (DJ742C19.2), ARNm. /PROD = forbolina (similar a la proteína de edición de ARNm de apolipoproteína B) /FL = gb: NM_004900.1 gb: U61083.1

ES 2 663 421 T3

0,829254	4,053354	9,34	Ascende nte	1,19E-04	AV697515	Proteína hipotética FLJ 10262
-0,62897	2,594105	9,34	Ascende nte	2,12E-02	AI694545	EST
1,040647	4,25749	9,3	Ascende nte	6,25E-05	AI348094	Proteína KIAA0882
-2,10316	1,11071	1 9,28	Ascende nte	1,17E-02	H49805	EST
-0,67823	2,5328	9,26	Ascende nte	1,82E-04	AA040057	Protocadherina 20
-0,27302	2,923702	9,17	Ascende nte	3,58E-04	NM_014271	1 similar a la proteína accesoria del receptor de la interleuquina 1 (IL1RAPL1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = 1 similar a la proteína accesoria del receptor de la interleuquina 1 /FL = gb: AF284435.1 gb: NM_014271.1 gb: AF181284.1
0,205308	3,376912	9,01	Ascende nte	1,73E-04	BF509230	EST
-0,13427	3,027131	8,95	Ascende nte	1,71 E-04	D49958	ARNm de Homo sapiens para la glicoproteína de membrana M6, cds completa. /PROD = glicoproteína de membrana M6 /FL = gb: D49958.1
-0,95386	2,202339	8,91	Ascende nte	5,60E-04	AF312769	ARNm críptico de Homo sapiens, cds completa. /PROD = críptico /FL = gb: AF312769.1
-1,39976	1,747599	8,86	Ascende nte	1,07E-04	NM_005204	Proteína activada por mitógeno quinasa quinasa quinasa quinasa 8 (MAP3K8) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína activada por mitógeno quinasa quinasa quinasa 8 /FL = gb: NM_005204.1 gb: D14497.1
-1,12824	2,007285	8,79	Ascende nte	9,57E-05	AK021452	ADNc de FLJ11390 fis de Homo sapiens, clon HEMBA1000561, débilmente similar a la PROTEÍNA EN DEDO DE CINC 91.
4,042679	7,170301	8,74	Ascende nte	2,33E-04	NM_005454	Homólogo de cerberus 1 (Xenopus laevis) de Homo sapiens (superfamilia del nudo de cisteína) (CER1), ARNm. /PROD = cerberus 1 /FL = gb: NM_005454.1
2,430238	5,551898	8,7	Ascende nte	7,47E-05	NM_004929	Calbindina 1, (28 kD) (CALB1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = calbindina 1 /FL = gb: NM_004929.2
-3,17826	-0,07573	8,59	Ascende nte	2,88E-02	AI798098	EST

ES 2 663 421 T3

0,424882	3,515001	8,52	Ascende nte	1,13E-03	AI692659	Alfa proteína 1 del shock térmico de 90 kD,
2,19676	5,285103	8,51	Ascende nte	6,25E-05	AW26410	EST
-1,16113	1,925599	8,5	Ascende nte	9,58E-03	NM_012281	Canal dependiente de voltaje de potasio de Homo sapiens, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 (KCND2), ARNm. /PROD = Canal dependiente de voltaje de potasio, subfamilia relacionada con Shal, miembro 2 /FL = gb: NM_012281.1 gb: AB028967.1 gb: AF121104.1
1,071985	4,144927	8,41	Ascende nte	9,57E-05	NM_004560	Receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa (ROR2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa /FL = gb: M97639.1 gb: NM_004560.1
1,750623	4,809696	8,33	Ascende nte	2,20E-04	AA176289	EST
-1,25995	1,783805	8,25	Ascende nte	1,48E-03	AK026607	ADNc de Homo sapiens: FLJ22954 fis, clon KAT09813, altamente similar a AF010315 de Homo sapiens, ARNm de Pig11 (PIG11).
0,828899	3,847136	8,1	Ascende nte	6,55E-04	NM_001200	Proteína 2 morfogenética ósea (BMP2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
1,690321	4,701963	8,06	Ascende nte	1,26E-04	NM_014045	Proteína de DKFZP564C1940 de Homo sapiens (DKFZP564C1940), ARNm. /PROD = proteína DKFZP564C1940 /FL = gb: BC000424.1 gb: AF131760.1 gb: NM_014045.1
1,979568	4,987789	8,05	Ascende nte	7,98E-05	M17565	DQ- beta de MHC de clase II humano asociado con DRw6, proteína Dqw1, cds completa. /FL = gb: M17565.1
-0,75007	2,251382	8,01	Ascende nte	1,88E-03	AI681917	EST, altamente similar a la PROTEÍNA DE HOMEODOMINIO DE CLASE IROQUOIS DE RATÓN IRX-3 (M. musculus)
2,109037	5,094219	7,92	Ascende nte	5,90E-05	AW014927	calbindina 1, (28kD) /FL = gb: NM_004929.2
1,380324	4,364081	7,91	Ascende nte	2,74E-04	NM_006895	Histamina N-metiltransferasa (HNMT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = histamina N-metiltransferasa /FL = gb: NM_006895.1 gb: D16224.1 gb: U08092.1

ES 2 663 421 T3

0,143628	3,121397	7,88	Ascende nte	7,94E-03	AB037763	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1342, cds parcial. /PROD = proteína KIAAI 342 /FL = gb: AF299075.1
-0,20066	2,775234	7,87	Ascende nte	4,95E-04	NM_001609	Cadena de ramificación corta de la acil-Coenzima A deshidrogenasa (ACADSB) de Homo sapiens, gen nuclear que codifica la proteína mitocondrial, ARNm. /PROD = precursor de la cadena de ramificación corta de la acil-Coenzima A deshidrogenasa /FL = gb: U12778.1 gb: NM_001609.1
-2,1661	1 0,806244	7,85	Ascende nte	2,70E-02	NM_001977	Glutamil aminopeptidasa (aminopeptidasa A) (ENPEP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutamil aminopeptidasa (aminopeptidasa A) /FL = gb: L12468.1 gb: NM_001977.1 gb: L14721.1
0,007601	2,978021	7,84	Ascende nte	3,96E-04	N63706	EST
1,186033	4,154093	7,82	Ascende nte	1,02E-04	AI627704	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T17346 DKFZp586O1624.1 (H. sapiens)
1,207341	4,163803	7,76	Ascende nte	7,98E-05	M31213	ARNm de proteína codificada del carcinoma tiroideo papilar humano, cds completa. /FL = gb: M31213.1
0,106425	3,062268	7,76	Ascende nte	1,05E-04	NM_018371	Proteína hipotética FLJ 11264 (FLJ 11264), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ11264 /FL = gb: NM_018371.1
1,997597	4,940494	7,69	Ascende nte	8,49E-05	BC005997	Homo sapiens, clon MGC: 14801, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 14801) /FL = gb: BC005997.1
-0,29145	2,648165	7,67	Ascende nte	8,78E-04	AI197932	EST
-1,20098	1,732939	7,64	Ascende nte	8,76E-03	NM_001794	Cadherina 4, de tipo 1, R-cadherina (retiniana) (CDH4), ARNm. /PROD = cadherina 4, de tipo 1, R-cadherina (retiniana) /FL = gb: L34059.1 gb: NM_001794.1
-0,96106	1,954749	7,55	Ascende nte	3,03E-04	AU 153412	ADNc de Homo sapiens FLJ13136 fis, clon NT2RP3003139
4,072718	6,987624	7,54	Ascende nte	3,42E-04	AU 144598	molécula de reconocimiento celular Caspr2 /FL = gb: AF193613.1 gb: NM_014141.1

ES 2 663 421 T3

1,754933	4,669573	7,54	Ascendente	1,40E-04	NM_013231	Proteína 2 transmembrana rica en leucina de fibronectina (FLRT2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 2 transmembrana rica en leucina de fibronectina /FL = gb: AB007865.1 gb: AF169676.1 gb: NM_013231.1
-2,81405	0,095993	7,52	Ascendente	9,09E-03	AI694325	EST
-1,80965	1,082014	7,42	Ascendente	2,00E-02	NM_152506	Proteína hipotética FLJ32835 (FLJ32835) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_152506.1
0,360809	3,246455	7,39	Ascendente	7,76E-03	N47315	Sustrato de la proteína quinasa C y de la caseína quinasa en neuronas 1
-0,10733	2,776046	7,38	Ascendente	2,10E-03	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-1,44407	1,430083	7,33	Ascendente	1,37E-02	U91903	ARNm de Fritz humano, cds completa. /PROD = Fritz /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
2,383898	5,242759	7,25	Ascendente	9,57E-05	BF476502	Proteína hipotética FLJ11585
-1,74597	1,112559	7,25	Ascendente	3,28E-02	AW269818	Proteína hipotética FLJ23403 /FL = gb: NM_022068.1
-2,26295	0,569202	7,12	Ascendente	1,70E-02	AI735586	EST
-1,6164	1,213758	7,11	Ascendente	2,52E-02	X00452	ARNm humano para la cadena alfa del antígeno de histocompatibilidad de clase II DC. /PROD = cadena alfa del antígeno de histocompatibilidad de clase II DC
-0,13959	2,687835	7,1	Ascendente	3,70E-04	BG109855	ARNm de la región Cri-du-chat del clon TU A8 de Homo sapiens
-0,88175	1,936253	7,05	Ascendente	3,50E-03	AI650874	EST
-1,37453	1,440655	7,04	Ascendente	1,15E-02	AF 126966	ARNm de la isoforma a de la subunidad alfa 1G de los canales de calcio dependientes de voltaje (CACNA1G) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = isoforma a de la subunidad alfa 1G de los canales de calcio dependientes de voltaje /FL = gb: AF190860.1 gb: AF126966.1
-3,09265	-0,28152	7,02	Ascendente	9,07E-03	AI093492	EST

ES 2 663 421 T3

-0,54935	2,252035	6,97	Ascendente	1,12E-03	NM_006877	Guanosina monofosfato reductasa (GMPR), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = guanosina monofosfato reductasa /FL = gb: M24470.1 gb: NM_006877.1
1,956109	4,750668	6,94	Ascendente	2,21 E-04	AI332979	canal dependiente de voltaje de potasio, subfamilia G, miembro 1 /FL = gb: NM_002237.1 gb: AF033383.1
-1,26967	1,520668	6,92	Ascendente	7,48E-03	AW 16671	Proteína 1 KIAA0403
-0,23726	2,551912	6,91	Ascendente	3,23E-04	AA912476	ADNc de Homo sapiens FLJ13221 fis, clon NT2RP4002075
2,093848	4,875184	6,87	Ascendente	5,90E-05	AC004010	BAC humana, clon GS1 – 99H8
-0,96264	1,812987	6,85	Ascendente	6,20E-03	AB028998	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1075, cds parcial. /PROD = proteína KIAAI 075
-2,33994	0,434528	6,84	Ascendente	3,67E-02	AL 134708	EST
-2,08762	0,681751	6,82	Ascendente	2,01 E-02	AF052117	Secuencia de ARNm del clon 23809 de Homo sapiens.
0,323675	3,088394	6,8	Ascendente	8,50E-03	M32577	ARNm de HLA-DQ–beta del MHC humano, cds completa. /FL = gb: M32577.1
3,287037	6,047807	6,78	Ascendente	5,77E-04	AI633559	EST
-2,02151	0,737644	6,77	Ascendente	3,93E-03	BF062244	EST
-1,66608	1,08864	6,75	Ascendente	1,86E-02	BE673445	Cromosoma 19 de Homo sapiens 19, cósmido R28379
0,449168	3,190138	6,69	Ascendente	1,96E-04	AI688418	plexina A2
0,798972	3,539942	6,69	Ascendente	4,35E-04	AI082827	Proteína hipotética FLJ11585
0,83572	3,564527	6,63	Ascendente	1,99E-03	N21138	proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
1,231172	3,958844	6,62	Ascendente	2,36E-04	AI949419	EST
-2,31389	0,411671	6,61	Ascendente	1,05E-02	AF302494	ARNm de la subunidad MIRP2 de los canales de K+ dependientes de voltaje (KCNE3) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = subunidad MIRP2 de los canales de K+ dependientes de voltaje /FL = gb: NM_005472.1 gb: AF076531.1 gb: AF302494.1
1,415513	4,132936	6,58	Ascendente	3,18E-04	AI692703	Canales dependientes de voltaje de potasio, familia relacionada con Isk, miembro 3

ES 2 663 421 T3

0,631332	3,346113	6,56	Ascende nte	5,92E-04	AU 30705	EST, débilmente similar al factor de corte y empalme asociado a A46302 PTB, forma larga (H. sapiens)
3,954335	6,666275	6,55	Ascende nte	7,98E-05	AB020675	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA0868, cds parcial. /PROD = proteína KIAA0868 /FL = gb: AF193613.1 gb: NM_014141.1
-1,09181	1,620124	6,55	Ascende nte	2,00E-02	AI653050	EST, débilmente similar a pa HPPDJ-IU MAN A-HIDROXIFENILPIRUVATO DIOXIGENASA (H. sapiens)
1,888188	4,581731	6,47	Ascende nte	3,37E-04	AW340311	EST
-1,83503	0,855966	6,46	Ascende nte	6,85E-03	AA552969	EST
-2,08627	0,604316	6,46	Ascende nte	1,75E-03	N50714	EST
-1,2719	1,416234	6,44	Ascende nte	4,00E-03	NM_020406	Policitemia rubra vera 1; receptor de la superficie celular (PRV1), ARNm. /PROD = policitemia rubra vera 1; receptor de la superficie celular /FL = gb: NM_020406.1 gb: AF146747.1
2,444644	5,126622	6,42	Ascende nte	2,48E-04	AA789332	EST, moderadamente similar a la proteína KIAA1215 (H. sapiens)
-1,10551	1,574234	6,41	Ascende nte	1,76E-02	AL 136859	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434P1735 (del clon DKFZp434P1735); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AL136859.1
-1,30127	1,354641	6,3	Ascende nte	4,69E-04	AI003579	Familia 6 de transportadores de soluto (transportador de neurotransmisor, GABA), miembro 1 /FL = gb: NM_003042.1
-0,22337	2,432405	6,3	Ascende nte	5,31 E-03	NM_021822	Proteína MDS019 similar a la forbolina (MDS019) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína MDS019 similar a la forbolina DS019 /FL = gb: AF182420.1 gb: NM_021822.1
-1,25121	1,403996	6,3	Ascende nte	1,13E-03	R62432	Clúster Incl. R62432: ADNc de yg52e11.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-36023 /clon_fin = 3 /gb = R62432 /gi = 834311 /ug = Hs.12321 /len = 487
-1,55104	1,102459	6,29	Ascende nte	7,99E-04	AU157716	ADNc de Homo sapiens FLJ13585 fis, clon PLACE1009150
-2,47063	0,175591	6,26	Ascende nte	1,53E-02	H09657	EST

ES 2 663 421 T3

0,373467	3,018454	6,25	Ascende nte	1,79E-03	AU 151239	ADNc de Homo sapiens FLJ12927 fis, clon NT2RP2004743
1,861693	4,496649	6,21	Ascende nte	3,70E-04	AI374739	EST
-1,73396	0,890885	6,17	Ascende nte	1,62E-02	AU 145336	ADNc de Homo sapiens FLJ11655 fis, clon HEMBA1004554
1,586056	4,195825	6,1	Ascende nte	4,67E-04	Z83851	Secuencia de ADN humano del clon 989H11 en el cromosoma 22q13.1-13.2. Contiene parte de un nuevo gen, EST, STS, GSS y cuatro islas de CpG putativas
0,569298	3,178582	6,1	Ascende nte	3,18E-04	NM_000362	Inhibidor tisular de la metaloproteinasas 3 (distrofia de Sorsby del fondo, pseudoinflamatoria (TIMP3), ARNm. /PROD = precursor del inhibidor tisular de la metaloproteinasas 3 /FL = gb: NM_000362.2 gb: U14394.1 gb: U67195.1 gb: U02571.1
-2,13754	0,46922	6,09	Ascende nte	2,02E-02	BF000203	EST
0,013383	2,617624	6,08	Ascende nte	5,42E-03	L10374	Secuencia de ARNm humana (clon CTG-A4).
1,250788	3,85327	6,07	Ascende nte	1,09E-04	AF077040	ARNm de SIH003 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = SIH003 /FL = gb: AF077040.1
-1,09421	1,502221	6,05	Ascende nte	2,38E-03	AK023621	ADNc de FLJ13559 fis de Homo sapiens, clon PLACE1007852, altamente similar al ARNm para la proteína KIAA0878
0,466394	3,059875	6,04	Ascende nte	5,79E-04	NM_003121	Factor de transcripción Spi-B (relacionado con Spi-1 PU.1) (SPIB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor de transcripción Spi-B (relacionado con Spi-1 PU.1) /FL = gb: NM_003121.1
-0,18863	2,401303	6,02	Ascende nte	3,85E-03	AV700724	Proteína 4 de unión a GATA /FL = gb: NM_002052.1 gb: L34357.1 gb: D78260.1
2,182526	4,77117	6,02	Ascende nte	8,49E-05	NM_004010	Distrofina de Homo sapiens (distrofia muscular, de los tipos de Duchenne y Becker), incluye DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269, DXS270, DXS272 (DMD), el variante de transcrito Dp427p2, ARNm. /PROD = distrofina Dp427p2 isoforma /FL = gb: NM_004010.1

ES 2 663 421 T3

1,08211	3,666711	6	Ascendente	9,72E-04	AF010314	ARNm de Pig10 (PIG10) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = Pig10 /FL = gb: AF059611.1 gb: AF010314.1 gb: NM_003633.1 gb: BC000418.1 gb: AF005381.1
-1,4606	1,112751	5,95	Ascendente	1,20E-03	AW07210	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434H205 (del clon DKFZp434H205)
2,092702	4,657439	5,92	Ascendente	6,25E-05	AA700440	EST
0,513482	3,076608	5,91	Ascendente	3,96E-04	AU 154504	Citocromo P450, subfamilia I (inducible con dioxina), polipéptido 1 (glaucoma 3 primario infantil) /FL = gb: U03688.1 gb: NM_000104.2
-1,13676	1,422546	5,89	Ascendente	6,80E-03	AB023144	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA0927, cds parcial. /PROD = proteína KIAA0927
1,297014	3,854685	5,89	Ascendente	1,02E-04	NM_005756	Receptor 64 acoplado a proteína G de Homo sapiens (GPR64), ARNm. / PROD= receptor 64 acoplado a proteína G /FL = gb: NM_005756.1
-0,68272	1,867351	5,86	Ascendente	5,59E-03	AF159447	Supresor de Homo sapiens de ARNm condensado, forma 2 de corte y empalme alternativo, cds completa. /PROD = supresor del ARNm condensado /FL = gb: NM_016169.1 gb: AF159447.1 gb: AF175770.1
-3,12304	-0,58481	5,81	Ascendente	4,03E-02	NM_018018	Proteína hipotética FLJ10191 (FLJ10191) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10191 /FL = gb: NM_018018.1
1,163123	3,692873	5,77	Ascendente	1,63E-04	NM_002742	Proteína de quinasa C de Homo sapiens, mu (PRKCM), ARNm. /PROD = proteína quinasa C, mu /FL = gb: NM_002742.1
-0,35867	2,162789	5,74	Ascendente	1,69E-04	NM_001957	Receptor de tipo A de endotelina (EDNRA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor de tipo A de endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
2,405473	4,925144	5,73	Ascendente	6,25E-05	AI283093	EST

ES 2 663 421 T3

-1,58235	0,936512	5,73	Ascendente	1,59E-03	NM_018419	Caja 18 región Y determinante del sexo) SRY de Homo sapiens (SOX18), ARNm. /PROD =Caja 18 región Y determinante del sexo SRY /FL = gb: AF270652.1 gb: AB033888.1 gb: NM_018419.1
-1,88254	0,627373	5,7	Ascendente	6,20E-03	BF694956	Secuencia de ADN humano del clon RP1-187J11 en el cromosoma 6q11.1-22,33. Contiene el gen de una nueva proteína similar a las proteínas predichas de S. pombe y S. cerevisiae, el gen para una nueva proteína similar a los inhibidores de la proteína quinasa C, el extremo 3 de
-0,68545	1,817815	5,67	Ascendente	5,99E-03	BC035640	Homo sapiens, clon IMAGE: 5547405, ARNm.
-1,92555	0,569805	5,64	Ascendente	1,75E-03	BE856597	EST
3,313759	5,801354	5,61	Ascendente	1,18E-04	AB020657	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA0850, cds completa. /PROD = proteína KIAA0850 /FL = gb: AB020657.1 gb: AF161553.1 gb: AF205218.1 gb: NM_016389.1
4,49505	6,977964	5,59	Ascendente	6,25E-05	AK093435	ADNc de Homo sapiens FLJ36116 fis, clon TESTI2022338.
0,618056	3,100379	5,59	Ascendente	1,33E-04	BG165333	EST
-1,12392	1,354596	5,57	Ascendente	2,50E-03	T82147	EST
-1,17289	1,304294	5,57	Ascendente	6,03E-03	AW025980	EST, débilmente similar al precursor del factor de crecimiento de células B A47582 (H. sapiens)
-0,66753	1,784294	5,47	Ascendente	9,05E-04	AF284435	ARNm de TIGIRR-2 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = TIGIRR-2 /FL = gb: AF284435.1 gb: NM_014271.1 gb: AF181284.1
-0,04543	2,399112	5,44	Ascendente	1,46E-03	AB037730	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1309, cds parcial. /PROD = proteína KIAAI 309
-2,47478	-0,03132	5,44	Ascendente	8,96E-03	NM_152687	Proteína hipotética FLJ33641 (FLJ33641) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_152687.1

ES 2 663 421 T3

-1,89695	0,545787	5,44	Ascend nte	3,46E-03	AL136944	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586J0624 (del clon DKFZp586J0624); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AF215636.1 gb: NM_014585.1 gb: AF231121.1 gb: AF226614.1 gb: AL136944.1
1,095538	3,529324	5,4	Ascend nte	1,59E-04	AF319520	ARNm de ARG99 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = ARG99 /FL = gb: AF319520.1
2,130365	4,562488	5,4	Ascend nte	8,49E-05	BC005047	Homo sapiens, clon MGC: 12852, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 12852) /FL = gb: NM_001946.1 gb: AB013382.1 gb: BC003562.1 gb: BC003143.1 gb: BC005047.1
3,686635	6,118029	5,39	Ascend nte	1,82E-04	AF205218	ARNm de la proteína similar a la proteína de unión a NS1 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína similar a la proteína de unión a NS1 /FL = gb: AB020657.1 gb: AF161553.1 gb: AF205218.1 gb: NM_016389.1
1,298769	3,727597	5,38	Ascend nte	2,76E-04	AI123815	EST
1,182358	3,610132	5,38	Ascend nte	1,82E-04	AW270138	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1729, cds parcial
-1,39667	1,02491	5,36	Ascend nte	6,51 E-03	AI018174	EST
-0,47241	1,946888	5,35	Ascend nte	6,80E-03	NM_006604	Proteína 3 similar a la proteína dedo ret de Homo sapiens (RFPL3), ARNm. /PROD = proteína 3 similar a la proteína dedo ret /FL = gb: NM_006604.1
-0,68921	1,725879	5,33	Ascend nte	1,34E-04	NM_016546	Precursor de la proteinasa similar a C1 r del complemento de Homo sapiens (LOC51279), ARNm. /PROD = precursor de la proteinasa similar a C1 r del complemento, /FL = gb: AF178985.1 gb: NM_016546.1
-0,17505	2,238912	5,33	Ascend nte	1,05E-04	AA995925	Secuencia de ARNm del clon 23741 de Homo sapiens
-0,20099	2,21229	5,33	Ascend nte	1,55E-03	BF984830	1 inducida por ácido retinoico

ES 2 663 421 T3

2,377335	4,79048	5,33	Ascende nte	4,69E-04	NM_005328	Hialuronano sintasa 2 de Homo sapiens (HAS2), ARNm. /PROD = hialuronano sintasa 2 2/FL = gb: U54804.1 gb: NM_005328.1
-0,98665	1,425455	5,32	Ascende nte	1,34E-02	NM_001463	Proteína relacionada a frizzled (FRZB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína relacionada a frizzled /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
2,264046	4,672118	5,31	Ascende nte	1,25E-04	AL049589	Secuencia de ADN humano del clon 570L12 en el cromosoma Xq13.1-21,1. Contiene el gen PGK1 de la fosfoglicerato quinasa 1, el gen de una nueva proteína similar a TAF2G (factor asociado con la proteína de unión a la caja TATA (TBP), ARN polimerasa II G, 32 kD) (TAF...
-0,35323	2,046488	5,28	Ascende nte	2,37E-03	BM666010	ADNc de Homo sapiens FLJ23803 fis, clon HEP22811.
3,472109	5,867303	5,26	Ascende nte	7,98E-05	AW069729	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp434B2119 (del clon DKFZp434B2119); cds parcial.
0,977201	3,368558	5,25	Ascende nte	7,47E-05	AI656807	EST
2,732975	5,121756	5,24	Ascende nte	6,52E-04	AC005378	PAC de Homo sapiens clon RP5-1137M13 de 7q33- q35
1,592667	3,976725	5,22	Ascende nte	6,48E-04	AI978754	EST
1,008383	3,391251	5,22	Ascende nte	8,23E-04	BE397715	factor de transcripción 2 de la leucemia de precursores de células B /FL = gb: NM_002586.1
0,134434	2,516313	5,21	Ascende nte	3,13E-04	AV758821	EST, débilmente similar a la PROTEÍNA 13 DEDO DE CINC HUMANA Z132 (H. sapiens)
1,496791	3,877324	5,21	Ascende nte	8,49E-05	BF338045	calumenina
0,329872	2,705019	5,19	Ascende nte	1,05E-04	AI652899	EST
-0,39856	1,964554	5,14	Ascende nte	1,29E-03	BC019064	Similar a la proteína hipotética FLJ14743 de Homo sapiens, clon MGC: 29781 IMAGE: 4590587, ARNm, cds completa. /PROD = similar a la proteína hipotética FLJ 14743 /FL = gb: BC019064.1
0,462867	2,81993	5,12	Ascende nte	8,02E-03	AI807026	EST
0,385307	2,742224	5,12	Ascende nte	4,37E-04	BF435123	que contiene el bromodominio y dedo PHD, 3

ES 2 663 421 T3

-1,10371	1,252512	5,12	Ascend nte	9,04E-04	NM_005985	Snail 1 (homólogo de drosophila) de Homo sapiens, proteína dedo de cinc (SNAM), ARNm. /PROD = Snail 1 (homólogo de drosophila) proteína dedo de cinc /FL = gb: AF125377.1 gb: NM_005985.1
1,094591	3,449692	5,12	Ascend nte	1,02E-04	NM_024064	Proteína hipotética MGC5363 (MGC5363) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética MGC5363 /FL = gb: BC001000.2 gb: NM_024064.1
2,167442	4,520183	5,11	Ascend nte	4,37E-04	NM_001552	Proteína 4 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP4), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 4 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: M62403.1 gb: NM_001552.1
2,49682	4,845096	5,09	Ascend nte	2,00E-04	NM_014943	Proteína de KIAA0854 de Homo sapiens (KIAA0854), ARNm. /PROD = proteína KIAA0854 /FL = gb: NM_014943.1 gb: AB020661.1
0,089114	2,430633	5,07	Ascend nte	5,31 E-03	AW014734	EST
0,208844	2,544219	5,05	Ascend nte	4,90E-04	H09780	Secuencia de ARNm humana (clon CTG-A4)
1,38879	3,721503	5,04	Ascend nte	1,05E-04	D21254	ARNm humano para lar OB-cadherina-1, cds completa. /PROD = OB-cadherina-1 /FL = gb: L34056.1 gb: NM_001797.1 gb: D21254.1
-0,07494	2,251273	5,01	Ascend nte	8,04E-04	NM_001394	Fosfatasa 4 de especificidad doble (DUSP4) DE Homo sapiens, ARNm. / PROD= fosfatasa 4 de especificidad doble 4/FL = gb: NM_001394.2 gb: BC002671.1 gb: U48807.1 gb: U21108.1
2,115363	4,439619	5,01	Ascend nte	1,50E-04	NM_018700	Proteína de unión a cinc Rbcc728 (Rbcc728) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína Rbcc728 de unión a cinc /FL = gb: NM_018700.1
1,361153	-4,07391	43,26	Descend ente	4,28E-04	NM_014352	Factor de transcripción POU de Homo sapiens (OCT11), ARNm. /PROD = factor de transcripción POU /FL = gb: NM_014352.1 gb: AF133895.1 gb: AF162278.1

ES 2 663 421 T3

1,312148	-3,67593	31,74	Descend ente	2,15E-02	U32500	ARNm del receptor Y del neuropéptido de tipo 2 humano, cds completa. /PROD = receptor Y del neuropéptido de tipo 2 /FL = gb: U42766.1 gb: U36269.1 gb: U32500.1
3,409815	-1,40094	28,07	Descend ente	4,88E-03	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1
0,757197	-4,01309	27,29	Descend ente	5,31 E-03	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
5,187988	0,925716	19,19	Descend ente	1,82E-04	AA074145	homólogo de prolina oxidasa
3,862686	-0,33976	18,41	Descend ente	1,79E-03	NM_007115	Proteína 6 inducida por alfa del factor de necrosis tumoral (TNFAIP6) de Homo sapiens, ARNm / PROD= proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
0,579765	-3,61266	18,28	Descend ente	1,63E-03	AI393930	EST
3,77776	-0,38219	17,88	Descend ente	4,99E-04	BU729850	Proteína hipotética LOC153469
2,951696	-1,16992	17,41	Descend ente	5,31E-03	AB019562	ARNm de Homo sapiens expresado únicamente en las vellosidades de la placenta, clon SMAP41 .
1,143234	-2,96901	17,29	Descend ente	1,60E-04	BF437711	EST
3,268087	-0,81338	16,93	Descend ente	1,82E-04	AF345910	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NYD-SP14 /FL = gb: AF345910.1
3,113698	-0,8325	15,41	Descend ente	6,25E-05	NM_002196	1 asociada a insulinoma (INSM1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 asociada a insulinoma /FL = gb: NM_002196.1 gb: M93119.1
4,927935	1,009599	15,12	Descend ente	1,75E-04	J05008	Gen de la endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, cds completa /FL = gb: NM_001955.1
4,897427	1,053368	14,36	Descend ente	6,25E-05	R06655	EST, moderadamente similar a la proteína AF0788441 hqp0376 (H. sapiens)

ES 2 663 421 T3

2,271332	-1,54277	14,07	Descend ente	1,21 E-02	NM_015198	Proteína KIAA0633 (COBL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína KIAA0633 /FL = gb: NM_015198.1
3,025351	-0,68158	13,06	Descend ente	6,25E-05	AW590925	EST
0,961816	-2,64027	12,14	Descend ente	1,38E-02	AI796169	Proteína 3 de unión a GATA /FL = gb: NM_002051.1 gb: M69106.1 gb: BC003070.1
1,840613	-1,75619	12,1	Descend ente	1,31 E-02	AI949760	EST, débilmente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
2,350127	-1,16435	11,43	Descend ente	1,75E-03	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a la proteína 2 similar a toloide AF059516 (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.
2,36447	-1,11975	11,19	Descend ente	1,26E-04	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm. /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2
3,806044	0,35797	10,91	Descend ente	5,32E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
5,023981	1,579769	10,88	Descend ente	1,50E-04	NM_006472	Regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
7,564809	4,126951	10,84	Descend ente	6,52E-04	M83248	ARNm de nefropontina humana, cds completa. /PROD = nefropontina /FL = gb: M83248.1
4,055862	0,664604	10,49	Descend ente	9,57E-05	AK026815	ADNc de Homo sapiens: FLJ23162 fis, clon LNG09734.
3,437271	0,12475	9,94	Descend ente	3,82E-04	AB029025	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1102, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1102
2,129273	-1,1448	9,67	Descend ente	1,66E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
4,847114	1,573515	9,67	Descend ente	1,73E-04	NM_006474	Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón de (T1A-2), variante del transcrito, ARNm. /PROD = Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón, isoforma 2 /FL = gb: NM_006474.1 gb: AF030428.1

ES 2 663 421 T3

1,577138	-1,67271	9,51	Descend ente	7,76E-03	M15329	ARNm de interleuquina 1-alfa (IL-1A) humana, cds completa. /PROD = interleuquina 1- alfa /FL = gb: M15329.1
4,505436	1,287267	9,31	Descend ente	9,57E-05	W57613	EST
3,508683	0,294832	9,28	Descend ente	1,97E-04	AK027231	ADNc de Homo sapiens: FLJ23578 fis, clon LNG12709.
2,62025	-0,53251	8,89	Descend ente	5,60E-04	AA625683	EST
1,659275	-1,48435	8,84	Descend ente	9,40E-04	L16895	gen de la lisil oxidasa (LOX) humana, exón 7
5,207569	2,064859	8,83	Descend ente	2,72E-04	AA083478	Clon del ADNc del inserto de longitud completa del clon del ARNm de Homo sapiens EUROIMAGE 746039
2,306225	-0,8129	8,69	Descend ente	2,76E-04	AW444761	EST
2,000419	-1,10961	8,63	Descend ente	5,03E-03	NM_031272	Secuencia 14 expresada en el testículo (TEX14) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = secuencia 14 expresada en el testículo /FL = gb: NM_031272.1
5,450694	2,394209	8,32	Descend ente	9,84E-05	AF095771	Proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH (B1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH /FL = gb: AF095771.1
5,252439	2,196404	8,32	Descend ente	1,18E-03	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
4,507212	1,458704	8,27	Descend ente	1,26E-04	AW196940	EST
3,543738	0,544705	7,99	Descend ente	4,95E-04	NM_001955	Endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = endotelina 1 /FL = gb: NM_001955.1
3,334996	0,337521	7,99	Descend ente	1,34E-05	R40917	fosfodiesterasa 4D, fosfodiesterasa E3 de homólogo (Drosophila)-dunce) específico de AMPc /FL = gb: L20969.1 gb: NM_006203.1 gb: U02882.1
4,092731	1,098988	7,97	Descend ente	7,83E-04	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1

ES 2 663 421 T3

3,19487	0,215496	7,89	Descend ente	2,37E-03	NM_173553	Proteína hipotética FLJ25801 (FLJ25801) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_173553.1
5,388254	2,421904	7,82	Descend ente	3,23E-04	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
3,094055	0,128818	7,81	Descend ente	3,00E-04	AW18819	proteína 6 alfa-inducida, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
2,332751	-0,63023	7,8	Descend ente	9,35E-05	NM_000077	Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina de Homo sapiens (melanoma, p16, inhibe CDK4) (CDKN2A), ARNm. /PROD = Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina (melanoma, p16, inhibe CDK4) /FL = gb: NM_000077.1 gb: L27211.1
1,10782	-1,84525	7,74	Descend ente	3,46E-03	BC029425	Proteína similar a KIAA1275 de Homo sapiens, clon IMAGE: 4616553, ARNm.
3,655193	0,705514	7,73	Descend ente	3,18E-04	AI659927	ADNc de Homo sapiens: FLJ22547 fis, clon HSI00356
5,356771	2,412135	7,7	Descend ente	1,86E-04	W92036	EST
2,28595	-0,65294	7,67	Descend ente	2,78E-03	BE504838	EST
6,1137	3,198978	7,54	Descend ente	2,22E-04	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
4,738703	1,825888	7,53	Descend ente	1,59E-04	NM_014033	Proteína de DKFZP586A0522 de Homo sapiens (DKFZP586A0522), ARNm. /PROD = proteína DKFZP586A0522 /FL = gb: NM_014033.1
4,633038	1,723613	7,51	Descend ente	7,34E-05	NM_016931	NADPH oxidasa 4 (NOX4) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = NADPH oxidasa 4 /FL = gb: AF261943.1 gb: NM_016931.1 gb: AF254621.1 gb: AB041035.1

ES 2 663 421 T3

0,831091	-2,07313	7,49	Descend ente	1,64E-02	NM_153036	Proteína hipotética FLJ32239 (FLJ32239) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_153036.1
3,030236	0,148098	7,37	Descend ente	1,06E-03	AA812232	regulado por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
5,715937	2,845518	7,31	Descend ente	6,25E-05	U85658	ARNm de ERF-1 humano, cds completa. /PROD = ERF-1 /FL = gb: NM_003222.1 gb: U85658.1
2,597946	-0,264	7,27	Descend ente	1,96E-04	AW138143	EST
2,798327	-0,06241	7,26	Descend ente	1,59E-04	BF062943	Protocadherina 18
2,590871	-0,2675	7,25	Descend ente	5,03E-03	NM_016569	Isoproteína TBX3 de Homo sapiens, (TBX3-iso), ARNm. /PROD = isoproteína TBX3 /FL = gb: NM_016569.1 gb: AF216750.1
2,967768	0,161666	6,99	Descend ente	2,73E-03	AL121753	Secuencia de ADN humano del clon RP4-614O4 en el cromosoma 20q11.1-12. Contiene la parte 3 del gen de MMP24 (metaloproteínasa 24 de la matriz, insertada en la membrana)), el gen ITGB4BP (proteína de unión a la integrina beta 4), el extremo 3 de un gen nuevo, el extremo 3 o...
1,041706	-1,73204	6,84	Descend ente	3,48E-02	BF196010	EST
0,424388	-2,34418	6,81	Descend ente	3,04E-03	NM_002433	Glicoproteína mielina de oligodendrocitos (MOG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glicoproteína mielina de oligodendrocitos /FL = gb: U18798.1 gb: U64564.1 gb: NM_002433.1
6,307554	3,554438	6,74	Descend ente	3,96E-04	NM_006622	Quinasa inducible por suero (SNK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = quinasa inducible por suero /FL = gb: AF059617.1 gb: NM_006622.1 gb: AF223574.1
3,876749	1,137352	6,68	Descend ente	1,28E-03	AL574184	hidroxiprostaglandina deshidrogenasa 15- (NAD) /FL = gb: NM_000860.1 gb: L76465.1

ES 2 663 421 T3

7,67265	4,935152	6,67	Descend ente	3,86E-04	NM_002966	Proteína A10 de unión al calcio S100 de Homo sapiens (ligando de anexina II, calpactina I, polipéptido ligero (p11)) (S100A10), ARNm. /PROD = Proteína de unión a calcio S100 /FL = gb: M81457.1 gb: M38591.1 gb: NM_002966.1
3,127666	0,401912	6,62	Descend ente	4,36E-04	NM_003577	Factor de transcripción 1 (UTF1) de células embrionarias indiferenciadas de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Factor de transcripción 1 (UTF1) de células embrionarias indiferenciadas /FL = gb: NM_003577.1 gb: AB011076.1
2,677334	-0,04099	6,58	Descend ente	4,48E-04	NM_000094	colágeno, de tipo VII, alfa 1 (epidermoliosis ampollosa, distrófica, dominante y recesiva) (COL7A1), ARNm. /PROD = colágeno, de tipo VII, alfa 1 (epidermoliosis ampollosa, distrófica, dominante y recesiva) /FL = gb: L02870.1 gb: NM_000094.1
4,796495	2,100178	6,48	Descend ente	2,14E-05	AI653107	EST
1,075159	-1,6205	6,48	Descend ente	2,02E-02	J03580	Proteína similar a la paratiroidea humana (asociada con hipercalcemia humoral de la neoplasia maligna), ARNm, cds completa. /FL = gb: J03580.1
3,86075	1,187353	6,38	Descend ente	1,59E-04	U85995	Clúster Incl. U85995: ARNm de la proteína desconocida del clon IMAGE-22181 humana, cds parcial /cds = (0, 1291) /gb = U85995 /gi = 1835749 /ug = Hs.79340 /len = 1696
0,300578	-2,35535	6,3	Descend ente	2,44E--02	AU 10886	protimosina, alfa (secuencia génica 28)
0,182328	-2,47093	6,29	Descend ente	1,88E-02	BC036917	Homo sapiens, clon MGC: 46457 IMAGE: 5201433, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 46457) /FL = gb: BC036917.1

ES 2 663 421 T3

6,568635	3,918368	6,28	Descendente	1,51 E-04	AL031602	Secuencia de ADN humano del clon RP5-1174N9 en el cromosoma 1 p34.1 – 35.3. Contiene el gen de una nueva proteína con dominio IBR, un gen (¿pseudo?) para una nueva proteína similar a MT1 E (metalotioneína 1E (funcional)), EST, STS, GSS y dos Cp putativos.
1,639038	-1,00453	6,25	Descendente	5,77E-04	AW027879	EST, débilmente similar al precursor de decorina NBHUC8 (H. sapiens)
4,038177	1,406797	6,2	Descendente	1,02E-04	BF449053	EST
6,008797	3,380703	6,18	Descendente	1,64E-03	3 similar a W72516 dihidropirimidinas /FL=gb:NM_01387.1 gb:D78014.1	
2,098906	-0,52676	6,17	Descendente	2,78E-03	NM_003914	Ciclina A1 de Homo sapiens (CCNA1), ARNm. /PROD = ciclina A1 /FL = gb: NM_003914.1 gb: U66838.1
1,99849	-0,59877	6,05	Descendente	5,92E-04	NM_002317	Lisil oxidasa (LOX) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = lisil oxidasa /FL = gb: AF039291.1 gb: NM_002317.1 gb: M94054.1
2,982965	0,397911	6	Descendente	1,82E-04	AK026829	ADNc de Homo sapiens: FLJ23176 fis, clon LNG10452.
3,08363	0,500579	5,99	Descendente	1,74E-04	U73778	ARNm del precursor alfa-1 de colágeno de tipo XI humano (COL12A1). /PROD = alfa-1 de colágeno de tipo XI humano /FL = gb: NM_004370.3
0,857744	-1,71151	5,94	Descendente	4,12E-03	AB085901	ARNm de DBL de Homo sapiens para la variante 1 de corte y empalme del protooncogén de DBL, cds completa. /PROD = variante 1 de corte y empalme del protooncogén de DBL /FL = gb: AB085901.1
7,251816	4,700433	5,86	Descendente	3,86E-04	NM_000700	Anexina A1 de Homo sapiens (ANXA1), ARNm. /PROD = anexina I /FL = gb: BC001275.1 gb: NM_000700.1

ES 2 663 421 T3

5,318139	2,768691	5,85	Descendente	9,51 E-05	U87408	Clúster Incl. U87408: ARNm de la proteína desconocida del clon IMAGE-74593 humana, cds parcial /cds = (0, 1362) /gb = U87408 /gi = 1842104 /ug = Hs.79340 /len = 1982
0,668218	-1,87886	5,84	Descendente	1,56E-02	BE048571	EST
4,103964	1,5581	155,84	Descendente	8,74E-05	AA579773	EST
0,549053	-1,9953	5,83	Descendente	4,41 E-02	AI825645	EST, débilmente similar a la PROTEÍNA GBX-2 DE HOMEBOX HUMANA GBX-2 (H. sapiens)
2,98904	0,457127	5,78	Descendente	7,98E-05	AW138143	EST
3,280973	0,749482	5,78	Descendente	2,21 E-04	AL139377	Secuencia de ADN humano del clon RP11-251 J8 en el cromosoma 13 contiene EST, STS, GSS y una isla de CpG. Contiene dos genes nuevos con dos isoformas cada uno y el gen KIAA0610 con dos isoformas
2,750597	0,238017	5,71	Descendente	1,92E-02	NM_0069421	Caja 20 región Y determinante del sexo) SRY de Homo sapiens (SOX20), ARNm. /PROD =Caja 20 región Y determinante del sexo SRY /FL = gb: NM_006942.1 gb: BC000985.1 gb: AB006867.1
3,880272	1,369596	5,7	Descendente	1,82E-04	NM_0025	Precursor B del péptido 21 natriurético (NPPB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Precursor B del péptido natriurético /FL = gb: NM_002521.1 gb: M25296.1
2,324824	-0,18374	5,69	Descendente	2,00E-04	AL096771	Secuencia de ADN humana del clon RP1-238D15 en el cromosoma 6q12 - 14.3 Contiene parte del gen COL12A1 (colágeno, tipo XII, alfa-1) y STS
6,179917	3,681421	5,65	Descendente	6,25E-05	NM_000158	Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) de Homo sapiens (enzima ramificante de glucógeno, enfermedad de Andersen, enfermedad de almacenamiento de glucógeno tipo IV) (GBE1), ARNm. /PROD = Enzima 1 ramificante de glucano (1,4-alfa-) (enzima ramificante de glucógeno) /FL = gb: L07956.1 gb: NM_000158.1

ES 2 663 421 T3

6,777916	4,283022	5,64	Descend ente	3,42E-04	U15174	Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD (BNIP3) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = Proteína 3 de interacción con BCL2/adenovirus E1B 19 kD /FL = gb: AF002697.1 gb: NM_004052.2 gb: U15174.1
3,560033	1,066273	5,63	Descend ente	4,18E-04	U38945	ARNm de la proteína hipotética de 18,1 kD humana (CDKN2A), cds completa. /FL = gb: U38945.1 gb: U26727.1
2,64743	0,1565	5,62	Descend ente	7,06E-03	AI702438	EST
4,981033	2,492173	5,61	Descend ente	7,98E-05	NM_0006	Inhibidor de la serina (o 02 cisteína) proteinasa, clado E (nexina, inhibidor del activador del plasminógeno tipo 1), miembro 1 (SERPINA 1), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Inhibidor de la serina (o cisteína) proteinasa, clado E (nexina, inhibidor del activador de plasminógeno, de tipo 1), miembro
5,13621	2,649783	5,6	Descend ente	1,82E-04	BC013944	Polipéptido 7 pesado similar a miosina músculo cardiaco, beta clon IMAGE: 4064393, ARNm.
2,648874	0,170587	5,57	Descend ente	2,39E-04	AW00753	Proteína 5 de unión al 2 factor de crecimiento similar a la insulina humana (IGFBP5), ARNm
4,285883	1,811154	5,56	Descend ente	1,26E-04	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4
3,41866	0,980192	5,42	Descend ente	3,42E-04	AA149250	EST, débilmente similar al PRECURSOR PROTEICO WDNM1 DE RATA WDNM (R. norvegicus)
3,932141	1,49687	5,41	Descend ente	6,25E-05	NM_004490	Proteína 14 unida al receptor del factor de crecimiento de Homo sapiens (G RB 14), ARNm. / PROD= proteína 14 unida al receptor del factor de crecimiento /FL = gb: L76687.1 gb: NM_004490.1
4,64236	2,208805	5,4	Descend ente	4,99E-04	AB019695	ARNm de Homo sapiens para tioredoxina reductasa II beta, cds completa. /PROD = tioredoxina reductasa II beta /FL = gb: AB019695.1
2,256481	-0,17666	5,4	Descend ente	2,51 E-03	NM_018495	Proteína NAG22 de Homo sapiens (LOC55873), ARNm. /PROD = proteína NAG22 /FL = gb: AF247820.3 gb: NM_018495.3

ES 2 663 421 T3

2,93223	0,515985	5,34	Descend ente	1,40E-03	J05594	ARNm de 15- hidroxiprostaglandina deshidrogenasa dependiente de NAD+ (PDGH), cds completa. /PROD = 15-hidroxiprostaglandina deshidrogenasa dependiente de NAD+ /FL = gb: J05594.1
3,557525	1,145962	5,32	Descend ente	1,74E-04	BF514079	factor 4 similar a Kruppel 4 (intestino)
6,844763	4,45073	5,26	Descend ente	5,92E-04	AF003114	ARNm de CYR61 de Homo sapiens, cds completa. /FL = gb: AF003114.1
3,947271	1,57134	5,19	Descend ente	3,82E-04	AI928035	EST
4,835771	2,460275	5,19	Descend ente	1,74E-04	AL574210	Inhibidor de la serina (o cisteína) proteínasa, clado E (nexina, inhibidor del activador del plasminógeno tipo 1), miembro 1 /FL = gb: NM_000602.1 gb: M16006.1
5,332534	2,96686	5,15	Descend ente	2,34E-04	AW189885	Protocadherina 18
5,43052	3,069652	5,14	Descend ente	2,73E-04	AU154455	Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón
3,041407	0,703421	5,06	Descend ente	1,48E-04	NM_004472	Caja D1 forkhead (FOXD1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Caja D1 forkhead /FL = gb: U59832.1 gb: NM_004472.1

F) H9P39 en el estadio DE 72 h frente a EXPRES 01-Los valores de intensidad están en formato Log2

EXPRES 01	72 h DE	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-4,01441	5,083597	547,99	Ascende nte	9,50E-05	ABMS021	Clúster Incl. AB028D21: ARNm de HNF-3beta para el factor 3 beta nuclear de hepatocitos de Homo sapiens, cds completa /cds = (196,156) /gb = AB028021 /gi = 4958949 /ug = Hs.155651 /len = 1944
-4,79201	3,675687	354,02	Ascende nte	7,11E-05	NM_012431	Dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E de Homo sapiens (SEMA3E), ARNm. /PROD = dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E /FL = gb: NM_012431.1 gb: AB002329.1
-5,25658	3,066715	320,3	Ascende nte	5,36E-05	AW005572	Proteína putativa de 47 kD

ES 2 663 421 T3

-0,80043	7,317513	277,81	Ascendente	3,10E-05	D87811	ARNm de Homo sapiens para GATA-6, cds completa. /PRODJ = GATA-6 /FL = gb: U66U75.1 gb: NM_005257.1 gb: D87811.1
-3,8752	4,204423	270,53	Ascendente	1,89E-05	AB028021	ARNm de HNF-3beta de Homo sapiens para el factor nuclear 3 beta de hepatocitos, cds completa. /PROD = factor nuclear 3 beta de hepatocitos /FL = gb: AB028021.1 gb: NM_021784.1
-3,26893	4,729085	255,65	Ascendente	3,66E-05	NM_001785	Citidina desaminasa (CDA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = citidina desaminasa /FL = gb: L27943.1 gb: NM_001785.1
-4,29896	3,360647	202,2	Ascendente	1.855-05	AY177407	ARNm de goosecoid de la proteína de homeobox de Homo sapiens, cds completa. /PROD = goosecoid de la proteína de homeobox /FI. = gb: AY177407.1 gb: NM_173849.1
-4,50758	2,853368	164,39	Ascendente	5,73E-05	receptor de tipo A de la endotelina AU118882 /FL=gb:NM_01957.1 gb:L06622.1	
-1,111159	6,244682	163,85	Ascendente	1,85E-05	NM_003867	Factor 17 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (FGF17), ARNm /PROD = factor 17 del crecimiento de fibroblastos /FL = gb: NM_003867.1 gb: AB009249.1
-0,26005	7,057553	159,52	Ascendente	8,58E-05	R72286	Proteína 4 asociada a las microfibrillas
-3,62742	3,595825	149,42	Ascendente	1,19E-03	AA772920	EST
-3,61621	3,595293	148,21	Ascendente	7,06E-04	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-1,32044	5,888668	147,96	Ascendente	1,62E-03	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis 3/FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-0,83997	6,288395	139,91	Ascendente	1,06E-04	AI821669	EST

ES 2 663 421 T3

-1,89695	5,066236	124,78	Ascendente	5,04E-05	AL136944	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586J0624 (del clon DKFZp586J0624); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AF215636.1 gb: NM_014585.1 gb: AF231121.1 gb: AF226614.1 gb: AL136944.1
-2,90798	4,005677	120,56	Ascendente	7,41 E-05	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-3,39007	3,146077	92,81	Ascendente	2,92E-03	NM_006614	Molécula de adhesión celular de Homo sapiens con homología a L1CAM (homólogo próximo de L1) (CHL1), ARNm. /PROD = molécula de adhesión celular de Homo sapiens con homología a L1CAM (homólogo próximo de L1) /FL = gb: AF002246.1 gb: NM_006614.1
-4,63418	1,846961	89,33	Ascendente	5,54E-03	BF112218	EST
-2,0457	4,332524	83,18	Ascendente	1,95E-04	AI422986	EST
0,756526	7,130796	82,96	Ascendente	2,44E-05	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-3,17056	3,11271	1 77,88	Ascendente	5,66E-05	AI801626	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SB2 HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-2,5679	3,691959	76,63	Ascendente	1,85E-05	AL121722	Secuencia de ADN humano del clon RP4-788L20 en el cromosoma 20 contiene el gen HNF3B (factor nuclear 3 beta de hepatocitos), un nuevo gen basado en EST, EST, STS, GSS e islas de CpG
-3,12184	3,093954	74,33	Ascendente	1,27E-04	AI700341	EST
-3,51429	2,6835	73,4	Ascendente	7,26E-04	AA352113	EST
0,502235	6,679567	72,37	Ascendente	8,17E-06	NM_014899	Proteína de KIAA0878 de Homo sapiens (KIAA0878), ARNm. /PROD = proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1

ES 2 663 421 T3

-3,7619	2,400862	71,64	Ascend nte	4,61 E-05	NM_016179	Canal 4 del receptor de potencial transitorio de Homo sapiens (TRPC4), ARNm. PROD = receptor de potencial transitorio 4 3/FL = gb: NM_016179.1 gb: AF175406.1
-1,6631	1 4,46486	69,94	Ascend nte	3,60E-04	S69738	MCP-1 = proteína quimiotáctica de monocitos (células endoteliales, aórticas, humanas, ARNm, 661 nt). /PROD = MCP-1
-2,26295	3,775709	65,74	Ascend nte	1,21 E-03	AI735586	EST
-3,20091	2,823883	65,11	Ascend nte	8,22E-03	NM_002614	Dominio PDZ de Homo sapiens que contiene 1 (PDZK1), ARNm. /PROD = dominio PDZ que contiene 1 /FL = gb: NM_002614.1 gb: AF012281.1
-0,81978	5,17876	63,94	Ascend nte	1,52E-04	AI824037	EST, débilmente similar al RECEPTOR FC EPSILON DE INMUNOGLOBULINA DE BAJA AFINIDAD DE RATÓN FCE2 (M. musculus)
-3,10357	2,888163	63,63	Ascend nte	1,85E-05	NM_001453	Caja C1 forkhead (FOXC1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Caja C1 forkhead /FL = gb: NM_001453.1
-0,41404	5,48675	59,75	Ascend nte	1,39E-04	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-4,29055	1,60372	59,48	Ascend nte	5,86E-05	AI337300	Homo sapiens, clon MGC: 4604, ARNm, cds completa /FL = gb: BC004219.1
-1,70149	4,121658	56,62	Ascend nte	6,46E-04	AF225426	ARNm de HT016 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = HTOI 6 /FL = gb: AF225426.1
-2,07937	3,707398	55,21	Ascend nte	2,52E-03	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
0,800949	6,56634	54,39	Ascend nte	2,72E-07	NM_030781	Receptor secuestrante con lectina de tipo C (SRCL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor secuestrante con lectina de tipo C /FL = gb: NM_030781.1
-2,72686	2,973219	51,99	Ascend nte	1,82E-04	AI692180	Proteína de interacción con PTPRF, proteína 2 de unión (liprina beta 2)

ES 2 663 421 T3

-1,55323	4,113731	50,81	Ascendente	2,92E-05	AI821586	EST, moderadamente similar a la proteína 1 b asociada con la transantibilidad derivada de células JE0284 Mm-1 (H. sapiens)
-3,53873	2,127137	50,77	Ascendente	4,17E-04	AI675836	Secuencia de ADN humano del clon RP11-446H 13 en el cromosoma 10. Contiene el extremo 3 del gen para una nueva proteína similar a KIAA1059 (ortólogo de la proteína receptora de dominio VPS10 de ratón SORCS), un RPL23A (proteína 23A ribosómica 60s), EST, STS
-2,45311	3,17372	49,41	Ascendente	1,17E-02	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
-2,91295	2,704851	49,1	Ascendente	5,98E-03	AW005572	Proteína putativa de 47 kD
-1,44407	4,173723	49,1	Ascendente	1,23E-03	U91903	ARNm de Fritz humano, cds completa. /PROD = FrKz /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
-0,77864	4,836717	49,02	Ascendente	2,61 E-04	NM_022055	Reservado (KCNK12) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = canal de potasio dominio de poros en tándem TH IK-2 /FL = gb: NM_022055.1 gb: AF287302.1
-3,90126	1,704039	48,68	Ascendente	2,65E-04	AI004009	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SQ HUMANA ALU7 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
1,388898	6,98175	48,26	Ascendente	1,85E-05	BE620739	EST
-3,91992	1,582406	45,33	Ascendente	1,28E-04	AL553774	Proteína KIAA1462
-2,50168	2,984782	44,83	Ascendente	6,69E-03	X16468	ARNm humano para el colágeno alfa-1 de tipo II.
-1,71797	3,748284	44,21	Ascendente	2,10E-03	AL524520	Receptor 49 acoplado a proteína G
-0,5292	4,934946	44,14	Ascendente	7,15E-04	AL 127440	EST
-0,69028	4,756395	43,61	Ascendente	1,42E-04	M16276	ARNm de HLA-DR2-Dw12 del MHC de clase II humano DQw1 - beta, cds completa. /FL = gb: NM_002123.1 gb: M16276.1 gb: M60028.1 gb: M17564.1 gb: M81141.1 gb: M81140.1

ES 2 663 421 T3

0,83572	6,263504	43,05	Ascendente	8,83E-05	N21138	proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
-2,61405	2,778049	41,99	Ascendente	4,08E-05	U71207	ARNm del homólogo ausente de ojos humanos (Eab1), cds completa. /PROD = Eab1 /FL = gb: NM_005244.1 gb: U71207.1
-3,54017	1,841563	41,69	Ascendente	9,86E-04	NM_002091	Péptido liberador de gastrina (GRP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = péptido liberador de gastrina /FL = gb: NM_002091.1 gb: K02054.1 gb: BC004488.1
-2,39338	2,964195	41	Ascendente	2,62E-03	M17955	ARNm de HLA-DQ-beta del MHC de clase II humano, cds completa. /FL = gb: M33907.1 gb: M17955.1 gb: M16996.1 gb: M17563.1 gb: M20432.1 gb: M26042.1
-1,77041	3,564655	40,37	Ascendente	1,48E-03	NM_003966	Dominio sema de Homo sapiens, siete repeticiones de trombospondina (tipo 1 y similar al tipo 1), dominio transmembrana (TM) y dominio citoplasmático corto (semaforina) 5A (SEMA5A), ARNm. /PROD = siete repeticiones de trombospondina (tipo 1 y similar al tipo 1), dominio transmembrana
-0,27888	5,053648	40,29	Ascendente	4,00E-05	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc /FL = gb: AF225513.1
-2,4051	2,925248	40,23	Ascendente	2,25E-05	NM_021020	Gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina de Homo sapiens (FEZ1), ARNm. /PROD = gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina /FL = gb: AF123659.1 gb: NM_021020.1
-2,16079	3,152396	39,76	Ascendente	4,00E-05	NM_000552	Factor de von Willebrand (VWF), ARNm. /PROD = precursor del factor de von Willebrand /FL = gb: NM_000552.2
-2,6422	2,666218	39,63	Ascendente	1,85E-05	BF589787	EST

ES 2 663 421 T3

-1,09421	4,204596	39,36	Ascend nte	7,37E-05	AK023621	ADNc de FLJ13559 fis de Homo sapiens, clon PLACE1007852, altamente similar al ARNm para la proteína KIAA0878
-3,7558	1,527474	38,94	Ascend nte	3,02E-03	AW473656	EST
-3,21708	2,015336	37,59	Ascend nte	1,57E-04	NM_004438	EphA4 de Homo sapiens (EPHA4), ARNm. /PROD = EphA4 /FL = gb: L36645.1 gb: NM_004438.1
-0,18256	5,019816	36,82	Ascend nte	1,85E-05	AI583173	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ beta 1
-0,18863	5,007893	36,67	Ascend nte	3,26E-04	AV700724	Proteína de unión a GATA /FL = gb: NM_002052.1 gb: L34357.1 gb: D78250.1
-2,69284	2,499705	36,57	Ascend nte	6,77E-03	R33964	ADNc de Homo sapiens FLJ11022 fis, clon PLACE1003771
0,804491	5,966318	35,8	Ascend nte	4,00E-05	AA583044	proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
0,828899	5,985645	35,67	Ascend nte	4,40E-05	NM_001200	Proteína 2 morfogenética ósea (BMP2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
0,663834	5,813725	35,5	Ascend nte	7,23E-05	AI817041	Receptor acoplado a proteína G
-2,83906	2,291355	35,03	Ascend nte	8,28E-05	T15545	EST
-3,25309	1,849989	34,37	Ascend nte	1,65E-03	AL050154	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586L0120 (del clon DKFZp586L0120);
0,713597	5,813528	34,3	Ascend nte	2,17E-04	BF508344	EST
-1,61054	3,372801	31,63	Ascend nte	6,80E-04	AW264204	EST
-3,31261	1,666545	31,54	Ascend nte	5,69E-04	BG397856	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ alfa 1
-1,35345	3,621423	31,45	Ascend nte	7,05E-04	AW157571	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T00331 KIAA0555 (H. sapiens)
-0,81856	4,154852	31,42	Ascend nte	2,94E-05	AU 29628	EST
-0,45718	4,48679	30,78	Ascend nte	6,26E-05	BF939489	glicoproteína M6A /FL = gb: D49958.1
0,424882	5,366945	30,74	Ascend nte	1,58E-04	AI692659	Alfa proteína 1 del shock térmico de 90 kD,
-0,95386	3,986146	30,7	Ascend nte	7,87E-05	AF312769	ARNm críptico de Homo sapiens, cds completa. /PROD = críptico /FL = gb: AF312769.1

ES 2 663 421 T3

-1,39784	3,506506	29,95	Ascendente	9,97E-04	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina
-0,47614	4,408298	29,54	Ascendente	3,38E-05	BF508639	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434E082 (del clon DKFZp434E082)
-3,12747	1,716365	28,72	Ascendente	9,08E-04	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
-2,81405	2,019329	28,51	Ascendente	9,96E-04	AI694325	EST
1,829497	6,661623	28,48	Ascendente	3,89E-05	AA534817	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-1,42034	3,409373	28,44	Ascendente	4,12E-04	BE737251	ADNc de Homo sapiens: FLJ22482 fis, clon HRC10859, altamente similar a I R0180147 de Homo sapiens, ARNm del inserto de ADNc de longitud completa, clon EUROIMAGE 180147
1,563993	6,383462	28,24	Ascendente	1,85E-05	NM_002413	Glutación-S-transferasa 2 microsomal (MGST2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutación-S-transferasa 2 microsomal /FL = gb: NM_002413.1 gb: U77604.1
1,314051	6,126464	28,1	Ascendente	1,89E-05	BC000740	Receptor B de colecistoquinina de Homo sapiens, clon MGC: 2199, ARNm, cds completa. /PROD = receptor B de colecistoquinina /FL = gb: L07746.1 gb: L08112.1 gb: S70057.1 gb: BC000740.1 gb: L04473.1 gb: NM_000731.1
0,420056	5,197721	27,43	Ascendente	1,85E-05	NM_012242	Homólogo 1 de dickkopf (Xenopus laevis) (DKK1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo 1 de dickkopf (Xenopus laevis) /FL = gb: AF177394.1 gb: NM_012242.1 gb: AF127563.1
-1,54464	3,22856	27,34	Ascendente	5,11 E-05	AI743534	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564B1162 (del clon DKFZp564B1162); cds completa /FL = gb: AL136646.1
-4,15276	0,598294	26,93	Ascendente	1,83E-04	AA129444	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1263, cds parcial
-1,83503	2,912585	26,86	Ascendente	8,60E-04	AA552969	EST

ES 2 663 421 T3

0,442286	5,16846	26,47	Ascendente	1,85E-05	NM_001778	Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) (CD48), ARNm. /PROD = Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) /FL = gb: NM_001778.1 gb: M37766.1 gb: M59904.1
-2,05438	2,666454	26,37	Ascendente	5,65E-03	BG29090	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-3,25961	1,457558	26,3	Ascendente	1,49E-02	NM_016341	Fosfolipasa C enriquecida de páncreas de Homo sapiens (LOC51196), ARNm. /PROD = fosfolipasa C enriquecida de páncreas /FL = gb: AF117948.1 gb: NM_016341.1 gb: AF190642.2
-0,68225	4,022195	26,07	Ascendente	4,08E-05	N48299	EST, moderadamente similar a NFY-C (H. sapiens)
-0,37709	4,293707	25,47	Ascendente	5,32E-05	AU 152102	ADNc de Homo sapiens FLJ12993 fis, clon NT2RP3000197
-0,13959	4,521681	25,3	Ascendente	5,89E-05	BG109855	ARNm de la región Cri-du-chat del clon TUA8 de Homo sapiens
-1,80965	2,799751	24,41	Ascendente	4,74E-03	NM_152506	Proteína hipotética FLJ32835 (FLJ32835) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_152506.1
1,275191	5,879425	24,32	Ascendente	3,33E-05	AI587307	Proteína hipotética FLJ12838 /FL = gb: NM_024641.1
-3,79684	0,804733	24,28	Ascendente	2,78E-04	AK026720	ADNc de Homo sapiens: FLJ23067 fis, clon LNG04993.
-0,13427	4,467037	24,27	Ascendente	2,87E-05	D49958	ARNm de Homo sapiens para la glicoproteína de membrana M6, cds completa. /PROD = glicoproteína de membrana M6 /FL = gb: D49958.1
1,997597	6,595913	24,22	Ascendente	2,84E-05	BC005997	Homo sapiens, clon MGC: 14801, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 14801) /FL = gb: BC005997.1
-2,9769	1,607498	23,99	Ascendente	1,19E-02	AW612111	EST
-3,10679	1,463399	23,76	Ascendente	3,41E-04	N59476	EST
-2,06656	2,502146	23,73	Ascendente	2,55E-03	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST

ES 2 663 421 T3

0,007601	4,558709	23,44	Ascendente	1,02E-04	N63706	EST
-0,15629	4,385668	23,3	Ascendente	2,61 E-04	AI799018	EST
-3,10838	1,4221	23,11	Ascendente	3,43E-04	N50412	EST
-2,50006	1,997519	22,59	Ascendente	1,83E-03	U66061	Cadena beta del receptor de células T de la línea germinal humana TCRBV17S1A1 T, TCRBV2S1, TCRBV10S1P, TCRBV29S1P, TCRBV19S1P, TCRBV15S1, TCRBV11 S1A1T, HVB relic, TCRBV28S1P, TCRBV34S1, TCRBV14S1, TCRBV3S1, TCRBV4S1A1T, TRY4, TRY5, TRY6, TRY7, TRY8, TCRBD1, TCRBJ1S1, TCRB...
-0,98665	3,469502	21,95	Ascendente	1,93E-03	NM_0014	Proteína relacionada a frizzled-63 (FRZB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína relacionada a frizzled /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
-0,62897	3,790333	21,4	Ascendente	7,95E-03	AI694545	EST
0,500662	4,91845	21,37	Ascendente	1,92E-04	AB043703	ARNm de FZD8 de Homo sapiens para el receptor de siete dominios transmembrana Frizzled-8, cds completa. /PROD = receptor de siete dominios transmembrana Frizzled-8 /FL = gb: AB043703.1
-0,10733	4,302037	21,25	Ascendente	2,88E-04	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-0,70855	3,6919	21,12	Ascendente	4,93E-04	AI917371	EST
-3,53207	0,857843	20,97	Ascendente	1,12E-03	NM_0027	Proteasa 69 serina, 1 (tripsina 1) (PRSS1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteasa de serina, 1 (tripsina 1) /FL = gb: M22612.1 gb: NM_002769.1
1,168713	5,556831	20,94	Ascendente	2,43E-04	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína de 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1

ES 2 663 421 T3

-1,68521	2,69622	20,84	Ascendente	2,06E-03	NM_002770	Proteasa de serina, 2 (tripsina 2) (PRSS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteasa de serina, 2 (tripsina 2) /FL = gb: M27602.1 gb: NM_002770.1
-2,14813	2,233148	20,84	Ascendente	2,55E-04	NM_006034	Proteína inducida por p53 de Homo sapiens (PIG11), ARNm. /PROD = proteína inducida por p53 /FL = gb: AF010315.1 gb: BC000443.1 gb: BC003010.1 gb: NM_006034.1
-0,5982	3,780076	20,8	Ascendente	1,63E-02	AI806510	Proteína putativa de 47 kD
0,449168	4,82657	20,78	Ascendente	2,33E-05	AI688418	plexina A2
1,223968	5,565279	20,27	Ascendente	1,85E-05	AL574912	EST, débilmente similar a la serina proteasa (H. sapiens) irøS CXC R4
-1,83333	2,487663	19,99	Ascendente	2,10E-03	NM_006501	Proteína básica de oligodendrocitos asociada a la mielina (MOBP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína básica de oligodendrocitos asociada a la mielina /FL = gb: D28113.1 gb: NM_006501.1
-2,16064	2,095432	19,11	Ascendente	1,23E-02	NM_000475	Subfamilia 0 del receptor nuclear de Homo sapiens, grupo B, miembro 1 (NR0B1); ARNm /PROD = proteína de hipoplasia suprarrenal /FL = gb: NM_000475.2
1,861693	6,103583	18,92	Ascendente	2,59E-05	AI374739	EST
-3,47945	0,755598	18,83	Ascendente	5,51 E-04	NM_000854	Glutación-S-transferasa teta 2 2 (GSTT2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutación-S-transferasa teta 2 /FL = gb: L38503.1 gb: BC002415.1 gb: NM_000854.2
-1,25995	2,973193	18,81	Ascendente	2,98E-04	AK026607	ADNc de Homo sapiens: FLJ22954 fis, clon KAT09813, altamente similar a AF010315 de Homo sapiens, ARNm de Pig11 (PIG11).

ES 2 663 421 T3

-0,27888	3,946435	18,7	Ascendente	2,46E-05	NM_003078	Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia b, miembro 3 (SMARCD3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia b, miembro 3 /FL = gb: NM_003078.1 gb
1,740607	5,961556	18,65	Ascendente	2,25E-05	NM_002160	Hexabraquion de Homo sapiens (tenascina C, citotactina) (HXB9), ARNm /PROD = Hexabraquion (tenascina C, citotactina) /FL = gb: M55618.1 gb: NM_002160.1
-2,84061	1,378474	18,62	Ascendente	7,18E-04	AU 23532	EST
3,042634	7,250084	18,47	Ascendente	2,33E-05	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb: NM_005442.1
1,192657	5,39941	18,47	Ascendente	1,18E-04	NM_024641	Proteína hipotética FLJ12838 (FLJ 12838), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ12838 /FL = gb: NM_024641.1
-2,81453	1,375898	18,26	Ascendente	3,27E-02	BC014585	Homo sapiens, clon IMAGE: 4047715, ARNm.
0,476688	4,64635	18	Ascendente	1,14E-04	NM_024581	Proteína hipotética FLJ 13942 (FLJ 13942), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ13942 /FL = gb: NM_024581.1
-2,14545	2,018966	17,93	Ascendente	2,47E-03	NM_015831	Acetilcolinesterasa (grupo sanguíneo YT) (ACHE), variante del transcrito E4–E5, ARNm. /PROD = precursor de la forma ligada a PI e la acetilcolinesterasa /FL = gb: NM_015831.1
-2,24406	1,891442	17,58	Ascendente	4,96E-05	NM_003275	Tropomodulina (TMOD) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = tropomodulina /FL = gb: NM_003275.1 gb: M77016.1 gb: BC002660.1
-0,5777	3,557171	17,57	Ascendente	5,59E-04	BC036592	Homo sapiens, clon IMAGE: 4814184, ARNm.
-0,05814	4,076316	17,56	Ascendente	1,83E-04	BF308645	Proteína KIAA1415

ES 2 663 421 T3

-1,27748	2,846094	17,43	Ascende nte	1,96E-04	D78260	ARNm de Homo sapiens para el factor de transcripción de GATA-4, cds completa. /PROD = factor de transcripción de GATA^ /FL = gb: NM_002052.1 gb: L34357.1 gb: D78260.1
2,64131	1,466395	17,24	Ascende nte	2,99E-02	AU157303	EST
1,82351	2,283948	17,24	Ascende nte	3,95E-04	AA603467	Proteína ribosómica S11
1,59762	5,701737	17,2	Ascende nte	5,72E-04	NM_018649	Histona nuclear macroH2A2.2 (MACROH2A2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = histona nuclear macroH2A2.2 /FL = gb: AF151534.1 gb: NM_018649.1
-0,20099	3,88744	17,01	Ascende nte	1,99E-04	BF984830	1 inducida por ácido retinoico
-0,41626	3,652079	16,78	Ascende nte	2,69E-04	BF110534	EST
2,377335	6,437231	16,68	Ascende nte	1,89E-05	NM_005328	Hialuronano sintasa 2 de Homo sapiens (HAS2), ARNm. /PROD = hialuronano sintasa 2 2/FL = gb: U54804.1 gb: NM_005328.1
-0,29145	3,768186	16,68	Ascende nte	2,40E-04	I197932	EST
-3,88742	0,162889	16,57	Ascende nte	2,95E-03	AA180985	EST
-0,75724	3,289214	16,52	Ascende nte	2,66E-03	AL445192	Secuencia de ADN humano del clon RP11-269H4 en el cromosoma 20. Contiene el extremo 3 del gen KIAA1415 similar a la proteína 1 inductora de invasión y metástasis del linfoma T, EST, STS y GSS
-2,30432	1,732166	16,41	Ascende nte	2,23E-02	BC017958	Homo sapiens, clon IMAGE: 4607409, ARNm.
-3,30412	0,716129	16,23	Ascende nte	3,22E-02	AU 157224	ADNc de Homo sapiens FLJ11570 fis, clon HEMBA1003309
-3,4744	0,544234	16,21	Ascende nte	8,79E-03	L32867	ARNm de alfa-2,8-sialiltransferasa de Homo sapiens, cds completa. /PROD = alfa-2,8-sialiltransferasa /FL = gb: L43494.1 gb: D26360.1 gb: L32867.1 gb: NM_003034.1
-3,09265	0,925475	16,2	Ascende nte	2,03E-03	AI093492	EST
-1,39277	2,622602	16,17	Ascende nte	2,73E-04	AI629041	EST

ES 2 663 421 T3

0,366041	4,354631	15,87	Ascendente	8,71E-05	AI242583	ADNc de Homo sapiens FLJ11550 fis, clon HEMBA1002970
-0,35867	3,62672	15,84	Ascendente	3,71 E-05	NM_001957	Receptor de tipo A de endotelina (EDNRA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor de tipo A de endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
-0,66587	3,318505	15,83	Ascendente	9,18E-05	NM_001362	Desyodinasas, yodotironina, de tipo III (DIO3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = tiroxina desyodinasas de tipo III /FL = gb: NM_001362.1 gb: S79854.1
-1,80959	2,172774	15,81	Ascendente	1,70E-03	BF447246	Proteína KIAA0960
-3,95752	0,007632	15,62	Ascendente	1,52E-02	NM_001432	Epiregulina (EREG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de epiregulina /FL = gb: D30783.1 gb: NM_001432.1
-0,22337	3,730539	15,5	Ascendente	9,97E-04	NM_021822	Proteína MDS019 similar a la forbolina (MDS019) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína MDS019 similar a la forbolina DS019 /FL = gb: AF182420.1 gb: NM_021822.1
-2,56291	1,390726	15,49	Ascendente	1,14E-02	BG532690	Integrina alfa-4 (antígeno CD49D, subunidad alfa 4 del receptor VLA-4)
-2,89467	1,029195	15,18	Ascendente	4,69E-03	AW971205	EST
-1,16952	2,748825	15,12	Ascendente	2,94E-02	NM_001343	Homólogo 2 disabled (Drosophila) de Homo sapiens (fosfoproteína respondedora a mitógeno) (DAB2), ARNm. /PROD = Homólogo 2 disabled (Drosophila) /FL = gb: U39050.1 gb: NM_001343.1 gb: U53446.1 gb: BC003064.1
0,798972	4,674672	14,68	Ascendente	5,97E-05	AI082827	Proteína hipotética FLJ11585
-0,33264	3,541617	14,66	Ascendente	3,49E-05	NM_020353	Fosfolípido escramblasa 4 de Homo sapiens (LOC57088), ARNm. /PROD = fosfolípido escramblasa 4 /FL = gb: NM_020353.1 gb: AF199023.1
-0,88175	2,988123	14,62	Ascendente	1,30E-03	AI650874	EST
-0,11092	3,758565	14,62	Ascendente	4,96E-05	BF591483	EST

ES 2 663 421 T3

1,370117	5,237165	14,59	Ascendente	7,39E-05	M33653	ARNm de colágeno de tipo IV alfa-2 (clones HT- (125,133)) humano (COL4A2) ARNm, cds completa. /PROD = colágeno de tipo IV alfa-2 /FL = gb: M33653.1
0,041468	3,902142	14,53	Ascendente	9,62E-04	BF130943	EST
-0,41994	3,432925	14,45	Ascendente	1,98E-03	AI686957	Proteína KIAA1494
-3,44709	0,392958	14,32	Ascendente	3,27E-02	H39185	EST
1,071985	4,903249	14,23	Ascendente	1,89E-05	NM_004560	Receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa (ROR2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa /FL = gb: M97639.1 gb: NM_004560.1
-0,60671	3,220921	14,2	Ascendente	2,49E-03	NM_000458	Factor 2 de transcripción de Homo sapiens, hepático; LF-B3; factor nuclear hepático variante (TCF2), variante del transcrito a, ARNm. /PROD = factor 2 de transcripción, isoforma a /FL = gb: NM_000458.1
1,186033	5,004503	14,11	Ascendente	5,86E-05	AI627704	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T17346 DKFZp586O1624.1 (H. sapiens)
-2,69521	1,121263	14,09	Ascendente	5,32E-05	AF282250	ARNm de calneuron 1 (CALN 1) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = calneuron 1 /FL = gb: AF282250.1
-2,70961	1,095539	13,98	Ascendente	2,03E-02	AK055534	ADNc de Homo sapiens FLJ30972 fis, clon HEART2000492.
-0,65009	3,149996	13,93	Ascendente	2,55E-04	NM_017931	Proteína hipotética FLJ20699 (FLJ20699) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20699 /FL = gb: NM_017931.1
-1,6164	2,173017	13,83	Ascendente	9,97E-03	X00452	ARNm humano para la cadena alfa del antígeno de histocompatibilidad de clase II DC. /PROD = cadena alfa del antígeno de histocompatibilidad de clase II DC
-3,47125	0,312463	13,77	Ascendente	3,91E-02	BF114815	EST
-2,17973	1,59463	13,68	Ascendente	1,03E-03	BE379542	Proteína 3 de unión al cromodominio de la ADN helicasa /FL = gb: U91543.1

ES 2 663 421 T3

-1,95127	1,804379	13,51	Ascend nte	3,31E-03	L12468	ARNm de aminopeptidasa A de Homo sapiens, cds completa. /PROD = aminopeptidasa A /FL = gb: L12468.1 gb: NM_001977.1 gb: L14721.1
0,449933	4,203433	13,49	Ascend nte	6,43E-04	Z221533	Gen HEX de Homo sapiens que codifica la proteína relacionada con homeobox. /PROD = proteína relacionada con homeobox
0,502333	4,255116	13,48	Ascend nte	3,46E-04	AF211891	ARNm de la proteína 1 de homeobox similar a Mix (MILD1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 de homeobox similar a Mix /FL = gb: AF211891.1
0,151239	3,88836	13,33	Ascend nte	5,61 E-05	BE644809	EST
0,631332	4,364524	13,3	Ascend nte	8,23E-05	AU 30705	EST, débilmente similar al factor de corte y empalme asociado a A46302 PTB, forma larga (H. sapiens)
-1,83999	1,892454	13,29	Ascend nte	2,17E-04	AK074453	ADNc de Homo sapiens FLJ23873 fis, clon LNG12941.
-0,28951	3,441091	13,27	Ascend nte	2,34E-04	NM_018388	Proteína hipotética FLJ11316 (FLJ11316) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ11316 /FL = gb: NM_018388.1
0,120924	3,842731	13,19	Ascend nte	4,04E-05	NM_001529	Homeobox expresada hematopoyéticamente (HHEX) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = homeobox expresada hematopoyéticamente /FL = gb: NM_001529.1 gb: L16499.1 gb: NM_002729.1
-0,4843	3,220215	13,04	Ascend nte	2,66E-05	NM_001766	Antígeno CD1D de Homo sapiens, polipéptido d (CD1 D), ARNm. /PROD = Antígeno CD1D, polipéptido d /FL = gb: NM_001766.1 gb: J04142.1
-3,18081	0,521542	13,02	Ascend nte	3,11 E-04	AW449813	Proteína KIAA0918
-1,17885	2,522906	13,01	Ascend nte	7,75E-04	AB002155	ARNm de Homo sapiens para uroplaquina Ib humana, cds completa. /PROD = uroplaquina Ib humana /FL = gb: NM_006952.1 gb: AB015234.1 gb: AF042331.1 gb: AB002155.1
2,383898	6,070755	12,88	Ascend nte	2,59E-05	BF476502	Proteína hipotética FLJ11585

ES 2 663 421 T3

3,2061	6,89075	12,86	Ascend nte	2,73E-05	NM_006681	Neuromedina U (NMU) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuromedina U /FL = gb: NM_006681.1
0,454394	4,138042	12,85	Ascend nte	2,43E-04	AL036088	Proteína KIAA1479
-2,233	1,436726	12,73	Ascend nte	1,41 E-03	NM_014862	Producto génico KIAA0307 de Homo sapiens (KIAA0307), ARNm /PROD = producto génico KIAA0307 /FL = gb: AB002305.1 gb: NM_014862.1
-2,50335	1,160623	12,68	Ascend nte	4,71 E-04	AA781795	EST
0,414809	4,075067	12,64	Ascend nte	3,71 E-05	NM_016179	Canal 4 del receptor de potencial transitorio de Homo sapiens (TRPC4), ARNm. PROD = receptor de potencial transitorio 4 3/FL = gb: NM_016179.1 gb: AF175406.1
-0,40798	3,250175	12,62	Ascend nte	3,66E-05	AI143879	fosfodiesterasa 10A /FL = gb: AB020593.1 gb: AF127479.1 gb: NM_006661.1
-1,20714	2,448878	12,61	Ascend nte	9,04E-04	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
0,999053	4,64687	12,53	Ascend nte	3,66E-05	AW129593	de asociación de la repetición tudor con PCTAIRE 2
-1,0335	2,604062	12,45	Ascend nte	4,91 E-04	AL553774	Proteína KIAA1462
-1,78964	1,842967	12,4	Ascend nte	1,49E-02	NM_004861	cerebrósido (3- fosfoadenilil sulfato: galactosilceramida 3) sulfotransferasa (CST), ARNm. /PROD = galactosilceramida sulfotransferasa /FL = gb: NM_004861.1 gb: D88667.1
0,81871	4,448452	12,38	Ascend nte	9,04E-05	X06268	ARNm humano para pro-alfa 1 colágeno (II) en C-terminal, dominio de triple hélice y no helicoidal en C-terminal. /PROD = pro-alfa 1 colágeno (II) (313AA; AA 975-271 c) /FL = gb: NM_001844.2
1,040647	4,667276	12,35	Ascend nte	2,25E-05	AI348094	Proteína KIAA0882
-2,2316	1,390239	12,31	Ascend nte	1,38E-02	AA757630	EST
1,076427	4,696942	12,3	Ascend nte	3,12E-05	AI640307	Protocadherina 10
-1,28224	2,327697	12,21	Ascend nte	3,34E-04	NM_005568	Proteína 1 de homeobox LIM de Homo sapiens (LHX1), ARNm. /PROD = Proteína 1 de homeobox LIM /FL = gb: NM_005568.1 gb: U14755.1

ES 2 663 421 T3

-1,99136	1,617733	12,2	Ascendente	4,20E-03	AL109653	Secuencia de ADN humano del clon GS1-115M3 en el cromosoma Xq27.1-28 Contiene un gen para una nueva proteína, CXorf1 (marco de lectura abierto 1 del cromosoma X), EST, STS, GSS y una isla de CpG
-3,12055	0,469175	12,04	Ascendente	1,54E-02	AW780006	EST
0,1187	3,707767	12,03	Ascendente	5,97E-05	N21184	Clúster Incl. N21184: ADNc de yx41a10.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE1118886 /clon_fin = 3 /gb = N21184 /gi = 1126354 /ug = Hs.93605 /len = 619
-1,40826	2,177544	12,01	Ascendente	7,18E-04	AB046770	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1550, cds parcial. /PROD = proteína KIAAI 550
1,316429	4,899037	11,98	Ascendente	7,87E-05	A1769688	Secuencia del ARNm del clon 23664 y 23905 de Homo sapiens
-1,08244	2,498502	11,97	Ascendente	1,67E-03	X75208	X75208 /CARACTERÍSTICA = CdS /DEFINICIÓN = ARNm de HSPTKR de H. sapiens HEK2 para el receptor de la proteína tirosina quinasa
-2,68947	0,886703	11,93	Ascendente	4,38E-02	AW291402	EST
1,438639	5,011903	11,9	Ascendente	2,06E-04	BF223214	EST
-0,10881	3,452952	11,81	Ascendente	2,39E-04	AA701657	Proteína hipotética FLJ12666
-2,33994	1,211956	11,73	Ascendente	1,74E-02	AL134708	EST
-0,52859	3,016773	11,68	Ascendente	4,43E-03	AW590614	EST
-1,77455	1,768056	11,65	Ascendente	1,17E-02	AF140507	ARNm de la quinasa quinasa beta de la proteína dependiente de dependiente de Ca ²⁺ +calmodulina (CAMKKB), cds completa. /PROD = quinasa quinasa beta de la proteína dependiente de dependiente de Ca ²⁺ +calmodulina /FL = gb: AF140507.1
-2,84187	0,695267	11,61	Ascendente	1,89E-03	NM_002244	Subfamilia J, canal rectificador hacia el interior de potasio de Homo sapiens, inhibidor 1 (KCNJ1), ARNm. /PROD = inhibidor 1, subfamilia J, del canal rectificador hacia dentro de potasio /FL = gb: NM_002244.1

ES 2 663 421 T3

4,042679	7,571956	11,55	Ascendente	2,86E-05	NM_005454	Homólogo de cerberus 1 (Xenopus laevis) de Homo sapiens (superfamilia del nudo de cisteína) (CER1), ARNm. /PROD = cerberus 1 /FL = gb: NM_005454.1
0,581614	4,103441	11,49	Ascendente	1,82E-04	AF005775	ARNm de la proteína 2 reguladora de la apoptosis similar a la caspasa de Homo sapiens (clarp), sometida a corte y empalme alternativo, cds completa. /PROD = proteína 2 reguladora de la apoptosis similar a la caspasa /FL = gb: AF005775.1
3,287037	6,806239	11,47	Ascendente	3,78E-05	AI633559	EST
0,661121	4,174547	11,42	Ascendente	4,53E-05	AA502609	Similar a anquirina con dominios 1 transmembrana (ANKTM1) de Homo sapiens, ARNm
1,888188	5,396458	11,38	Ascendente	4,53E-05	AW340311	EST
-1,24923	2,257525	11,37	Ascendente	1,03E-03	R42166	EST, débilmente similar a PRECURSOR1 DE AXONINA–AXO1JHUMANA (H. sapiens)
-0,21464	3,287026	11,33	Ascendente	1,37E-03	NM_005045	Reelina (RELN) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = reelina /FL = gb: U79716.1 gb: NM_005045.1
2,377686	5,872207	11,27	Ascendente	2,86E-05	NM_000222	Homólogo del oncogén vírico del sarcoma felino 4 de v–kit Hardy–Zuckerman de Homo sapiens. /PROD = precursor del homólogo el oncogén vírico del sarcoma felino 4 de v–kit Hardy–Zuckerman de Homo sapiens /FL = gb: NM_0000222.1
4,897427	-1,39089	78,16	Descendente	7,30E-04	R06655	EST, moderadamente similar a la proteína AF0788441 hqpO376 (H. sapiens)
3,409815	-2,69915	69,02	Descendente	1,89E-05	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1
2,62025	-2,80479	42,96	Descendente	6,27E-03	AA625683	EST
0,757197	-4,55188	39,65	Descendente	2,02E-04	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1

ES 2 663 421 T3

3,113698	-2,0381	1 35,55	Descend ente	2,91 E-04	NM_002196	1 asociada a insulinoma (INSM1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 asociada a insulinoma /FL = gb: NM_002196.1 gb: M93119.1
2,36447	-2,49724	29,08	Descend ente	2,24E-03	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm. /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2
3,77776	-1,04395	28,28	Descend ente	5,05E-05	BU729850	Proteína hipotética LOC153469
3,862686	-0,6228	22,4	Descend ente	5,05E-05	NM_007115	Proteína 6 inducida por alfa del factor de necrosis tumoral (TNFAIP6) de Homo sapiens, ARNm / PROD= proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
0,579765	-3,59498	18,06	Descend ente	5,51 E-04	AI393930	EST
0,300578	-3,86457	17,94	Descend ente	5,00E-04	AU 10886	protimosina, alfa (secuencia génica 28)
2,28595	-1,84349	17,5	Descend ente	2,27E-02	BE504838	EST
4,507212	0,466223	16,46	Descend ente	1,27E-04	AW196940	EST
3,025351	-0,89578	15,15	Descend ente	8,71 E-05	AW590925	EST
6,568635	2,65029	15,12	Descend ente	6,26E-05	AL031602	Secuencia de ADN humano del clon RP5-1174N9 en el cromosoma 1 p34.1 – 35.3. Contiene el gen de una nueva proteína con dominio IBR, un gen (¿pseudo?) para una nueva proteína similar a MT1 E (metalotioneína 1E (funcional)), EST, STS, GSS y dos Cp putativos.
2,000419	-1,85226	14,45	Descend ente	1,06E-02	NM_031272	Secuencia 14 expresada en el testículo (TEX14) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = secuencia 14 expresada en el testículo /FL = gb: NM_031272.1
1,361153	-2,47081	14,24	Descend ente	6,49E-03	NM_014352	Factor de transcripción POU de Homo sapiens (OCT11), ARNm. /PROD = factor de transcripción POU /FL = gb: NM_014352.1 gb: AF133895.1 gb: AF162278.1
2,350127	-1,47399	14,16	Descend ente	7,74E-03	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a la proteína 2 similar a toloide AF059516 (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.

ES 2 663 421 T3

7,360687	3,631772	13,26	Descendente	4,64E-05	BF217861	metalotioneína 1E (funcional)
0,372329	-3,25088	12,32	Descendente	3,04E-02	AV648405	polimerasa (ARN) III (dirigido por ADN) (32 kD)
0,82229	-2,77919	12,14	Descendente	1,29E-02	AB017269	ARNm de TMEFF2 de Homo sapiens, cds completa. /FL = gb: AB017269.1 gb: NM_016192.2 gb: AF179274.2 gb: AF242222.1
3,806044	0,220062	12,01	Descendente	7,25E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
2,967768	-0,60775	11,92	Descendente	1,42E-02	AL121753	Secuencia de ADN humano del clon RP4-614O4 en el cromosoma 20q11.1-12. Contiene la parte 3 del gen de MMP24 (metaloproteínasa 24 de la matriz, insertada en la membrana), el gen ITGB4BP (proteína de unión a la integrina beta 4), el extremo 3 de un gen nuevo, el extremo 3 o...
2,129273	-1,43763	11,85	Descendente	1,15E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
2,951696	-0,61466	11,85	Descendente	8,28E-05	AB019562	ARNm de Homo sapiens expresado únicamente en las vellosidades de la placenta, clon SMAP41 .
0,860464	-2,69824	11,78	Descendente	2,25E-02	NM_003007	Semenofelina I (SEMG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = semenogelina I /FL = gb: J04440.1 gb: NM_003007.1
3,557525	0,063117	11,27	Descendente	1,07E-03	BF514079	factor 4 similar a Kruppel 4 (intestino)
3,094055	-0,35326	10,91	Descendente	4,64E-05	AW18819	proteína 6 alfa-inducida, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
4,847114	1,490225	10,25	Descendente	6,76E-05	NM_006474	Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón de (T1A-2), variante del transcrito, ARNm. /PROD = Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón, isoforma 2 /FL = gb: NM_006474.1 gb: AF030428.1
6,426778	3,157882	9,64	Descendente	1,85E-05	AF313413	Proteína pequeña putativa de membrana NID67, ARNm, cds completa. PROD = Proteína NID67 de la membrana epitelial /FL = gb: AF313413.1
4,927935	1,661339	9,62	Descendente	8,71 E-05	J05008	Gen de la endotelina-1 (EDN1) de Homo sapiens, cds completa /FL = gb: NM_001955.1

ES 2 663 421 T3

3,268087	0,027916	9,45	Descend ente	1,05E-03	AF345910	ARNm de NYD-SP14 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = NYD-SP14 /FL = gb: AF345910.1
3,655193	0,425727	9,38	Descend ente	2,88E-04	AI659927	ADNc de Homo sapiens: FLJ22547 fis, clon HS100356
7,149479	3,957802	9,14	Descend ente	3,56E-05	M10943	Gen If de metalotioneína humana (hMT-If)
1,143234	-2,04451	9,11	Descend ente	1,25E-02	BF437711	EST
1,588735	-1,59544	9,09	Descend ente	4,64E-02	AF279774	Ciclina N4 de Homo sapiens NTera2D1ARNm ARNm.
7,144308	3,960669	9,09	Descend ente	2,18E-05	BF246115	Proteína relacionada con la ARN helicasa
3,437271	0,276071	8,95	Descend ente	4,74E-05	AB029025	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1102, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1102
7,224807	4,073278	8,89	Descend ente	2,46E-05	NM_005951	metalotioneína 1 (MT1 H) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 1 H /FL = gb: NM_005951.1
2,367534	-0,77672	8,84	Descend ente	3,10E-03	AF098641	ARNm de la isoforma RC de CD44 (CD44) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = isoforma RC de CD44 /FL = gb: AF098641.1
4,253624	1,120681	8,77	Descend ente	4,72E-05	NM_003385	1 similar a visinina (VSNL1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 similar a visinina /FL = gb: AF039555.1 gb: U14747.1 gb: AB001104.1 gb: NM_003385.1
5,398488	2,316218	8,47	Descend ente	6,93E-05	NM_001134	Alfa-fetoproteína (AFP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = alfa-fetoproteína /FL = gb: NM_001134.1 gb: J00077.1
3,947271	0,8794	8,39	Descend ente	2,51E-04	AI928035	EST
7,768254	4,72435	8,25	Descend ente	2,44E-05	NM_005953	Metalotioneína 2A (MT2A) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 2A /FL = gb: NM_005953.1
6,813053	3,774649	8,22	Descend ente	2,87E-05	NM_005950	Metalotioneína 1G (MT1G) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 1G /FL = gb: NM_005950.1
7,426418	4,406989	8,11	Descend ente	1,89E-05	NM_005952	Metalotioneína 1X (MT1X) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 1X /FL = gb: NM_005952.1

ES 2 663 421 T3

2,332751	-0,66491	7,99	Descendente	5,08E-03	NM_000077	Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina de Homo sapiens (melanoma, p16, inhibe CDK4) (CDKN2A), ARNm. /PROD = Inhibidor 2A de la quinasa dependiente de ciclina (melanoma, p16, inhibe CDK4) /FL = gb: NM_000077.1 gb: L27211.1
4,738703	1,752163	7,93	Descendente	4,08E-05	NM_014033	Proteína de DKFZP586A0522 de Homo sapiens (DKFZP586A0522), ARNm. /PROD = proteína DKFZP586A0522 /FL = gb: NM_014033.1
5,601289	2,627505	7,86	Descendente	1,20E-04	AF039555	ARNm de la proteína 1 similar a visinina (VSNLI) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 similar a visinina /FL = gb: AF039555.1 gb: U14747.1 gb: AB001104.1 gb: NM_003385.1
7,564809	4,595208	7,83	Descendente	2,94E-05	M83248	ARNm de nefropontina humana, cds completa. /PROD = nefropontina /FL = gb: M83248.1
3,602406	0,633934	7,83	Descendente	5,32E-05	AI493245	Antígeno CD4 (función de localización y sistema del grupo sanguíneo indio)
3,08363	0,127792	7,76	Descendente	9,96E-04	U73778	ARNm del precursor alfa-1 de colágeno de tipo XI humano (COL12A1). /PROD = alfa-1 de colágeno de tipo XI humano /FL = gb: NM_004370.3
3,030236	0,074899	7,76	Descendente	9,24E-03	AA812232	regulado por aumento por la 1,25-dihidroxitiamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
7,493544	4,550383	7,69	Descendente	2,85E-05	NM_002450	Metalotioneína 1 L (MT1 L) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 1 L /FL = gb: NM_002450.1
3,19487	0,252626	7,69	Descendente	1,19E-04	NM_173553	Proteína hipotética FLJ25801 (FLJ25801) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_173553.1
3,127666	0,186544	7,68	Descendente	5,32E-05	NM_003577	Factor de transcripción 1 (UTF1) de células embrionarias indiferenciadas de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Factor de transcripción 1 (UTF1) de células embrionarias indiferenciadas /FL = gb: NM_003577.1 gb: AB011076.1

ES 2 663 421 T3

2,514693	-0,40391	7,56	Descend ente	4,74E-05	NM_145032	Proteína hipotética MGC21636 (MGC21636) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: BC020572.1 gb: NM_145032.2
5,207569	2,290724	7,55	Descend ente	5,33E-05	AA083478	Clon del ADNc del inserto de longitud completa del clon del ARNm de Homo sapiens EUROIMAGE 746039
0,041471	-2,87232	7,54	Descend ente	4,34E-02	AW162210	ADNc de Homo sapiens FLJ11490 fis, clon HEMBA1001918
5,13621	2,236529	7,46	Descend ente	5,86E-05	BC013944	Polipéptido 7 pesado similar a miosina músculo cardiaco, beta clon IMAGE: 4064393, ARNm.
4,255531	1,357834	7,45	Descend ente	6,54E-05	AF096296	Precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico /FL = gb: AF142434.1 gb: AF096296.1 gb: AF124601.1 gb: AB010447.1 gb: NM_006072.1
4,055862	1,169817	7,39	Descend ente	1,10E-04	AK026815	ADNc de Homo sapiens: FLJ23162 fis, clon LNG09734.
4,715355	1,834956	7,36	Descend ente	6,18E-04	AA788946	EST, moderadamente similar a CA1 C CADENA DE COLÁGENO ALFA 1 DE RATA (XII) (R. norvegicus)
2,597946	-0,27094	7,31	Descend ente	6,26E-05	AW138143	EST
4,796495	1,938561	7,25	Descend ente	1,82E-04	AI653107	EST
3,508683	0,663662	7,19	Descend ente	1,82E-04	AK027231	ADNc de Homo sapiens: FLJ23578 fis, clon LNG12709.
5,441963	2,62358	7,05	Descend ente	3,09E-05	NM_016651	Nueva proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular de Homo sapiens (LOC51339), ARNm. /PROD = proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular /FL = gb: NM_016651.2 gb: AF251079.2
1,389794	-1,4231	17,03	Descend ente	4,34E-03	BG498699	EST
2,194683	-0,60003	6,94	Descend ente	3,56E-02	U63296	ARNm de 15-hidroxi prostaglandina deshidrogenasa humana, cds completa. /PROD = 15-hidroxi prostaglandina deshidrogenasa /FL = gb: U63296.1

ES 2 663 421 T3

5,450694	2,658196	6,93	Descend ente	1,85E-05	AF095771	Proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH (B1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína B1 de osteosarcoma respondedor a PTH /FL = gb: AF095771.1
0,907338	-1,88392	6,92	Descend ente	3,84E-02	NM_025243	Transportador de solutos (SLC19A3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transportador de solutos /FL = gb: NM_025243.1 gb: AF271633.1
6,93459	4,14838	6,9	Descend ente	9,04E-05	AF078844	ARNm de la proteína hqp0376 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína hqp0376 /FL = gb: AF078844.1
2,724257	-0,05687	6,87	Descend ente	7,43E-04	AL552534	ARNm humano para el antígeno CD44, 5UTR (secuencia desde el capuchón en 5 al codón de iniciación).
3,86075	1,090793	6,82	Descend ente	1,89E-05	U85995	Clúster Incl. U85995: ARNm de la proteína desconocida del clon IMAGE-22181 humana, cds parcial /cds = (0, 1291) /gb = U85995 /gi = 1835749 /ug = Hs.79340 /len = 1696
2,982965	0,222537	6,78	Descend ente	1,19E-03	AK026829	ADNc de Homo sapiens: FLJ23176 fis, clon LNG10452.
0,873551	-1,88238	6,75	Descend ente	5,65E-03	AW293376	EST
5,023981	2,272773	6,73	Descend ente	8,41 E-05	NM_006472	Regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
3,932141	1,1878	6,7	Descend ente	3,66E-05	NM_004490	Proteína 14 unida al receptor del factor de crecimiento de Homo sapiens (G RB 14), ARNm. / PROD= proteína 14 unida al receptor del factor de crecimiento /FL = gb: L76687.1 gb: NM_004490.1
5,356771	2,61556	6,69	Descend ente	4,40E-05	W92036	EST
2,770179	0,05935	6,55	Descend ente	1,17E-04	AK000345	ADNc de Homo sapiens FLJ20338 fis, clon HEP12179.
3,462851	0,769123	6,47	Descend ente	2,19E-04	BE673800	EST, moderadamente similar a la proteína KIAA1238 (H. sapiens)
7,424722	4,734219	6,46	Descend ente	7,86E-05	AF333388	ARNm de la proteína similar a la metalotioneína 1H de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína similar a metalotioneína 1 H /FL = gb: AF333388.1

ES 2 663 421 T3

3,610367	0,921088	6,45	Descend ente	4,21 E-05	BC004372	Similar a antígeno CD44 (función de localización y sistema del grupo sanguíneo indio) de Homo sapiens, clon MGC: 10468, ARNm, cds completa. /PROD = Similar a antígeno CD44 (función de localización y sistema del grupo sanguíneo indio) /FL = gb: BC004372.1
2,798327	0,114281	6,43	Descend ente	4,31 E-04	BF062943	Protocadherina 18
2,387268	-0,26492	6,29	Descend ente	2,59E-04	BF063186	EST
4,622217	1,982686	6,23	Descend ente	4,40E-05	AL537457	polipéptido ligero del neurofilamento (68 kD) /FL = gb: NM_006158.1
5,295204	2,664042	6,2	Descend ente	5,37E-04	D32039	ARNm de pgH3 humano para proteoglicano PG-M (V3), cds completa. /PROD = proteoglicano PG- M (V3) /FL = gb: D32039.1
-0,55251	-3,18076	6,18	Descend ente	2,91 E-02	AI277662	EST, débilmente similar a AL CANAL 7 POTENCIAL DEL RECEPTOR TRANSITORIO HUMANO TRP7 (H. sapiens)
2,060071	-0,56473	6,17	Descend ente	8,28E-05	AA004300	Proteína hipotética DKFZp566l133
1,892794	-0,71503	6,1	Descend ente	5,25E-04	AL138349	Proteína KIAA0367
3,822765	1,223367	6,06	Descend ente	2,86E-04	AL567376	Receptor 39 acoplado a proteína G
0,803559	-1,78647	6,02	Descend ente	8,07E-04	BF673779	EST
4,038177	1,461889	5,96	Descend ente	1,52E-04	BF449053	EST
3,280973	0,707817	5,95	Descend ente	1,37E-03	AL139377	Secuencia de ADN humano del clon RP11-251J8 en el cromosoma 13 Contiene EST, STS, GSS y una isla de CpG. Contiene dos genes nuevos con dos isoformas cada uno y el gen KIAA0610 con dos isoformas
3,059444	0,490104	5,94	Descend ente	3,30E-02	NM_007350	Dominio similar de homología de pleckstrina de Homo sapiens, familia A, miembro 1 (PHLDA1), ARNm. /PROD = dominio similar de homología de pleckstrina de Homo sapiens, familia A, miembro 1 /FL = gb: NM_007350.1
3,876749	1,313133	5,91	Descend ente	1,25E-03	AL574184	hidroxiprostaglandina deshidrogenasa 15- (NAD) /FL = gb: NM_000860.1 gb: L76465.1

ES 2 663 421 T3

5,318139	2,762676	5,88	Descendente	2,55E-04	U87408	Clúster Incl. U87408: ARNm de la proteína desconocida del clon IMAGE-74593 humana, cds parcial /cds = (0, 1362) /gb = U87408 /gi = 1842104 /ug = Hs.79340 /len = 1982
1,99849	-0,55448	5,87	Descendente	1,01 E-03	NM_002317	Lisil oxidasa (LOX) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = lisil oxidasa /FL = gb: AF039291.1 gb: NM_002317.1 gb: M94054.1
1,312148	-1,23479	5,84	Descendente	1,36E-04	U32500	ARNm del receptor Y del neuropéptido de tipo 2 humano, cds completa. /PROD = receptor Y del neuropéptido de tipo 2 /FL = gb: U42766.1 gb: U36269.1 gb: U32500.1
2,64743	0,10171	5,84	Descendente	6,52E-04	AI702438	EST
2,918001	0,408444	5,69	Descendente	5,51 E-04	BF674052	catepsina D (aspartil proteasa lisosomal)
4,64236	2,137119	5,68	Descendente	3,09E-05	AB019695	ARNm de Homo sapiens para tioredoxina reductasa II beta, cds completa. /PROD = tioredoxina reductasa II beta /FL = gb: AB019695.1
4,505436	2,001428	5,67	Descendente	9,04E-05	W57613	EST
2,98904	0,488717	5,66	Descendente	2,78E-04	AW138143	EST
0,424388	-2,06318	5,61	Descendente	2,92E-02	NM_002433	Glicoproteína mielina de oligodendrocitos (MOG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glicoproteína mielina de oligodendrocitos /FL = gb: U18798.1 gb: U64564.1 gb: NM_002433.1
3,560033	1,077194	5,59	Descendente	1,52E-04	U38945	ARNm de la proteína hipotética de 18,1 kD humana (CDKN2A), cds completa. /FL = gb: U38945.1 gb: U26727.1
1,840613	-0,62498	5,52	Descendente	9,50E-05	AI949760	EST, débilmente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
4,178686	1,713153	5,52	Descendente	1,61 E-04	NM_003256	Inhibidor tisular de la metaloproteínasa 4 de Homo sapiens (TIMP4), ARNm. /PROD = precursor del inhibidor tisular de la metaloproteínasa 4 /FL = gb: NM_003256.1 gb: U76456.1

ES 2 663 421 T3

2,324824	-0,13601	5,51	Descend ente	2,39E-04	AL096771	Secuencia de ADN humana del clon RP1-238D15 en el cromosoma 6q12 - 14.3 Contiene parte del gen COL12A1 (colágeno, tipo XII, alfa-1) y STS
5,041032	2,59268	5,46	Descend ente	2,25E-05	AK022686	ADNc de Homo sapiens CD 12624 fis, clon NT2RM4001754.
1,294482	-1,14923	5,44	Descend ente	2,97E-02	AA723810	ADNc para el gen CO16 expresado diferencialmente /FL = gb: BC001291.1
3,732985	1,29318	5,43	Descend ente	4,32E-03	AI459194	respuesta de crecimiento temprana 1
1,117304	-1,32124	5,42	Descend ente	1,63E-02	AL046992 G	Receptor 1 acoplado a proteína /FL = gb: NM_005279.1
6,120177	3,682667	5,42	Descend ente	1,93E-04	NM_0017	Caveolina 1 de Homo sapiens proteína caveolar 53, 22 kD (CAV1), ARNm. /PROD = caveolina 1 /FL = gb: NM_001753.2
3,365852	0,931215	5,41	Descend ente	8,41 E-05	NM_003392	Familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless de Homo sapiens, miembro 5A (WNT5A), ARNm. /PROD = familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless, miembro 5A /FL = gb: NM_003392.1 gb: L20861.1
5,752704	3,318587	5,4	Descend ente	5,75E-04	R94644	Isoforma Vint versican de Homo sapiens, ARNm, cds parcial.
2,256481	-0,17157	5,38	Descend ente	1,10E-04	NM_018495	Proteína de NAG22 de Homo sapiens (LOC55873), ARNm. /PROD = proteína NAG22 /FL = gb: AF247820.3 gb: NM_018495.3
5,522456	3,095555	5,38	Descend ente	9,25E-05	BG05484	Familia del gen homólogo de ras, miembro E /FL = gb: NM_005168.1
3,660753	1,237109	5,37	Descend ente	1,10E-04	BE903880	Proteína 6 dedo de cinc (CMPX1)
2,418198	0,007534	5,32	Descend ente	9,96E-04	AI860150	EST, débilmente similar a la región V-I de I cadena kappa de Ig A49134 (H. sapiens)
1,659275	-0,74924	5,31	Descend ente	2,40E-03	L16895	gen de la lisil oxidasa (LOX) humana, exón 7
5,715937	3,314142	5,28	Descend ente	1,74E-04	U85658	ARNm de ERF-1 humano, cds completa. /PROD = ERF-1 /FL = gb: NM_003222.1 gb: U85658.1
2,572851	0,172113	5,28	Descend ente	2,43E-04	AW592563	Producto génico KIAA0455

ES 2 663 421 T3

5,807319	3,410152	5,27	Descend ente	6,54E-05	NM_018004	Proteína hipotética FLJ10134 (FLJ10134) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10134 /FL = gb: NM_018004.1
4,138808	1,745346	5,25	Descend ente	1,40E-03	AW590196	Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón
6,003141	3,615412	5,23	Descend ente	7,14E-04	M25915	ARNm del inhibidor de la citólisis del complemento (CLI) humano, ARNm, cds completa. /FL = gb: J02908.1 gb: NM_001831.1 gb: M64722.1 gb: M25915.1
1,05854	-1,32898	5,23	Descend ente	1,59E-03	AI703321	Familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless, miembro 5A
4,285883	1,901821	5,22	Descend ente	6,26E-05	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4
6,959783	4,576665	5,22	Descend ente	1,85E-05	NM_014367	Proteína hipotética de Homo sapiens, inducido por estradiol (E2IG5), ARNm. /PROD = proteína hipotética, inducida por estradiol /FL = gb: NM_014367.1 gb: AF191020.1
1,10782	-1,27174	5,2	Descend ente	1,99E-04	BC029425	Proteína similar a KIAA1275 de Homo sapiens, clon IMAGE: 4616553, ARNm.
5,252439	2,877592	5,19	Descend ente	5,32E-05	NM_001553	Proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP7), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 7 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: NM_001553.1 gb: L19182.1
6,881969	4,510778	5,17	Descend ente	1,85E-05	AF201944	ARNm de HGTD-P (HGTD-P) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = HGTD-P /FL = gb: AF201944.1 gb: AF250321.1
3,543738	1,178007	5,15	Descend ente	2,51 E-05	NM_001955	Endotelina 1 (EDN1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = endotelina 1 /FL = gb: NM_001955.1
4,229884	1,871489	5,13	Descend ente	1,55E-04	BC032716	Homo sapiens, clon MGC: 45425 IMAGE: 5518697, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 45425) /FL = gb: BC032716.1
3,035594	0,680769	5,12	Descend ente	1,37E-03	AI963605	EST

ES 2 663 421 T3

6,307554	3,95342	5,11	Descendente	7,03E-05	NM_006622	Quinasa inducible por suero (SNK) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = quinasa inducible por suero /FL = gb: AF059617.1 gb: NM_006622.1 gb: AF223574.1
2,271332	-0,08272	5,11	Descendente	1,59E-03	NM_015198	Proteína KIAA0633 (COBL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína KIAA0633 /FL = gb: NM_015198.1
3,584234	1,244979	5,06	Descendente	7,30E-04	AF232772	ARNm de hialuronano sintasa (HAS3) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = hialuronano sintasa 3 2/FL = gb: NM_005329.1 gb: AF232772.1
6,883803	4,552208	5,03	Descendente	3,09E-05	AF107495	ARNm de FWP001 y FWP002 putativa de Homo sapiens, cds completa. /PROD = FWP001 /FL = gb: AF107495.1
3,931505	1,606097	5,01	Descendente	5,32E-05	NM_000610	Antígeno CD4 (función de localización y sistema del grupo sanguíneo indio) (CD44), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = antígeno CD44 (función de localización y sistema del grupo sanguíneo indio) /FL = gb: U40373.1 gb: NM_000610.1 gb: M59040.1 gb: M24915.1

G) H9P39 en el estadio DE 96 h frente a EXPRES 01-Los valores de intensidad están en formato Log2

EXPRES 01	96HRS DE	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-4,01441	4,896261	481,26	Ascendente	1,67E-04	AB028021	Clúster Iricl. AB028021: ARNm de HNF-3beta para el factor 3 beta nuclear de hepatocitos, cds completa /cds = (196,1559) /gb = AB028021 /gi = 4958949 /ug = Hs.155651 /len = 1944
-4,79201	3,803312	386,77	Ascendente	1,32E-04	NM_012431	Dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E de Homo sapiens (SEMA3E), ARNm. /PROD = dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E /FL = gb: NM_012431.1 gb: AB002329.1
-5,25658	3,205654	352,69	Ascendente	1,07E-04	AW005572	Proteína putativa de 47 kD

ES 2 663 421 T3

-0,80043	7,232518	261,91	Ascendente	5,51E-05	D87811	ARNm de Homo sapiens para GATA-6, cds completa. /PROD = GATA-6 /FL = gb: U66075.1 gb: NM_005257.1 gb: D87811.1
-4,50758	3,451939	248,92	Ascendente	8,69E-05	AU118882	receptor de tipo A de la endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
-3,8752	4,026704	239,17	Ascendente	2,39E-05	AB028021	ARNm de HNF-3beta de Homo sapiens para el factor nuclear 3 beta de hepatocitos, cds completa. /PROD = factor nuclear 3 beta de hepatocitos /FL = gb: AB028021.1 gb: NM_021784.1
-2,90798	4,967321	234,8	Ascendente	2,99E-05	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-4,29896	3,162606	176,26	Ascendente	3,54E-05	AY177407	ARNm de goosecoid de la proteína de homeobox de Homo sapiens, cds completa. /PROD = goosecoid de la proteína de homeobox /FL = gb: AY177407.1 gb: NM_173849.1
-3,61621	3,736424	163,44	Ascendente	7,81 E-04	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-1,11159	6,139499	152,33	Ascendente	2,99E-05	N:003867	Factor 17 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (FGF17), ARNm. /PROD = factor 17 del crecimiento de fibroblastos /FL = gb: NM_003867.1 gb: NM_009249.1
-3,26893	3,97901	1 152	Ascendente	7,78E-05	NM_001785	Citidina desaminasa (CDA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = citidina desaminasa /FL = gb: L27943.1 gb: NM_001785.1
-2,0457	5,103681	141,96	Ascendente	2,15E-04	AI422986	EST
-0,62093	6,499027	139,1	Ascendente	2,99E-05	NM_022454	Proteína hipotética FLJ22252 de Homo sapiens similar al gen 17 que contiene la caja SRY (FLJ22252), ARNm. /PROD = proteína hipotética FLJ22252 similar al gen 17 que contiene la caja SRY /FL = gb: NM_022454.1

ES 2 663 421 T3

-0,26005	6,792541	132,75	Ascendente	1,17E-04	R72286	Proteína 4 asociada a las microfibrillas
-3,62742	3,409798	131,34	Ascendente	1,36E-03	AA772920	EST
-1,89695	5,127766	130,21	Ascendente	8,40E-05	AL136944	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586J0624 (del clon DKFZp586J0624); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AF215636.1 gb: NM_014585.1 gb: AF231121.1 gb: AF226614.1 gb: AL136944.1
-1,32044	5,59755	120,93	Ascendente	2,06E-03	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-0,83997	5,897601	106,71	Ascendente	1,78E-04	AI821669	EST
-3,51429	3,198717	104,91	Ascendente	1,10E-03	AA352113	EST
-2,5679	4,132538	104	Ascendente	7,31 E-05	AL121722	Secuencia de ADN humano del clon RP4-788L20 en el cromosoma 20 contiene el gen HNF3B (factor nuclear 3 beta de hepatocitos), un nuevo gen basado en EST, EST, STS, GSS e islas de CpG
-3,53873	2,87541	85,28	Ascendente	7,65E-04	AI675836	Secuencia de ADN humano del clon RP11-446H 13 en el cromosoma 10. Contiene el extremo 3 del gen para una nueva proteína similar a KIAA1059 (ortólogo de la proteína receptora de dominio VPS10 de ratón SORCS), un RPL23A (proteína 23A ribosómica 60s), EST, STS
6,30007	3,012851	84,62	Ascendente	3,25E-03	NM_006614	Molécula de adhesión celular de Homo sapiens con homología a L1CAM (homólogo próximo de L1) (CHL1), ARNm. /PROD = molécula de adhesión celular con homología a L1CAN1 (homólogo próximo de L1) /FL = gb: AF002246.1 gb: NM_006514.1
4,66311	4,666455	80,42	Ascendente	4,51E-04	S69738	NICP-1= proteína quimiotáctica de monocitos (células endoteliales, aórticas, humanas, ARNm, 561 nt). /PROD = MCP-1

ES 2 663 421 T3

0,502235	6,820772	79,81	Ascendente	1,83E-05	NM_014899	Proteína de KIAA0878 de Homo sapiens (KIAA0878), ARNm. /PROD = proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
-2,07937	4,232685	79,45	Ascendente	1,97E-03	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-3,17056	3,136032	79,15	Ascendente	8,69E-05	AI801626	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SB2 HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-3,54017	2,747179	78,11	Ascendente	6,80E-04	NM_002091	Péptido liberador de gastrina (GRP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = péptido liberador de gastrina /FL = gb: NM_002091.1 gb: K02054.1 gb: BC004488.1 proteína relacionada secretad 1 3 de Homo sapiens
0,756526	7,035708	77,66	Ascendente	3,90E-05	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AFO017987.1 gb: AF001900.1
-1,44407	4,79513	75,54	Ascendente	9,78E-04	U91903	ARNm de Fritz humano, cds completa. /PROD = FrKz /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
-2,72686	3,495506	74,67	Ascendente	2,07E-04	AI692180	Proteína de interacción con PTPRF, proteína 2 de unión (liprina beta 2)
-3,20091	3,013879	74,27	Ascendente	7,33E-03	NM_002614	Dominio PDZ de Homo sapiens que contiene 1 (PDZK1), ARNm. /PROD = dominio PDZ que contiene 1 /FL = gb: NM_002614.1 gb: AF012281.1
-3,7619	2,33669	68,53	Ascendente	7,27E-05	NM_016179	Canal 4 del receptor de potencial transitorio de Homo sapiens (TRPC4), ARNm. PROD = receptor de potencial transitorio 4 3/FL = gb: NM_016179.1 gb: AF175406.1
-3,12184	2,909781	65,42	Ascendente	1,61 E-04	AI700341	EST

ES 2 663 421 T3

0,800949	6,787852	63,42	Ascendente	2,39E-05	NM_030781	Receptor secuestrante con lectina de tipo C (SRCL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor secuestrante con lectina de tipo C /FL = gb: NM_030781.1
-4,29055	1,624099	60,32	Ascendente	2,39E-04	AI337300	Homo sapiens, clon MGC: 4604, ARNm, cds completa /FL = gb: BC004219.1
-2,91295	2,987854	59,75	Ascendente	5,35E-03	AW00557	Proteína 2 putativa de 47 kD
-1,70149	4,156198	57,99	Ascendente	7,75E-04	AF225426	ARNm de HT016 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = HTOI 6 /FL = gb: AF225426.1
-1,71797	4,089548	56,01	Ascendente	2,11E-03	AL524520	Receptor 49 acoplado a proteína G
-2,50168	3,192473	51,77	Ascendente	6,18E-03	X16468	ARNm humano para el colágeno alfa-1 de tipo II.
-1,55323	4,102505	50,41	Ascendente	6,30E-05	AI821586	EST, moderadamente similar a la proteína 1 b asociada con la transplasmabilidad derivada de células JE0284 Mm-1 (H. sapiens)
1,388898	7,006012	49,08	Ascendente	2,00E-05	BE620739	EST
0,663834	6,273873	48,84	Ascendente	1,42E-04	AI817041	Receptor acoplado a proteína G
-0,41404	5,168897	47,93	Ascendente	2,80E-04	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
-0,77864	4,801921	47,85	Ascendente	3,26E-04	NM_022055	Reservado (KCNK12) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = canal de potasio dominio de poros en tándem TH IK-2 /FL = gb: NM_022055.1 gb: AF287302.1
-3,10357	2,474935	47,79	Ascendente	1,14E-04	NM_001453	Caja C1 forkhead (FOXC1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Caja C1 forkhead /FL = gb: NM_001453.1
-0,81978	4,721279	46,56	Ascendente	2,62E-04	AI824037	EST, débilmente similar al RECEPTOR FC EPSILON DE INMUNOGLOBULINA DE BAJA AFINIDAD DE RATÓN FCE2 (M. musculus)
-2,26295	3,255855	45,85	Ascendente	1,71 E-03	AI735586	EST
-2,45311	3,005889	43,99	Ascendente	1,26E-02	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm

ES 2 663 421 T3

0,18863	5,2349	42,92	Ascende nte	3,48E-04	AV700724	Proteína 4 de unión a GATA /FL = gb: NM_002052.1 gb: L34357.1 gb: D78250.1
-0,27888	5,117281	42,11	Ascende nte	1,28E-04	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPC de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPC /FL = gb: AF225513.1
-1,83503	3,514396	40,77	Ascende nte	1,00E-03	AA552969	EST
0,83572	6,138202	39,46	Ascende nte	1,51 E-04	N21138	proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
-3,79684	1,484084	38,88	Ascende nte	7,14E-05	AK026720	ADNc de Homo sapiens: FLJ23067 fis, clon LNG04993.
-1,77041	3,498637	38,56	Ascende nte	1,69E-03	NM_003966	Dominio sema de Homo sapiens, siete repeticiones de trombospondina (tipo 1 y similar al tipo 1), dominio transmembrana (TM) y dominio citoplasmático corto (semaforina) 5A (SEMA5A), ARNm. /PROD = siete repeticiones de trombospondina (tipo 1 y similar al tipo 1), dominio transmembrana
-3,31261	1,945323	38,26	Ascende nte	5,68E-04	BG39785	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ alfa 1
0,804491	6,016482	37,07	Ascende nte	6,98E-05	AA583044	proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
-3,10838	2,083703	36,56	Ascende nte	3,89E-04	N50412	EST
-2,61405	2,571666	36,4	Ascende nte	7,27E-05	U71207	ARNm del homólogo ausente de ojos humanos (Eab1), cds completa. /PROD = Eab1 /FL = gb: NM_005244.1 gb: U71207.1
-3,12747	2,048588	36,15	Ascende nte	6,25E-04	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
-2,81405	2,361598	36,14	Ascende nte	1,28E-03	AI694325	EST
-0,69028	4,475046	35,89	Ascende nte	2,18E-04	M16276	ARNm de HLA-DR2-Dw12 del MHC de clase II humano DQw1 - beta, cds completa. /FL = gb: NM_002123.1 gb: M16276.1 gb: M60028.1 gb: M17564.1 gb: M81141.1 gb: M81140.1
0,713597	5,840181	34,93	Ascende nte	2,79E-04	BF508344	EST

ES 2 663 421 T3

0,828899	5,924976	34,2	Ascendente	7,27E-05	NM_001200	Proteína 2 morfogenética ósea (BMP2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
-0,47614	4,618034	34,16	Ascendente	6,98E-05	BF508639	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434E082 (del clon DKFZp434E082)
-0,5292	4,497879	32,61	Ascendente	9,90E-04	AI127440	EST
f	7,391827	32,51	Ascendente	5,61E-05	AJ224869	Gen CXCR4 de Homo sapiens que codifica el receptor CXCR4
-3,7558	1,259886	32,35	Ascendente	4,07E-03	AW473656	EST
-0,98665	4,021785	32,19	Ascendente	1,71 E-03	NM_001463	Proteína relacionada a frizzled (FRZB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína relacionada a frizzled /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
-4,30972	0,685002	31,88	Ascendente	7,81 E-04	AI911379	Proteína hipotética FLJ11113
-3,25309	1,716276	31,33	Ascendente	2,03E-03	AL050154	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586L0120 (del clon DKFZp586L0120);
-0,45718	4,508664	31,25	Ascendente	1,56E-04	BF939489	glicoproteína M6A /FL = gb: D49958.1
-2,39338	2,572327	31,25	Ascendente	3,48E-03	M17955	ARNm de HLA-DQ-beta del MHC de clase II humano, cds completa. /FL = gb: M33907.1 gb: M17955.1 gb: M16996.1 gb: M17563.1 gb: M20432.1 gb: M26042.1
1,314051	6,278914	31,23	Ascendente	2,39E-05	BC000740	Receptor B de colecistoquinina de Homo sapiens, clon MGC: 2199, ARNm, cds completa. /PROD = receptor B de colecistoquinina /FL = gb: L07746.1 gb: L08112.1 gb: S70057.1 gb: BC000740.1 gb: L04473.1 gb: NM_000731.1
-2,16079	2,736566	29,8	Ascendente	2,47E-04	NM_000552	Factor de von Willebrand (VWF), ARNm. /PROD = precursor del factor de von Willebrand /FL = gb: NM_000552.2
-1,39784	3,483531	29,47	Ascendente	1,14E-03	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina

ES 2 663 421 T3

-3,25961	1,618799	29,41	Ascendente	1,38E-02	NM_016341	Fosfolipasa C enriquecida de páncreas de Homo sapiens (LOC51196), ARNm. /PROD = fosfolipasa C enriquecida de páncreas /FL = gb: AF117948.1 gb: NM_016341.1 gb: AF190642.2
-4,15276	0,707307	29,04	Ascendente	1,84E-04	AA129444	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1263, cds parcial
-0,13959	4,718875	29,01	Ascendente	6,98E-05	BG109855	ARNm de la región Cri-du-chat del clon TUA8 de Homo sapiens.
1,829497	6,66646	28,58	Ascendente	6,58E-05	AA534817	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-1,09421	3,740217	28,53	Ascendente	8,67E-04	AK023621	ADNc de FLJ13559 fis de Homo sapiens, clon PLACE1007852, altamente similar al ARNm para la proteína KIAA0878
-0,37709	4,429943	27,99	Ascendente	7,27E-05	AU152102	ADNc de Homo sapiens FLJ12993 fis, clon NT2RP3000197
,3,4744	1,320969	27,77	Ascendente	5,88E-03	L32867	ARNm de alfa-2,8-sialiltransferasa de Homo sapiens, cds completa. /PROD = alfa-2,8-sialiltransferasa /FL = gb: L43494.1 gb: D26360.1 gb: L32867.1 gb: NM_003034.1
-2,4051	2,382948	27,63	Ascendente	7,27E-05	NM_021020	Gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina de Homo sapiens (FEZ1), ARNm. /PROD = gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina /FL = gb: AF123659.1 gb: NM_021020.1
1,563993	6,348869	27,57	Ascendente	2,99E-05	NM_002413	Glutación-S-transferasa 2 microsomal (MGST2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutación-S-transferasa 2 microsomal /FL = gb: NM_002413.1 gb: U77604.1
-4,63418	0,150462	27,56	Ascendente	1,41E-02	BF112218	EST
-2,83906	1,924807	27,17	Ascendente	1,51E-04	T15545	EST
-0,18256	4,580673	27,16	Ascendente	2,39E-05	AI583173	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ beta 1
-1,80965	2,891679	26,02	Ascendente	4,11E-03	NM_152506	Proteína hipotética FLJ32835 (FLJ32835) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_152506.1

ES 2 663 421 T3

-0,10733	4,583423	25,83	Ascende nte	3,29E-04	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-1,42034	3,260135	25,64	Ascende nte	5,35E-04	BE737251	ADNc de Homo sapiens: FLJ22482 fis, clon HRC10859, altamente similar a I R0180147 de Homo sapiens, ARNm del inserto de ADNc de longitud completa, clon EUROIMAGE 180147
-2,6422	2,00977	25,14	Ascende nte	2,92E-05	BF589787	EST
-2,50335	2,123365	24,7	Ascende nte	3,11E-04	AA781795	EST
-2,68947	1,923908	24,48	Ascende nte	2,10E-02	AW291402	EST
-2,14813	2,455272	24,31	Ascende nte	7,80E-04	NM_006034	Proteína inducida por p53 de Homo sapiens (PIG11), ARNm. /PROD = proteína inducida por p53 /FL = gb: AF010315.1 gb: BC000443.1 gb: BC003010.1 gb: NM_006034.1
-1,35345	3,203459	23,54	Ascende nte	9,11 E-04	AW157571	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T00331 KIAA0555 (H. sapiens)
0,424882	4,980575	23,52	Ascende nte	2,79E-04	AI692659	Alfa proteína 1 del shock térmico de 90 kD,
-2,05438	2,485242	23,26	Ascende nte	6,59E-03	BG290908	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-0,35867	4,178782	23,22	Ascende nte	4,79E-05	NM_001957	Receptor de tipo A de endotelina (EDNRA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor de tipo A de endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
-0,13427	4,37209	22,73	Ascende nte	3,30E-04	D49958	ARNm de Homo sapiens para la glicoproteína de membrana M6, cds completa. /PROD = glicoproteína de membrana M6 /FL = gb: D49958.1
-1,54464	2,95955	22,69	Ascende nte	1,14E-04	AI743534	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564B1162 (del clon DKFZp564B1162); cds completa /FL = gb: AL136646.1
-2,16064	2,33987	22,64	Ascende nte	1,03E-02	NM_000475	Subfamilia 0 del receptor nuclear de Homo sapiens, grupo B, miembro 1 (NR0B1); ARNm /PROD = proteína de hipoplasia suprarrenal /FL = gb: NM_000475.2

ES 2 663 421 T3

1,168713	5,649978	22,34	Ascendente	3,27E-04	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína de 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1
1,740607	6,204585	22,07	Ascendente	3,94E-05	NM_002160	Hexabraquion de Homo sapiens (tenascina C, citotactina) (HXB9), ARNm /PROD = Hexabraquion (tenascina C, citotactina) /FL = gb: M55618.1 gb: NM_002160.1
-3,95062	0,506384	21,96	Ascendente	3,04E-03	AU144247	ADNc de Homo sapiens FLJ13443 fis, clon PLACE1002853
-2,49959	1,953408	21,9	Ascendente	2,53E-03	NM_000623	Receptor B2 de bradiquinina (BDKRB2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor B2 de bradiquinina /FL = gb: M88714.1 gb: NM_000623.1
1,997597	6,394209	21,06	Ascendente	7,27E-05	BC005997	Homo sapiens, clon MGC: 14801, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 14801) /FL = gb: BC005997.1
0,476688	4,86637	20,96	Ascendente	1,84E-04	NM_024581	Proteína hipotética FLJ 13942 (FLJ 13942), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ13942 /FL = gb: NM_024581.1
-0,5982	3,789814	20,94	Ascendente	1,67E-02	AI806510	Proteína putativa de 47 kD
1,275191	5,659185	20,88	Ascendente	2,29E-04	AI587307	Proteína hipotética FLJ12838 /FL = gb: NM_024641.1
-0,81856	3,56477	20,87	Ascendente	6,98E-05	AU 29628	EST
-1,25995	3,108032	20,65	Ascendente	5,74E-04	AK026607	ADNc de Homo sapiens: FLJ22954 fis, clon KAT09813, altamente similar a AF010315 de Homo sapiens, ARNm de Pig1 (PIG11).
-2,69284	1,656461	20,38	Ascendente	1,26E-02	R33964	ADNc de Homo sapiens FLJ11022 fis, clon PLACE1003771
0,449168	4,77336	20,03	Ascendente	2,99E-05	AI688418	plexina A2
-3,9115	0,399609	19,85	Ascendente	2,57E-03	NM_005739	Proteína 1 liberadora de guanilo de RAS (regulada por calcio y DAG) (RASGRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 liberadora de guanilo de RAS /FL = gb: AF081195.1 gb: NM_005739.2 gb: AF106071.1

ES 2 663 421 T3

-1,61054	2,680455	19,58	Ascendente	1,10E-03	AW264204	EST
-1,40826	2,851659	19,16	Ascendente	6,31 E-04	AB046770	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1550, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1550
0,007601	4,206081	18,36	Ascendente	8,27E-05	N63706	EST
-0,15629	4,036024	18,28	Ascendente	5,42E-04	AI799018	EST
-0,95386	3,225705	18,12	Ascendente	2,80E-04	AF312769	ARNm críptico de Homo sapiens, cds completa. /PROD = críptico /FL = gb: AF312769.1
-1,16952	2,986121	17,82	Ascendente	2,56E-02	NM_001343	Homólogo 2 disabled (Drosophila) de Homo sapiens (fosfoproteína respondedora a mitógeno) (DAB2), ARNm. /PROD = Homólogo 2 disabled (Drosophila) /FL = gb: U39050.1 gb: NM_001343.1 gb: U53446.1 gb: BC003064.1
-0,68225	3,470947	17,79	Ascendente	9,21 E-05	N48299	EST, moderadamente similar a NFY-C (H. sapiens)
1,861693	6,008305	17,71	Ascendente	2,22E-04	AI374739	EST
0,366041	4,503789	17,6	Ascendente	2,15E-04	AI242583	ADNc de Homo sapiens FLJ11550 fis, clon HEMBA1002970
0,420056	4,533726	17,31	Ascendente	7,27E-05	NM_012242	Homólogo 1 de dickkopf (Xenopus laevis) (DKK1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo 1 de dickkopf (Xenopus laevis) /FL = gb: AF177394.1 gb: NM_012242.1 gb: AF127563.1
-2,64131	1,459191	17,15	Ascendente	3,06E-02	AU 157303	EST
-1,39277	2,690011	16,94	Ascendente	1,61 E-04	AI629041	EST
-0,88175	3,200899	16,94	Ascendente	1,09E-03	AI650874	EST
-2,14545	1,935001	16,92	Ascendente	3,05E-03	NM_015831	Acetilcolinesterasa (grupo sanguíneo YT) (ACHE), variante del transcrito E4-E5, ARNm. /PROD = precursor de la forma ligada a PI e la acetilcolinesterasa /FL = gb: NM_015831.1
-0,5777	3,489676	16,76	Ascendente	7,55E-04	BC036592	Homo sapiens, clon IMAGE: 4814184, ARNm.
-3,18582	0,860182	16,52	Ascendente	1,89E-03	AI991033	heparán sulfato proteoglicano 2 (perlecan) /FL = gb: M85289.1 gb: NM_005529.2

ES 2 663 421 T3

0,041468	4,081945	16,46	Ascendente	6,89E-04	BF130943	EST
-1,6164	2,402639	16,21	Ascendente	8,12E-03	X00452	ARNm humano para la cadena alfa del antígeno de histocompatibilidad de clase II DC. /PROD = cadena alfa del antígeno de histocompatibilidad de clase II DC
-0,70855	3,310445	16,21	Ascendente	8,09E-04	AI917371	EST
1,186033	5,204849	16,21	Ascendente	2,18E-04	AI627704	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T17346 DKFZp586O1624.1 (H. sapiens)
-2,70961	1,305453	16,17	Ascendente	1,75E-02	AK055534	ADNc de Homo sapiens FLJ30972 fis, clon HEART2000492.
1,192657	5,206164	16,15	Ascendente	6,23E-04	NM_024641	Proteína hipotética FLJ 12838 (FLJ 12838), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ12838 /FL = gb: NM_024641.1
-0,41626	3,581554	15,98	Ascendente	4,74E-04	BF110534	EST
-0,29145	3,703489	15,94	Ascendente	3,27E-04	AU 97932	EST
-0,20099	3,787591	15,87	Ascendente	4,75E-04	BF984830	1 inducida por ácido retinoico
-0,62897	3,35485	15,82	Ascendente	1,12E-02	AI694545	EST
3,042634	7,019598	15,75	Ascendente	2,39E-05	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb: NM_005442.1
0,500662	4,465346	15,61	Ascendente	5,59E-04	AB043703	ARNm de FZD8 de Homo sapiens para el receptor de siete dominios transmembrana Frizzled-8, cds completa. /PROD = receptor de siete dominios transmembrana Frizzled-8 /FL = gb: AB043703.1
-2,81453	1,143479	15,54	Ascendente	4,26E-02	BC014585	Homo sapiens, clon IMAGE: 4047715, ARNm.

ES 2 663 421 T3

-0,27888	3,6716	15,46	Ascendente	7,27E-05	NM_0030	Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF 78, subfamilia b, miembro 3 (SMARCD3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia b, miembro 3 /FL = gb: NM_003078.1 gb
2,377335	6,2969	15,13	Ascendente	7,27E-05	NM_0053	Hialuronano sintasa 28 de Homo sapiens (HAS2), ARNm. /PROD = hialuronano sintasa 2 /FL = gb: U54804.1 gb: NM_005328.1
-2,84061	1,073185	15,07	Ascendente	1,33E-03 Al 123532	EST	
0,81871	4,722909	14,97	Ascendente	2,18E-04	X06268	ARNm humano para pro-alfa 1 colágeno (II) en C-terminal, dominio de triple hélice y no helicoidal en C-terminal. /PROD = pro-alfa 1 colágeno (II) (313AA; AA 975-271 c) /FL = gb: NM_001844.2
3,2061	7,080736	14,67	Ascendente	2,00E-05	NM_006681	Neuromedina U (NMU) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuromedina U /FL = gb: NM_006681.1
-0,60671	3,260587	14,59	Ascendente	2,39E-03	NM_000458	Factor 2 de transcripción de Homo sapiens, hepático; LF-B3; factor nuclear hepático variante (TCF2), variante del transcrito a, ARNm. /PROD = factor 2 de transcripción, isoforma a /FL = gb: NM_000458.1
-3,75063	0,097574	14,4	Ascendente	2,53E-03	AW243154	EST
-0,66587	3,17829	14,36	Ascendente	2,94E-04	NM_001362	Desyodinasas, yodotironina, de tipo III (DIO3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = tiroxina desyodinasas de tipo III /FL = gb: NM_001362.1 gb: S79854.1
-2,17973	1,654509	14,26	Ascendente	7,81 E-04	BE379542	Proteína 3 de unión al cromodominio de la ADN helicasa /FL = gb: U91543.1
-0,40798	3,424074	14,24	Ascendente	3,78E-04	AL 143879	fosfodiesterasa 10A /FL = gb: AB020593.1 gb: AF127479.1 gb: NM_006661.
1,194285	5,026057	14,24	Ascendente	4,81 E-04	NM_001898	Cistatina SN (CST1) de Homo sapiens, ARNm /PROD = cistatina SN /FL = gb: J03870.1 gb: NM_001898.1

ES 2 663 421 T3

-0,22337	3,603991	14,2	Ascendente	1,24E-03	NM_021822	Proteína MDS019 similar a la forbolina (MDS019) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína MDS019 similar a la forbolina DS019 /FL = gb: AF182420.1 gb: NM_021822.1
-3,47125	0,352559	14,16	Ascendente	3,65E-02	BF114815	EST
-3,95752	-0,14384	14,06	Ascendente	1,63E-02	NM_001432	Epiregulina (EREG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de epiregulina /FL = gb: D30783.1 gb: NM_001432.1
-1,83999	1,973187	14,06	Ascendente	2,96E-04	AK074453	ADNc de Homo sapiens FLJ23873 fis, clon LNG12941.
-2,9769	0,834997	14,04	Ascendente	2,11 E 02	AW612111	EST
-1,92059	1,887684	14,01	Ascendente	1,43E 03	AI738662	homeobox HB9 /FL = gb: NM_005515.1
1,868094	5,672805	13,97	Ascendente	7,78E-05	H92988	proteína de activación de la tirosina 3-monooxigenasa triptófano 5-monooxigenasa, polipéptido eta
-1,42171	2,367519	13,83	Ascendente	1,18E-04	NM_005010	molécula de adhesión celular neural (NRCAM) de Homo sapiens, ARNm /PROD = molécula de adhesión celular neural /FL = gb: AB002341.1 gb: NM_005010.1
-3,18081	0,59108	13,66	Ascendente	6,34E-04	AW44981	Proteína KIAA0918
-0,11092	3,655377	13,61	Ascendente	1,43E-04	BF591483	EST
-1,74597	2,018156	13,59	Ascendente	1,45E-02	AW269818	Proteína hipotética FLJ23403 /FL = gb: NM_022068.1
1,59762	5,358013	13,55	Ascendente	9,35E-04	NM_018649	Histona nuclear macroH2A2.2 (MACROH2A2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = histona nuclear macroH2A2.2 /FL = gb: AF151534.1 gb: NM_018649.1
-2,85208	0,904726	13,52	Ascendente	4,53E-03	AI423201	EST
-1,68521	2,068725	13,49	Ascendente	3,53E-03	NM_002770	Proteasa de serina, 2 (tripsina 2) (PRSS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteasa de serina, 2 (tripsina 2) /FL = gb: M27602.1 gb: NM_002770.1

ES 2 663 421 T3

0,753353	4,506029	13,48	Ascendente	1,83E-05	NM_021827	Proteína hipotética FLJ23514 (FLJ23514) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ23514 /FL = gb: NM_021827.1
-1,54589	2,19498	13,37	Ascendente	7,14E-03	AW088232	EST
-2,06656	1,672721	13,35	Ascendente	5,12E-03	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST
1,696658	5,415977	13,17	Ascendente	8,38E-04	L01639	ARNm del receptor del neuropéptido Y(NPYR) (clon HSY3RR) humano, cds completa. /PROD = receptor del neuropéptido Y /FL = gb: L06797.1 gb: NM_003467.1 gb: AF025375.1 gb: AF147204.1 gb: M99293.1 gb: L01639.1
1,633768	5,34671	1 13,11	Ascendente	2,39E-05	AI733465	colágeno alfa 2 de tipo IX /FL = gb: NM_001852.1
-0,65009	3,058078	13,07	Ascendente	1,17E-04	NM_017931	Proteína hipotética FLJ20699 (FLJ20699) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20699 /FL = gb: NM_017931.1
0,661121	4,360957	12,99	Ascendente	1,08E-04	AA502609	Similar a anquirina con dominios 1 transmembrana (ANKTM1) de Homo sapiens, ARNm
1,048741	4,74741	12,98	Ascendente	4,60E-04	NM_001899	Cistatina S (CST4) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cistatina S /FL = gb: NM_001899.1
-2,19527	1,501137	12,96	Ascendente	1,06E-03	NM_0133	Fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH (EPSIN) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fosfoproteína mitótica de unión al dominio EH /FL = gb: NM_013333.1 gb: AF073727.1
-2,89467	0,794807	12,9	Ascendente	7,39E-03	AW971205	EST
-3,30412	0,383694	12,89	Ascendente	3,93E-02	AU 157224	ADNc de Homo sapiens FLJ11570 fis, clon HEMBA1003309
1,223968	4,90936	12,87	Ascendente	8,70E-05	AL574912	EST, débilmente similar a la serina proteasa (H. sapiens)
-2,30432	1,38101	1 12,86	Ascendente	3,92E-02	BC017958	Homo sapiens, clon IMAGE: 4607409, ARNm.

ES 2 663 421 T3

2,593137	6,238337	12,51	Ascend nte	2,99E-05	NM_001873	Carboxipeptidasa E (CPE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la carboxipeptidasa E /FL = gb: NM_001873.1
-1,43446	2,199521	12,41	Ascend nte	9,27E-03	AW291482	EST
0,151239	3,777599	12,35	Ascend nte	1,16E-04	BE644809	EST
-0,07494	3,527775	12,15	Ascend nte	9,39E-05	NM_001394	Fosfatasa 4 de especificidad doble (DUSP4) DE Homo sapiens, ARNm. / PROD= fosfatasa 4 de especificidad doble 4/FL = gb: NM_001394.2 gb: BC002671.1 gb: U48807.1 gb: U21108.1
-2,56291	1,033178	12,09	Ascend nte	1,48E-02	BG53269	Integrina alfa-4 (antígeno CD49D, subunidad alfa 4 del receptor VLA-4)
-3,10679	0,486734	12,07	Ascend nte	8,34E-04	N59476	EST
-1,71673	1,874627	12,05	Ascend nte	9,46E-04	NM_000420	Grupo sanguíneo de Kell (KEL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = antígeno del grupo sanguíneo de Kell /FL = gb: BC003135.1 gb: NM_000420.1
1,071985	4,656957	12	Ascend nte	6,98E-05	NM_004560	Receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa (ROR2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa /FL = gb: M97639.1 gb: NM_004560.1
-0,05814	3,51961	11,94	Ascend nte	8,07E-04	BF308645	Proteína KIAA1415
0,581614	4,158253	11,93	Ascend nte	1,95E-04	AF005775	ARNm de la proteína 2 reguladora de la apoptosis similar a la caspasa de Homo sapiens (clarp), sometida a corte y empalme alternativo, cds completa. /PROD = proteína 2 reguladora de la apoptosis similar a la caspasa /FL = gb: AF005775.1
-3,51603	0,057356	11,9	Ascend nte	2,99E-02	AV724769	EST
-1,99136	1,57545	11,85	Ascend nte	8,72E-03	AL109653	Secuencia de ADN humano del clon GS1-115M3 en el cromosoma Xq27.1-28 Contiene un gen de una proteína nueva, CXorf1 (marco de lectura abierto 1 del cromosoma X), EST, STS, GSS y una isla de CpG
0,454394	4,013479	11,79	Ascend nte	3,30E-04	AL036088	Proteína KIAA1479

ES 2 663 421 T3

-0,41994	3,13818	11,78	Ascendente	2,73E-03	AI686957	Proteína KIAA1494
1,355965	4,912341	11,76	Ascendente	2,16E-04	AI141603	alfa 1 colágeno de tipo VI
-2,33835	1,203342	11,65	Ascendente	2,16E-02	L33477	ARNm de Br-cadherina (clon 8B1) humana, cds completa. /PROD = Br-cadherina /FL = gb: L34057.1 gb: L33477.1 gb: NM_004061.1
2,453593	5,992042	11,62	Ascendente	5,24E-05	NM_005410	Selenoproteína P plasmática 1 (SEPP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la selenoproteína P /FL = gb: NM_005410.1
0,240245	3,777926	11,61	Ascendente	8,44E-04	BF940761	EST
-0,28951	3,242447	11,57	Ascendente	3,11 E-04	NM_018388	Proteína hipotética FLJ11316 (FLJ11316) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ11316 /FL = gb: NM_018388.1
-0,10881	3,416108	11,51	Ascendente	3,44E-04	AA701657	Proteína hipotética FLJ12666
-1,17666	2,334376	11,4	Ascendente	7,27E-04	NM_024633	Proteína hipotética FLJ21276 (FLJ21276) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ21276 /FL = gb: NM_024633.1
2,59334	6,102285	11,38	Ascendente	6,58E-05	AA045184	Proteína ribosómica L14
0,451744	3,95936	11,37	Ascendente	2,79E-04	NM_001399	Displasia ectodérmica 1 (ED1) de Homo sapiens, anhidrótica, ARNm. /PROD = displasia ectodérmica 1 anhidrótica /FL = gb: AF060999.1 gb: NM_001399.1 gb: AF040628.1 gb: AF061189.1
1,040647	4,542431	11,33	Ascendente	6,98E-05	AI348094	Proteína KIAA0882
-1,24923	2,248992	11,3	Ascendente	1,02E-03	R42166	EST, débilmente similar al PRECURSOR DE AXONINA-1 HUMANA AXO1 (H. sapiens)
0,414809	3,908697	11,27	Ascendente	2,78E-04	NM_016179	Canal 4 del receptor de potencial transitorio de Homo sapiens (TRPC4), ARNm. PROD = receptor de potencial transitorio 4 3/FL = gb: NM_016179.1 gb: AF175406.1

ES 2 663 421 T3

-2,9904	0,493882	11,19	Ascendente	2,79E-04	U96136	ARNm de delta-catenina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = delta-catenina /FL = gb: NM_001332.1 gb: U72665.1 gb: AB013805.1 gb: U96136.1 gb: AF035302.1
1,076427	4,559689	11,18	Ascendente	1,88E-04	AI640307	Protocadherina 10
-1,08244	2,395089	11,14	Ascendente	2,32E-03	X75208	X75208 /CARACTERÍSTICA = CdS /DEFINICIÓN = ARNm de HSPTKR de H. sapiens HEK2 para el receptor de la proteína tirosina quinasa
-1,25121	2,224638	11,13	Ascendente	3,78E-04	R62432	Clúster Incl. R62432: ADNc de yg52e11.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE-36023 /clon_fin = 3 /gb = R62432 /gi = 834311 /ug = Hs.12321 /len = 487
0,631332	4,097155	11,05	Ascendente	3,78E-04	AM30705	EST, débilmente similar al factor de corte y empalme asociado a A46302 PTB, forma larga (H. sapiens)
1,438639	4,903827	11,04	Ascendente	9,39E-05	BF223214	EST
0,120924	3,584799	11,03	Ascendente	9,41 E-05	NM_001529	Homeobox expresada hematopoyéticamente (HHEX) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = homeobox expresada hematopoyéticamente /FL = gb: NM_001529.1 gb: L16499.1 gb: NM_002729.1
1,316429	4,768005	10,94	Ascendente	1,37E-04	AI769688	Secuencia del ARNm del clon 23664 y 23905 de Homo sapiens
0,449933	3,898646	10,92	Ascendente	3,56E-03	Z21533	Gen HEX de Homo sapiens que codifica la proteína relacionada con homeobox. /PROD = proteína relacionada con homeobox
2,383898	5,826754	10,87	Ascendente	2,39E-05	BF476502	Proteína hipotética FLJ11585
-2,21968	1,214412	10,81	Ascendente	2,00E-02	AA946876	EST
0,999053	4,427902	10,77	Ascendente	2,39E-04	AW129593	de asociación de la repetición tudor con PCTAIRE 2
1,750623	5,17881	10,76	Ascendente	7,27E-05	AA176289	EST
0,502333	3,925314	10,73	Ascendente	2,47E-03	AF211891	ARNm de la proteína 1 de homeobox similar a Mix (MILD1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 de homeobox similar a Mix /FL = gb: AF21

ES 2 663 421 T3

1891,1							
-2,15454	1,256699	10,64	Ascende nte	4,44E-02	NM_012082	Friend de GATA2 (FOG2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD =Friend de GATA2 /FL = gb: NM_012082.2 gb: AF119334.1	
-0,23726	3,166937	10,59	Ascende nte	3,27E-04	AA912476	ADNc de Homo sapiens FLJ13221 fis, clon NT2RP4002075	
-2,38435	1,018436	10,58	Ascende nte	1,74E-03	AI743137	EST	
-1,83333	1,555259	10,47	Ascende nte	5,26E-03	NM_006501	Proteína básica de oligodendrocitos asociada a la mielina (MOBP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína básica de oligodendrocitos asociada a la mielina /FL = gb: D28113.1 gb: NM_006501.1	
2,168853	5,557183	10,47	Ascende nte	2,75E-04	AA284532	proteína de activación de la tirosina 3-monooxigenasa triptófano 5-monooxigenasa, polipéptido eta	
-1,0335	2,347369	10,42	Ascende nte	9,35E-04	AL553774	Proteína KIAA1462	
-1,78964	1,575618	10,3	Ascende nte	2,04E-02	NM_004861	cerebrósido (3-fosfoadenililulfato: g galactosilceramida 3) sulfotransferasa (CST) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = galactosilceramida sulfotransferasa /FL = gb: NM_004861.1 gb: D88667.1	
-3,12055	0,243075	10,29	Ascende nte	2,31 E-02	AW780006	EST	
2,194421	5,519803	10,02	Ascende nte	8,38E-04	AF348491	ARNm de receptor de quimioquinas CXCR4 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = receptor de quimioquinas CXCR4 /FL = gb: AF348491.1	
-0,75724	2,561949	9,98	Ascende nte	5,19E-03	AL445192	Secuencia de ADN humano del clon RP11-269H4 en el cromosoma 20. Contiene el extremo 3 del gen KIAA1415 similar a la proteína 1 inductora de invasión y metástasis del linfoma T, EST, STS y GSS	
-0,92287	2,395505	9,98	Ascende nte	3,26E-04	AA443280	EST, altamente similar a la miosina de clase III AF2291721 (H. sapiens)	
-0,38837	2,924326	9,94	Ascende nte	6,37E-04	BE551088	EST	
-1,06796	2,241523	9,91	Ascende nte	3,97E-02	AW66417	Proteína hipotética 9 MGC4342 /FL = gb: NM_024329.1 gb: BC003033.1	

ES 2 663 421 T3

-0,65031	2,656212	9,89	Ascende nte	1,16E-04	AI760630	EST
-0,2425	3,063759	9,89	Ascende nte	1,10E-04	NM_018286	Proteína hipotética FLJ 10970 (FLJ 10970), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10970 /FL = gb: NM_018286.1
4,042679	7,345476	9,87	Ascende nte	3,22E-04 N	NM_005454	Homólogo de cerberus 1 (Xenopus laevis) de Homo sapiens (superfamilia del nudo de cisteína) (CER1), ARNm. /PROD = cerberus 1 /FL . = gb: NM_005454.1
0,561438	3,86147	9,85	Ascende nte	3,49E-04	BF968270	EST
-2,62694	0,672523	9,85	Ascende nte	8,33E-03	NM000055 O000	Butirilcolinesterasa (BCHE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la butirilcolinesterasa /FL = gb: M16541.1 gb: M16474.1 gb: NM_000055.1
-1,75731	1,539959	9,83	Ascende nte	3,37E-02	BC008992	Homo sapiens, clon MGC: 16926 IMAGE: 4183000, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 16926) /FL = gb: BC008992.1
3,287037	6,580588	9,81	Ascende nte	7,27E-05	AI633559	EST
-1,20714	2,08291	9,78	Ascende nte	3,66E-03	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
0,937118	4,225755	9,77	Ascende nte	7,27E-05	AU151342	ADNc de Homo sapiens FLJ12935 fis, clon NT2RP2004982
0,447082	3,734688	9,76	Ascende nte	1,61 E-04	NM_014942	Proteína de KIAA0957 de Homo sapiens (KIAA0957), ARNm. /PROD = proteína KIAA0957 /FL = gb: AB023174.1 gb: NM_014942.1
-3,09265	0,191299	9,74	Ascende nte	6,04E-03	AI093492	EST
-2,20597	1,071614	9,7	Ascende nte	1,05E-02	AI968904	EST
1,370117	4,641246	9,65	Ascende nte	7,27E-05	M33653	ARNm de colágeno de tipo IV alfa-2 (clones HT- (125,133)) humano (COL4A2) ARNm, cds completa. /PROD = colágeno de tipo IV alfa-2 /FL = gb: M33653.1
0,205308	3,457432	9,53	Ascende nte	1,55E-04	BF509230	EST

ES 2 663 421 T3

1,380324	4,628332	9,5	Ascendente	3,46E-04	NM_006895	Histamina N-metiltransferasa (HNMT) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = histamina N-metiltransferasa /FL = gb: NM_006895.1 gb: D16224.1 gb: U08092.1
0,1187	3,354157	9,42	Ascendente	2,39E-05	N21184	Clúster Incl. N21184: ADNc de yx41a10.s1 Homo sapiens, 3 fin /clon = IMAGE1118886 /clon_fin = 3 /gb = N21184 /gi = 1126354 /ug = Hs.93605 /len = 619
-0,30596	2,924622	9,39	Ascendente	1,42E-03	BC029835	Homo sapiens, clon IMAGE: 5169759, ARNm.
1,008383	4,233261	9,35	Ascendente	1,84E-04	BE397715	factor de transcripción 2 de la leucemia de precursores de células B /FL = gb: NM_002586.1
-1,28081	1,941655	9,33	Ascendente	1,10E-03	NM_001735	Componente 5 del complemento (C5) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = componente 5 del complemento /FL = gb: M57729.1 gb: NM_001735.1
-1,80959	1,41238	9,33	Ascendente	3,47E-03	BF447246	Proteína KIAA0960
0,378586	3,596764	9,31	Ascendente	3,90E-05	BF109231	EST
-1,17885	2,035986	9,28	Ascendente	1,34E-03	AB002155	ARNm de Homo sapiens para uroplaquina Ib humana, cds completa. /PROD = uroplaquina Ib humana /FL = gb: NM_006952.1 gb: AB015234.1 gb: AF042331.1 gb: AB002155.1
-2,84187	0,3707	9,27	Ascendente	2,06E-03	NM_002244	Subfamilia J, canal rectificador hacia el interior de potasio de Homo sapiens, inhibidor 1 (KCNJ1), ARNm. /PROD = inhibidor 1, subfamilia J, del canal rectificador hacia dentro de potasio /FL = gb: NM_002244.1
0,442286	3,651458	9,25	Ascendente	6,22E-04	NM_001778	Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) (CD48), ARNm. /PROD = Antígeno CD48 (proteína de membrana de células B) /FL = gb: NM_001778.1 gb: M37766.1 gb: M59904.1

ES 2 663 421 T3

-1,58477	1,612357	9,17	Ascendente	3,93E-03	NM_016341	Fosfolipasa C enriquecida de páncreas de Homo sapiens (LOC51196), ARNm. /PROD = fosfolipasa C enriquecida de páncreas /FL = gb: AF117948.1 gb: NM_016341.1 gb: AF190642.2
0,798972	3,993241	9,15	Ascendente	2,02E-05	AI082827	Proteína hipotética FLJ11585
-1,39976	1,793953	9,15	Ascendente	8,10E-04	NM_005204	Proteína activada por mitógeno quinasa quinasa quinasa quinasa 8 (MAP3K8) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína quinasa quinasa quinasa δ activada por mitógeno /FL = gb: NM_005204.1 gb: D14497.1
-1,2719	1,918316	9,13	Ascendente	2,22E-03	NM_020406	Policitemia rubra vera 1; receptor de la superficie celular (PRV1), ARNm. /PROD = policitemia rubra vera 1; receptor de la superficie celular /FL = gb: NM_020406.1 gb: AF146747.1
-1,20098	1,986443	9,11	Ascendente	7,28E-03	NM_001794	Cadherina 4, de tipo 1, R-cadherina (retiniana) (CDH4), ARNm. /PROD = cadherina 4, de tipo 1, R-cadherina (retiniana) /FL = gb: L34059.1 gb: NM_001794.1
0,270283	3,456007	9,1	Ascendente	1,24E-03	AI690433	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp434K0621 (del clon DKFZp434K0621); cds parcial.
-3,14727	0,038057	9,1	Ascendente	4,46E-02	NM_0011	Angiopoyetina 2 (ANGPT2) de Homo sapiens 47, ARNm. /PROD = angiopoyetina 2 /FL = gb: AB009865.1 gb: AF004327.1 gb: NM_001147.1
-2,65285	0,529695	9,08	Ascendente	5,20E-04	BE549700	EST
-0,70603	2,476147	9,08	Ascendente	2,75E-04	X02162	ARNm humano para la apolipoproteína AI (apo AI) = . /PROD = preproapolipoproteína AI
0,134434	3,31354	9,06	Ascendente	7,31 E-05	AV758821	EST, débilmente similar a la PROTEÍNA 13 DEDO DE CINCO Z132JHUMANA (H. sapiens)
1,488455	4,666225	9,05	Ascendente	2,39E-05	NM_000177	Gelsolina de Homo sapiens (amiloidosis, de tipo Finnish) (GSN), ARNm. /PROD = gelsolina amiloidosis, de tipo Finnish /FL = gb: NM_000177.1

ES 2 663 421 T3

0,37879	3,553097	9,03	Ascendente	2,87E-04	BC039295	Similar a la regulada por disminución por Ctnnbi de Homo sapiens, un clon MGC: 39518 IMAGE: 5267063, ARNm, cds completa. /PROD = Similar a la regulada por disminución por Ctnnbi, a /FL = gb: BC039295.1
-2,03929	1,12953	8,99	Ascendente	1,03E-02	NM_003855	Receptor 1 de la interleuquina 18 de Homo sapiens, (IL18R1), ARNm /PROD = receptor 1 de interleuquina 1 /FL = gb: NM_003855.1 gb: U43672.1
-1,95127	1,210788	8,95	Ascendente	6,65E-03	L12468	ARNm de aminopeptidasa A de Homo sapiens, cds completa. /PROD = aminopeptidasa A /FL = gb: L12468.1 gb: NM_001977.1 gb: L14721.1
-3,03451	0,120756	8,91	Ascendente	1,30E-03	BF432875	EST
0,219552	3,367037	8,86	Ascendente	1,61 E-04	BE856336	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp761 G151 G151 (del clon DKFZp434H1235); cds parcial
1,091867	4,237655	8,85	Ascendente	3,97E-03	NM_004765	Homo sapiens Linfoma LLC 7C de células B (BCL7C) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Linfoma LLC 7C de células B /FL = gb: NM_004765.1
-1,37872	1,766362	8,85	Ascendente	2,81 E-03	AF063825	ARNm de variante gamma truncada de la proteína 4 relacionada con trp de Homo sapiens, cds completa. /PROD = variante gamma truncada de la proteína 4 relacionada con trp /FL = gb: AF063825.1
-0,88126	2,263541	8,84	Ascendente	1,10E-03	BC014364	Homo sapiens, clon MGC: 24252 IMAGE: 3932604, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 24252) /FL = gb: BC014364.1
0,345528	3,488906	8,84	Ascendente	1,32E-04	AW276186	complejo mayor de histocompatibilidad, clase II, DQ beta
-1,23083	1,909333	8,82	Ascendente	3,54E-05	AF063824	ARNm de variante delta truncada de la proteína 4 relacionada con trp de Homo sapiens, cds completa. /PROD = variante delta truncada de la proteína 4 relacionada con trp /FL = gb: AF063824.1

ES 2 663 421 T3

-0,95126	2,187719	8,81	Ascendente	8,38E-04	NM_021170	Factor Hes4 de bHLH (LOC57801) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor de bHLH Hes4 /FL = gb: NM_021170.1 gb: AB048791.1
1,979568	5,115328	8,79	Ascendente	1,83E-05	M17565	DQ- beta de MHC de clase II humano asociado con DRw6, proteína Dqw1, cds completa. /FL = gb: M17565.1
1,425392	4,555892	8,76	Ascendente	1,10E-03	AB018195	ARNm de ca xi de Homo sapiens para la proteína XI relacionada con la anhidrasa carbónica, cds completa. /PROD = proteína XI relacionada con la anhidrasa carbónica /FL = gb: NM_001217.2 gb: AB018195.1 gb: BC002662.1 gb: AF067662.1
-0,94697	2,181933	8,75	Ascendente	8,53E-03	BG20809	ADNc de Homo sapiens 1 FLJ37414 fis, clon BRAWH1000157.
-2,29059	0,832807	8,71	Ascendente	1,45E-03	NM_000110	Dihidropirimidina deshidrogenasa (DPYD) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = dihidropirimidina deshidrogenasa /FL = gb: AB003063.1 gb: U09178.1 gb: NM_000110.2 gb: U20938.1
1,409091	4,531365	8,71	Ascendente	3,78E-04	AF026219	ARNm de la proteína HP (HP) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína HP /FL = gb: AF026219.1 gb: AF035119.1 gb: NM_006094.2
0,038661	3,158562	8,69	Ascendente	1,38E-02	AL831967	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp451 H072 H072 (del clon DKFZp451 H072)); cds completa. /FL = gb: AL831967.1
-0,75335	2,363345	8,67	Ascendente	7,05E-03	AK023900	ADNc de FLJ13838 fis de Homo sapiens, clon THYRO1000756, débilmente similar a ALFA-N-ACETILGALACTOSAMINIDA ALFA-2,6-SIALILTRANSFERASA (EC 2.4.99.-). /FL = gb: NM_013443.1 gb: AB035173.1
-3,56757	-0,45104	8,67	Ascendente	3,25E-03	R43486	EST

ES 2 663 421 T3

2,377686	5,491345	8,66	Ascendente	5,51E-05	NM_000222	Homólogo del oncogén vírico del sarcoma felino 4 de v-kit Hardy-Zuckerman (KIT) de Homo sapiens. /PROD = precursor del homólogo el oncogén vírico del sarcoma felino 4 de v-kit Hardy-Zuckerman de Homo sapiens /FL = gb: NNI_000222.1
3,409815	-4,69755	275,78	Descendente	7,78E-05	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1
2,62025	-3,04157	50,63	Descendente	2,62E-04	AA625683	EST
4,897427	-0,73179	49,5	Descendente	3,89E-04	R06655	EST, moderadamente similar a la proteína AF0788441 hqpO376 (H. sapiens)
3,77776	-1,65937	43,32	Descendente	9,82E-04	BU729850	Proteína hipotética LOC153469
0,757197	-4,31965	33,75	Descendente	9,91 E-03	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
3,025351	-1,3831	1 21,24	Descendente	1,78E-03	AW590925	EST
2,350127	-1,99242	20,29	Descendente	2,82E-04	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a la proteína 2 similar a toloide AF059516 (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.
0,860464	-3,44694	19,8	Descendente	1,25E-02	NM_003007	Semenofelina I (SEMG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = semenogelina I /FL = gb: J04440.1 gb: NM_003007.1
0,579765	-3,42804	16,09	Descendente	1,83E-03	AI393930	EST
4,507212	0,732117	13,69	Descendente	6,09E-05	AW196940	EST
3,862686	0,237876	12,34	Descendente	1,03E-03	NM_007115	Proteína 6 inducida por alfa del factor de necrosis tumoral (TNFAIP6) de Homo sapiens, ARNm / PROD= proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
2,36447	-1,22861	12,07	Descendente	2,57E-04	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm. /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2

ES 2 663 421 T3

3,113698	-0,4652	11,95	Descend ente	1,17E-04	NM_002196	1 asociada a insulinoma (INSM1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 asociada a insulinoma /FL = gb: NM_002196.1 gb: M93119.1
1,05854	-2,46305	11,48	Descend ente	2,94E-02	AI703321	Familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless, miembro 5A
3,557525	0,041029	11,44	Descend ente	2,62E-04	BF514079	factor 4 similar a Kruppel 4 (intestino)
3,806044	0,419409	10,46	Descend ente	7,75E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
2,64743	-0,69932	10,17	Descend ente	2,48E-03	AI702438	EST
3,030236	-0,17175	9,2	Descend ente	4,80E-03	AA812232	regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
5,023981	1,931575	8,53	Descend ente	1,95E-04	NM_006472	Regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 (VDUP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = regulada por aumento por la 1,25-dihidroxitamina D-3 /FL = gb: NM_006472.1 gb: S73591.1
6,426778	3,371755	8,31	Descend ente	2,62E-04	AF313413	Proteína pequeña putativa de membrana NID67, ARNm, cds completa. PROD = Proteína NID67 de la membrana epitelial /FL = gb: AF313413.1
-0,42962	-3,45743	8,16	Descend ente	2,90E-02	D28364	ARNm humano para la anexina II, 5UTR (secuencia desde el capuchón en 5 al codón de iniciación).
2,367534	-0,64534	8,07	Descend ente	2,77E-02	AF098641	ARNm de la isoforma RC de CD44 (CD44) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = isoforma RC de CD44 /FL = gb: AF098641.1
5,13621	2,189627	7,71	Descend ente	2,78E-03	BC013944	Polipéptido 7 pesado similar a miosina músculo cardiaco, beta clon IMAGE: 4064393, ARNm.
2,951696	0,005808	7,71	Descend ente	1,79E-02	AB019562	ARNm de Homo sapiens expresado únicamente en las vellosidades de la placenta, clon SMAP41 .
6,568635	3,642312	7,6	Descend ente	2,61 E-04	AL031602	Secuencia de ADN humano del clon RP5-1174N9 en el cromosoma 1 p34.1-35.3. Contiene el gen de una nueva proteína con dominio IBR, un gen (¿pseudo?) para una nueva proteína similar a MT1 E (metalotioneína 1E (funcional)), EST, STS, GSS y dos Cp putativos.

ES 2 663 421 T3

0,237018	-2,68848	7,6	Descend ente	1,69E-02	NM_002852	Gen relacionado con pentaxina de Homo sapiens, inducido rápidamente por IL-1 beta (PTX3), ARNm. /PROD = gen relacionado con pentaxina, inducida rápidamente por IL-1 beta /FL = gb: M31166.1 gb: NM_002852.1
3,094055	0,187515	7,5	Descend ente	7,78E-05	AW18819	proteína 6 alfa-inducida, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
0,510307	-2,36971	7,36	Descend ente	5,02E-02	AI040887	EST
2,514693	-0,35098	7,29	Descend ente	5,77E-05	NM_145032	Proteína hipotética MGC21636 (MGC21636) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: BC020572.1 gb: NM_145032.2
5,356771	2,49399	7,27	Descend ente	2,39E-04	W92036	EST
4,622217	1,771706	7,21	Descend ente	4,89E-05	AL537457	polipéptido ligero del neurofilamento (68 kD) /FL = gb: NM_006158.1
7,360687	4,513462	7,2	Descend ente	5,28E-04	BF217861	metalotioneína 1E (funcional)
5,388254	2,562722	7,09	Descend ente	4,27E-04	NM_004207	Familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3, (SLC26A1), de Homo sapiens, ARNm /PROD = familia 16 del transportador de solutos (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
3,462851	0,655394	7	Descend ente	5,00E-04	BE673800	EST, moderadamente similar a la proteína KIAA1238 (H. sapiens)
4,749034	1,960178	6,91	Descend ente	1,18E-02	NM_002130	3-hidroxi-3-metilglutaril-coenzima A sintasa 1 (soluble) (HMGCS1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 3-hidroxi-3-metilglutaril-coenzima A sintasa 1 (soluble) /FL = gb: NM_002130.1 gb: L25798.1 gb: BC000297.1
4,738703	1,971781	6,81	Descend ente	7,81 E-04	NM_014033	Proteína de DKFZP586A0522 de Homo sapiens (DKFZP586A0522), ARNm. /PROD = proteína DKFZP586A0522 /FL = gb: NM_014033.1
2,28595	-0,4498	6,66	Descend ente	2,03E-03	BE504838	EST

ES 2 663 421 T3

1,10782	-1,62775	6,66	Descend ente	9,81 E-04	BC029425	Proteína similar a KIAA1275 de Homo sapiens, clon IMAGE: 4616553, ARNm.
4,092731	1,365462	6,62	Descend ente	2,70E-04	AL513917	Familia de transportadores de soluto 16 (transportadores de ácido monocarboxílico), miembro 3 /FL = gb: U81800.1 gb: NM_004207.1
3,437271	0,717704	6,59	Descend ente	1,77E-04	AB029025	ARNm de Homo sapiens para la proteína forKIAA1102, cds parcial. /PROD = proteína KIAA1102
2,129273	-0,56464	6,47	Descend ente	9,35E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
3,508683	0,85988	6,27	Descend ente	4,89E-05	AK027231	ADNc de Homo sapiens: FLJ23578 fis, clon LNG12709.
4,285883	1,64868	6,22	Descend ente	4,39E-04	AL038787	6-fosfofructo-2-quinasa fructosa-2,6-bifosfatasa 4
4,847114	2,216008	6,2	Descend ente	6,18E-03	NM_006474	Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón de (T1A-2), variante del transcrito, ARNm. /PROD = Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón, isoforma 2 /FL = gb: NM_006474.1 gb: AF030428.1
5,095598	2,488937	6,09	Descend ente	5,96E-03	NM_005542	Gen 1 inducido por insulina (INSIG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = gen 1 inducido por insulina /FL = gb: NM_005542.1
0,547626	-2,03638	6	Descend ente	2,43E-03	AI632015	Familia 12 de transportadores de soluto (transportadores de sodio potasio), miembro 1 /FL = gb: U58130.1 gb: NM_000338.1
3,127666	0,546103	5,99	Descend ente	1,23E-03	NM_003577	Factor de transcripción 1 (UTF1) de células embrionarias indiferenciadas de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Factor de transcripción 1 (UTF1) de células embrionarias indiferenciadas /FL = gb: NM_003577.1 gb: AB011076.1
1,389794	-1,18154	5,94	Descend ente	7,75E-04	BG498699	EST
2,098906	-0,46916	5,93	Descend ente	5,35E-03	NM_003914	Ciclina A1 de Homo sapiens (CCNA1), ARNm. /PROD = ciclina A1 /FL = gb: NM_003914.1 gb: U66838.1

ES 2 663 421 T3

1,361153	-1,18056	5,82	Descend ente	5,68E-04	NM_014352	Factor de transcripción POU de Homo sapiens (OCT11), ARNm. /PROD = factor de transcripción POU /FL = gb: NM_014352.1 gb: AF133895.1 gb: AF162278.1
4,308564	1,770347	5,81	Descend ente	3,89E-04	NM_171999	3 similar a sal (SALL3) (Drosophila) (SALL3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 3 similar a sal /FL = gb: NM_171999.1
2,798327	0,284755	5,71	Descend ente	7,29E-03	BF062943	Protocadherina 18
4,255531	1,77831	5,57	Descend ente	8,19E-04	AF096296	Precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = precursor de la quimioquina 2 del estroma tímico /FL = gb: AF142434.1 gb: AF096296.1 gb: AF124601.1 gb: AB010447.1 gb: NM_006072.1
3,602406	1,138163	5,52	Descend ente	2,16E-04	AI493245	Antígeno CD4 (función de localización y sistema del grupo sanguíneo indio)
1,892794	-0,57116	5,52	Descend ente	8,90E-04	AL 138349	Proteína KIAA0367
4,253624	1,806392	5,45	Descend ente	2,55E-03	NM_003385	1 similar a visinina (VSNL1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 similar a visinina /FL = gb: AF039555.1 gb: U14747.1 gb: AB001104.1 gb: NM_003385.1
4,055862	1,616613	5,42	Descend ente	1,30E-03	AK026815	ADNc de Homo sapiens: FLJ23162 fis, clon LNG09734.
5,441963	3,012923	5,39	Descend ente	5,89E-03	NM_016651	Nueva proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular de Homo sapiens (LOC51339), ARNm. /PROD = proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular /FL = gb: NM_016651.2 gb: AF251079.2
7,149479	4,725219	5,37	Descend ente	2,79E-04	M 10943	Gen If de metalotioneína humana (hMT-If)
4,590778	2,174965	5,34	Descend ente	5,10E-04	BF055311	Proteína hipotética
4,560288	2,150773	5,31	Descend ente	4,80E-02	BF979497	Escualeno epoxidasa
5,807319	3,418163	5,24	Descend ente	4,84E-04	NM_018004	Proteína hipotética FLJ10134 (FLJ10134) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10134 /FL = gb: NM_018004.1

ES 2 663 421 T3

7,224807	4,842369	5,21	Descendente	6,39E-04	NM_005951	metalotioneína 1 (MT1 H) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 1 H /FL = gb: NM_005951.1
7,144308	4,773705	5,17	Descendente	4,79E-04	BF246115	Proteína relacionada con la ARN helicasa
3,56272	1,19687	5,15	Descendente	2,14E-04	NM_003247	Trombospondina 2 (THBS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = trombospondina 2 /FL = gb: NM_003247.1 gb: L12350.1
3,280973	0,92641	5,11	Descendente	8,07E-04	AL139377	Secuencia de ADN humano del clon RP11-251 J8 en el cromosoma 13 contiene EST, STS, GSS y una isla de CpG. Contiene dos genes nuevos con dos isoformas cada uno y el gen KIAA0610 con dos isoformas
2,770179	0,433532	5,05	Descendente	1,14E-04	AK000345	ADNc de Homo sapiens FLJ20338 fis, clon HEP12179.
3,947271	1,623385	5,01	Descendente	6,54E-04	AI928035	EST

H) H9P39 en el estadio DE 5 h frente a EXPRES 01-Los valores de intensidad están en formato Log2

EXPRES 01	5D DE	Relación	Dirección	adj, valor p	Identificador génico	Nombre del gen
-4,01441	5,124176	563,62	Ascendente	2,04-E-04	AB028021	Clúster Incl. ABD28021: ARNm de HNF-3beta para el factor 3 beta nuclear de hepatocitos, cds completa /cds = (195,1569) /gb = AB028021 /gi = 4958949 /ug = . 155651 /len = 1944
-2,90798	5,80468	419,54	Ascendente	6,31 E-05	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-3,8752	4,686662	377,9	Ascendente	9,07E-05	AB028021	ARNm de HNF-3beta de Homo sapiens para el factor nuclear 3 beta de hepatocitos, cds completa. /PROD = factor nuclear 3 beta de hepatocitos /FL = gb: AB028021.1 gb: NM_021784.1
-5,25658	3,291398	374,28	Ascendente	1,45E-04	AW005572	Proteína putativa de 47 kD

ES 2 663 421 T3

-4,79201	3,696679	359,21	Ascend nte	1,91 E-04	NM_012431	Dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E de Homo sapiens (SEMA3E), ARNm. /PROD = dominio sema, dominio de inmunoglobulina (Ig), dominio básico corto, secretado (semaforina) 3E /FL = gb: NM_012431.1 gb: AB002329.1
-4,29896	3,55326	231,07	Ascend nte	5,31E-05	AY177407	ARNm de goosecoid de la proteína de homeobox de Homo sapiens, cds completa. /PROD = goosecoid de la proteína de homeobox /FL = gb: AY177407.1 gb: NM_173849.1
-0,80043	6,860899	202,44	Ascend nte	1,45E-04	D87811	ARNm de Homo sapiens para GATA-6, cds completa. /-6 /FL = gb: U66075.1 gb: NM_0005257.1 gb: D87811.1
-2,0457	5,432491	178,3	Ascend nte	3,17E-04	AI422986	EST
-0,62093	6,825713	174,45	Ascend nte	6,31E-05	NM_022454	Proteína hipotética FLJ22252 de Homo sapiens similar al gen 17 que contiene la caja SRY (FLJ22252), ARNm. /PROD = proteína hipotética FLJ22252 similar al gen 17 que contiene la caja SRY /FL = gb: NM_022454.1
-3,20091	4,115748	159,42	Ascend nte	4,55E-03	NM_002614	Dominio PDZ de Homo sapiens que contiene 1 (PDZK1), ARNm. /PROD = dominio PDZ que contiene 1 /FL = gb: NM_002614.1 gb: AF012281.1
-1,55323	5,756709	158,68	Ascend nte	1,18E-04	AI821586	EST, moderadamente similar a la proteína 1 b asociada con la transpantabilidad derivada de células JE0284 Mm-1 (H. sapiens)
-1,32044	5,931596	152,43	Ascend nte	1,87E-03	AF017987	ARNm de la proteína 2 relacionada con la apoptosis secretada (SARP2) de Homo sapiens, cds completa. PROD = Proteína 2 secretada relacionada con la apoptosis /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1

ES 2 663 421 T3

-2,07937	5,100657	145,01	Ascendente	1,38E-03	NM_001643	Apolipoproteína A-II (APOA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-II /FL = gb: M29882.1 gb: NM_001643.1 gb: BC005282.1
-1,44407	5,698139	141,26	Ascendente	7,86E-04	U91903	ARNm de Fritz humano, cds completa. /PROD = Fritz /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
-1,89695	5,224062	139,2	Ascendente	2,36E-04	AL136944	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586J0624 (del clon DKFZp586J0624); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AF215636.1 gb: NM_014585.1 gb: AF231121.1 gb: AF226614.1 gb: AL136944.1
-1,39784	5,68934	135,97	Ascendente	4,88E-04	BE222344	Factor 5 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina
-0,77864	6,281843	133,48	Ascendente	2,22E-04	NM_022055	Reservado (KCNK12) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = canal de potasio dominio de poros en tándem TH IK-2 /FL = gb: NM_022055.1 gb: AF287302.1
-4,50758	2,549475	133,16	Ascendente	2,17E-04	AU118882	receptor de tipo A de la endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
-3,51429	3,503914	129,63	Ascendente	4,95E-04	AA352113	EST
-3,66072	3,328123	127,01	Ascendente	3,78E-04	AI240545	Glicoforina B (incluye el grupo sanguíneo Ss)
-1,11159	5,754168	115,63	Ascendente	1,30E-04	NM_003867	Factor 17 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (FGF17), ARNm. /PROD = factor 17 de crecimiento de fibroblastos /FL = gb: NM_003867.1 gb: AB009249.1
-3,61621	3,217076	114,03	Ascendente	1,27E-03	AL569326	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPc de Homo sapiens, cds completa
-1,66311	5,134985	111,28	Ascendente	4,22E-04	S69738	MCP-1 = proteína quimiotáctica de monocitos (células endoteliales, aórticas, humanas, ARNm, 661 nt). /PROD = MCP-1
-0,83997	5,93144	109,24	Ascendente	2,98E-04	AI821669	EST

ES 2 663 421 T3

-0,98665	5,726104	104,89	Ascendente	5,59E-04	NM_001463	Proteína relacionada a frizzled (FRZB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína relacionada a frizzled /FL = gb: U24163.1 gb: U68057.1 gb: NM_001463.1 gb: U91903.1
-2,5679	4,137457	104,36	Ascendente	7,79E-05	AL121722	Secuencia de ADN humano del clon RP4-788L20 en el cromosoma 20 contiene el gen HNF3B (factor nuclear 3 beta de hepatocitos), un nuevo gen basado en EST, EST, STS, GSS e islas de CpG
-1,80965	4,847846	100,95	Ascendente	1,46E-03	NM_152506	Proteína hipotética FLJ32835 (FLJ32835) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_152506.1
0,502235	7,009369	90,96	Ascendente	6,31 E-05	NM_014899	Proteína de KIAA0878 de Homo sapiens (KIAA0878), ARNm. /PROD = proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
-2,72686	3,743779	88,69	Ascendente	2,40E-04	AI692180	Proteína de interacción con PTPRF, proteína 2 de unión (liprina beta 2)
-3,53873	2,900762	86,79	Ascendente	7,01 E-04	AI675836	Secuencia de ADN humano del clon RP11-446H 13 en el cromosoma 10. Contiene el extremo 3 del gen para una nueva proteína similar a KIAA1059 (ortólogo de la proteína receptora de dominio VPS10 de ratón SORCS), un RPL23A (proteína 23A ribosómica 60s), EST, STS
0,756526	7,184293	86,09	Ascendente	1,32E-04	NM_003012	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled (SFRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
1,194285	7,539085	81,28	Ascendente	1,91 E-04	NM_001898	Cistatina SN (CST1) de Homo sapiens, ARNm /PROD = cistatina SN /FL = gb: J03870.1 gb: NM_001898.1
-3,13458	3,167207	78,89	Ascendente	3,78E-04	AI767388	Secuencia de ADN humano del clon RP5-1024N4 en el cromosoma 1 p32.1 - 33. Contiene el gen de un nuevo miembro de familia de simporte de solutos similar to SLC5A1 (SGLT1), un pseudogen similar a parte de los miembros de la familia de la butirofilina, un gen nuevo, EST, STS, GS

ES 2 663 421 T3

-2,16064	4,140592	78,86	Ascend nte	3,71 E-03	NM_000475	Subfamilia 0 del receptor nuclear de Homo sapiens, grupo B, miembro 1 (NR0B1); ARNm /PROD = proteína de hipoplasia suprarrenal /FL = gb: NM_000475.2
-3,54017	2,700772	75,63	Ascend nte	7,42E-04	NM_002091	Péptido liberador de gastrina (GRP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = péptido liberador de gastrina /FL = gb: NM_002091.1 gb: K02054.1 gb: BC004488.1
-0,10733	6,129363	75,41	Ascend nte	1,89E-04	BC005107	Homo sapiens, clon IMAGE: 3840937, ARNm, cds parcial. /PROD = Desconocido (proteína para IMAGE: 3840937)
-0,70603	5,511093	74,39	Ascend nte	1,32E-04	X02162	ARNm humano para la apolipoproteína AI (apo AI) = . /PROD = preproapolipoproteína AI
-1,71797	4,462566	72,53	Ascend nte	1,82E-03	AL524520	Receptor 49 acoplado a proteína G
-2,6422	3,482776	69,79	Ascend nte	1,32E-04	BF589787	EST
-2,55363	3,5449	68,52	Ascend nte	7,88E-04	NM_005143	Haptoglobina (HP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = haptoglobina /FL = gb: K00422.1 gb: L29394.1 gb: NM_005143.1
-1,68521	4,368534	66,43	Ascend nte	8,61 E-04	NM_002770	Proteasa de serina, 2 (tripsina 2) (PRSS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteasa de serina, 2 (tripsina 2) /FL = gb: M27602.1 gb: NM_002770.1
-0,81978	5,225222	66,03	Ascend nte	2,29E-04	A1824037	EST, débilmente similar al RECEPTOR FC EPSILON DE INMUNOGLOBULINA DE BAJA AFINIDAD DE RATÓN FCE2 (M. musculus)
-3,86227	2,17108	65,5	Ascend nte	3,68E-03	U00178	Gen de la glicoforina Erik STA (GPENk) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = glicoforina Erik (STA) /FL = gb: U00178.1
-1,09421	4,938977	65,49	Ascend nte	6,31 E-05	AK023621	ADNc de FLJ13559 fis de Homo sapiens, clon PLACE1007852, altamente similar al ARNm para la proteína KIAA0878
0,663834	6,652281	63,49	Ascend nte	1,91 E-04	A1817041	Receptor acoplado a proteína G

ES 2 663 421 T3

-0,58181	5,375577	62,14	Ascendente	1,45E-04	NM_000039	Apolipoproteína A-I (APOA1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de apolipoproteína A-I /FL = gb: M27875.1 gb: M11791.1 gb: NM_000039.1 gb: BC005380.1
-1,54589	4,362835	60,08	Ascendente	1,73E-03	AW088232	EST
-0,07494	5,828115	59,84	Ascendente	1,54E-04	NM_001394	Fosfatasa 4 de especificidad doble (DUSP4) DE Homo sapiens, ARNm. / PROD= fosfatasa 4 de especificidad doble 4/FL = gb: NM_001394.2 gb: BC002671.1 gb: U48807.1 gb: U21108.1
-4,56294	1,310101	58,61	Ascendente	1,11E-03	NM_002443	Microseminoproteína, beta- (MSMB), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = microseminoproteína, beta- /FL = gb: NMJ)02443.1
-3,4744	2,363586	57,2	Ascendente	2,68E-03	L32867	ARNm de alfa-2,8-sialiltransferasa de Homo sapiens, cds completa. /PROD = alfa-2,8-sialiltransferasa /FL = gb: L43494.1 gb: D26360.1 gb: L32867.1 gb: NM_003034.1
-2,46443	3,369728	57,05	Ascendente	1,45E-04	AL450314	Nuevo mapeo del gen humano del cromosoma 22. /PROD = proteína hipotética
1,388898	7,19192	55,83	Ascendente	8,20E-05	BE620739	EST
-4,00586	1,787905	55,48	Ascendente	2,21 E-04	AI032108	Factor 4 alfa nuclear de hepatocitos
-3,79684	1,959873	54,07	Ascendente	2,17E-04	AK026720	ADNc de Homo sapiens: FLJ23067 fis, clon LNG04993.
-0,66587	5,083659	53,8	Ascendente	1,91 E-04	NM_001362	Desyodinasas, yodotironinas, de tipo III (DIO3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = tiroxina desyodinasas de tipo III /FL = gb: NM_001362.1 gb: S79854.1
-0,18863	5,551911	53,47	Ascendente	3,52E-04	AV700724	Proteína 4 de unión a GATA /FL = gb: NM_002052.1 gb: L34357.1 gb: D78250.1
0,800949	6,531642	53,1	Ascendente	1,02E-04	NM_030781	Receptor secuestrante con lectina de tipo C (SRCL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor secuestrante con lectina de tipo C /FL = gb: NM_030781.1

ES 2 663 421 T3

-1,61054	4,10541	52,56	Ascende nte	5,56E-04	AW264204	EST
-2,91295	2,78771	52,01	Ascende nte	6,07E-03	AW005572	Proteína putativa de 47 kD
-2,50006	3,186935	51,52	Ascende nte	8,45E-04	U66061	Cadena beta del receptor de células T de la línea germinal humana TCRBV17S1A1 T, TCRBV2S1, TCRBV10S1, TCRBV29S1, TCRBV19S1P, TCRBV15S1 TCRBV11 S1A1, HVB relic, TCRBV28S1, TCRBV34S1, TCRBV14S1. TCRBV3S1, TCRBV4S1A1, TRY4, TRY5, TRY6, TRY7, TRY8, TCRBD1, TCRBJ1 TCRBJ1, TCRB...
-1,70149	3,97514	51,15	Ascende nte	1,10E-03	AF225426	ARNm de HT016 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = HTOI 6 /FL = gb: AF225426.1
-2,50335	3,151666	50,39	Ascende nte	2,47E-04	AA781795	EST
-3,2144	2,380089	48,32	Ascende nte	4,61 E-03	NM_020995	Proteína relacionada con haptoglobina (HPR), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína relacionada con haptoglobina /FL = gb: NM_020995.1
0,83572	6,417467	47,89	Ascende nte	1,94E-04	N21138	proteína KIAA0878 /FL = gb: NM_014899.1 gb: AB020685.1
-2,4051	3,170689	47,7	Ascende nte	1,32E-04	NM_021020	Gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina de Homo sapiens (FEZ1), ARNm. /PROD = gen relacionado con el cáncer esofágico F37 que codifica el motivo de cremallera de leucina /FL = gb: AF123659.1 gb: NM_021020.1
-3,91992	1,65452	47,65	Ascende nte	2,78E-04	AL553774	Proteína KIAA1462
-3,39007	2,175099	47,35	Ascende nte	5,44E-03	NM_006614	Molécula de adhesión celular de Homo sapiens con homología a L1CAM (homólogo próximo de L1) (CHL1), ARNm. /PROD = molécula de adhesión celular de Homo sapiens con homología a L1CAM (homólogo próximo de L1) /FL = gb: AF002246.1 gb: NM_006614.1

ES 2 663 421 T3

-1,77041	3,785027	47,03	Ascend nte	1,43E-03	NM_003966	Dominio sema de Homo sapiens, siete repeticiones de trombospondina (tipo 1 y similar al tipo 1), dominio transmembrana (TM) y dominio citoplasmático corto (semaforina) 5A (SEMA5A), ARNm. /PROD = siete repeticiones de trombospondina (tipo 1 y similar al tipo 1), dominio transmembrana
-2,1243	3,414352	46,48	Ascend nte	7,42E-04	AL590118	Nuevo ARNm humano del cromosoma 22. Variante de corte y empalme dJ22E13.C22.1. /PROD = proteína hipotética
-3,71922	1,808255	46,13	Ascend nte	6,31 E-05	NM_012301	Proteína 1 de interacción con atrofina-1 de Homo sapiens; proteína 1 de interacción con el receptor de la activina (KIAA0705), ARNm. /PROD = proteína 1 de interacción con atrofina-1; proteína 1 de interacción con el receptor de la activina /FL = gb: NM_012301.1 gb: AF038563.1
0,282425	5,79006	45,49	Ascend nte	2,52E-04	AW772192	Secuencia de ARNm del clon 23736 de Homo sapiens
1,314051	6,761422	43,63	Ascend nte	8,20E-05	BC000740	Receptor B de colecistoquinina de Homo sapiens, clon MGC: 2199, ARNm, cds completa. /PROD = receptor B de colecistoquinina /FL = gb: L07746.1 gb: L08112.1 gb: S70057.1 gb: BC000740.1 gb: L04473.1 gb: NM_000731.1
1,048741	6,488423	43,4	Ascend nte	1,43E-04	NM_001899	Cistatina S (CST4) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cistatina S /FL = gb: NM_001899.1
-0,26005	5,163577	42,92	Ascend nte	3,89E-04	R72286	Proteína 4 asociada a las microfibrillas
-3,53207	1,859147	41,97	Ascend nte	6,92E-04	NM_002769	Proteasa de serina, 1 (tripsina 1) (PRSS1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteasa de serina, 1 (tripsina 1) /FL = gb: M22612.1 gb: NM_002769.1
-0,2425	5,144972	41,86	Ascend nte	1,91 E-04	NM_018286	Proteína hipotética FLJ 10970 (FLJ 10970), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10970 /FL = gb: NM_018286.1

ES 2 663 421 T3

-3,14727	2,237789	41,79	Ascende nte	9,13E-03	NM_001147	Angiopoyetina 2 (ANGPT2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = angiopoyetina 2 /FL = gb: AB009865.1 gb: AF004327.1 gb: NM_001
147,1						
-3,69577	1,687554	41,74	Ascende nte	3,38E-03	AL133386	Secuencia de ADN humano del clon RP1-181 C24 en el cromosoma 6p11.1-12.2. Contiene el extremo 3 del gen BMP5 para la proteína 5 morfogenética ósea, EST, STS y GSS /FL = gb: M60314.1 gb: NM_021073.1
0,828899	6,191145	41,13	Ascende nte	1,33E-04	NM_001200	Proteína 2 morfogenética ósea (BMP2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
-3,26893	2,058218	40,15	Ascende nte	5,08E-04	NM_001785	Citidina desaminasa (CDA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = citidina desaminasa /FL = gb: L27943.1 gb: NM_001785.1
0,804491	6,097871	39,22	Ascende nte	1,58E-04	AA583044	proteína 2 morfogenética ósea /FL = gb: NM_001200.1
-3,25961	2,021534	38,89	Ascende nte	1,07E-02	NM_016341	Fosfolipasa C enriquecida de páncreas de Homo sapiens (LOC51196), ARNm. /PROD = fosfolipasa C enriquecida de páncreas /FL = gb: AF117948.1 gb: NM_016341.1 gb: AF190642.2
-1,83503	3,428167	38,4	Ascende nte	1,04E-03	AA552969	EST
-1,9473	3,313481	38,34	Ascende nte	1,92E-03	U43328	ARNm de la proteína link humana, cds completa. /PROD = proteína link /FL = gb: NM_001884.1 gb: U43328.1
1,563993	6,815362	38,09	Ascende nte	6,31 E-05	NM_002413	Glutación-S-transferasa 2 microsomal (MGST2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glutación-S-transferasa 2 microsomal /FL = gb: NM_002413.1 gb: U77604.1
0,753353	5,985265	37,58	Ascende nte	6,31 E-05	NM_021827	Proteína hipotética FLJ23514 (FLJ23514) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ23514 /FL = gb: NM_021827.1
-3,95062	1,221052	36,04	Ascende nte	2,88E-03	AU144247	ADNc de Homo sapiens FLJ13443 fis, clon PLACE1002853

ES 2 663 421 T3

-1,92059	3,223801	35,37	Ascende nte	7,42E-04	AI738662	homeobox HB9 /FL = gb: NM_005515.1
0,007601	5,147748	35,26	Ascende nte	1,45E-04	N63706	EST
-3,12184	2,01388	35,16	Ascende nte	5,36E-04	AI700341	EST
1,470195	6,597094	34,94	Ascende nte	8,20E-05	AI676059	EST
-2,81405	2,284598	34,26	Ascende nte	1,27E-03	AI694325	EST
-2,83906	2,251765	34,08	Ascende nte	1,40E-04	T15545	EST
-0,27888	4,797361	33,74	Ascende nte	1,91 E-04	AF225513	ARNm de inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPC de Homo sapiens, cds completa. /PROD = inhibidor beta de proteína quinasa dependiente de AMPC /FL = gb: AF225513.1
-2,80061	2,271493	33,64	Ascende nte	1,79E-03	NM_014624	Proteína A6 de unión a calcio S100 (calciclina) de Homo sapiens (S100A6), ARNm. /PROD = Proteína A6 de unión a calcio S100 /FL = gb: NM_014624.2 gb: BC001431.1
-3,7619	1,277348	32,88	Ascende nte	1,63E-04	NM_016179	Canal 4 del receptor de potencial transitorio de Homo sapiens (TRPC4), ARNm. PROD = receptor de potencial transitorio 4 3/FL = gb: NM_016179.1 gb: AF175406.1
0,366041	5,37746	32,25	Ascende nte	1,45E-04	AI242583	ADNc de Homo sapiens FLJ11550 fis, clon HEMBA1002970
1,696658	6,703009	32,14	Ascende nte	1,02E-04	L01639	ARNm del receptor del neuropéptido Y(NPYR) (clon HSY3RR) humano, cds completa. /PROD = receptor del neuropéptido Y /FL = gb: L06797.1 gb: NM_003467.1 gb: AF025375.1 gb: AF147204.1 gb: M99293.1 gb: L01639.1
-3,62742	1,377732	32,11	Ascende nte	4,73E-03	AA772920	EST
-0,22337	4,733912	31,07	Ascende nte	6,84E-04	NM_021822	Proteína MDS019 similar a la forbolina (MDS019) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína MDS019 similar a la forbolina DS019 /FL = gb: AF182420.1 gb: NM_021822.1

ES 2 663 421 T3

-2,33835	2,59894	30,64	Ascend nte	8,18E-03	L33477	ARNm de Br-cadherina (clon 8B1) humana, cds completa. /PROD = Br-cadherina /FL = gb: L34057.1 gb: L33477.1 gb: NM_004061.1
0,713597	5,633194	30,27	Ascend nte	4,33E-04	BF508344	EST
0,299946	5,21645	30,2	Ascend nte	3,47E-03	NM_001322	Cistatina SA (CST2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = cistatina SA /FL = gb: NM_001322.1
-1,43446	3,469297	29,93	Ascend nte	3,61 E-03	AW291482	EST
-0,11092	4,785145	29,78	Ascend nte	2,75E-04	BF591483	EST
-2,68947	2,167726	28,98	Ascend nte	1,86E-02	AW291402	EST
-3,25309	1,589977	28,7	Ascend nte	2,04E-03	AL050154	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp586L0120 (del clon DKFZp586L0120);
-3,17056	1,66331	28,52	Ascend nte	2,66E-04	AI801626	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SB2 HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-0,41404	4,412864	28,38	Ascend nte	3,12E-04	AI332407	Proteína 1 secretada relacionada a frizzled /FL = gb: AF056087.1 gb: NM_003012.2 gb: AF017987.1 gb: AF001900.1
0,47614	4,348662	28,34	Ascend nte	2,59E-04	BF508639	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434E082 (del clon DKFZp434E082)
0,88175	3,931755	28,12	Ascend nte	6,39E-04	AI650874	EST
2,66737	2,145076	28,1	Ascend nte	6,31 E-05	BF060736	EST
1,42034	3,315265	26,64	Ascend nte	7,42E-04	BE737251	ADNc de Homo sapiens: FLJ22482 fis, clon HRC10859, altamente similar a I R0180147 de Homo sapiens, ARNm del inserto de ADNc de longitud completa, clon EUROIMAGE 180147
-3,9115	0,79001	26,02	Ascend nte	2,08E-03	NM_005739	Proteína 1 liberadora de guanilo de RAS (regulada por calcio y DAG) (RASGRP1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 1 liberadora de guanilo de RAS /FL = gb: AF081195.1 gb: NM_005739.2 gb: AF106071.1
0,041468	4,741042	25,98	Ascend nte	4,95E-04	BF130943	EST

ES 2 663 421 T3

-2,4531	1 2,234445	25,77	Ascende nte	2,11E-02	BC042378	Homo sapiens, clon IMAGE: 5277693, ARNm.
-2,50168	2,154999	25,22	Ascende nte	1,22E-02	X16468	ARNm humano para el colágeno alfa-1 de tipo II.
-2,81453	1,810003	24,67	Ascende nte	2,55E-02	BC014585	Homo sapiens, clon IMAGE: 4047715, ARNm.
-1,54464	3,064723	24,41	Ascende nte	1,58E-04	AI743534	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564B1162 (del clon DKFZp564B1162); cds completa /FL = gb: AL136646.1
-0,20114	4,391607	24,13	Ascende nte	2,40E-04	NM_000280	Gen 6 de caja pareada de Homo sapiens (aniridia, keratitis) (PAX6), ARNm. /PROD = isoforma a del gen 6 de caja pareada /FL = gb: NM_000280.1 gb: M93650.1
-2,26295	2,328666	24,11	Ascende nte	3,38E-03	AI735586	EST
2,194421	6,729686	23,19	Ascende nte	6,31 E-05	AF348491	ARNm de receptor de quimioquinas CXCR4 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = receptor de quimioquinas CXCR4 /FL = gb: AF348491.1
-2,05438	2,47465	23,09	Ascende nte	7,80E-03	BG290908	EST, moderadamente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
-2,56112	1,953388	22,86	Ascende nte	3,79E-02	NM_002098	Activador 1 B (retina) de la guanilato ciclasa (GUCA1 B) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = activador 1 B (retina) de la guanilato ciclasa /FL = gb: M95174.1 gb: NM_002098.1 gb: M97496.1
1,186033	5,699787	22,84	Ascende nte	3,11 E-04	AI627704	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T17346 DKFZp586O1624.1 (H. sapiens)
-0,37709	4,122407	22,62	Ascende nte	1,32E-04	AU152102	ADNc de Homo sapiens FLJ12993 fis, clon NT2RP3000197
-3,10838	1.371	22,31	Ascende nte	7,67E-04	N50412	EST
0,581614	5,04863	22,12	Ascende nte	1,91 E-04	AF005775	ARNm de la proteína 2 reguladora de la apoptosis similar a la caspasa de Homo sapiens (clarp), sometida a corte y empalme alternativo, cds completa. /PROD = proteína 2 reguladora de la apoptosis similar a la caspasa /FL = gb: AF005775.1
-0,15629	4,305757	22,04	Ascende nte	5,69E-04	AI799018	EST

ES 2 663 421 T3

-1,22896	3,220593	21,85	Ascendente	3,57E-04	AA628967	EST, altamente similar al PRECURSOR DE LA PROTEÍNA HEDGEHOG INDIA HUMANA (H. sapiens)
-0,5982	3,842585	21,72	Ascendente	1,62E-02	AI806510	Proteína putativa de 47 kD
-3,64219	0,7939	21,65	Ascendente	4,82E-02	NM_016950	Testican 3 (HSAJ 1454) de Homo sapiens, ARNm /PROD = testican 3 /FL = gb: NM_016950.1 gb: BC000460.1 gb: BC003017.1
1,168713	5,589508	21,42	Ascendente	7,42E-04	NM_016139	Proteína de 16,7 kD de Homo sapiens (LOC51142), ARNm. /PROD = proteína de 16,7 kD /FL = gb: NM_016139.1 gb: AF078845.1 gb: BC003079.1
-0,35867	4,059826	21,38	Ascendente	3,11 E-04	NM_001957	Receptor de tipo A de endotelina (EDNRA) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor de tipo A de endotelina /FL = gb: NM_001957.1 gb: L06622.1
-2,06656	2,342712	21,25	Ascendente	3,19E-03	AF141339	ARNm de la proteína LIP3 de interacción con LYST de Homo sapiens, cds parcial. /PROD = proteína LIP3 de interacción con LYST
-0,5292	3,876079	21,19	Ascendente	1,54E-03	AL 127440	EST
3,10357	1,289233	21,01	Ascendente	2,09E-04	NM_001453	Caja C1 forkhead (FOXC1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = caja C1 forkhead /FL = gb: NM_001453.1
0,143286	4,530622	20,93	Ascendente	2,37E-03	AW157548	Proteína 5 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: M65062.1 gb: M62782.1 gb: NM_000599.1 gb: AF055033.1
-2,7734	1,613669	20,92	Ascendente	2,19E-03	BF515913	EST
0,240245	4,617197	20,78	Ascendente	7,42E-04	BF940761	EST
1,203777	5,579613	20,76	Ascendente	9,87E-05	AA633203	gen conservado amplificado en el osteosarcoma
-0,95126	3,407252	20,51	Ascendente	3,70E-04	NM_021170	Factor Hes4 de bHLH (LOC57801) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor de bHLH Hes4 /FL = gb: NM_021170.1 gb: AB048791.1

ES 2 663 421 T3

-2,50705	1,830533	20,22	Ascendente	1,44E-02	NM_001174	Proteína 6 de activación de la Rho GTPasa (ARHGAP4) de Homo sapiens, variante 2 del transcrito, ARNm. /PROD = isoforma 2 de la proteína 6 de activación de la Rho GTPasa /FL = gb: AF022212.2 gb: NM_001174.2
0,476688	4,813764	20,21	Ascendente	2,22E-04	NM_024581	Proteína hipotética FLJ 13942 (FLJ 13942), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ13942 /FL = gb: NM_024581.1
-3,12747	1,195263	20,01	Ascendente	1,04E-03	AV726956	EST, débilmente similar a la proteína A hipotética C35826 13K (H. sapiens)
1,868094	6,17918	19,85	Ascendente	1,30E-04	H92988	proteína de activación de la tirosina 3-monooxigenasa triptófano 5-monooxigenasa, polipéptido eta
-2,08299	2,183935	19,25	Ascendente	2,64E-02	NM_002048	Proteína 1 específica del cese de crecimiento (GAS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 específica del cese de crecimiento /FL = gb: NM_002048.1 gb: L13698.1
0,417034	4,677559	19,17	Ascendente	4,65E-04	AL571375	Proteína hipotética FLJ21032
-1,42686	2,825005	19,05	Ascendente	1,38E-03	NM_007250	Factor 8 similar a Kruppel (KLF8) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor 8 similar a Kruppel /FL = gb: U28282.1 gb: NM_007250.1
1,829497	6,079493	19,03	Ascendente	2,21 E-04	AA534817	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
2,33658	1,906847	18,94	Ascendente	4,55E-03	AW299538	EST
-3,7558	0,485727	18,92	Ascendente	8,76E-03	AW473656	EST
2,20597	2,032138	18,87	Ascendente	3,53E-03	AI968904	EST
0,23726	3,987817	18,7	Ascendente	5,55E-04	AA912476	ADNc de Homo sapiens FLJ13221 fis, clon NT2RP4002075
0,02885	4,245437	18,59	Ascendente	1,45E-04	AL534095	Proteína hipotética FLJ23091
1,275191	5,478497	18,42	Ascendente	2,30E-04	AI587307	proteína hipotética FLJ 12838 /FL = gb: NM_024641.1
-2,65285	1,547186	18,38	Ascendente	5,15E-04	BE549700	EST

ES 2 663 421 T3

-2,40046	1,790023	18,26	Ascende nte	9,66E-03	NM_002102	Glicoforina E (GYPE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glicoforina E /FL = gb: NM_002102.1 gb: M29610.1
0,903379	5,089167	18,2	Ascende nte	5,59E-04	AF229179	Proteína de membrana específica de riñón NX-17 de Homo sapiens, ARNm, cds completa. PROD = proteína de membrana específica de riñón NX-17 /FL = gb: AF229179.1
-1,78964	2,376462	17,95	Ascende nte	9,77E-03	NM_004861	Cerebrósido (3- fosfoadenililsulfato: g alactosilceramida 3) sulfotransferasa (CST), ARNm. /PROD = galactosilceramida sulfotransferasa /FL = gb: NM_004861.1 gb: D88667.1
1,641644	5,800724	17,87	Ascende nte	9,96E-04	AI922855	carboxipeptidasa E /FL = gb: NM_001873.1
-3,18081	0,961939	17,66	Ascende nte	2,69E-04	AW44981	Proteína KIAA0918
-2,49139	1,64952	17,64	Ascende nte	2,29E-04	AJ277914	Gen LHX9 parcial de Homo sapiens para la homeocaja 9 de LIM de Homo sapiens, 3UTR.
0,780949	4,89808	17,35	Ascende nte	2,32E-04	NM_005630	Familia 21 del transportador de solutos (transportador de prostaglandinas), miembro 2, (SLC21A2), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = familia 21 del transportador de solutos (transportador de prostaglandinas), miembro 2 /FL = gb: U70867.1 gb: NM_005630.1
2,648874	6,762839	17,32	Ascende nte	1,18E-04	AW00753	Proteína 5 de unión al 2 factor de crecimiento similar a la insulina humana (IGFBP5), ARNm
-1,99136	2,122261	17,31	Ascende nte	1,87E-03	AL109653	Secuencia de ADN humano del clon GS1-115M3 en el cromosoma Xq27.1-28 Contiene un gen de una proteína nueva, CXorfi (marco de lectura abierto 1 del cromosoma X), EST, STS, GSS y una isla de CpG
-3,18582	0,924726	17,27	Ascende nte	1,83E-03	AI991033	helarán sulfato proteoglicano 2 (perlecan) /FL = gb: M85289.1 gb: NM_005529.2
2,59334	6,695074	17,17	Ascende nte	9,96E-05	AA045184	Proteína ribosómica L14

ES 2 663 421 T3

-2,28658	1,813753	17,15	Ascend nte	4,49E-03	NM_030817	Proteína hipotética DKFZp434F0318 (DKFZP434F0318) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética DKFZp434F0318 /FL = gb: NM_030817.1
1,603889	5,703513	17,14	Ascend nte	2,09E-04	NM_001661	Proteína 4 similar al factor de ribosilación de ADP (ARF4L) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 4 similar al factor de ribosilación de ADP -/FL = gb: U25771.1 gb: L38490.1 gb: NM_001661.1 gb: BC000043.1
-1,44072	2,657871	17,13	Ascend nte	9,96E-04	AF260333	ARNm de AD036 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = AD036 /FL = gb: AF260333.1
-0,74006	3,356451	17,11	Ascend nte	6,19E-04	NM_014391	Proteína de repetición de anquirina cardíaca (CARP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína de repetición de anquirina cardíaca /FL = gb: NM_014391.1
-1,58689	2,507158	17,08	Ascend nte	5,06E-04	AI808090	EST
0,800778	4,890724	17,03	Ascend nte	1,91 E-04	AF020769	ARNm de troponina C ventricular cardíaca de Homo sapiens, cds completa. /PROD = troponina C ventricular cardíaca /FL = gb: NM_003280.1 gb: AF020769.1
-1,39277	2,693344	16,98	Ascend nte	3,73E-04	AI629041	EST
-0,70855	3,373415	16,94	Ascend nte	7,93E-04	AI917371	EST
-1,18408	2,895859	16,91	Ascend nte	1,39E-03	NM_006456	Sialiltransferasa (STHM) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = sialiltransferasa /FL = gb: U14550.1 gb: NM_006456.1
1,076427	5,150301	16,84	Ascend nte	1,91 E-04	AI640307	Protocadherina 10
-1,35345	2,70797	16,7	Ascend nte	1,40E-03	AW157571	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T00331 KIAA0555 (H. sapiens)
-0,60671	3,453551	16,68	Ascend nte	2,09E-03	NM_000458	Factor 2 de transcripción de Homo sapiens, hepático; LF-B3; factor nuclear hepático variante (TCF2), variante del transcrito a, ARNm. /PROD = factor 2 de transcripción, isoforma a /FL = gb: NM_000458.1

ES 2 663 421 T3

-1,65513	2,402967	16,66	Ascende nte	1,07E-02	NM_004923	Proteína 5 similar a la metalotioneína, específica del testículo (tesmina) (MTL5) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína 5 similar a la metalotioneína, específica del testículo (tesmina) /FL = gb: U86074.1 gb: NM_004923.1
-0,45718	3,590445	16,54	Ascende nte	4,87E-04	BF939489	glicoproteína M6A /FL = gb: D49958.1
-1,95127	2,075959	16,3	Ascende nte	3,25E-03	L12468	ARNm de aminopeptidasa A de Homo sapiens, cds completa. /PROD = aminopeptidasa A /FL = gb: L12468.1 gb: NM_001977.1 gb: L14721.1
2,168853	6,193675	16,28	Ascende nte	8,20E-05	AA284532	proteína de activación de la tirosina 3-monooxigenasa triptófano 5-monooxigenasa, polipéptido eta
-4,19938	-0,18035	16,21	Ascende nte	2,14E-02	BC027866	Similar a la sialiltransferasa 8D (alfa-2, 8- polisialiltransferasa) de Homo sapiens, clon MGC: 34450IMAGE: 5203343, ARNm, cds completa. /PROD = similar a la sialiltransferasa 8D (alfa-2, 8- polisialiltransferasa) /FL = gb: BC027866.1
-2,47297	1,540991	16,16	Ascende nte	3,51 E-02	NM_005235	Proteína 4 similar al homólogo del oncogén vírico de la leucemia eritroblástica aviar v-erb-a de Homo sapiens (ERBB4), ARNm. /PROD = Proteína 4 similar al homólogo del oncogén vírico de la leucemia eritroblástica aviar v-erb-a /FL = gb: L07868.1 gb: NM_005235.1
1,166518	5,16681	1 16	Ascende nte	3,17E-04	BC002671	Fosfatasa 4 de especificidad doble de Homo sapiens, clon MGC: 3713, ARNm, cds completa. / PROD= fosfatasa 4 de especificidad doble 4/FL = gb: NM_001394.2 gb: BC002671.1 gb: U48807.1 gb: U21108.1
-1,25086	2,738997	15,89	Ascende nte	4,57E-03	NM_021804	Enzima convertidora de angiotensina I (peptidil- dipeptidasa A) 2 (ECA2) de Homo sapiens , ARNm. /PROD = enzima convertidora de angiotensina I (peptidil- dipeptidasa A) 2 /FL = gb: NM_021804.1 gb: AF241254.1 gb: AB046569.1 gb: AF291820.1

ES 2 663 421 T3

0,502333	4,476006	15,71	Ascendente	6,47E-04	AF211891	ARNm de la proteína 1 de homeobox similar a Mix (MILD1) de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 1 de homeobox similar a Mix /FL = gb: AF211891.1
1,520924	5,473417	15,48	Ascendente	4,31 E-04	U87460	ARNm de la proteína putativa similar al receptor de tipo B de la endotelina humana, cds completa. /PROD = proteína putativa similar al receptor de tipo B de la endotelina /FL = gb: U87460.1
1,740607	5,665717	15,19	Ascendente	1,78E-04	NM_002160	Hexabraquion de Homo sapiens (tenascina C, citotactina) (HXB9), ARNm /PROD = Hexabraquion (tenascina C, citotactina) /FL = gb: M55618.1 gb: NM_002160.1
0,449168	4,362026	15,06	Ascendente	1,33E-04	AI688418	plexina A2
1,452987	5,359741	15	Ascendente	1,54E-04	AI813654	EST, débilmente similar a la proteína hipotética T32252 – Caenorhabditis elegans (C. elegans)
-1,10807	2,786741	14,87	Ascendente	2,36E-04	BC028058	UDP– GlcNAc: betaGal beta–1, 3– N– acetilglucosaminiltransferasa 5 de Homo sapiens, clon MGC: 39847 IMAGE: 5175670, ARNm, cds completa. /PROD = UDP– GlcNAc: betaGal beta–1, 3– N– acetilglucosaminiltransferasa 5 /FL = gb: BC028058.1
-2,2316	1,662544	14,87	Ascendente	1,07E-02	AA757630	EST
1,861693	5,752015	14,83	Ascendente	3,11 E-04	AI374739	EST
0,219552	4,102867	14,76	Ascendente	1,43E-04	BE856336	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp761 G151 G151 (del clon DKFZp434H1235); cds parcial
0,608519	4,456307	14,4	Ascendente	1,72E-04	U97075	ARNm de la forma corta de la proteína inhibidora similar a FLICE de Homo sapiens, ARNm, cds completa. /PROD = forma corta de la proteína inhibidora similar a FLICE /FL = gb: U97075.1
1,438639	5,28126	14,35	Ascendente	3,45E-04	BF223214	EST
-2,47063	1,370067	14,33	Ascendente	3,55E-03	H09657	EST
1,633768	5,465898	14,24	Ascendente	1,32E-04	AI733465	colágeno, tipo IX, alfa 2 /FL = gb: NM_001852.1

ES 2 663 421 T3

-0,94697	2,883335	14,22	Ascend nte	4,55E-03	BG208091	ADNc de Homo sapiens FLJ37414 fis, clon BRAWH1000157.
0,177945	4,006546	14,21	Ascend nte	3,78E-04	NM_020672	Proteína de unión a calcio A14 de tipo S100 (LOC57402), ARNm /PROD = Proteína de unión a calcio A14 de tipo S100 /FL = gb: BC005019.1 gb: NM_020672.1 gb: AY007220.1
-0,95386	2,873194	14,19	Ascend nte	3,57E-04	AF312769	ARNm críptico de Homo sapiens, cds completa. /PROD = críptico /FL = gb: AF312769.1
-1,84267	1,976613	14,12	Ascend nte	4,45E-02	AF213678	Proteína pequeña relacionada a HAI-2 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína pequeña relacionada a HAI-2 /FL = gb: AB038317.1 gb: AF213678.1
-1,42965	2,38124	14,03	Ascend nte	5,47E-03	M60721	Gen de homeobox humano, cds completa. /FL = gb: M60721.1 gb: NM_021958.1
-0,75724	3,050773	14,01	Ascend nte	3,87E-03	AL445192	Secuencia de ADN humano del clon RP11-269H4 en el cromosoma 20. Contiene el extremo 3 del gen KIAA1415 similar a la proteína 1 inductora de invasión y metástasis del linfoma T, EST, STS y GSS
-0,53584	3,260892	13,9	Ascend nte	5,76E-03	NM_002100	Glicoforina B (incluye el grupo sanguíneo Ss) (GYPB) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de glicoforina B /FL = gb: J02982.1 gb: NM_002100.2
0,424882	4,20576	13,75	Ascend nte	8,98E-04	AI692659	Alfa proteína 1 del shock térmico de 90 kD,
-0,13427	3,646365	13,74	Ascend nte	4,95E-04	D49958	ARNm de Homo sapiens para la glicoproteína de membrana M6, cds completa. /PROD = glicoproteína de membrana M6 /FL = gb: D49958.1
1,359845	5,139453	13,73	Ascend nte	2,09E-04	NM_002178	Proteína 6 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina, (IGFBP6), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = proteína 6 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina /FL = gb: BC005007.1 gb: M62402.1 gb: BC003507.1 gb: NM_002178.1

ES 2 663 421 T3

0,451744	4,228949	13,71	Ascende nte	1,03E-03	NM_001399	Displasia ectodérmica 1 (ED1) de Homo sapiens, anhidrótica, ARNm. /PROD = displasia ectodérmica 1 anhidrótica /FL = gb: AF060999.1 gb: NM_001399.1 gb: AF040628.1 gb: AF061189.1
1,83238	1,938552	13,65	Ascende nte	1,15E-02	AI807197	EST
2,85208	0,915477	13,62	Ascende nte	4,78E-03	AI423201	EST
0,05814	3,703455	13,56	Ascende nte	3,59E-04	BF308645	Proteína KIAA1415
1,25995	2,496941	13,52	Ascende nte	7,42E-04	AK026607	ADNc de Homo sapiens: FLJ22954 fis, clon KAT09813, altamente similar a AF010315 de Homo sapiens, ARNm de Pig11 (PIG11).
-1,42171	2,3129	13,31	Ascende nte	4,72E-04	NM_005010	molécula de adhesión celular neural (NRCAM) de Homo sapiens, ARNm /PROD = molécula de adhesión celular neural /FL = gb: AB002341.1 gb: NM_005010.1
2,593137	6,314378	13,19	Ascende nte	1,91 E-04	NM_001873	Carboxipeptidasa E (CPE) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la carboxipeptidasa E /FL = gb: NM_001873.1
-2,15454	1,548754	13,03	Ascende nte	3,70E-02	NM_012082	Friend de GATA2 (FOG2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD =Friend de GATA2 /FL = gb: NM_012082.2 gb: AF119334.1
-2,23424	1,463376	12,97	Ascende nte	3,45E-03	U22178	ARNm de la proteína 57 secretora prostática humana, cds completa. /PROD = PSP57 /FL = gb: U22178.1
0,882447	4,579373	12,97	Ascende nte	8,26E-04	U15979	ARNm (dlk) humano, cds completa. /FL = gb: NM_003836.1 gb: U15979.1
0,999053	4,691273	12,93	Ascende nte	1,43E-04	AW12959	de asociación de la repetición tudor con PCTAIRE 2
-0,20099	3,487721	12,89	Ascende nte	7,70E-04	BF984830	1 inducida por ácido retinoico
-1,08244	2,60456	12,88	Ascende nte	1,81 E-03	X75208	X75208 /CARACTERÍSTICA = CdS /DEFINICIÓN = ARNm de HSPTKR de H. sapiens HEK2 para el receptor de la proteína tirosina quinasa

ES 2 663 421 T3

-1,2719	2,409872	12,83	Ascendente	1,92E-03	NM_020406	Policitemia rubra vera 1; receptor de la superficie celular (PRV1), ARNm. /PROD = policitemia rubra vera 1; receptor de la superficie celular /FL = gb: NM_020406.1 gb: AF146747.1
3,042634	6,716272	12,76	Ascendente	1,52E-04	NM_005442	Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) (EOMES) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Homólogo de eomesodermina (Xenopus laevis) /FL = gb: AB031038.1 gb: NM_005442.1
0,279226	3,951227	12,75	Ascendente	2,73E-04	AF278532	ARNm de beta-netrina de Homo sapiens, cds completa. /PROD = beta-netrina /FL = gb: AF119916.1 gb: AF297711.1 gb: NM_021229.1 gb: AF278532.1
1,071985	4,738394	12,7	Ascendente	1,78E-04	NM_004560	Receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa (ROR2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = receptor 2 huérfano similar al receptor tirosina quinasa /FL = gb: M97639.1 gb: NM_004560.1
2,839833	6,489379	12,55	Ascendente	1,45E-04	AI078167	Inhibidor del factor nuclear del potenciador de genes polipeptídicos de la cadena ligera kappa en linfocitos B, alfa /FL = gb: NM_020529.1 gb: BC002601.1 gb: BC004983.1 gb: M69043.1
-0,28951	3,358536	12,54	Ascendente	3,81 E-04	NM_018388	Proteína hipotética FLJ11316 (FLJ11316) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ11316 /FL = gb: NM_018388.1
-1,89628	1,750206	12,52	Ascendente	1,09E-03	AA557324	EST, débilmente similar a la hidroxilasa de ácidos grasos omega (H .sapiens)
-0,41578	3,210639	12,35	Ascendente	9,09E-04	NM_002345	Lumican (LUM) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = lumican /FL = gb: NM_002345.1 gb: U18728.1 gb: U21128.1
-2,37004	1,251403	12,31	Ascendente	2,48E-02	AL136607	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp564IO422 (del clon DKFZp564IO422); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AL136607.1

ES 2 663 421 T3

-1,71673	1,894393	12,22	Ascende nte	1,15E-03	NM_000420	Grupo sanguíneo de Kell (KEL) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = antígeno del grupo sanguíneo de Kell /FL = gb: BC003135.1 gb: NM_000420.1
1,192657	4,801382	12,2	Ascende nte	2,40E-04	NM_024641	Proteína hipotética FLJ 12838 (FLJ 12838), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ12838 /FL = gb: NM_024641.1
-1,18483	2,411486	12,09	Ascende nte	4,96E-03	BE551416	EST, débilmente similar a la proteína KIAA1330 (H. sapiens)
-2,33994	1,256182	12,09	Ascende nte	1,80E-02	AL134708	EST
1,040647	4,635771	12,08	Ascende nte	5,15E-04	AI348094	Proteína KIAA0882
-0,68921	2,90298	12,06	Ascende nte	1,76E-04	NM_016546	Precursor de la proteinasa similar a C1 r del complemento de Homo sapiens (LOC51279), ARNm. /PROD = precursor de la proteinasa similar a C1 r del complemento, /FL = gb: AF178985.1 gb: NM_016546.1
0,631332	4,218347	12,02	Ascende nte	2,78E-04	AU 30705	EST, débilmente similar al factor de corte y empalme asociado a A46302 PTB, forma larga (H. sapiens)
0,449933	4,035966	12,01	Ascende nte	1,08E-03	Z21533	Gen HEX de Homo sapiens que codifica la proteína relacionada con homeobox. /PROD = proteína relacionada con homeobox
-0,29145	3,291186	11,98	Ascende nte	1,87E-03	AI197932	EST
-0,12863	3,441776	11,88	Ascende nte	9,23E-04	AV699825	ADNc de Homo sapiens FLJ13221 fis, clon NT2RP4002075
-1,2534	2,309237	11,82	Ascende nte	1,91 E-03	AW167727	EST
-3,44338	0,118393	11,81	Ascende nte	5,12E-04	AI336920	EST, débilmente similar a la proteína 10A del complejo T138428 (H. sapiens)
-1,74597	1,814225	11,8	Ascende nte	1,77E-02	AW269818	Proteína hipotética FLJ23403 /FL = gb: NM_022068.1
-1,28224	2,27746	11,79	Ascende nte	4,88E-04	NM_005568	Proteína 1 de homeobox LIM de Homo sapiens (LHX1), ARNm. /PROD = Proteína 1 de homeobox LIM /FL = gb: NM_005568.1 gb: U14755.1

ES 2 663 421 T3

-1,28314	2,272713	11,76	Ascend nte	1,08E-02	NM_001884	Proteína 1 de unión al cartílago de Homo sapiens (CRTL1), ARNm. /PROD = proteína 1 de unión al cartílago /FL = gb: NM_001884.1 gb: U43328.1
0,085832	3,636571	11,72	Ascend nte	5,91 E-04	AA639753	EST
-0,41626	3,117859	11,58	Ascend nte	4,87E-04	BF110534	EST
0,134434	3,659063	11,51	Ascend nte	4,41 E-04	AV758821	EST, débilmente similar a la PROTEÍNA 13 DEDO DE CINC HUMANA Z132 (H. sapiens)
-0,13959	3,371263	11,4	Ascend nte	1,78E-04	BG109855	ARNm de la región Cri-du-chat del clon TUA8 de Homo sapiens
-0,21951	3,281608	11,32	Ascend nte	4,51 E-04	AL575177	noggin /FL = gb: NM_005450.1
1,470971	4,963113	11,25	Ascend nte	1,58E-04	NM_022825	ARNm de porcupina (MG61) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = porcupina /FL = gb: AF317059.1 gb: AF317058.1 gb: NM_022825.1
-1,77455	1,705193	11,16	Ascend nte	9,89E-03	AF140507	ARNm de la quinasa quinasa beta de la proteína dependiente de dependiente de Ca ²⁺ calmodulina (CAMKKB), cds completa. /PROD = quinasa quinasa beta de la proteína dependiente de dependiente de Ca ²⁺ calmodulina /FL = gb: AF140507.1
-0,63867	2,838534	11,14	Ascend nte	1,33E-04	BF508948	proteína similar a forbolina MDS019
1,372194	4,848723	11,13	Ascend nte	2,69E-04	AI677701	EST, débilmente similar a la proteína S38383 SEB4B (H. sapiens)
2,377335	5,850689	11,11	Ascend nte	3,11 E-04	NM_005328	Hialuronano sintasa 2 de Homo sapiens (HAS2), ARNm. /PROD = hialuronano sintasa 2 /FL = gb: U54804.1 gb: NM_005328.1
0,244521	3,706479	11,02	Ascend nte	1,54E-04	AF190725	ARNm de la enzima de escisión de APP de sitio beta (BACE) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = enzima de escisión de APP de sitio beta /FL = gb: AF200343.1 gb: AF204943.1 gb: AF190725.1 gb: AF201468.1 gb: NM_012104.1
1,790331	5,251922	11,02	Ascend nte	3,68E-04	AA775681	Proteína hipotética FLJ23091
1,592531	5,049671	10,98	Ascend nte	7,29E-04	BE502982	EST

ES 2 663 421 T3

4,042679	7,483078	10,86	Ascendente	6,31E-05	NM_005454	Homólogo de cerberus 1 (Xenopus laevis) de Homo sapiens (superfamilia del nudo de cisteína) (CER1), ARNm. /PROD = cerberus 1 /FL = gb: NM_005454.1
4,897427	-0,40571	39,48	Descendente	5,51E-03	R06655	EST, Moderadamente similar a la proteína AF078844 1 hqp0376 (H. sapiens)
2,000419	-2,84891	28,83	Descendente	3,77E-03	NM_031272	Secuencia 14 expresada en el testículo (TEX14) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = secuencia 14 expresada en el testículo /FL = gb: NM_031272.1
2,75017	-1,94826	25,96	Descendente	1,63E-04	NM_0148585 1	Producto génico KIAA0469 de Homo sapiens (KIAA0469), ARNm /PROD = producto génico KIAA0469 /FL = gb: AB007938.1 gb: NM_014851.1
3,862686	-0,73843	24,27	Descendente	7,42E-04	NM_007115	Proteína 6 inducida por alfa del factor de necrosis tumoral (TNFAIP6) de Homo sapiens, ARNm / PROD= proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
0,144221	-4,2411 1	20,9	Descendente	1,35E-02	BC028359	Homo sapiens, clon IMAGE: 4828836, ARNm.
3,77776	-0,50822	19,51	Descendente	1,45E-04	BU729850	Proteína hipotética LOC153469
0,99752	-3,16289	17,88	Descendente	1,40E-02	AB046400	ARNm de Homo sapiens para SCCA2b, cds completa. /PROD = SCCA2b /FL = gb: AB046400.1
3,409815	-0,56562	15,73	Descendente	3,09E-04	NM_016588	Neuritina (LOC51299) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = neuritina /FL = gb: NM_016588.1 gb: BC002683.1 gb: AF136631.1
0,757197	-3,1394	14,89	Descendente	1,40E-03	AF213459	Forma completa del receptor de efrina EPHA3 de Homo sapiens (EPHA3), ARNm, cds completa. /PROD = forma completa del receptor de efrina /FL = gb: NM_005233.1 gb: M83941.1 gb: AF213459.1
0,381955	-3,46654	14,41	Descendente	2,29E-03	NM_017655	Proteína hipotética FLJ20075 (FLJ20075) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ20075 /FL = gb: NM_017655.1
0,579765	-3,20358	13,77	Descendente	1,32E-04	AI393930	EST

ES 2 663 421 T3

3,655193	-0,10882	13,59	Descend ente	1,31 E-02	AI659927	ADNc de Homo sapiens: FLJ22547 fis, clon HSI00356
5,303843	1,677393	12,35	Descend ente	4,87E-04	AI129626	EST
1,10782	-2,42265	11,56	Descend ente	1,71 E-02	BC029425	Proteína similar a KIAA1275 de Homo sapiens, clon IMAGE: 4616553, ARNm.
2,28595	-1,22933	1 1,43	Descend ente	1,44E-03	BE504838	EST
2,514693	-0,98766	11,33	Descend ente	3,64E-04	NM_145032	Proteína hipotética MGC21636 (MGC21636) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: BC020572.1 gb: NM_145032.2
2,982965	-0,50149	11,19	Descend ente	1,41 E-03	AK026829	ADNc de Homo sapiens: FLJ23176 fis, clon LNG10452.
2,350127	-1,0564	10,6	Descend ente	4,33E-04	AK026106	ADNc de Homo sapiens: FLJ22453 fis, clon HRC09679, altamente similar a la proteína 2 similar a toloide AF059516 (TLL2) de Homo sapiens, ARNm.
1,892794	-1,50555	10,54	Descend ente	5,19E-03	AL138349	Proteína KIAA0367
1,357098	-1,99222	10,19	Descend ente	1,15E-02	AW02642	ARNm de Homo sapiens; 6 ADNc de DKFZp761 J1324 (del clon DKFZp761 J1324);
0,860464	-2,46893	10,05	Descend ente	1,07E-02	NM_003007	Semenofelina I (SEMG1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = semenogelina I /FL = gb: J04440.1 gb: NM_003007.1
4,308564	0,981775	10,03	Descend ente	2,66E-04	NM_171999	3 similar a sal (SALL3) (Drosophila) (SALL3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 3 similar a sal /FL = gb: NM_171999.1
0,857744	-2,42855	9,76	Descend ente	3,75E-02	AB085901	ARNm de DBL de Homo sapiens para la variante 1 de corte y empalme del protooncogén de DBL, cds completa. /PROD = variante 1 de corte y empalme del protooncogén de DBL /FL = gb: AB085901.1
3,947271	0,673296	9,67	Descend ente	6,85E-03	AI928035	EST
4,847114	1,59891	9,5	Descend ente	3,74E-03	NM_006474	Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón de (T1A-2), variante del transcrito, ARNm. /PROD = Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón, isoforma 2 /FL = gb: NM_006474.1 gb: AF030428.1
4,796495	1,557748	9,44	Descend ente	1,32E-04	AI653107	EST

ES 2 663 421 T3

4,952105	1,726419	9,35	Descend ente	1,09E-03	BG 164365	Proteína asociada a microtúbulos 1 B /FL = gb: NM_005909.1
5,398488	2,236155	8,95	Descend ente	2,40E-04	NM_001134	Alfa-fetoproteína (AFP) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = alfa-fetoproteína /FL = gb: NM_001134.1 gb: J00077.1
1,360363	-1,7842	8,84	Descend ente	7,29E-03	BM479034	Homo sapiens, clon IMAGE: 5301169, ARNm
2,336954	-0,80072	8,8	Descend ente	5,07E-02	AI632259	EST
4,788115	1,679617	8,62	Descend ente	1,42E-04	AW014743	EST
3,094055	-0,00508	8,57	Descend ente	1,58E-04	AW188198	proteína 6 inducida por alfa, factor de necrosis tumoral /FL = gb: NM_007115.1
3,380359	0,288493	8,53	Descend ente	1,58E-04	AI553933	Familia de transportadores de soluto 30 (transportador de cinc), miembro 1
6,568635	3,48611 1	8,47	Descend ente	3,77E-04	AL031602	Secuencia de ADN humano del clon RP5-1174N9 en el cromosoma 1 p34.1 – 35.3. Contiene el gen de una nueva proteína con dominio IBR, un gen (¿pseudo?) para una nueva proteína similar a MT1 E (metalotioneína 1E (funcional)), EST, STS, GSS y dos Cp putativos.
2,79562	-0,27455	8,4	Descend ente	6,95E-04	NM_024582	Proteína hipotética FLJ23056 (FLJ23056) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ23056 /FL = gb: NM_024582.1
4,507212	1,466775	8,23	Descend ente	1,45E-04	AW196940	EST
1,349693	-1,67509	8,14	Descend ente	2,76E-04	AI963083	EST
3,19487	0,179371	8,09	Descend ente	2,85E-03	NM_173553	Proteína hipotética FLJ25801 (FLJ25801) de Homo sapiens, ARNm. /FL = gb: NM_173553.1
5,650767	2,645343	8,03	Descend ente	1,24E-03	NM_002006	Factor 2 del crecimiento de fibroblastos de Homo sapiens (básico) (FGF2), ARNm. /PROD = factor 2 de crecimiento de fibroblastos (básico) /FL = gb: NM_002006.1 gb: M27968.1
3,113698	0,120494	7,96	Descend ente	1,54E-03	NM_002196	1 asociada a insulinoma (INSM1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = 1 asociada a insulinoma /FL = gb: NM_002196.1 gb: M931

19,1

ES 2 663 421 T3

3,56272	0,596221	7,82	Descend ente	1,58E-04	NM_003247	Trombospondina 2 (THBS2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = trombospondina 2 /FL = gb: NM_003247.1 gb: L12350.1
2,273566	-0,68409	7,77	Descend ente	1,21 E-03	AL133653	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434M2415 (del clon DKFZp434M2415);
4,14301	1 1,250592	7,43	Descend ente	8,26E-04	AW664953	ARNm de Homo sapiens; ADNc de DKFZp434P1115 (del clon DKFZp434P1115); cds parcial.
4,012773	1,121978	7,42	Descend ente	1,58E-04	NM_006275	Factor 6 de corte y empalme de Homo sapiens, rico en arginina-serina (SFRS6), ARNm. /PROD = Factor 6 de corte y empalme enriquecido en arginina-serina /FL = gb: U30883.1 gb: NM_006275.1
4,178686	1,291693	7,4	Descend ente	1,22E-03	NM_003256	Inhibidor tisular de la metaloproteinasas 4 de Homo sapiens (TIMP4), ARNm. /PROD = precursor del inhibidor tisular de la metaloproteinasas 4 /FL = gb: NM_003256.1 gb: U76456.1
1,179422	-1,69499	7,33	Descend ente	7,84E-03	N21096	EST
4,39721	1,545243	7,22	Descend ente	1,25E-02	NM_018063	Proteína hipotética FLJ10339 (FLJ10339) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10339 /FL = gb: NM_018063.1
1,200505	-1,65141	7,22	Descend ente	2,22E-04	AI939511	EST
2,763752	-0,07502	7,15	Descend ente	1,05E-02	AI078169	ADNc de Homo sapiens: FLJ23176 fis, clon LNG10452
2,456617	-0,381	1 7,15	Descend ente	1,10E-03	AW274018	EST
3,806044	0,973798	7,12	Descend ente	3,11E-04	AV734646	Segmento de ADN sobre la secuencia expresada del cromosoma X (único) 9928
1,05854	-1,7603	7,06	Descend ente	1,28E-02	AI703321	Familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless, miembro 5A
3,365852	0,550606	7,04	Descend ente	4,65E-04	NM_003392	Familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless de Homo sapiens, miembro 5A (WNT5A), ARNm. /PROD = familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless, miembro 5A /FL = gb: NM_003392.1 gb: L20861.1
2,768094	-0,0094	6,86	Descend ente	1,91 E-04	AI968085	Familia del sitio de integración de MMTV de tipo wingless, miembro 5A

ES 2 663 421 T3

0,951905	-1,8231	1 6,84	Descend ente	3,46E-02	NM_003070	Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia a, miembro 2 (SMARCA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia a, miembro 2 /FL = gb: NM_003070.1 gb
4,715355	1,945181	6,82	Descend ente	5,10E-04	AA788946	EST, Moderadamente similar a CA1 C CADENA DE COLÁGENO ALFA 1 (XII) DE RATA (R. norvegicus)
2,967768	0,209555	6,77	Descend ente	2,08E-03	AL121753	Secuencia de ADN humano del clon RP4-614O4 en el cromosoma 20q11.1-12. Contiene la parte 3 del gen de MMP24 (metaloproteinasas 24 de la matriz, insertada en la membrana), el gen ITGB4BP (proteína de unión a la integrina beta 4), el extremo 3 de un gen nuevo, el extremo 3 o...
3,932141	1,175689	6,76	Descend ente	9,73E-04	NM_004490	Proteína 14 unida al receptor del factor de crecimiento de Homo sapiens (G RB 14), ARNm. / PROD= proteína 14 unida al receptor del factor de crecimiento /FL = gb: L76687.1 gb: NM_004490.1
1,515893	-1,22358	6,68	Descend ente	3,73E-04	AF146343	ARNm del factor de unión al promotor de CYP7A (CPF) de Homo sapiens, cds completa. /PROD = factor de unión al promotor de CYP7A /FL = gb: NM_003822.1 gb: AF146343.1 gb: U80251.1
1,264681	-1,46804	6,65	Descend ente	9,80E-03	BF724558	EST, moderadamente similar a LA SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SX HUMANA ALU8 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
1,713798	-1,01596	6,63	Descend ente	1,04E-03	AI692645	EST
3,725552	1,002058	6,6	Descend ente	1,05E-03	AL 136805	ARNm de Homo sapiens; ADNc DKFZp434J1521 (del clon DKFZp434J1521); cds completa. /PROD = proteína hipotética /FL = gb: AL136805.1
3,08363	0,365051	6,58	Descend ente	1,15E-03	U73778	ARNm del precursor alfa-1 de colágeno de tipo XI humano (COL12A1). /PROD = alfa-1 de colágeno de tipo XI humano /FL = gb: NM_004370.3

ES 2 663 421 T3

5,13621	2,424893	6,55	Descend ente	1,22E-03	BC013944	Polipéptido 7 pesado similar a miosina músculo cardiaco, beta clon IMAGE: 4064393, ARNm.
2,316204	-0,37946	6,48	Descend ente	4,62E-03	R21486	proteína 3 similar a sal (Drosophila)
4,90146	2,20907	6,46	Descend ente	2,13E-03	AB037813	ARNm de Homo sapiens para la proteína KIAA1392, cds parcial. /PROD = proteína KIAAI 392
3,863484	1,1739	6,45	Descend ente	2,04E-04	BE552428	Proteína hipotética PRO2176
2,11536	-0,56359	6,4	Descend ente	2,50E-04	AI919519	EST
7,149479	4,474262	6,39	Descend ente	4,95E-04	M10943	Gen lf de metalotioneína humana (hMT-lf)
7,360687	4,694371	6,35	Descend ente	4,22E-04	BF217861	metalotioneína 1E (funcional)
5,343502	2,678631	6,34	Descend ente	1,35E-02	AI685060	caldesmon 1 /FL = gb: M64110.1 gb: NM_004342.2
7,144308	4,501103	6,25	Descend ente	7,42E-04	BF246115	Proteína relacionada con la ARN helicasa
1,075159	-1,5631	6,23	Descend ente	4,27E-02	J03580	Proteína similar a la paratiroidea humana (asociada con hipercalcemia humoral de la neoplasia maligna), ARNm, cds completa. /FL = gb: J03580.1
1,640803	-0,9861	6,18	Descend ente	3,01 E-03	BC042832	Homo sapiens, clon IMAGE: 5314747, ARNm.
1,012356	-1,60426	6,13	Descend ente	5,10E-04	BC036731	Similar al producto génico toKIAA0441, de Homo sapiens, clon MGC: 45124 IMAGE: 5578893, ARNm, cds completa. /PROD = similar al producto génico toKIAA0441 /FL = gb: BC036731.1
2,64743	0,040287	6,09	Descend ente	2,48E-03	AI702438	EST
2,324824	-0,28186	6,09	Descend ente	1,61 E-03	AL096771	Secuencia de ADN humana del clon RP1-238D15 en el cromosoma 6q12 - 14.3 Contiene parte del gen COL12A1 (colágeno, tipo XII, alfa-1) y STS
1,840613	-0,75086	6,03	Descend ente	1,02E-02	AI949760	EST, débilmente similar al producto proteico sin nombre (H. sapiens)
4,229884	1,643039	6,01	Descend ente	1,12E-02	BC032716	Homo sapiens, clon MGC: 45425 IMAGE: 5518697, ARNm, cds completa. /PROD = Desconocido (proteína para MGC: 45425) /FL = gb: BC032716.1
1,041771	-1,52819	5,94	Descend ente	2,75E-02	AI798863	EST

ES 2 663 421 T3

5,715937	3,148402	5,93	Descend ente	1,89E-04	U85658	ARNm de ERF-1 humano, cds completa. /PROD = ERF-1 /FL = gb: NM_003222.1 gb: U85658.1
1,546166	-1,02082	5,93	Descend ente	1,96E-03	NM_003182	Precursor 1 de taquicinina de Homo sapiens (sustancia K, sustancia P, neurocinina 1, neurocinina 2, neuromedina L, neurocinina alfa, neuropéptido K, neuropéptido gamma) (TAC1), variante beta del transcrito, ARNm. /PROD = precursor 1 de taquicinina, isoforma beta /FL = gb: U3
0,170617	-2,3896	5,9	Descend ente	2,62E-02	AI760495	EST
2,262799	-0,29226	5,88	Descend ente	5,43E-03	AV725365	Regulador de la cromatina dependiente de actina, asociado a la matriz, relacionado con SWISNF, subfamilia a, miembro 2 /FL = gb: NM_003070.1 gb: D26155.1
2,256527	-0,29339	5,86	Descend ente	9,65E-05	T68445	EST
3,280973	0,732773	5,85	Descend ente	8,36E-03	AL139377	Secuencia de ADN humano del clon RP11-251 J8 en el cromosoma 13 obtiene EST, STS, GSS y una isla de CpG. Confien dos genes nuevos con dos isoformas cada uno y el gen KIAA0610 con dos isoformas
2,396883	-0,14976	5,84	Descend ente	9,07E-04	NM_000426	Alfa 2 laminina (merosina, distrofia muscular congénita) (LAMA2) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = precursor de la subunidad alfa 2 de laminina /FL = gb: NM_000426.1
4,738703	2,19261	1 5,84	Descend ente	5,19E-04	NM_014033	Proteína de DKFZP586A0522 de Homo sapiens (DKFZP586A0522), ARNm. /PROD = Proteína hipotética DKFZP586A0522 p49 de Homo sapiens FLJ39553 (FLJ39553), ARNm. /FL = gb: NM_173549.1
4,904591	2,37385	5,78	Descend ente	4,91 E-03	NM_003246	Trombospondina 1 (THBS1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = trombospondina 1 /FL = gb: NM_003246.1
7,424722	4,894249	5,78	Descend ente	3,11 E-04	AF333388	ARNm de la proteína similar a la metalotioneína 1H de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína similar a metalotioneína 1 H /FL = gb: AF333388.1
3,368771	0,840887	5,77	Descend ente	1,30E-04	BE502594	EST

ES 2 663 421 T3

0,899011	-1,62659	5,76	Descend ente	2,54E-02	NM_002820	Hormona similar a la hormona paratiroidea (PTH1H) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = hormona similar a la hormona paratiroidea /FL = gb: J03802.1 gb: NM_002820.1
2,626097	0,101116	5,76	Descend ente	2,74E-03	NM_001491	Anquirina 3 de Homo sapiens, nódulo de Ranvier (anquirina G) (ANK3), variante 2 de transcrito, ARNm. /PROD = isoforma 2 de anquirina 3 /FL = gb: NM_001149.1 gb: U43965.1
0,424388	-2,09844	5,75	Descend ente	2,63E-02	NM_002433	Glicoproteína mielina de oligodendrocitos (MOG) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = glicoproteína mielina de oligodendrocitos /FL = gb: U18798.1 gb: U64564.1 gb: NM_002433.1
2,572851	0,057742	5,72	Descend ente	1,48E-03	AW592563	Producto génico KIAA0455
7,768254	5,269899	5,65	Descend ente	2,22E-04	NM_005953	Metalotioneína 2A (MT2A) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 2A /FL = gb: NM_005953.1
2,883717	0,391944	5,62	Descend ente	1,29E-03	NM_001236	Carbonil reductasa 3 (CBR3) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = carbonil reductasa 3 /FL = gb: NM_001236.2 gb: BC002812.1 gb: AB004854.1
2,36447	-0,12562	5,62	Descend ente	6,57E-03	NM_005181	Anhidrasa carbónica III de Homo sapiens, específica de músculo (CA3), ARNm. /PROD = anhidrasa carbónica III /FL = gb: BC004897.1 gb: NM_005181.2
1,578748	-0,89916	5,57	Descend ente	2,81 E-04	AW874669	EST
5,295204	2,822156	5,55	Descend ente	6,08E-04	D32039	ARNm de pgH3 humano para proteoglicano PG-M (V3), cds completa. /PROD = proteoglicano PG-M (V3) /FL = gb: D32039.1
5,817948	3,354828	5,51	Descend ente	1,13E-04	NM_020662	Transportador similar a MRS2 de levadura (MRS2L) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = transportador similar a MRS2 de levadura /FL = gb: AF288288.1 gb: NM_020662.1
0,915911	-1,54553	5,51	Descend ente	2,09E-02	N50912	EST

ES 2 663 421 T3

3,557525	1,099544	5,49	Descend ente	2,08E-03	BF514079	factor 4 similar a Kruppel 4 (intestino)
2,055951	-0,39628	5,47	Descend ente	1,36E-02	NM_001035	Receptor 2 de rianodina de Homo sapiens (cardíaco) (RYR2), ARNm. /PROD = Receptor 2 de rianodina (cardíaco) /FL = gb: NM_001035.1
1,657973	-0,79412	5,47	Descend ente	1,69E-02	NM_001709	Factor neurotrófico derivado de cerebro (BDNF) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = factor neurotrófico derivado de cerebro /FL = gb: NM_001709.1
4,15451	1 1,702833	5,47	Descend ente	4,62E-03	AJ010395	Gen DKC1 de Homo sapiens, exones 1 a 11
5,041032	2,594003	5,45	Descend ente	1,54E-03	AK022686	ADNc de Homo sapiens CD 12624 fis, clon NT2RM4001754.
3,795526	1,350041	5,45	Descend ente	6,34E-04	AI871745	EST
4,294951	1,865106	5,39	Descend ente	7,73E-04	AI634411	EST
1,677862	-0,74993	5,38	Descend ente	2,64E-02	AW140122	EST, débilmente similar a la SECUENCIA ALU DE LA SUBFAMILIA SB2 HUMANA ALU4 ADVERTENCIA DE CONTAMINACIÓN (H. sapiens)
5,43052	3,00534	5,37	Descend ente	3,45E-04	AU 154455	Glicoproteína asociada a la membrana celular de tipo I de pulmón
2,056044	-0,36367	5,35	Descend ente	2,80E-03	NM_004352	Precursor de cerbelina 1 (CBLN 1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Precursor de cerbelina 1 /FL = gb: NM_004352.1 gb: M58583.1
2,332365	-0,08446	5,34	Descend ente	3,73E-04	NM_022783	Proteína hipotética FLJ 12428 (FLJ 12428), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ12428 /FL = gb: NM_022783.1 gb: AL136678.1
0,261162	-2,15545	5,34	Descend ente	3,31 E-03	AW023227	EST
5,441963	3,026487	5,33	Descend ente	9,59E-04	NM_016651	Nueva proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular de Homo sapiens (LOC51339), ARNm. /PROD = proteína del gen 3 de carcinoma hepatocelular /FL = gb: NM_016651.2 gb: AF251079.2
1,389794	-1,02563	5,33	Descend ente	1,41 E-03	BG498699	EST
1,611395	-0,79534	5,3	Descend ente	1,89E-02	AI633640	EST

ES 2 663 421 T3

2,816671	0,411432	5,3	Descend ente	1,27E-03	AB002438	ARNm de Homo sapiens del cromosoma 5q21– 22, clon: FBR89.
3,12458	0,725853	5,27	Descend ente	1,05E-03	AW028075	EST, altamente similar a la nestina S21424 (H. sapiens)
2,904034	0,514711	5,24	Descend ente	1,73E-02	NM_017503	Surfeit 2 (SURF6) de Homo sapiens, ARNm /PROD = surfeit 2 /FL = gb: NM_017503.1
1,639038	-0,74617	5,22	Descend ente	4,51 E-04	AW027879	EST, débilmente similar al precursor de decorina NBHUC8 (H. sapiens)
1,861339	-0,51278	5,18	Descend ente	1,56E-03	NM_003822	Subfamilia 5 del receptor nuclear de Homo sapiens, grupo A, miembro 2 (NR5A2), ARNm / PROD = Subfamilia 5 del receptor nuclear, grupo A, miembro 22 /FL = gb: NM_003822.1 gb: AF146343.1 gb: U80251.1
7,224807	4,851007	5,18	Descend ente	4,41 E-04	NM_005951	metalotioneína 1 (MT1 H) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 1 H /FL = gb: NM_005951.1
5,094773	2,721788	5,18	Descend ente	2,50E-03	BC001811	Similar al regulador del homólogo de resistencia al ribosoma (S. cerevisiae) de Homo sapiens, clon MGC: 2755, ARNm, cds completa. /PROD = similar al regulador del homólogo de resistencia al ribosoma (S. cerevisiae) /FL = gb: BC001811.1
5,332534	2,968398	5,15	Descend ente	1,32E-03	AW189885	Protocadherina 18
1,117304	-1,24345	5,14	Descend ente	1,21 E-03	AL046992 G	Receptor 1 acoplado a proteína /FL = gb: NM_005279.1
7,426418	5,068036	5,13	Descend ente	8,05E-04	NM_005952	Metalotioneína 1X (MT1) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = metalotioneína 1X /FL = gb: NM_005952.1
3,508683	1,151949	5,12	Descend ente	1,91 E-04	AK027231	ADNc de Homo sapiens: FLJ23578 fis, clon LNG12709.
3,243916	0,897369	5,09	Descend ente	1,91 E-04	NM_021614	Canal activado por calcio de baja-intermedia conductancia de potasio, subfamilia N, miembro 2 (KCNN2), ARNm. /PROD = canal activado por calcio de baja-intermedia conductancia de potasio, subfamilia N, miembro 2 /FL = gb: NM_021614.1 gb: AF239613.1

ES 2 663 421 T3

3,396839	1,052549	5,08	Descend ente	3,25E-04	BC043295	Proteína 398 dedo de cinc 398 de Homo sapiens, clon MGC: 44469 IMAGE: 5298104, ARNm, cds completa. /PROD = proteína 398 dedo de cinc 3/FL = gb: BC043295.1
2,750597	0,411007	5,06	Descend ente	1,55E-02	NM_006942	Caja 20 región Y determinante del sexo) SRY de Homo sapiens (SOX20), ARNm. /PROD =Caja 20 región Y determinante del sexo SRY /FL = gb: NM_006942.1 gb: BC000985.1 gb: AB006867.1
1,709228	-0,63019	5,06	Descend ente	1,50E-02	AI375083	EST
5,819522	3,484185	5,05	Descend ente	4,28E-04	AK023446	ADNc de FLJ 13384 fis, clone PLACE1001062, de Homo sapiens, altamente similar al ARNm para la lisina-cetoglutarato reductasa acaropina deshidrogenasa.
4,038177	1,706644	5,03	Descend ente	6,66E-04	BF449053	EST
0,310919	-2,01457	5,01	Descend ente	4,41 E-02	BG054792	EST
2,360697	0,036146	5,01	Descend ente	2,65E-02	NM_018042	Proteína hipotética FLJ 10260 (FLJ 10260), de Homo sapiens, ARNm. /PROD = Proteína hipotética FLJ10260 /FL = gb: NM_018042.1
3,553409	1,229902	5,01	Descend ente	7,70E-04	NM_004845	Fosfato citidililtransferasa 1, colina, beta isoforma (PCYT1 B) de Homo sapiens, ARNm. /PROD = fosfato citidililtransferasa 1, colina, beta isoforma /FL = gb: AF052510.1 gb: NM_004845.1
6,93459	4,611479	5	Descend ente	4,34E-04	AF078844	ARNm de la proteína hqp0376 de Homo sapiens, cds completa. /PROD = proteína hqp0376 /FL = gb: AF078844.1

**TABLA VII-COEFICIENE DE CORRELACIÓN ENTRE LAS CÉLULAS ES DIFERENCIADAS
EXPRES 01, EXPRES 02 Y ARIOS PUNTOS DE TIEMPO DURANTE LA DIFERENCIACIÓN A DE**

	ES	EXPRES 02	EXPRES 01
EXPRES 02	0,882		
EXPRES 01	0,906	0,912	
2 h DE	0,914	0,895	0,922
6 h DE	0,904	0,887	0,915
24hr DE	0,912	0,898	0,924
30hr DE	0,91	0,902	0,926
48hr DE	0,906	0,913	0,921
72hr DE	0,896	0,918	0,91
96hr DE	0,895	0,919	0,912
5 días DE	0,883	0,925	0,904

Tabla VIII Lecturas DO₄₉₀ para células EXPRES 01 y 02 cultivadas durante 4 horas bajo presión de O₂ o de oxígeno atmosférico.

a)

5

Placa 1 oxígeno normal

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	células/pocillo
1,2163	1,2607	1,2923	1,4392	1,3991	1,3549	0,8957	0,9162	0,8877	0,8854	0,9165	0,9030	80000
0,8215	0,8665	0,8850	0,9298	0,9727	0,9451	0,7175	0,7140	0,8123	0,8161	0,7516	0,6362	40000
0,5815	0,6768	0,8321	0,8127	0,8372	0,8159	0,5256	0,4501	0,5246	0,4877	0,4900	0,4308	20000
0,4118	0,4209	0,4460	0,4501	0,5507	0,4664	0,3158	0,3341	0,3181	0,3321	0,2936	0,2979	10000
0,3093	0,3326	0,3262	0,4011	0,3860	0,3997	0,2531	0,2498	0,2458	0,2458	0,2518	0,2189	5000
0,2289	0,2428	0,2292	0,2390	0,2239	0,2718	0,1943	0,1918	0,2006	0,1917	0,1877	0,1888	2500
0,1912	0,2041	0,2061	0,2094	0,2078	0,2089	0,1772	0,1779	0,1731	0,1714	0,1818	0,1758	1250
0,1529	0,1625	0,1637	0,1630	0,1618	0,1628	0,1622	0,1599	0,1696	0,1630	0,1616	0,1644	0

Placa 2 oxígeno bajo

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	células/pocillo
1,2492	1,2799	1,2998	1,3045	1,2598	1,2682	0,8743	0,8889	0,9029	0,9095	0,8978	0,9006	80000
0,9462	0,9493	1,1588	1,1644	1,1837	1,1095	0,7572	0,7734	0,8213	0,7843	0,8631	0,6452	40000
0,6420	0,7420	0,8089	0,7952	0,8037	0,7863	0,5278	0,5314	0,5436	0,5488	0,5688	0,4330	20000
0,4250	0,5385	0,5513	0,5684	0,5520	0,5080	0,3608	0,3573	0,3359	0,3490	0,3546	0,2779	10000
0,3191	0,3280	0,3714	0,3683	0,3815	0,3576	0,2547	0,2437	0,2503	0,2415	0,2436	0,2172	5000
0,2240	0,2465	0,2487	0,2642	0,2631	0,2575	0,2016	0,2036	0,1984	0,1952	0,1979	0,1805	2500
0,1919	0,2040	0,1977	0,2054	0,2015	0,2126	0,1827	0,1819	0,1787	0,1794	0,1802	0,1651	1250
0,1029	0,1007	0,1056	0,1048	0,1043	0,1030	0,1662	0,1673	0,1661	0,1633	0,1655	0,1623	0
Expres 01							Expres 02					

b)

av OD placa 1	
Expres 01	Expres 02
1.327	0.901
0.903	0.741
0.759	0.485
0.458	0.315
0.359	0.244
0.239	0.192
0.205	0.176
0.161	0.163

c)

av OD placa 2	
Expres 01	Expres 02
1.277	0,896
1.085	0,774
0.763	0,526
0.524	0,339
0.354	0,242
0.251	0,196
0.202	0,178
0.104	0,165

d)

% CV dentro de la placa 1	
6,4	1,5
6,2	9,2
13,9	7,9
10,9	5,3
11,4	5,2
7,3	2,4
3,3	2,1
2,5	2,1

e)

% CV dentro de la placa 2	
1,7	1,4
10,1	9,5
8,4	9,1
10,0	9,2
7,1	5,4
6,0	4,2
3,5	3,6
1,7	1,2

f)

% CV entre placas	
5,0	1,4
12,7	9,2
10,9	9,2
12,2	8,3
9,1	5,1
6,8	3,4
3,3	2,9
22,8	1,7

Tabla IX Expresión de citocinas, factores de crecimiento y receptores medidos mediante las matrices proteicas

a)

5

	EXPRES 01 Muestra 1	EXPRES 01 Muestra 2	EXPRES 02 Muestra 1	EXPRES 02 Muestra 2
POS	54.220	54.220	54.220	54.220
NEG	0	0	0	0
Angiogenina	1,049	957	2,098	1,494
BDNF	461	383	165	219
BLC	173	182	0	206
BMP-4	0	0	0	29
BMP-6	0	0	0	114
CK beta 8-1	0	0	0	0
CNTF	751	870	745	654
EGF	38	88	118	137
Eotaxina	0	43	0	30
Eotaxina-2	0	0	36	44
Eotaxina-3	0	0	0	0
FGF-6	0	0	0	0
FGF-7	122	12	55	62
Ligando de Flt-3	74	39	33	6
Fractalquina	468	376	457	341
GCP-2	327	209	31	11
GDNF	0	0	0	0
GM-CSF	885	847	655	716
I-309	0	8	0	0
IFN-gamma	792	830	702	841
IGFBP-1	199	142	62	99
IGFBP-2	1.262	1.408	846	867
IGFBP-4	0	0	56	98
IGF-I	1.437	1.368	1.880	1.597
IL-10	111	125	95	48
IL-13	470	426	348	445
IL-15	758	633	631	553
IL-16	87	0	0	0
IL-1 alfa	1,274	1,022	1,053	1,055
IL-1 beta	219	53	0	0
IL-1ra	66	103	0	0
IL-2	934	946	815	829
IL-3	825	930	819	904
IL-4	212	230	213	304
IL-5	959	939	851	849

ES 2 663 421 T3

IL-6	930	891	994	975
IL-7	1,214	1,013	1,005	1,074
Leptina	0	0	0	0
LIGERA	0	0	0	0
MCP-1	1,611	1,632	6,146	4,338
MCP-2	225	203	212	257
MCP-3	463	445	364	248
MCP-4	228	170	244	149
M-CSF	267	342	307	282
MDC	218	299	140	252
MIG	898	863	789	976
MIP-1-delta	107	236	145	281
MIP-3-alfa	386	518	472	495
NAP-2	92	159	91	67
NT-3	0	0	0	0
PARC	90	77	69	230
PDGF-BB	2,623	1,755	467	583
RANTES	0	0	127	102
SCF	0	0	0	0
SDF-1	532	493	168	290
TARC	0	0	0	0
TGF-beta 1	716	788	806	840
TGF-beta 3	73	111	0	16
TNF-alfa	748	825	760	908
TNF-beta	269	316	247	307

b)

	EXPRES 01 Muestra 1	EXPRES 01 Muestra 2	EXPRES 02 Muestra 1	EXPRES 02 Muestra 2
POS	43.203,88	39.506,01	36.640,81	42.748,84
NEG	0,00	0,00	0,00	0,00
Activina A	1.044,38	797,16	429,05	408,73
ALCAM	926,38	812,41	1.132,59	1.111,92
B7-1 (CD80)	164,38	193,08	183,69	149,23
BMP-5	62,38	39,17	65,41	67,20
BMP-7	203,88	165,35	203,92	235,90
Cardiotrofina 1	420,38	390,43	330,99	529,97
CD14	551,38	581,78	449,28	504,69
CXCL-16	144,38	126,52	114,65	144,58
DR6 (TNFRSF21)	317,88	278,12	254,92	294,20
Endogлина	769,88	610,44	824,79	738,91
ErbB3	453,88	383,50	352,10	276,14

ES 2 663 421 T3

E-Selectina	175,88	145,47	158,63	204,43
Ligando de Fas	325,38	272,11	290,98	421,63
ICAM-2	165,88	105,73	97,51	244,15
IGF-I	8.897,88	9.437,80	8.026,40	5.317,62
IL-1	92,38	2,66	28,91	131,69
IL-10 Rbeta	156,88	65,05	65,41	242,09
IL-13 R alfa 2	362,88	140,39	82,12	312,77
IL-18 BP alfa	334,88	267,49	415,86	535,13
IL-18 Rbeta	161,38	97,87	152,47	127,04
IL-2 R alfa	0,88	0,00	30,23	0,00
IL-2 R beta	0,00	2,20	19,24	0,00
IL-2 R gamma	0,00	0,00	0,00	0,00
IL-21R	452,38	433,42	399,15	458,26
IL-5 R alfa	446,88	302,62	397,83	297,81
IL-9	340,38	342,83	454,55	325,67
IP-10	364,88	310,01	295,82	382,42
LAP	1.194,38	1.087,42	3.883,43	4.764,05
Leptina R	272,38	200,47	179,29	286,46
LIF	326,38	89,09	74,64	180,18
L-Selectina	83,38	55,35	29,79	97,12
M-CSF R	60,38	0,00	21,00	0,00
MMP-1	12,88	36,86	23,63	62,55
MMP-13	158,38	25,30	54,85	144,58
MMP-9	504,38	450,98	282,19	257,05
MPIF-1	0,00	16,99	50,46	30,57
NGF R	30,38	43,79	29,35	6,84
PDGF AA	442,38	454,68	436,52	356,62
PDGF-AB	507,38	459,76	124,33	187,40
PDGF R alfa	278,88	228,21	254,92	207,01
PDGF R beta	483,38	379,34	413,66	465,48
PECAM-1	199,38	148,25	157,75	181,21
Prolactina	312,88	218,04	184,13	182,25
SCF R	472,88	353,92	454,11	483,02
SDF-1 beta	1.047,88	765,73	382,44	469,09
Siglec-5	0,00	0,00	0,00	0,00
TNF-alfa	113,88	123,29	50,90	55,33
TGF beta2	68,38	50,73	14,84	53,27
Tie-1	291,38	218,96	165,22	198,24
Tie-2	57,88	53,50	119,49	94,02
TIMP-4	166,88	143,16	109,38	180,70
VE-cadherina	432,38	329,89	1.175,24	208,04
VEGF R2	510,88	367,33	437,40	801,34

ES 2 663 421 T3

VEGF R3	41,38	38,25	20,12	0,00
Control interno	23.824,38	23.824,38	23.824,38	23.824,38
POS	55.531,00	63.702,50	55.954,13	76.525,06
NEG	0,00	0,00	0,00	0,00
Acrp30	140,00	100,45	119,63	179,61
AgRP	221,50	239,23	261,80	443,17
Angiopoyetina-2	0,00	0,00	58,85	104,61
Amfiregulina	0,00	0,00	0,00	0,00
Axl	210,00	351,20	368,94	523,07
bFGF	64.959,00	75.788,69	57.182,11	65.024,38
b-NGF	0,00	0,00	0,00	0,00
BTC	0,00	0,00	0,00	0,00
CCL-28	455,50	399,01	258,71	415,13
CTACK	57,00	48,55	70,18	12,09
Dtk	0,00	0,00	0,00	0,00
EGF-R	83,50	92,28	30,52	33,82
ENA-78	726,00	842,78	781,52	939,43
Fas/TNFRSF6	374,00	460,83	352,97	450,17
FGF-4	232,50	130,77	110,36	218,17
FGF-9	271,00	520,31	295,28	460,69
GCSF	688,00	895,85	223,68	973,77
Ligando GITR	0,00	0,00	0,00	0,00
GITR	242,00	109,19	140,75	167,00
GRO	1.380,00	1.572,29	929,87	1.270,97
GRO-alfa	962,00	1.043,39	920,08	1.080,31
HCC-4	162,50	108,03	194,83	217,46
HGF	0,00	0,00	0,00	0,00
ICAM-1	752,00	848,62	571,88	614,89
ICAM-3	0,00	0,00	0,00	0,00
IGFBP-3	169,00	439,25	190,20	372,37
IGFBP-6	314,50	285,89	245,31	368,17
IGF-I SR	236,00	314,46	133,54	237,09
IL-1 R4/ST2	226,00	354,11	283,43	373,77
IL-1 RI	0,00	32,80	0,00	92,70
IL-11	187,50	178,59	135,60	299,47
IL-12 p40	174,00	130,19	91,82	227,28
IL-12 p70	163,00	198,41	140,23	245,50
IL-17	120,00	114,44	72,24	164,89
IL-2 R alfa	434,50	488,24	422,50	553,21
IL-6 R	163,00	114,44	327,73	144,57
IL-8	741,00	782,72	694,47	1.053,68
I-TAC	721,50	763,48	551,28	754,38

ES 2 663 421 T3

Linfotactina	177,00	68,37	93,88	135,46
MIF	2.703,00	2.577,05	2.491,12	3.008,58
MIP-1alfa	251,00	257,89	236,56	341,53
MIP-1beta	15,50	0,00	14,55	56,95
MIP-3 beta	242,50	233,99	184,02	279,15
MSP-alfa	376,50	303,38	250,98	408,12
NT-4	37,00	101,03	108,81	253,21
Osteoprotegerina	380,50	390,27	432,29	696,90
Oncostatina M	466,50	394,35	361,21	504,15
PIGF	180,50	198,41	195,86	220,27
sgp130	18,00	36,30	203,08	209,05
sTNF RII	0,00	0,00	0,00	0,00
sTNF-RI	11,50	0,00	694,47	267,93
TECK	0,00	0,00	0,00	0,00
TIMP-1	175,00	123,19	172,17	223,77
TIMP-2	1.718,50	2.953,76	487,41	502,74
Trombopoyetina	256,50	231,65	227,80	256,02
TRAIL R3	0,00	0,00	127,36	94,10
TRAIL R4	239,00	273,64	277,25	370,27
uPAR	104,50	84,12	103,66	319,10
VEGF	311,00	289,97	305,06	523,77
VEGF-D	0,00	0,00	0,00	0,00
Control interno	18.664,17	18.664,17	18.664,17	18.664,17

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> JANSSEN BIOTECH INC.

5 <120> CELULAS PLURIPOTENCIALES

<130> CEN5217USNP

10 <140> 12/108,872
<141> 2008-04-24

<160> 3

15 <170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 17
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

20 <220>
<223> CONSTRUCTO SINTETICO

25 <400> 1
tggcgagca gatacca 17

<210> 2
<211> 18
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

30 <220>
<223> CONSTRUCTO SINTETICO

35 <400> 2
agcgcttcc acgacttg 18

<210> 3
<211> 23
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

40 <220>
<223> CONSTRUCTO SINTETICO

45 <400> 3
ccagcatctt gctcaactcg gcg 23

50

55

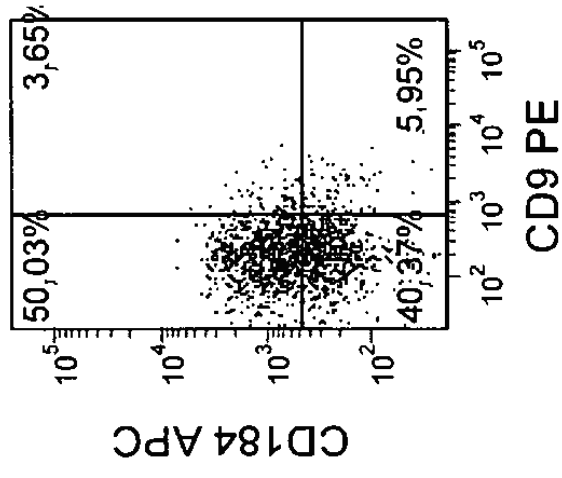
60

65

Reivindicaciones

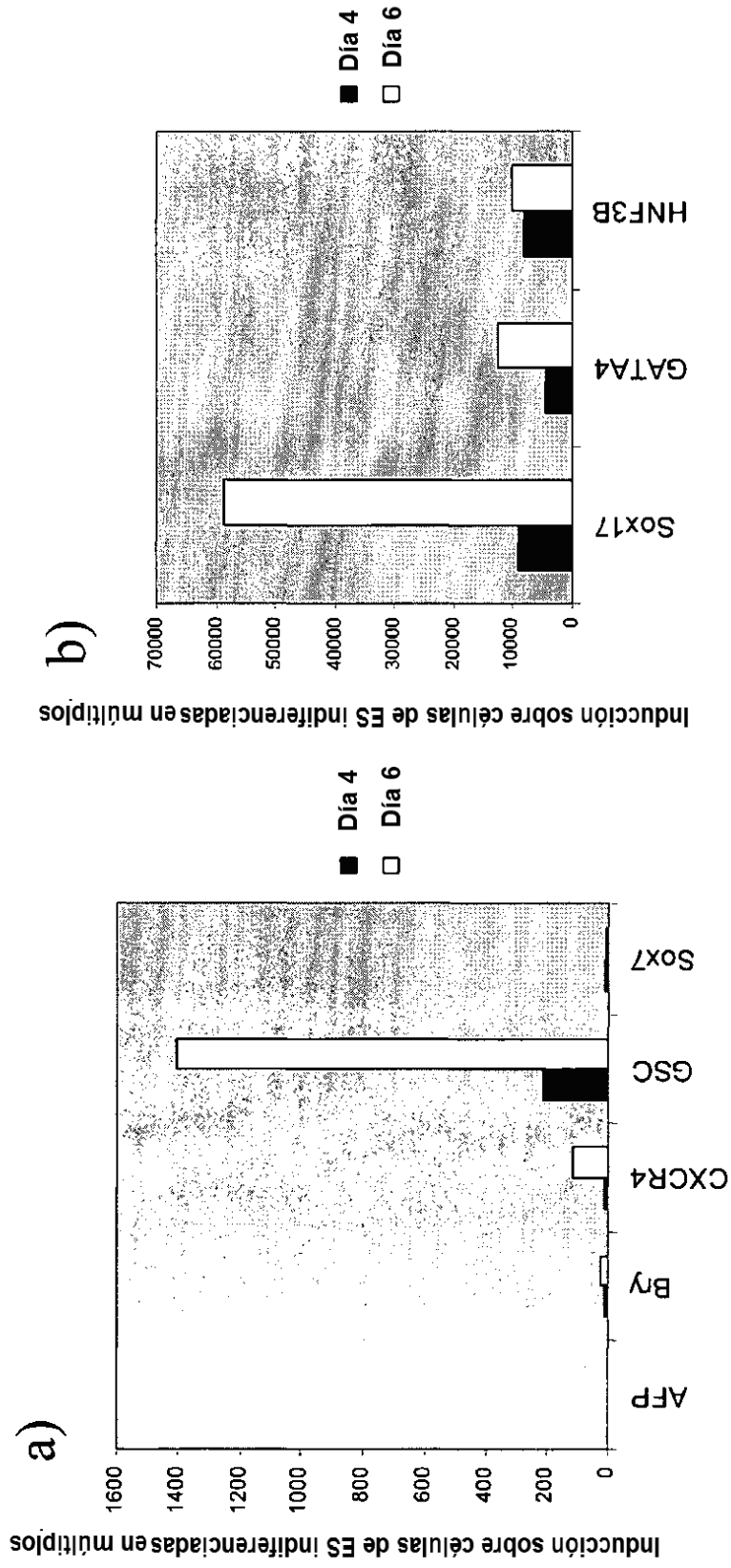
- 5 **1.** Un método para expandir células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo, que comprende los pasos de: cultivar las células bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular.
- 10 **2.** El método de la reivindicación 1, en donde las células se cultivan bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular, en medio que contiene
- 15 suero a una concentración del 0,2% al 5%; o suero a una concentración del 0,5%.
- 3.** El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde las células se cultivan bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular,
- 20 en medio que contiene activina A a una concentración de 50 ng/ml a 100 ng/ml; o activina A a una concentración de 100 ng/ml.
- 4.** El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde las células se cultivan bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular,
- 25 en medio que contiene un ligando Wnt a una concentración de 10 ng/ml a 20 ng/ml; o un ligando Wnt a una concentración de 20 ng/ml.
- 5.** El método de la reivindicación 4, en donde el ligando Wnt es Wnt-3a.
- 6.** El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde las células se cultivan bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular,
- 30 en medio que contiene un inhibidor de GSK-3B.
- 7.** El método de la reivindicación 6, en donde la concentración del inhibidor de GSK-3B es de 1nM a 1000 nM o de 10 nM a 100 nM.
- 35 **8.** El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde las células se cultivan bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular, en medio que contiene IGF-1.
- 9.** El método de la reivindicación 8, en donde el IGF-1 se usa a una concentración de 1 ng/ml a 100 ng/ml, 10 ng/ml a 100 ng/ml o 50 ng/ml.
- 40 **10.** El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde las células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo se cultivan en:
- 45 condiciones normóxicas; o condiciones hipóxicas
- antes de cultivar las células bajo condiciones hipóxicas, sobre un sustrato de cultivo de tejidos que no está pretratado con una proteína o una matriz extracelular.
- 50 **11.** El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde las condiciones hipóxicas son a un nivel de O₂:
- 55 del 1% al 20%; o del 2% al 10%; o del 3%.
- 12.** El método de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde las células que expresan marcadores característicos del linaje del endodermo definitivo también expresan marcadores de pluripotencia.
- 60 **13.** El método de la reivindicación 12, en donde las células que expresan marcadores de pluripotencia expresan por lo menos uno de los marcadores de pluripotencia seleccionados del grupo que consiste de ABCG2, cripto, FoxD3, Connexina 43, Connexina 45, Oct4, SOX-2, Nanog, hTERT, UTF-1, ZFP42, SSEA-3, SSEA-4, Tra1-60 y Tra1-81.
- 65

Figura 1



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

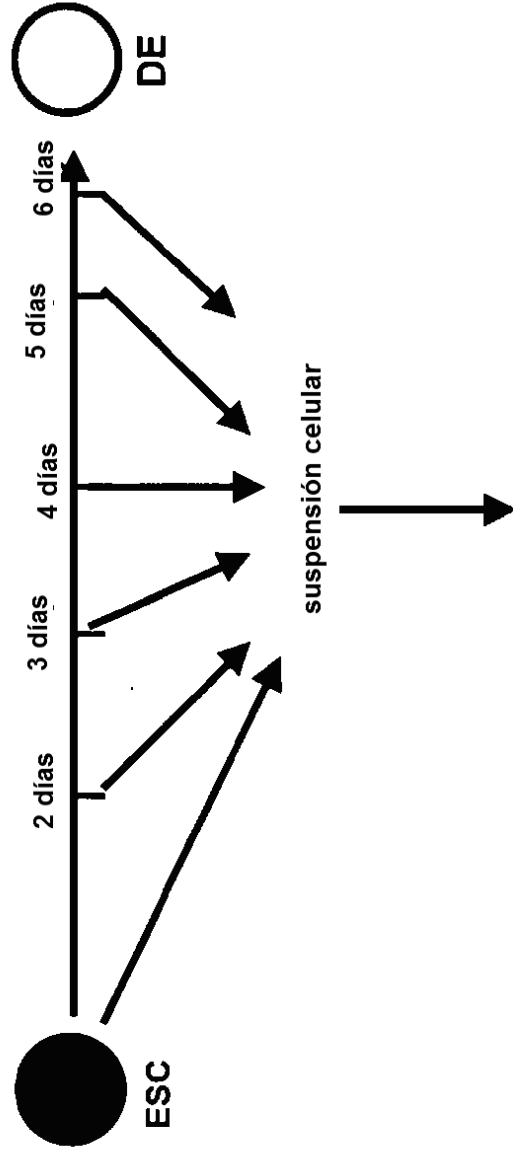
Figura 2



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

Figura 3

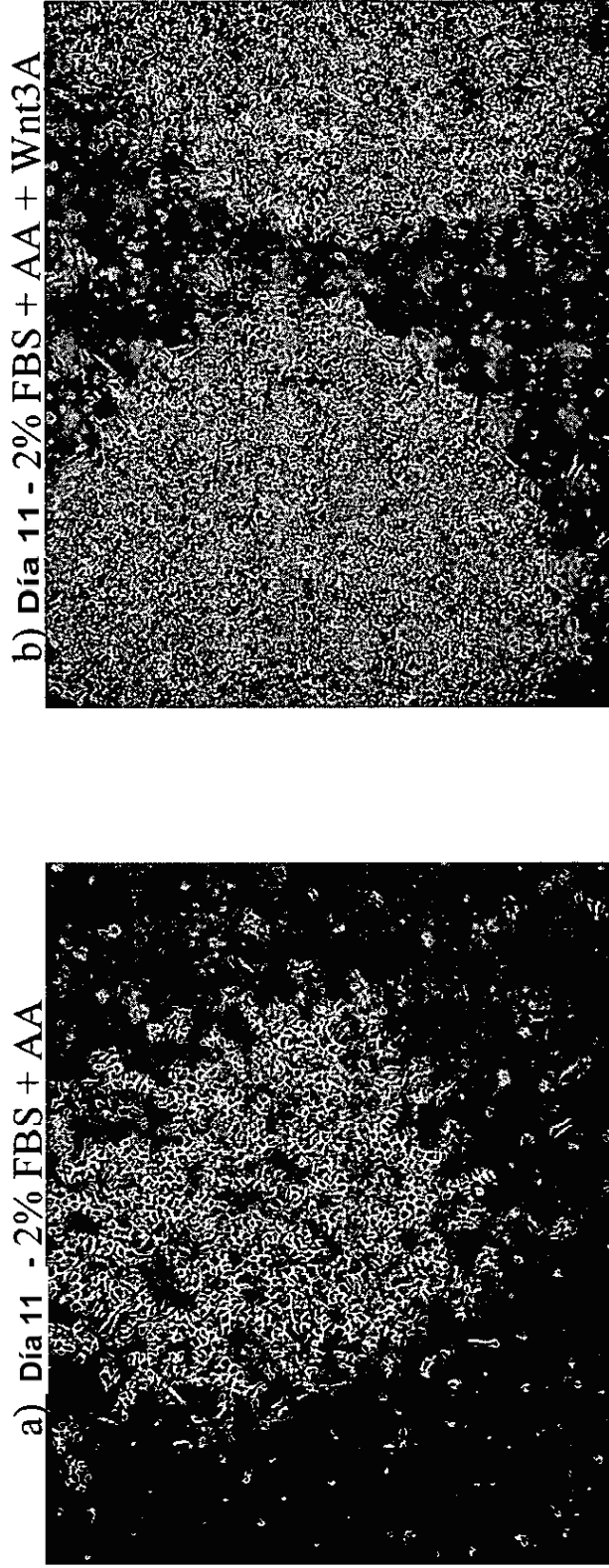


Expandir en 2 % de FBS + AA +/- Wnt3A +/- IGF con O₂ bajo (~3 % O₂) en TCPS

LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

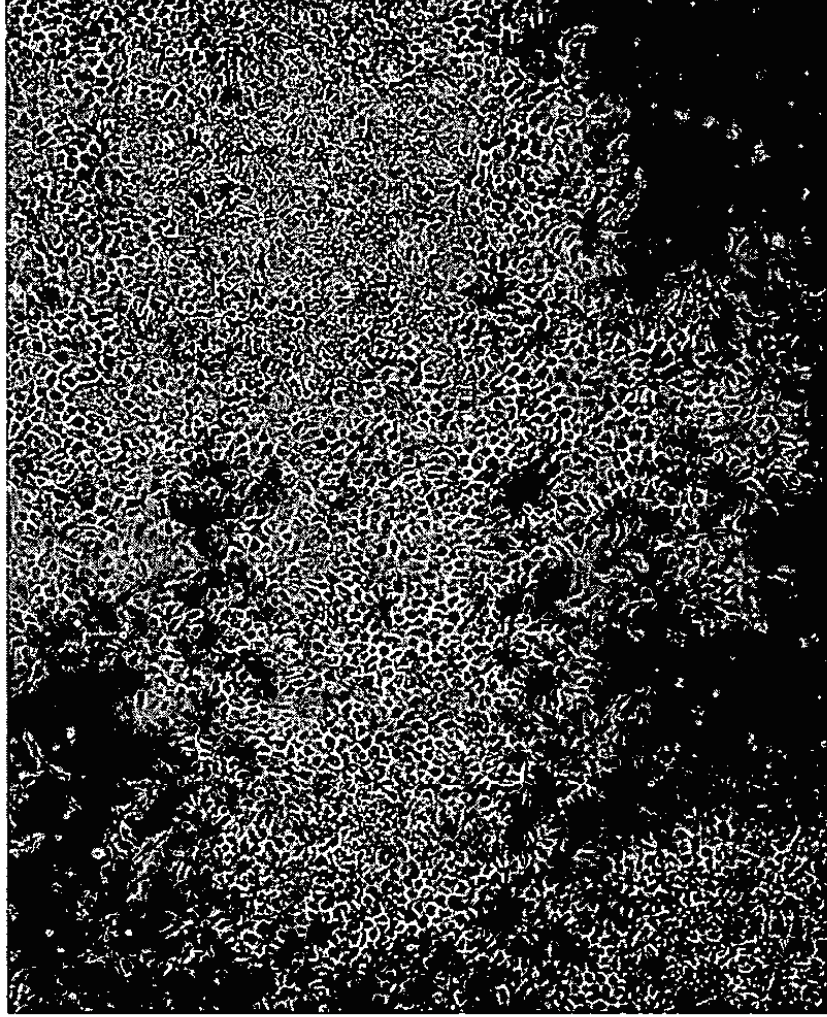
Figura 4



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezanía

Figura 4 Continuación

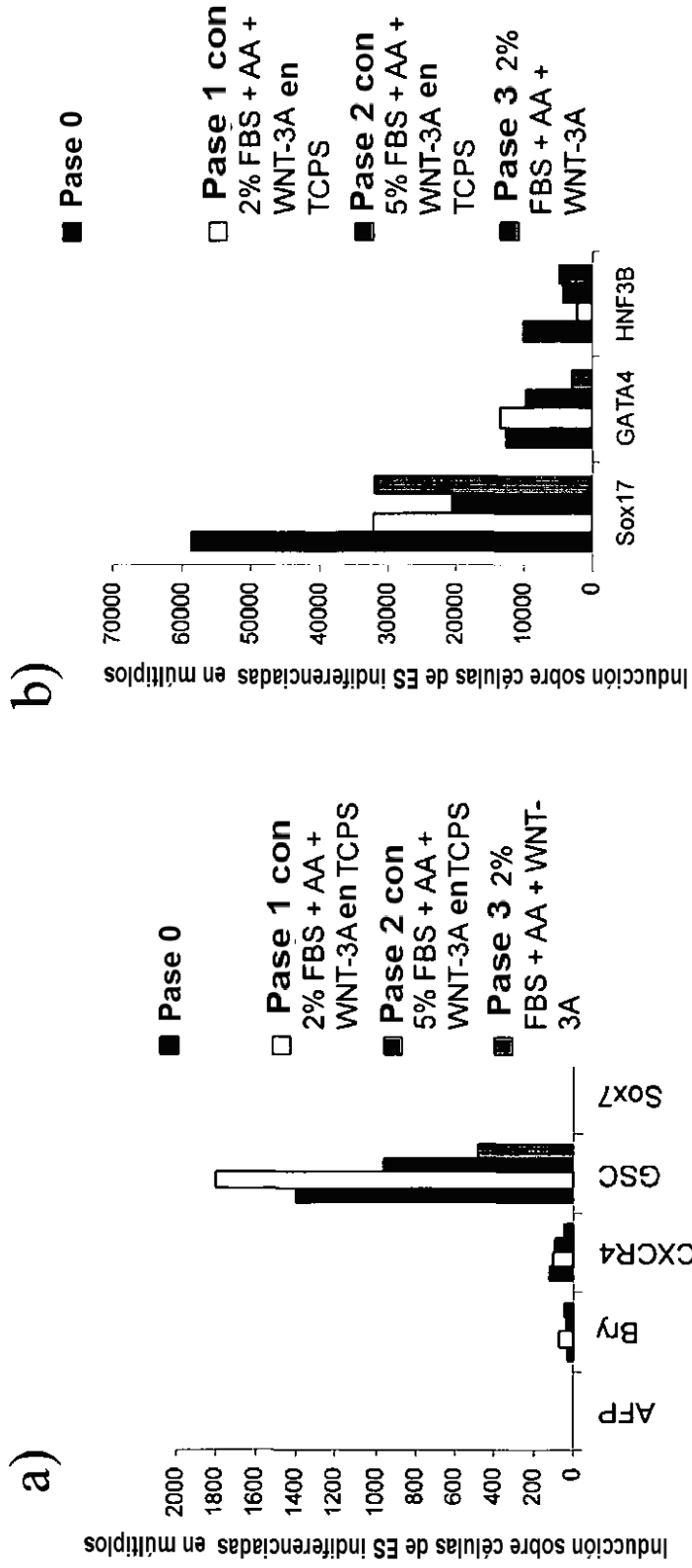
c) Pase 3 en 2% FBS + AA + WNT-3A



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezanía

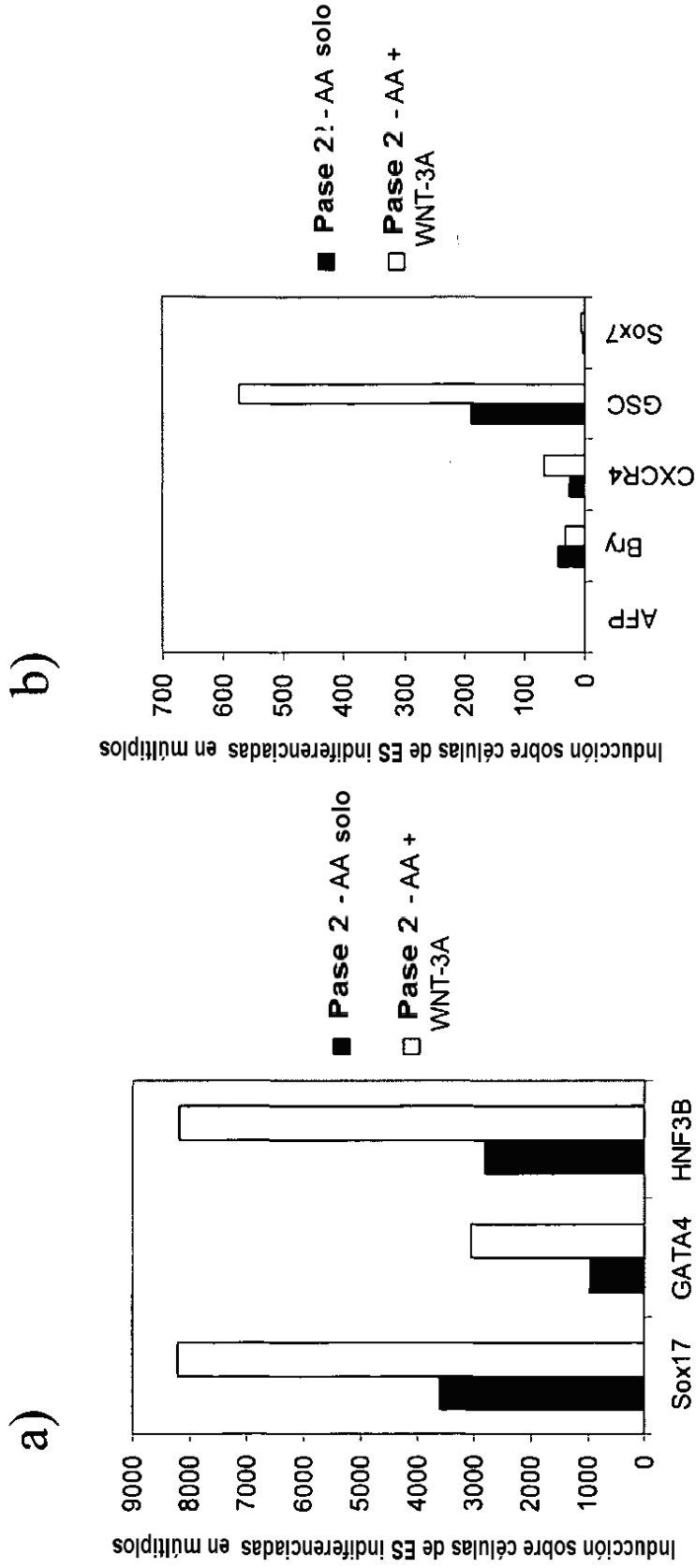
Figura 5



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

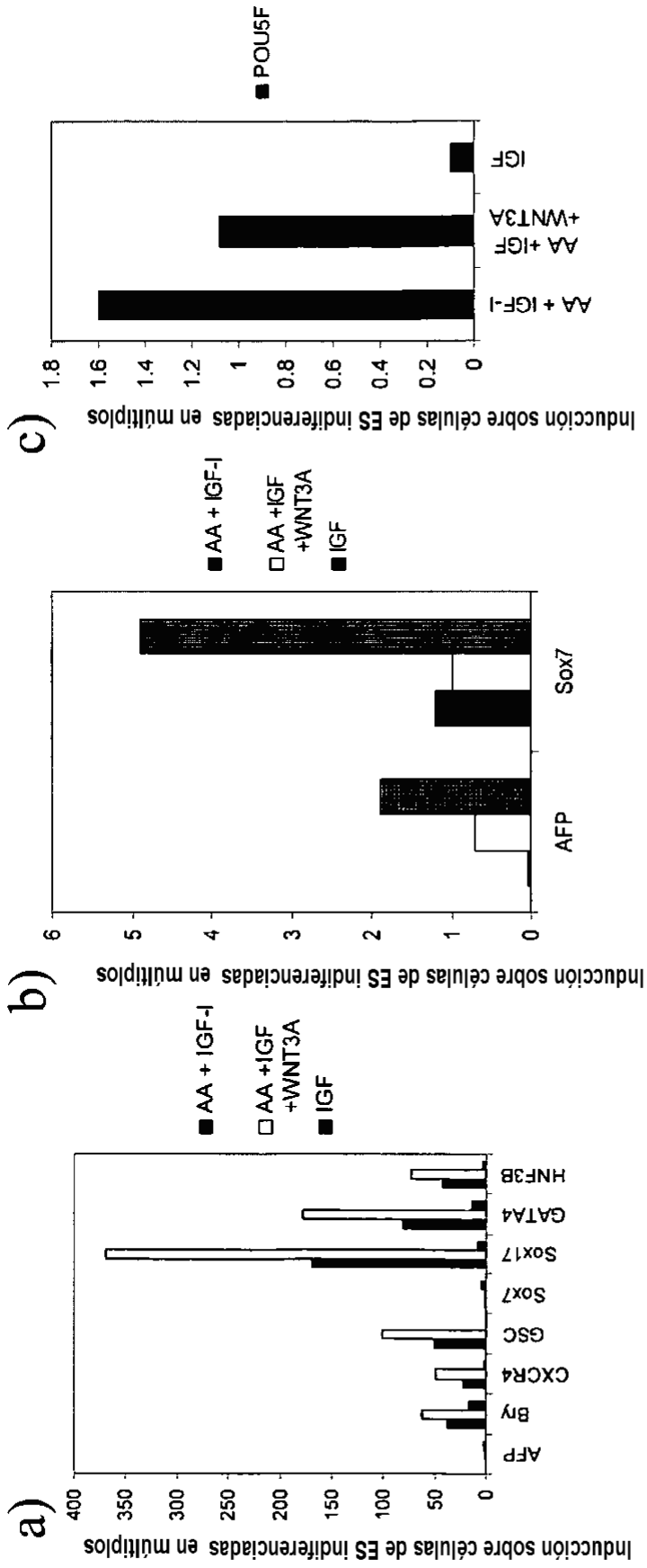
Alireza Rezania

Figura 6



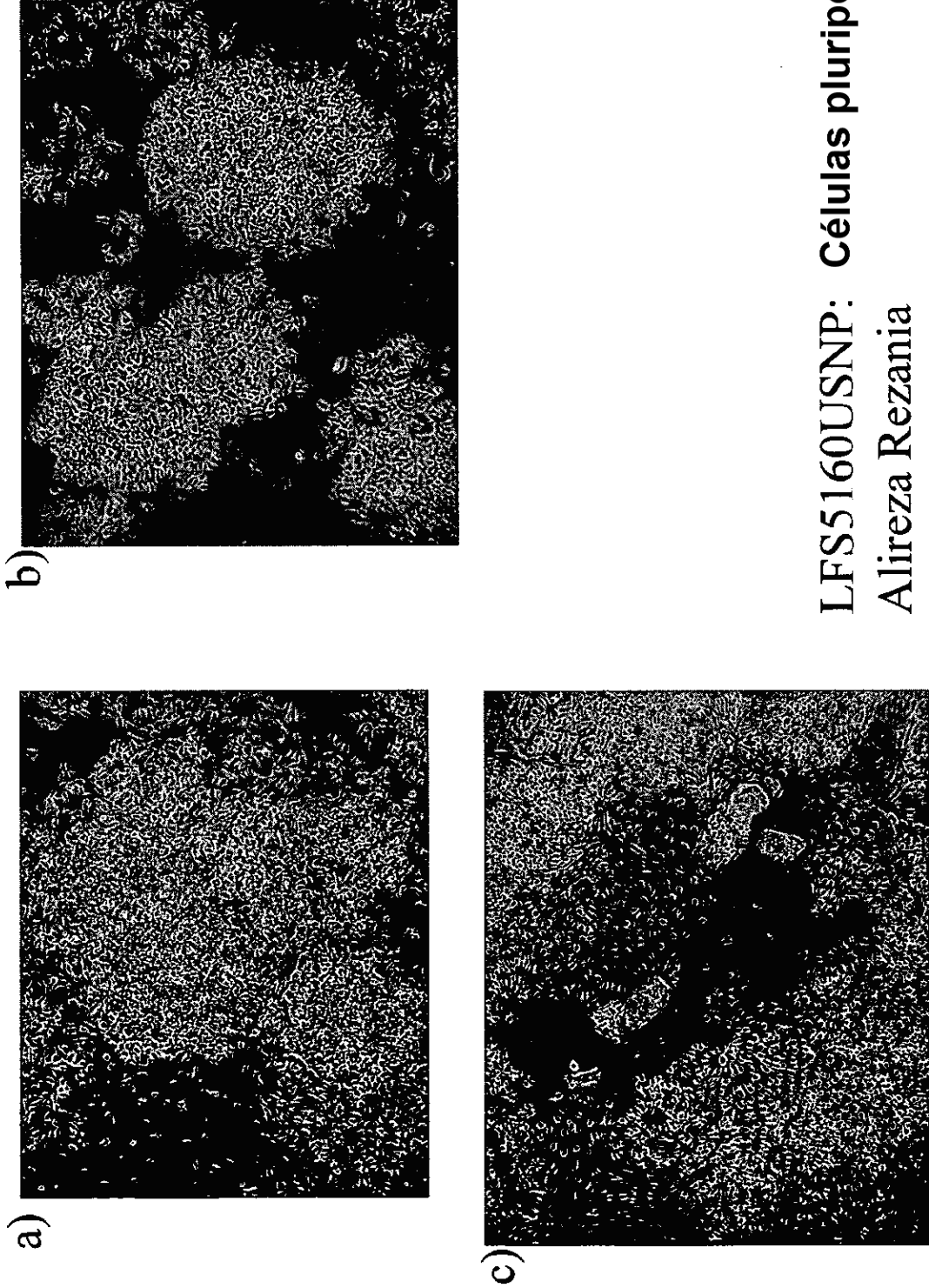
LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 7



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

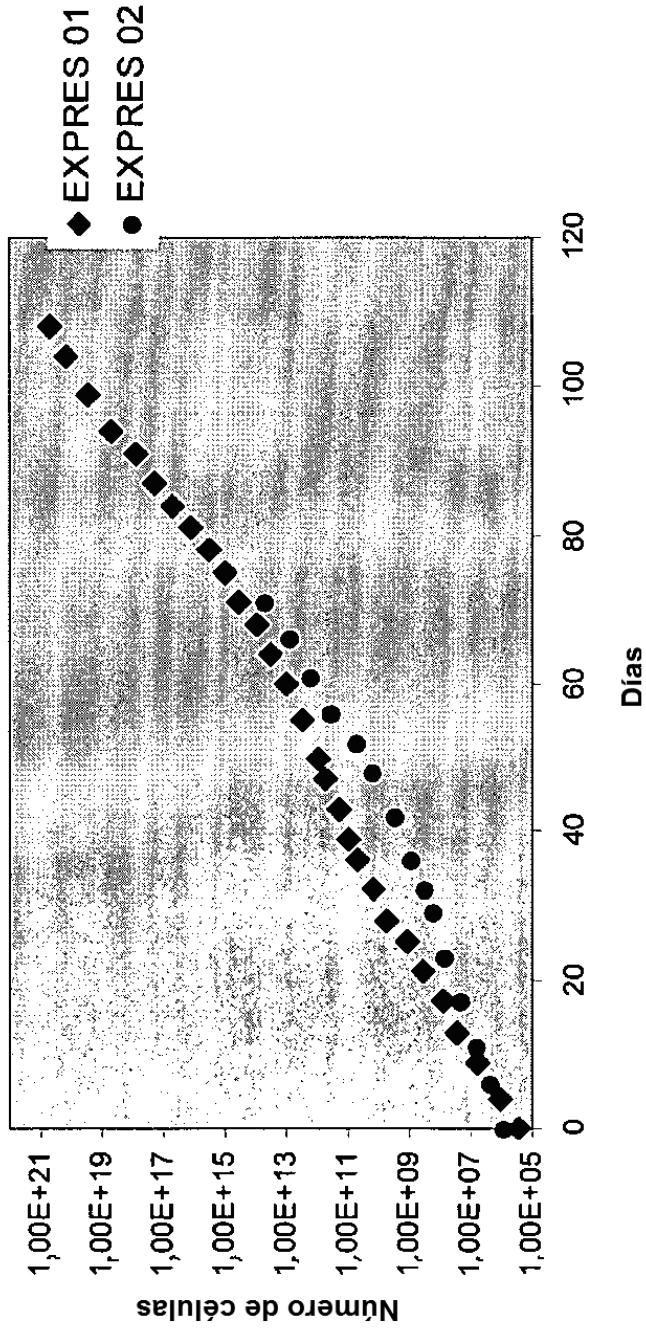
Figura 8



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 9

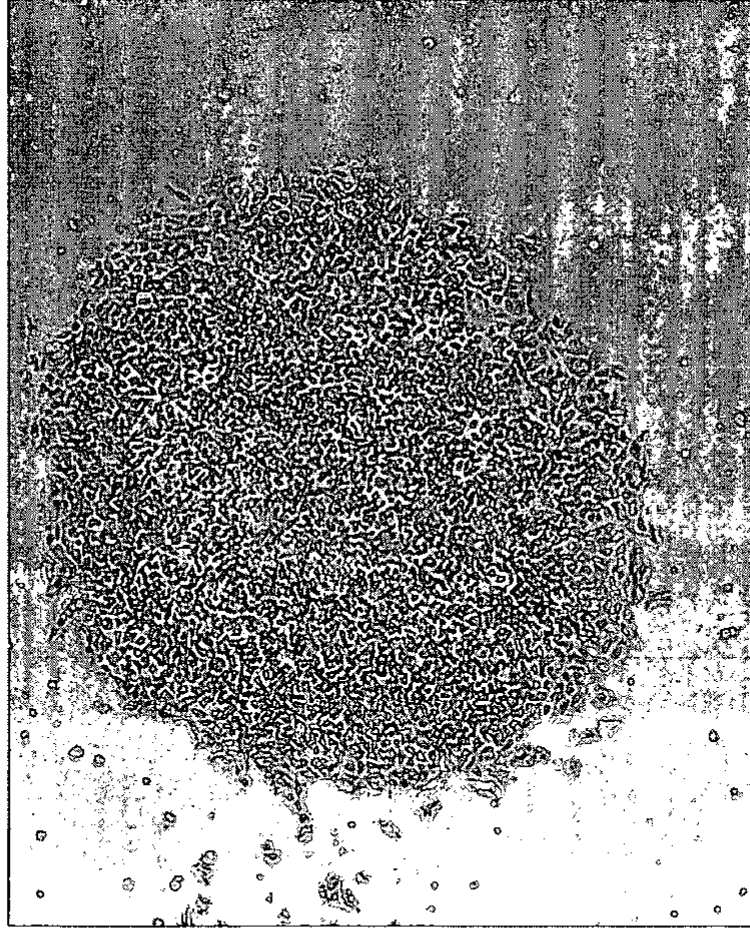
Proliferación de células EXPRES



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

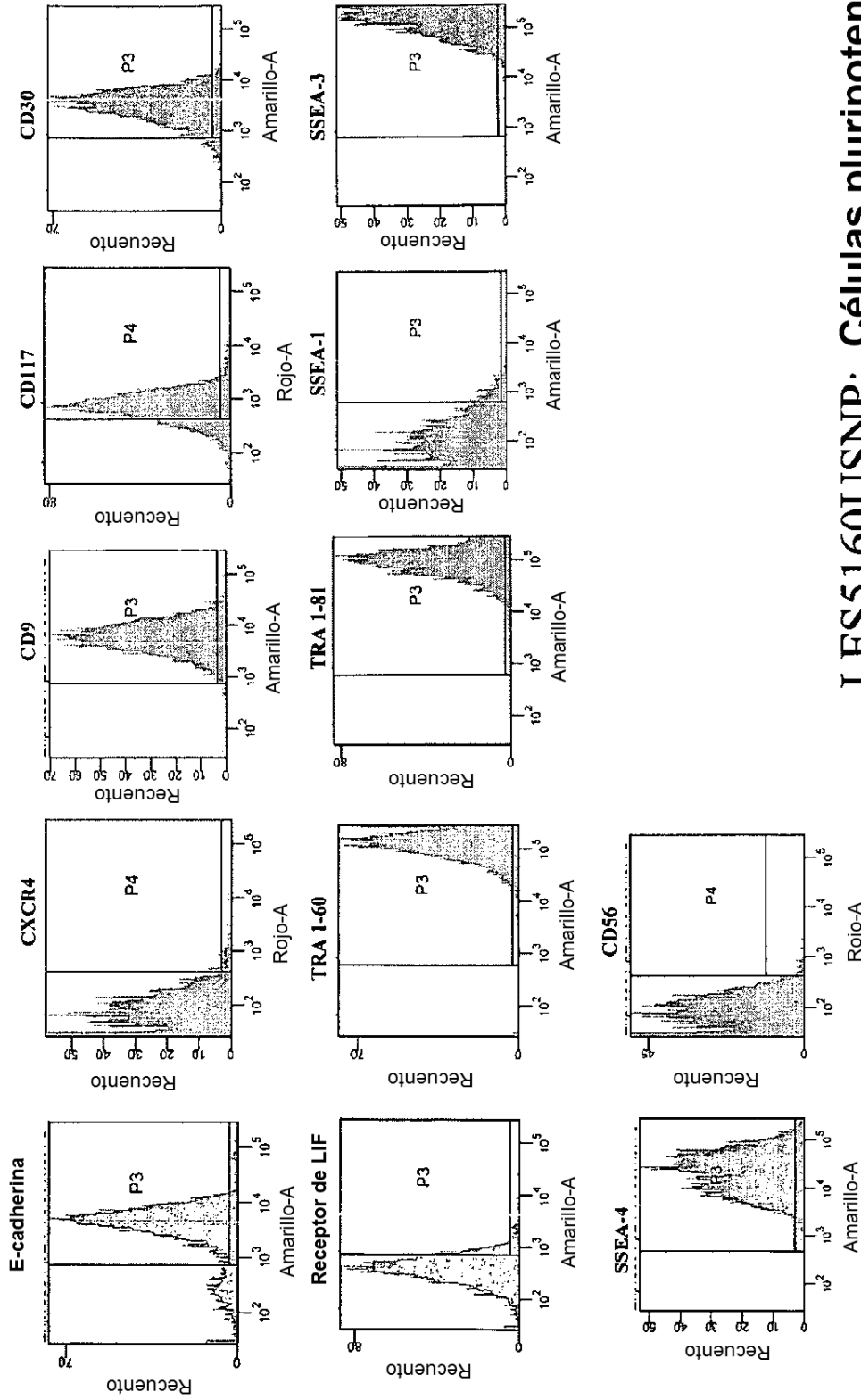
Figura 10



LFSS160USNP: Células pluripotenciales

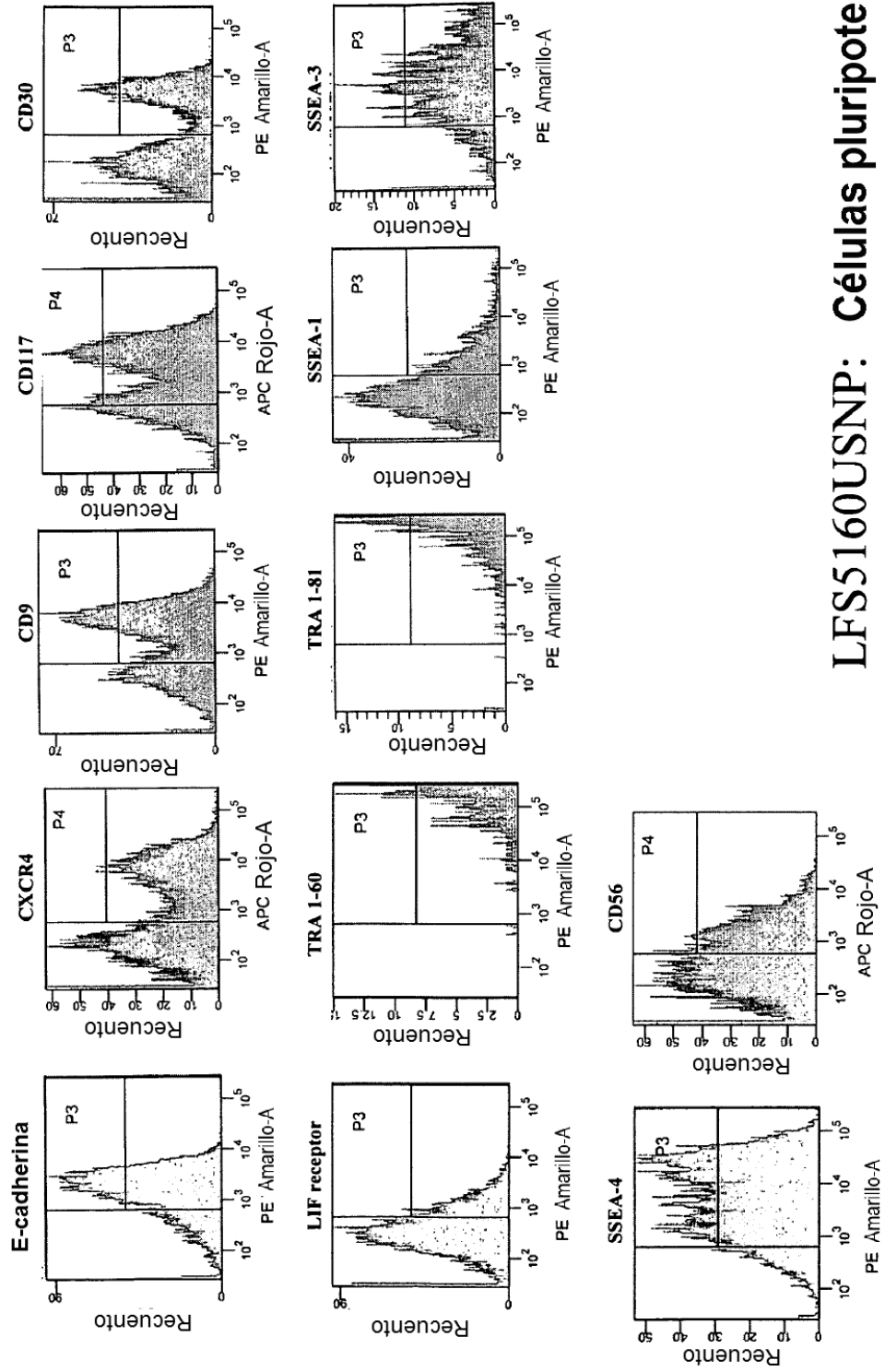
Alireza Rezania

Figura 11



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

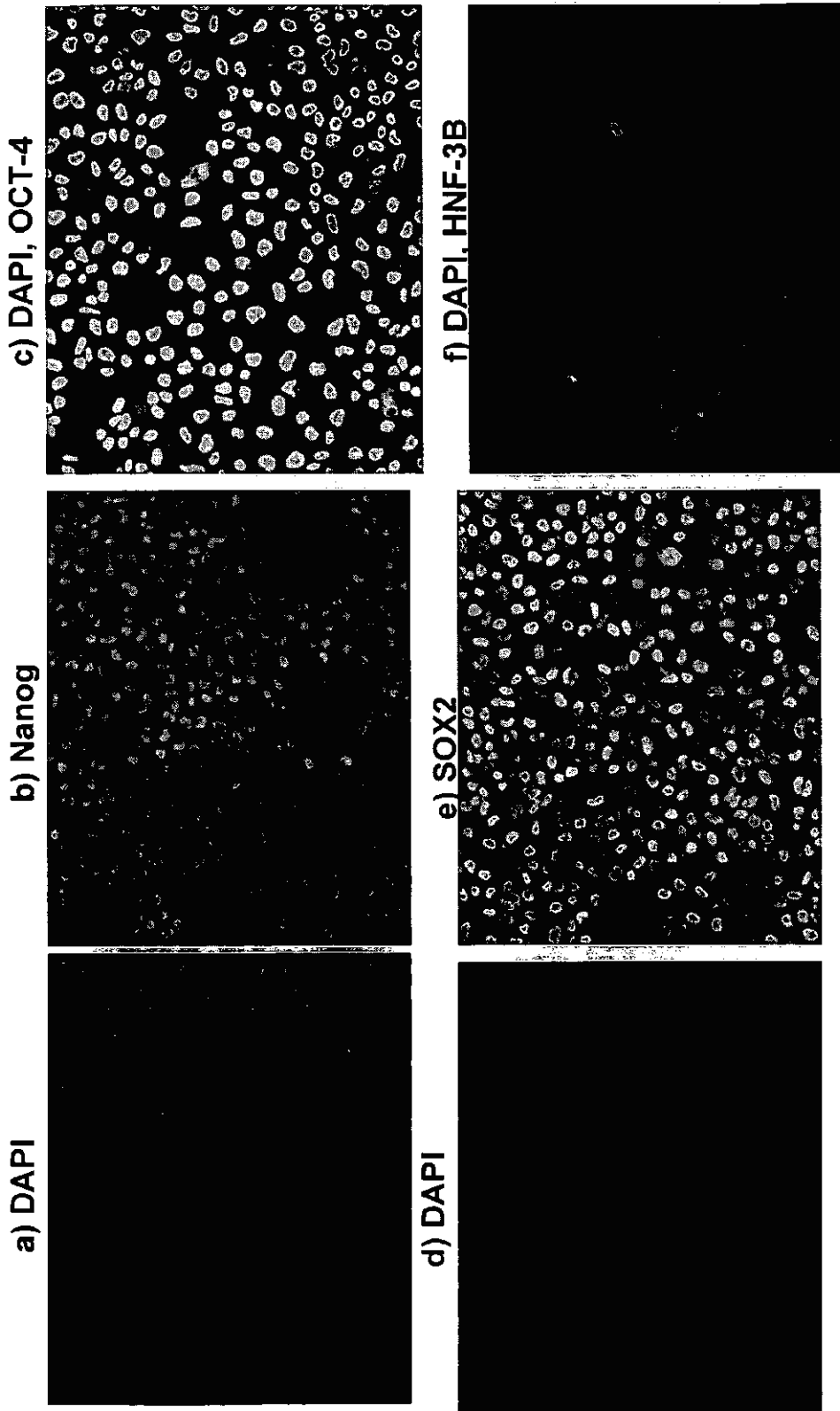
Figura 12



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

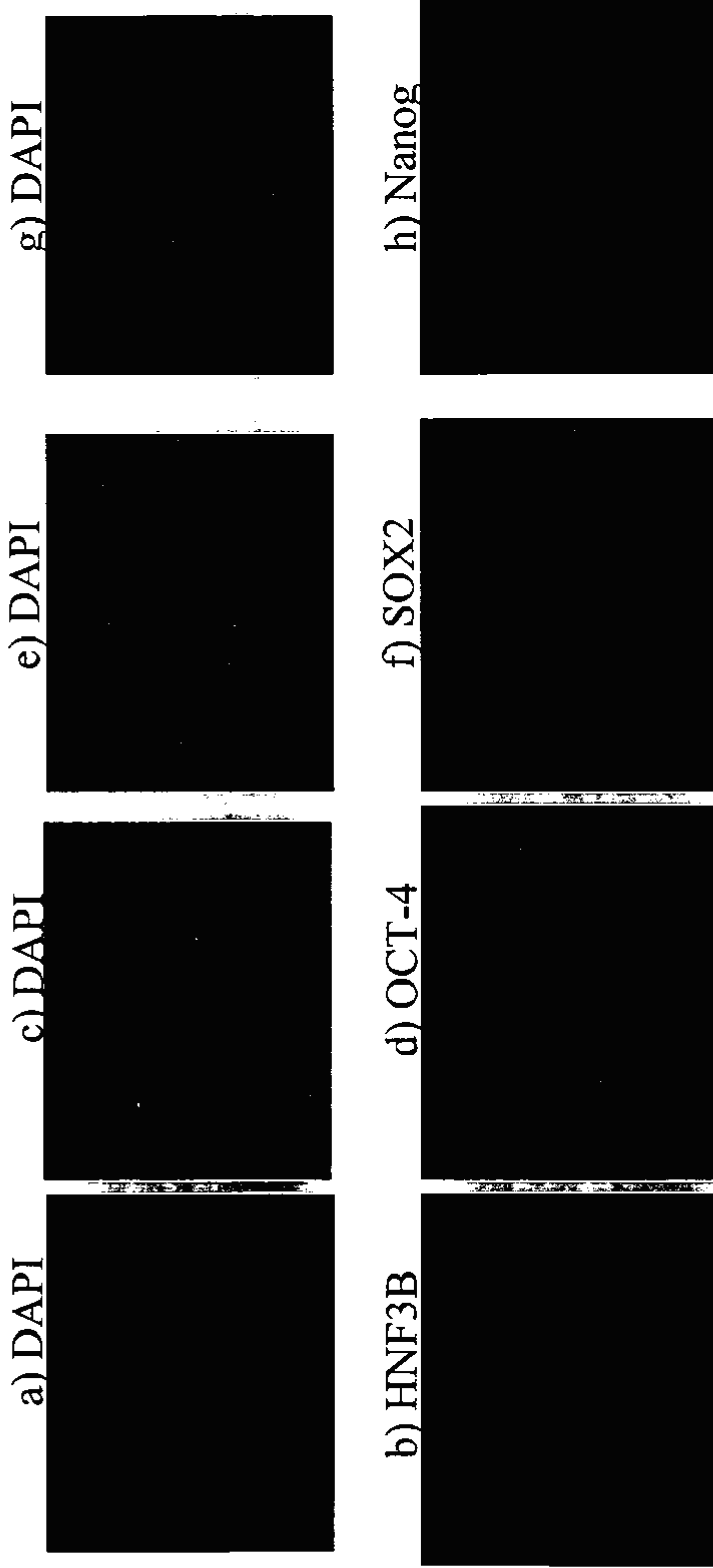
Figura 13



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

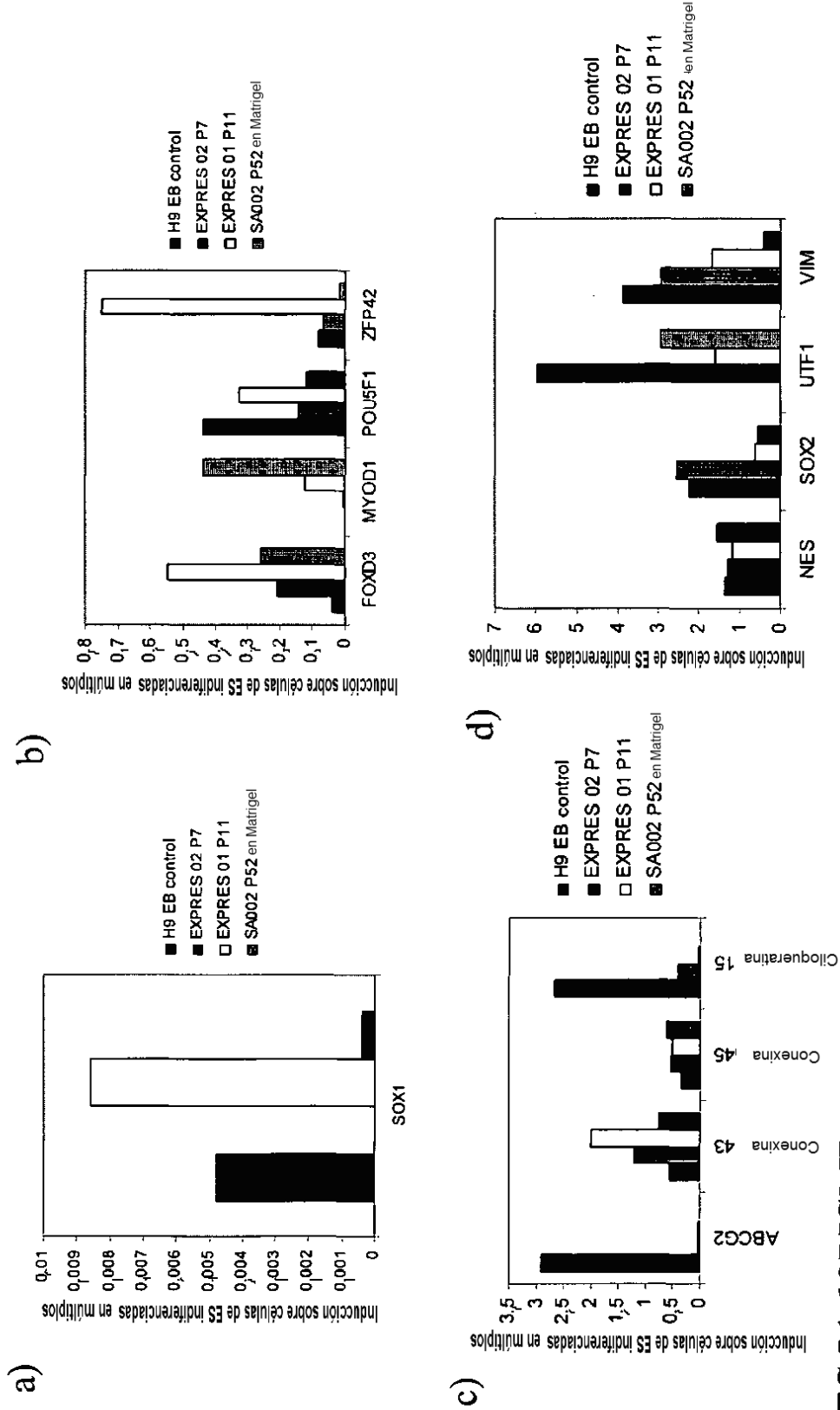
Figura 14



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

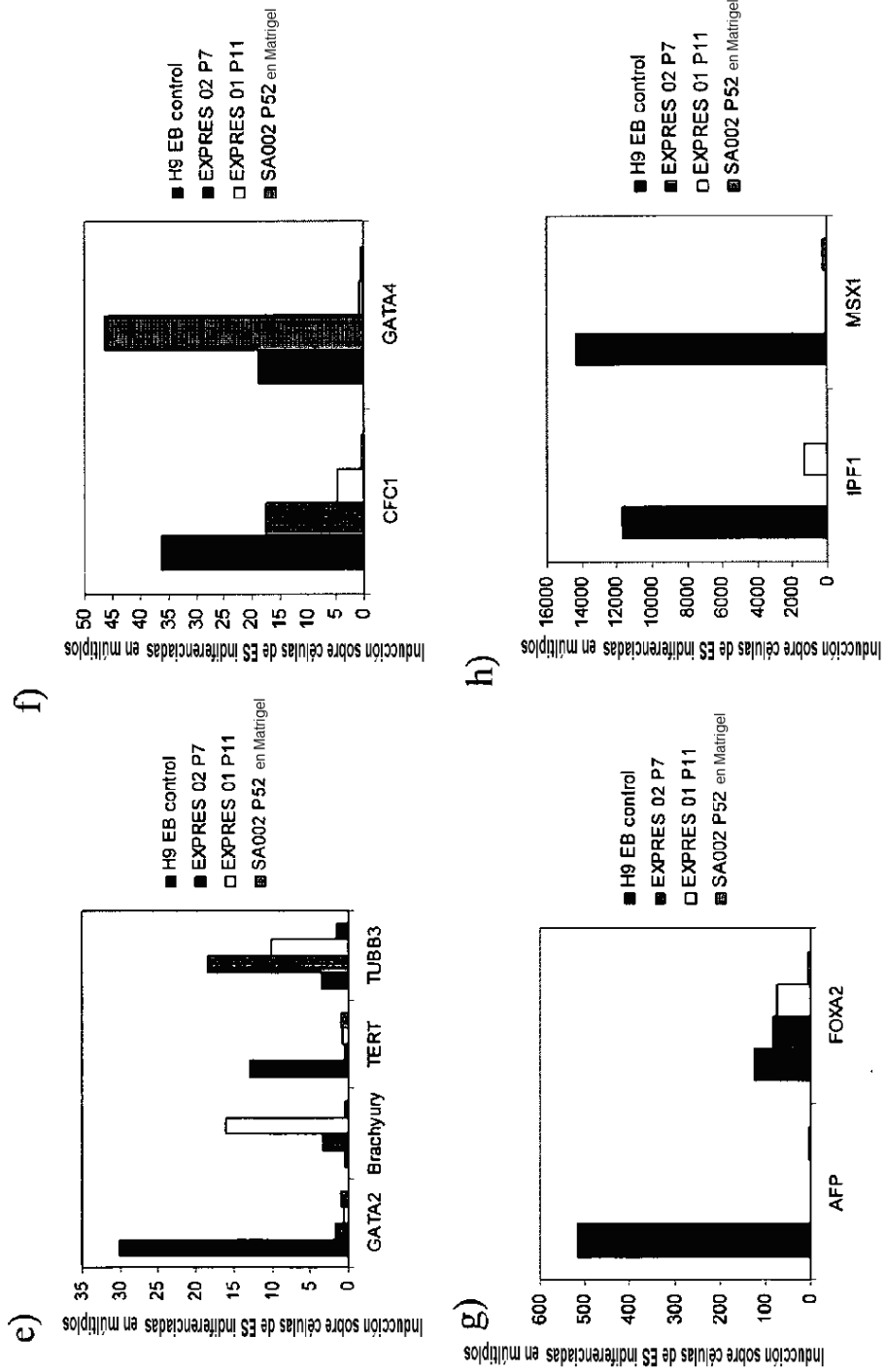
Figura 15



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

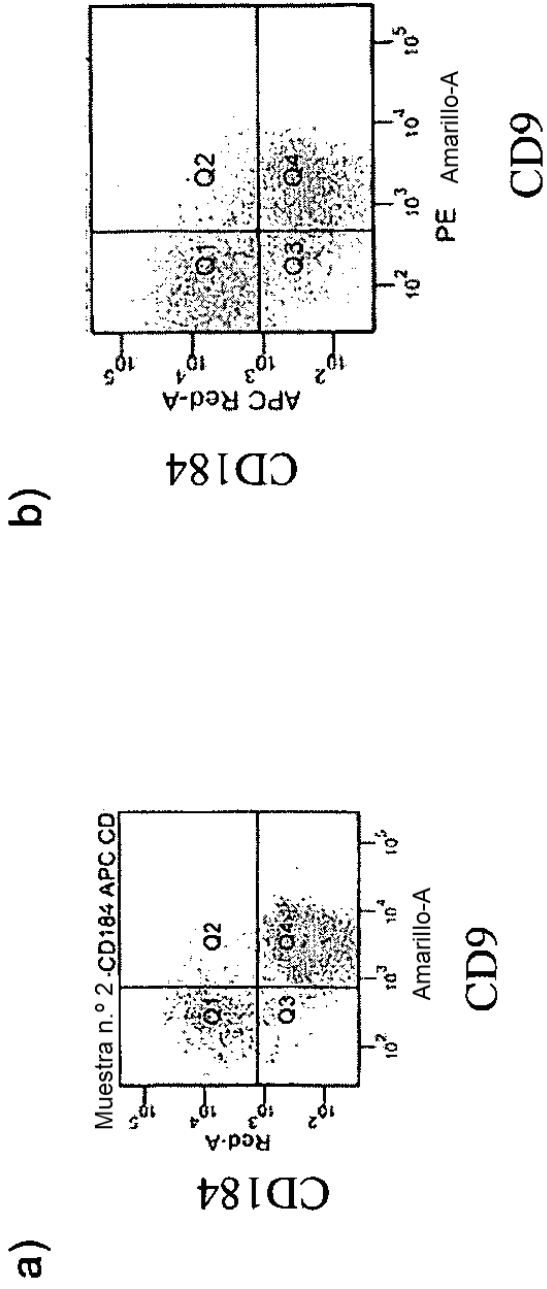
Figura 15 continuación



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

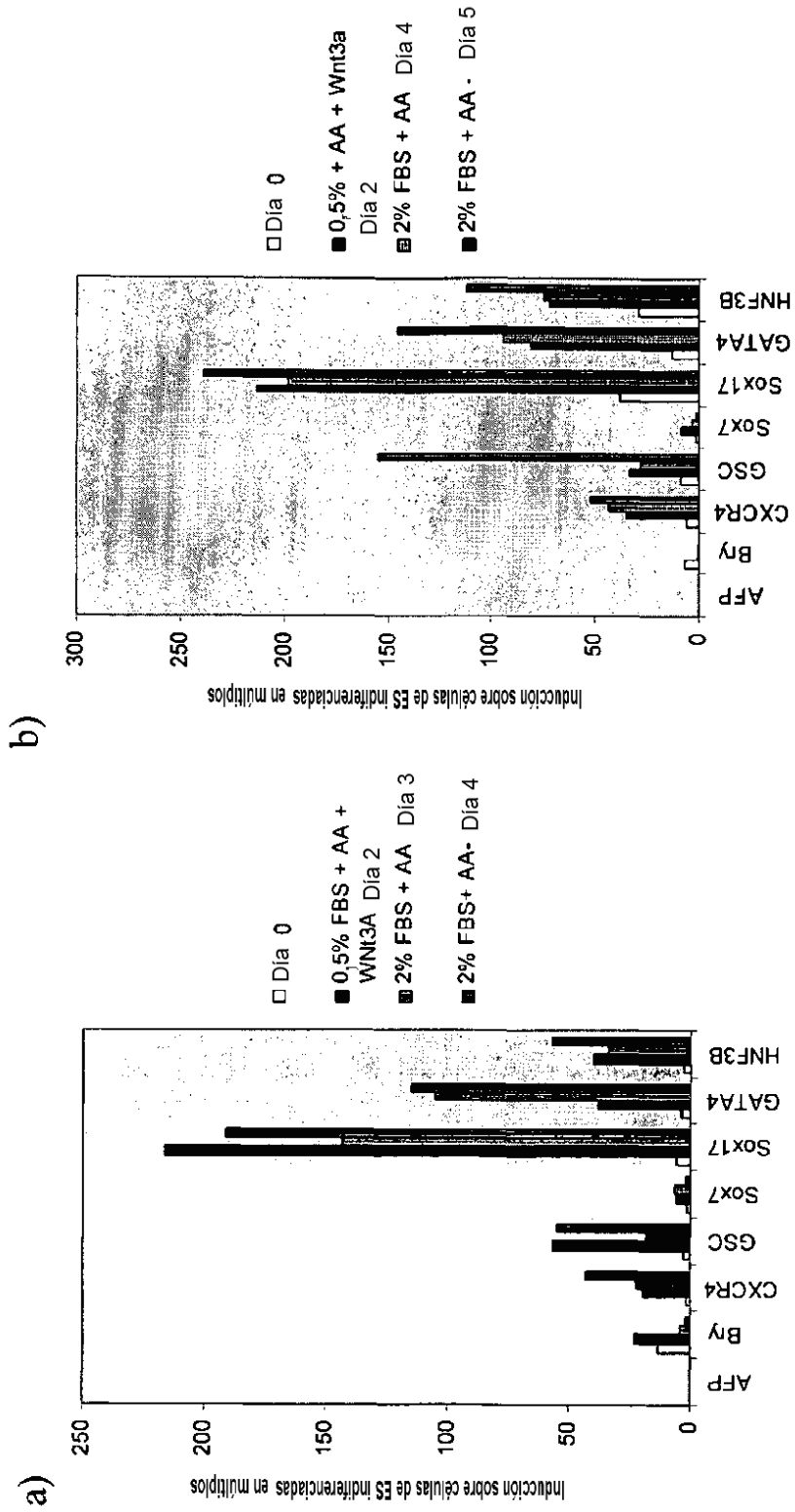
Alireza Rezania

Figura 16



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

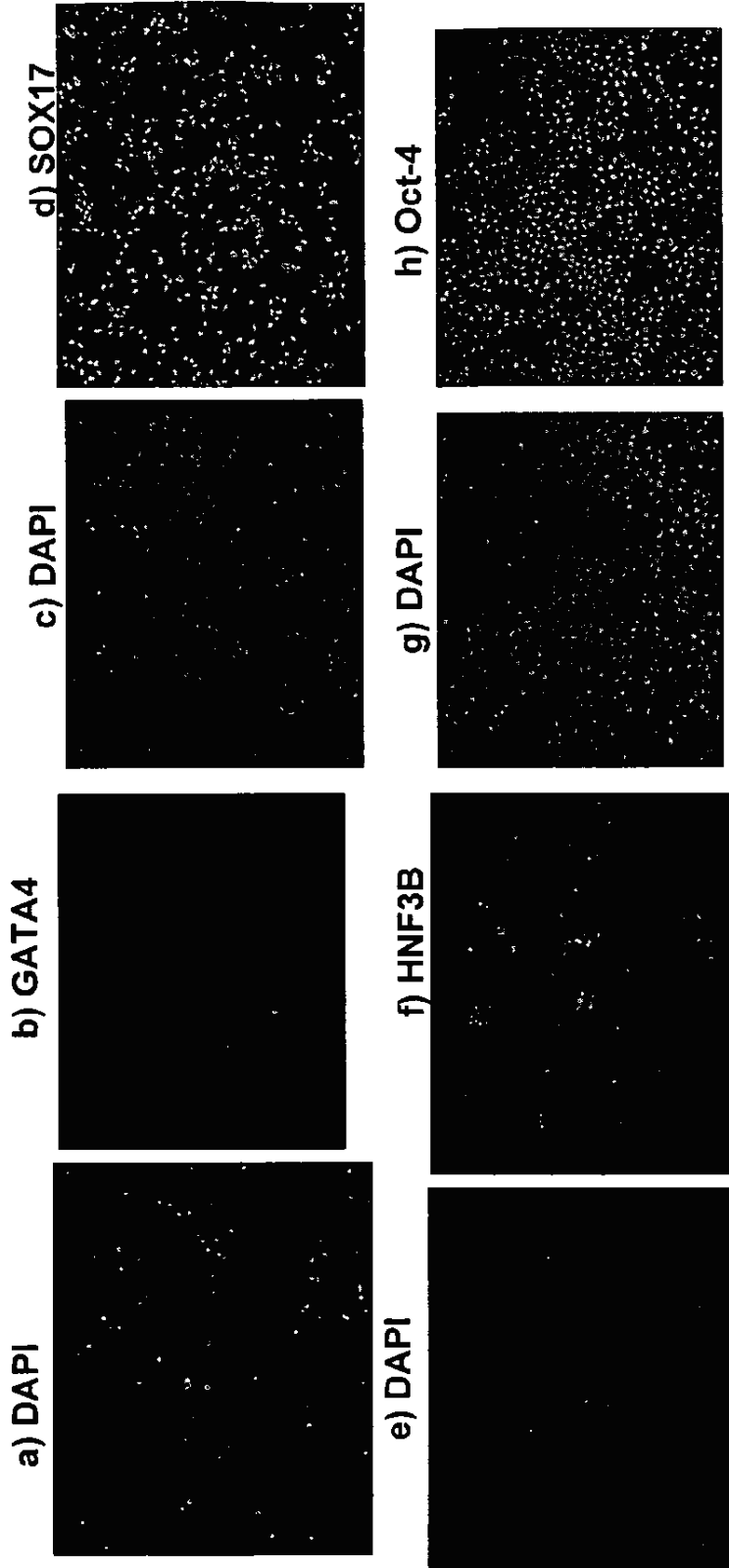
Figura 17



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

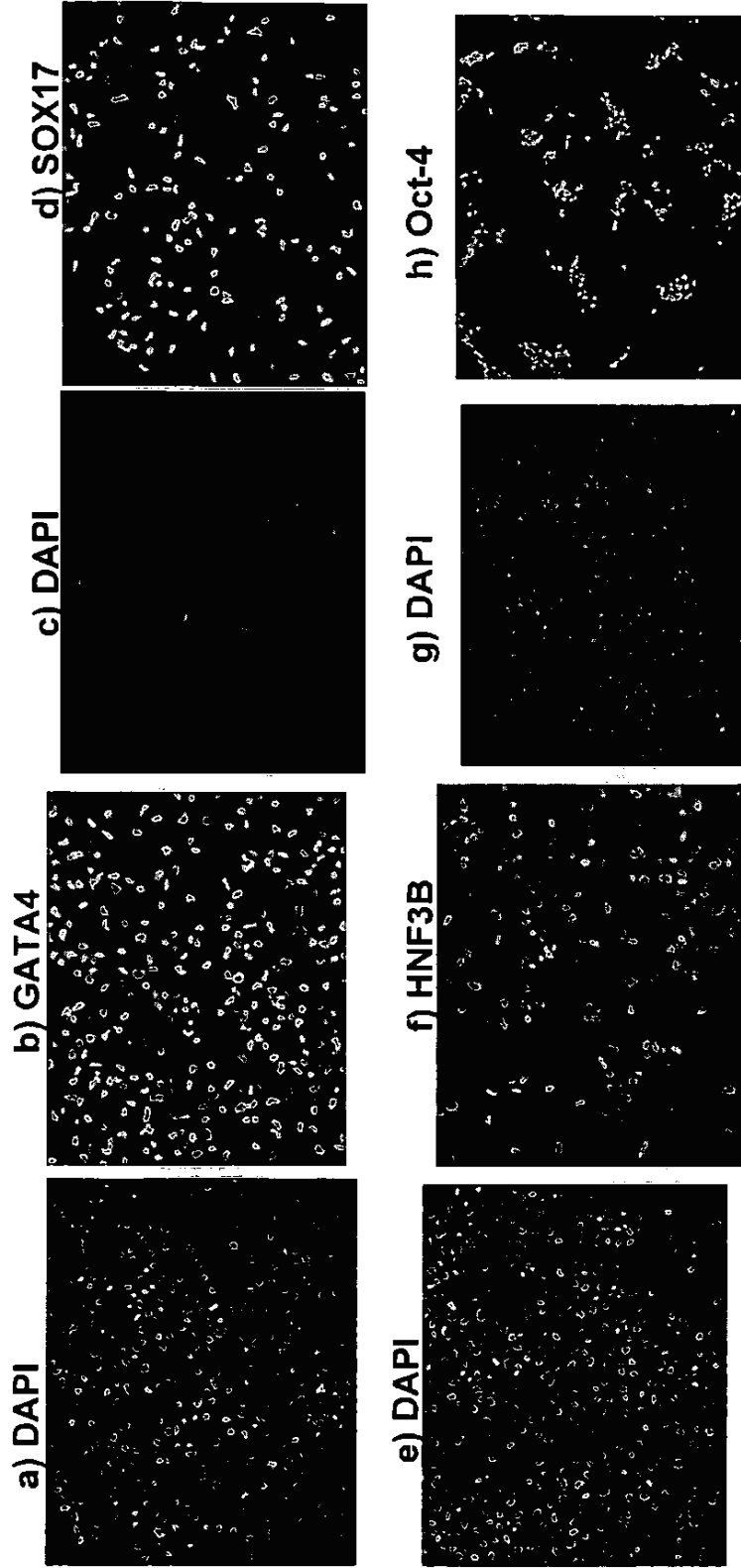
Alireza Rezania

Figura 18



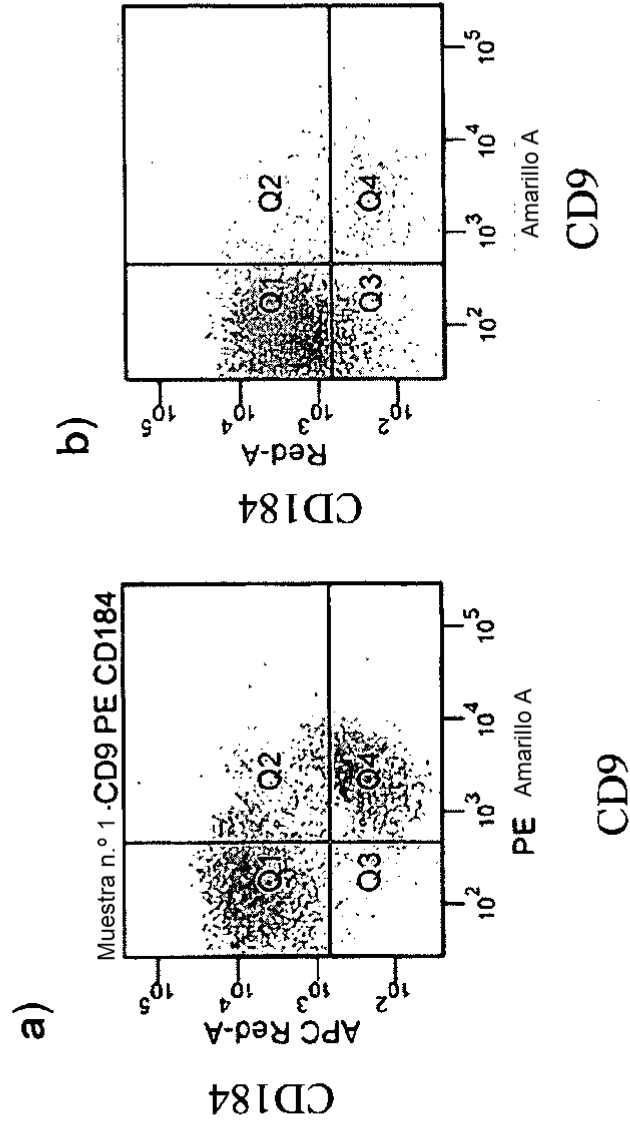
LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 19



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

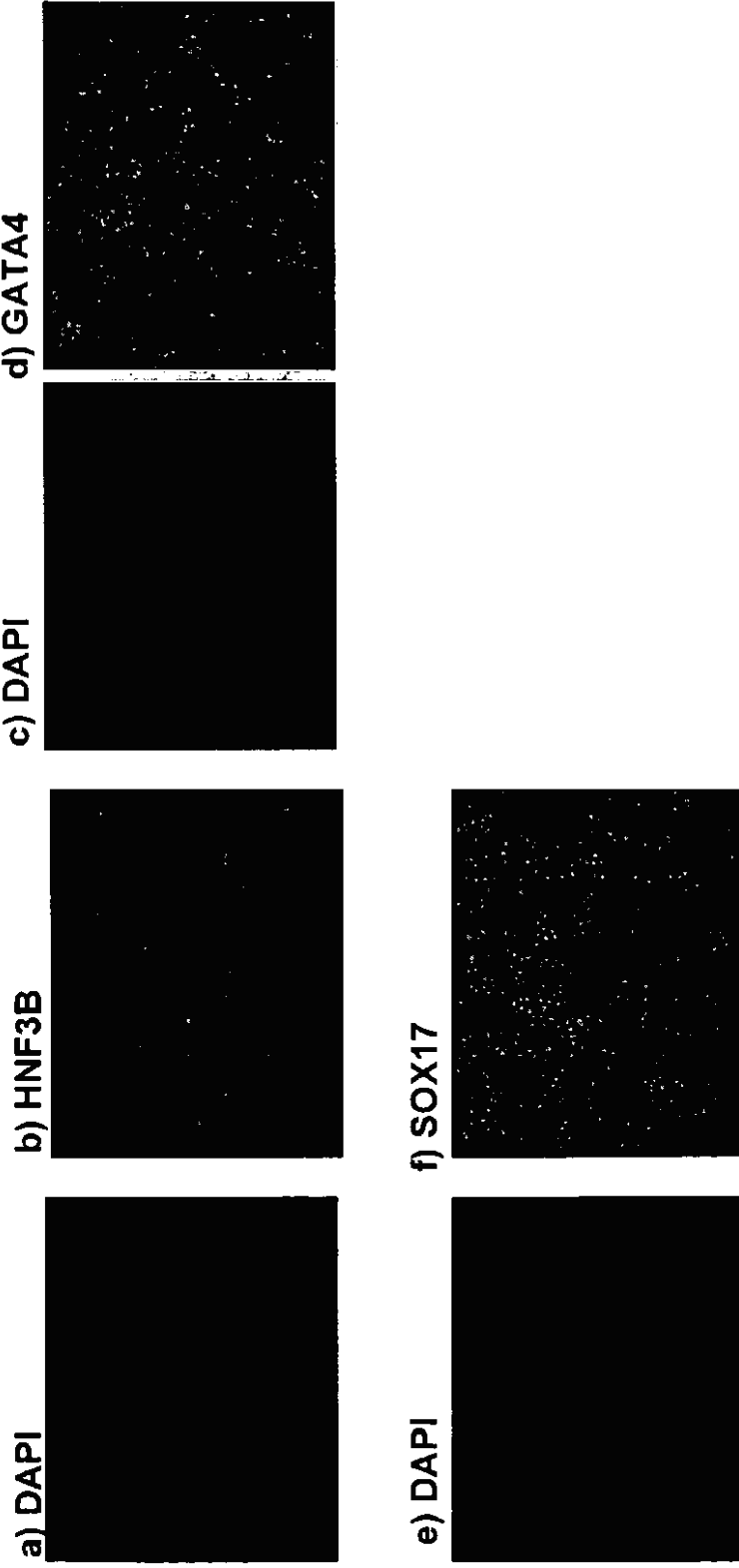
Figura 20



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezanian

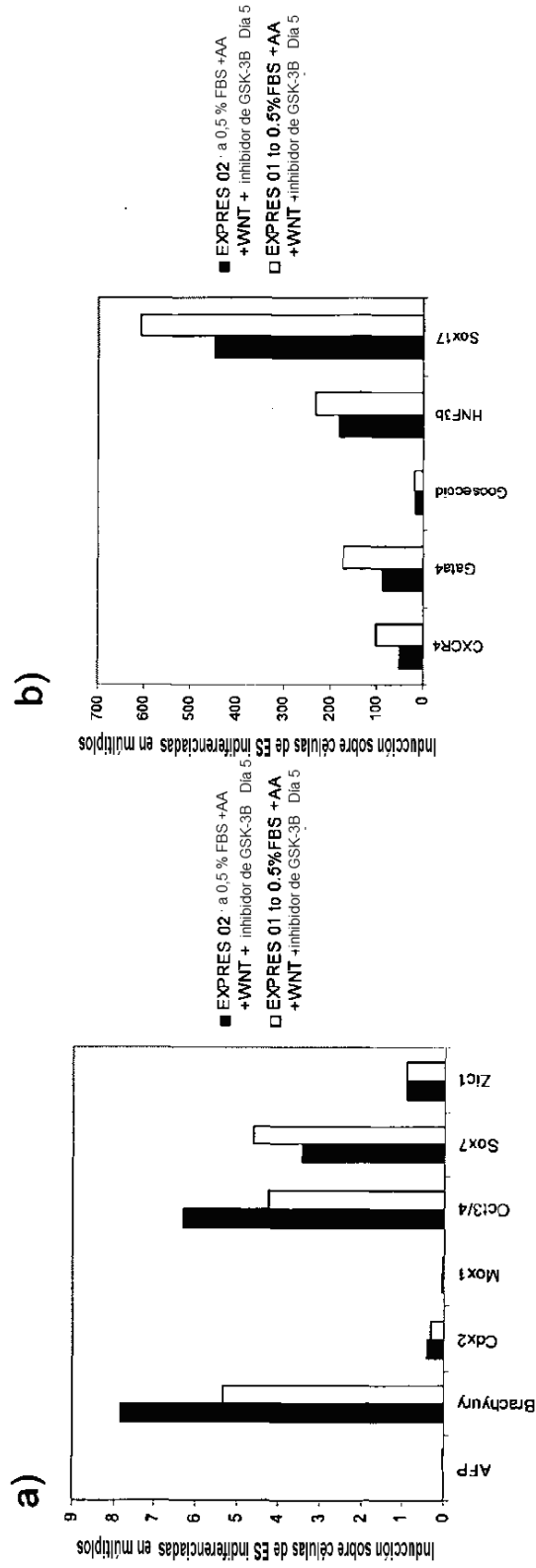
Figura 21



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

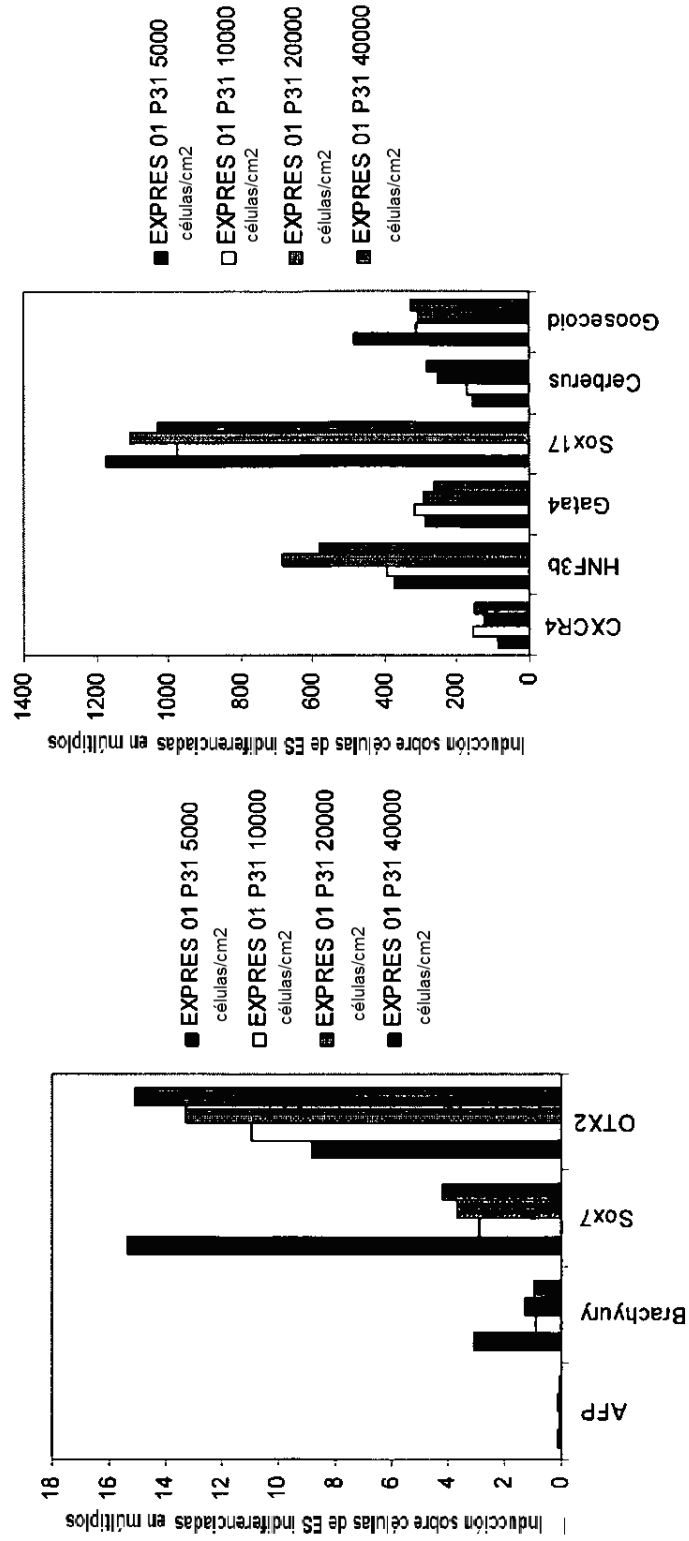
Alireza Rezania

Figura 22



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

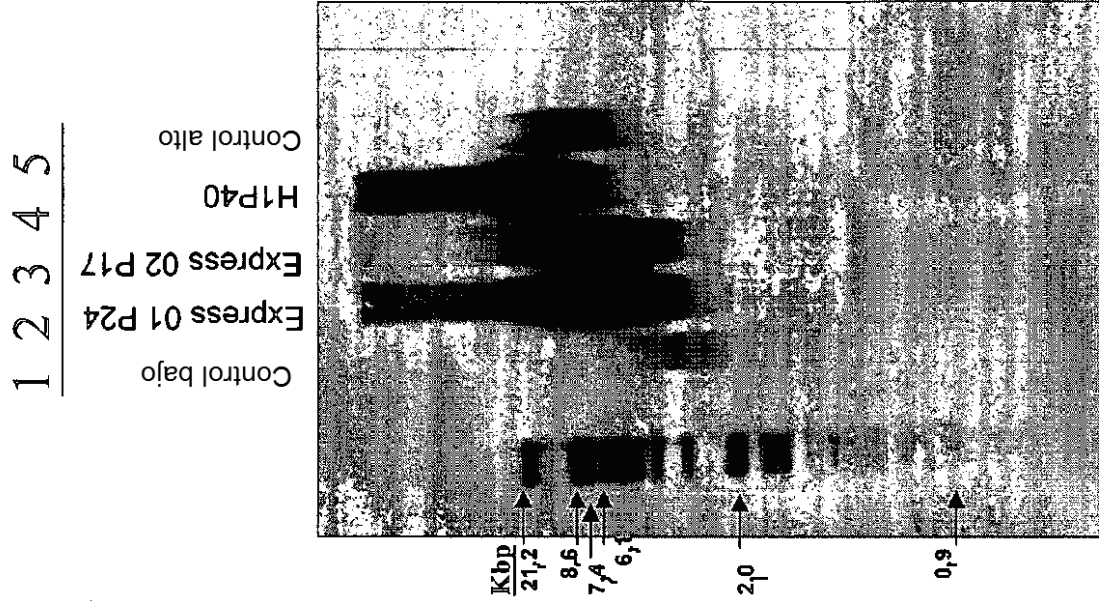
Figura 23



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

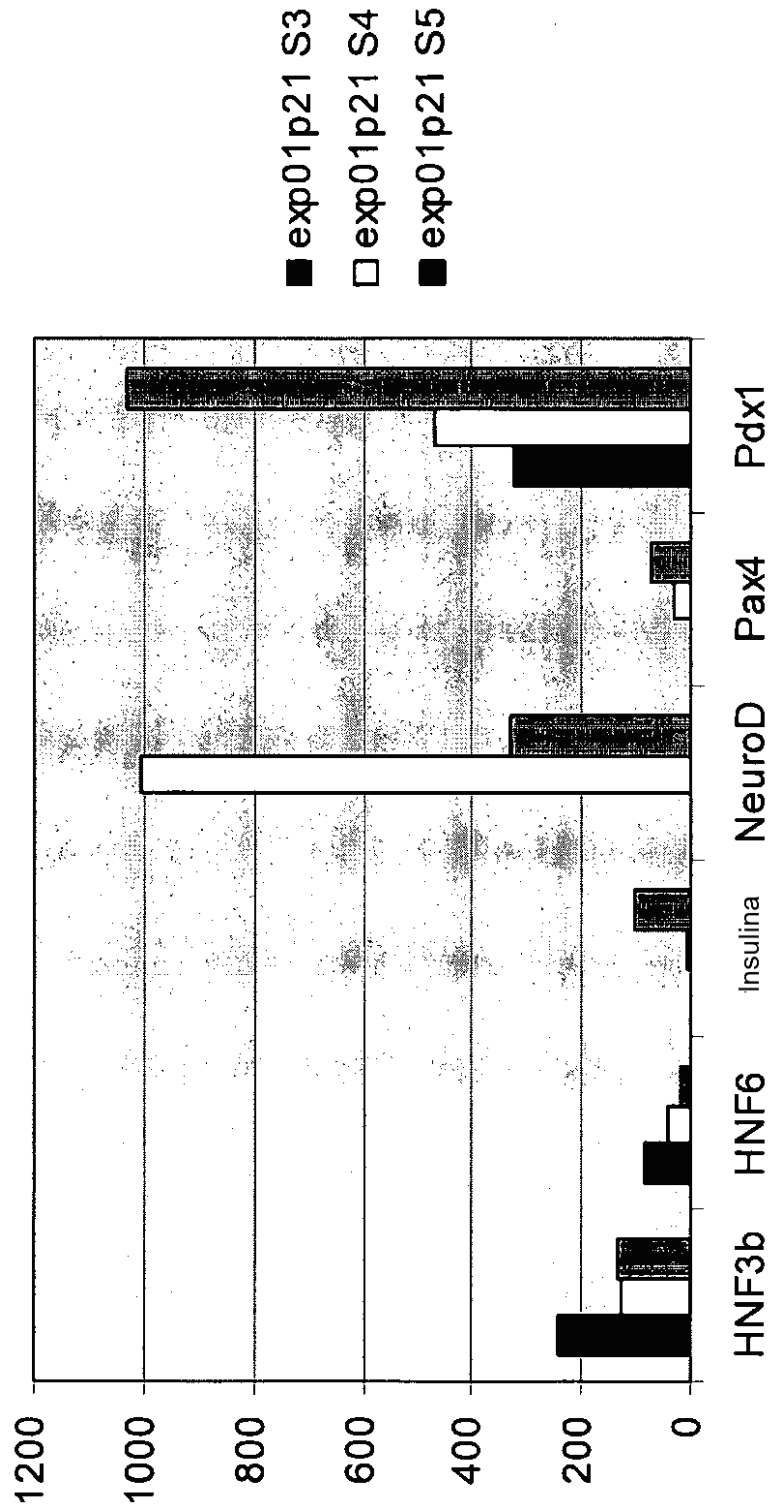
Alireza Rezania

Figura 24



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

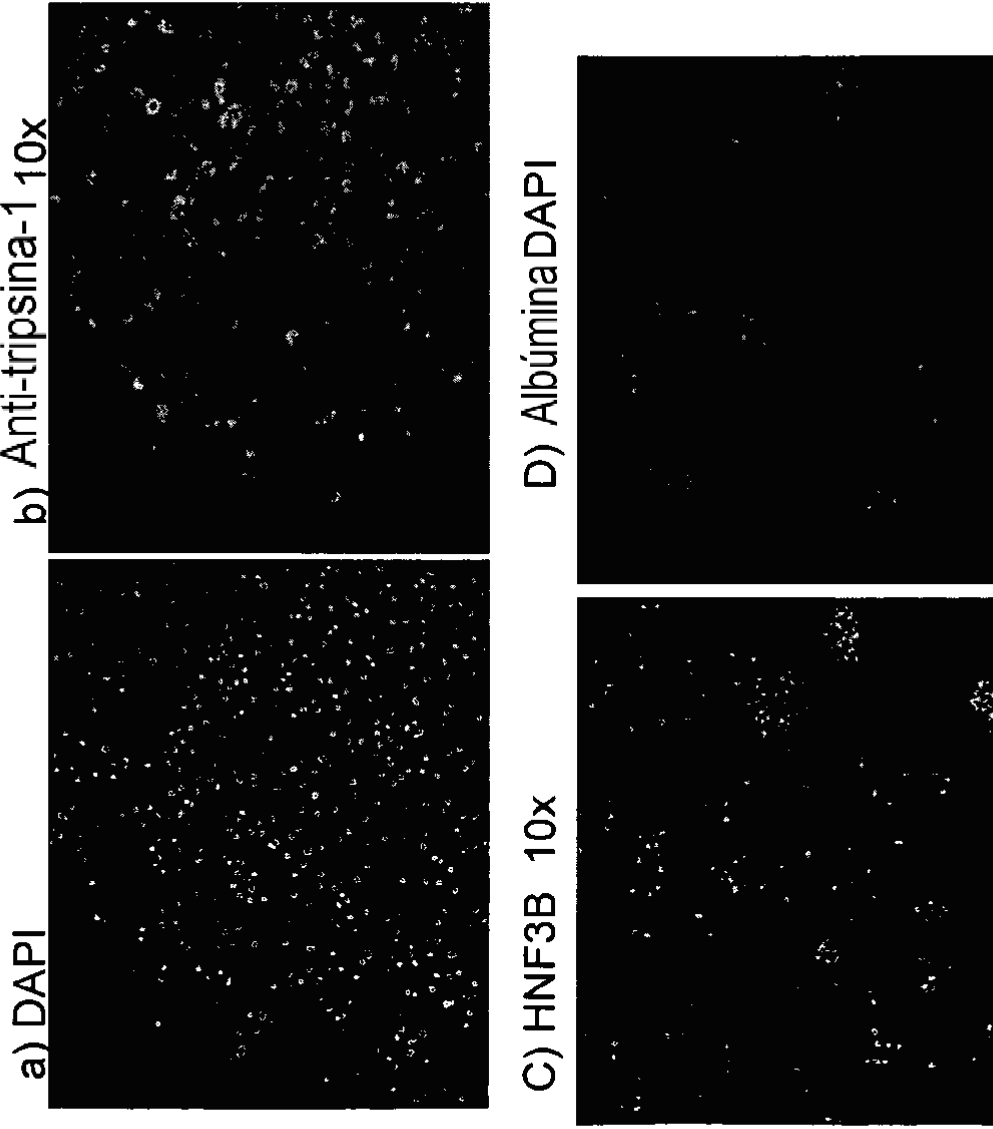
Figura 25



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

Figura 26



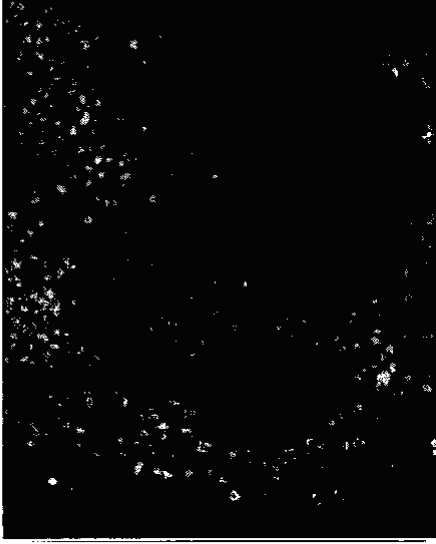
LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 26 continuación

e) DAPI



f) Pdx1 20x



g) DAPI

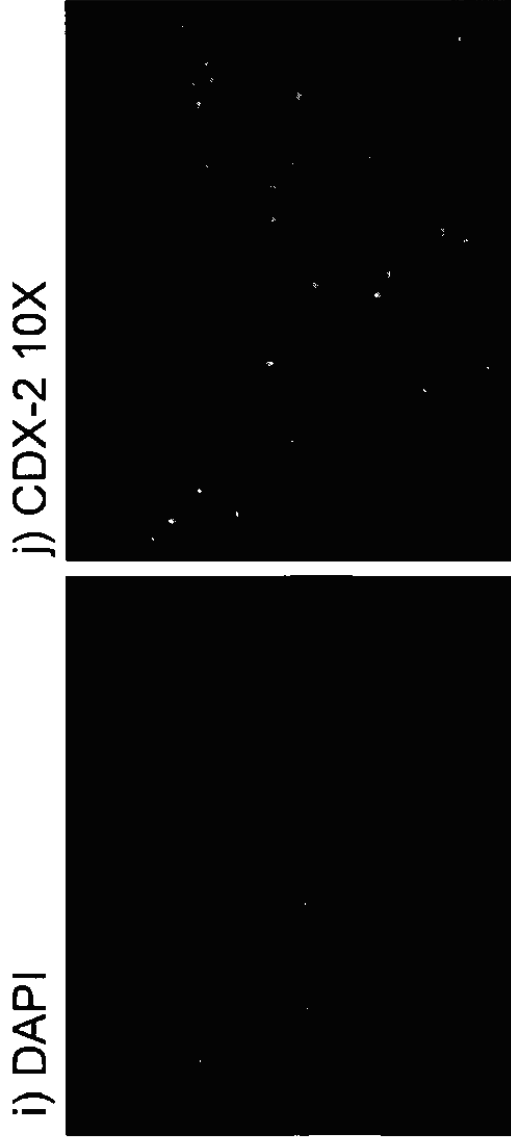


h) SOX17 10x



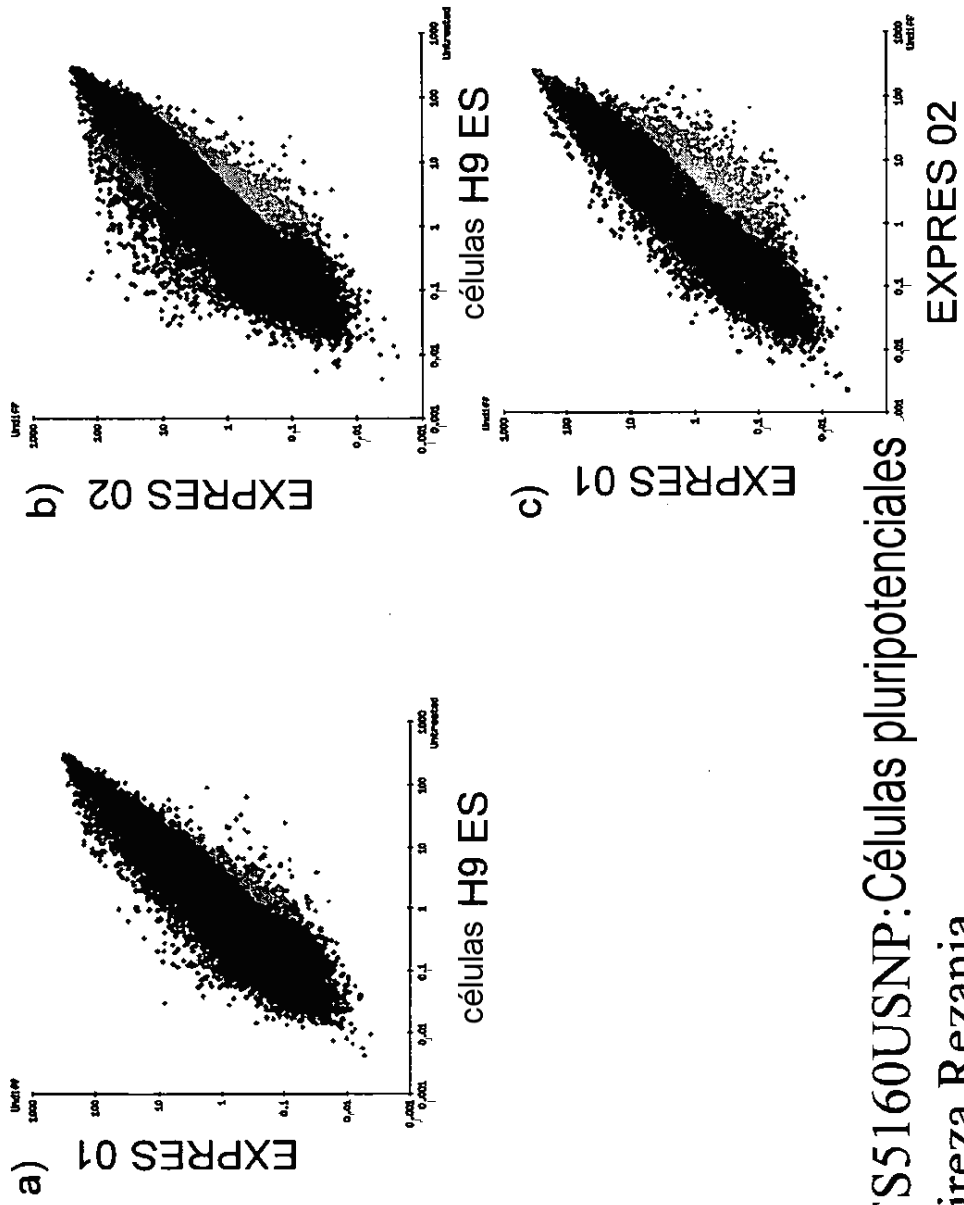
LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 26 continuación



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

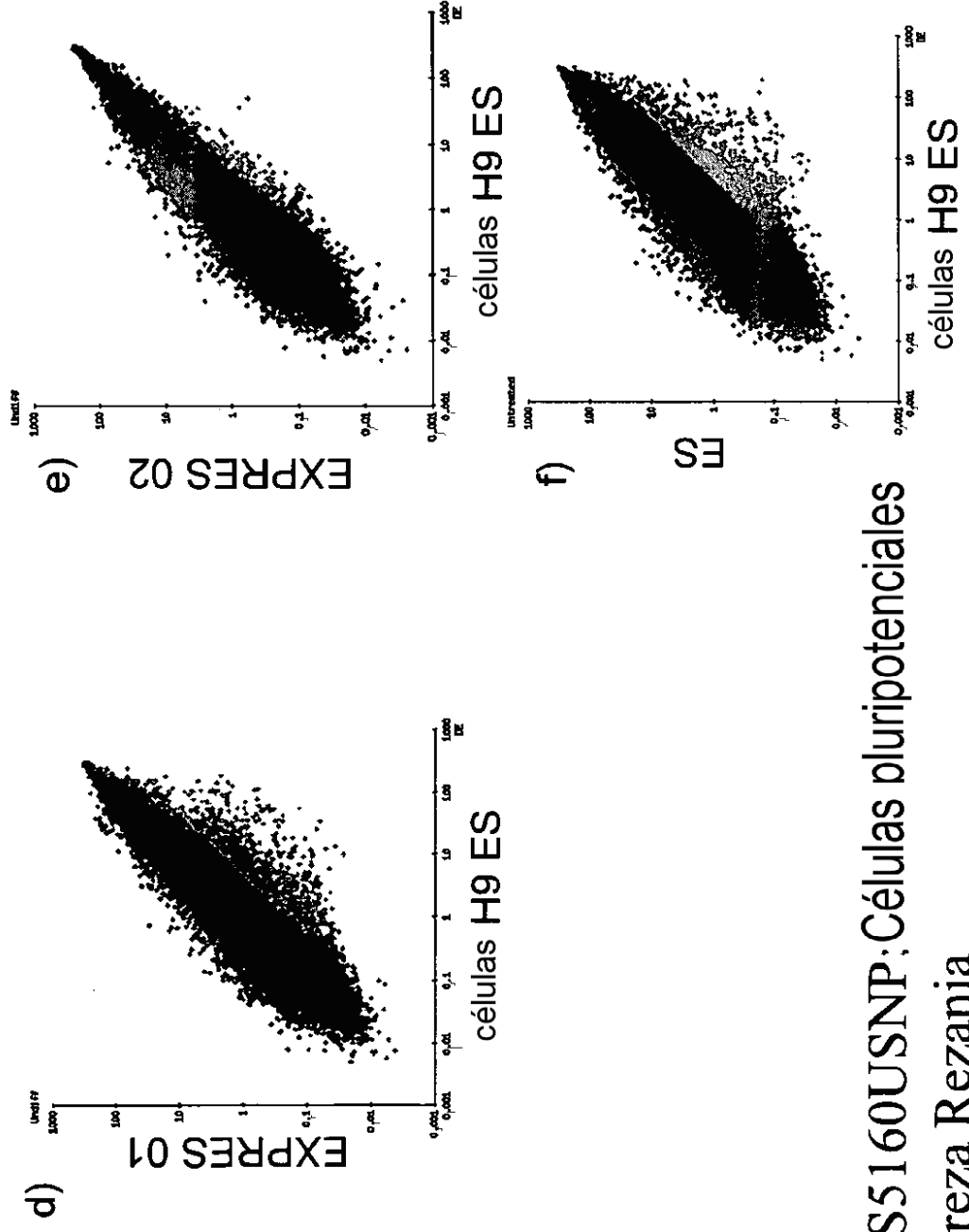
Figura 27



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

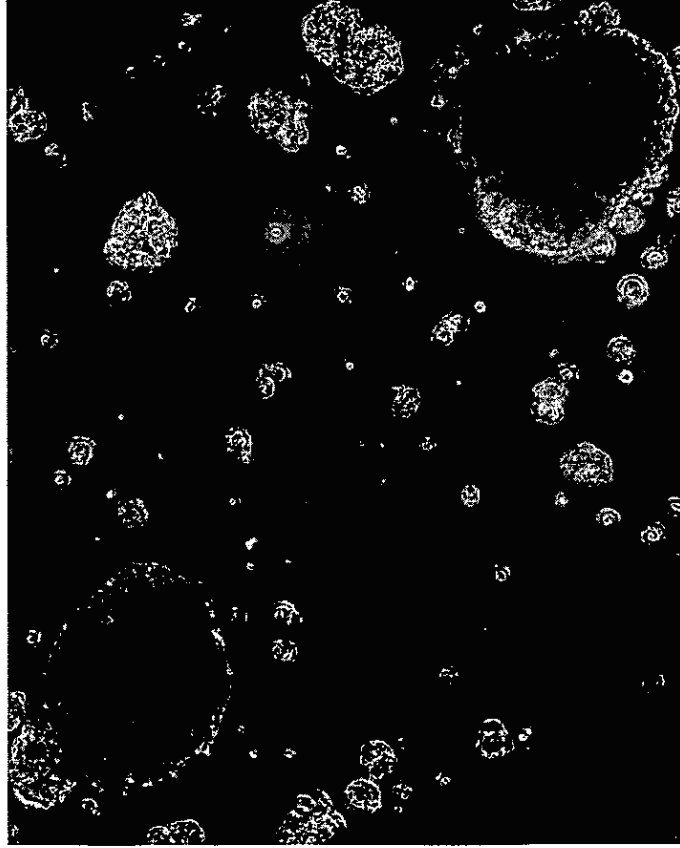
Alireza Rezania

Figura 27 continuación



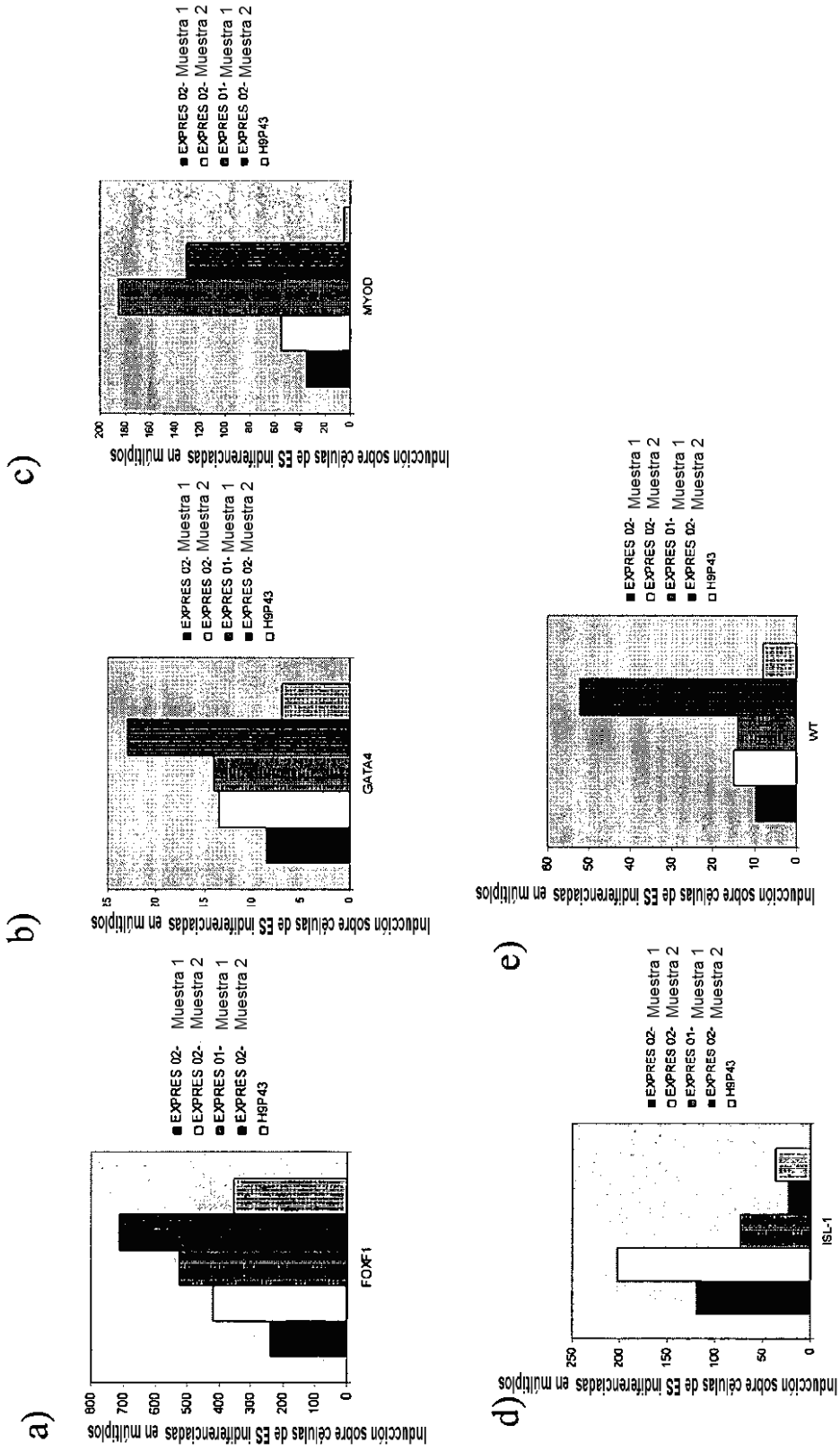
LFS5160USNP; Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 28



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

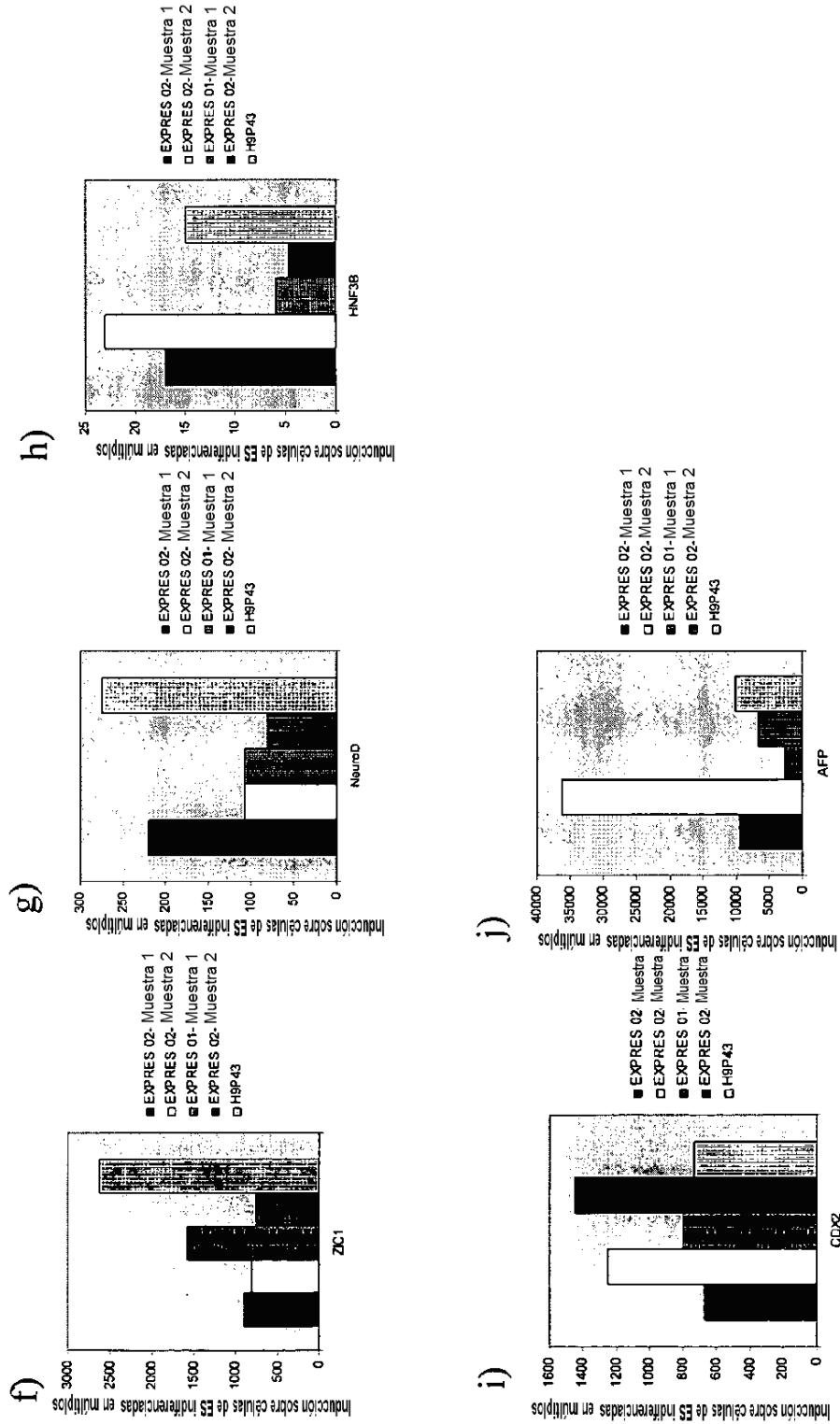
Figura 29



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

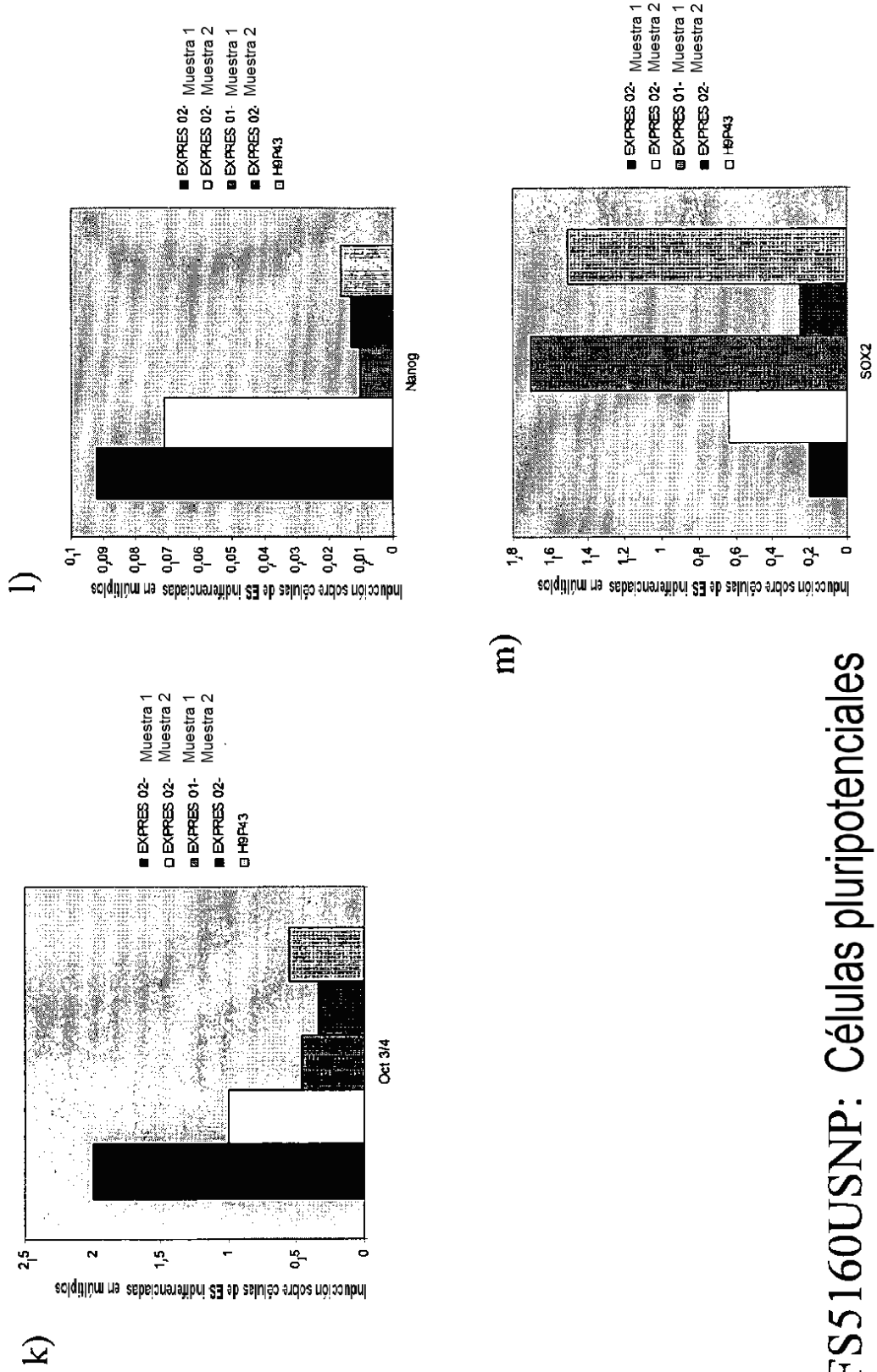
Figura 29 continuación



LFS5160USNP: Pluripotent Cells

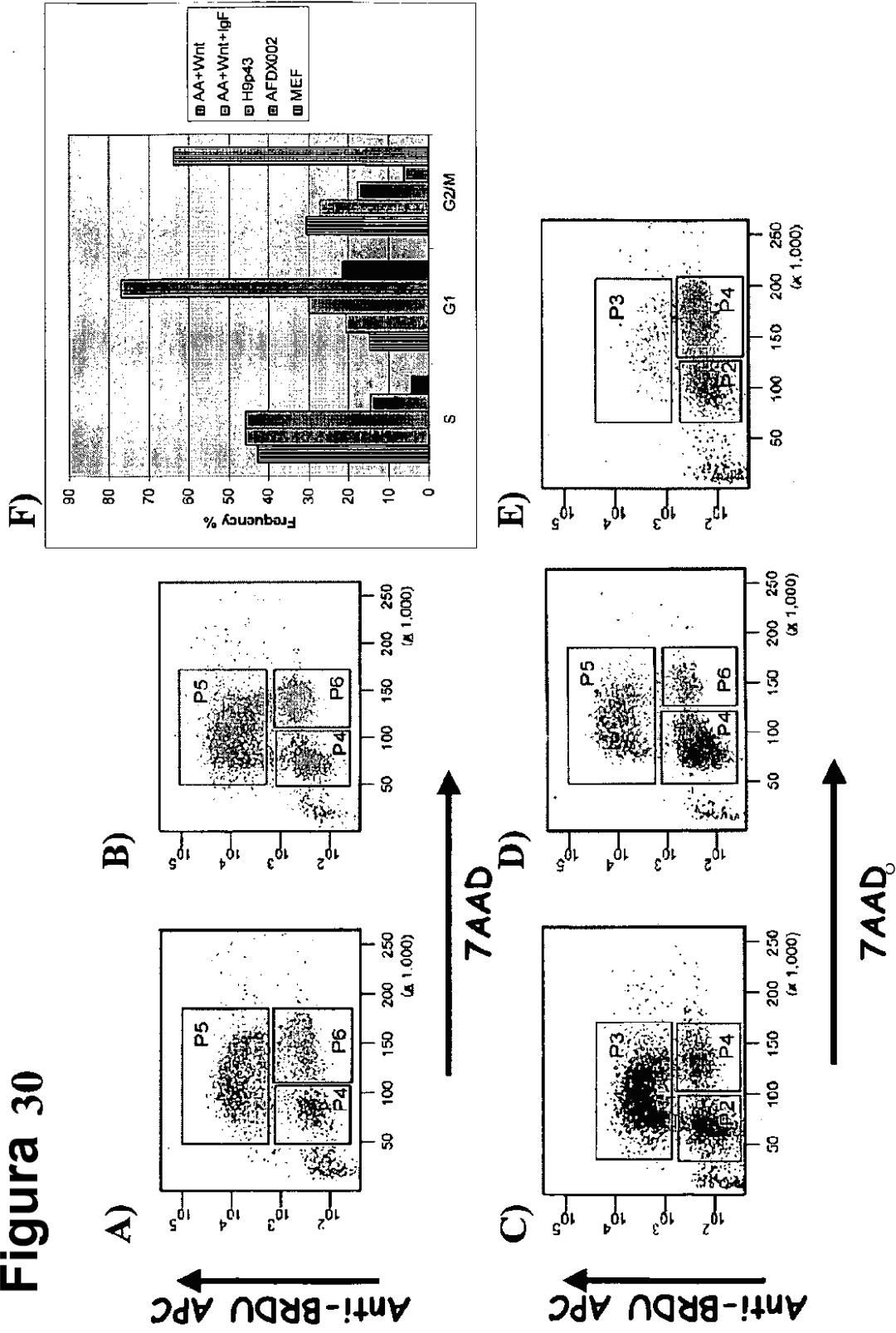
Alireza Rezania

Figura 29 continuación



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

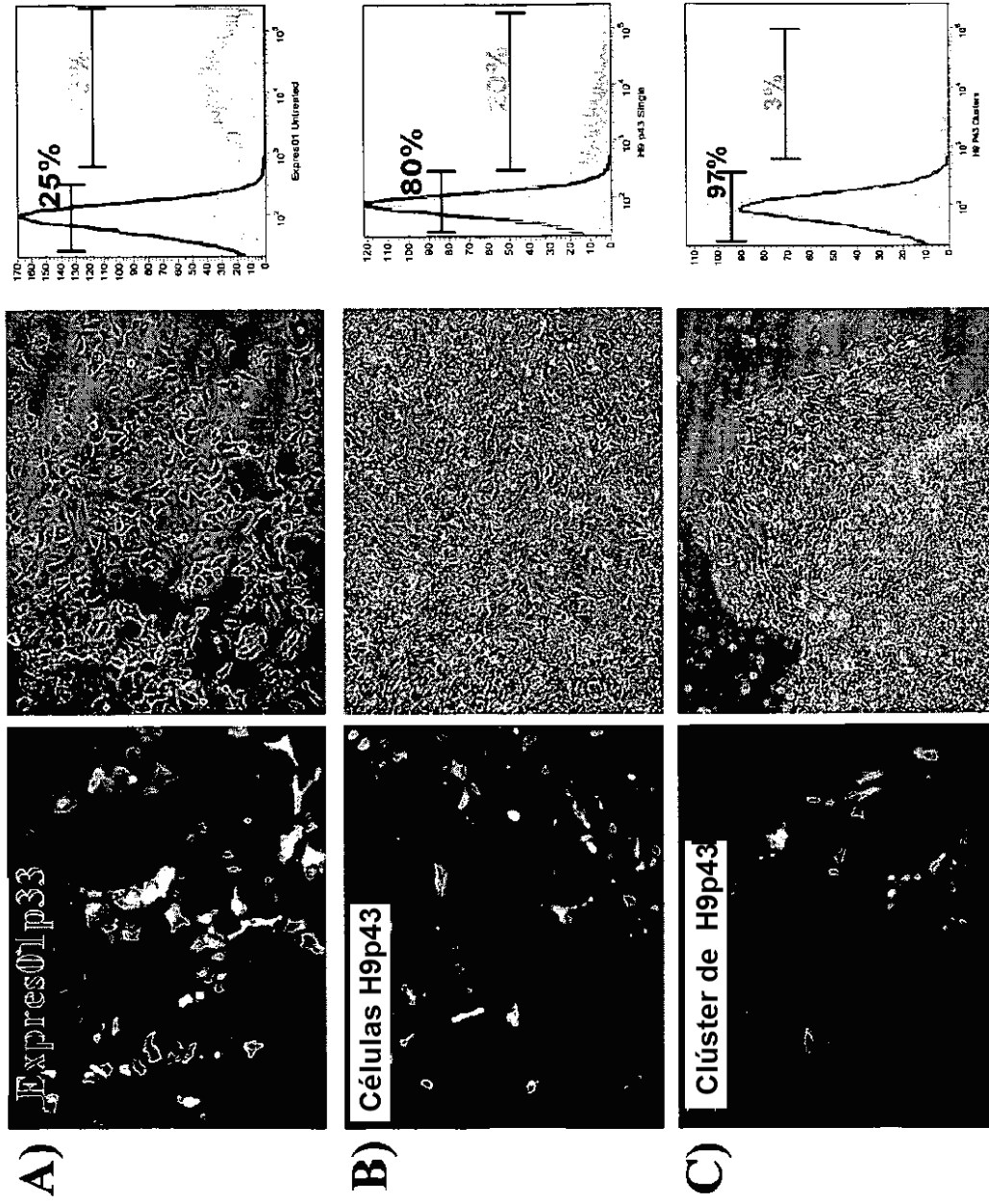
Figura 30



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

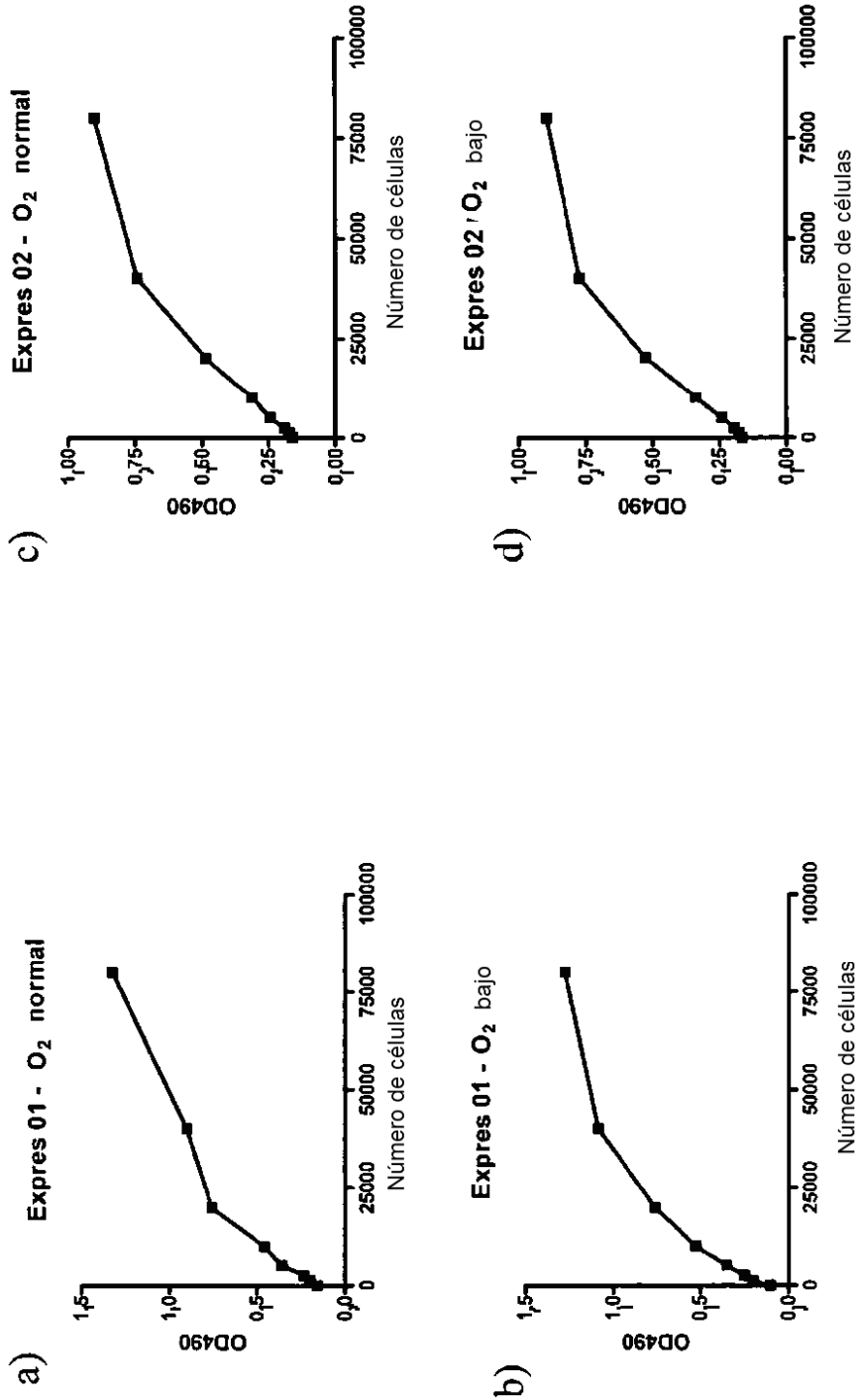
Figura 31



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania

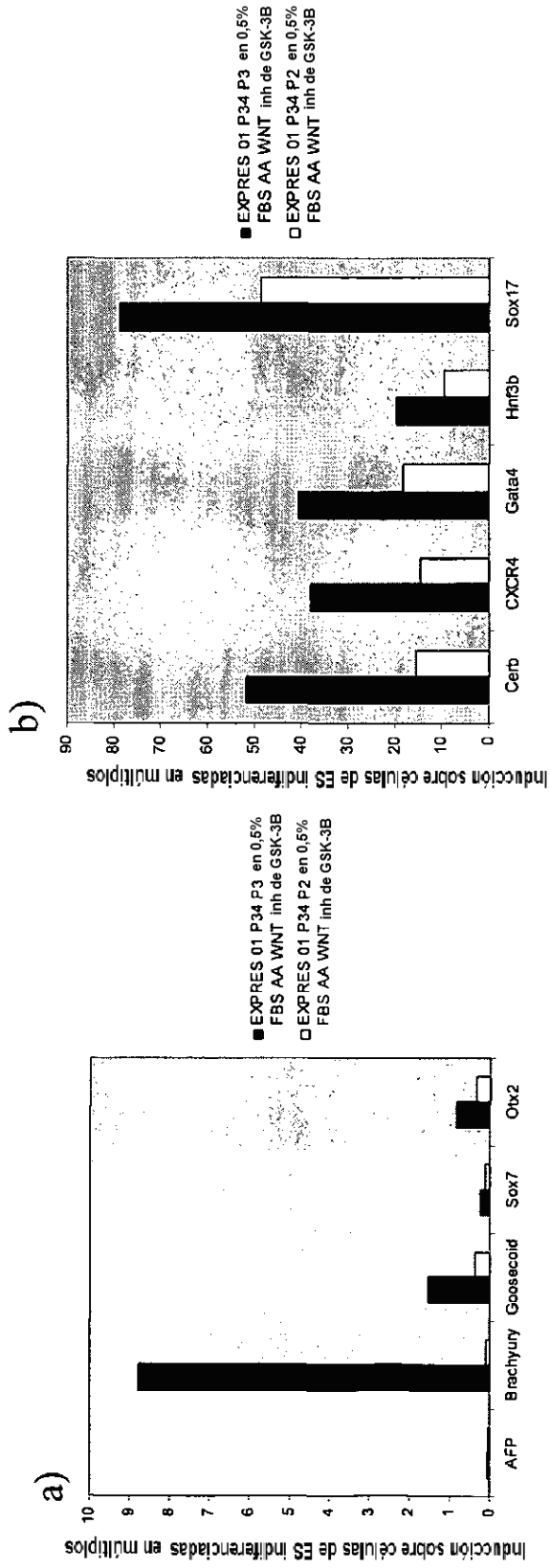
Figura 32



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

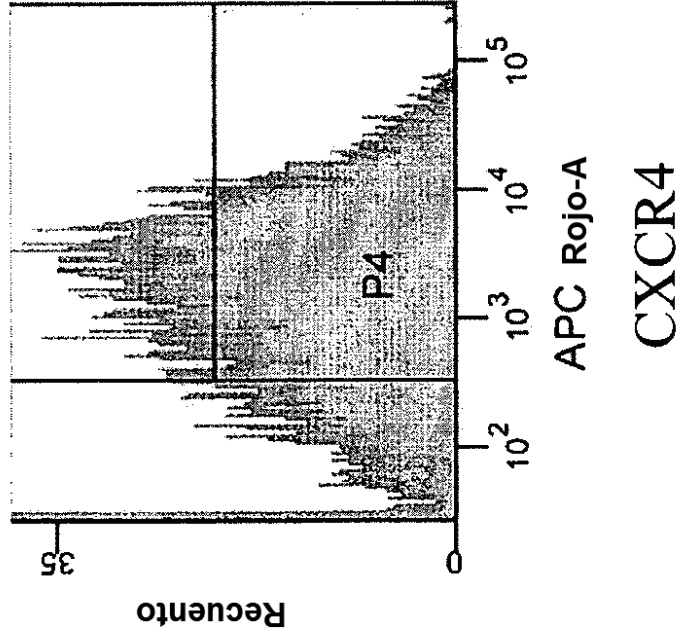
Alireza Rezania

Figura 33



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alreza Rezania

Figura 34



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

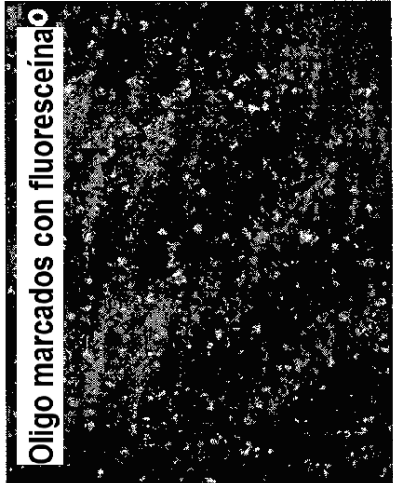
LF55160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 35

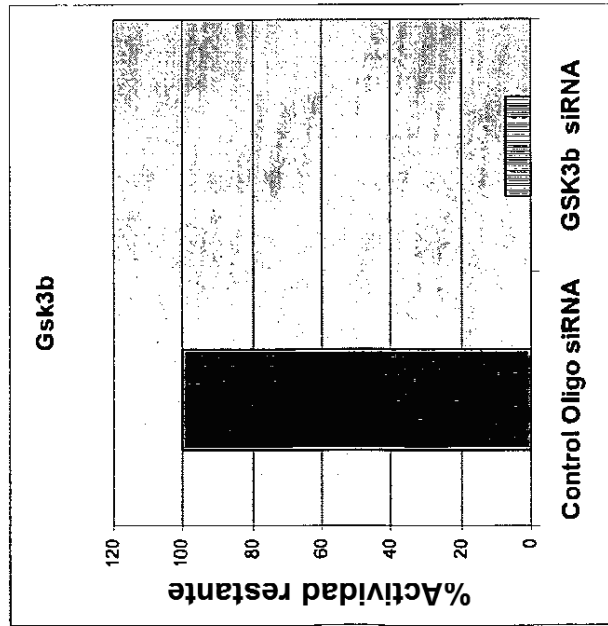
A) i)



ii)



B) i)



ii)

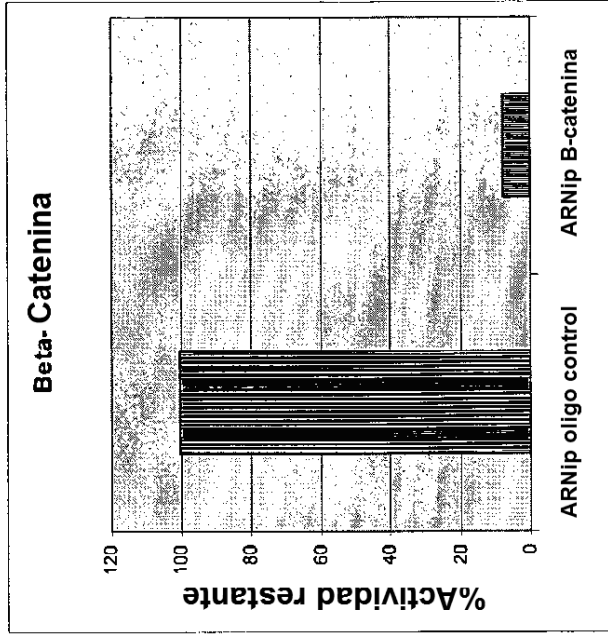
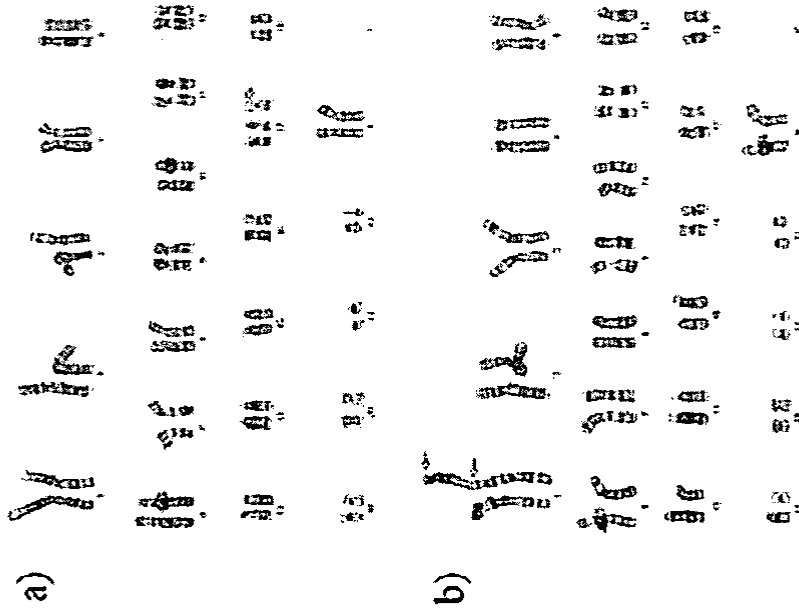
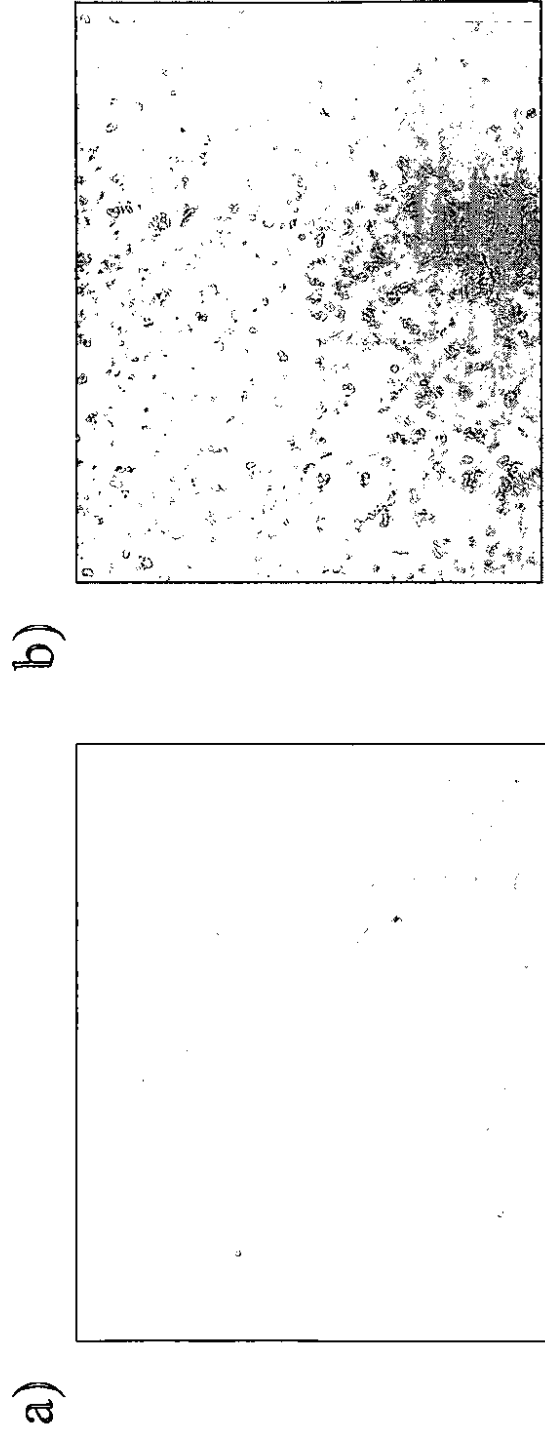


Figura 36



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 37



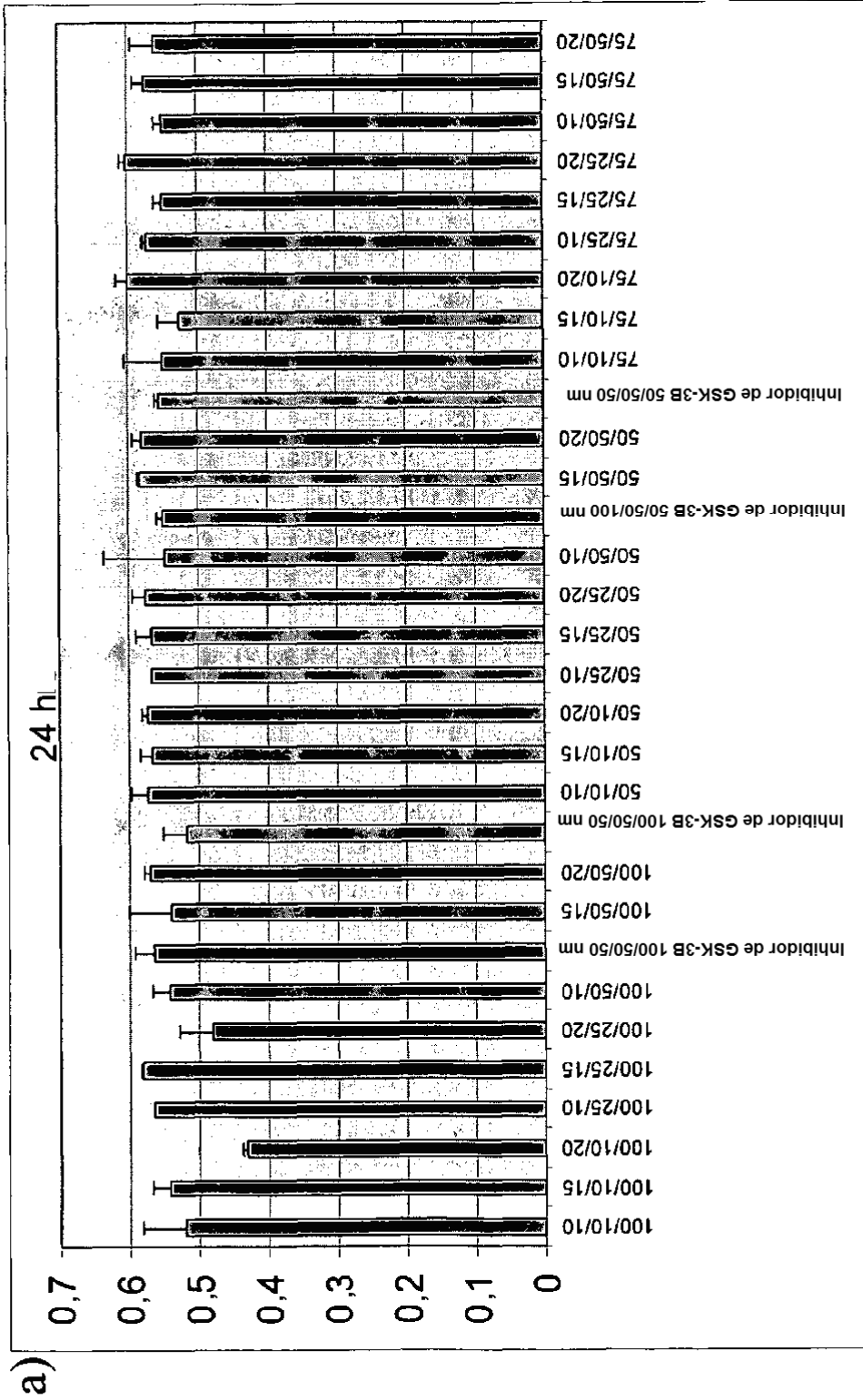
LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Aireza Rezanía

Figura 38



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

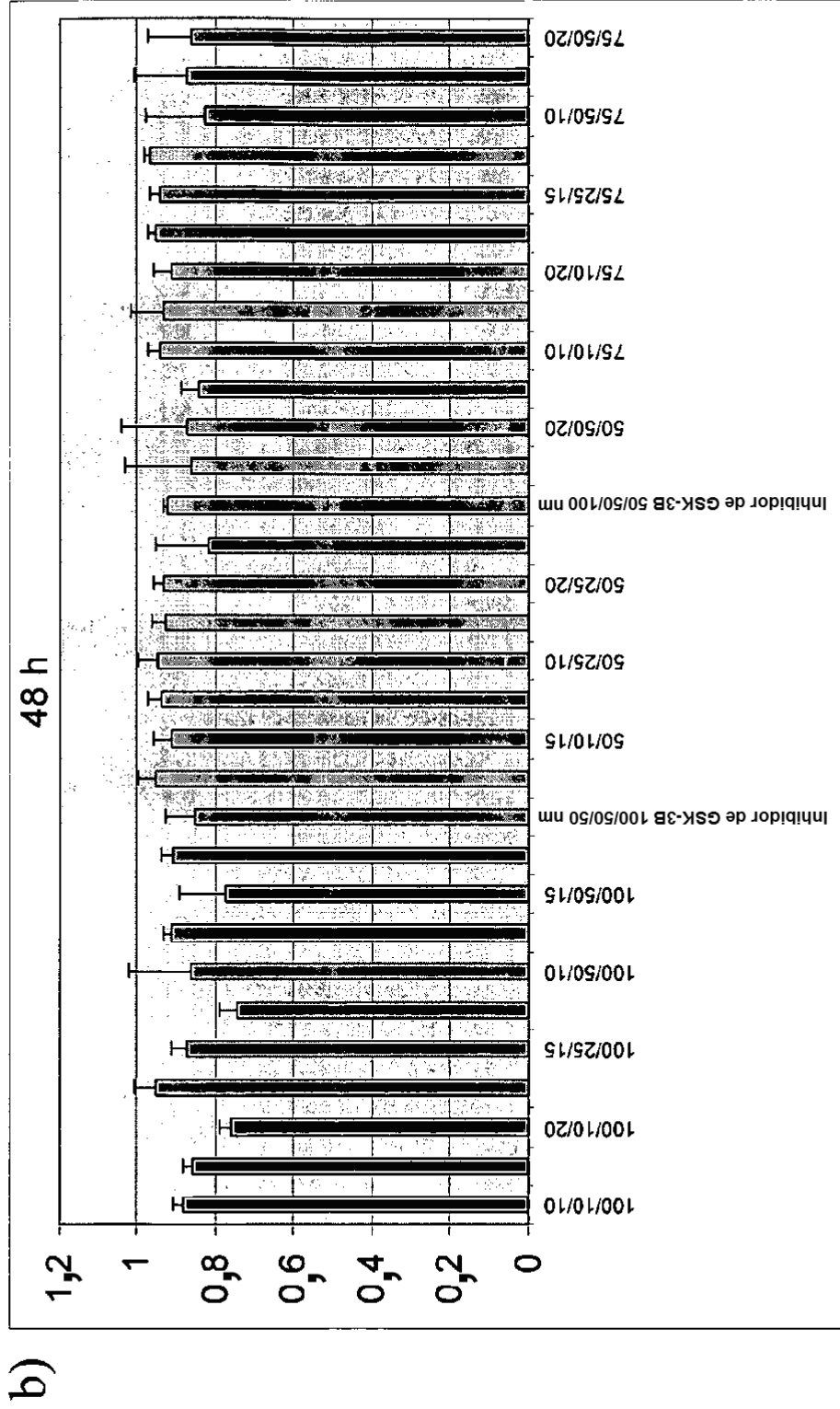
Figura 39



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

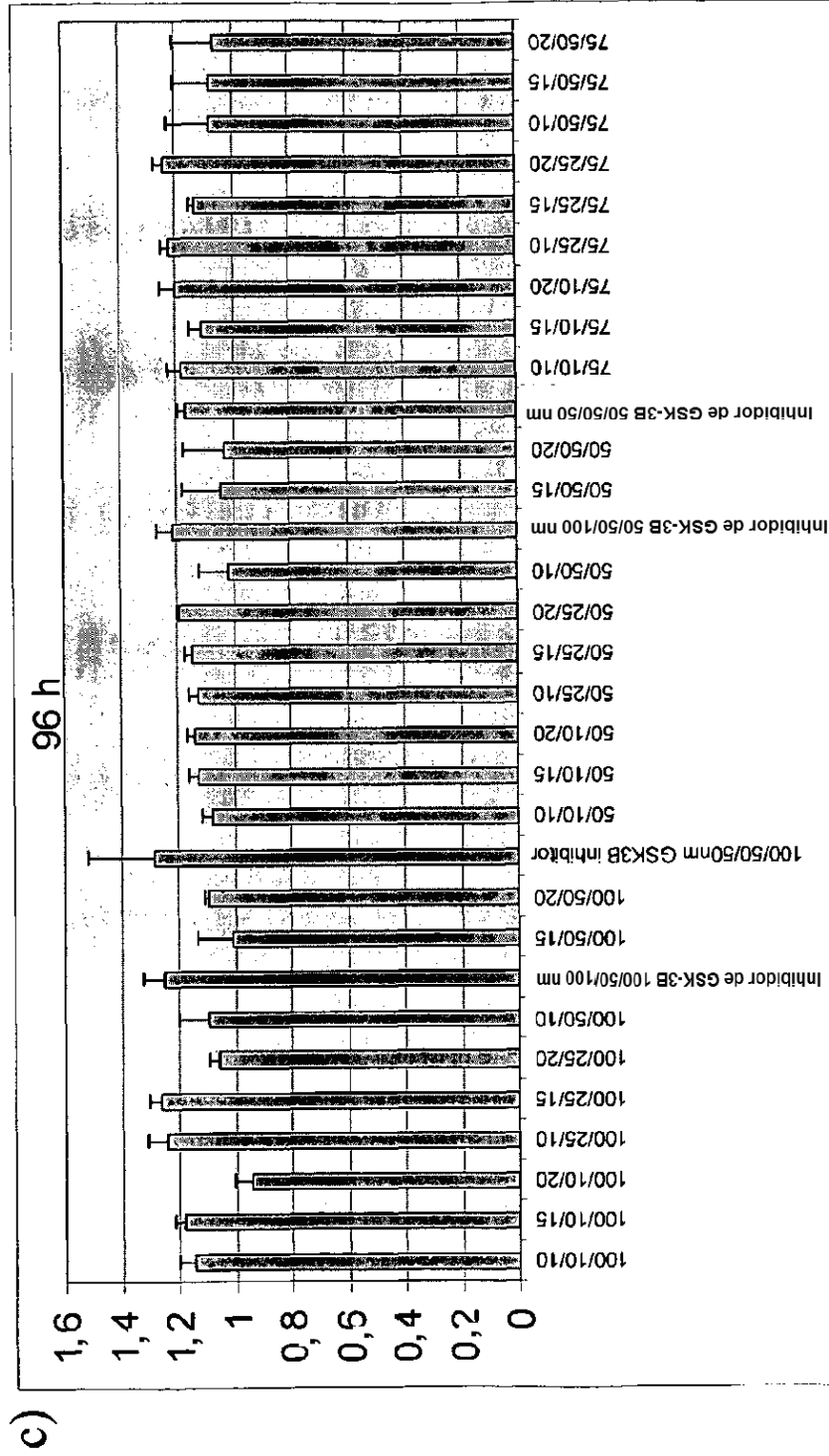
Alireza Rezania

Figura 39 continuación



LFS5160USNP: Células pluripotenciales
Alireza Rezania

Figura 39 continuación



LFS5160USNP: Células pluripotenciales

Alireza Rezania