

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 689 703**

51 Int. Cl.:

C12N 5/079 (2010.01)

G01N 33/50 (2006.01)

C12Q 1/37 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **12.03.2010 PCT/US2010/027242**

87 Fecha y número de publicación internacional: **16.09.2010 WO10105234**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **12.03.2010 E 10709359 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **09.05.2018 EP 2406371**

54 Título: **Células útiles para ensayos de actividad de serotipo A de toxina botulínica basados en la respuesta inmunológica**

30 Prioridad:

13.03.2009 US 160199 P

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

15.11.2018

73 Titular/es:

**ALLERGAN, INC. (100.0%)
2525 Dupont Drive
Irvine, CA 92612, US**

72 Inventor/es:

**JACKY, BIRGITTE, P.S.;
WANG, JOANNE;
ZHU, HONG;
HODGES, D., DIANNE y
FERNANDEZ-SALAS, ESTER**

74 Agente/Representante:

FÚSTER OLAGUIBEL, Gustavo Nicolás

ES 2 689 703 T3

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

DESCRIPCIÓN

Células útiles para ensayos de actividad de serotipo A de toxina botulínica basados en la respuesta inmunológica

- 5 La presente patente reivindica prioridad conforme a 35 U.S.C. § 119(e) respecto de la solicitud provisional de patente de EE. UU. N.º de serie 61/160.199, presentada el 13 de marzo de 2009.

Las secuencias descritas en la presente memoria descriptiva están contenidas en el Listado de secuencias presentado con la presente memoria descriptiva que se incorpora a la presente por referencia en su totalidad.

10

- La capacidad de las toxinas clostridiales, tales como, p. ej., neurotoxinas botulínicas (BoNT), BoNT/A, BoNT/B, BoNT/C1, BoNT/D, BoNT/E, BoNT/F y BoNT/G, neurotoxina tetánica (TeNT), para inhibir transmisión neuronal actualmente se aprovecha en una gran variedad de aplicaciones terapéuticas y cosméticas, véase p. ej., William J. Lipham, *Cosmetic and Clinical Applications of Botulinum Toxin* (Slack, Inc., 2004). Las toxinas clostridiales disponibles en el mercado como composiciones farmacéuticas incluyen, preparaciones de BoNT/A, tales como, p. ej., BOTOX® (Allergan, Inc., Irvine, CA), DYSPORT®/RELOXIN®, (Ipsen Ltd., Slough, Inglaterra), PURTOX® (Mentor Corp., Santa Barbara, CA), XEOMIN® (Merz Pharmaceuticals, GmbH., Frankfurt, Alemania), NEURONOX® (Medy-Tox, Inc., Ochang-myeon, Corea del Sur), BTX-A (Biogen-tech Ltd., University, Yantai, Shandong, China); y preparaciones de BoNT/B, tales como, p. ej., MYOBLOC®/NEUROBLOC® (Solstice Neurosciences, Inc., South San Francisco, CA). A modo de ejemplo, BOTOX® está actualmente aprobado en uno o más países para las siguientes afecciones: acalasia, espasticidad en adultos, fisura anal, dolor de espalda, blefaroespasma, bruxismo, distonía cervical, temblor esencial, arrugas glabellares o líneas de expresión hiperquinéticas, jaqueca, espasmo hemifacial, vejiga hiperactiva, hiperhidrosis, parálisis cerebral juvenil, esclerosis múltiple, trastornos mioclónicos, surcos nasolabiales, disfonía espasmódica, estrabismo y trastorno del nervio facial.

25

- En la actualidad, el bioensayo de DL₅₀ en ratones, una prueba de mortalidad, sigue siendo la prueba «por excelencia» utilizada por todos los fabricantes farmacéuticos para expresar la potencia de sus preparaciones. S. S. Arnon y col., *JAMA* 285: 1059-1070 (2001). En realidad, las unidades en las etiquetas de las preparaciones farmacéuticas son unidades de DL₅₀ en ratones y la cantidad de animales necesarios para producir datos de DL₅₀ útiles para fines estadísticos es elevada. La ventaja del bioensayo de DL₅₀ en ratones es que mide todas las etapas necesarias para captación de toxina botulínica (p. ej., toxina que se une a un receptor de superficie celular, internalización del complejo toxina-receptor, translocación de cadena ligera en el citoplasma, escisión de cadena ligera de sustrato), en vez de simplemente determinar la actividad para solo parte de este proceso de intoxicación, tal como, p. ej., ensayos *in vitro* que solo miden la actividad enzimática de cadena ligera. Desafortunadamente, el bioensayo de DL₅₀ en ratones presenta numerosas desventajas que incluyen un alto coste operativo debido a las grandes cantidades de animales de laboratorio necesarias, falta de especificidad puesto que todos los serotipos de BoNT producirán el mismo punto final medible, y potencial inexactitud a menos que se utilicen grandes grupos de animales. Asimismo, los grupos defensores de los derechos de los animales han presionado a los organismos reguladores de los Estados Unidos (FDA/NICEATM/ICCVAM) y Europa (MHRA y EDQM), y a las empresas farmacéuticas que fabrican productos de neurotoxina botulínica para reducir las pruebas en los animales y, sobre todo, reemplazar el bioensayo de DL₅₀ para el lanzamiento del producto. Los organismos reguladores están intentando que las empresas farmacéuticas apliquen el principio de las tres R a las pruebas de potencia de las neurotoxinas botulínicas: Reducir, Refinar, Reemplazar. D. Straughan, *Progress in Applying the Three Rs to the Potency Testing of Botulinum Toxin Type A*, *Altern. Lab. Anim.* 34(3): 305-313 (2006). En los últimos años, se han adoptado distintas medidas para reducir y refinar el bioensayo de DL₅₀ en ratones para estandarizar el protocolo y producir datos más coherentes utilizando menos animales por ensayo.

- Por lo tanto, un ensayo de actividad de la toxina botulínica sencillo, fiable, validado y aceptable por los organismos gubernamentales que pueda evaluar la integridad de todas las etapas necesarias en la captación de la toxina botulínica sería de gran valor puesto que dicho ensayo no basado en animales evitaría la necesidad de realizar pruebas en animales y todas las desventajas, costes y preocupaciones éticas asociadas a este tipo de ensayo basado en animales. La solicitud de patente complementaria Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A Activity Assays*, solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531 proporciona composiciones, células y procedimientos novedosos para evaluar la actividad de una BoNT/A útil para diversas industrias, tales como, p. ej., las industrias farmacéutica y alimenticia. Dichas composiciones, células y procedimientos no utilizan animales o tejidos vivos extraídos de animales vivos, pero pueden evaluar todas las etapas necesarias para la acción neurotóxica, a saber, unión y captación celular de toxina, translocación dentro del citosol celular, y actividad de proteasa. Sabine Pellett y col. (581(25) *FEBS Letters*, 4803-4808 (2007)) describen un ensayo sensible para determinar sensibilidad a BoNT/A utilizando células primarias de médula espinal de rata.

60

Uno de los componentes necesarios para los procedimientos descritos en la solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531 es el uso de células de determinada línea celular que son susceptibles a bajos niveles de intoxicación con BoNT/A puesto que la cantidad de BoNT/A contenida en una composición farmacéutica disponible en el mercado es muy baja. Por ejemplo, la composición farmacéutica comercializada como BOTOX® contiene aproximadamente 4-5 ng de un complejo de BoNT/A. Por lo tanto, existe una necesidad de identificar y crear líneas celulares establecidas que comprenden células que sean susceptibles a intoxicación con BoNT/A cuando la muestra contenga únicamente niveles muy bajos de la neurotoxina. La presente memoria descriptiva proporciona células y composiciones de células novedosas que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A cuando únicamente hay cantidades muy pequeñas de BoNT/A presentes y, por lo tanto, permiten analizar la composición farmacéutica que comprende BoNT/A disponible en el mercado.

Breve descripción de los dibujos

La Fig. 1 muestra un esquema de un paradigma actual de liberación de neurotransmisores e intoxicación con toxina clostridial en una neurona central y periférica. La Fig. 1A muestra un esquema de un mecanismo de liberación de neurotransmisores de una neurona central y periférica. El proceso de liberación se puede describir integrado por dos etapas: 1) acoplamiento de vesículas, donde la proteína SNARE unida a la vesícula de una vesícula que contiene moléculas neurotransmisoras se asocia a las proteínas SNARE unidas a la membrana ubicadas en la membrana plasmática; y 2) liberación de neurotransmisores, donde la vesícula se fusiona con la membrana plasmática y se produce exocitosis de las moléculas neurotransmisoras. La Fig. 1B muestra un esquema del mecanismo de intoxicación para tétanos y actividad de toxina botulínica en una neurona central y periférica. Este proceso de intoxicación se puede describir integrado por cuatro etapas: 1) unión a receptores, donde la toxina clostridial se une a un complejo de receptores clostridiales e inicia el proceso de intoxicación; 2) internalización del complejo, donde después de la unión de la toxina, se produce endocitosis dentro de la célula de una vesícula que contiene un complejo toxina/sistema de receptores; 3) translocación de cadena ligera, donde se cree que se producen múltiples eventos, incluyendo cambios en el pH interno de la vesícula, formación de un poro de canal que comprende el dominio H_N de cadena pesada de toxina clostridial, separación de la cadena ligera de la toxina clostridial de la cadena pesada, y liberación de la cadena ligera y 4) modificación de la diana enzimática, donde la cadena ligera de la toxina clostridial escinde proteolíticamente sus sustratos SNARE diana, tales como, *p. ej.*, SNAP-25, VAMP o syntaxina, evitando de este modo el acoplamiento de vesículas y la liberación de neurotransmisores.

La Fig. 2 muestra gráficos de volcán de genes regulados positiva o negativamente más de 4 veces ($\log_2(4) = 2$) en líneas celulares BB10 y H1 en comparación con la línea celular 2D6. La Fig. 2A muestra los genes que están regulados positivamente en la línea celular BB10 en comparación con la línea celular 2D6. La Fig. 2B muestra los genes que están regulados positivamente en la línea celular H1 en comparación con la línea celular 2D6. La Fig. 2C muestra los genes que están regulados positivamente en la línea celular BB10 en comparación con la línea celular SiMA parental (PA). La Fig. 2D muestra los genes que están regulados positivamente en la línea celular H1 en comparación con la línea celular SiMA parental (PA). La Fig. 2E muestra los genes que están regulados positivamente en la línea celular SiMA parental (PA) en comparación con la línea celular 2D6. La Fig. 2F muestra los genes que están regulados negativamente en la línea celular BB10 en comparación con la línea celular 2D6. La Fig. 2G muestra los genes que están regulados negativamente en la línea celular H1 en comparación con la línea celular 2D6. La Fig. 2H muestra los genes que están regulados negativamente en la línea celular SiMA parental (PA) en comparación con la línea celular 2D6. Cada punto representa un conjunto de sondas. La línea discontinua marca el intervalo de confianza de 95 %, $p \leq 0,05$. La mayor parte de los genes que están sobreexpresados en BB10 y H1 en comparación con 2D6 (A y B) también están sobre o infraexpresados en BB10 en comparación con PA (C), en H1 en comparación con PA (D), y en PA en comparación con 2D6 (E); no obstante, varios de ellos están menos de 4 veces sobreexpresados y/o no exceden el intervalo de confianza de 95 %.

La Fig. 3 muestra curvas normalizadas de RPS BIAcore de 7,8 nM de los anticuerpos 2E2A6, 1D3B8, 3C1A5 y 2C9B10 y MC-6050 y MC-6053 comerciales. La Fig. 3A muestra los datos normalizados para la tasa de asociación de cada anticuerpo. La Fig. 3B muestra los datos normalizados para la tasa de disociación de cada anticuerpo.

Descripción detallada

La presente memoria descriptiva proporciona células y composiciones de células novedosas que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A para permitir el análisis de BoNT/A y composiciones de BoNT/A tales como, *p. ej.*, la composición farmacéutica disponible en el mercado que comprende BoNT/A como se especifica en la reivindicación. La célula y composiciones de células de la presente memoria descriptiva resultan de utilidad para llevar a cabo procedimientos que puedan detectar cantidades picomolares de BoNT/A en una muestra, tales como los procedimientos descritos en, *p. ej.*, Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A*

Activity Assays, solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531. Las células y composiciones de células, y su uso en procedimientos para detectar actividad de BoNT/A reducen la necesidad de llevar a cabo estudios de toxicidad animal, y aun así sirven para analizar las múltiples etapas de intoxicación con BoNT/A, es decir, unión y captación celular de toxina, translocación dentro del citosol celular, y actividad de proteasa. Como se explica más adelante, las células y composiciones de células novedosas de la presente memoria descriptiva se pueden utilizar en ensayos que analizan muestras en crudo y a granel, así como toxinas de cadena doble altamente purificadas y productos de toxina formulados y además son capaces de someterse a formatos de ensayo de alto rendimiento automatizados.

- 10 Por lo tanto, los aspectos de la presente memoria descriptiva proporcionan una composición de células que comprende células de una línea celular clonal que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A.

Otros aspectos de la presente memoria descriptiva proporcionan un procedimiento para detectar actividad de BoNT/A utilizando las líneas celulares clonales descritas en la presente memoria descriptiva.

15

Las toxinas clostridiales producidas por *Clostridium botulinum*, *Clostridium tetani*, *Clostridium baratii* y *Clostridium butyricum* son las más utilizadas en tratamientos terapéuticos y cosméticos de humanos y otros mamíferos. Las cepas de *C. botulinum* producen siete serotipos antigénicamente distintos de toxinas botulínicas (BoNT), que se han identificado investigando brotes de botulismo en el hombre (BoNT/A, BoNT/B, BoNT/E y BoNT/F), animales (BoNT/C1 y BoNT/D), o aislados del suelo (BoNT/G). Si bien los siete serotipos de toxina botulínica tienen estructura y propiedades biológicas similares, cada uno también muestra características heterogéneas, tales como, *p. ej.*, distintas propiedades farmacológicas. En cambio, la toxina tetánica (TeNT) es producida por un grupo uniforme de *C. tetani*. Otras dos especies de Clostridia, *C. baratii* y *C. butyricum*, también producen toxinas similares a BoNT/F y BoNT/E, respectivamente.

25

Cada una de las toxinas clostridiales se traduce como un polipéptido monocatenario de aproximadamente 150 kDa que posteriormente se escinde mediante escisión proteolítica dentro de un bucle de disulfuro por una proteasa de origen natural, tal como, *p. ej.*, una proteasa de toxina clostridial endógena o una proteasa de origen natural producida en el medioambiente. Este procesamiento postraducciona produce una molécula de cadena doble que comprende una cadena ligera (CL) de aproximadamente 50 kDa y una cadena pesada (CP) de aproximadamente 100 kDa unidas entre sí por un enlace disulfuro único e interacciones no covalentes. Cada molécula de cadena doble madura comprende tres dominios funcionalmente distintos: 1) un dominio enzimático ubicado en la CL que incluye una región de metaloproteasa que contiene una actividad de endopeptidasa dependiente de zinc que específicamente se dirige a componentes centrales del aparato de liberación de neurotransmisores; 2) un dominio de translocación contenido dentro de la mitad amino-terminal de la CP (H_N) que facilita la liberación de la CL de las vesículas intracelulares dentro del citoplasma de la célula diana; y 3) un dominio de unión encontrado dentro de la mitad carboxilo-terminal de la CP (C_P) que determina la actividad de unión y la especificidad de unión de la toxina al complejo de receptores ubicado en la superficie de la célula diana.

- 40 La unión, translocación y actividad enzimática de estos tres dominios funcionales son necesarias para la toxicidad.

Si bien los detalles de este proceso todavía no se conocen de manera precisa, el mecanismo de intoxicación celular general mediante el cual las toxinas clostridiales entran en una neurona e inhiben la liberación de neurotransmisores es similar, independientemente del serotipo o subtipo. Si bien los solicitantes no desean ser limitados por la siguiente descripción, el mecanismo de intoxicación se puede describir integrado por al menos cuatro etapas: 1) unión a

- 45 receptores, 2) internalización del complejo, 3) translocación de cadena ligera, y 4) modificación de la diana enzimática (Fig. 1). El proceso comienza cuando el dominio de unión C_P de una toxina clostridial se une a un sistema de receptores específico de toxina ubicado en la membrana plasmática de una célula diana. Se cree que la especificidad de unión de un complejo de receptores se consigue, en parte, mediante las combinaciones específicas de gangliósidos y receptores de proteína que parecen integrar con claridad cada complejo de receptores de toxina

- 50 clostridial. Una vez unidos, los complejos toxina/receptor se internalizan mediante endocitosis y las vesículas internalizadas se organizan por rutas intracelulares específicas. La etapa de translocación parece desencadenarse mediante la acidificación del compartimento de las vesículas. Este proceso parece iniciar redistribuciones

estructurales dependientes de pH importantes que aumentan la hidrofobia, promueven la formación de poros y facilitan la separación de las cadenas pesada y ligera de la toxina. Una vez separada, la endopeptidasa de cadena

- 55 ligera de la toxina se libera de la vesícula intracelular dentro del citosol donde parece dirigirse específicamente a componentes nucleares del aparato de liberación de neurotransmisores. Estas proteínas nucleares, proteína de

membrana asociada a vesículas (VAMP)/sinaptobrevina, proteína asociada al sinaptosoma de 25 kDa (SNAP-25) y syntaxina, son necesarias para el acoplamiento y fusión de vesículas sinápticas en el terminal nervioso y constituyen

- 60 miembros de la familia de receptores de proteínas solubles de fijación al factor sensible a la N-etilmaleimida

(SNARE, por su sigla en inglés). Las BoNT/A y BoNT/E escinden la SNAP-25 en la región carboxilo terminal,

liberando un fragmento de nueve o veintiséis aminoácidos, respectivamente, y la BoNT/C1 también escinde la SNAP-25 cerca del extremo carboxilo liberando un fragmento de ocho aminoácidos. Los serotipos de toxina botulínica BoNT/B, BoNT/D, BoNT/F y BoNT/G, y la toxina tetánica actúan en la porción central conservada de la VAMP y liberan la porción amino terminal de VAMP dentro del citosol. La BoNT/C1 escinde la syntaxina en un único sitio próximo a la superficie de la membrana citosólica. La proteólisis selectiva de las SNARE sinápticas explica el bloqueo de la liberación de neurotransmisores producido por las toxinas clostridiales *in vivo*. Las dianas de proteína SNARE de toxinas clostridiales son comunes a la exocitosis en una variedad de tipos no neuronales; en estas células, como en las neuronas, la actividad de la peptidasa de cadena ligera inhibe la exocitosis, véase, p. ej., Yann Humeau y col., How Botulinum and Tetanus Neurotoxins Block Neurotransmitter Release, 82(5) Biochimie. 427-446 (2000); Kathryn Turton y col., Botulinum and Tetanus Neurotoxins: Structure, Function and Therapeutic Utility, 27(11) Trends Biochem. Sci. 552-558. (2002); Giovanna Lalli y col., The Journey of Tetanus and Botulinum Neurotoxins in Neurons, 11(9) Trends Microbiol. 431-437 (2003).

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, una célula de una línea celular establecida. Como se utiliza en la presente, el término «célula» se refiere a cualquier célula eucariota susceptible a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A o cualquier célula eucariota que pueda captar una BoNT/A, como se define adicionalmente en la reivindicación. El término «célula» engloba células de una variedad de organismos, tales como, p. ej., células murinas, de rata, porcinas, bovinas, equinas, de primates y humanas; de una variedad de tipos celulares tales como, p. ej., neuronal y no neuronal; y se pueden aislar de una población heterogénea de células, tejido u organismo o de parte de estos. Como se utiliza en la presente memoria, el término «línea celular establecida» es sinónimo de «línea celular inmortal» o «línea celular transformada» y se refiere a un cultivo celular de células seleccionadas para propagación indefinida de una población de células derivada de una fuente de organismo, tejido u órgano. Por definición, una línea celular establecida excluye un cultivo celular de células primarias. Como se utiliza en la presente memoria, el término «células primarias» se refiere a células recogidas directamente de tejidos u órganos nuevos y no poseen el potencial de propagarse indefinidamente. Una línea celular establecida puede comprender una población heterogénea de células o una población uniforme de células. Una línea celular establecida derivada de una única célula se denomina «línea celular clonal». Una línea celular establecida puede ser aquella cuyas células expresan de manera endógena todos los componentes necesarios para que las células se sometan al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 y engloba la unión de una BoNT/A a un receptor de BoNT/A, la internalización del complejo neurotoxina/receptor, la translocación de la cadena ligera de BoNT/A de una vesícula intracelular hacia dentro del citoplasma y la escisión proteolítica de una SNAP-25. De manera alternativa, una línea celular establecida puede ser aquella a cuyas células se les haya introducido de una fuente exógena al menos un componente necesario para que las células se sometan al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 y engloba la unión de una BoNT/A a un receptor de BoNT/A, la internalización del complejo neurotoxina/receptor, la translocación de la cadena ligera de BoNT/A de una vesícula intracelular hacia dentro del citoplasma y la escisión proteolítica de una SNAP-25. También denominada «línea celular modificada genéticamente», las células de dicha línea celular establecida pueden, p. ej., expresar un FGFR2 exógeno, un FGFR3 exógeno, una SV2 exógena, una SNAP-25 exógena, o cualquier combinación de los mismos. Como se utiliza en la presente memoria, el término «línea celular clonal establecida» o «línea celular clonal» se refiere a un cultivo celular de células seleccionadas de una población heterogénea de tipos celulares que comprende una línea celular establecida, que también se puede denominar «línea celular modificada». Por lo tanto, a modo de ejemplo no restrictivo, las células de las líneas celulares clonales A6, A7, A9, A10, A11, B5, B10, C5, C11, C12, D7, D11, E11, F10, H1, H3, H8, H10, 1E3, 2B9, 2E4, 3B8, 3D5, 3G10, 4B5, 4C8, 5F3, AC9, AF4, BB3, BB10, BE3, BF8, CC11, CD6, CE6, CG8, CG10, DC4, DD10, DE7, YF5, y H1 1,4 fueron seleccionadas de la población heterogénea de tipos celulares que comprende la línea celular SiMa (o línea celular SiMa parental) DSMZ ACC 164.

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, una célula de una línea celular clonal establecida susceptible a intoxicación con BoNT/A. Las células de la invención se definen en la reivindicación. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células susceptible/susceptibles a intoxicación con BoNT/A», «célula/células susceptible/susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A» o «célula/células de una línea celular clonal establecida susceptible/susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A» se refieren a una o más células que pueden someterse al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 y engloba la unión de una BoNT/A a un receptor de BoNT/A, la internalización del complejo neurotoxina/receptor, la translocación de la cadena ligera de BoNT/A de una vesícula intracelular hacia dentro del citoplasma y la escisión proteolítica de una SNAP-25. Por definición, la célula o células susceptibles a intoxicación con BoNT/A deben expresar, o estar modificadas para expresar, al menos un receptor de BoNT/A y al menos un sustrato de SNAP-25. Entre los ejemplos no restrictivos de una célula o células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A se incluyen las líneas celulares clonales A6, A7, A9, A10, A11, B5, B10, C5, C11, C12, D7, D11, E11, F10, H1, H3, H8, H10, 1E3, 2B9, 2D2, 2D6, 2E4, 3B8, 3D5, 3G10, 4B5, 4C8,

4D3, 5C10, 5F3, AC9, AF4, BB3, BB10, BE3, BF8, CC11, CD6, CE6, CG8, CG10, DC4, DD10, DE7, DF5, YB7, YF5, y H1 1,4. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células que pueden captar BoNT/A» o «célula/células que comprenden una línea celular clonal establecida que pueden captar BoNT/A» se refieren a células que pueden someterse al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 y engloba la unión de una BoNT/A a un receptor de BoNT/A, la internalización del complejo neurotoxina/receptor, la translocación de la cadena ligera de BoNT/A de una vesícula intracelular hacia dentro del citoplasma y la escisión proteolítica de una SNAP-25. Por definición, la célula o células que pueden captar BoNT/A deben expresar, o estar modificadas para expresar, al menos un receptor de BoNT/A y al menos un sustrato de SNAP-25. Entre los ejemplos no restrictivos de una célula o células de una línea celular clonal establecida que pueden captar BoNT/A se incluyen las líneas celulares clonales A6, A7, A9, A10, A11, B5, B10, C5, C11, C12, D7, D11, E11, F10, H1, H3, H8, H10, 1E3, 2B9, 2D2, 2D6, 2E4, 3B8, 3D5, 3G10, 4B5, 4C8, 4D3, 5C10, 5F3, AC9, AF4, BB3, BB10, BE3, BF8, CC11, CD6, CE6, CG8, CG10, DC4, DD10, DE7, DF5, YB7, YF5, y H1 1,4. Las líneas celulares que comprenden una o varias células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A o una o varias células que pueden captar BoNT/A se denominan «líneas celulares respondedoras».

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, células de una línea celular clonal establecida más susceptibles a intoxicación con BoNT/A. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células más susceptibles a intoxicación con BoNT/A», «célula/células más susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A» o «célula/células de una línea celular clonal establecida más susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A» se refieren a una o varias células que se someten al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 en mayor medida en comparación con una o varias células que comprenden una línea celular SiMa parental, tal como, p. ej., la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Entre los ejemplos no restrictivos de una célula o células de una línea celular clonal establecida más susceptibles a intoxicación con BoNT/A se incluyen una o más células de las líneas celulares clonales A10, H1, 2E4, 3B8, 3D5, 5F3, AF4, BB3, BB10, DC4, o H1 1,4. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células que captan BoNT/A en mayor medida», o «célula/células que comprenden una línea celular clonal establecida que captan BoNT/A en mayor medida» se refieren a células que se someten al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 en mayor medida en comparación con una o varias células que comprenden una línea celular SiMa parental, tal como, p. ej., la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Entre los ejemplos no restrictivos de una célula o células de una línea celular clonal establecida que pueden captar BoNT/A en mayor medida se incluyen una o varias células de las líneas celulares clonales A10, H1, 2E4, 3B8, 3D5, 5F3, AF4, BB3, BB10, DC4, o H1 1,4. Las líneas celulares que comprenden una o varias células de una línea celular clonal establecida más susceptibles a intoxicación con BoNT/A o una o varias células que pueden captar BoNT/A en mayor medida se denominan «líneas celulares altas respondedoras».

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, células de una línea celular clonal establecida menos susceptibles a intoxicación con BoNT/A. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células menos susceptibles a intoxicación con BoNT/A», «célula/células menos susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A», o «célula/células de una línea celular clonal establecida menos susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A» se refieren a una o varias células que se someten al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 en menor medida en comparación con una o varias células que comprenden una línea celular SiMa parental, tal como, p. ej., la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Entre los ejemplos no restrictivos de una célula o células de una línea celular clonal establecida menos susceptibles a intoxicación con BoNT/A se incluyen las líneas celulares clonales A7, B10, D11, H10, 2D2, 2D6, 4D3, 5C10, DF5, e YB7. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células que captan BoNT/A en menor medida», o «célula/células que comprenden una línea celular clonal establecida que captan BoNT/A en menor medida» se refieren a células que se someten al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 en menor medida en comparación con una o varias células que comprenden una línea celular SiMa parental, tal como, p. ej., la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Los ejemplos no restrictivos de una célula o células de una línea celular clonal establecida que pueden captar BoNT/A en menor grado incluyen las líneas celulares clonales A7, B10, D11, H10, 2D2, 2D6, 4D3, 5C10, DF5, e YB7. Las líneas celulares que comprenden una o varias células de una línea celular clonal establecida menos susceptibles a intoxicación con BoNT/A o una o varias células que pueden captar BoNT/A en menor medida se denominan «líneas celulares bajas respondedoras».

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, una célula de una línea celular clonal establecida no susceptible a intoxicación con BoNT/A. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células no susceptibles a intoxicación con BoNT/A», «célula/células no susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A», o «célula/células de una línea celular clonal establecida no susceptibles a intoxicación con BoNT/A por una BoNT/A» se refieren a una o varias células que no se pueden someter al mecanismo celular general mediante el cual una

BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25. Como se utilizan en la presente, los términos «célula/células que no pueden captar BoNT/A» o «célula/células que comprenden una línea celular clonal establecida que no pueden captar BoNT/A» se refieren a células que no se pueden someter al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25. Las líneas celulares que comprenden una o varias células de una línea celular clonal establecida no susceptibles a intoxicación con BoNT/A o una o varias células que no pueden captar BoNT/A se denominan «líneas celulares no respondedoras».

Por lo tanto, en una realización, las células de una línea celular clonal establecida son susceptibles a intoxicación con BoNT/A. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, p. ej., alrededor de 500 pM o menos, alrededor de 400 pM o menos, alrededor de 300 pM o menos, alrededor de 200 pM o menos, o alrededor de 100 pM o menos de una BoNT/A. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, p. ej., alrededor de 90 pM o menos, alrededor de 80 pM o menos, alrededor de 70 pM o menos, alrededor de 60 pM o menos, alrededor de 50 pM o menos, alrededor de 40 pM o menos, alrededor de 30 pM o menos, alrededor de 20 pM o menos, o alrededor de 10 pM o menos de una BoNT/A. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, p. ej., alrededor de 9 pM o menos, alrededor de 8 pM o menos, alrededor de 7 pM o menos, alrededor de 6 pM o menos, alrededor de 5 pM o menos, alrededor de 4 pM o menos, alrededor de 3 pM o menos, alrededor de 2 pM o menos, o alrededor de 1 pM o menos de una BoNT/A. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, p. ej., alrededor de 0,9 pM o menos, alrededor de 0,8 pM o menos, alrededor de 0,7 pM o menos, alrededor de 0,6 pM o menos, alrededor de 0,5 pM o menos, alrededor de 0,4 pM o menos, alrededor de 0,3 pM o menos, alrededor de 0,2 pM o menos, o alrededor de 0,1 pM o menos de una BoNT/A. Como se utiliza en la presente, el término «alrededor» cuando califica un valor de un elemento, número, porcentaje o término determinado se refiere a un intervalo de más o menos diez por ciento del valor del elemento, porcentaje, parámetro o término determinado.

En otra realización, las células que comprenden una línea celular clonal establecida pueden captar una BoNT/A. En aspectos de la presente realización, las células que comprenden una línea celular clonal establecida pueden captar, p. ej., alrededor de 500 pM o menos, alrededor de 400 pM o menos, alrededor de 300 pM o menos, alrededor de 200 pM o menos, o alrededor de 100 pM o menos de una BoNT/A. En otros aspectos de la presente realización, las células que comprenden una línea celular clonal establecida tienen la capacidad de captar alrededor de 90 pM o menos, alrededor de 80 pM o menos, alrededor de 70 pM o menos, alrededor de 60 pM o menos, alrededor de 50 pM o menos, alrededor de 40 pM o menos, alrededor de 30 pM o menos, alrededor de 20 pM o menos, o alrededor de 10 pM o menos de una BoNT/A. Incluso en otros aspectos, las células que comprenden una línea celular clonal establecida tienen la capacidad de captar alrededor de 9 pM o menos, alrededor de 8 pM o menos, alrededor de 7 pM o menos, alrededor de 6 pM o menos, alrededor de 5 pM o menos, alrededor de 4 pM o menos, alrededor de 3 pM o menos, alrededor de 2 pM o menos, o alrededor de 1 pM o menos de una BoNT/A. Incluso en otros aspectos, las células que comprenden una línea celular clonal establecida tienen la capacidad de captar alrededor de 0,9 pM o menos, alrededor de 0,8 pM o menos, alrededor de 0,7 pM o menos, alrededor de 0,6 pM o menos, alrededor de 0,5 pM o menos, alrededor de 0,4 pM o menos, alrededor de 0,3 pM o menos, alrededor de 0,2 pM o menos, o alrededor de 0,1 pM o menos de una BoNT/A. En otros aspectos, las células que comprenden una línea celular clonal establecida pueden captar BoNT/A de, p. ej., alrededor de 0,01 pM a alrededor de 100 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 75 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 50 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 25 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 20 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 15 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 10 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 5 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 100 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 75 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 50 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 25 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 20 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 15 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 10 pM, o alrededor de 0,001 pM a alrededor de 5 pM de BoNT/A.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida no son susceptibles a intoxicación con BoNT/A. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida no son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, p. ej., alrededor de 500 pM o menos, alrededor de 400 pM o menos, alrededor de 300 pM o menos, alrededor de 200 pM o menos, o alrededor de 100 pM o menos de una BoNT/A. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, p. ej., alrededor de 90 pM o menos, alrededor de 80 pM o menos, alrededor de 70 pM o menos, alrededor de 60 pM o menos, alrededor de 50 pM o menos, alrededor de 40 pM o menos, alrededor de 30 pM o menos, alrededor de 20 pM o menos, o alrededor de 10 pM o menos de una BoNT/A. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida no son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, p. ej., alrededor de 9 pM o menos, alrededor de 8 pM o menos, alrededor de 7 pM o menos, alrededor de 6 pM o menos,

- alrededor de 5 pM o menos, alrededor de 4 pM o menos, alrededor de 3 pM o menos, alrededor de 2 pM o menos, o alrededor de 1 pM o menos de una BoNT/A. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida no son susceptibles a intoxicación con BoNT/A en, *p. ej.*, alrededor de 0,9 pM o menos, alrededor de 0,8 pM o menos, alrededor de 0,7 pM o menos, alrededor de 0,6 pM o menos, alrededor de 0,5 pM o menos, alrededor de 0,4 pM o menos, alrededor de 0,3 pM o menos, alrededor de 0,2 pM o menos, o alrededor de 0,1 pM o menos de una BoNT/A. En otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida no son susceptibles a intoxicación con BoNT/A de, *p. ej.*, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 100 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 75 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 50 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 25 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 20 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 15 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 10 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 5 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 100 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 75 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 50 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 25 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 20 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 15 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 10 pM, o alrededor de 0,001 pM a alrededor de 5 pM de BoNT/A.
- 15 Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A que son más estables que las células de una línea celular SiMa parental, tales como, *p. ej.*, la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Como se utiliza en la presente memoria, el término «estable» se refiere a células de una línea celular clonal establecida para una cantidad particular de subcultivos que muestran una CE_{50} relativa, sensibilidad, eficacia, asíntota superior bien definida, y/o una curva de dosis-respuesta bien definida para actividad de BoNT/A que es similar a los valores para CE_{50} relativa, sensibilidad, eficacia, asíntota superior bien definida, y/o una curva de dosis-respuesta bien definida producida por las células de una línea celular SiMa parental, tal como, *p. ej.*, la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164, en la misma cantidad o cantidad similar de subcultivos, donde las mismas condiciones de ensayo y la misma BoNT/A (o molécula) se utilizan en ambos ensayos.
- 25 Por lo tanto, en una realización, las células de una línea celular clonal establecida son más estables en comparación con una línea celular SiMa parental. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida son más estables en comparación con la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida son más estables para, *p. ej.*, al menos 5 subcultivos más, al menos 10 subcultivos más, al menos 15 subcultivos más, al menos 20 subcultivos más, al menos 25 subcultivos más, o al menos 30 subcultivos más, en comparación con una línea celular SiMa parental. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida son más estables para, *p. ej.*, al menos 5 subcultivos más, al menos 10 subcultivos más, al menos 15 subcultivos más, al menos 20 subcultivos más, al menos 25 subcultivos más, o al menos 30 subcultivos más, en comparación con una línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.
- 35 Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A que son estables en múltiples subcultivos de células. Como se utiliza en la presente, el término «estable» se refiere a células de una línea celular clonal establecida para una cantidad particular de subcultivos que muestran una CE_{50} relativa, sensibilidad, eficacia, asíntota superior bien definida, y/o una curva de dosis-respuesta bien definida para actividad de BoNT/A similares a los valores para CE_{50} relativa, sensibilidad, eficacia, asíntota superior bien definida, y/o una curva de dosis-respuesta bien definida que muestran las células de la misma línea celular clonal establecida, pero de un subcultivo o subcultivos previos, donde las mismas condiciones de ensayo y la misma BoNT/A (o molécula) se utilizan en ambos ensayos.
- 45 Las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva pueden presentar una sensibilidad constante a la actividad de BoNT/A durante múltiples subcultivos celulares. Como se utiliza en la presente, el término «sensibilidad a la actividad de BoNT/A» se refiere a la menor dosis que un ensayo puede medir de manera constante por encima de la señal detectada por una señal de fondo o control no de tratamiento.
- 50 Por lo tanto, en una realización, las células de la línea celular clonal establecida presentan una sensibilidad a la actividad de BoNT/A para cualquier cantidad determinada de subcultivos que es *p. ej.*, 100 pM o inferior, alrededor de 80 pM o inferior, alrededor de 70 pM o inferior, alrededor de 60 pM o inferior, alrededor de 50 pM o inferior, alrededor de 40 pM o inferior, alrededor de 30 pM o inferior, alrededor de 20 pM o inferior, alrededor de 10 pM o inferior, alrededor de 1 pM o inferior, alrededor de 0,9 pM o inferior, alrededor de 0,8 pM o inferior, alrededor de 0,7 pM o inferior, alrededor de 0,6 pM o inferior, alrededor de 0,5 pM o inferior, alrededor de 0,4 pM o inferior, alrededor de 0,3 pM o inferior, alrededor de 0,2 pM o inferior, o alrededor de 0,1 pM o inferior de una BoNT/A. En aspectos de la presente realización, las células de la línea celular clonal establecida muestran una sensibilidad a BoNT/A para cualquier cantidad determinada de subcultivos que es, *p. ej.*, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 100 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 75 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 50 pM, alrededor de

0,01 pM a alrededor de 25 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 20 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 15 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 10 pM, alrededor de 0,01 pM a alrededor de 5 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 100 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 75 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 50 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 25 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 20 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 15 pM, alrededor de 0,001 pM a alrededor de 10 pM, o alrededor de 0,001 pM a alrededor de 5 pM de BoNT/A.

En otra realización, las células de la línea celular clonal establecida muestran una sensibilidad a la actividad de BoNT/A que es alrededor de 100 pM o inferior, alrededor de 75 pM o inferior, alrededor de 50 pM o inferior, alrededor de 25 pM o inferior, inferior a alrededor de 20 pM o inferior, alrededor de 15 pM o inferior, alrededor de 10 pM o inferior, o alrededor de 1 pM o inferior para, *p. ej.*, 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, o 50 o más subcultivos celulares. En otros aspectos de la presente realización, las células de la línea celular clonal establecida muestran una sensibilidad a la actividad de BoNT/A que es alrededor de 100 pM o inferior, alrededor de 75 pM o inferior, alrededor de 50 pM o inferior, alrededor de 25 pM o inferior, inferior a alrededor de 20 pM o inferior, alrededor de 15 pM o inferior, alrededor de 10 pM o inferior, o alrededor de 1 pM o inferior para, *p. ej.*, alrededor de 15 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 30 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 35 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 40 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 45 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 50 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 15 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 30 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 35 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 40 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 15 a alrededor de 40 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 40 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 40 subcultivos, o alrededor de 30 a alrededor de 40 subcultivos.

Las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva pueden mostrar una eficacia relativa constante de captación de BoNT/A, actividad de BoNT/A, o intoxicación con BoNT/A durante múltiples subcultivos celulares. Como se utiliza en la presente, el término «eficacia relativa» se refiere a cuán bien discurre la asíntota superior para la actividad de BoNT/A detectada en el ensayo actual en comparación con la asíntota superior para la actividad de BoNT/A detectada en un estándar de referencia, una molécula de referencia, o una cantidad de subcultivos de referencia utilizados en dicho ensayo. Como se utiliza en la presente, el término «proporción señal/ruido para la asíntota superior» se refiere a la señal detectada en un ensayo en el límite superior de detección dividido por la señal detectada por una señal de fondo o control no de tratamiento. El límite superior de detección es la dosis más elevada que un ensayo puede medir de manera constante antes de que se produzca la saturación de la señal.

Por lo tanto, en una realización, las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva pueden mostrar una asíntota superior bien definida en múltiples subcultivos celulares y mantener una proporción señal/ruido constante y apropiada para el ensayo. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva deben tener una proporción señal/ruido para la asíntota superior de actividad de BoNT/A de, *p. ej.*, al menos 3:1, al menos 4:1, al menos 5:1, al menos 6:1, al menos 7:1, al menos 8:1, al menos 9:1, al menos 10:1, al menos 15:1, al menos 20:1, al menos 25:1, al menos 30:1, al menos 35:1, al menos 40:1, al menos 45:1, al menos 50:1, al menos 60:1, al menos 70:1, al menos 80:1, al menos 90:1, o al menos 100:1, al menos 150:1, al menos 200:1, al menos 250:1, al menos 300:1, al menos 350:1, al menos 400:1, al menos 450:1, al menos 500:1, al menos 550:1, o al menos 600:1, durante, *p. ej.*, 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, o 50 o más subcultivos celulares. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva deben tener una proporción señal/ruido para la asíntota superior de actividad de BoNT/A de, *p. ej.*, al menos 3:1, al menos 4:1, al menos 5:1, al menos 6:1, al menos 7:1, al menos 8:1, al menos 9:1, al menos 10:1, al menos 15:1, al menos 20:1, al menos 25:1, al menos 30:1, al menos 35:1, al menos 40:1, al menos 45:1, al menos 50:1, al menos 60:1, al menos 70:1, al menos 80:1, al menos 90:1, o al menos 100:1, al menos 150:1, al menos 200:1, al menos 250:1, al menos 300:1, al menos 350:1, al menos 400:1, al menos 450:1, al menos 500:1, al menos 550:1, o al menos 600:1, durante, *p. ej.*, alrededor de 15 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 30 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 35 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 40 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 45 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 50 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 15 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 30 a alrededor de

50 subcultivos, alrededor de 35 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 40 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 15 a alrededor de 40 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 40 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 40 subcultivos, o alrededor de 30 a alrededor de 40 subcultivos.

- 5 Las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva pueden presentar una curva de dosis-respuesta bien definida para actividad de BoNT/A durante múltiples subcultivos celulares. Como se utiliza en la presente, el término «curva de dosis-respuesta» se refiere a cuán bien los datos primarios se ajustan al modelo estadístico de elección para dicho ensayo. A modo de ejemplo no restrictivo, una curva sigmoidea con un ajuste logístico de curvas de cuatro parámetros es una curva de dosis-respuesta para un ensayo de actividad
- 10 enzimática, tal como, *p. ej.*, un ensayo de potencia. Como otro ejemplo no restrictivo, una unión de ligandos con un ajuste de saturación de sitio único es una curva de dosis-respuesta para un ensayo de unión de ligandos/anticuerpos.

- Por lo tanto, en una realización, las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria
- 15 descriptiva muestran una curva de dosis-respuesta bien definida para actividad de BoNT/A durante múltiples subcultivos celulares. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular establecida descrita en la presente memoria descriptiva muestran una curva de dosis-respuesta bien definida para actividad de BoNT/A durante, *p. ej.*, 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos
- 20 celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, o 50 o más subcultivos celulares. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva muestran una curva de dosis-respuesta bien definida para actividad de BoNT/A durante, *p. ej.*, alrededor de 15 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 30 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 35 a alrededor de 60 subcultivos,
- 25 alrededor de 40 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 45 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 50 a alrededor de 60 subcultivos, alrededor de 15 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 30 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 35 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 40 a alrededor de 50 subcultivos, alrededor de 15 a alrededor de 40 subcultivos, alrededor de 20 a alrededor de 40 subcultivos, alrededor de 25 a alrededor de 40 subcultivos, o
- 30 alrededor de 30 a alrededor de 40 subcultivos.

- Las células de una línea celular establecida descritas en la presente memoria descriptiva pueden presentar un valor de CE_{50} relativa constante para actividad de BoNT/A durante múltiples subcultivos celulares. Como se utiliza en la presente, el término « CE_{50} relativa» o «valor de CE_{50} relativa» se refiere a un valor de CE_{50} de actividad de BoNT/A
- 35 que se normaliza contra la CE_{50} calculada para un estándar de referencia, una molécula de referencia, o una cantidad de subcultivos de referencia utilizados en dicho ensayo.

- Por lo tanto, en una realización, las células de una línea celular clonal establecida muestran una CE_{50} relativa constante para actividad de BoNT/A durante múltiples subcultivos celulares. En aspectos de la presente realización,
- 40 las células de una línea celular clonal establecida muestran una CE_{50} relativa constante para actividad de BoNT/A que es, *p. ej.*, alrededor de $\pm 10\%$, alrededor de $\pm 20\%$, alrededor de $\pm 30\%$, alrededor de $\pm 40\%$, alrededor de $\pm 50\%$, alrededor de 60% , alrededor de 70% , o alrededor de $\pm 75\%$ la CE_{50} relativa para actividad de BoNT/A durante, *p. ej.*, 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos
- 45 celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, o 50 o más subcultivos celulares. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida muestran una CE_{50} relativa para actividad de BoNT/A que es, *p. ej.*, de alrededor de $\pm 10\%$ a alrededor de 75% , de alrededor de $\pm 10\%$ a alrededor de 70% , de alrededor de $\pm 10\%$ a alrededor de 60% , de alrededor de $\pm 10\%$ a alrededor de 50% , de alrededor de $\pm 10\%$ a alrededor de 40% , alrededor de $\pm 10\%$ a alrededor de 30% , o de alrededor de $\pm 10\%$ a
- 50 alrededor de 20% la CE_{50} relativa para actividad de BoNT/A durante, *p. ej.*, 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, o 50 o más subcultivos celulares.

- 55 Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A que muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 5, 6, 7 u 8, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en
- 60 los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 5, 6, 7 u 8 de, *p. ej.*, al menos 1,5 veces,

al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 5, 6, 7 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 5, 6, 7 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. La proporción logarítmica de las Tablas 5, 6, 7 y 8 representan valores de $\log_2$ donde 0,585 es $\log_2(1,5)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 1,5, 1 es $\log_2(2)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 2, 1,584 es $\log_2(3)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 3, 2 es $\log_2(4)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 4, 2,321 es $\log_2(5)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 5, 2,584 es $\log_2(6)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 6, 2,807 es $\log_2(7)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 7, 3 es $\log_2(8)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 8, 3,169 es $\log_2(9)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 9, y 3,321 es $\log_2(10)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 10.

En una realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en el número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 5 o 7, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 5 o 7 de, *p. ej.*, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 5 o 7 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 5 o 7 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

En una realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ACO1, ACOT7, ACOT9, ACTL6A, ACTL6B, ADRBK2, AGPS, AIDA, AKAP13, ALCAM, ALDH7A1, AMOTL1, ANAPC7, ANKRD13A, ANKRD54, ANKS1B, ANLN, ANP32E, ANXA6, APAF1, APBB2, APOO, ARF3, ARHGAP11A, ARHGAP24, ARHGAP24, ARHGAP6, ARHGEF3, ARHGEF6, ARL13B, ARL6, ARL6IP1, ASCL1, ASF1A, ASF1B, ASXL3, ATAD2, ATP6V1A, AURKA, AURKB, BARD1, BASP1, BAX, BCL11A, BCR, BNC2, BOK, BRCA1, BRCA2, BRD4, BRI3BP, BRIP1, BTBD3, BTG3, BUB1, BUB1B, BUB3, BVES, C10ORF58, C10ORF78, C11ORF75, C12ORF48, C12ORF49, C14ORF106, C14ORF143, C15ORF23, C15ORF42, C18ORF54, C1ORF112, C1ORF183, C1ORF43, C1QL1, C20ORF108, C20ORF20, C20ORF7, C20ORF72, C22ORF28, C22ORF29, C22ORF39, C3ORF14, C3ORF70, C4ORF46, C4ORF49, C5ORF32, C6ORF115,

C9ORF100, CARHSP1, CBLB, CBWD1, CBX5, CCDC109B, CCDC117, CCDC15, CCDC21, CCDC3, CCDC34, CCDC52, CCDC86, CCDC99, CCNB1, CCNE2, CCNF, CCNYL1, CD24, CD47, CD9, CDC2, CDC25B, CDC42EP4, CDC45L, CDC5L, CDC6, CDCA2, CDCA4, CDCA5, CDCA7, CDCA8, CDH2, CDK2, CDK2AP1, CDK6, CDKAL1, CDKN2C, CDKN2D, CDO1, CDS2, CECR5, CELSR3, CENPF, CENPH, CENPI, CENPJ, CENPK, CENPL, CENPM, CENPN, CENPO, CEP135, CEP152, CEP55, CEP78, CEP97, CHAF1A, CHD6, CHEK1, CHEK2, CHMP4B, CHRNA3, CHRNA7, CHST15, CIT, CKAP2, CKAP2L, CKLF, CKS1B, CLDND1, CLSTN2, CMTM7, CNN3, CNOT4, CNP, CNTN1, CNTN4, COBL1, COQ3, CPNE4, CPT1A, CPVL, CRISPLD1, CRTAC1, CRYBG3, CRYZ, CSE1L, CSRP2, CSRP2BP, CSTF1, CTDSPL2, CTNNBL1, CTS1L, CUGBP2, CXCR4, CYTSA, DACT1, DAZ1, DBF4B, DBH, DCLRE1B, DCPS, DDAH2, DDT, DEK, DENR, DEPDC1, DEPDC1B, DERA, DGCR14, DGKE, DHX15, DHX35, DIAPH1, DIAPH3, DKFZP434L187, DLEU2, DLGAP5, DLL3, DLX6, DNA2, DNM3, DNMT3B, DOCK10, DOK4, DOK5, DPF1, DPYD, DPYSL3, DRAM1, DRG1, DSCC1, DSN1, DTL, DTNBP1, DTYMK, DVL2, DYNLT3, DYRK4, E2F1, E2F2, E2F7, E2F8, EAF2, EBF1, ECT2, EFNA5, EFNB2, ELAVL4, ELOVL5, EME1, EMILIN2, EMILIN3, EML1, ENC1, EPB41L5, EPOR, ERCC6L, ESCO2, ESF1, ESPL1, ETS1, ETV1, EXO1, EXOC5, EXOSC6, EXPH5, EZH2, FAM101B, FAM105A, FAM110A, FAM114A1, FAM118A, FAM120C, FAM129B, FAM13A, FAM162B, FAM181B, FAM19A4, FAM19A5, FAM54A, FAM64A, FAM7A3, FAM83D, FANCG, FANCI, FANCL, FANCM, FARP1, FAT1, FBLN1, FBN1, FBP1, FBXO43, FBXO5, FEN1, FGFR2, FH, FIGNL1, FKBP5, FNDC5, FOXD1, FOXN3, FRMD6, FRZB, FSTL1, FZD2, FZD5, FZD8, G2E3, GABBR2, GAP43, GAP43, GAS2L3, GATM, GEMIN4, GFPT2, GFRA1, GFRA2, GGCX, GINS1, GINS3, GJC1, GLDC, GMNN, GNAI1, GNASAS, GNB4, GNG11, GNG12, GNG4, GPAM, GPN3, GPR125, GPR161, GPSM2, GPX3, GRP, GSG2, GSS, GSTCD, GTSE1, GTSF1, GXYLT1, H1FO, H2AFX, HAT1, HAUS6, HDAC8, HEG1, HES6, HGF, HIC2, HMG4L, HMGB1, HMGB2, HMGB3, HMGXB4, HMMR, HOOK3, HPS4, HRH3, HS3ST2, HS6ST2, HSPB11, HTATSF1, IDH2, IFI27L1, IQGAP1, ITGA6, ITGAV, ITGB5, ITPRIP, JARID2, KCNG3, KCNJ8, KCNN1, KCTD12, KDELC2, KHDRBS3, KIAA0101, KIAA0406, KIAA1211, KIAA1524, KIF11, KIF14, KIF16B, KIF18A, KIF23, KIFC1, KLF7, KLHL13, KLHL5, KNTC1, KPNA2, LBH, LGR5, LHFPL2, LIFR, LIG3, LMF2, LMNB1, LOC100127983, LOC100128844, LOC100288551, LOC340109, LOC344595, LOC440288, LOC642597, LOC728052, LPAR1, LRFN2, LRRC1, LSM4, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MAGEH1, MAN1A1, MAN2A1, MAOA, MAP3K13, MAPK11, MAPK12, MAPKAPK3, MASTL, MBD2, MCAM, MCM10, MCM3, MCM4, MCM5, MCM6, MCM7, MCM8, MDC1, MDM1, MED20, MEIS1, MEIS2, MELK, MEST, MFAP2, MGAT5B, MINA, MKI67, MKL1, MLF1IP, MMD, MNS1, MPHOSPH9, MPP5, MPPED2, MRC2, MRPL35, MRPL49, MRS2, MSN, MTF2, MTHFD1, MTUS1, MVK, MYBL1, MYBL2, MYD88, MYO1B, MYO6, MYST1, NAAA, NAGA, NANP, NARG1, NASP, NAT11, NAT13, NCAPD3, NCAPG, NCAPG2, NCAPH, NCAPH2, NDN, NEDD1, NEDD9, NEIL3, NELL2, NFIB, NOD4L, NOS1, NR3C1, NRG3, NRM, NRXN1, NSMCE4A, NTAN1, NUCKS1, NUDT1, NUF2, NUP107, NUP37, NUP43, NUP50, NUP93, NUSAP1, NXPH1, NXT2, ODZ3, ODZ4, OIP5, ORC1L, ORC6L, OSBP3, PAICS, PANK2, PARP3, PASK, PBK, PCDH17, PCDH8, PCGF5, PCNA, PDCL, PDE5A, PDLIM5, PDRG1, PEG3, PELI2, PELO, PEX13, PEX26, PFKFB3, PGAM5, PGM2, PHF19, PHF20, PHF21B, PHF5A, PHLPP1, PHYHIPL, PI4KA, PIP4K2A, PIR, PKMYT1, PLCL2, PLD5, PLEKHF2, PLK2, PLK4, PLS3, PLXNA2, PLXNA4, PLXNB2, PM20D2, POLA1, POLA2, POLE, POLE2, POLQ, POSTN, PPAP2B, PPAT, PPIF, PPIL5, PPM1F, PPP1R13B, PPP1R3C, PPP2R2B, PPP3CB, PRIM1, PRIM2, PRLHR, PRPS1, PRSS12, PSMA7, PSMC3IP, PSMD5, PSMD9, PSRC1, PTER, PTGES2, PTGFRN, PTGR1, PTPRE, PTPRG, PTPRK, PTPRM, PTTG1, PVRL3, PXMP4, PXN, RAB35, RAB3B, RAD18, RAD51, RAD51C, RALY, RAN, RANBP1, RANGAP1, RASEF, RBBP7, RBBP9, RBL1, RBPMS, RBX1, RECQL4, REEP1, RELB, RELL1, REXO2, RFC1, RFC2, RFC3, RFC4, RFC5, RGMA, RGS5, RILPL2, RIMBP2, RMI1, RNASEH2A, RNF182, RNF26, RNF34, RPA1, RPP30, RRM1, RRM2, RRP7A, RSRC1, S1PR3, SALL4, SAP30, SASS6, SBF2, SCD5, SCML1, SCML2, SDC1, SEC23A, SEC61A2, SELM, SEMA6A, SEMA6D, SESN3, SEZ6L, SFI1, SFRP1, SGOL2, SH3D19, SHCBP1, SHMT1, SHOX2, SIM1, SIVA1, SKA1, SKA2, SKA3, SKP2, SLC25A10, SLC26A2, SLC2A4RG, SLC2A8, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SLC8A1, SLCO3A1, SLIT3, SLITRK5, SLK, SLMO2, SMC1A, SMC2, SMC4, SMC6, SMO, SMYD5, SNAI2, SNAP29, SNCAIP, SNRPD3, SNX18, SNX5, SORD, SOX4, SPAG6, SPARC, SPATS2L, SPC24, SPC25, SPOCK1, SPSB4, SRGAP1, SRRD, SRRM4, SSH2, ST8SIA1, ST8SIA2, ST8SIA4, STARD4, STIL, STK17A, STMN3, STOM, STON2, STRA6, SUSD5, SUV39H1, SVIP, SYN2, SYNE2, SYNLM, SYT17, SYTL4, TBC1D1, TBX3, TCF19, TCF7L2, TCFL5, TDRKH, TEAD3, TESC, TFDP1, TFDP2, TFPI2, TH1L, THOC4, TIFA, TIMP3, TLE3, TLE4, TMCC3, TMEM107, TMEM132C, TMEM151B, TMEM170B, TMEM178, TMEM194A, TMEM38B, TMEM48, TMEM56, TMEM98, TMPO, TMSB15B, TNFAIP8, TOB2, TOMM34, TPBG, TPTE, TPX2, TRIM29, TRIM36, TRIM68, TRIM9, TRIP13, TROAP, TSHZ3, TSPAN14, TSPAN4, TSPAN5, TTC28, TTC9, TUBA1B, TUBB, TWIST1, TXNRD1, TYMS, TYRO3, UBE2C, UBE2L3, UBE2V1, UBE3B, UCK1, UCP2, UFD1L, UHRF1, UNC119B, UNG, UQCC, USP1, USP48, UTP18, VAPB, VAV3, VPS29, VSTM2L, WDHD1, WDR51A, WDR53, WDR62, WDR67, WEE1, WEE1, WHSC1, WRAP53, WWC3, XRCC4, XRCC6, ZAK, ZFH4, ZFP82, ZGPAT, ZNF215, ZNF217, ZNF238, ZNF253, ZNF280B, ZNF367, ZNF43, ZNF443, ZNF503, ZNF521, ZNF560, ZNF608, ZNF626, ZNF681, ZNF71, ZNF823, ZNF85, ZNF92, ZNF93, y/o ZWINT, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

60 En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a

Intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ACOT9, ALCAM, ANLN, ARHGAP24, ARHGAP6, ARHGEF3, ARHGEF6, ASCL1, ASF1B, ATAD2, AURKA, AURKB, BARD1, BASP1, BNC2, BRCA2, BRIP1, BTG3, BUB1, BUB1B, BVES, C11ORF75, C12ORF48, C14ORF106, C15ORF42, C18ORF54, C1ORF112, C3ORF70, C4ORF49, CCDC109B, CCDC3, CCNB1, CCNE2, CD9, CDC2, CDC25B, CDC45L, CDC6, CDCA2, CDCA5, CDCA8, CDK2, CDKN2D, CENPF, CENPI, CENPL, CENPN, CEP55, CHEK1, CHEK2, CHRNA7, CIT, CKAP2L, CLSTN2, CNTN1, CNTN4, CPVL, CRYBG3, CSRP2, CTSL2, CUGBP2, CXCR4, DAZ1, DEPDC1, DEPDC1B, DIAPH3, DLGAP5, DNA2, DOK5, DPYD, DPYSL3, DSCC1, DSN1, DTL, DYNLT3, E2F1, E2F2, E2F7, E2F8, ECT2, EFN2, ELOVL7, EME1, EMILIN2, EMILIN3, EML1, ENC1, ERCC6L, ESCO2, ESPL1, ETV1, EXO1, EXPH5, FAM101B, FAM114A1, FAM54A, FAM64A, FAM7A3, FAM83D, FANCI, FAT1, FBLN1, FBP1, FBXO43, FGFR2, FNDC5, FOXD1, FRMD6, FRZB, FZD5, GAS2L3, GFRA2, GINS1, GINS3, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GPSM2, GRP, GTSE1, GTSF1, HGF, HMMR, HS3ST2, ITGA6, ITPRIP, KCNG3, KCTD12, KDELC2, KIAA0101, KIAA1524, KIF11, KIF14, KIF18A, KIF23, KIFC1, LOC340109, LOC642597, LOC728052, LOC728052, LPAR1, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MAOA, MCM10, MCM5, MELK, MINA, MKI67, MLF11P, MPPED2, MRC2, MSN, MYBL1, MYBL2, MYO6, NCAPG, NCAPH, NDN, NEDD9, NEIL3, NR3C1, NRXN1, NUF2, NUSAP1, OIP5, ORC1L, OSBPL3, PBK, PCGF5, PDE5A, PEG3, PELO, PFKFB3, PHLPP1, PLD5, PLK2, PLK4, PLS3, POLA2, POLE2, POLQ, PPAP2B, PPP1R3C, PRLHR, PRSS12, PSRC1, PTGR1, PTPRE, PTPRK, PTPRM, PTTG1, PVRL3, RAD51, RBL1, RBPMS, RELL1, RFC5, RGMA, RGS5, RNF182, RRM2, S1PR3, SGOL2, SHCBP1, SHOX2, SIM1, SKA1, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SLITRK5, SMC2, SMC6, SPAG6, SPARC, SPC24, SPC25, ST8SIA4, STK17A, SUSD5, SYN2, SYNM, SYT17, TCF19, TESC, TFDP2, TFPI2, TIMP3, TLE3, TMEM132C, TMEM178, TNFAIP8, TPBG, TPTE, TPX2, TRIM29, TRIM36, TRIM68, TROAP, TWIST1, TYMS, UBE2C, UBE3B, UHRF1, WDHD1, WDR51A, WDR67, WEE1, ZFP82, ZNF367, ZNF521, y/o ZWINT, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

25 En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ALCAM, ANLN, ARHGAP24, ARHGAP6, ASCL1, ASF1B, ATAD2, AURKA, AURKB, BARD1, BASP1, BNC2, BRIP1, BUB1, BVES, C11ORF75, C12ORF48, C14ORF106, C18ORF54, C3ORF70, CCDC109B, CCDC3, CD9, CDC2, CDC45L, CDCA2, CDCA8, CDK2, CENPL, 30 CEP55, CHEK2, CHRNA7, CKAP2L, CNTN1, CRYBG3, CUGBP2, CXCR4, DAZ1, DEPDC1, DIAPH3, DLGAP5, DOK5, DPYD, DTL, DYNLT3, E2F1, E2F7, E2F8, EFNB2, ELOVL7, EMILIN2, EML1, ENC1, ESPL1, ETV1, EXO1, EXPH5, FAM54A, FAM64A, FAM7A3, FAM83D, FANCI, FAT1, FBLN1, FBXO43, FGFR2, FZD5, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GPSM2, GRP, GTSE1, GTSF1, HGF, HMMR, ITGA6, ITPRIP, KCTD12, KDELC2, KIF11, KIF14, KIF18A, KIF23, KIFC1, LOC340109, LOC728052, LPAR1, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MAOA, MCM10, MELK, 35 MINA, MKI67, MSN, MYBL1, NCAPH, NDN, NEDD9, NEIL3, NRXN1, NUF2, NUSAP1, OIP5, ORC1L, OSBPL3, PBK, PCGF5, PEG3, PEG3, PHLPP1, PLD5, PLK2, PLK4, PLS3, POLE2, PPAP2B, PPP1R3C, PRLHR, PRSS12, PTPRE, PTPRK, PTPRM, RBPMS, RELL1, RGS5, RNF182, RRM2, S1PR3, SGOL2, SHCBP1, SHOX2, SIM1, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SLITRK5, SMC6, SPAG6, SPARC, SPC24, SPC25, ST8SIA4, STK17A, SYT17, TFPI2, TIMP3, TMEM132C, TMEM178, TPBG, TPTE, TPX2, TRIM36, TWIST1, UBE3B, y/o ZNF367, en 40 comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ARHGAP24, ARHGAP6, ASCL1, ASF1B, ATAD2, AURKA, BARD1, BASP1, BNC2, BUB1, BVES, C11ORF75, CCDC3, CHEK2, CHRNA7, CKAP2L, CNTN1, CRYBG3, CUGBP2, CUGBP2, CXCR4, DAZ1, DEPDC1, DIAPH3, DLGAP5, DOK5, DPYD, DTL, DYNLT3, E2F8, EFNB2, ELOVL7, ENC1, EXPH5, FAM7A3, FANCI, FAT1, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GRP, GTSE1, GTSF1, HMMR, ITGA6, ITPRIP, KCTD12, KDELC2, LOC728052, LPAR1, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MAOA, MCM10, MELK, MINA, MKI67, MSN, MYBL1, NDN, NEDD9, NRXN1, OSBPL3, PEG3, PLK2, PLS3, PRLHR, PRSS12, PTPRK, PTPRM, RBPMS, RGS5, RNF182, RRM2, SGOL2, SIM1, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SMC6, SPAG6, SPARC, STK17A, TFPI2, TIMP3, TMEM132C, TMEM178, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ATAD2, C11ORF82, CDC45L, CNTN1, CNTN4, ciclina A, Cíclicina E, E2F1, E2F2, E2F7, ELOVL7, EME1, FGFR, FGFR2, KIAA1524, MELK, MYBL1, MYBL2, NDC80, NDN, ORC1L, PLS3, PRIMA1, RAD54L, RBL1, RBPMS, RRM2, S1PR3, SCLY, SLCIA3, SPC24, SPC25, ST8SIA4, TFDP1, TFP12, TK1, TMEM35, TTK, TWIST1, TYMS, TYK, y/o ZWINT, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

- Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre AURKB, BIRC5, BRCA1, BRCA2, BRIP1, BUB1B, CD9, DLGAP3, DYNLT3, ENC1, FBLN1, FOXM1, Gβγ, GNAI1, GNG11, GNG12, GPSM2, GUCY1B3, HGF, ITGA6, JNK, KCNJ5, KIF18A, KITLG, MMD, MSN, MYRIP, NEK2, NR3C1, NXPH1, OSBPL3, PKMYT1, PTPRM, RAD51, RAD51AP1, SLC7A2, SLC43A3, SMC6, SNAI2, SNCAIP, SSH2, STK17A, SYNPO2, TOP2A, TPTE, TRAF4, TSPAN, TSPAN4, UBE3, UBE3B, y/o VAV3, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ALCAM, AURKA, CHEK, CIT, CSRP2, E2F, ECT2, EFN2, ERK, ESPL1, GNAI, GPR161, HMMR, KIF4A, KIF14, KIF15, KIF22, KIF23, KIFC1, LPAR1, MK167, OIP5, PHLPP, PP1/PP2A, PPP1R3C, PRC1, PTTG1, RACGAP, RB, RGS5, SDC2, y/o TPX2, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
- Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ASCL1, HES6, MAPK, NMU, PEG3, PTPRK, PRLHR, PTPRK, SGOL2, SPARC, y/o ZNF217, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ASF1B, BASP1, CHAF1A, NCAPH, PBK, PRAME, SMC2, UHRF1, y/o VRK1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre C14ORF106, CEP72, KIF20A, PCNA, PEX13, PFC5, POLQ, SPAG5, SYTL4, TROAP, y/o WDR51A, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En una realización adicional, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ANLN, ARHGAP24, ASPM, BUB1, CCDC99, CEP55, CKAP2, DRAM, E2F8, PLXNA2, SLC16A10, UBE2C, UBE2S, y/o WDHD1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
- En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ARHGEF3, CTSL2, DIAPH3, FBP1, KIF2C, KIF11, PFKFB3, y/o PLK4, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ARHGEF3, CTSL2, DIAPH3, FBP1, KIF2C, KIF11, PFKFB3, y/o PLK4, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre FNDC5, HSPC159, MAB21L2, SLITRK5, SYN2, y/o ZNF367, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otra realización adicional, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre EXO1, KCTD12, MYO6, PHEBL1, SHCBP1, TPBG, y/o TUBB6, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre BTG3, GABRA5, TRIP10, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre BNC2, DPYD, EMILIN2, PPIL5, y/o TACC3, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida

susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT9, ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, BASP1, C3ORF70, C11ORF75, CCDC109B, CD9, CDCA7L, CDK2, CENPL, CLSTN2, CNTN1, CSRP2, CTSL2, CUGBP2, DEPDC1, DIAPH3, DOK5, DPYD, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FAM101B, FBLN1, FGFR2, FNDC5, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GPR177, GTSE1, HGF, KITLG, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MCM10, MINA, MSN, MYO6, MYRIP, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PRLHR, PRSS12, PTGR1, PTPRK, PVRL3, RAB32, RBPMS, SDC2, SGOL2, SLC43A3, SLC7A2, SMC2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TMEM178, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, TWIST1, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ASCL1, BARD1, BASP1, BVES, C11ORF75, CDCA7L, CNTN1, CUGBP2, DOK5, DPYD, DYNLT3, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GTSE1, GTSF1, ITPRIP, KDELC2, LOC728052, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRLHR, PRSS12, PTPRK, RBPMS, RNF182, SGOL2, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SMC6, SPARC, TFPI2, TMEM178, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ASCL1, BASP1, DOK5, DPYD, GNB4, GNG11, GTSF1, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRSS12, RNF182, SLC44A5, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, CD9, CDK2, CSRP2, CTSL2, DIAPH3, DOK5, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, HGF, KITLG, LPAR1, MCM10, MSN, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PTPRK, RAB32, SDC2, SLC43A3, SLC7A2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, y/o TWIST1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ASCL1, BARD1, DOK5, DYNLT3, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, LPAR1, MSN, PEG3, PLK2, PTPRK, SLC43A3, SLC7A2, SMC6, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ASCL1, DOK5, GNB4, GNG11, MSN, PEG3, PLK2, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT9, BASP1, C11ORF75, CCDC109B, CDCA7L, CLSTN2, CNTN1, CUGBP2, DEPDC1, DPYD, FAM101B, FNDC5, GTSE1, MAOA, MINA, MYO6, MYRIP, PLK2, PRLHR, PVRL3, RBPMS, SGOL2, SMC2, TFP12, TMEM178, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre BASP1, C11ORF75, CDCA7L, CNTN1, CUGBP2, DPYD, GTSE1, MAOA, MINA, PLK2, PRLHR, RBPMS, SGOL2, TFPI2, y/o TMEM178, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre BASP1, DPYD, MAOA, MINA, PLK2, y/o TFPI2, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

En una realización adicional, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre C3ORF70, MAB21L2, PRSS12, CENPL, GPR177, y/o PTGR1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre MAB21L2 y/o PRSS12, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en

células de la línea celular 2D6.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 6 u 8, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 6 u 8 de, *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 6 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 6 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre AATK, ABCA2, ABCC5, ABCC8, ABR, ABTB1, ACOT1, ACRBP, ACRV1, ACYP2, ADARB1, ADCY1, ADM, AFF1, AGAP4, AGPAT3, AGXT2L2, AHI1, AKAP9, AKIRIN1, AKT2, AMH, ANK2, ANK3, ANKHD1, ANKRD17, ANKRD50, ANKS1A, AQP1, ARF1, ARHGAP1, ARHGAP23, ARL17A, ASAM, ASPHD1, ATP2B3, ATP2B3, ATP6V0A1, ATP8B2, ATP9A, BACE1, BACH2, BLZF1, BPTF, BRUNOL4, BRUNOL5, BRWD1, BRWD2, BTBD18, BTN3A3, BZRAP1, C14ORF159, C15ORF24, C15ORF57, C16ORF52, C17ORF28, C1ORF21, C1ORF21, C1ORF50, C21ORF57, C21ORF59, C21ORF66, C2CD2, C2CD4A, C2ORF60, C2ORF68, C3ORF23, C4ORF41, C5ORF42, C6ORF154, C6ORF52, C7ORF28B, C7ORF54, C9ORF150, C9ORF68, CACNA1D, CALY, CAMK2B, CAMK2N2, CAP2, CAPN2, CARTPT, CBS, CCDC104, CCDC50, CCDC76, CD151, CD163L1, CD302, CDC42EP1, CDH10, CDH12, CDKN1C, CDKN2A, CDS1, CFC1, CHD5, CLCN3, CLDN12, CLIP4, CLMN, CNGA3, CNM1, CNOT6L, COL6A1, COPA, CPNE8, CRKRS, CRTCL, CRYGS, CSTB, CTSK, CUL4A, CYGB, CYLD, CYP2E1, CYP3A5, CYTL1, D4S234E, CDKL1, DCTD, DEPDC6, DHX36, DIP2A, DIS3, DKFZP547G183, DNJC22, DTNA, DTWD1, DUSP16, DUSP5, DVL3, EFN3B, EIF3C, ELFN2, ENOSF1, ERAP1, ERBB2, ERBB4, ERM2, ETRFDH, EXOSC6, FADS3, FAM120AOS, FAM150B, FAM165B, FAM184B, FAM30A, FAM46A, FAM66C, FAT4, FBRSL1, FBXW7, FGD5, FGF13, FLJ33630, FNBP1, FOXO6, FUBP3, GAL, GAL, GLT25D2, GNAS, GOLGA8A, GPR123, GPX7, GRIA2, GRIP2, GRM5, GUCY1A3, H2AFY, HCG 1776018, HCG 2022304, HCN4, HEATR1, HELQ, HERC4, HERPUD2, HEXDC, HGSNAT, HIST1H2AC, HIST1H2AE, HIST1H2BD, HIST1H2BK, HIST1H3I, HIST2H2BE, HIVEP3, HNRNPM, HNRNPR, HPCAL1, HPCAL4, HSPD1, IER3, IL10RB, IL17B, INTU, JMY, KAT2B, KATNB1, KBTBD11, KCNMA1, KCNQ2, KCNS2, KCTD13, KHDC1, KIAA0125, KIAA1370, KIAA1598, KIF1A, KIF5C, KIF5C, KISS1R, KLHDC1, LCOLR, LGALS3BP, LOC100130097, LOC100130360, LOC100130522, LOC100272228, LOC284408, LOC399491, LOC401320, LOC641298, LOC642852, LOC90110, LOC94431, LONRF2, LRP2BP, LRRC37A2, LRRFIP1, LTBP3, LYPLAL1, LYRM5, MAP3K5, MAP7, MAP9, MCM3AP, MCM3APAS, MCTP1, MEOX2, METTL3, MFSD4, MGAT4A, MLXIP, MRPL1, MRPS33, MST1, MUC20, MXD1, MZF1, NAMPT, NAP1L3, NBP1, NBP10, NCOA7, NCRNA00171, NCRNA00182, NDRG1, NDUFA4L2, NDUFV3, NEBL, NELF, NHEDC2, NHEG1, NIPAL2, NIPAL3, NLRX1, NOL3, NSMAF, NUDT19, NUP153, NUP54, OLFM3, OR7D2, OSBP, PABPC1L, PABPC4, PACRGL, PAM, PAPP, PAQR6, PARP12, PCBD2, PCNXL2, PDCD6, PDE4C, PDE9A, PDGFRB, PDIA2, PGAP1, PHF17, PHKA2, PHKA2, PHLDA2, PIGH, PION, PKD1, PLA2G4C, PLCB4, PLEKHH1, PLP2, PLRG1, PLXNC1, PNCK, PNMA3, POFUT2, POGK, PPAPDC1A, PPAPDC1B, PPID, PPIE, PPM1K, PPP1R2, PPP2R2C, PPT1, PRKACB, PRPH, PSMB7, PTC1, PTGER2, PTGS1, PTN, PTPRD, PTPRN, RAB11FIP3, RAB6B, RAF1, RGAG4, RGS11, RGS8, RHBDL1, RHOQ, RHOU, RLF, RNASET2, RNF13, RNF149, RNF165, RNF207, RNF41, RPL37, RSL1D1, RUNDC3A, S100A6, SCMH1, SCN2A, SERP1, SETX, SFRS18, SFXN3, SGK3, SH3BP5, SH3GL2, SH3YL1, SHC2, SHC4, SIGIRR, SIK1, SLC12A7, SLC1A2, SLC1A6,

- SLC22A17, SLC35F3, SLC38A5, SLC01A2, SMAGP, SMAP2, SNCA, SOBP, SORCS1, SORL1, SPINT2, SPIRE2, SPOCK2, SRR, ST8SIA3, STAR, STEAP3, STOX2, STX3, SYNJ1, SYT13, SYT5, TAF10, TANC2, TCEA1, THBS2, THSD4, TIMP1, TM2D1, TMEM111, TMEM151A, TMEM184C, TMEM41B, TMEM43, TMEM5, TMEM59L, TMIE, TNFRSF25, TNFRSF25, TOX4, TP53BP1, TPM3, TRA2A, TRIM33, TRIM73, TRIM8, TRIT1, TSR1, TTC17, TTC3, TTC39C, TUSC3, TXLNB, U2AF1, UBE2D3, UBE2G2, UBN2, UBXN6, UCN, UGP2, UNC80, UNQ1887, USP36, USPL1, VN1R1, VPS13C, VPS53, VPS8, WDFY3, WDR27, WDR85, WSB1, YJEFN3, YLPM1, ZDHHC11, ZER1, ZG16B, ZNF275, ZNF440, ZNF573, ZNF641, ZNF662, ZNF785, y/o ZNF814, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
- 10 En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT1, ADARB1, ADM, ANK2, AQP1, ASAM, C2CD4A, C3ORF23, CACNA1D, CAMK2B, CAP2, CARTPT, CD163L1, CDC42EP1, CDH10, CDKN1C, CDKN2A, CFC1, CLMN, CPNE8, CYGB, CYP2E1, CYTL1, DNAJC22, DUSP5, ENOSF1, ERAP1, FGF13, FOXO6, GAL, GNAS, GPX7, GRIA2, GRM5, HCG 1776018, HIST1H2AC, HIST1H2BD, HIST1H2BK, HIST2H2BE, IL17B, KIAA0125, KIAA1598, KISS1R, LRP2BP, MEOX2, NCRNA00182, NDRG1, NDUFA4L2, NIPAL2, NUDT19, PDE4C, PHKA2, PHLDA2, PTGER2, RGS11, S100A6, SCN2A, SHC4, SIGIRR, SLC1A2, SLC1A6, SLC35F3, SLC38A5, SORCS1, SYT13, SYT5, THBS2, TIMP1, y/o TMEM111, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
- 20 En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT1, ADARB1, ANK2, AQP1, C3ORF23, CAP2, CARTPT, CD163L1, CDC42EP1, CDKN2A, CFC1, CPNE8, CYGB, CYP2E1, CYTL1, FGF13, FOXO6, GNAS, GRIA2, GRM5, HIST1H2AC, IL17B, KIAA0125, KIAA1598, KISS1R, MEOX2, NDRG1, NDUFA4L2, NIPAL2, PDE4C, PHKA2, RGS11, SCN2A, SLC1A2, SLC35F3, SLC38A5, SYT13, y/o THBS2, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
- 30 Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre AQP1, CAP2, CARTPT, CD163L1, CDC42EP1, CFC1, CPNE8, CYGB, CYP2E1, CYTL1, FGF13, GNAS, GRIA2, GRM5, HIST1H2AC, IL17B, KIAA0125, MEOX2, NDUFA4L2, PDE4C, PHKA2, RGS11, SLC1A2, SLC35F3, SLC38A5, y/o SYT13, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
- 35 En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ANXA2, AQP1, ARHGAP9, CDH10, CDKN2A, CHPT1, CNTN2, ERAP1, y/o RGS11, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ABCC8, AELIM3, CAP2, IL17B, MEF2A, NEEBL, PHC, S100A6, SLC1A6, SMAD1, SMAD5, SMAD8, SYT13, y/o SYTL1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CSTB, GPCR, GRIM5, KISSR, SCN2A, SLC1A2, y/o THBS2, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
- 50 En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADARB1, ADM, PTPPH, y/o SLC01A2, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CNGA3, HIST1H3E, y/o PTGS1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre HIST1H2BD y/o OSCAR, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En una realización adicional, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5
- 60

en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CALY, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre COL5A1 y/o MICAL2, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre OLFML2A y/o SIGIRR, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre HPCAL1 y/o LPAR5, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6. En una realización adicional, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre HTR1E y/o SORCS1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ANK2, CPNE8, CREB5, IL17B, KIAA0125, LOC100289109, LOC144571, NPAS4, SLC1A2, SORCS1, THBS2, y/o ZNF814, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A que muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 9, 10, 11 o 12, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 9, 10, 11 o 12, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 9, 10, 11 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 9, 10, 11 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. La proporción logarítmica de las Tablas 9, 10, 11, o 12 representan valores de $\log_2$ donde 0,585 es $\log_2(1,5)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 1,5, 1 es $\log_2(2)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 2, 1,584 es $\log_2(3)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 3, 2 es $\log_2(4)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 4, 2,321 es $\log_2(5)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 5, 2,584 es $\log_2(6)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 6, 2,807 es $\log_2(7)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 7, 3 es $\log_2(8)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 8, 3,169 es $\log_2(9)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 9, y 3,321 es $\log_2(10)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 10.

- En una realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT9, ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, BASP1, C3ORF70, C11ORF75, CCDC109B, CD9, CDCA7L, CDK2, CENPL, CLSTN2, CNTN1, CSRP2, CTSL2, CUGBP2, DEPD1, DIAPH3, DOK5, DPYD, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FAM101B, FBLN1, FGFR2, FNDC5, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GPR177, GTSE1, HGF, KITLG, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MCM10, MINA, MSN, MYO6, MYRIP, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PRLHR, PRSS12, PTGR1, PTPRK, PVRL3, RAB32, RBPMS, SDC2, SGOL2, SLC43A3, SLC7A2, SMC2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TMEM178, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, TWIST1, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ASCL1, BARD1, BASP1, BVES, C11ORF75, CDCA7L, CNTN1, CUGBP2, DOK5, DPYD, DYNLT3, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GTSE1, GTSF1, ITPRIP, KDELC2, LOC728052, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRLHR, PRSS12, PTPRK, RBPMS, RNF182, SGOL2, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SMC6, SPARC, TFPI2, TMEM178, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ASCL1, BASP1, DOK5, DPYD, GNB4, GNG11, GTSF1, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRSS12, RNF182, SLC44A5, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.
- En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 9 u 11, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 9 u 11 de *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 9 u 11 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 9 u 11 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.
- En una realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ADRM1, AFF4, AGAP4, ALCAM, ANAPC7, ANKRD13D, ANKRD28, API5, ARF1, ARHGAP6, ARHGEF10, ARHGEF6, ARL17A, ASCL1, ASXL1, ASXL3, ATF7IP, B3GALNT2, BASP1, BLCAP, BNC2, C10ORF58, C12ORF49, C12ORF51, C10ORF43, C20ORF117, C20ORF7, CADM1, CADPS, CALCB, CAPN1, CAPRIN2, CBLB, CBLN2, CBWD1, CCDC150, CCDC3, CD9, CDC25B, CFDP1, CHRNA7, CIAPIN1, CLASP2, CNOT7, CPVL, CRYBG3, CSE1L, CTTNBP2NL, CUGBP2, CXCR4, DACT1, DAZ1, DBH, DCAF8, DENR, DHX35, DKFZP434L187, DLEU2, DLL1, DLL3, DYNC2H1, EAF2, EFNA5, EIF3B, EIF3C, ELOVL7, EML1, EML4, ENC1, EVL, EXOSC6, EXPH5, EZH2, FAM178A, FAM181B, FAM19A4, FAM7A3, FLJ10213, FUBP3, FUS, FZD5, GAP43, GFM1, GFRA2, GGA2, GNAI1, GNAS, GNB4, GNG11, GOLGA4, GPR125, GRM8, GRP, GSPT1, GSS, GSTCD,

GULP1, HAUS2, HEG1, HNRNPL, HNRNPM, HOXA7, HOXD4, ID2, IDH3B, IL1A, INSM1, IREB2, ITGA6, ITGB5, KCTD12, KDELC2, KHDRBS3, KIAA0907, KIAA1267, KIF16B, KLC1, KLHL13, LBH, LMO4, LOC100128844, LOC340109, LOC641298, LOC647190, LOC728052, LOC728153, LRPPRC, LRRFIP2, LSM3, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MAN2A1, MAOA, MARS, MDN1, MED13L, MED22, MGC24103, MINA, MKLN1, MLEC, MMD, MORF4L2, MPZL1, MSH6, MSI2, MSN, MTMR9, MYO1B, MYO6, N4BP2, NAAA, NDUFS8, NEDD9, NFIB, NKTR, NLN, NOS1, NR2C1, NUFIP2, NUPL1, OSBPL3, PAPD4, PCBP2, PCDH9, PCGF5, PCNX, PDLIM5, PDZRN3, PELI2, PFKFB3, PGP, PHF20, PLK2, PLXNA2, PLXNA4, PM20D2, POLE, POLQ, PPP2R2A, PPP2R3C, PRDX2, PSMA7, PSME4, PTGFRN, PTK2, PTPN1, PTPRE, PTPRG, QKI, RAB12, RAB35, RAB3GAP2, RAD23B, RAF1, RALGAP1, RAN, RASEF, RBL1, RDH11, RELL1, REPS1, RGS5, RIMBP2, RNF182, RNF34, RNPEP, ROBO2, RPAIN, RPL35A, RPRD1A, S1PR3, SALL4, SBNO1, SCARB2, SDHA, SEMA6A, SEZ6L, SF1, SFRS8, SIM1, SIRT2, SKIL, SLC20A1, SLC44A5, SLC7A2, SLCO3A1, SLITRK5, SMAD4, SMARCC2, SMC3, SNRPB2, SNRPN, SNX5, SOX2, SPAG6, SPAG9, SPATS2L, SPON1, SR140, SSBP2, ST8SIA1, STMN3, STRA6, SYNCRIIP, SYTL3, TAF15, TCF7L2, TDG, TERT, TFPI2, TGFB1, TH1L, THOC4, TIMP3, TLE3, TMEM132C, TMEM178, TMEM181, TNRC6A, TPBG, TRA2A, TRIM29, TRIM36, TSHZ3, TXNRD1, U2AF1, UBE2O, UBE2V1, UBE2Z, UBXN2A, UCHL1, USP25, USP32, USP34, VPS29, XPO1, XPO7, ZFAND6, ZFH4, ZFYVE16, ZGPAT, ZNF217, ZNF451, ZNF503, y/o ZNF664, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ALCAM, ARHGAP6, ARHGEF6, ASCL1, BNC2, CBLN2, CCDC150, CCDC3, CHRNA7, CRYBG3, CUGBP2, CXCR4, DAZ1, DKFZP434L187, DLL1, EFNA5, ELOVL7, EML1, EML4, ENC1, EXPH5, FAM7A3, FZD5, GFRA2, GNAI1, GNB4, GNG11, GRP, ID2, ITGA6, KCTD12, LOC100128844, LOC340109, LOC728052, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MAOA, MGC24103, MSN, NEDD9, NFIB, OSBPL3, PAPD4, PCDH9, PDZRN3, PLK2, POLQ, PTGFRN, PTPRE, PTPRG, RAD23B, RGS5, RNF182, ROBO2, SIM1, SLC20A1, SLC44A5, SLITRK5, SPAG6, SPAG9, SR140, TFPI2, TIMP3, TMEM132C, TPBG, TRIM29, TRIM36, y/o ZFAND6, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ALCAM, ARHGAP6, ARHGEF6, CBLN2, CCDC3, CHRNA7, CRYBG3, CUGBP2, CXCR4, DAZ1, ELOVL7, EML1, EXPH5, FAM7A3, GNB4, GNG11, GRP, ITGA6, KCTD12, LOC340109, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MGC24103, PCDH9, PLK2, POLQ, PTPRE, RGS5, RNF182, ROBO2, SIM1, SLC44A5, SLITRK5, SPAG6, TIMP3, y/o TMEM132C, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CBLN2, CCDC3, CHRNA7, CRYBG3, CXCR4, DAZ1, EXPH5, FAM7A3, GNB4, GRP, KCTD12, LUM, MGC24103, PCDH9, PLK2, POLQ, PTPRE, RGS5, ROBO2, SIM1, SLITRK5, TIMP3, y/o TMEM132C, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16 de *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o

más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, p. ej., alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 14 o 16 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT9, ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, BASP1, C3ORF70, C11ORF75, CCDC109B, CD9, CDCA7L, CDK2, CENPL, CLSTN2, CNTN1, CSRP2, CTSL2, CUGBP2, DEPDC1, DIAPH3, DOK5, DPYD, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FAM101B, FBLN1, FGFR2, FNDC5, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GPR177, GTSE1, HGF, KITLG, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MCM10, MINA, MSN, MYO6, MYRIP, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PRLHR, PRSS12, PTGR1, PTPRK, PVRL3, RAB32, RBPMS, SDC2, SGOL2, SLC43A3, SLC7A2, SMC2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TMEM178, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, TWIST1, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ASCL1, BARD1, BASP1, BVES, C11ORF75, CDCA7L, CNTN1, CUGBP2, DOK5, DPYD, DYNLT3, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GTSE1, GTSF1, ITPRIP, KDELC2, LOC728052, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRLHR, PRSS12, PTPRK, RBPMS, RNF182, SGOL2, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SMC6, SPARC, TFPI2, TMEM178, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ASCL1, BASP1, DOK5, DPYD, GNB4, GNG11, GTSF1, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRSS12, RNF182, SLC44A5, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, CD9, CDK2, CSRP2, CTSL2, DIAPH3, DOK5, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, HGF, KITLG, LPAR1, MCM10, MSN, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PTPRK, RAB32, SDC2, SLC43A3, SLC7A2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, y/o TWIST1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ASCL1, BARD1, DOK5, DYNLT3, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, LPAR1, MSN, PEG3, PLK2, PTPRK, SLC43A3, SLC7A2, SMC6, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ASCL1, DOK5, GNB4, GNG11, MSN, PEG3, PLK2, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT9, BASP1, C11ORF75, CCDC109B, CDCA7L, CLSTN2, CNTN1, CUGBP2, DEPDC1, DPYD, FAM101B, FNDC5, GTSE1, MAOA, MINA, MYO6, MYRIP, PLK2, PRLHR, PVRL3, RBPMS, SGOL2, SMC2, TFP12, TMEM178, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En un aspecto de la presente realización, las células de

- una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre *BASP1*, *C11ORF75*, *CDCA7L*, *CNTN1*, *CUGBP2*, *DPYD*, *GTSE1*, *MAOA*, *MINA*, *PLK2*, *PRLHR*, *RPMS*, *SGOL2*, *TFPI2*, y/o *TMEM178*, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre *BASP1*, *DPYD*, *MAOA*, *MINA*, *PLK2*, y/o *TFPI2*, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.
- En una realización adicional, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre *C3ORF70*, *MAB21L2*, *PRSS12*, *CENPL*, *GPR177*, y/o *PTGR1*, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre *MAB21L2* y/o *PRSS12*, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.
- En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 10 o 12, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 10 o 12, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 10 o 12 de *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 10 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 10 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.
- En una realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre *1-Mar*, *ABCG1*, *ABTB1*, *ACOT1*, *ACSL1*, *ACVR1*, *ACVR2A*, *ACYP2*, *ADAMTS1*, *ADAMTS3*, *ADAMTSL1*, *ADARB1*, *ADCY1*, *ADD2*, *ADO*, *AFF3*, *AKAP12*, *ALDH1A2*, *ALKBH1*, *ALLC*, *AMN1*, *ANKH*, *ANKRA2*, *ANKRD50*, *ANXA5*, *AP3B2*, *ARMC10*, *ARMCX5*, *ASAM*, *ASB13*, *ASPHD1*, *ATG5*, *ATL3*, *ATP2B3*, *ATP2C1*, *ATRN1*, *B3GALT1*, *BACE1*, *BACE2*, *BBS10*, *BBS7*, *BCAP29*, *BCL2*, *BCORL1*, *BRUNOL4*, *BRUNOL6*, *BRWD1*, *BTN3A3*, *C10ORF10*, *C10ORF104*, *C11ORF57*, *C11ORF70*, *C14ORF167*, *C15ORF39*, *C16ORF52*, *C17ORF69*, *C18ORF18*, *C1GALT1C1*, *C1ORF21*, *C1ORF25*, *C1ORF97*, *C1RL*, *C21ORF57*, *C2CD2*, *C2CD4A*, *C2ORF67*, *C2ORF68*, *C3ORF23*, *C4ORF12*, *C4ORF39*, *C4ORF41*, *C5ORF42*, *C6ORF120*, *C9ORF150*, *CADM2*, *CAMK2D*, *CAMK2N1*, *CAMK2N2*, *CAP2*, *CAPN2*, *CARTPT*, *CCDC126*, *CCDC40*, *CCDC50*, *CCNY*, *CD248*, *CD302*, *CDC2L6*, *CDC37L1*, *CDC42EP3*, *CDH12*, *CDKN1C*, *CDKN2A*, *CDS1*, *CFC1*, *CHMP1B*, *CLCN3*, *CLDN12*, *CLMN*, *CLN8*, *CNGA3*, *CNNM1*, *CNOT6L*, *COL27A1*, *COL5A1*, *COL6A1*, *COL6A2*, *COL6A3*, *COX18*, *COX5B*, *CRYGD*,

CRYZL1, CTPS2, CTSC, CYB5R2, CYGB, CYLD, CYP2E1, CYP2U1, CYTL1, CYR1, D4S234E, DAB1, DBT, DCAF10, DCLK1, DCTD, DDAH1, DHRSX, DISP1, DKFZP434I0714, DKK1, DNAJC12, DNAJC24, DNASE1L1, DNER, DOPEY2, DRAM2, DSCAM, DSCR3, DTX3L, DUSP16, DUSP22, ECEL1, ECHDC3, EEF1D, EEF2K, EFEMP2, EFNB3, EMID1, ENOX2, ERAP1, ERBB2, ERBB4, ETFDH, ETS2, EYA1, FAM13C, FAM162B, FAM165B, FAM172A, FAM175A, FAM190A, FAM26F, FAM46A, FAM49A, FAM71E1, FAM76A, FAM85A, FBXL5, FBXW7, FCRLB, FGD5, FGF1, FGF13, FGF19, FGF3, FGF7, FIP1L1, FKTN, FLJ10038, FLJ35220, FLJ35390, FLJ37798, FLJ39051, FOXO6, FSTL1, FUCA2, GAL, GART, GAS5, GPD5, GLCE, GLI2, GLIS1, GLIS3, GLT25D2, GNA14, GNAS, GPR123, GPX7, GRM5, GTF2H5, GUCY1A3, H2AFJ, HCG 1776018, HDAC4, HEBP2, HELQ, HERPUD2, HHLA3, HIST1H2AC, HIST1H2BD, HIST1H2BK, HIST2H2BE, HMGCLL1, HNRNP, HPCAL1, HPDL, HPS3, HSBP1L1, HSPA1A, HTATIP2, ICAM2, IFNAR1, IGFBP5, IGFBP7, IGSF5, IL10RB, IL13RA2, IL17D, IL20RA, IL7, IMMP2L, INSR, IRS1, ITGB1BP1, JMY, JRKL, KAT2B, KBTBD11, KCMF1, KCNMA1, KCNQ2, KCNQ5, KCTD18, KDM1A, KDSR, KHD1, KIAA1109, KIAA1324, KIAA1598, KIAA1804, KIRREL3, KLHDC1, KRCC1, KRCC1, LGALS3, LGALS3BP, LIFR, LINGO1, LIPT1, LMAN2L, LMCD1, LOC100129195, LOC100129884, LOC100130522, LOC100130856, LOC100132167, LOC100216479, LOC100272217, LOC100287039, LOC151146, LOC153682, LOC220930, LOC254128, LOC255167, LOC283588, LOC285286, LOC285550, LOC285878, LOC286052, LOC339290, LOC401321, LOC645513, LOC80154, LOC90246, LOC93622, LOC94431, LPAR3, LPHN2, LRCH2, LRP2BP, LYRM1, LYRM5, MAGI2, MANSC1, MAP3K13, MAP3K5, MAP9, MAPKAP1, MBD5, MBLAC2, MBNL1, MCTP1, MED6, MEGF11, MEOX2, MET, METT5D1, MFSD4, MFSD6, MFSD9, MGAT4A, MORC3, MREG, MRPS18C, MRPS33, MST1, MTMR3, MTUS2, MXRA7, N4BP3, NAP1L3, NCAM1, NCAM2, NCOA7, NCRNA00081, NCRNA00117, NCRNA00171, NDUFA4L2, NDUFV3, NEAT1, NEBL, NEIL2, NETO1, NFATC4, NHEDC2, NIPAL3, NLRX1, NNAT, NOTCH4, NPW, NPY, NR1H3, NR2F1, NT5E, NUDT19, NUDT6, OGFRL1, OLFM3, OMA1, OPRM1, OPTN, P4HTM, PABPC4L, PABPC5, PAK1, PAM, PAPOLG, PAPP, PBX1, PCDHB10, PCDHB16, PCNX, PCNXL2, PDCD2, PDE4DIP, PDGFRB, PEX12, PEX6, PHKA1, PHLDB3, PIBF1, PID1, PIGH, PIGP, PIK3CB, PIWIL2, PKNOX1, PKNOX2, PLA2G12A, PLCB1, PLEKHA2, PLEKHA3, PLIN2, PLRG1, POLR3GL, POU6F1, PPAPDC1A, PPOX, PPP1R14A, PPP2R5C, PPP3CA, PRAME, PRKACB, PRMT2, PRPH, PSD3, PSTK, PTGER2, PTGES, PTN, PTP4A3, PTPRD, PTPRN2, PTPRR, QPCT, RAB4A, RAB6B, RAC2, RAI2, RCAN1, RCC1, RDH13, RFPL1S, RG9MTD2, RGAG4, RHBDD1, RHBDF2, RHOU, RNF13, RNF41, RNLS, RPL31, RPL37, RPRD1A, RRN3, RSL1D1, RSPH3, SAP30, SAV1, SCG5, SCN5A, SERTAD4, SGMS1, SH3BGR, SH3GL2, SH3KBP1, SH3YL1, SIAE, SIGIRR, SIK1, SIK3, SIX2, SLC12A7, SLC16A14, SLC22A17, SLC22A5, SLC25A12, SLC25A4, SLC35F3, SLC6A15, SLIT1, SMARCA2, SMEK2, SNAP91, SNCA, SOCS5, SORCS2, SPATA17, SPATA7, SPIN3, SPINT1, SPINT2, SPOCK2, SPRED1, SSPN, ST8SIA3, STAC2, STAR, STEAP3, STOX2, STX12, STXBP5L, SUCLG2, SYNJ1, SYNPR, SYT13, TAF12, TAF1B, TBC1D12, TBC1D15, TCEAL2, TEX264, THAP2, TM2D1, TMCC1, TMEM182, TMEM184C, TMEM196, TMEM45B, TMEM5, TMEM59L, TMEM65, TMIE, TNC, TNFRSF10D, TNFSF4, TOX, TRAPPC9, TRHDE, TRIM61, TRIM69, TSPAN7, TSPAN9, TTC23, TTC39C, TUSC3, TXLNB, UBE2D3, UBE2W, UCN, UNC5A, UTP23, VPS37A, VSTM2A, WASF3, WDFY3, WDC1, XPR1, XYLT1, ZBTB41, ZC3H12B, ZNF148, ZNF185, ZNF22, ZNF23, ZNF25, ZNF250, ZNF280D, ZNF285A, ZNF295, ZNF346, ZNF528, ZNF585A, ZNF610, ZNF641, ZNF662, ZNF677, y/o ZNF862, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

40 En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT1, ADARB1, ASAM, BACE2, C11ORF70, C2CD4A, C3ORF23, CADM2, CAP2, CARTPT, CDKN1C, CFC1, CNGA3, COL5A1, CYGB, CYP2E1, CYTL1, DSCAM, ECEL1, ECHDC3, FAM26F, FAM49A, FGF1, FGF13, FGF19, FLJ39051, FUCA2, GAL, GPX7, GRM5, HCG 1776018, HHLA3, HIST1H2AC, HIST1H2BD, HSPA1A, HTATIP2, ICAM2, IGFBP5, IGFBP7, IL13RA2, KCNMA1, KCNQ5, KIAA1598, KRCC1, LMCD1, LOC100216479, LOC254128, LOC339290, LPAR3, MEGF11, MEOX2, NCAM2, NDUFA4L2, NEAT1, NNAT, NPW, NPY, PABPC4L, PAPP, PID1, PPAPDC1A, PRAME, PRKACB, PTGER2, PTN, PTP4A3, RAC2, SLC35F3, SYT13, TCEAL2, THAP2, TMIE, TNFRSF10D, TRHDE, TXLNB, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT1, ASAM, BACE2, C11ORF70, C2CD4A, C3ORF23, CADM2, CAP2, CARTPT, CFC1, CNGA3, CYGB, CYP2E1, CYTL1, DSCAM, ECEL1, ECHDC3, FGF1, FGF13, FUCA2, GAL, GPX7, HSPA1A, HTATIP2, ICAM2, IGFBP5, IGFBP7, KIAA1598, KRCC1, LMCD1, LOC100216479, LOC254128, LOC339290, LPAR3, MEOX2, NDUFA4L2, NEAT1, NNAT, NPW, NPY, PAPP, PID1, PPAPDC1A, PRAME, PTN, SLC35F3, SYT13, TCEAL2, TMIE, TNFRSF10D, TRHDE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

60

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre C11ORF70, CADM2, CAP2, CARTPT, CNGA3, CYGB, CYP2E1, CYTL1, DSCAM, FGF13, FUCA2, GAL, HSPA1A, HTATIP2, ICAM2, IGFBP5, IGFBP7, LMCD1, LOC100216479, MEOX2, NDUFA4L2, NEAT1, NNAT, NPW, PID1, PRAME, SLC35F3, SYT13, TCEAL2, TMIE, TNFRSF10D, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 5 o 7 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, y un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 9 u 11 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 5 o 7 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, y un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 9 u 11 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 5 o 7 de, *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, y muestran un incremento en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 9 u 11 de, *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 5 o 7 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, e incluidos en las Tablas 9 u 11 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 5 o 7 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, e incluidos en las Tablas 9 u 11 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ALCAM, ANAPC7, ARF1, ARHGAP6, ARHGEF6, ARL17A, ASCL1, ASXL3, BASP1, BNC2, C10ORF58, C12ORF49, C1ORF43, C20ORF7, CBLB, CBWD1, CCDC3, CD9, CDC25B, CHRNA7, CPVL, CRYBG3, CSE1L, CUGBP2, CXCR4, DACT1, DAZ1, DBH, DHX35, DKFZP434L187, DLEU2, DLL3, EAF2, EFNA5, EIF3C, ELOVL7, EML1, ENC1, EXOSC6, EXPH5, EZH2, FAM181B, FAM19A4, FAM7A3, FUBP3, FZD5, GAP43, GFRA2, GNAI1, GNB4, GNG11, GPR125, GRP, GSS, ITGA6, ITGA6, ITGB5, KCTD12, KDELC2, KHDRBS3, KIF16B, KLHL13, LBH, LOC100128844, LOC340109, LOC641298, LOC728052, LUM, MAB21L1, MAN2A1, MAOA, MINA, MMD, MSN, MYO1B, MYO6, NAAA, NEDD9, NOS1, OSBPL3, PCGF5, PELI2, PFKFB3, PHF20, PLK2, PLS3, PLXNA2, PLXNA4, PM20D2, POLE, PSMA7, PTGFRN, PTPRE, PTPRG, RAB35, RAF1, RAN, RASEF, RBL1, RELL1, RGS5, RIMBP2, RNF182, RNF34, S1PR3, SALL4, SEMA6A, SEZ6L, SIM1, SLC44A5, SLC7A2, SLCO3A1, SLITRK5, SPAG6, SPATS2L, ST8SIA1, STMN3, STRA6, TCF7L2, TFPI2, TH1L, THOC4, TIMP3, TLE3, TMEM132C, TMEM178, TPBG, TRA2A, TRIM29, TRIM36, TSHZ3, TXNRD1, U2AF1, UBE2V1,

VPS29, ZFH4, ZGPAT, ZNF217, y/o ZNF503, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ALCAM, ARHGAP6, ARHGEF6, ASCL1, BNC2, CCDC3, CHRNA7, CRYBG3, CUGBP2, CXCR4, DAZ1, EFNA5, ELOVL7, EML1, ENC1, EXPH5, FAM7A3, FZD5, GFRA2, GNAI1, GNB4, GNG11, GRP, ITGA6, KCTD12, LOC100128844, LOC340109, LOC728052, LUM, MAB21L1, MAB21L2, MAOA, MSN, NEDD9, OSBPL3, PLK2, PTGFRN, PTPRE, RGS5, RNF182, SIM1, SLC44A5, SLITRK5, SPAG6, TFPI2, TIMP3, TMEM132C, TPBG, TRIM29, y/o TRIM36, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ALCAM, ARHGAP6, ARHGEF6, CCDC3, CHRNA7, CRYBG3, CUGBP2, CXCR4, DAZ1, ELOVL7, EML1, EXPH5, FAM7A3, GNB4, GNG11, GRP, ITGA6, KCTD12, LOC340109, LUM, MAB21L1, MAB21L2, PLK2, PTPRE, RGS5, RNF182, SIM1, SLC44A5, SLITRK5, SPAG6, TIMP3, y/o TMEM132C, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CCDC3, CHRNA7, CRYBG3, CXCR4, DAZ1, EXPH5, FAM7A3, GNB4, GRP, KCTD12, LUM, PLK2, PTPRE, RGS5, SIM1, SLITRK5, TIMP3, y/o TMEM132C, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ALCAM, ARF1, ARL17A, ASCL1, BASP1, CD9, CUGBP2, EAF2, EIF3C, FAM181B, FUBP3, GNAI1, GNB4, GNG11, KDELC2, KHDRBS3, KLHL13, LOC641298, LOC728052, MAB21L2, MAOA, MINA, MSN, MYO6, PLK2, PLS3, RAF1, RELL1, RNF182, SEZ6L, SEZ6L, SIM1, SLC44A5, SLC7A2, SLCO3A1, SLITRK5, SPATS2L, TCF7L2, TFPI2, TMEM178, TRA2A, U2AF1, y/o ZNF217, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre A2BP1, ALCAM, ARF1, ASCL1, BASP1, CD9, CUGBP2, EIF3C, FUBP3, GNAI1, GNB4, GNG11, KDELC2, KHDRBS3, LOC641298, LOC728052, MAB21L2, MAOA, MINA, MSN, MYO6, PLK2, PLS3, RELL1, RNF182, SIM1, SLC44A5, SLC7A2, SLCO3A1, SLITRK5, TCF7L2, TFPI2, TMEM178, TRA2A, y/o ZNF217, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ASCL1, CUGBP2, GNAI1, GNB4, GNG11, LOC728052, MAB21L2, MAOA, MSN, PLK2, RNF182, SIM1, SLC44A5, SLITRK5, y/o TFPI2, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre GNB4, GNG11, PLK2, RNF182, SIM1, SLC44A5, y/o SLITRK5, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre GNB4, PLK2, SIM1, y/o SLITRK5, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ

ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 6 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, y una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 10 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de una línea celular SiMa parental. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 6 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea de células 2D6, y una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 10 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 6 u 8 de, *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, y una disminución en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 10 o 12 de, *p. ej.*, al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 6 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, e incluidos en las Tablas 10 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en los niveles de expresión génica de, *p. ej.*, alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 6 u 8 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, e incluidos en las Tablas 10 o 12 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En una realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ABTB1, ACOT1, ACYP2, ADARB1, ADCY1, ANKRD50, ASAM, ASPHD1, ATP2B3, BACE1, BRUNOL4, BRWD1, BTN3A3, C16ORF52, C1ORF21, C21ORF57, C2CD2, C2CD4A, C3ORF23, C9ORF150, CAMK2N2, CAP2, CAPN2, CARTPT, CD302, CDH12, CDKN2A, CDS1, CFC1, CLCN3, CLDN12, CLMN, CNGA3, CNM1, CNOT6L, COL6A1, CYGB, CYLD, CYP2E1, CYTL1, D4S234E, DCLK1, DCTD, DUSP16, EFNB3, ERAP1, ERBB2, ERBB4, ETFDH, FAM162B, FAM165B, FAM46A, FBXW7, FGD5, FGF13, FOXO6, FSTL1, GAL, GLT25D2, GNAS, GPR123, GPX7, GRM5, GUCY1A3, HCG 1776018, HELQ, HERPUD2, HIST1H2AC, HIST1H2BD, HIST1H2BK, HIST1H2BE, HNRNPR, HPCAL1, IL10RB, JMY, KAT2B, KBTBD11, KCNMA1, KCNQ2, KHDC1, KIAA1598, KLHDC1, LGALS3BP, LIFR, LOC100130522, LOC94431, LRP2BP, LYRM5, MAP3K5, MAP9, MCTP1, MEOX2, MFSD4, MGAT4A, MRPS33, MST1, NAP1L3, NCOA7, NCRNA00171, NDUFA4L2, NDUFV3, NEBL, NHEDC2, NIPAL3, NLRX1, NUDT19, OLFM3, PAM, PAPP, PCNXL2, PDGFRB, PHKA1, PIGH, PLRG1, PLRG2, PPAPDC1A, PRKACB, PRPH, PTGER2, PTN, PTPRD, RAB6B, RGAG4, RHOU, RNF13, RNF41, RSL1D1, SH3GL2, SH3YL1, SIGIRR, SIK1, SLC12A7, SLC22A17, SLC35F3, SNCA, SPINT2, SPOCK2, ST8SIA3, STAR, STEAP3, STOX2, SYNJ1, SYT13, TM2D1, TMEM184C, TMEM5, TMEM59L, TMIE, TTC39C, TUSC3, TXLNB, UCN, WDFY3, WDFY3, ZNF641, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

60

En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT1, ADARB1, ASAM, C2CD4A, C3ORF23, CAP2, CARTPT, CFC1, CNGA3, CYGB, CYP2E1, CYTL1, FGF13, GAL, GPX7, GRM5, HCG 1776018, HIST1H2AC, HIST1H2BD, KCNMA1, KIAA1598, MEOX2, NDUFA4L2, PPAPDC1A, PRKACB, PTGER2, PTN, SLC35F3, SYT13, TMIE, TXLNB, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT1, ASAM, C2CD4A, C3ORF23, CAP2, CARTPT, CFC1, CNGA3, CYGB, CYP2E1, CYTL1, FGF13, GAL, GPX7, KIAA1598, MEOX2, NDUFA4L2, PPAPDC1A, PTN, SLC35F3, SYT13, TMIE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CAP2, CARTPT, CNGA3, CYGB, CYP2E1, CYTL1, FGF13, GAL, MEOX2, NDUFA4L2, SLC35F3, SYT13, TMIE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CAP2, CDKN2A, CNGA3, FAM162B, FGF13, FOXO6, FSTL1, KCNMA1, KHDC1, LIFR, MCTP1, MEOX2, PPAPDC1A, PTN, SYT13, TMIE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CAP2, CDKN2A, CNGA3, FGF13, FOXO6, FSTL1, KCNMA1, KHDC1, MCTP1, MEOX2, PPAPDC1A, PTN, SYT13, TMIE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CNGA3, FGF13, KCNMA1, MEOX2, PPAPDC1A, PTN, SYT13, TMIE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CNGA3, FGF13, MEOX2, PPAPDC1A, PTN, SYT13, TMIE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una disminución en número de veces de al menos 1,5 veces en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre CNGA3, FGF13, MEOX2, SYT13, TMIE, y/o ZNF662, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en los niveles de expresión

génica de uno o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16 de, p. ej., al menos 1,5 veces, al menos 2,0 veces, al menos 2,5 veces, al menos 3,0 veces, al menos 3,5 veces, al menos 4,0 veces, al menos 4,5 veces, al menos 5,0 veces, al menos 5,5 veces, al menos 6,0 veces, al menos 7,0 veces, o al menos 8,0 veces en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, p. ej., 2 o más genes, 3 o más genes, 4 o más genes, 5 o más genes, 6 o más genes, 7 o más genes, 8 o más genes, 9 o más genes, 10 o más genes, 20 o más genes, 30 o más genes, 40 o más genes, 50 o más genes, 60 o más genes, 70 o más genes, 80 o más genes, 90 o más genes, o 100 o más genes incluidos en las Tablas 14 o 16 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en los niveles de expresión génica de, p. ej., alrededor de 5 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 100 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 25 genes a alrededor de 75 genes, alrededor de 5 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 10 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 15 genes a alrededor de 50 genes, alrededor de 20 genes a alrededor de 50 genes, o alrededor de 25 genes a alrededor de 50 genes incluidos en las Tablas 14 o 16 en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En una realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT9, ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, BASP1, C3ORF70, C11ORF75, CCDC109B, CD9, CDCA7L, CDK2, CENPL, CLSTN2, CNTN1, CSRP2, CTSL2, CUGBP2, DEPDC1, DIAPH3, DOK5, DPYD, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FAM101B, FBLN1, FGFR2, FNDC5, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GPR177, GTSE1, HGF, KITLG, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MCM10, MINA, MSN, MYO6, MYRIP, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PRLHR, PRSS12, PTGR1, PTPRK, PVRL3, RAB32, RBPMS, SDC2, SGOL2, SLC43A3, SLC7A2, SMC2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TMEM178, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, TWIST1, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ASCL1, BARD1, BASP1, BVES, C11ORF75, CDCA7L, CNTN1, CUGBP2, DOK5, DPYD, DYNLT3, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, GTSE1, GTSF1, ITPRIP, KDELC2, LOC728052, LPAR1, MAB21L2, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRLHR, PRSS12, PTPRK, RBPMS, RNF182, SGOL2, SLC43A3, SLC44A5, SLC7A2, SMC6, SPARC, TFPI2, TMEM178, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ASCL1, BASP1, DOK5, DPYD, GNB4, GNG11, GTSF1, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRSS12, RNF182, SLC44A5, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, CD9, CDK2, CSRP2, CTSL2, DIAPH3, DOK5, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, HGF, KITLG, LPAR1, MCM10, MSN, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PTPRK, RAB32, SDC2, SLC43A3, SLC7A2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, y/o TWIST1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ARHGAP24, ASCL1, BARD1, DOK5, DYNLT3, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, LPAR1, MSN, PEG3, PLK2, PTPRK, SLC43A3, SLC7A2, SMC6, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ADAMTS9, ASCL1, DOK5, GNB4, GNG11, MSN, PEG3, PLK2, SPARC, TFPI2, y/o TPTE, en comparación con los niveles de

expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre ACOT9, BASP1, C11ORF75, CCDC109B, CDCA7L, CLSTN2, CNTN1, CUGBP2, DEPDC1, DPYD, FAM101B, FNDC5, GTSE1, MAOA, MINA, MYO6, MYRIP, PLK2, PRLHR, PVRL3, RBPMS, SGOL2, SMC2, TFP12, TMEM178, y/o ZNF521, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre BASP1, C11ORF75, CDCA7L, CNTN1, CUGBP2, DPYD, GTSE1, MAOA, MINA, PLK2, PRLHR, RBPMS, SGOL2, TFP12, y/o TMEM178, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre BASP1, DPYD, MAOA, MINA, PLK2, y/o TFP12, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Incluso en otra realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre C3ORF70, MAB21L2, PRSS12, CENPL, GPR177, y/o PTGR1, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran un incremento en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de uno o más genes seleccionados de entre MAB21L2 y/o PRSS12, en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6 y de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A que muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A equivalente o más reducida respecto de la CE_{50} para actividad de BoNT/A de las células de una línea celular SiMa parental. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A equivalente o más reducida respecto de la CE_{50} para actividad de BoNT/A de las células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A equivalente respecto de la CE_{50} para actividad de BoNT/A de las células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A más reducida de, p. ej., al menos 10 %, al menos 20 %, al menos 30 %, al menos 40 %, al menos 50 %, al menos 60 %, al menos 70 %, al menos 80 %, al menos 90 %, o al menos 100 % respecto de la CE_{50} para actividad de BoNT/A de las células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A más reducida de, p. ej., al menos 110 %, al menos 120 %, al menos 130 %, al menos 140 %, al menos 150 %, al menos 160 %, al menos 170 %, al menos 180 %, al menos 190 %, o al menos 200 % respecto de la CE_{50} para actividad de BoNT/A de células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A más reducida de, p. ej., al menos 225 %, al menos 250 %, al menos 275 %, al menos 300 %, al menos 325 %, al menos 350 %, al menos 375 %, al menos 400 %, al menos 425 %, al menos 450 %, al menos 475 % o al menos 500 % respecto de la CE_{50} para actividad de BoNT/A de células de la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164. Las células de la presente invención de una línea celular clonal establecida susceptibles a intoxicación con BoNT/A muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A de, p. ej., 2,2 pM o inferior, 2,1 pM o inferior, 2,0 pM o inferior, 1,9 pM o inferior, 1,8 pM o inferior, 1,7 pM o inferior, 1,6 pM o inferior, 1,5 pM o inferior, 1,4 pM o inferior, 1,3 pM o inferior, 1,2 pM o inferior, 1,1 pM o inferior, 1,0 pM o inferior, 0,9 pM o inferior, 0,8 pM o inferior, 0,7 pM o inferior, 0,6 pM o inferior, 0,5 pM o inferior, 0,4 pM o inferior, 0,3 pM o inferior, 0,2 pM o inferior, o 0,1 pM o inferior.

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, una BoNT/A. Como se utiliza en la presente, el término «BoNT/A» es sinónimo de «neurotoxina botulínica serotipo A» o «neurotoxina botulínica tipo A» y se refiere a BoNT/A de origen natural o a BoNT/A no de origen natural de la misma, e incluye el complejo de BoNT/A que comprende la neurotoxina BoNT/A de alrededor de 150 kDa y las proteínas asociadas no tóxicas (NAP, por su sigla en inglés), así como la neurotoxina BoNT/A de alrededor de 150 kDa sola. Los ejemplos no restrictivos de complejos

de BoNT/A incluyen, *p. ej.*, el complejo de BoNT/A de 900 kDa, el complejo de BoNT/A de 500 kDa, el complejo de BoNT/A de 300 kDa. Los ejemplos no restrictivos de la neurotoxina BoNT/A de alrededor de 150 kDa incluyen, *p. ej.*, las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4.

- 5 Como se utiliza en la presente, el término «BoNT/A de origen natural» se refiere a cualquier BoNT/A producida mediante un proceso de origen natural, incluyendo, sin carácter restrictivo, isoformas de BoNT/A producidas a partir de una modificación postraducciona, un transcrito empalmado de manera alternativa, o una mutación espontánea, y subtipos de BoNT/A, tales como, *p. ej.*, un subtipo BoNT/A1, subtipo BoNT/A2, subtipo BoNT/A3, subtipo BoNT/A4, y subtipo BoNT/A5. Una BoNT/A de origen natural incluye, sin carácter restrictivo, las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, 10 SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, o una que sustituye, elimina o añade, *p. ej.*, 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 aminoácidos de las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 4. Las composiciones farmacéuticas de una BoNT/A de origen natural disponibles en el mercado incluyen, sin carácter restrictivo, BOTOX® (Allergan, Inc., Irvine, CA), DYSPORT®/RELOXIN® (Ipsen Ltd., Slough, Inglaterra), PURTOX® (Mentor Corp., Santa Bárbara, CA), 15 XEOMIN® (Merz Pharmaceuticals, GmbH., Frankfurt, Alemania), NEURONOX® (Medy-Tox, Inc., Ochang-myeon, Corea del Sur), BTX-A.

- Como se utiliza en la presente, el término «BoNT/A no de origen natural» se refiere a cualquier BoNT/A cuya estructura fue modificada con ayuda de manipulación humana, incluyendo, sin carácter restrictivo, una BoNT/A con 20 una secuencia de aminoácidos alterada producida por ingeniería genética mediante mutagénesis aleatoria o diseño racional y una BoNT/A producida por síntesis química *in vitro*. Los ejemplos no restrictivos de las BoNT/A no de origen natural se describen en, *p. ej.*, Steward, L.E. y col., *Post-translational Modifications and Clostridial Neurotoxins*, patente de EE. UU. N.º 7.223.577; Dolly, J.O. y col., *Activatable Clostridial Toxins*, patente de EE. UU. N.º 7.419.676; Steward, L.E. y col., *Clostridial Neurotoxin Compositions and Modified Clostridial Neurotoxins*, US 25 2004/0220386; Steward, L.E. y col., *Modified Clostridial Toxins With Enhanced Targeting Capabilities For Endogenous Clostridial Toxin Receptor Systems*, publicación de patente de EE. UU. N.º 2008/0096248; Steward, L.E. y col., *Modified Clostridial Toxins With Altered Targeting Capabilities For Clostridial Toxin Target Cells*, publicación de patente de EE. UU. N.º 2008/0161543; Steward, L.E. y col., *Modified Clostridial Toxins With Altered Targeting Capabilities For Clostridial Toxin Target Cells*, publicación de patente de EE. UU. N.º 2008/0241881.

- 30 Por lo tanto, en una realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de una BoNT/A de origen natural. En aspectos de la presente realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de una isoforma de BoNT/A o de un subtipo de BoNT/A. En aspectos de la presente realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de la BoNT/A de las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 4. En otros aspectos de la presente 35 realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de una BoNT/A que tiene, *p. ej.* al menos 70 %, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 4. En otros aspectos de la presente realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de BOTOX®, DYSPORT®, RELOXIN®, PURTOX®, XEOMIN®, NEURONOX®, o BTX-A.

- 40 En otra realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de una BoNT/A no de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de una variante de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.* al menos 70 %, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 4. 45 En otros aspectos de la presente realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de una variante de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos no contiguos respecto de las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 4. Incluso en otros aspectos de la presente realización, la actividad de BoNT/A que se detecta proviene de una 50 variante de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos contiguos respecto de las SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 4.

- 55 Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, una SNAP-25. Como se utiliza en la presente, el término «SNAP-25» se refiere a una SNAP-25 de origen natural o a una SNAP-25 no de origen natural que es preferentemente escindida por una BoNT/A. Como se utiliza en la presente, el término «preferentemente escindida/o» se refiere a la tasa de escisión de un sustrato de BoNT/A por una BoNT/A que es al menos un orden de magnitud mayor que la tasa de escisión de cualquier otro sustrato por una BoNT/A. En aspectos de la presente 60 realización, la tasa de escisión de un sustrato de BoNT/A por una BoNT/A que es al menos dos órdenes de

magnitud mayor, al menos tres órdenes de magnitud mayor, al menos cuatro órdenes de magnitud mayor, o al menos cinco órdenes de magnitud mayor que la tasa de escisión de cualquier otro sustrato por BoNT/A.

Como se utiliza en la presente, el término «SNAP-25 de origen natural» se refiere a cualquier SNAP-25 producido por un proceso de origen natural, incluyendo, sin carácter restrictivo, isoformas de SNAP-25 producidas por una modificación postraduccional, un transcrito empalmado de manera alternativa, o una mutación espontánea, y subtipos de SNAP-25. Una SNAP-25 de origen natural incluye, sin carácter restrictivo, las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24, o una que sustituye, elimina o añade, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más aminoácidos de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24.

Como se utiliza en la presente, el término «SNAP-25 no de origen natural» se refiere a cualquier SNAP-25 cuya estructura fue modificada con ayuda de manipulación humana, incluyendo, sin carácter restrictivo, una SNAP-25 producida por ingeniería genética mediante mutagénesis aleatoria o diseño racional y una SNAP-25 producida por síntesis química *in vitro*. Los ejemplos no restrictivos de SNAP-25 no de origen natural se describen en, p. ej., Steward, L.E. y col., *FRET Protease Assays for Clostridial Toxins*, patente de EE. UU. N.º 7.332.567; Fernandez-Salas y col., *Lipophilic Dye-based FRET Assays for Clostridial Toxin Activity*, publicación de patente de EE. UU. N.º 2008/0160561. Una SNAP-25 no de origen natural puede sustituir, eliminar o añadir, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más aminoácidos de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24.

Por lo tanto en una realización, una SNAP-25 es una SNAP-25 de origen natural. En aspectos de la presente realización, la SNAP-25 es una isoforma de SNAP-25 o un subtipo de SNAP-25. En aspectos de la presente realización, la SNAP-25 de origen natural es la SNAP-25 de origen natural de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24. En otros aspectos de la presente realización, la SNAP-25 es una SNAP-25 de origen natural que tiene, p. ej., al menos 70 % de identidad de aminoácidos, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24.

En otra realización, una SNAP-25 es una SNAP-25 no de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, la SNAP-25 es una SNAP-25 no de origen natural que tiene, p. ej., al menos 70 %, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24. En otros aspectos de la presente realización, la SNAP-25 es una SNAP-25 no de origen natural que tiene, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos no contiguos respecto de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24. Incluso en otros aspectos de la presente realización, la SNAP-25 es una SNAP-25 no de origen natural que tiene, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos contiguos respecto de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24.

Una SNAP-25 puede ser una SNAP-25 endógena o una SNAP-25 exógena. Como se utiliza en la presente, el término «SNAP-25 endógena» se refiere a una SNAP-25 presente de forma natural en la célula debido a que está codificada de manera natural dentro del genoma de la célula, de modo que la célula exprese inherentemente la SNAP-25 sin necesidad de una fuente externa de SNAP-25 o una fuente externa de material genético que codifique una SNAP-25. La expresión de una SNAP-25 endógena puede ser con o sin estimulación ambiental tal como, p. ej., diferenciación celular. Por definición, una SNAP-25 endógena únicamente puede ser una SNAP-25 de origen natural o variantes correspondientes. Por ejemplo, las siguientes líneas celulares establecidas expresan una SNAP-25 endógena: BE(2)-M17, Kelly, LA1-55n, N1E-115, N4TG3, N18, Neuro-2a, NG108-15, PC12, SH-SY5Y, SiMa, y SK-N-BE(2)-C.

Como se utiliza en la presente, el término «SNAP-25 exógena» se refiere a una SNAP-25 expresada en una célula mediante la introducción de una fuente externa de SNAP-25 o una fuente externa de material genético que codifica una SNAP-25 mediante manipulación humana. La expresión de una SNAP-25 exógena puede ser con o sin estimulación ambiental tal como, p. ej., diferenciación celular. A modo de ejemplo no restrictivo, las células de una línea celular clonal establecida pueden expresar una SNAP-25 exógena mediante transfección transitoria o estable de una secuencia codificante de SNAP-25. Como otro ejemplo no restrictivo, las células de una línea celular clonal establecida pueden expresar una SNAP-25 exógena mediante transfección de proteínas de una SNAP-25. Una SNAP-25 exógena puede ser una SNAP-25 de origen natural o variantes correspondientes, o una SNAP-25 no de origen natural o variantes correspondientes.

Por lo tanto, en una realización, las células de una línea celular clonal establecida expresan una SNAP-25 endógena. En aspectos de la presente realización, la SNAP-25 endógena expresada por células de una línea celular clonal establecida es una SNAP-25 de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, la SNAP-25 endógena expresada por células de una línea celular clonal establecida es la SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24. Incluso en otros aspectos de la presente realización, la SNAP-25 endógena expresada por células de una línea celular clonal establecida es una SNAP-25 de origen natural, tal como, p. ej., una isoforma de SNAP-25 o un subtipo de SNAP-25. En otros aspectos de la presente realización, la SNAP-25 endógena expresada por células de una línea celular clonal establecida es una SNAP-25 de origen natural que tiene, p. ej., al menos 70 % de identidad de aminoácidos, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar una SNAP-25 exógena. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar una SNAP-25 de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar la SNAP-25 de origen natural de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar una SNAP-25 de origen natural que tiene, p. ej., al menos 70 % de identidad de aminoácidos, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24.

En otro aspecto de la realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar una SNAP-25 no de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar una SNAP-25 no de origen natural que tiene, p. ej., al menos 70 %, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14,

SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar una SNAP-25 no de origen natural que tiene, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos no contiguos respecto de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar una SNAP-25 no de origen natural que tiene, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos contiguos respecto de las SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23 o SEQ ID NO: 24.

Los ensayos que detectan la escisión de un sustrato de BoNT/A después de exposición a una BoNT/A se pueden utilizar para evaluar si una célula está expresando una SNAP-25 endógena o exógena. En estos ensayos, la generación de un producto de escisión de SNAP-25 sería detectada en células que expresan una SNAP-25 después de tratamiento con BoNT/A. Los ejemplos no restrictivos de análisis de Western blot específicos, así como reactivos, condiciones y protocolos bien caracterizados se pueden conseguir fácilmente en proveedores que incluyen, sin carácter restrictivo, Amersham Biosciences, Piscataway, NJ; Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA; Pierce Biotechnology, Inc., Rockford, IL; Promega Corporation, Madison, WI, y Stratagene, Inc., La Jolla, CA. Se entiende que estos y otros ensayos similares para escisión de SNAP-25 pueden resultar útiles para identificar células que expresan una SNAP-25 endógena o exógena.

Como ejemplos no restrictivos, el análisis de Western blot que utiliza un anticuerpo que reconoce un producto de escisión de SNAP-25 por BoNT/A, o tanto las formas escindidas como no escindidas de SNAP-25 se pueden emplear para analizar la captación de BoNT/A. Entre los ejemplos de anticuerpos α -SNAP-25 útiles para estos ensayos se incluyen, sin carácter restrictivo, el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 SMI-81 (Sternberger Monoclonals Inc., Lutherville, MD), el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 CI 71,1 (Synaptic Systems, Goettingen, Alemania), el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 CI 71,2 (Synaptic Systems, Goettingen, Alemania), el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 SP12 (Abcam, Cambridge, MA), el antisuero policlonal de conejo α -SNAP-25 (Synaptic Systems, Goettingen, Alemania), el antisuero policlonal de conejo α -SNAP-25 (Abcam, Cambridge, MA), y el antisuero policlonal de conejo α -SNAP-25 S9684 (Sigma, St Louis, MO).

Los aspectos de la presente descripción comprenden, en parte, un receptor de BoNT/A. Como se utiliza en la presente, el término «receptor de BoNT/A» se refiere ya sea a un receptor de BoNT/A de origen natural o a un receptor de BoNT/A no de origen natural que preferentemente interactúa con BoNT/A de un modo que provoca una respuesta a la intoxicación con BoNT/A. Como se utiliza en la presente, el término «preferentemente interactúa» se refiere a que la constante de disociación de equilibrio (KD) de BoNT/A para un receptor de BoNT/A es al menos un orden de magnitud inferior que la de BoNT/A para cualquier otro receptor. La constante de disociación de equilibrio, un tipo específico de constante de equilibrio que mide la propensión de un complejo de BoNT/A-receptor de BoNT/A para separarse (disociarse) reversiblemente en sus moléculas componentes, a saber, BoNT/A y complejo de receptor de BoNT/A. La constante de disociación se define como $KD = [L][R]/[C]$, donde [L] equivale a la concentración molar de BoNT/A, [R] es la concentración molar de un receptor de BoNT/A, y [C] es la concentración molar del complejo BoNT/A-receptor de BoNT/A, y donde todas las concentraciones son de dichos componentes cuando el sistema está en equilibrio. Cuanto menor es la constante de disociación, más estrecha es la unión entre la BoNT/A y su receptor, o mayor es la afinidad de unión entre la BoNT/A y el receptor de BoNT/A. En aspectos de la presente realización, la constante de disociación de BoNT/A para un receptor de BoNT/A es al menos dos órdenes de magnitud inferior, al menos tres órdenes de magnitud inferior, al menos cuatro órdenes de magnitud inferior, o al menos cinco órdenes de magnitud inferior que la de BoNT/A para cualquier otro receptor. En otros aspectos de la presente realización, la afinidad de unión de una BoNT/A que preferentemente interactúa con un receptor de BoNT/A puede tener una constante de disociación de equilibrio de p. ej., 500 nM o inferior, 400 nM o inferior, 300 nM o inferior, 200 nM o inferior, o 100 nM o inferior. En otros aspectos de la presente realización, la afinidad de unión de una BoNT/A que preferentemente interactúa con un receptor de BoNT/A puede tener una constante de disociación de equilibrio de p. ej., 90 nM o inferior, 80 nM o inferior, 70 nM o inferior, 60 nM o inferior, 50 nM o inferior, 40 nM o inferior, 30 nM o inferior, 20 nM o inferior, o 10 nM o inferior. Como se utiliza en la presente, la expresión «provoca una respuesta a la intoxicación con BoNT/A» se refiere a la habilidad de un receptor de BoNT/A para interactuar con

una BoNT/A para formar un complejo de neurotoxina/receptor y a la posterior internalización de dicho complejo en el citoplasma celular.

Como se utiliza en la presente, la expresión «receptor de BoNT/A de origen natural» se refiere a cualquier receptor de BoNT/A producido por un proceso de origen natural, incluyendo, sin carácter restrictivo, isoformas de receptor de BoNT/A producidas por una modificación postraduccional, un transcrito empalmado de manera alternativa, o una mutación espontánea, y subtipos de receptor de BoNT/A. Un receptor de BoNT/A de origen natural incluye, sin carácter restrictivo, un receptor 2 del factor de crecimiento de fibroblastos (FGFR2), un receptor 3 del factor de crecimiento de fibroblastos (FGFR3), una glicoproteína de la vesícula sináptica 2 (SV2), y un gangliósido complejo como GT1b, como los descritos en el documento Ester Fernandez-Salas, y col., *Botulinum Toxin Screening Assays*, publicación de patente de EE. UU. 2008/0003240; Ester Fernandez-Salas, y col., *Botulinum Toxin Screening Assays*, publicación de patente de EE. UU. 2008/0182799; el documento Min Dong y col., SV2 is the Protein Receptor for Botulinum Neurotoxin A, *Science* (2006); el documento S. Mahrhold y col., The Synaptic Vesicle Protein 2C Mediates the Uptake of Botulinum Neurotoxin A into Phrenic Nerves, 580(8) *FEBS Lett.* 2011-2014 (2006), cada uno de los cuales se incorpora a la presente por referencia en su totalidad. Un FGFR2 de origen natural incluye, sin carácter restrictivo, las SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 y SEQ ID NO: 70, o una que sustituye, elimina o añade, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más aminoácidos de las SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 y SEQ ID NO: 70. Una FGFR3 de origen natural incluye, sin carácter restrictivo, las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26 y SEQ ID NO: 27, o una que sustituye, elimina o añade, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más aminoácidos de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26 y SEQ ID NO: 27. Una SV2 de origen natural incluye, sin carácter restrictivo, las SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30 y SEQ ID NO: 31, o una que sustituye, elimina o añade, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más aminoácidos de las SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30 y SEQ ID NO: 31.

Como se utiliza en la presente, la expresión «variante de receptor de BoNT/A no de origen natural» se refiere a cualquier receptor de BoNT/A producido con ayuda de manipulación o diseño humanos, incluyendo, sin carácter restrictivo, un receptor de BoNT/A producido por ingeniería genética mediante mutagénesis aleatoria o diseño racional y un receptor de BoNT/A producido por síntesis química. Entre los ejemplos no restrictivos de variantes de BoNT/A no de origen natural se incluyen, p. ej., variantes de receptor de BoNT/A conservadoras, variantes de receptor de BoNT/A no conservadoras, variantes quiméricas de receptor de BoNT/A y fragmentos de receptor de BoNT/A activa.

Como se utiliza en la presente, la expresión «receptor de BoNT/A no de origen natural» se refiere a cualquier receptor de BoNT/A cuya estructura fue modificada con ayuda de manipulación humana, incluyendo, sin carácter restrictivo, un receptor de BoNT/A producido por ingeniería genética mediante mutagénesis aleatoria o diseño racional y un receptor de BoNT/A producido por síntesis química *in vitro*. Los ejemplos no restrictivos de receptores de BoNT/A no de origen natural se describen en, p. ej., Ester Fernandez-Salas, y col., *Botulinum Toxin Screening Assays*, publicación de patente de EE. UU. 2008/0003240; Ester Fernandez-Salas, y col., *Botulinum Toxin Screening Assays*, publicación de patente de EE. UU. 2008/0182799, cada una de las cuales se incorpora a la presente por referencia en su totalidad. Un receptor de BoNT/A no de origen natural puede sustituir, eliminar o añadir, p. ej., 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más aminoácidos de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70.

Por lo tanto, en una realización, un receptor de BoNT/A es un receptor de BoNT/A de origen natural tal como, p. ej., FGFR2, FGFR3 o SV2. En aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A es una isoforma de receptor de BoNT/A o un subtipo de receptor de BoNT/A. En aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A de origen natural es el receptor de BoNT/A de origen natural de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70. En otros aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A es un receptor de BoNT/A de origen natural que tiene, p. ej., al menos 70 % de identidad de aminoácidos, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO:

25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70.

- 5 En otra realización, un receptor de BoNT/A es un receptor de BoNT/A no de origen natural, tal como, *p. ej.*, un FGFR2 modificado genéticamente, un FGFR3 modificado genéticamente, o una SV2 modificada genéticamente. En otros aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A es un receptor de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, al menos 70 %, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70. En otros aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A es un receptor de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos no contiguos respecto de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70. Incluso en otros aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A es un receptor de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos contiguos respecto de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70.

- 25 Un receptor de BoNT/A puede ser un receptor de BoNT/A endógeno o un receptor de BoNT/A exógeno. Como se utiliza en la presente, la expresión «receptor de BoNT/A endógeno» se refiere a un receptor de BoNT/A presente de forma natural en la célula debido a que está codificado de manera natural dentro del genoma de la célula, de modo que la célula exprese inherentemente el receptor de BoNT/A sin necesidad de una fuente externa de receptor de BoNT/A o una fuente externa de material genético que codifique un receptor de BoNT/A. La expresión de un receptor de BoNT/A endógeno puede ser con o sin estimulación ambiental tal como, *p. ej.*, diferenciación celular o activación del promotor. Por ejemplo, las siguientes líneas celulares clonales establecidas expresan al menos un receptor de BoNT/A endógeno: BE(2)-M17, Kelly, LA1-55n, N1E-115, N4TG3, N18, Neuro-2a, NG108-15, PC12, SH-SY5Y, SiMa, y SK-N-BE(2)-C. Un receptor de BoNT/A solo puede ser un receptor de BoNT/A de origen natural o variantes de origen natural correspondientes.

- Como se utiliza en la presente, el término «receptor de BoNT/A exógeno» se refiere a un receptor de BoNT/A expresado en una célula mediante la introducción de una fuente externa de receptor de BoNT/A o una fuente externa de material genético que codifica un receptor de BoNT/A mediante manipulación humana. La expresión de un receptor de BoNT/A exógeno puede ser con o sin estimulación ambiental tal como, *p. ej.*, diferenciación celular o activación del promotor. A modo de ejemplo no restrictivo, las células de una línea celular clonal establecida pueden expresar uno o más receptores de BoNT/A exógenos mediante transfección transitoria o estable de una molécula de polinucleótido que codifica un receptor de BoNT/A, tal como, *p. ej.*, un FGFR2, un FGFR3, o una SV2. Como otro ejemplo no restrictivo, las células de una línea celular clonal establecida pueden expresar uno o más receptores de BoNT/A exógenos mediante transfección de proteínas de los receptores de BoNT/A, tales como, *p. ej.*, un FGFR2, un FGFR3, o una SV2. Un receptor de BoNT/A exógeno puede ser un receptor de BoNT/A de origen natural o variantes correspondientes de origen natural, o un receptor de BoNT/A no de origen natural o variantes no de origen natural correspondientes.

- 50 Por lo tanto, en una realización, las células de una línea celular clonal establecida expresan un receptor de BoNT/A endógeno. En aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A endógeno expresado por células de una línea celular clonal establecida es un receptor de BoNT/A de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A endógeno expresado por células de una línea celular clonal establecida es las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70. Incluso en otros aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A endógeno expresado por células de una línea celular clonal establecida es un receptor de BoNT/A de origen natural, tal como, *p. ej.*, una isoforma de receptor de BoNT/A o un subtipo de receptor de BoNT/A. En otros aspectos de la presente realización, el receptor de BoNT/A endógeno expresado por células de una línea celular clonal establecida es un receptor de BoNT/A de origen natural que tiene, *p. ej.*, al menos

70 % de identidad de aminoácidos, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A exógeno. En un aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar el receptor de BoNT/A de origen natural de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A de origen natural, tal como, *p. ej.*, una isoforma de receptor de BoNT/A o un subtipo de receptor de BoNT/A. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A de origen natural que tiene, *p. ej.*, al menos 70 % de identidad de aminoácidos, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70.

En otro aspecto de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A no de origen natural. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, al menos 70 %, al menos 75 %, al menos 80 %, al menos 85 %, al menos 90 %, o al menos 95 % de identidad de aminoácidos con las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70. En otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos no contiguos respecto de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un receptor de BoNT/A no de origen natural que tiene, *p. ej.*, 1 o más, 2 o más, 3 o más, 4 o más, 5 o más, 6 o más, 7 o más, 8 o más, 9 o más, 10 o más, 20 o más, 30 o más, 40 o más, 50 o más, o 100 o más sustituciones, eliminaciones o adiciones de aminoácidos contiguos respecto de las SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 69 o SEQ ID NO: 70.

En otra realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un FGFR2 exógeno, un FGFR3 exógeno, una SV2 exógena, o cualquier combinación de estos. En aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar un FGFR2 de origen natural, un FGFR3 de origen natural, una SV2 de origen natural o cualquier combinación de estos. Incluso en otros aspectos de la presente realización, las células de una línea celular clonal establecida están modificadas de manera transitoria o estable para expresar ya sea un FGFR2 de origen natural o un FGFR2 no de origen natural, un FGFR3 de origen natural o un FGFR3 no de origen natural, una SV2 de origen natural o una SV2 no de origen natural, o cualquier combinación de estos.

Las células que expresan uno o más receptores de BoNT/A endógenos o exógenos se pueden identificar mediante

- procedimientos rutinarios incluyendo ensayos directos e indirectos de captación de toxina. Los ensayos que determinan las propiedades de unión o captación de BoNT/A se pueden utilizar para evaluar si una célula está expresando un receptor de BoNT/A. Dichos ensayos incluyen, sin carácter restrictivo, ensayos de reticulación que utilizan BoNT/A marcado, tales como, p. ej., [¹²⁵I] BoNT/A, véase, p. ej., el documento Noriko Yokosawa y col., Binding of Clostridium botulinum type C neurotoxin to different neuroblastoma cell lines, 57(1) Infect. Immun. 272-277 (1989); el documento Noriko Yokosawa y col., Binding of botulinum type C1, D and E neurotoxins to neuronal cell lines and synaptosomes, 29(2) Toxicon 261-264 (1991); y el documento Tei-ichi Nishiki y col., Identification of protein receptor for Clostridium botulinum type B neurotoxin in rat brain synaptosomes, 269(14) J. Biol. Chem. 10498-10503 (1994). Otros ensayos no restrictivos incluyen ensayos inmunocitoquímicos que detectan unión de BoNT/A utilizando anticuerpos marcados o no marcados, véase, p. ej., el documento Atsushi Nishikawa y col., The receptor and transporter for internalization of Clostridium botulinum type C progenitor toxin into HT-29 cells, 319(2) Biochem. Biophys. Res. Commun. 327-333 (2004) y ensayos de inmunoprecipitación, véase, p. ej., el documento Yukako Fujinaga y col., Molecular characterization of binding subcomponents of Clostridium botulinum type C progenitor toxin for intestinal epithelial cells and erythrocytes, 150(Pt 5) Microbiology 1529-1538 (2004), que detectan toxina unida utilizando anticuerpos marcados o no marcados. Los anticuerpos útiles para estos ensayos incluyen, sin carácter restrictivo, anticuerpos seleccionados contra BoNT/A, anticuerpos seleccionados contra un receptor de BoNT/A, tales como, p. ej., FGFR2, FGFR3, o SV2, y/o anticuerpos seleccionados contra un gangliósido, tales como, p. ej., GD1a, GD1b, GD3, GQ1b, o GT1b. Si el anticuerpo está marcado, la unión de la molécula se puede detectar a través de distintos medios, incluyendo análisis de Western blot, observación microscópica directa de la ubicación celular del anticuerpo, medición de la célula o anticuerpo unido a sustrato después de una etapa de lavado, citometría de flujo, electroforesis o electroforesis capilar, utilizando técnicas conocidas para los expertos en la técnica. Si el anticuerpo no está marcado, se puede utilizar un anticuerpo secundario marcado para detección indirecta de la molécula unida, y se puede proceder con la detección como para un anticuerpo marcado. Se entiende que estos y otros ensayos similares que determinan las propiedades o características de captación de BoNT/A pueden resultar útiles para identificar células que expresan receptores de BoNT/A endógenos o exógenos.

- Los ensayos que controlan la liberación de una molécula después de la exposición a BoNT/A también se pueden utilizar para evaluar si una célula está expresando uno o más receptores de BoNT/A endógenos o exógenos. En estos ensayos, la inhibición de la liberación de la molécula se produciría en células que expresan un receptor de BoNT/A después de tratamiento con BoNT/A. Los ensayos muy conocidos incluyen procedimientos que miden la inhibición de la liberación de catecolaminas radiomarcadas de neuronas, tales como, p. ej., [3H] noradrenalina o liberación de [3H] dopamina, véase, p. ej., el documento A Fassio y col., Evidence for calcium-dependent vesicular transmitter release insensitive to tetanus toxin and botulinum toxin type F, 90(3) Neuroscience 893-902 (1999); y el documento Sara Stigliani y col., The sensitivity of catecholamine release to botulinum toxin C1 and E suggests selective targeting of vesicles set into the readily releasable pool, 85(2) J. Neurochem. 409-421 (2003), o que miden la liberación de catecolaminas utilizando un procedimiento fluorométrico, véase p. ej., el documento Anton de Paiva y col., A role for the interchain disulfide or its participating thiols in the internalization of botulinum neurotoxin A revealed by a toxin derivative that binds to ecto-acceptors and inhibits transmitter release intracellularly, 268(28) J. Biol. Chem. 20838-20844 (1993); el documento Gary W. Lawrence y col., Distinct exocytotic responses of intact and permeabilised chromaffin cells after cleavage of the 25-kDa synaptosomal-associated protein (SNAP-25) or synaptobrevin by botulinum toxin A or B, 236(3) Eur. J. Biochem. 877-886 (1996); y el documento Patrick Foran y col., Botulinum neurotoxin C1 cleaves both syntaxin and SNAP-25 in intact and permeabilized chromaffin cells: correlation with its blockade of catecholamine release, 35(8) Biochemistry 2630-2636 (1996). Otros ejemplos no restrictivos incluyen ensayos que miden la inhibición de la liberación de la hormona de las células endocrinas, tales como, p. ej., células pituitarias anteriores o células ováricas. Se entiende que estos y otros ensayos similares para liberación de moléculas pueden resultar útiles para identificar células que expresan receptores de BoNT/A endógenos o exógenos.

- Los ensayos que detectan la escisión de un sustrato de BoNT/A después de la exposición a BoNT/A también se pueden utilizar para evaluar si una célula está expresando uno o más receptores de BoNT/A endógenos o exógenos. En estos ensayos, la generación de un producto de escisión de sustrato de BoNT/A, o la desaparición del sustrato de BoNT/A intacto se detectaría en células que expresan un receptor de BoNT/A después de tratamiento con BoNT/A. Los ejemplos no restrictivos de análisis de Western blot específicos, así como reactivos, condiciones y protocolos bien caracterizados se pueden conseguir fácilmente en proveedores que incluyen, sin carácter restrictivo, Amersham Biosciences, Piscataway, NJ; Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA; Pierce Biotechnology, Inc., Rockford, IL; Promega Corporation, Madison, WI, y Stratagene, Inc., La Jolla, CA. Se entiende que estos y otros ensayos similares para escisión de sustrato de BoNT/A pueden resultar útiles para identificar células que expresan receptores de BoNT/A endógenos o exógenos.

- Como ejemplos no restrictivos, el análisis de Western blot que utiliza un anticuerpo que reconoce un producto de

escisión de SNAP-25 por BoNT/A, o tanto las formas escindidas como no escindidas de SNAP-25 se pueden emplear para analizar la captación de BoNT/A. Entre los ejemplos de anticuerpos α -SNAP-25 útiles para estos ensayos se incluyen, sin carácter restrictivo, el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 SMI-81 (Sternberger Monoclonals Inc., Lutherville, MD), el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 CI 71,1 (Synaptic Systems, Goettingen, Alemania), el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 CI 71,2 (Synaptic Systems, Goettingen, Alemania), el anticuerpo monoclonal de ratón α -SNAP-25 SP12 (Abcam, Cambridge, MA), el antisuero policlonal de conejo α -SNAP-25 (Synaptic Systems, Goettingen, Alemania), el antisuero policlonal de conejo α -SNAP-25 S9684 (Sigma, St Louis, MO) y el antisuero policlonal de conejo α -SNAP-25 (Abcam, Cambridge, MA).

- 10 Los aspectos de la presente descripción proporcionan células que, mediante manipulación genética o ingeniería recombinante, se producen para expresar una SNAP-25 exógena y/o uno o más receptores de BoNT/A exógenos. Las células útiles para expresar una SNAP-25 exógena y/o uno o más receptores de BoNT/A exógenos mediante manipulación genética o ingeniería recombinante incluyen células neuronales y células no neuronales que pueden o no expresar una SNAP-25 endógena y/o uno o más receptores de BoNT/A endógenos. Además, se entiende que
- 15 dichas células manipuladas genéticamente o modificadas mediante ingeniería recombinante pueden expresar una SNAP-25 exógena y uno o más receptores de BoNT/A exógenos controlados por un elemento promotor, elemento potenciador constitutivo, específico de tejido, específico de célula o inducible, o ambos. Se entiende que cualquier célula es útil siempre que la célula se pueda manipular genéticamente o modificar mediante ingeniería recombinante para expresar una SNAP-25 exógena y/o uno o más receptores de BoNT/A exógenos y sea capaz de someterse a
- 20 intoxicación con BoNT/A.

- Los procedimientos útiles para introducir en una célula una molécula de polinucleótido exógena que codifica un componente necesario para que las células se sometan al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25, tal como, *p. ej.*, una SNAP-25, un FGFR2, un FGFR3, o una
- 25 SV2, incluyen, sin carácter restrictivo, procedimientos de administración mediados por sustancias químicas, tales como, *p. ej.*, mediados por fosfato de calcio, mediados por dietil-aminoetil (DEAE) dextrano, mediados por lípidos, mediados por polietileneimina (PEI), mediados por polilisina y mediados por polibreno; procedimientos de administración mediados por procedimientos físicos, tales como, *p. ej.*, administración de partículas biolísticas, microinyección, fusión de protoplastos y electroporación; y procedimientos de administración mediados por virus,
 - 30 tales como, *p. ej.*, transfección con mediación retroviral, véase *p. ej.*, el documento *Introducing Cloned Genes into Cultured Mammalian Cells*, pág. 16.1-16.62 (Sambrook & Russell, eds., *Molecular Cloning A Laboratory Manual*, Vol. 3, 3ª ed. 2001); el documento Alessia Colosimo y col., *Transfer and Expression of Foreign Genes in Mammalian Cells*, 29(2) *Biotechniques* 314-318, 320-322, 324 (2000); el documento Philip Washbourne & A. Kimberley McAllister, *Techniques for Gene Transfer into Neurons*, 12(5) *Curr. Opin. Neurobiol.* 566-573 (2002); y el documento *Current*
 - 35 *Protocols in Molecular Biology*, John Wiley and Sons, pág. 9.16.4-9.16.11 (2000). Un experto en la técnica entiende que la selección de un procedimiento específico para introducir una molécula de polinucleótido en una célula dependerá, en parte, de si la célula contendrá de manera transitoria o estable un componente necesario para que las células se sometan al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25. Los ejemplos no restrictivos de la molécula de polinucleótido que codifica un componente
 - 40 necesario para que las células se sometan al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25 son los siguientes: Molécula de polinucleótido de FGFR2 de la SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 138; molécula de polinucleótido de FGFR3 de la SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140 o SEQ ID NO: 141; molécula de polinucleótido de SV2 de la SEQ ID NO: 142, SEQ ID NO: 143 o
 - 45 SEQ ID NO: 144; y molécula de polinucleótido de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 145, o SEQ ID NO: 146.

- Los procedimientos de administración con mediación química son bien conocidos para un experto en la técnica y se describen en, *p. ej.*, el documento Martin Jordan & Florian Worm, *Transfection of Adherent and Suspended Cells by Calcium Phosphate*, 33(2) *Methods* 136-143 (2004); el documento Chun Zhang y col., *Polyethylenimine Strategies*
- 50 *for Plasmid Delivery to Brain-Derived Cells*, 33(2) *Methods* 144-150 (2004), cada uno de los cuales se incorpora a la presente por referencia en su totalidad. Dichos procedimientos mediados por sustancias químicas se pueden preparar mediante procedimientos estándar y están disponibles en el mercado, véase, *p. ej.*, kit de transfección CellPfect (Amersham Biosciences, Piscataway, NJ); kit de transfección para mamíferos, fosfato de calcio y DEAE dextrano, (Stratagene, Inc., La Jolla, CA); reactivo de transfección Lipofectamine™ (Invitrogen, Inc., Carlsbad, CA);
 - 55 kit de transfección ExGen 500 (Fermentas, Inc., Hanover, MD), y kits de transfección SuperFect y Effectene (Qiagen, Inc., Valencia, CA).

- Los procedimientos de administración mediados por procedimientos físicos son bien conocidos para un experto en la técnica y se describen en, *p. ej.*, el documento Jeike E. Biewenga y col., *Plasmid-Mediated Gene Transfer in*
- 60 *Neurons using the Biolistics Technique*, 71(1) *J. Neurosci. Methods.* 67-75 (1997); el documento John O'Brien &

Sarah C. R. Lummis, *Biolistic and Diolistic Transfection: Using the Gene Gun to Deliver DNA and Lipophilic Dyes into Mammalian Cells*, 33(2) *Methods* 121-125 (2004); el documento M. Golzio y col., *In Vitro and In Vivo Electric Field-Mediated Permeabilization, Gene Transfer, and Expression*, 33(2) *Methods* 126-135 (2004); y el documento Oliver Greschy col., *New Non-Viral Method for Gene Transfer into Primary Cells*, 33(2) *Methods* 151-163 (2004).

- 5 Los procedimientos de administración mediados por virus son bien conocidos para un experto en la técnica y se describen en, *p. ej.*, el documento Chooi M. Lai y col., *Adenovirus and Adeno-Associated Virus Vectors*, 21(12) *DNA Cell Biol.* 895-913 (2002); el documento Ilya Frolov y col., *Alphavirus-Based Expression Vectors: Strategies and Applications*, 93(21) *Proc. Natl. Acad. Sci. EE. UU.* 11371-11377 (1996); el documento Roland Wolkowicz y col.,
 10 *Lentiviral Vectors for the Delivery of DNA into Mammalian Cells*, 246 *Methods Mol. Biol.* 391-411 (2004); el documento A. Huser & C. Hofmann, *Baculovirus Vectors: Novel Mammalian Cell Gene-Delivery Vehicles and Their Applications*, 3(1) *Am. J. Pharmacogenomics* 53-63 (2003); el documento Tiziana Tonini y col., *Transient Production of Retroviral- and Lentiviral-Based Vectors for the Transduction of Mammalian Cells*, 285 *Methods Mol. Biol.* 141-148 (2004); Manfred Gossen & Hermann Bujard, *Tight Control of Gene Expression in Eukaryotic Cells by Tetracycline-Responsive Promoters*, patente de EE. UU. N.º 5.464.758; Hermann Bujard & Manfred Gossen, *Methods for Regulating Gene Expression*, patente de EE. UU. N.º 5.814.618; David S. Hogness, *Polynucleotides Encoding Insect Steroid Hormone Receptor Polypeptides and Cells Transformed With Same*, patente de EE. UU. N.º 5.514.578; David S. Hogness, *Polynucleotide Encoding Insect Ecdysone Receptor*, patente de EE. UU. N.º 6.245.531; Elisabetta Vegeto y col., *Progesterone Receptor Having C-Terminal Hormone Binding Domain Truncations*, patente de EE. UU. N.º 5.364.791; Elisabetta Vegeto y col., *Mutated Steroid Hormone Receptors, Methods for Their Use and Molecular Switch for Gene Therapy*, patente de EE. UU. N.º 5.874.534. Dichos procedimientos mediados por virus se pueden preparar mediante procedimientos estándar y están disponibles en el mercado, véase, *p. ej.*, sistema de expresión basado en adenovirus VIRAPOWERTM (Invitrogen, Inc., Carlsbad, CA) y manual de instrucciones del sistema de expresión basado en adenovirus VIRAPOWERTM 25-0543 versión A, Invitrogen, Inc., (Julio 15, 2002); y sistema de
 25 vectores adenovirales ADEASYTM (Stratagene, Inc., La Jolla, CA) y manual de instrucciones del sistema de vectores adenovirales ADEASYTM 064004f, Stratagene, Inc. Asimismo, dichos sistemas de administración virales se pueden preparar mediante procedimientos estándar y están disponibles en el mercado, véase, *p. ej.*, sistemas de expresión génica basados en tetraciclina (tet-on, tet-off) BD™ (BD Biosciences-Clontech, Palo Alto, CA) y manual de instrucciones de los sistemas de expresión génica basados en tetraciclina (tet-on, tet-off) BD™, PT3001-1, BD Biosciences Clontech, (Marzo 14, 2003), sistema GeneSwitch™ (Invitrogen, Inc., Carlsbad, CA) y sistema de expresión para células de mamíferos regulado por mifepristona GENESWITCH™, versión D, 25-0313, Invitrogen, Inc., (Noviembre 4, 2002); sistema de expresión basado en lentivirus VIRAPOWERTM (Invitrogen, Inc., Carlsbad, CA) y manual de instrucciones del sistema de expresión basado en lentivirus VIRAPOWERTM, 25-0501 versión E, Invitrogen, Inc., (Diciembre 8, 2003); y sistema de expresión en mamíferos inducible por retrovirus COMPLETE CONTROL® (Stratagene, La Jolla, CA) y manual de instrucciones del sistema de expresión en mamíferos inducible por retrovirus COMPLETE CONTROL®, 064005e.

- Como se mencionó anteriormente, un componente exógeno necesario para que las células se sometan al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25, tal
 40 como, *p. ej.*, una SNAP-25, un FGFR2, un FGFR3, o una SV2, descrito en la presente memoria descriptiva se puede introducir en una célula. Cualquiera o todos los procedimientos útiles para introducir dicho componente exógeno con un agente de administración en una población de células puede resultar útil con la condición de que dicho procedimiento introduzca el componente exógeno descrito en la presente memoria descriptiva en al menos 50 % de las células dentro de determinada población de células. Por lo tanto, los aspectos de la presente realización pueden
 45 incluir una población de células en la cual, *p. ej.*, al menos 50 %, al menos 60 %, al menos 70 %, al menos 80 %, o al menos 90 % de determinada población de células contiene un componente exógeno necesario para que las células se sometan al mecanismo celular general mediante el cual una BoNT/A escinde proteolíticamente un sustrato de SNAP-25, tal como, *p. ej.*, una SNAP-25, un FGFR2, un FGFR3, o una SV2, descritos en la presente memoria descriptiva. Como se utiliza en la presente, el término «agente de administración» se refiere a cualquier
 50 molécula que permita o potencie la internalización en una célula de un polipéptido con enlaces covalentes, con enlaces no covalentes o asociado de cualquier otro modo. Por lo tanto, el término «agente de administración» engloba, sin carácter restrictivo, proteínas, péptidos, péptidos miméticos, moléculas pequeñas, moléculas de polinucleótido, liposomas, lípidos, virus, retrovirus y células que, sin carácter restrictivo, transportan una molécula enlazada de manera covalente o no covalente a la membrana celular, citoplasma celular o núcleo. Asimismo se
 55 entiende que el término «agente de administración» engloba moléculas que son internalizadas por cualquier mecanismo, incluyendo agentes de administración que funcionan mediante endocitosis mediada por receptores y aquellos que no dependen de endocitosis mediada por receptores.

- Un agente de administración también puede ser un agente que permita o potencie captación celular de un
 60 componente con enlaces covalentes, como FGFR2, FGFR3, SV2, o SNAP-25, tal como, *p. ej.*, mediante conjugación

- química o mediante proteínas de fusión producidas genéticamente. Los procedimientos que enlazan de manera covalente agentes de administración con procedimientos para utilizar dichos agentes se describen en, p. ej., Steven F. Dowdy, *Protein Transduction System and Methods of Use Thereof*, publicación internacional N.º WO 00/34308; Gérard Chassaing & Alain Prochiantz, *Peptides which can be Used as Vectors for the Intracellular Addressing of Active Molecules*, patente de EE. UU. N.º 6.080.724; Alan Frankel y col., *Fusion Protein Comprising TAT-derived Transport Moiety*, patente de EE. UU. N.º 5.674.980; Alan Frankel y col., *TAT-derived Transport Polypeptide Conjugates*, patente de EE. UU. N.º 5.747.641; Alan Frankel y col., *TAT-derived Transport Polypeptides and Fusion Proteins*, patente de EE. UU. N.º 5.804.604; Peter F. J. O'Hare y col., *Use of Transport Proteins*, patente de EE. UU. N.º 6.734.167; Yao-Zhong Lin & Jack J. Hawiger, *Method for Importing Biologically Active Molecules into Cells*, patente de EE. UU. N.º 5.807.746; Yao-Zhong Lin & Jack J. Hawiger, *Method for Importing Biologically Active Molecules into Cells*, patente de EE. UU. N.º 6.043.339; Yao-Zhong Lin y col., *Sequence and Method for Genetic Engineering of Proteins with Cell Membrane Translocating Activity*, patente de EE. UU. N.º 6.248.558; Yao-Zhong Lin y col., *Sequence and Method for Genetic Engineering of Proteins with Cell Membrane Translocating Activity*, patente de EE. UU. N.º 6.432.680; Jack J. Hawiger y col., *Method for Importing Biologically Active Molecules into Cells*, patente de EE. UU. N.º 6.495.518; Yao-Zhong Lin y col., *Sequence and Method for Genetic Engineering of Proteins with Cell Membrane Translocating Activity*, patente de EE. UU. N.º 6.780.843; Jonathan B. Rothbard & Paul A. Wender, *Method and Composition for Enhancing Transport Across Biological Membranes*, patente de EE. UU. N.º 6.306.993; Jonathan B. Rothbard & Paul A. Wender, *Method and Composition for Enhancing Transport Across Biological Membranes*, patente de EE. UU. N.º 6.495.663; y Pamela B. Davis y col., *Fusion Proteins for Protein Delivery*, patente de EE. UU. N.º 6.287.817.

- Un agente de administración también puede ser un agente que permita o potencie la captación celular de un componente no asociado de manera covalente, como FGFR2, FGFR3, SV2c, o SNAP-25. Los procedimientos que funcionan en ausencia de los enlaces covalentes y los procedimientos que utilizan dichos agentes se describen en, p. ej., Gilles Divita y col., *Peptide-Mediated Transfection Agents and Methods of Use*, patente de EE. UU. N.º 6.841.535; Philip L. Feigner and Olivier Zelphati, *Intracellular Protein Delivery Compositions and Methods of Use*, solicitud de patente de EE. UU. N.º 2003/0008813; y Michael Karas, *Intracellular Delivery of Small Molecules, Proteins and Nucleic Acids*, solicitud de patente de EE. UU. N.º 2004/0209797. Dichos agentes de administración de péptidos se pueden preparar y utilizar mediante procedimientos estándar y están disponibles en el mercado, véase, p. ej. reactivo CHARIOT™ (Active Motif, Carlsbad, CA); reactivo BIO-PORTER® (Gene Therapy Systems, Inc., San Diego, CA), reactivo de administración de proteínas BIO TREK™ (Stratagene, La Jolla, CA), y reactivo de transfección de proteínas PRO-JECT™ (Pierce Biotechnology Inc., Rockford, IL).

Los aspectos de la presente descripción también se pueden describir de la siguiente forma:

1. Una línea celular clonal establecida que comprende una célula susceptible a intoxicación por BoNT/A.
2. La línea celular clonal establecida del punto 1, donde la línea celular clonal se selecciona de una línea celular SiMa parental.
3. La línea celular clonal establecida de los puntos 1 o 2, donde la célula es susceptible a intoxicación con BoNT/A en alrededor de 100 pM o menos, alrededor de 50 pM o menos, alrededor de 10 pM o menos, alrededor de 5 pM o menos, alrededor de 1 pM o menos, alrededor de 0,5 pM o menos, o alrededor de 0,1 pM o menos de una BoNT/A.
4. La línea celular clonal establecida de los puntos 1 o 2, donde la susceptibilidad a intoxicación con BoNT/A se mide antes de la diferenciación de la célula.
5. La línea celular clonal establecida del punto 2, donde en el estado no diferenciada, la célula muestra un incremento en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular 2D6, tomándose los genes de la Tabla 5, o donde la célula muestra una disminución en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular 2D6, tomándose los genes de la Tabla 6.
6. La línea celular clonal establecida del punto 2, donde en el estado diferenciada, la célula muestra un incremento en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular 2D6, tomándose los genes de la Tabla 9, o donde la célula muestra una disminución en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular 2D6, tomándose los genes de la Tabla 10.
7. La línea celular clonal establecida del punto 2, donde en el estado no diferenciada, la célula muestra un incremento en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular SiMa parental, tomándose los genes de la Tabla 7, o donde la célula muestra una disminución en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular SiMa parental, tomándose los genes de la Tabla 8.

8. La línea celular clonal establecida del punto 2, donde en el estado diferenciada, la célula muestra un incremento en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular SiMa parental, tomándose los genes de la Tabla 11, o donde la célula muestra una disminución en número de veces de al menos 1,5 en la expresión génica de uno o más genes respecto de la expresión de uno o más genes en una célula de una línea celular SiMa parental, tomándose los genes de la Tabla 12.
9. La línea celular clonal establecida de los puntos 1 o 2, donde la célula muestra una sensibilidad a la actividad de BoNT/A que es 100 pM o menos o alrededor de 25 pM para alrededor de 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, 50 o más subcultivos celulares, 55 o más subcultivos celulares, o 60 o más subcultivos celulares.
10. La línea celular clonal establecida de los puntos 1 o 2, donde la célula de una línea celular clonal establecida muestra una proporción de señal a ruido bien definida para la asíntota superior para actividad de BoNT/A de al menos 3:1, al menos 4:1, al menos 5:1, al menos 6:1, al menos 7:1, al menos 8:1, al menos 9:1, al menos 10:1 en, p. ej., 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, 50 o más subcultivos celulares, 55 o más subcultivos celulares, o 60 o más subcultivos celulares.
11. Una línea celular clonal establecida que comprende una célula susceptible a intoxicación con BoNT/A producida a partir de una línea celular SiMa parental, donde la célula es susceptible a intoxicación con BoNT/A en alrededor de 100 pM o menos, alrededor de 50 pM o menos, alrededor de 10 pM o menos, alrededor de 5 pM o menos, alrededor de 1 pM o menos, alrededor de 0,5 pM o menos, o alrededor de 0,1 pM o menos de una BoNT/A.
12. Una línea celular clonal establecida que comprende células susceptibles a intoxicación con BoNT/A, donde la línea celular clonal se selecciona de una línea celular SiMa parental; y donde la línea celular comprende células susceptibles a intoxicación con BoNT/A en alrededor de 100 pM o menos de una BoNT/A.
13. La línea celular clonal establecida del punto 12, donde la línea celular SiMa parental es la línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164.
14. La línea celular clonal establecida del punto 12, donde la célula muestra una sensibilidad a la actividad de BoNT/A que es 100 pM o menos o alrededor de 25 pM para alrededor de 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, 50 o más subcultivos celulares, 55 o más subcultivos celulares, o 60 o más subcultivos celulares.
15. La línea celular clonal establecida del punto 12, donde la célula de una línea celular clonal establecida muestra una proporción de señal a ruido bien definida para la asíntota superior para actividad de BoNT/A de al menos 3:1, al menos 4:1, al menos 5:1, al menos 6:1, al menos 7:1, al menos 8:1, al menos 9:1, al menos 10:1 en, p. ej., 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, 50 o más subcultivos celulares, 55 o más subcultivos celulares, o 60 o más subcultivos celulares.
16. La línea celular clonal establecida del punto 12, donde la susceptibilidad a intoxicación con BoNT/A se mide antes de la diferenciación de la célula o después de la diferenciación de la célula.
17. Una línea celular clonal establecida que comprende células susceptibles a intoxicación con BoNT/A, donde las células muestran una diferencia en número de veces de al menos 1,5 en los niveles de expresión génica de tres o más genes en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6; donde los niveles de expresión génica se seleccionan de entre el grupo ADAMTS9, ASCL1, BASP1, DOK5, DPYD, GNB4, GNG11, GTSF1, MAOA, MINA, MSN, PEG3, PLK2, PRSS12, RNF182, SLC44A5, SPARC, TFPI2, y TPTE; y donde la línea celular clonal comprende células susceptibles a intoxicación con BoNT/A en alrededor de 100 pM o menos de una BoNT/A.
18. La línea celular clonal establecida del punto 17, donde las células muestran una diferencia en número de veces de al menos 2,0 en los niveles de expresión génica de uno o más genes en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, una diferencia en número de veces de al menos 3,0 en los niveles de expresión de uno o más genes en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6, o una diferencia en número de veces de al menos 4,0 en los niveles de expresión génica de uno o más genes en comparación con los niveles de expresión de estos genes en células de la línea celular 2D6.
19. La línea celular clonal establecida del punto 17, donde los niveles de expresión génica se miden antes de la diferenciación de la célula o después de la diferenciación de la célula.

20. La línea celular clonal establecida del punto 17, donde la célula muestra una sensibilidad a la actividad de BoNT/A que es 100 pM o menos o alrededor de 25 pM para alrededor de 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, 50 o más subcultivos celulares, 55 o más subcultivos celulares, o 60 o más subcultivos celulares.

21. La línea celular clonal establecida del punto 17, donde la célula de una línea celular clonal establecida muestra una proporción de señal a ruido bien definida para la asíntota superior para actividad de BoNT/A de al menos 3:1, al menos 4:1, al menos 5:1, al menos 6:1, al menos 7:1, al menos 8:1, al menos 9:1, al menos 10:1 en, p. ej., 5 o más subcultivos celulares, 10 o más subcultivos celulares, 15 o más subcultivos celulares, 20 o más subcultivos celulares, 25 o más subcultivos celulares, 30 o más subcultivos celulares, 35 o más subcultivos celulares, 40 o más subcultivos celulares, 45 o más subcultivos celulares, 50 o más subcultivos celulares, 55 o más subcultivos celulares, o 60 o más subcultivos celulares.

15 EJEMPLOS

Ejemplo I

Cribado para líneas celulares que comprenden células susceptibles a intoxicación con BoNT/A

20 El siguiente ejemplo ilustra cómo identificar células clonales de una línea celular establecida parental que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A o tienen capacidad de captación de neurotoxinas.

1. Aislamiento de líneas celulares clonales.

25 La solicitud de patente complementaria Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A Activity Assays*, solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531 identificó distintas líneas celulares establecidas útiles para llevar a cabo los procedimientos basados en la respuesta inmunológica descritos para detectar la actividad de BoNT/A, incluyendo, p. ej., LA1-55n (ECACC 06041203), N18 (ECACC 88112301), Neuro-2a (ATCC CCL-131), PC12 (ATCC CRL-1721), SH-SY5Y (ATCC CRL-2266), y SiMa (DSMZ ACC 164). Durante la caracterización de la línea celular SiMa, se descubrió que las células que comprenden esta línea celular establecida comprendían al menos cinco fenotipos celulares distintos. Para determinar si alguno de estos tipos celulares de distinto fenotipo era responsable de la susceptibilidad de esta línea celular a intoxicación con BoNT/A, se llevaron a cabo dos cribas de dilución limitada diferentes para obtener aislados de colonias únicas para cada tipo celular de fenotipo diferente.

En ambas cribas, se cultivó una densidad apropiada de células a partir de una disolución madre de SiMa en medio RPMI 1640, con suero bovino fetal al 10 %, penicilina-estreptomycin al 1 %, L-glutamina 2 mM, en un matraz T175 revestido con colágeno de tipo IV. Después del segundo subcultivo, las células se trataron con tripsina para producir una suspensión celular y se determinó la concentración celular. Alrededor de $4,0 \times 10^6$ de células de esta suspensión celular se transfirió a un tubo de 50 mL y las células se disociaron en células únicas mediante expulsión enérgica reiterada a través de una aguja de calibre 18,5 utilizando una jeringa de 10 mL. A continuación, las células de esta suspensión de células únicas disociadas se diluyeron a una concentración de $0,2 \times 10^6$ células/mL añadiendo 15 mL de medio de cultivo nuevo, y 2,5 µL de esta dilución se añadieron a 50 mL de medio de cultivo nuevo para obtener una concentración de 10 células/mL. A partir de esta disolución madre de dilución final, se añadieron 100 µL de medio de cultivo a cada pocillo de una placa de 96 pocillos revestida con colágeno de tipo IV (densidad media final de una célula/pocillo), y las células se cultivaron sin perturbación en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono durante cuatro semanas. Se prepararon un total de diecinueve placas de 96 pocillos para su análisis. Las placas se examinaron de forma periódica utilizando microscopio para analizar el crecimiento de las colonias. Al cabo de cuatro semanas, cada pocillo se examinó con microscopio para identificar las colonias en crecimiento, y por cada colonia en crecimiento identificada, se añadieron 100 µL de medio de cultivo nuevo a cada pocillo y las células se cultivaron sin perturbación en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono durante dos semanas. Al cabo de dos semanas adicionales de cultivo, las colonias únicas en crecimiento se trataron con tripsina y se transfirieron a una placa nueva de 96 pocillos para continuar con el cultivo. Una vez que las colonias crecieron hasta llegar a alrededor de 1.000 células, de acuerdo con inspección visual, las células se trataron con tripsina y cada suspensión celular se transfirió a un nuevo pocillo de una placa de 24 pocillos revestida con colágeno de tipo IV. Las células se cultivaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono reponiendo el medio de cultivo cada 2-3 días, si era necesario. Las células se cultivaron hasta que el cultivo alcanzó aproximadamente 60 % de confluencia o más, en cuyo punto las células se trataron con tripsina y cada suspensión celular se transfirió a un matraz de 25 cm² revestido con colágeno de tipo IV. Las células se cultivaron en una incubadora a 37 °C en

5 % de dióxido de carbono reponiendo el medio de cultivo cada 2-3 días, si era necesario. Una vez que las células del matraz alcanzaron 70-80 % de confluencia, se congelaron y almacenaron en nitrógeno líquido hasta que las líneas celulares clonales se analizaron para determinar su susceptibilidad a intoxicación con BoNT/A. De los 1.824 aislados de colonias producidos inicialmente a partir de ambas cribas, se seleccionaron 130 líneas celulares clonales de acuerdo con criterios de viabilidad y cultivo y se expandieron para procedimientos de cribado posteriores.

2. Criba primaria para susceptibilidad a intoxicación con BoNT/A de células de una línea celular clonal utilizando un complejo de BoNT/A.

- 10 Una forma de determinar si las células de una línea celular clonal eran susceptibles a intoxicación con BoNT/A fue llevar a cabo una criba primaria utilizando un ensayo de viabilidad celular por luminiscencia CELLTITER-GLO® (Promega, Madison, WI) para normalizar la cantidad de células en cada pocillo y un procedimiento basado en la respuesta inmunológica para determinar la actividad de BoNT/A como se describe en el documento Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A Activity Assays*, solicitud de patente de EE. UU.
- 15 N.º de serie: 12/403.531, que se incorpora a la presente por referencia en su totalidad. Se prepararon dos placas separadas de 96 pocillos, una para el ensayo de actividad de BoNT/A y la otra para el ensayo de viabilidad celular.

- Para llevar a cabo el ensayo de actividad de BoNT/A, se preparó un lisado a partir de células tratadas con BoNT/A colocando células de cada línea celular clonal aislada en un pocillo de una placa de 96 pocillos con poli-D-lisina (BD Biosciences, Bedford, MA). Los pocillos contenían 0,1 mL de un medio libre de suero que comprendía medio mínimo esencial, GlutaMAX™ I 2 mM con sales de Earle, suplemento B27 1x, suplemento N2 1x, aminoácidos no esenciales 0,1 mM, HEPES 10 mM y 25 µg/mL de GT1b (302-011-M005, Alexis Biochemicals, San Diego, CA). Estas células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que las células se diferenciaron, de acuerdo con la evaluación realizada mediante criterios morfológicos estándar y rutinarios, tales como detención del
- 20 crecimiento y extensión de neuritas (aproximadamente 3 días). Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron por medio nuevo que contenía 1 nM de un complejo de BoNT/A. Al cabo de 24 horas de incubación, las células se lavaron aspirando el medio de cultivo y aclarando cada pocillo con 200 µL de PBS 1x. Para recoger las células, se aspiró la PBS 1x, las células fueron lisadas añadiendo 30 µL de tampón de lisis que comprendía Tris-HCl 20 mM (pH 7,5), NaCl 150 mM, EDTA 1 mM, EGTA 1 mM, Triton X-100 al 1 % a cada
- 25 pocillo, y la placa se incubó en un agitador que rotaba a 500 rpm durante 30 minutos a 4 °C. La placa se centrifugó a 4.000 rpm durante 20 minutos a 4 °C para que sedimentaran los residuos celulares y el sobrenadante se transfirió a una placa de 96 pocillos revestida con anticuerpo de captura para llevar a cabo la etapa de detección.

- Para preparar una disolución de anticuerpo de captura α-SNAP-25, el anticuerpo monoclonal de ratón α-SNAP-25 contenido en la ascitis de la línea celular de hibridoma 2E2A6 (Ejemplo VII) se purificó utilizando un protocolo de purificación de proteína A estándar.
- 35

- Para preparar una disolución de anticuerpo de detección α-SNAP-25, se conjugó un anticuerpo policlonal de conejo α-SNAP-25 S9684 (Sigma, St. Louis, MO) con reactivo de marcado éster de rutenio(II)-tris-bipiridina-(4-metilsulfonato) NHS (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD) de acuerdo con las instrucciones del fabricante (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD). La reacción de conjugación se llevó a cabo añadiendo 30 µL de disolución madre MSD SULFO-TAG™ reconstituida con agua destilada a 200 µL de 2 mg/mL de anticuerpos policlonales α-SNAP-25 e incubando la reacción a temperatura ambiente durante 2 horas en la oscuridad. Los anticuerpos marcados se purificaron utilizando un protocolo de columna de centrifugado estándar y la concentración de proteína se determinó mediante un ensayo clorimétrico estándar de la proteína. Se midió la absorbancia del conjugado de anticuerpo α-SNAP-25/MSD SULFO-TAG™ a 455 nm con un espectrofotómetro para determinar la concentración en moles por litro. La disolución de anticuerpo de detección se almacenó a 4 °C hasta el momento de su uso.
- 40
- 45

- 50 Para preparar un soporte de fase sólida de α-SNAP-25 que comprendía un anticuerpo de captura α-SNAP-25, se añadieron aproximadamente 5 µL de la disolución de anticuerpo monoclonal α-SNAP-25 apropiada (20 µg/mL en PBS 1x) a cada pocillo de una placa de 96 pocillos MSD High Bind y se dejó que la disolución se secara al aire en una cabina de seguridad biológica durante 2-3 horas para que se evaporara el líquido de la disolución. Los pocillos con anticuerpo de captura unido se sellaron y se almacenaron a 4 °C hasta el momento de su uso.

- 55 Para detectar la presencia de un producto de SNAP-25 escindido mediante análisis ELISA en sándwich con ECL, a continuación, los pocillos de un soporte de fase sólida de α-SNAP-25 se bloquearon, añadiendo 150 µL de tampón de bloqueo que comprendía reactivo de bloqueo Amersham (GE Life Sciences, Piscataway, NJ) al 2 % y suero de cabra al 10 % (VWR, West Chester, PA) a temperatura ambiente durante 2 horas. Se aspiró el tampón de bloqueo,
- 60 se añadieron 25 µL de un lisado de células tratadas con BoNT/A a cada pocillo y las placas se incubaron a 4 °C

durante una noche. Los pocillos de la placa se lavaron tres veces aspirando el lisado celular y aclarando cada pocillo tres veces con 200 μ L de PBS 1x, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Después del lavado, se añadieron 25 μ L de disolución de anticuerpo de detección α -SNAP-25 a 5 μ g/mL que comprendía reactivo de bloqueo Amersham al 2 % en PBS 1x, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 % a cada pocillo, se sellaron y se incubaron a temperatura ambiente durante 1 hora con agitación. Después de la incubación del anticuerpo de detección α -SNAP-25, los pocillos se lavaron tres veces con 200 μ L de PBS 1x, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Después del lavado, se añadieron 150 μ L de tampón de lectura 1x (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD) a cada pocillo y las placas se leyeron utilizando un lector de imágenes SECTOR™ Imager 6000 (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD). Los datos primarios se recogieron utilizando el aparato generador de imágenes ECL Imager.

Para llevar a cabo el ensayo de viabilidad celular por luminiscencia, las células de cada línea celular clonal aislada se colocaron en placas y se diferenciaron como se explica más arriba. Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron por 100 μ L de la mezcla de reactivo que comprendía el sustrato de CELLTITER-GLO® y el tampón de CELLTITER-GLO® de acuerdo con las instrucciones del fabricante. A continuación la placa se protegió de la luz y se mezcló durante dos minutos en un agitador orbital. La disolución de la placa celular de 96 pocillos con fondo transparente se transfirió a una placa de luminómetro blanca y después de 10 minutos de incubación se leyó en el luminómetro.

Estos resultados indicaron que las lecturas de viabilidad celular oscilaban entre 9.838 y 10.423.188 y las señales de actividad de BoNT/A oscilaban entre 84 y 27.242 (Tabla 1). Asimismo, se calculó una proporción de actividad de BoNT/A respecto de viabilidad celular para normalizar los datos, aunque no siempre hubo una proporción 1:1 de viabilidad y actividad. Siete líneas celulares clonales mostraron proporciones de actividad/viabilidad de alrededor de $0,2 \times 10^{-2}$ o mayores: H1, A7, A11, F10, A9, A10, y C11 (Tabla 1). Nueve líneas celulares clonales mostraron proporciones de actividad/viabilidad de alrededor de $0,125 \times 10^{-2}$ hasta alrededor de $0,150 \times 10^{-2}$: H3, H8, E11, H10, A6, C5, C12, D11, y B5 (Tabla 1). Dos líneas celulares mostraron proporciones de actividad/viabilidad de alrededor de $0,100 \times 10^{-2}$: D7 y B10 (Tabla 1). De acuerdo con estas proporciones de actividad/viabilidad, junto con las mediciones de señales de viabilidad celular y actividad de BoNT/A, estas 18 líneas celulares clonales se seleccionaron para análisis posteriores llevando a cabo una criba secundaria utilizando un ensayo de actividad de BoNT/A para generar una curva de dosis-respuesta para BoNT/A.

Tabla 1. Criba primaria para líneas celulares clonales susceptibles a intoxicación con BoNT/A utilizando señales de viabilidad y actividad							
Pocillo	Lectura de viabilidad celular (URL)	Señal de actividad de BoNT/A (URL)	Proporción actividad/viabilidad	Pocillo	Lectura de viabilidad celular (URL)	Señal de actividad de BoNT/A (URL)	Proporción actividad/viabilidad
A1	2634417	2425	$0,092 \times 10^{-2}$	A7	10132753	27242	$0,269 \times 10^{-2}$
B1	731808	198	$0,027 \times 10^{-2}$	B7	2977371	1642	$0,055 \times 10^{-2}$
C1	4258160	1641	$0,039 \times 10^{-2}$	C7	5746577	4878	$0,085 \times 10^{-2}$
D1	6554606	4885	$0,075 \times 10^{-2}$	D7	5861338	6044	$0,103 \times 10^{-2}$
E1	2374483	897	$0,038 \times 10^{-2}$	E7	2819910	1399	$0,050 \times 10^{-2}$
F1	2801444	1842	$0,066 \times 10^{-2}$	F7	23523	84	$0,357 \times 10^{-2}$
G1	5094510	4579	$0,090 \times 10^{-2}$	G7	6232344	4031	$0,065 \times 10^{-2}$
H1	3808699	10861	$0,285 \times 10^{-2}$	H7	4916756	2759	$0,056 \times 10^{-2}$
A2	9593106	7090	$0,074 \times 10^{-2}$	A8	5945833	5611	$0,094 \times 10^{-2}$
B2	5374966	5673	$0,106 \times 10^{-2}$	B8	4591002	2128	$0,046 \times 10^{-2}$
C2	4170158	2972	$0,071 \times 10^{-2}$	C8	5648241	8758	$0,155 \times 10^{-2}$
D2	31283	88	$0,281 \times 10^{-2}$	D8	4207887	3360	$0,080 \times 10^{-2}$
E2	5706902	3743	$0,066 \times 10^{-2}$	E8	5894699	3844	$0,065 \times 10^{-2}$
F2	4884798	4568	$0,094 \times 10^{-2}$	F8	5585487	4651	$0,083 \times 10^{-2}$
G2	3552045	2190	$0,062 \times 10^{-2}$	G8	4758800	4545	$0,096 \times 10^{-2}$
H2	3743690	3421	$0,091 \times 10^{-2}$	H8	5439137	8017	$0,147 \times 10^{-2}$
A3	15372	89	$0,579 \times 10^{-2}$	A9	10423188	20706	$0,199 \times 10^{-2}$
B3	5381672	1551	$0,029 \times 10^{-2}$	B9	6493893	4444	$0,068 \times 10^{-2}$
C3	4270534	3959	$0,093 \times 10^{-2}$	C9	5742047	5788	$0,101 \times 10^{-2}$
D3	48702	97	$0,199 \times 10^{-2}$	D9	3424405	1848	$0,054 \times 10^{-2}$
E3	4707349	2671	$0,057 \times 10^{-2}$	E9	5771943	8064	$0,140 \times 10^{-2}$

F3	3053132	1539	$0,050 \times 10^{-2}$	F9	24524	88	$0,359 \times 10^{-2}$
G3	5518292	4195	$0,076 \times 10^{-2}$	G9	7291510	6674	$0,092 \times 10^{-2}$
H3	4156632	6339	$0,153 \times 10^{-2}$	H9	4169883	6048	$0,145 \times 10^{-2}$
A4	19793	89	$0,450 \times 10^{-2}$	A10	9050811	17617	$0,195 \times 10^{-2}$
B4	6224766	4299	$0,069 \times 10^{-2}$	B10	5590113	5175	$0,093 \times 10^{-2}$
C4	3212859	3202	$0,100 \times 10^{-2}$	C10	2325807	1713	$0,074 \times 10^{-2}$
D4	4376180	2367	$0,054 \times 10^{-2}$	D10	2644116	2589	$0,098 \times 10^{-2}$
E4	3931793	3975	$0,101 \times 10^{-2}$	E10	4210945	2666	$0,063 \times 10^{-2}$
F4	1150134	526	$0,046 \times 10^{-2}$	F10	2932749	6390	$0,218 \times 10^{-2}$
G4	19023	94	$0,494 \times 10^{-2}$	G10	3980127	3114	$0,078 \times 10^{-2}$
H4	3368425	2645	$0,079 \times 10^{-2}$	H10	4519035	6187	$0,137 \times 10^{-2}$
A5	8231689	7809	$0,095 \times 10^{-2}$	A11	9870025	24690	$0,250 \times 10^{-2}$
B5	5332004	6545	$0,123 \times 10^{-2}$	B11	4973892	2235	$0,045 \times 10^{-2}$
C5	3869441	5042	$0,130 \times 10^{-2}$	C11	3326448	6405	$0,193 \times 10^{-2}$
D5	2554300	1161	$0,045 \times 10^{-2}$	D11	5747961	7169	$0,125 \times 10^{-2}$
E5	3781403	764	$0,020 \times 10^{-2}$	E11	5831546	8432	$0,145 \times 10^{-2}$
F5	4608801	3720	$0,081 \times 10^{-2}$	F11	5291803	4317	$0,082 \times 10^{-2}$
G5	7105403	7330	$0,103 \times 10^{-2}$	G11	3499587	2790	$0,080 \times 10^{-2}$
H5	5585607	7544	$0,135 \times 10^{-2}$	H11	3225750	4518	$0,140 \times 10^{-2}$
A6	7698708	10152	$0,132 \times 10^{-2}$	A12	9838	89	$0,905 \times 10^{-2}$
B6	4706560	3196	$0,068 \times 10^{-2}$	B12	3728293	2016	$0,054 \times 10^{-2}$
C6	5866251	6145	$0,105 \times 10^{-2}$	C12	4086862	5308	$0,130 \times 10^{-2}$
D6	2285787	768	$0,034 \times 10^{-2}$	D12	5044526	3860	$0,077 \times 10^{-2}$
E6	2471979	1038	$0,042 \times 10^{-2}$	E12	4787913	2719	$0,057 \times 10^{-2}$
F6	10958	91	$0,830 \times 10^{-2}$	F12	5101695	2585	$0,051 \times 10^{-2}$
G6	19590	91	$0,465 \times 10^{-2}$	G12	2887390	1622	$0,056 \times 10^{-2}$
H6	2057687	2564	$0,125 \times 10^{-2}$	H12	2829307	5105	$0,180 \times 10^{-2}$

Para llevar a cabo el ensayo de actividad de BoNT/A con el fin de generar una curva de dosis-respuesta para BoNT/A, las células de cada línea celular clonal aislada se sembraron en una placa de 96 pocillos con poli-D-lisina y se diferenciaron como se describió más arriba. De las 18 líneas celulares clonales superiores seleccionadas para análisis adicionales, solo 8 permanecieron viables, las 10 líneas celulares clonales restantes no volvieron a crecer y se perdieron. Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron con medio nuevo que contenía ya sea 0 (muestra no tratada), 0,03 pM, 0,1 pM, 0,3 pM, 0,9 pM, 2,8 pM, 8,3 pM, o 25 pM de un complejo de BoNT/A. Al cabo de 24 horas de tratamiento, las células se lavaron, se incubaron durante dos días adicionales en un medio libre de suero sin toxina para permitir la escisión del sustrato de SNAP-25, y se recogieron como se describe más arriba. El sobrenadante se transfirió a una placa de 96 pocillos revestida con anticuerpo de captura para llevar a cabo la etapa de detección.

La disolución de anticuerpo de captura α -SNAP-25, la disolución de anticuerpo de detección α -SNAP-25, y el soporte de fase sólida de α -SNAP-25 se prepararon como se describe más arriba. La detección de la presencia del producto de SNAP-25 escindido mediante análisis ELISA en sándwich con ECL se llevó a cabo como se describe más arriba. A continuación, los datos primarios obtenidos del aparato generador de imágenes ECL Imager se transfirieron a SigmaPlot v. 9.0 y se utilizó un ajuste logístico de curvas de 4- parámetros para definir las curvas de dosis-respuesta. No se utilizaron limitaciones para la función logística de 4- parámetros cuando se trazaron los datos. Se generaron informes gráficos utilizando el siguiente análisis: R2 (coeficiente de correlación), a (Máx. para conjunto de datos), b (ladera), y $X0 \pm SE$ (valor $CE_{50} \pm$ error estándar).

Estos resultados indican que de las 8 líneas celulares clonales analizadas, solo dos fueron más susceptibles a intoxicación con BoNT/A en comparación con células que comprendían la línea celular SiMa parental (Tabla 2). Por ejemplo, las células que comprendían la línea celular SiMa parental mostraron una actividad de CE_{50} para BoNT/A de 2,20 pM, mientras que las células que comprendían las líneas celulares H1 y A10 mostraron una actividad de CE_{50} para BoNT/A de 1,76 pM o menos. Por el contrario, las células que comprendían las líneas celulares H10 y D11 mostraron una actividad de CE_{50} para BoNT/A que fue mayor que la observada para las células que comprendían la línea celular SiMa parental, pero inferior a 5,0 pM. Cabe señalar que cualquier línea celular clonal que muestre una actividad de CE_{50} para BoNT/A que sea 5,0 pM o inferior (100 U/mL o inferior) resulta útil para un procedimiento basado en la respuesta inmunológica para determinar actividad de BoNT/A descrito en Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A Activity Assays*, solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531.

Tabla 2. Criba secundaria para líneas celulares clonales susceptibles a intoxicación con BoNT/A			
Clon	Actividad de BoNT/A		
	CE ₅₀ (pM)	Señal _{MÍN} (URL)	Señal _{MÁX} (URL)
SiMa	2,20	123	47.611
H1	0,77	193	125.252
H3	SD	SD	SD
B5	>25,0	115	22.277
C5	SD	SD	SD
A6	SD	SD	SD
A7	5,59	153	100.412
D7	SD	SD	SD
H8	SD	SD	SD
A9	SD	SD	SD
A10	1,76	207	113.029
B10	6,35	147	101.935
F10	>25,0	111	32.663
H10	2,80	171	120.975
A11	SD	SD	SD
C11	SD	SD	SD
D11	4,4	1,84	105.527
E11	SD	SD	SD
C12	SD	SD	SD
SD = Sin determinar			

3. Criba primaria para susceptibilidad a intoxicación con BoNT/A de células de una línea celular clonal utilizando un producto farmacéutico de BoNT/A formulado

5

Otra forma de determinar si las células de una línea celular clonal eran susceptible a intoxicación con BoNT/A fue llevar a cabo una criba primaria generando una curva de dosis-respuesta a BoNT/A y calcular el valor de CE₅₀ utilizando un procedimiento basado en la respuesta inmunológica para determinar actividad de BoNT/A como se describe en Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A Activity Assays*, solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531.

10

Para comenzar, seis de 35 aislados de línea celular clonal se analizaron utilizando una respuesta de dosis completa a BoNT/A. Para preparar un lisado a partir de células tratadas con BoNT/A, se sembraron células de seis líneas celulares clonales en una placa de 96 pocillos con poli-D-lisina y se diferenciaron como se describe más arriba en la Sección 2 a excepción de que el medio libre de suero comprendía 60 µg/mL de GT1b. Las líneas celulares clonales utilizadas fueron 3D8, YB8, 1D4, 2D6, 1E11, 2F5. Las líneas celulares clonales H1 y H10 identificadas más arriba, junto con la línea celular SiMa parental, se utilizaron como referencias para identificar líneas celulares altamente susceptibles a intoxicación con BoNT/A. Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron por medio nuevo que contenía ya sea 0 (muestra no tratada), 0,98 U/mL, 1,9 U/mL, 3,91 U/mL, 7,81 U/mL, 15,6 U/mL, 31,3 U/mL, 62,5 U/mL, 125 U/mL, 250 U/mL, o 500 U/mL de un producto farmacéutico de BoNT/A formulado. Al cabo de 24 horas de tratamiento, las células se lavaron, se incubaron durante dos días adicionales en un medio libre de suero sin toxina para permitir la escisión del sustrato de SNAP-25. Para recoger las células, se aspiró la PBS 1x, las células fueron lisadas añadiendo 30 µl de tampón de lisis que comprendía Tris-HCl 20 mM (pH 7,5), NaCl 150 mM, EDTA 1 mM, EGTA 1 mM, Triton X-100 al 1 % a cada pocillo, y la placa se incubó en un agitador que rotaba a 500 rpm durante 30 minutos a 4 °C. La placa se centrifugó a 4.000 rpm durante 20 minutos a 4 °C para que sedimentaran los residuos celulares. Se determinó la concentración de proteína mediante procedimientos estándar. El sobrenadante se transfirió a una placa de 96 pocillos revestida con anticuerpo de captura para llevar a cabo la etapa de detección del procedimiento basado en la respuesta inmunológica.

15

20

25

30

La disolución de anticuerpo de captura α-SNAP-25, la disolución de anticuerpo de detección α-SNAP-25, y el soporte de fase sólida de α-SNAP-25 se prepararon como se describe más arriba en la Sección 2. Se llevó a cabo la detección de la presencia del producto de escisión de SNAP-25 mediante el análisis ELISA en sándwich con ECL, se analizaron los datos recogidos y se calculó la CE₅₀ como se describe más arriba en la Sección 2, con la excepción de que se utilizó SigmaPlot v. 10.

35

Estos resultados muestran que la línea celular clonal H1 comprende células que son más susceptibles a BoNT/A que la línea celular SiMa parental (Tabla 3). Asimismo, los resultados indican que si bien las líneas celulares clonales H10, 1D4, 1E11, 2D6, 2F5, 3D8, e YB8 comprenden todas células que son menos susceptibles a BoNT/A que la línea celular SiMa parental, todas tienen una CE_{50} de actividad de BoNT/A inferior a 30 U/mL (Tabla 3). Cabe señalar que cualquier línea celular clonal que muestra una actividad de CE_{50} para BoNT/A que sea 100 U/mL o inferior (5,0 pM o inferior) resulta útil para un procedimiento basado en la respuesta inmunológica para determinar actividad de BoNT/A descrito en Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A Activity Assays*, solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531.

Tabla 3. Criba primaria para líneas celulares clonales susceptibles a intoxicación con BoNT/A			
Clon	Actividad de BoNT/A		
	CE_{50} [U/ml]	Señal_{MIN}(URL)	Señal_{MÁX}(URL)
SiMa	10,8 ± 1,0	10.519	253.484
H1	10,2 ± 0,6	13.996	276.982
H10	22,2 ± 2,0	5.379	296.168
1D4	22,4 ± 0,8	6.064	239.096
1E11	14,2 ± 1,7	8.698	276.323
2D6	27,3 ± 1,8	3.347	179.454
2F5	15,8 ± 0,9	7.007	265.461
3D8	13,4 ± 0,6	11.658	266.279
YB8	19,7 ± 1,3	8.477	293.559

10

Con esta criba primaria inicial que utiliza una curva de dosis-respuesta con las 10 concentraciones de BoNT/A diferentes se identificaron tres concentraciones que resultaron útiles para un ensayo abreviado que utilizaba 3 concentraciones de BoNT/A diferentes, siendo una concentración ligeramente superior a la asíntota inferior (8 U/mL), una concentración próxima a la CE_{50} (25 U/mL), y una concentración que representaba alrededor de 80 % de la asíntota superior (80 U/mL). En estas cribas primarias posteriores se analizaron los 29 aislados de líneas celulares clonales restantes como se describe más arriba con la excepción de que las células se trataron con ya sea 0 (muestra no tratada), 8 U/mL, 25 U/mL, o 80 U/mL de un producto farmacéutico de BoNT/A formulado. Las líneas celulares clonales analizadas fueron 1E3, 2B9, 2D2, 2E4, 3B8, 3D5, 3G10, 4B5, 4C8, 4D3, 5C10, 5F3, AC9, AF4, BB3, BB10, BE3, BF8, CC11, CD6, CE6, CG8, CG10, DC4, DD10, DE7, DF5, YB7, e YF5. Asimismo, la SiMa parental se utilizó como control positivo.

20

Estos resultados muestran que las líneas celulares clonales 2E4, 3B8, 3D5, 5F3, AF4, BB3, BB10, y DC4 comprenden células que son más susceptibles a BoNT/A que la línea celular SiMa parental (Tabla 4). Asimismo, estos resultados indican que las líneas celulares clonales 1E3, 2B9, 3G10, 4B5, 4C8, AC9, BE3, BF8, CC11, CD6, CE6, CG8, CG10, DD10, DE7, e YF5 comprenden células que tienen susceptibilidad similar a BoNT/A que las de la línea celular SiMa parental (Tabla 4). Por último, estos resultados indican que las líneas celulares clonales 2D2, 4D3, 5C10, DF5, e YB7 comprenden células que son menos susceptibles a BoNT/A que la línea celular SiMa parental (Tabla 4).

25

Tabla 4. Criba primaria para líneas celulares clonales susceptibles a intoxicación con BoNT/A						
Clon	8 U/mL BoNT/A		25 U/mL BoNT/A		80 U/mL BoNT/A	
	Señal de actividad (URL)	Diferencia en número de veces	Señal de actividad (URL)	Diferencia en número de veces	Señal de actividad (URL)	Diferencia en número de veces
SiMa	75811/80562*	-	138952/175685*	-	173979/225768*	-
1E3	71040	0,9	128771	0,9	155107	0,9
2B9	66962	0,9	135006	1,0	166871	1,0
2D2	60224*	0,8	136947*	0,8	199786*	0,9
2E4	103680	1,4	217980	1,6	270463	1,6
3B8	123521	1,6	227367	1,6	249218	1,4
3D5	113532	1,5	201683	1,5	270578	1,6
3G10	83049	1,1	130930	0,9	175540	1,0
4B5	74344	1,0	137604	1,0	177363	1,0
4C8	87047	1,1	144395	1,0	185115	1,1

4D3	38063	0,5	80180	0,6	101724	0,6
5C10	16024*	0,2	49030	0,3	116396*	0,6
5F3	98263*	1,7	182902*	1,4	212275*	1,5
AC9	60016*	1,0	127030*	1,0	180384*	1,4
AF4	115460	1,5	179901	1,3	190867	1,1
BB3	74668	1,3	120966	1,4	170177	1,4
BB10	152748	2,0	232406	1,7	266555	1,5
BE3	100849	1,0	199487	0,9	236415	1,0
BF8	55763*	1,0	111746*	1,0	153074*	1,3
CC11	54421*	1,0	123576*	1,0	155337*	1,2
CD6	74970	1,0	151862	1,1	183377	1,1
CE6	70019	0,9	146292	1,1	208184	1,2
CG8	81790*	1,0	159098*	1,0	189209*	1,3
CG10	69503	0,9	141079	1,0	185801	1,1
DC4	112085	1,5	163319	1,2	169352	1,0
DD10	116325	1,5	205445	1,5	223473	1,3
DE7	60994*	0,9	131237*	0,9	174487*	0,9
DF5	34.165*	0,5	104.696*	0,7	179.314*	0,9
YB7	50433	0,7	103707	0,7	143423	0,8
YF5	65848	0,9	122487	0,9	146263	0,4

*Se llevaron a cabo dos cribas separadas. En la primera, la señal detectada para la línea celular SiMa fue 75811 URL y este valor se utilizó para determinar la diferencia en número de veces para las líneas celulares clonales analizadas en esta criba (cifras sin asterisco). Para la segunda criba, la señal detectada para la línea celular SiMa fue 80562 URL y este valor se utilizó para determinar la diferencia en número de veces para las líneas celulares clonales analizadas en esta criba (cifras con asterisco).

Ejemplo II

Análisis de estabilidad de líneas celulares clonales

5

El siguiente ejemplo ilustra cómo caracterizar la estabilidad de células de una línea celular clonal establecida que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A o tienen capacidad de captación de neurotoxinas.

- 10 Durante la caracterización de la línea celular SiMa, se determinó que la línea celular SiMa parental se volvía inestable con base en una pérdida significativa de sensibilidad a BoNT/A. Por ejemplo, antes del subcultivo 13, las células que comprendían la línea celular SiMa parental mostraban de manera rutinaria una CE_{50} para actividad de BoNT/A por debajo de 5,0 pM. Sin embargo, después de los subcultivos, entre alrededor de 14 y alrededor de 20 subcultivos, las células que comprendían la célula SiMa parental mostraban una CE_{50} para actividad de BoNT/A rutinariamente por debajo de 25,0 pM. Un motivo para esta disminución drástica en el valor de CE_{50} puede ser que la
- 15 naturaleza de la línea celular SiMa es heterogénea puesto que comprende al menos cinco tipos celulares diferentes. Con el tiempo, uno de estos tipos celulares pudo superar el cultivo hasta que los otros cuatro quedaron excluidos. Si el tipo celular que superaba a los demás fuera menos susceptible a intoxicación con BoNT/A, o no susceptible en absoluto, entonces, puesto que este tipo celular se convertía en dominante en la línea celular, la CE_{50} para actividad de BoNT/A en esta línea celular SiMa superada disminuiría. Por lo tanto, puesto que las líneas celulares clonales
- 20 establecidas se derivaban de solo uno de estos tipos celulares, a continuación, la línea celular clonal mostraría más estabilidad en cuanto a mantener una CE_{50} para actividad de BoNT/A rutinariamente por debajo de 5,0 pM.

- Para determinar si las células de las líneas celulares clonales establecidas mostraban mayor estabilidad respecto de las células que comprendían la línea celular SiMa parental, la CE_{50} para actividad de BoNT/A se determinó para las
- 25 líneas celulares clonales BB10, H1, H10, y la línea celular SiMa parental en distintas cantidades de subcultivos utilizando un procedimiento basado en la respuesta inmunológica para determinar la actividad de BoNT/A. Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron por medio nuevo que contenía ya sea 0 (muestra no tratada), 0,98 U/mL, 1,9 U/mL, 3,91 U/mL, 7,81 U/mL, 15,6 U/mL, 31,3 U/mL, 62,5 U/mL, 125 U/mL, 250 U/mL, o 500 U/mL de un producto farmacéutico de BoNT/A formulado. Al cabo de 24 horas de
- 30 tratamiento, las células se lavaron, se incubaron durante dos días adicionales en un medio libre de suero sin toxina para permitir la escisión del sustrato de SNAP-25, y se recogieron como se describe más arriba. El sobrenadante se transfirió a una placa de 96 pocillos revestida con anticuerpo de captura para llevar a cabo la etapa de detección.

De manera similar, la preparación de la disolución de anticuerpo de captura α -SNAP-25, la disolución de anticuerpo de detección α -SNAP-25, y el soporte de fase sólida que comprendía un anticuerpo de captura α -SNAP-25 fueron como se describe en la Sección 3. Por último, se llevó a cabo la detección de la presencia del producto de escisión de SNAP-25 mediante el análisis ELISA en sándwich con ECL, se analizaron los datos recogidos y se calculó la CE_{50} como se describe más arriba en la Sección 2, con la excepción de que se utilizó PLA v. 2 para el ajuste logístico de curvas de 4 parámetros.

Los resultados de estos experimentos de estabilidad indicaron que las líneas celulares BB10, H1 y H10 mostraban mayor estabilidad en comparación con la línea celular SiMa parental. Por ejemplo, donde las células de la línea celular SiMa parental mostraban una CE_{50} para actividad de BoNT/A por encima de 500 U/mL (o 25 pM) después de los subcultivos, entre alrededor de 14 y alrededor de 20 subcultivos, las células que comprendían las líneas celulares BB10, H1 y H10 mostraban una CE_{50} para actividad de BoNT/A por debajo de 10 U/mL (o 0,5 pM) después del subcultivo 30 aproximadamente.

15 Ejemplo III

Perfil de expresión génica de líneas celulares que comprenden células susceptibles a intoxicación con BoNT/A

20 El siguiente ejemplo ilustra cómo caracterizar células de una línea celular clonal establecida que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A o tienen capacidad de captación de neurotoxinas mediante determinación del perfil de expresión génica.

Para determinar los cambios en los niveles de transcripción génica para todo el genoma en células susceptibles a intoxicación con BoNT/A, los análisis de expresión génica se realizaron en células de las líneas celulares H1, BB10, 2D6 y SiMa parental, en estados diferenciadas y no diferenciadas utilizando tecnología de micromatrices GENECHIP® U133 Plus 2 (Affymetrix, Inc., Santa Clara, CA) de acuerdo con las instrucciones del fabricante, véase, *p. ej.*, el manual técnico GENECHIP® Expression Analysis Technical Manual, 702232, Rev. 2 (2006) que se incorpora a la presente por referencia en su totalidad.

30 Para preparar células diferenciadas para estas líneas celulares, se sembró una densidad apropiada de células de las líneas celulares H1, BB10, 2D6, y SiMa en matraces de cultivo de tejidos T175 separados que contenían 50 mL de un medio libre de suero que comprendía medio mínimo esencial potenciado, HEPES 10 mM, piruvato sódico 1 mM, aminoácidos no esenciales 0,1 mM, suplemento B27 1x, suplemento N2 1x, y 60 μ g/mL de GT1b (302-011-M005, Alexis Biochemicals, San Diego, CA). Estas células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que las células se diferenciaron, de acuerdo con la evaluación realizada mediante criterios morfológicos estándar y rutinarios, tales como detención del crecimiento y extensión de neuritas, y alcanzaron una confluencia del 80 % (aproximadamente 3 días). A continuación las células se lavaron con 50 mL de PBS 1x, y se trataron con tripsina durante 5 minutos a temperatura ambiente, y a continuación se añadieron 15 mL de medio de cultivo al matraz para inactivar la tripsina. La suspensión celular se transfirió a un tubo de 50 mL y se centrifugó a 200 RCF durante 5 minutos a temperatura ambiente para que las células sedimentaran. El sedimento celular se lavó una vez en 50 mL de PBS 1x, se centrifugó a 200 RCF durante 5 minutos a temperatura ambiente para que las células sedimentaran, y el sobrenadante se retiró. El sedimento celular se sometió a congelación rápida en hielo seco y se almacenó a -80 °C hasta el momento de su uso.

45 Para preparar células no diferenciadas para estas líneas celulares, se sembró una densidad apropiada de células de las líneas celulares H1, BB10, 2D6, y SiMa en matraces de cultivo de tejidos T175 separados que contenían 50 mL de un medio de crecimiento que comprendía RPMI 1640, suero bovino fetal al 10 %, HEPES 10 mM, piruvato sódico 1 mM, aminoácidos no esenciales 0,1 mM, y 60 μ g/mL de GT1b. Estas células se incubaron en una incubadora a 50 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que las células alcanzaron una confluencia de 80 % (aproximadamente 3 días). A continuación, las células se procesaron como se describe más arriba y el sedimento celular se sometió a congelación rápida en hielo seco y se almacenó a -80 °C hasta el momento de su uso.

Para preparar ARN total, las células para cada línea celular se lisaron y se aisló y purificó el ARN total utilizando un kit de aislamiento de ARN (QIAGEN, Valencia, CA) de acuerdo con los protocolos del fabricante. El ADN se digirió utilizando un procedimiento en columna con DNase I (QIAGEN, Valencia, CA). Se cuantificó el ARN por fotoespectrometría a 260 nm y se evaluó la pureza mediante la proporción A260/A280 utilizando un espectrofotómetro. Se evaluó la integridad del ARN utilizando el equipo Bioanalyser 2100 (Agilent Technologies, Inc., Santa Clara, CA). Las alícuotas de ARN total extraídas fueron sometidas a congelación rápida en nitrógeno líquido y almacenadas a -80 °C.

Para preparar sondas de ADNc para los chips de micromatrices génicas, alrededor de 1-15 µg se sometieron a transcripción inversa utilizando un promotor cebador T7-Oligo(dT) en la reacción de síntesis de la primera hebra de ADNc. Después de la síntesis de la segunda hebra de ADNc mediada por RNasa H, el ADNc bicatenario se purificó y sirvió como plantilla para reacciones de transcripción *in vitro* posteriores. La reacción de transcripción *in vitro* se llevó a cabo en presencia de ARN polimerasa T7 y una mezcla de análogo de nucleótido/ribonucleótido biotinilados para amplificación de ARN complementario (ARNc) y marcaje con biotina. A continuación las dianas de ARNc biotiniladas se limpiaron, fragmentaron, e hibridaron en matrices de expresión de microchips durante 17 horas a 65 °C de acuerdo con las instrucciones del fabricante, véase, *p. ej.*, el manual técnico GENECHIP® Expression Analysis Technical Manual, 702232, Rev. 2 (2006) que se incorpora a la presente por referencia en su totalidad. Para identificar las diferencias considerables relacionadas con un tratamiento en cuanto a expresión de genes regulados positiva o negativamente en comparación con líneas celulares de control, las diferencias en número de veces mayores a 1,5 ($\log_2 0,58$) se consideraron significativas, y únicamente se consideraron aquellos genes que mostraban cambios constantes en expresión en el análisis por triplicado (Tables 5-12).

La determinación del perfil de expresión para las líneas celulares H1, BB10 y 2D6 analizadas en el estado no diferenciadas indicó que 1.323 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión aumentaran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular 2D6 (Tabla 5). De estos, 686 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6; y 231 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6. Con respecto a la expresión disminuida, 1.438 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión aumentaran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular 2D6 (Tabla 6). De estos, 668 genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6; y 107 genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6.

La determinación del perfil de expresión para las líneas celulares H1, BB10 y 2D6 analizadas en el estado diferenciadas indicó que 2.556 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión aumentaran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular 2D6 (Tabla 7). De estos, 1.634 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6; y 696 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6. Con respecto a la expresión disminuida, 2.087 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión disminuyeran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular 2D6 (Tabla 8). De estos, 1.215 genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6; y 280 genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6.

La determinación del perfil de expresión para las líneas celulares H1, BB10 y SiMa analizadas en el estado no diferenciadas indicó que 1.232 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión aumentaran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular SiMa parental (Tabla 9). De estos, 764 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental; y 228 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental. Con respecto a la expresión disminuida, 1.265 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión disminuyeran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular SiMa parental (Tabla 10). De estos, 648 genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental; y 189

genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental.

- 5 La determinación del perfil de expresión para las líneas celulares H1, BB10 y SiMa analizadas en el estado diferenciadas indicó que 756 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión aumentaran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular SiMa parental (Tabla 11). De estos, 472 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental; y 150 genes mostraron un incremento en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental. Con respecto a la expresión disminuida, 912 genes fueron identificados por hacer que sus niveles de expresión disminuyeran 1,5 veces ($\log_2 0,58$) o más en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con los niveles de expresión génica obtenidos de la línea celular SiMa parental (Tabla 12). De estos, 411 genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 2 veces ($\log_2 1,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental; y 108 genes mostraron una disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular SiMa parental.

Ejemplo IV

Análisis de vías de perfiles de expresión génica a partir de líneas celulares clonales

- 25 El siguiente ejemplo ilustra cómo caracterizar los perfiles de expresión génica a partir de células clonales de una línea celular clonal establecida que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A o tienen capacidad de captación de neurotoxinas para identificar redes o vías biológicas asociadas a intoxicación con BoNT/A.
- 30 Se llevó a cabo un análisis bioinformático nuclear de vías Ingenuity (IPA, del inglés Ingenuity Pathway Analysis) (Ingenuity Systems Inc., Redwood City, CA) para caracterizar el fenotipo de expresión de ARN de dos líneas celulares de clones sencillos muy sensibles a BoNT/A derivadas de manera independiente, BB10 y H1, en comparación con una línea celular de clones sencillos relacionada pero mucho menos sensible a BoNT/A, 2D6. El análisis se llevó a cabo para identificar el fenotipo de expresión génica específico de una línea celular sensible a BoNT/A. El resultado también se puede utilizar para predecir e identificar potencialmente proteínas que funcionan para potenciar la captación de BoNT/A.

- Se llevó a cabo un análisis bioinformático nuclear de vías Ingenuity (IPA) que identificó redes biológicamente relacionadas a intoxicación con BoNT/A de acuerdo con la conectividad entre los genes de una biblioteca de IPA y los genes que mostraban cambios significativos de acuerdo con la determinación realizada a partir de la determinación de perfiles de expresión descrita más arriba. Para este análisis, se evaluaron todos los genes que mostraron un incremento o disminución en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 de 4 veces ($\log_2 2,0$) o más en comparación con el nivel de expresión para estos genes determinado a partir de la línea celular 2D6, en conjunto con genes seleccionados con una relación conocida o supuesta con intoxicación con BoNT/A, de aquí en adelante denominados genes del Perfil. La importancia de la asociación a una red determinada se midió y se clasificó mediante la proporción del número de genes del Perfil que se asignaban a la red específica dividido por el número total de genes que se asignan a dicha red. Se utilizó el test exacto de Fisher para calcular las puntuaciones p , que representan la asociación entre los genes del Perfil y la red, y de acuerdo con las puntuaciones p , los genes de los genes del Perfil se utilizaron para clasificar las redes. Las puntuaciones p se derivaron de los valores p . Si hay n genes en la red y f de ellos son genes del Perfil, entonces el valor p es la probabilidad de hallar f o más genes del Perfil en un conjunto de n genes seleccionados de manera aleatoria de la Red Molecular Global. Puesto que los valores p significativos son bastante bajos (*p. ej.*, 1×10^{-8}), se definió una puntuación p como el componente del valor p ; puntuación $p = -\log_{10}(\text{valor } p)$. Las redes identificadas se superpusieron con genes expresados diferencialmente que tenían una expresión diferencial de más de 1,5 veces y un valor $p \leq 0,001$ ya sea antes o después de la diferenciación.

- Utilizando el análisis nuclear IPA los genes del Perfil expresados diferencialmente se conectaron a 26 redes. Diecinueve de estas incluyeron 10 o más genes del Perfil (Tabla 13). Entre estas diecinueve redes se identificaron tres grupos generales de redes, denominados A, B y C (Tabla 13). Dentro de las redes en estos tres grupos había genes superpuestos y la expresión para más de tres genes se incrementó después de la diferenciación. Los genes

del grupo A incluyen el receptor FGFR2 que ha demostrado funcionar en el proceso de intoxicación con BoNT/A como receptor para BoNT/A y son los siguientes: genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ANXA2, AQP1, ARHGAP9, CDH10, CDKN2A, CHPT1, CNTN2, ERAP1, y RGS11; genes que

muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ADAMTS9, ATAD2, C11ORF82, CDC45L, CNTN1, CNTN4, Ciclina A, Ciclina E, E2F1, E2F2, E2F7, ELOVL7, EME1, FGFR, FGFR2, KIAA1524, MELK, MYBL1, MYBL2, NDC80, NDN, ORC1L, PLS3, PRIMA1, RAD54L, RBL1, RBPMS, RRM2, S1PR3, SCLY, SLCIA3, SPC24, SPC25, ST8SIA4, TFDPI, TFP12, TK1, TMEM35, TTK, TWIST1, TYMS, TYK, y ZWINT.

Los genes del grupo B incluyen EGFR, un receptor regulado por NGF, que ha demostrado aumentar la captación de BoNT/A en experimentos de cultivo celular y son los siguientes: genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ABCC8, AELIM3, CAP2, IL17B, MEF2A, NEEBL, PHC, S100A6, SLC1A6, SMAD1, SMAD5, SMAD8, SYT13, y SYTL1; genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, AURKB, BIRC5, BRCA1, BRCA2, BRIP1, BUB1B, CD9, DLGAP3, DYNLT3, ENC1, FBLN1, FOXM1, Gβγ, GNAI1, GNG11, GNG12, GSPM2, GUCY1B3, HGF, ITGA6, JNK, KCNJ5, KIF18A, KITLG, MMD, MSN, MYRIP, NEK2, NR3C1, NXPH1, OSBPL3, PKMYT1, PTPRM, RAD51, RAD51AP1, SLC7A2, SLC43A3, SMC6, SNAI2, SNCAIP, SSH2, STK17A, SYNPO2, TOP2A, TPTE, TRAF4, TSPAN, TSPAN4, UBE3, UBE3B, y VAV3.

Los genes del grupo C incluyen una cantidad de proteínas motoras de microtúbulos de la familia de las quinesinas que pueden funcionar en el tráfico intracelular de BoNT/A y son los siguientes: genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, CSTB, GPCR, GRIM5, KISSR, SCN2A, SLC1A2, y THBS2; genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ALCAM, AURKA, CHEK, CIT, CSRP2, E2F, ECT2, EFNB2, ERK, ESPL1, GNAI, GPR161, HMMR, KIF4A, KIF14, KIF15, KIF22, KIF23, KIFC1, LPAR1, MK167, OIP5, PHLPP, PP1/PP2A, PPP1R3C, PRC1, PTTG1, RACGAP, RB, RGS5, SDC2, y TPX2.

Las redes restantes identificadas no compartían genes comunes entre otras redes cualquiera. Para la red 3, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ADARB1, ADM, PTPPH, y SLC01A2; los genes que muestran un incremento de 1,5 veces o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ASCL1, HES6, MAPK, NMU, PEG3, PTPRK, PRLHR, PTPRK, SGOL2, SPARC, y ZNF217. Para la red 6, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, CNGA3, HIST1H3E y PTGS1; los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ASF1B, BASP1, CHAF1A, NCAPH, PBK, PRAME, SMC2, UHRF1, y VRK1. Para la red 9, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, HIST1H2BD y OSCAR; los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, C14ORF106, CEP72, KIF20A, PCNA, PEX13, PFC5, POLQ, SPAG5, SYTL4, TROAP, y WDR51A. Para la red 12, los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ANLN, ARHGAP24, ASPM, BUB1, CCDC99, CEP55, CKAP2, DRAM, E2F8, PLXNA2, SLC16A10, UBE2C, UBE2S, y WDHD1. Para la red 13, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, CALY; los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ARHGEF3, CTSL2, DIAPH3, FBP1, KIF2C, KIF11, PFKFB3, y PLK4. Para la red 14, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, COL5A1 y MICAL2; los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, FNDC5, HSPC159, MAB21L2, SLITRK5, SYN2, y ZNF367. Para la red 15, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6,

- OLFML2A y SIGIRR; los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, EXO1, KCTD12, MYO6, PHEBL1, SHCBP1, TPBG, y TUBB6. Para la red 17, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, HPCAL1 y LPAR5; los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, BTG3, GABRA5, TR1P10, y ZNF521. Para la red 19, los genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, HTR1E y SORCS1; los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, BNC2, DPYD, EMILIN2, PPIL5, y TACC3.

Tabla 13. Análisis nuclear IPA de genes del Perfil								
Grupo	Red	Proteínas en la red	valor p	Número de genes del Perfil	Estado de expresión no diferenciado		Estado de expresión diferenciado	
					Disminuido	Incrementado	Disminuido	Incrementado
A	1	ADAMTS9, ATAD2, CDC45L, CDKN2A, CNTN1, CNTN2, Ciclina A, Ciclina E, DIRAS3, E2F1, E2F2, E2F7, FGFR2, HDAC, MYBL1, MYBL2, NDC80, NDN, NFkB, ORC1L, PLS3, RAD54L, RBL1, RRM2, S1PR3, SPC24, SPC25, TFDP1, TFPI2, TK1, TNFRSF10D, TTK, TYMS, TYK, ZWINT	51	30	CDKN2A	ADAMTS9, CNTN1, HDAC, NDN, PLS3, S1PR3, TFPI2	CDKN2A, CNTN2,	ADAMTS9, ATAD2, CDC45L, CNTN1, Ciclina A, Ciclina E, E2F1, E2F2, E2F7, FGFR2, MYBL1, MYBL2, NDC80, NDN, ORC1L, PLS3, RAD54L, RBL1, RRM2, S1PR3, SPC24, SPC25, TFDP1, TFPI2, TK1, TTK, TYMS, TYK, ZWINT
C	2	ALCAM, ANK2, ANK3, AURKA, DOK5, E2F, ERK, ESPL1, GDF15, GFRA2, HMMR, ITGA9, KIF15, KIF22,	46	28	ANK2, ANK3, PHKA2, PPP2R2C, SCN2A	ALCAM, DOK5, ERK, GFRA2, PP1/PP2A, PP2A, PPP1R3C, PPP2R2B	KISSR, SCN2A	ALCAM, AURKA, E2F, ERK, ESPL1, HMMR, KIF15, KIF22, MKI67, OIP5, PHLPP, PP1/PP2A, PPP1R3C, PTTG1, RB, TPX2

		KISS1R, KPNA, KPNB, LGI1, MAFB, MAP2K1, MAP2K2, MKI67, NRG3, OIP5, PHKA2, PHLPP, POSTN, PP1/PP2A, PP2A, PPP1R3C, PPP2R2B, PPP2R2C, PTTG1, RAF1, RB, SCN2A, TPX2						
-	3	ADARB 1, ADM, AKAP12, ALP, ASCL1, BHLHB2, CRH, DLL1, FRZB, FSH, GRIA2, GRIP2, hCG, HES6, HTATIP2, IL13RA2, MAPK, NMU, PDGF BB, PDLIM3, PEG3, PLAT, PPFIA4, PRLHR, PTPRH, PTPRK, SGOL2, SLCO1A2, SMAD6, SPARC, STC1, TEAD4, TGFB, VEGF, ZNF217	46	28	ADARB 1, GRIP2, SLCO1A2	ASCL1, DLL1, FRZB, MAPK, PEG3, PLAT, PRLHR, SMAD6, SPARC, ZNF217	ADARB 1, ADM, PTPPH, SLCO1 A2	ASCL1, HES6, MAPK, NMU, PEG3, PRLHR, PTPRK, SGOL2, SPARC, ZNF217
C	4	AKT, ACTN1, ACTN2, ACTN3, ATF5, ATM/ATR, BDKRB2, CHEK1, CHEK2, CIT, CSRP2, CSTB, CTSH,	43	27	CSTB, GPCR, GRIM5, SLC1A2	GNAI, GPR161, LPAR1, RGS5	CSTB, GPCR, GRIM5, SLC1A2 , THBS2	CIT, CSRP2, ECT2, EFNB2, CHEK, GNAI, GPR161, KIF4A, KIF14, KIF23, KIFC1, LPAR1, PRC1, RACGAP, RGS5, SDC2,

		ECT2, EFNB2, ELMO1, GNAI, GABBR2, GPCR, GPR161, GRM5, ICAM2, KIF4A, KIF14, KIF23, KIFC1, LPAR1, MMP, PDGFA PDGFB, PRC1, RAC, RAC2, RACGAP1, RGS5, SDC2, SLC1A2, THBS2						
B	5	ABLIM3, F- ACTF, G- ACT, CD9, CXCR4, DTNA, ENC1, FNBP1, Gβγ, GNAI1, GNG11, GNG12, GPSM2, ITG,	38	25	SYT13, S100A6	CD9, CXCR4, ENC1, Gβγ, GNAI1, GNG11, GNG12, ITGA6, JNK, MSN, MYRIP, STK17A	AELIM3, S100A6, SYT13, SYTL1	CD9, ENC1, Gβγ, GNAI1, GNG11, GNG12, GPSM2, ITGA6, JNK, KCNJ4, MSN, MYRIP,
		ITA5, ITGA6, JNK, KCNJ4, MLC, MSN, MYRIP, NOX, NET1, NRXN1, NXPH1, PI3K, RHO, S100A6, STK17A, SYT13, SYTL1, TRAF4, TSPAN, TSPAN3, TSPAN4, VAV3						NXPH1, STK17A, TRAF4, TSPAN, TSPAN4, VAV3
-	6	ADCY, ADCY1, AP1, ASF1B, ATP2B4, BASP1, BCL11B, CAM, CAMK2B,	36	24	CAMK2B	BASP1, HRH3	CNGA3, HIST1H 3E, PTGS1	ASF1B, BASP1, CHAF1A, NCAPH, PBK, PRAME, SMC2, UHRF1, VRK1

		CHAF1A, CNGA3, CYP2E1, DACH1, HIST1H3E, HISH3, HRH3, HSP90, IL1, IL12, INS, INFA, ISG20, KCNN2, LDL, MMP14, NCAPH, PBK, PDGF, PIAS1, PRAME, PTGS1, SEC31A, SMC2, UHRF1, VRK1						
B	7	BARD1, BRCA1, BRCA2, BRIP1, BUB1B, CNA, CAP2, CK2, DLGAP5, FAT, GUCY1B3, HSP70, KITLG, MEF2A, NEK2, NFAT, NR3C1, NF1, PHLDA2, PKC(s), RAD51, RAD51AP1, TOP2, SAMD4A, SLC1A6, SMC6, SNAI2, SNCAIP,	32	24	CAP2, CNA, PHLDA2, PKC(s)	NR3C1, SMC6, SNCAIP, TCF7L2	CAP2, MEF2A, PKC(s), SLC1A6	BRCA1, BRCA2, BRIP1, BUB1B, DLGAP3, GUCY1B3, NEK2, KITLG, NR3C1, RAD51, RAD51AP1, SMC6, SNAI2, SNCAIP, UBE3, UBE3B
		STAT5a, STAT5b, TCF7L2, UBE3, UBE3B, UBN, XPO1						
B	8	CBP, AURKB, BIRC5, CACNA1D, CBP/p300, CD3, CREB, CREB5, DBH, EGR1,	30	21	KCNMA1, NDRG1, RAS	ERK1, ERK2, MAOA, P38 MAPK, RGMA	NDRG1, SMAD1, SMAD5, SMAD8	AURKB, BIRC5, ERK1, ERK2, FBLN1, FOXM1, HGF, MAOA, P38 MAPK, PKMYT1, SYNPO2, TOP2A

		ERK1, ERK2, FBLN1, FBN1, FOXM1, HGF, INCENP, KCNMA1, LGALS1, MAOA, MEK, NDRG1, NID1, P38 MAPK, PKA, PKMYT1, PRKAC, PRKACB, RAF, RAP1, RAS, RGMA, RSK, SMAD1, SMAD5, SMAD8, SYNPO2, TOP2A						
-	9	C14ORF106, CDKN1A, CEP72, DHX8, FKBPL, HIST1H2BD, HNF4A, KIF20A, KRT18, MTHFS, OSCAR, PCGF5, PCNA, PELO, PEX13, PFC5, POLD4, POLK, POLL, POLM, POLQ, POLS, R3HDM1, RASL12, RFC5, SLC33A1, SPAG5, STAT4, SULT1A1, SULT1C2, SYTL4, TCEAL3, TROAP, VEZT, WDR51A,	19	15	-	PCGF5	HIST1H 2BD, OSCAR	C14ORF106, CEP72, KIF20A, PCNA, PEX13, PFC5, POLQ, SPAG5, SYTL4, TROAP, WDR51A
		ZBTB16						
A	10	ARHGAP9, CDH10,	18	15	CHPT1	CNTN4, ELOVL7,	ARHGA P9,	CNTN4, ELOVL7, EME1,

		CDS1, CDS2, CHPT1, CNTN4, ELOVL7, EME1, FGFR, GAS6, HAND1, IFI202B, ISL1, KIAA1524, KRT74, MIRN31, MUS81, MYF6, MYOD1, NFYB, OTX1, PRIMA1, QKI, RBM9, RBPMS, RORA, SHOX2, SLC39A8, SOX2, SOX15, ST8SIA4, STAT3, TWIST1, VPS39, ZFHX3				HAND1, ODS2, SOX2, TWIST1	CDH10	FGFR, KIAA1524, PRIMA1 , RBPMS, ST8SIA4, TWIST1
B	11	ALDH3A2, B3GAL T2, BAMBI, CNN2, CTNNAL1, CTNNB1, CTSC, CUGBP2, DYNLT3, IL13, KIF18A, LIN7C, MFI2, MPP5, MRC2, NDST1, PDGF-CC, PHLDA2, PLAU, PPM1J, PPP1CA, PTPN14, PTPRM, SLC16A3, SLC26A2, SLC43A3, SLC7A2, SSH2, STK17A,	18	15	PHLDA2	BAMBI, CUGBP2, DYNLT3, SLC7A2, SLC43A3, STK17A, TPTE	-	DYNLT3, KIF18A, PTPRM, SLC7A2, SLC43A3, SSH2, STK17A, TPTE

		TAX1BP3, TCF7L1, TGFB1, TPTE, TSPAN8						
-	12	AHR, AHRR, ANLN, APH1B, ARHGAP24, ASPM, BUB1, CCDC99,	17	15	HS3ST1	PDZRN3, PVRL3	-	ANLN, ARHGAP24, ASPM, BUB1, CCDC99,
		CEP55, CKAP2, DRAM, E2F8, HS3ST1, JPH1, MIRN124-1, NMT2, PDZRN3, PLXNA2, PMM1, PPP1R13L, PVRL3, RFFL, S100A2, SLC16A10, TP53, UBE2A, UBE2C, UBE2D2, UBE2S, UBE2V1, UBE2V2, UBL3, VPS37C, WDHD1						CEP55, CKAP2, DRAM, E2F8, PLXNA2, SLC16A10, UBE2C, UBE2S, WDHD1
-	13	ARHGEF3, CALY, CSH2, CTSL2, DIAPH3, ECEL1, FBP1, FFAR2, FRAT2, GSK3B, HSD17B4, IL6, IL19, KIF11, KIF2C, KNG1, LARGE, LEFTY2, LGR5, LIF, LPAR3, MPZ, MSLN, ORM2, PFKFB3,	17	14	CALY	ARHGEF3, GSK3B, RMP22	CALY	ARHGEF3, CTSL2, DIAPH3, FBP1, KIF2C, KIF11, PFKFB3, PLK4

		PLK4, PMP22, PRPH, PRSS8, PTGER3, SCN7A, SCNN1B, SLC4A11, TAL1						
-	14	AGT, AGTRAP, Beta ARK, CADPS, CD160, COL5A1, CPNE8, FNDC5, HSPC159, INA, ITGA7, LIMA1, LPP, MAB21L2,	15	13	CPNE3	CADPS, FNDC5, MAB21L2, SLITRK5, ST8SIA2	COL5A1 , MICAL2	FNDC5, HSPC159, MAB21L2, SLITRK5, SYN2, ZNF367
		MAPK1, MERTK, MICAL2, MIRN294, MIRN185, MIRN352, NTN1, PLCG1, PLCG2, PTGFR, RASGEF1B, RBM4B, RSU1, SKAP1, SLITRK5, SPRED1, ST8SIA2, SYN2, TGFB3, TNS1, ZNF367						
-	15	ACT1, BAG5, CPVL, EXO1, GIPC1, GJC1, GPR37, HSPA5, HSPA1A, HSPBP1, IkbKB, KCTD12, MAP3K3, MAP3K14, MEKK3/NIK, MIRN30B, MYO6, OLFML2A, PELI3,	15	13	-	KCTD12, TPBG	OLFML2 A, SIGIRR	EXO1, KCTD12, MYO6, PHEBL1, SHCBP1, TPBG, TUBB6

		RHEBL1, RNF126, RPL10A, RPN1, SEC16A, SHC1, SHCBP1, SIGIRR, TJP3, TPBG, TRAF6, TRAF2- TRAF5, TRAF2- TRAF5, TRAF6, TUBB6, TUBB2B						
B	16	ABCC8, BACE2, CLASP1, COLEC12, CXCR7, DACT1, ENTPD5, FGD6, FMO1, GSTT1, IL17B, KRT34, KYNU, LAMP3,	15	13	IL17B	DACT1, PCDH8	ABCC8, IL17B, NEEBL	MMD, OSBPL3, SYNPO2
		LMCD1, MIRN101B, MMD, NEBL, NFRKB, OSBPL3, PCDH8, PEMT, RASAL2, SAMD4A, ST3GAL3, SYNGR3, SYNPO2, TNF, TNNC1, TXN2, YWHAG, ZNF267, ZYX						
-	17	ARPP-19, BTG3, CBFA2T2, CBLN1, CNGA2, EBF1, EGF, EGFR, GABA, GABRA5, GABRB3, GABRD,	14	13	HPCAL1	PPAP2B	HPCAL 1, LPAR5	BTG3, GABRA5, TRIP10, ZNF521

		GABRR1, HDAC9, HPCAL1, HTT, IDS, INSL3, LPAR5, OPRL1, PCDH9, PDE10A, PDE11A, PDE1A, PDE1B, PDE2A, PDE4C, PDE6H, PPAP2B, PPP1R1B, ROBO2, SH3D2C1, TRIP10, ZNF521						
A	18	ANXA2, AQP1, C11ORF82, CCNI, CDKN2A, DEFB104A, DEFB4, EGLN3, ERAP1, FAM129A, GNAO1, IFNG, IL1B, IL1F7, INCA, LOC729687,	14	12	AQP1, CDKN2A	MINA, PDE5A	ANXA2, CDKN2 A, ERAP1, RGS11	C11ORF82, MELK, MINA, PDE5A, SCLY, SLC1A3, TMEM35
		MELK, MINA, MIRN210, MPA2L, MYC, NNAT, PDE5A, RGS11, RNASE7, RT1-B, SCLY, SCUBE1, SLC11A1, SLC14A1, SLC1A3, ST18, TSH, TMEM35, TREM3						
-	19	BIRC8, BNC2, CASP5, CASP10, CASP14, CASP, CBLN2, DEDD2, DNASE1L1,	10	10	-	EMILIN2, PLXNA4	HTR1E, SORCS 1	BNC2, DPYD, EMILIN2, PPIL5, TACC3

		DPYD, DSG3, EIF4E, EMILIN2, HTR1D, HTR1E, HTR1F, HTR3A, IFT57, KHDC1, MIRN20A, MTCH1, NGFR, PLXNA4, PPIL5, RB1, RP11- 257K9.7, SEMA6D, SERPINA3K, SORCS1, STK25, SYT5, TACC3, TERT						
-	20	EGFL7, GFI1B	2	1	-	-	-	-
-	21	AGRN, PRSS12	2	1	-	-	-	-
-	22	KCNB1, KCNG3	2	1	-	-	-	-
-	23	NUP37, NUP43	2	1	-	-	-	-
-	24	HS6ST1, HS6ST2	2	1	-	-	-	-
-	25	FUCA1, FUCA2	2	1	-	-	-	-
-	26	IQGAP, IQGAP3, MIRN339	2	1	-	-	-	-

Ejemplo V

Análisis de vías de perfiles de expresión génica a partir de líneas celulares clonales

- 5 El siguiente ejemplo ilustra cómo caracterizar los perfiles de expresión génica a partir de células clonales de una línea celular clonal establecida que son susceptibles a intoxicación con BoNT/A o tienen capacidad de captación de neurotoxinas para identificar redes o vías biológicas asociadas a intoxicación con BoNT/A.
- 10 Se llevó a cabo un análisis informático para caracterizar el fenotipo de expresión de ARN de dos líneas celulares de clones sencillos derivadas de manera independiente, BB10 y H1, muy sensibles a la actividad de BoNT/A y una línea celular de clones sencillos, 2D6, que era menos sensible a la actividad de BoNT/A. Los resultados son útiles para identificar líneas celulares clonales seleccionadas de la línea celular SiMa parental que resultan útiles para poner en práctica los procedimientos descritos en la presente memoria descriptiva.
- 15 Para identificar el fenotipo de expresión génica específico asociado a una línea celular sensible a BoNT/A, los datos se analizaron mediante JMP Genomic (SAS Institute Inc., Cary, NC). Para llevar a cabo un análisis JMP Genomics, los datos de expresión de ARN se importaron a JMP Genomics creando dos ficheros SAS, designados «datos» y «diseño de experimento». Se llevó a cabo un flujo de trabajo de expresión básico, incluyendo un análisis de varianza y un análisis unidireccional de varianza (ANOVA unidireccional) para identificar diferencias en los valores de expresión medios. El análisis de varianza se utilizó para identificar diferencias entre las líneas celulares y el estado
- 20

- de diferenciación de cada línea celular (diferenciada o no diferenciada). Los valores de expresión de las cuatro líneas celulares se compararon por pares, independientemente de diferenciación y los genes que estaban ≥ 4 veces sobreexpresados en la línea celular H1 en comparación con la línea celular 2D6, en la línea celular BB10 en comparación con la línea celular 2D6, y en la línea celular SiMa parental (PA) en comparación con la línea celular 2D6. El análisis de varianza trata todos los factores en el estudio como efectos aleatorios, para descubrir cuál es su contribución a la proporción de varianza explicada (varianza total = 100 %). Alrededor de la mitad de la varianza, 46,9 % se asignó a las diferencias entre los distintos tipos celulares, mientras que 26 % se asignó a las diferencias antes y después de la diferenciación. Solo 4,6 % de la varianza fue asignada a las diferencias entre tipos celulares diferenciados o no diferenciados, lo cual significó que los genes que eran expresados diferencialmente después de la diferenciación eran similares para todos los tipos celulares examinados, indicando que la diferencia en sensibilidad de BoNT/A entre las líneas celulares es independiente del estado de diferenciación. De este modo, el enfoque se centró en genes que son diferentes entre los distintos tipos celulares independientemente de la diferenciación.
- De acuerdo con los resultados del análisis de varianza, los valores de expresión de todas las líneas celulares se compararon por pares, independientemente de la diferenciación (Fig. 2). Solo se muestran las sondas génicas que estaban ≥ 4 veces sobreexpresadas en la línea celular H1 en comparación con la línea celular 2D6, y en la línea celular BB10 en comparación con la línea celular 2D6. Las sondas génicas se representaron como valor de expresión (Log_2) en el eje x y valor p ($-\log_{10}(\text{valor p})$) en el eje y. La línea discontinua roja marca el intervalo de confianza de 95 %. Las sondas génicas que estaban ≥ 4 veces sobreexpresadas en la línea celular H1 en comparación con la línea celular 2D6 (Fig. 2A), y la línea celular BB10 en comparación con la línea celular 2D6 (Fig. 2B) también estaban, en gran medida, entre los genes que estaban sobreexpresados en la línea celular BB10 en comparación con la línea celular SiMa parental (PA, Fig. 2C), en la línea celular H1 en comparación con la línea celular SiMa parental (Fig. 2D), y en la línea celular SiMa parental en comparación con la línea celular 2D6 (Fig. 2E). Estos datos sugieren que la sensibilidad a BoNT/A estaba relacionada con un incremento gradual en la expresión de estos genes. En base a este descubrimiento, la cantidad de sondas génicas se redujo aún más hasta 119 incluyendo solo sondas génicas que también estaban sobreexpresadas en la línea celular SiMa parental en comparación con la línea celular 2D6, racionalizando que las sondas génicas que se expresaban diferencialmente en una línea celular más probablemente serían todavía más importantes en cuanto a sensibilidad a BoNT/A. De este modo, con el análisis JMP Genomic se identificaron 119 sondas génicas, designadas como el conjunto de sondas JMP.

- El conjunto de sondas JMP se exportó al análisis bioinformático nuclear de vías Ingenuity (IPA) (Ingenuity Systems Inc., Redwood City, CA) para caracterizar aún más el conjunto de sondas JMP. Utilizando este análisis, las redes relacionadas desde el punto de vista biológico con la intoxicación con BoNT/A se identificaron de acuerdo con la conectividad entre los genes de una biblioteca de IPA y las sondas génicas contenidas en el conjunto de sondas JMP. La importancia de la asociación a una red determinada se midió y se clasificó mediante la proporción del número de sondas génicas del conjunto de sondas JMP que se asignaban a la red específica dividido por el número total de genes que se asignan a dicha red. Se utilizó el test exacto de Fisher para calcular las puntuaciones p, y de acuerdo con las puntuaciones p, los genes del conjunto de sondas JMP fueron utilizados para clasificar las redes. Las puntuaciones p se derivaron de los valores p. Si hay n genes en la red y f de ellos son sondas génicas del conjunto de sondas JMP, entonces el valor p es la probabilidad de hallar f o más sondas génicas del conjunto de sondas JMP en un conjunto de n genes seleccionados de manera aleatoria de la Red Molecular Global. Puesto que los valores p significativos son bastante bajos (p. ej., 1×10^{-8}), se definió una puntuación p como el componente del valor p; puntuación p = $-\log_{10}(\text{valor p})$. Las redes identificadas se superpusieron con genes expresados diferencialmente que tenían una expresión diferencial de más de 1,5 veces y un valor p $\leq 0,001$ ya sea antes o después de la diferenciación. Utilizando el análisis nuclear IPA, 111 de las 119 sondas génicas del conjunto de sondas JMP se asignaron a redes. Las ocho sondas no asignadas muy probablemente representan ya sea una sonda con una nomenclatura desactualizada o una que representa un gen sin un producto génico conocido. Las 111 sondas génicas correspondieron a 79 genes que estaban más de 4,0 veces expresados diferencialmente en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con la línea celular 2D6 y que también estaban más de 4,0 veces expresados diferencialmente en las líneas celulares SiMa parentales en comparación con la línea celular 2D6, cuando el corte del valor p se configuró en 0,05 (Tabla 14).

Tabla 14. Genes identificados utilizando análisis nuclear IPA					
Nombre del gen	Símbolo del gen	ID de sonda N.º	Ubicación	Tipo	Proporción logarítmica
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	209985_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	4,469
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	209988_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,774
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	213768_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,955
Acil-CoA tioesterasa 9	ACOT9	221641_s_at	Citoplasma	Enzima	2,251
ADAM metalopeptidasa con motivo de trombospondina tipo 1, 9	ADAMTS9	226814_at	Espacio extracelular	Peptidasa	4,034
Anquirina 2, neuronal	ANK2	216195_at	Membrana plasmática	Otro	-2,673
Anquirina 2, neuronal	ANK2	232606_at	Membrana plasmática	Otro	-2,621
Sustancia epicárdica de los vasos sanguíneos	BVES	228783_at	Membrana plasmática	Otro	3,174
Proteína señal 1 adherida a la membrana, abundante en el cerebro	BASP1	202391_at	Membrana plasmática	Otro	4,549
Dominio 1 de RING asociado a BRCA1	BARD1	205345_at	Núcleo	Regulador de transcripción	3,44
Calsintena 2	CLSTN2	219414_at	Membrana plasmática	Transportador	2,024
Proteína 5 de unión al elemento de respuesta a cAMP	CREB5	232555_at	Núcleo	Transcripción	-2,67
Catepsina L2	CTSL2	210074_at	Citoplasma	Peptidasa	2,119
Molécula CD9	CD9	201005_at	Membrana plasmática	Otro	2,887
Similar a 7 asociada al ciclo de la división celular	CDCA7L	225081_s_at	Núcleo	Otro	3,737
Proteína centromérica L	CENPL	1554271_a_at	Desconocida	Otro	2,582
Marco abierto de lectura 75 del cromosoma 11	C11ORF75	219806_s_at	Desconocida	Otro	3,914
Marco abierto de lectura 70 del cromosoma 3	C3ORF70	242447_at	Desconocida	Otro	2,705
Contiene dominio de hélice superenrollada109B	CCDC109B	218802_at	Desconocida	Otro	2,881
Contactina 1	CNTN1	211203_s_at	Membrana plasmática	Enzima	3,684
Contactina 1	CNTN1	227202_at	Membrana plasmática	Enzima	3,184
Contactina 1	CNTN1	227209_at	Membrana plasmática	Enzima	3,188
Copine VIII	CPNE8	228365_at	Desconocida	Otro	-3,355
Copine VIII	CPNE8	241706_at	Desconocida	Otro	-2,736
Repetición de triplete CUG, proteína 2 de unión a ARN	CUGBP2	202157_s_at	Núcleo	Otro	3,588
Quinasa 2 dependiente de ciclina	CDK2	204252_at	Núcleo	Quinasa	2,744
Proteína 2 rica en cisteína y glicina	CSRP2	207030_s_at	Núcleo	Otro	2,487

Proteína 2 rica en cisteína y glicina	CSRP2	211126_s_at	Núcleo	Otro	2,109
Proteína 1 que contiene dominio DEP	DEPDC1	220295_x_at	Desconocida	Otro	2,795
Homólogo diáfano 3	DIAPH3	232596_at	Citoplasma	Enzima	2,434
Dihidropirimidina deshidrogenasa	DPYD	204646_at	Citoplasma	Enzima	4,248
Proteína de acoplamiento 5	DOK5	214844_s_at	Membrana plasmática	Otro	4,56
Dineína, cadena ligera, tipo Tctex-3	DYNLT3	203303_at	Citoplasma	Otro	3,449
Proteína 2 de interacción entre microfibrillas de elastina	EMILIN2	224374_s_at	Espacio extracelular	Otro	2,603
Variante 1 Ets	ETV1	206501_x_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,578
Variante 1 Ets	ETV1	217053_x_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,499
Variante 1 Ets	ETV1	217061_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,557
Familia con similitud de secuencias 101, miembro B	FAM101B	226876_at	Desconocida	Otro	2,399
Receptor 2 del factor de crecimiento de fibroplastos	FGFR2	203638_s_at	Membrana plasmática	Quinasa	2,306
Receptor 2 del factor de crecimiento de fibroplastos	FGFR2	203639_s_at	Membrana plasmática	Quinasa	3,239
Receptor 2 del factor de crecimiento de fibroplastos	FGFR2	208228_s_at	Membrana plasmática	Quinasa	2,151
Proteína 5 que contiene dominio de fibronectina tipo III	FNDC5	226096_at	Desconocida	Otro	2,054
Fibulina 1	FBLN1	201787_at	Espacio extracelular	Otro	2,801
Fibulina 1	FBLN1	202994_s_at	Espacio extracelular	Otro	2,378
Fibulina 1	FBLN1	202995_s_at	Espacio extracelular	Otro	3,733
Receptor 177 acoplado a proteínas G	GPR177	221958_s_at	Desconocida	Otro	2,389
Receptor 177 acoplado a proteínas G	GPR177	228950_s_at	Desconocida	Otro	2,622
Proteína 1 expresada en fase G2 y S	GTSE1	204317_at	Citoplasma	Otro	3,334
Factor 1 específico de gametocitos	GTSF1	227711_at	Desconocida	Otro	6,407
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), polipéptido 1 inhibidor de actividad alfa	GNAI1	227692_at	Membrana plasmática	Enzima	3,123
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), polipéptido beta 4	GNB4	225710_at	Membrana plasmática	Enzima	6,066
Proteína de unión a	GNG11	204115_at	Membrana	Enzima	4,251

nucleótidos de guanina (proteína G), gamma 11			plasmática		
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), gamma 12	GNG12	212294_at	Membrana plasmática	Enzima	2,315
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), gamma 12	GNG12	222834_s_at	Membrana plasmática	Enzima	3,403
Factor de crecimiento de hepatocitos (hepapoyetina A)	HGF	209960_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	2,939
Proteína hipotética LOC100289109	LOC100289109	216189_at	Desconocida	Otro	-3,256
Proteína hipotética LOC144571	LOC144571	1564139_at	Desconocida	Otro	-2,394
Proteína que interactúa con el receptor para el inositol 1,4,5-trifosfato	ITPRIP	225582_at	Desconocida	Otro	3,522
Interleucina 17B	IL17B	220273_at	Espacio extracelular	Citocina	-4,735
Proteína 2 que contiene KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu)	KDELC2	225128_at	Desconocida	Otro	3,003
KIAA0125	KIAA0125	206478_at	Desconocida	Otro	-8,436
Ligando KIT	KITLG	226534_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	2,59
Proteína 6 que contiene dominio LY6/PLAUR	LYPD6	227764_at	Espacio extracelular	Otro	2,64
Receptor 1 para el ácido lisofosfatídico	LPAR1	204036_at	Membrana plasmática	Receptor	3,151
Proteína 2 similar a MAB-21	MAB21L2	210303_at	Desconocida	Otro	3,817
Componente 10 del complejo de mantenimiento de minicromosomas	MCM10	223570_at	Núcleo	Otro	2,249
Moesina	MSN	200600_at	Membrana plasmática	Otro	5,842
Monoamino oxidasa A	MAOA	204388_s_at	Citoplasma	Enzima	4,029
Monoamino oxidasa A	MAOA	204389_at	Citoplasma	Enzima	3,355
Monoamino oxidasa A	MAOA	212741_at	Citoplasma	Enzima	4,157
Antígeno nuclear inducido por MYC	MINA	213188_s_at	Núcleo	Otro	4,019
Antígeno nuclear inducido por MYC	MINA	213189_at	Núcleo	Otro	4,636
Miosina VI	MYO6	203216_s_at	Citoplasma	Otro	2,406
Proteína que interactúa con miosina VIIA y Rab	MYRIP	214156_at	Citoplasma	Otro	2,805
Proteína 4 neuronal de dominio PAS	NPAS4	1554299_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-2,515
3 expresada paternalmente	PEG3	209242_at	Núcleo	Quinasa	5,896
3 expresada paternalmente	PEG3	209243_s_at	Núcleo	Quinasa	4,556
Fosfoproteína asociada a microdominios ricos en glicoesfingolípidos 1	PAG1	225626_at	Membrana plasmática	Otro	2,193
Proteína 3 relacionada con receptor de poliovirus	PVRL3	213325_at	Membrana plasmática	Otro	2,325

Quinasa 2 de tipo polo	PLK2	201939_at	Núcleo	Quinasa	4,93
Polimerasa (dirigida a ADN), alfa 2 (subunidad 70 kD)	POLA2	204441_s_at	Núcleo	Enzima	2,198
Receptor de la hormona de liberación de la prolactina	PRLHR	231805_at	Membrana plasmática	Receptor	3,19
Prostaglandina reductasa 1	PTGR1	228824_s_at	Citoplasma	Enzima	2,398
Prostaglandina reductasa 1	PTGR1	231897_at	Citoplasma	Enzima	2,33
Proteasa, serina, 12 (neurotripsina, motopsina)	PRSS12	205515_at	Espacio extracelular	Peptidasa	5,146
Proteína fosfatasa 1, subunidad (inhibidora) reguladora 3C	PPP1R3C	204284_at	Citoplasma	Fosfatasa	2,827
Proteína tirosina fosfatasa, tipo de receptor, K	PTPRK	203038_at	Membrana plasmática	Fosfatasa	3,451
RAB32, miembro RAS familia oncogenes	RAB32	204214_s_at	Citoplasma	Otro	2,192
Proteína 1 similar a RELT	RELL1	226430_at	Desconocida	Otro	2,88
Proteína activadora de Rho GTPasa 24	ARHGAP24	223422_s_at	Citoplasma	Otro	3,043
Factor intercambiador de nucleótidos de guanina rho (GEF) 3	ARHGEF3	218501_at	Citoplasma	Otro	2,473
Proteína 182 con dedos de zinc RING	RNF182	230720_at	Desconocida	Otro	4,746
Proteína de unión a ARN con splicing múltiple	RBPMS	209487_at	Desconocida	Otro	2,329
Proteína de unión a ARN con <i>splicing</i> múltiple	RBPMS	209488_s_at	Desconocida	Otro	3,292
Proteína secretada, ácida, rica en cisteína (osteonectina)	SPARC	200665_s_at	Espacio extracelular	Otro	4,919
Proteína secretada, ácida, rica en cisteína (osteonectina)	SPARC	212667_at	Espacio extracelular	Otro	4,58
Proteína 2 similar a Shugoshin	SGOL2	230165_at	Núcleo	Otro	3,108
Similar a hCG2031213	LOC728052	1558795_at	Desconocida	Otro	3,402
Familia de transportadores de solutos 1 (transportador glial de glutamato de alta afinidad), miembro 2	SLC1A2	225491_at	Membrana plasmática	Transportador	-4,354
Familia de transportadores de solutos 43, miembro 3	SLC43A3	210692_s_at	Extracelular	Otro	3,126
Familia de transportadores de solutos 43, miembro	SLC43A3	213113_s_at	Espacio extracelular	Otro	2,804
Familia de transportadores de soluto 44, miembro	SLC44A5	1569112_at	Desconocida	Otro	3,923
5					

Familia de transportadores de solutos 44, miembro 5	SLC44A5	235763_at	Desconocida	Otro	4,439
Familia de transportadores de solutos 7 (transportador de aminoácidos catiónicos, sistema y+), miembro 2	SLC7A2	225516_at	Membrana plasmática	Transportador	3,23
Receptor 1 que contiene dominio VPS10 relacionado con la sortilina	SORCS1	1556891_at	Membrana plasmática	Transportador	-2,424
SPC25, componente del complejo cinetocoro NDC80, homólogo	SPC25	209891_at	Desconocida	Otro	2,634
ST8 alfa-N-acetil-neuraminida alfa-2,8-sialiltransferasa 4	ST8SIA4	230836_at	Citoplasma	Enzima	2,705
Mantenimiento estructural de cromosomas 2	SMC2	204240_s_at	Núcleo	Transportador	2,442
Mantenimiento estructural de cromosomas 6	SMC6	218781_at	Núcleo	Otro	3,327
Mantenimiento estructural de cromosomas 6	SMC6	236535_at	Núcleo	Otro	3,44
Sindecán 2	SDC2	212154_at	Membrana plasmática	Otro	2,367
Sindecán 2	SDC2	212158_at	Membrana plasmática	Otro	2,098
Trombospondina 2	THBS2	203083_at	Espacio extracelular	Otro	-2,81
Proteína 10 que interactúa con el receptor de la hormona tiroidea	TRIP10	202734_at	Citoplasma	Otro	2,663
Inhibidor 2 de la vía del factor tisular	TFPI2	209278_s_at	Espacio extracelular	Otro	4,666
Proteína 1 similar a la de factor de transcripción 7 (específica de linfocitos T, caja HMG)	TCF7L1	221016_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,835
Fosfatasa transmembrana con homología a tensina	TPTE	220205_at	Membrana plasmática	Fosfatasa	6,04
Proteína transmembrana 178	TMEM178	229302_at	Desconocida	Otro	3,194
Proteína transmembrana 35	TMEM35	219685_at	Desconocida	Otro	2,879
Proteína 8 alfa-inducida, factor de necrosis tumoral	TNFAIP8	210260_s_at	Citoplasma	Otro	2,389
Homólogo 1 a Twist	TWIST1	213943_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,573
Proteína 521 con dedos de zinc	ZNF521	226676_at	Núcleo	Otro	2,382
Proteína 521 con dedos de zinc	ZNF521	226677_at	Núcleo	Otro	2,943

Proteína 814 con dedos de zinc	ZNF814	1556204_a_at	Desconocida	Otro	-2,505
La proporción logarítmica representa los valores $\log_2$ donde 0,585 es $\log_2$ (1,5) que equivale a una diferencia en número de veces de 1,5, 1 es $\log_2$ (2) que equivale a una diferencia en número de veces de 2, 1,584 es $\log_2$ (3) que equivale a una diferencia en número de veces de 3, 2 es $\log_2$ (4) que equivale a una diferencia en número de veces de 4, 2,321 es $\log_2$ (5) que equivale a una diferencia en número de veces de 5, 2,584 es $\log_2$ (6) que equivale a una diferencia en número de veces de 6, 2,807 es $\log_2$ (7) que equivale a una diferencia en número de veces de 7, 3 es $\log_2$ (8) que equivale a una diferencia en número de veces de 8, 3,169 es $\log_2$ (9) que equivale a una diferencia en número de veces de 9, y 3,321 es $\log_2$ (10) que equivale a una diferencia en número de veces de 10.					

Utilizando el análisis nuclear IPA, 73 de los 79 genes se asignaron a 5 redes de proteínas diferentes (Tabla 15). De acuerdo con la asignación de genes superpuestos, 73 de los 79 genes que se regularon positivamente se pudieron asociar con dos grupos principales de redes de proteínas, denominados A y B (Tabla 15). Las redes 1, 2 y 5 pertenecen al grupo A, y las redes 3 y 4 pertenecen al grupo B. De manera similar, todos los genes regulados de manera negativa se asociaron a una red, denominada C (Tabla 15).

Los genes del grupo A incluyen el receptor FGFR2 que ha demostrado funcionar en el proceso de intoxicación con BoNT/A como receptor para BoNT/A y son los siguientes: genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ADAMTS9, ARHGAP24, ARHGEF3, ASCL1, BARD1, CD9, CDK2, CSRP2, CTSL2, DIAPH3, DOK5, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, FBLN1, FGFR2, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, HGF, KITLG, LPAR1, MCM10, MSN, PAG1, PEG3, PLK2, POLA2, PPP1R3C, PTPRK, RAB32, SDC2, SLC43A3, SLC7A2, SMC6, SPARC, SPC25, ST8SIA4, TCF7L1, TFPI2, TMEM35, TNFAIP8, TPTE, TRIP10, y TWIST1.

Los genes del grupo B son los siguientes: genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ACOT9, BASP1, C11ORF75, CCDC109B, CDCA7L, CLSTN2, CNTN1, CUGBP2, DEPDC1, DPYD, FAM101B, FNDC5, GTSE1, MAOA, MINA, MYO6, MYRIP, PLK2, PRLHR, PVRL3, RBPMS, SGOL2, SMC2, TFP12, TMEM178, y ZNF521.

Los genes del grupo C son los siguientes: genes que muestran una disminución en número de veces de 1,5 o más en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6, ANK2, CPNE8, CREB5, IL17B, KIAA0125, LOC100289109, LOC144571, NPAS4, SLC1A2, SORCS1, THBS2, y/o ZNF814.

Las redes restantes identificadas no compartían genes comunes entre otras redes cualquiera. No obstante, de manera individual, los genes que muestran un incremento en número de veces de 1,5 en los niveles de expresión en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con su expresión en células de la línea celular 2D6 son los siguientes: C3ORF70 (Red 6), MAB21L2 (Red 7), PRSS12 (Red 8), CENPL (Red 9), GPR177 (Red 10), y PTGR1 (Red 11).

Tabla 15. Análisis nuclear IPA de genes						
Red	Grupo	Proteínas en la red	valor p	Número de genes JMP	Perfil de expresión	
					Incrementado	Disminuido
1	A	ADAMTS9, AKT, ASCL1, CDK2, CSRP2, CTSL2, DOK5, E2F, FBLN1, FSH, GNAI1, GNG11, hCG, HGF, KITLG, LPAR1, MAPK, MCM10, MEK, MSN, NFKB, P38, MAPK, PAG1, PDGF BB, PEG3, PLK2, RAC, RAS, SDC2, SPARC, TFPI2, TGFβ, TNFAIP8, TRIP10, VEGF	48	22	ADAMTS9, ASCL1, CDK2, CSRP2, CTSL2, DOK5, FBLN1, GNAI1, GNG11, HGF, KITLG, LPAR1, MCM10, MSN, PAG1, PEG3, PLK2, SDC2, SPARC, TFPI2, TNFAIP8, TRIP10	-

2	A	CASP3, Caspasa 3/7, CCL6, DIAPH3, DYNLT3, EMILIN2, EPM2A, ETV1, EYA2, FAM3B, FASTK, GNAI1, GNB4, GNG10, GNG11, GNG12, GSTM2, HK1, IGFBP3, IL13, PLCE1, POLA2, PPP1R3C, PTPRK, PTPRZ1, RAB32, SLC43A3, SLC7A2, SRC, ST8SIA4, TNF, TPTE, TWIST1	35	17	DIAPH3, DYNLT3, EMILIN2, ETV1, GNAI1, GNB4, GNG11, GNG12, POLA2, PPP1R3C, PTPRK, RAB32, SLC43A3, SLC7A2, ST8SIA4, TPTE, TWIST1	-
3	B	ACOT9, AR, ATXN7, BASP1, CCNE2, CCNK, CLSTN2, CNTN1, CUGBP2, DGKA, FNDC5, GTSE1, IL4, MAOA, MSH2, NOVA1, NF1, PICK1, PLK2, PNRC1, POM121, PRLHR, PTP4A1, PTP4A2, PVRL1, PVRL3, PVRL4, RBPMS, SERPINB5, SMARCA4, SPN, TFP12, TP53, ZNF521	26	14	ACOT9, BASP1, CLSTN2, CNTN1, CUGBP2, FNDC5, GTSE1, MAOA, PLK2, PRLHR, PVRL3, RBPMS, TFP12, ZNF521	-
4	B	ARHGAP17, AXL, C11ORF75, CAPN6, CCDC109B, CDCA7L, DEPDC1, DPYD, EIF4E, FAM101B, GRB2, HNRNPF, HTATIP2, MAOA, MINA, MIR124, MIRLET7A1, MYC, MYO6, MYRIP, NCAPD3, NF2, PPP2R5A, PPP2R5D, PPP2R5E, RPS16, RPS23, SGOL2, SLC25A12, SMC2, SMC4, TMEM178, TUSC2, TXNIP, ZBTB16	24	13	C11ORF75, CCDC109B, CDCA7L, DEPDC1, DPYD, FAM101B, MAOA, MINA, MYO6, MYRIP, SGOL2, SMC2, TMEM178	-
5	A	ARHGAP24, ARHGEF, ARHGEF3, BARD1, CD9, CD53, CTNNB1, DUSP3, ERK, ERM, FGF9, FGF18, FGF21, FGF23, FGFR2, IL1, IL6, IL17RD, Integrina $\alpha 6\beta 1$, KLB, LEF/TCF, LPAR1, MIRN297-2, PI3K, homóloga a RAS, RNAPOLII, SLC26A2, SMC6, SPC25, SREBF1, TACC1, TCF7L1, TMEM35, TPT1, WISP1	17	10	ARHGAP24, ARHGEF3, BARD1, CD9, FGFR2, LPAR1, SMC6, SPC25, TCF7L1, TMEM35	-
6	-	C3ORF70, MIR31	2	1	C3ORF70	-
7	-	MAB21L2, MIRN294	2	1	MAB21L2	-
8	-	AGPN, PRSS12	2	1	PRSS12	-

9	-	CENPL, MIRN340	2	1	CENPL	-
10	-	GPR177, MIRN324	2	1	GPR177	-
11	-	ADH, PTGR1	2	1	PTGR1	-
12	C	ANK2, ATP2A2, BDNF, CEBPG, CPNE8, CREB5, GRM3, GRM5, IGFBP2, IL17B, ITPR, ITPR1, K+, L1CAM, MIRN330, neurotrofina, NFE2L1, NGFR, NME1, NPAS4, citocina proinflamatoria, PSEN1, SCN2A, SCN3A, SCNN1B, SLC1A2, SLC8A1, SORCS1, SORT1, TGFA, THBS2, TNF, TNFAIP6	22	8	-	ANK2 CPNE8, CREB5, IL17B, KIAA0125, LOC100289109, LOC144571, NPAS4, SLC1A2, SORCS1, THBS2, ZNF814

Se llevó a cabo un análisis informático como en el Ejemplo V, con la excepción de que el listado de sondas refleja genes expresados diferencialmente más de 1,5 veces en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con las líneas celulares 2D6 y SiMa parental. Cuando el corte del valor p se estableció en 0,05, este análisis identificó 439 5 sondas génicas que se pudieron clasificar en 369 genes (Tabla 16)

Tabla 16. Genes identificados utilizando análisis nuclear IPA					
Nombre del gen	Símbolo del gen	ID de sonda N.º	Ubicación	Tipo	Proporción logarítmica
6-fosfofructo-2-quinasa/fructosa-2,6-bifosfatasa	PFKFB3	202464_s_at	Citoplasma	Quinasa	1,811
Homólogo al complejo achaete-scute	ASCL1	209985_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,429
Homólogo al complejo achaete-scute	ASCL1	209987_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,097
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	209988_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,446
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	213768_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,578
Molécula de adhesión celular del leucocito activado	ALCAM	1569362_at -	Membrana plasmática	Otro	2,612
Molécula de adhesión celular del leucocito activado	ALCAM	201951_at	Membrana plasmática	Otro	1,774
Molécula de adhesión celular del leucocito activado	ALCAM	201952_at	Membrana plasmática	Otro	1,521
Acil-CoA tioesterasa 1	ACOT1	202982_s_at	Citoplasma	Enzima	-2,875
Acilfosfatasa 2, tipo muscular	ACYP2	206833_s_at	Desconocida	Enzima	-1,15
Proteína 3 similar a la de filamentos sexuales adicionales	ASXL3	233536_at	Desconocida	Otro	1,572
Adenosina deaminasa, específico de ARN, B1	ADARB1	203865_s_at	Núcleo	Enzima	-2,474
Ciclasa de adenilato 1	ADCY1	213245_at	Membrana plasmática	Enzima	-1,935
Molécula de adhesión específica de adipocito	ASAM	228082_at	Membrana plasmática	Otro	-2,802
Factor 1 de ribosilación-ADP	ARF1	1565651_at	Citoplasma	Enzima	1,063
17A similar a factor de ribosilación-ADP	ARL17A	243899_at	Desconocida	Otro	0,741
Subunidad 7 del complejo	ANAPC7	225554 s at	Desconocida	Otro	0,679

promotor de anafase					
Proteína 1 que contiene dominio BTB (POZ) y repetición de anquirina	ABTB1	229164_s_at	Citoplasma	Regulador de traducción	-0,656
Dominio de repetición de anquirina 50	ANKRD50	225731_at	Desconocida	Otro	-0,654
Dominio de repetición de anquirina 50	ANKRD50	225735_at	Desconocida	Otro	-1,114
Proteína 1 que contiene dominio aspartato beta-hidroxilasa	ASPHD1	214993_at -	Desconocida	Otro	-0,763
Proteína 1 de unión a la ataxina 2	A2BP1	1553422_s_at	Citoplasma	Otro	1,453
Proteína 1 de unión a la ataxina 2	A2BP1	221217_s_at	Citoplasma	Otro	1,497
ATPasa, transportadora de Ca ⁺⁺ , membrana plasmática 3	ATP2B3	207026_s_at	Membrana plasmática	Transportador	-1,248
ATPasa, transportadora de Ca ⁺⁺ , membrana plasmática 3	ATP2B3	242036_x_at	Membrana plasmática	Transportador	-1,777
Basonuclina 2	BNC2	220272_at	Núcleo	Otro	2,466
Basonuclina 2	BNC2	230722_at	Núcleo	Otro	1,641
Proteína 3 que contiene dominio β cristalina	CRYBG3	214030_at	Desconocida	Otro	4,74
Enzima 1 de escisión de la APP de sitio beta	BACE1	217904_s_at	Citoplasma	Peptidasa	-1,57
Proteína señal 1 adherida a la membrana, abundante en el cerebro	BASP1	202391_at	Membrana plasmática	Otro	1,146
Proteína 1 que contiene dominio de repetición WD y bromodominio	BRWD1	225446_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-1,018
Proteína de unión a ARN, similar a bruno 4	BRUNOL4	238966_at	Núcleo	Regulador de traducción	-0,81
Butirofilina, subfamilia 3, miembro A3	BTN3A3	38241_at	Desconocida	Otro	-1,108
Proteína 2 que contiene dominio C2 dependiente de calcio	C2CD2	212875_s_at	Desconocida	Otro	-1,27
Proteína 4A que contiene dominio C2 dependiente de calcio	C2CD4A	241031_at	Desconocida	Otro	-2,615
Cadherina 12, tipo 2 (N-cadherina 2)	CDH12	207149_at	Membrana plasmática	Otro	-1,408
Inhibidor 2 de la calcio/calmodulina proteína quinasa II	CAMK2N2	230706_s_at	Núcleo	Otro	-0,692
Calmina (similar a calponina, transmembrana)	CLMN	213839_at	Citoplasma	Otro	-1,911
Calpaína 2, (m/II) subunidad grande	CAPN2	208683_at	Citoplasma	Peptidasa	-1,429
CAP, proteína asociada a ciclase de adenilato, 2	CAP2	212551_at	Membrana plasmática	Otro	-1,974
CAP, proteína asociada a ciclase de adenilato, 2	CAP2	212554_at	Membrana plasmática	Otro	-3,68
Carboxipeptidasa, similar a vitelogénica	CPVL	208146_s_at	Desconocida	Peptidasa	1,708
Prepropéptido CART	CARTPT	206339_at	Espacio	Otro	-4,676

			extracelular		
Secuencia b de transformación retroviral ecotrópica Cas-Br-M (murina)	CBLB	209682_at	Núcleo	Otro	1,032
Complejo de transcripción CCR4-NOT, similar a subunidad 6	CNOT6L	227119_at	Citoplasma	Otro	-0,785
Molécula CD302	CD302	203799_at	Membrana plasmática	Receptor	-1,518
Molécula CD9	CD9	201005_at	Membrana plasmática	Otro	1,415
CDP-diacilglicerol sintasa (fosfatidato citidilil transferasa) 1	CDS1	226185_at	Citoplasma	Enzima	-1,74
Homólogo B ciclo de división celular 25 (S. pombe)	CDC25B	201853_s_at	Núcleo	Fosfatasa	1,453
Receptor 4 de quimiocina (motivo C-X-C)	CXCR4	209201_x_at	Membrana plasmática	Receptor	4,135
Receptor 4 de quimiocina (motivo C-X-C)	CXCR4	211919_s_at	Membrana plasmática	Receptor	3,957
Receptor 4 de quimiocina (motivo C-X-C)	CXCR4	217028_at	Membrana plasmática	Receptor	3,176
Canal de cloruro 3	CLCN3	201733_at	Membrana plasmática	Canal iónico	-0,908
Canal de cloruro 3	CLCN3	201734_at	Membrana plasmática	Canal iónico	-0,987
Receptor colinérgico, nicotínico, alfa 7	CHRNA7	210123_s_at	Membrana plasmática	Receptor	3,098
Marco abierto de lectura 21 del cromosoma 1	C1ORF21	221272_s_at	Desconocida	Otro	-0,74
Marco abierto de lectura 21 del cromosoma 1	C1ORF21	223127_s_at	Desconocida	Otro	-0,748
Marco abierto de lectura 43 del cromosoma 1	C1ORF43	1555225_at	Desconocida	Otro	1,604
Marco abierto de lectura 58 del cromosoma 10	C10ORF58	224435_at	Espacio extracelular	Otro	0,918
Marco abierto de lectura 49 del cromosoma 12	C12ORF49	218867_s_at	Desconocida	Otro	0,692
Marco abierto de lectura 52 del cromosoma 16	C16ORF52	230721_at	Desconocida	Otro	-0,87
Marco abierto de lectura 7 del cromosoma 20	C20ORF7	227160_s_at	Desconocida	Otro	0,624
Marco abierto de lectura 57 del cromosoma 21	C21ORF57	227421_at	Desconocida	Otro	-1,086
Marco abierto de lectura 57 del cromosoma 21	C21ORF57	239208_s_at	Desconocida	Otro	-0,657
Marco abierto de lectura 23 del cromosoma 3	C3ORF23	1555905_a_at	Citoplasma	Otro	-2,797
Marco abierto de lectura 23 del cromosoma 3	C3ORF23	1555906_s_at	Citoplasma	Otro	-1,502
Marco abierto de lectura 23 del cromosoma 3	C3ORF23	241666_at	Citoplasma	Otro	-1,017
Marco abierto de lectura 150 del cromosoma 9	C9ORF150	227443_at	Desconocida	Otro	-1,773
Claudina 12	CLDN12	223249_at	Membrana plasmática	Otro	-0,766
Proteína 1 que contiene dominio COBW	CBWD1	226193_x_at	Desconocida	Otro	0,849

Proteína 3 que contiene dominio de hélice superenrollada	CCDC3	223316_at	Citoplasma	Otro	3,357
Colágeno, tipo VI, alfa 1	COL6A1	213428_s_at	Espacio extracelular	Otro	-1,638
Cripto, FRL-1, familia críptica 1	CFC1	223753_s_at	Espacio extracelular	Otro	-2,834
Cripto, FRL-1, familia críptica 1	CFC1	236724_at	Espacio extracelular	Otro	-1,636
CSE1 similar a segregación cromosómica 1	CSE1L	210765_at	Núcleo	Transportador	1,581
Repetición de triplete CUG, proteína 2 de unión a ARN	CUGBP2	202156_s_at	Núcleo	Otro	1,318
Repetición de triplete CUG, proteína 2 de unión a ARN	CUGBP2	202157 s at	Núcleo	Otro	2,156
Repetición de triplete CUG, proteína 2 de unión a ARN	CUGBP2	202158 s at	Núcleo	Otro	2,539
Canal dependiente de nucleótidos cíclicos alfa 3	CNGA3	207261_at	Membrana plasmática	Canal iónico	-3,182
Ciclina M1	CNNM1	220166 - at	Membrana plasmática	Otro	-1,214
Inhibidor 2A de quinasa dependiente de ciclina (melanoma, p16, inhibe CDK4)	CDKN2A	209644_x_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-1,277
Cilindromatosis (síndrome del tumor en turbante)	CYLD	213295_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-0,815
Citocromo P450, familia 2 ,subfamilia E, polipéptido 1	CYP2E1	1431_at	Citoplasma	Enzima	-4,466
Citocromo P450, familia 2 ,subfamilia E, polipéptido 1	CYP2E1	209975 at	Citoplasma	Enzima	-3,946
Citocromo P450, familia 2 ,subfamilia E, polipéptido 1	CYP2E1	209976_s_at	Citoplasma	Enzima	-3,429
Citoglobina	CYGB	1553572_a_at	Citoplasma	Transportador	-4,921
Proteína 1 similar a citocina	CYTL1	219837_s_at	Espacio extracelular	Citocina	-6,33
Antagonista Dapper de la beta-catenina, homólogo 1	DACT1	219179_at	Citoplasma	Otro	1,682
dCMP desaminasa	DCTD	201572_x_at	Desconocida	Enzima	-0,649
Polipéptido 35 de caja DEAH (Asp-Glu-Ala-His)	DHX35	218579_s_at	Desconocida	Enzima	0,735
Eliminado en azoospermia 1	DAZ1	207909_xat	Núcleo	Regulador de traducción	6,92
Eliminado en azoospermia 1	DAZ1	207912_s_at	Núcleo	Regulador de traducción	5,558
Eliminado en azoospermia 1	DAZ1	208281_x_at	Núcleo	Regulador de traducción	5,258
Eliminado en azoospermia 1	DAZ1	208282_x_at	Núcleo	Regulador de traducción	7,008
Eliminado en azoospermia 1	DAZ1	216351_x_at	Núcleo	Regulador de traducción	3,596
Eliminado en azoospermia 1	DAZ1	216922_x_at	Núcleo	Regulador de traducción	5,185
Eliminado en leucemia linfocítica 2 (codificante de no proteína)	DLEU2	216870_x_at	Desconocida	Otro	1,233
Proteína 3 similar a delta (Drosophila)	DLL3	219537_x_at	Espacio extracelular	Otro	0,779

Segmento de ADN en el cromosoma 4 (único) secuencia expresada 234	D4S234E	209569_x_at	Citoplasma	Otro	-1,247
Segmento de ADN en el cromosoma 4 (único) secuencia expresada 234	D4S234E	209570_s_at	Citoplasma	Otro	-1,488
Segmento de ADN en el cromosoma 4 (único) secuencia expresada 234	D4S234E	213533_at	Citoplasma	Otro	-1,507
Dopamina beta-hidroxilasa (dopamina beta-monooxigenasa)	DBH	206450_at	Citoplasma	Enzima	1,311
Quinasa 1 similar a doble cortina	DCLK1	215303_at	Citoplasma	Quinasa	-1,62
Fosfatasa 16 dual específica	DUSP16	224832_at	Núcleo	Fosfatasa	-0,918
Proteína 1 similar a proteína asociada a microtúbulos equinodermos	EML1	204797_s_at	Citoplasma	Otro	2,668
Corteza ectodermo-neural (con dominio similar a BTB)	ENC1	201340_s_at	Núcleo	Peptidasa	2,445
Corteza ectodermo-neural (con dominio similar a BTB)	ENC1	201341_at	Núcleo	Peptidasa	1,91
Flavoproteína de transferencia de electrones deshidrogenasa	ETFDH	33494_at	Citoplasma	Enzima	-0,807
Factor 2 asociado a ELL	EAF2	219551_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,693
Miembro 7 de la familia ELOVL, elongación de ácidos grasos de cadena larga	ELOVL7	227180_at	Desconocida	Otro	2,644
Aminopeptidasa 1 de retículo endoplasmático	ERAP1	214012 - a t	Espacio extracelular	Peptidasa	-1,885
Potenciador del homólogo zeste 2	EZH2	203358_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,94
Efrina-A5	EFNA5	214036_at	Membrana plasmática	Quinasa	2,041
Efrina-A5	EFNA5	227955_s_at	Membrana plasmática	Quinasa	1,84
Efrina-A5	EFNA5	233814_at	Membrana plasmática	Quinasa	1,805
Efrina-B3	EFNB3	205031_at	Membrana plasmática	Quinasa	-0,816
Iniciación de la traducción en eucariotas	EIF3C	236700_at	Citoplasma	Traducción	1,378
Factor 3, subunidad C				Regulador	
Exofilina 5	EXPH5	214734_at	Desconocida	Otro	3,973
Componente 6 de exosoma	EXOSC6	231916_at	Núcleo	Otro	1,057
Familia con similitud de secuencia 162, miembro B	FAM162B	228875_at	Desconocida	Otro	-0,743
Familia con similitud de secuencia 165, miembro B	FAM165B	228239_at	Membrana plasmática	Otro	-0,822
Familia con similitud de secuencia 181, miembro B	FAM181B	231430_at	Desconocida	Otro	0,794
Familia con similitud de secuencia 19 (similar a quimiocina (motivo C-C)), miembro A4	FAM19A4	242348_at	Espacio extracelular	Otro	1,282
Familia con similitud de	FAM46A	224973_at	Desconocida	Otro	-1,509

secuencia 46, miembro A					
Familia con similitud de secuencia 7, miembro A3	FAM7A3	243356_at	Desconocida	Otro	3,495
Proteína 3 de unión al elemento cadena arriba Far (FUSE)	FUBP3	239193_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,192
Proteína 7 que contiene dominio de repetición WD y caja F	FBXW7	229419_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-0,921
Factor de crecimiento de fibroplastos 13	FGF13	205110_s_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	-3,522
Proteína 1 similar a foliestatina	FSTL1	208782_at	Espacio extracelular	Otro	-1,275
Caja de cabeza de horquilla O6	FOXO6	239657_x_at	Núcleo	Otro	-1,512
Homólogo 5 a Frizzled	FZD5	221245_s_at	Membrana plasmática	Receptor	2,347
Proteína 5 que contiene dominios FYVE, RhoGEF y PH	FGD5	226985_at	Citoplasma	Otro	-1,952
Receptor 123 acoplado a proteínas G	GPR123	239221_at	Membrana plasmática	Receptor	-1,302
Receptor 125 acoplado a proteínas G	GPR125	210473_s_at	Membrana plasmática	Receptor	0,714
Prepropéptido de galanina	GAL	207466_at	Espacio extracelular	Otro	-1,434
Prepropéptido de galanina	GAL	214240_at	Espacio extracelular	Otro	-3,128
Péptido liberador de gastrina	GRP	206326_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	4,698
Receptor de familia GDNF alfa 2	GFRA2	205721_at	Membrana plasmática	Receptor	1,847
Receptor de familia GDNF alfa 2	GFRA2	205722_s_at	Plasma	Receptor	2,265
			Membrana		
Receptor metabopróbico de glutamato 5	GRM5	214217_at	Membrana plasmática	Receptor	-2,231
Glutación peroxidasa 7	GPX7	213170_at	Citoplasma	Enzima	-2,692
Glutación sintetasa	GSS	211630_s_at	Citoplasma	Enzima	0,599
Proteína 2 que contiene dominio glicosiltransferasa 25	GLT25D2	209883_at	Desconocida	Otro	-1,223
Locus del complejo GNAS	GNAS	214157_at	Membrana plasmática	Enzima	-1,794
Proteína asociada a crecimiento 43	GAP43	204471_at	Membrana plasmática	Otro	0,869
Proteína asociada a crecimiento 43	GAP43	216963_s_at	Membrana plasmática	Otro	1,151
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), polipéptido 1 inhibidor de actividad alfa	GNAI1	209576_at	Membrana plasmática	Enzima	2,225
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), polipéptido 1 inhibidor de actividad alfa	GNAI1	227692_at	Membrana plasmática	Enzima	2,111
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), polipéptido	GNB4	225710_at	Membrana plasmática	Enzima	4,695

beta 4					
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), gamma 11	GNG11	204115_at	Membrana plasmática	Enzima	2,587
Ciclasa de guanilato 1, soluble, alfa 3	GUCY1A3	221942_s_at	Citoplasma	Enzima	-1,522
Ciclasa de guanilato 1, soluble, alfa 3	GUCY1A3	229530_at	Citoplasma	Enzima	-1,696
Helicasa, similar a POLQ	HELQ	228736_at	Núcleo	Enzima	-1,28
Miembro 2 de la familia HERPUD	HERPUD2	236170_x_at	Desconocida	Otro	-0,897
Ribonucleoproteína nuclear heterogénea R	HNRNPR	208765_s_at	Núcleo	Otro	-0,64
Proteína 1 similar a hipocalcina	HPCAL1	205462_s_at	Citoplasma	Otro	-1,551
Proteína 1 similar a hipocalcina	HPCAL1	212552_at	Citoplasma	Otro	-1,387
Grupo de histonas 1, H2ac	HIST1H2A C	215071_s_at	Núcleo	Otro	-2,462
Grupo de histonas 1, H2bd	HIST1H2B D	209911_x_at	Núcleo	Otro	-2,036
Grupo de histonas 1, H2bk	HIST1H2B K	209806_at	Núcleo	Otro	-1,575
Grupo de histonas 2, H2be	HIST2H2B E	202708_s_at	Núcleo	Otro	-1,735
LOC 100130522 hipotética	LOC10013 0522	230477_at	Desconocida	Otro	-0,928
LOC26082 hipotética	DKFZP434 L187	230861_at	Desconocida	Otro	0,968
Proteína hipotética LOC100128844	LOC10012 8844	229110_at	Desconocida	Otro	2,106
Proteína hipotética LOC643401	LOC34010 9	1557765_at	Desconocida	Otro	2,848
Integrina, alfa 6	ITGA6	201656_at	Membrana plasmática	Otro	2,822
Integrina, alfa 6	ITGA6	215177_s_at	Membrana plasmática	Otro	2,024
Integrina, beta 5	ITGB5	201125_s_at	Membrana plasmática	Otro	0,913
Receptor de interleucina 10, beta	IL10RB	209575_at	Membrana plasmática	Receptor transmembrana	-1,444
Proteína mediadora de uniones y reguladora, cofactor p53	JMY	226352_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-0,744
K(lisina) acetiltransferasa 2B	KAT2B	203845_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-0,731
Proteína 2 que contiene KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu)	KDEL2	225128_at	Desconocida	Otro	1,085
Proteína 1 que contiene dominio Kelch	KLHDC1	1552733_at	Desconocida	Otro	-0,952
Proteína 11 que contiene dominio BTB (POZ) y repetición de Kelch	KBTBD11	204301_at	Desconocida	Otro	-0,733
Proteína 13 similar a Kelch (Drosophila)	KLHL13	227875_at	Desconocida	Otro	0,902
Proteína 3 que contiene dominio KH, de unión a ARN asociada a transducción	KHDRBS3	209781_s_at	Núcleo	Otro	1,082

Proteína 1 que contiene dominio de homología a KH	KHDC1	230055_at	Desconocida	Otro	-1,656
KIAA1598	KIAA1598	221802_s_at	Desconocida	Otro	-2,811
Miembro 16B de la familia de las quinesinas	KIF16B	232083_at	Citoplasma	Otro	1,688
Lectina, de unión a galactósido, soluble, proteína de unión 3	LGALS3BP	200923_at	Membrana plasmática	Receptor transmembrana	-1,417
Receptor del factor inhibidor de leucemia alfa	LIFR	225575_at	Membrana plasmática	Receptor transmembrana	-0,941
Homólogo de desarrollo cardíaco y primordio de extremidades (ratón)	LBH	221011_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,788
Proteína de unión a LRP2	LRP2BP	207797_s_at	Desconocida	Otro	-1,365
Lumican	LUM	201744_s_at	Espacio extracelular	Otro	5,638
Proteína 5 que contiene motivo LYR	LYRM5	225469_at	Desconocida	Otro	-0,93
Proteína 1 similar a mab-21	MAB21L1	206163_at	Desconocida	Otro	2,722
Proteína 2 similar a mab-21	MAB21L2	210302_s_at	Desconocida	Otro	2,871
Proteína 2 similar a mab-21	MAB21L2	210303_at	Desconocida	Otro	2,204
Proteína 1 estimulante de macrófagos (similar a factor de crecimiento de hepatocitos)	MST1	216320_x_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	-1,012
Proteína 4 que contiene dominio de superfamilia principal de facilitadores	MFSD4	229254_at	Desconocida	Otro	-1,752
Manosidasa, alfa, clase 2A, miembro 1	MAN2A1	226538_at	Citoplasma	Enzima	0,864
manosil (alfa-1,3-)-glicoproteína beta-1,4-N-acetilglucosaminiltransferasa isozima A	MGAT4A	226039_at	Desconocida	Enzima	-0,904
Homeocaja 2 de tejido mesenquimal	MEOX2	206201_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-4,213
Proteína 9 asociada a microtúbulos	MAP9	220145_at	Desconocida	Otro	-0,7
Proteína 9 asociada a microtúbulos	MAP9	228423_at	Desconocida	Otro	-1,108
Proteína 9 asociada a microtúbulos	MAP9	235550_at	Desconocida	Otro	-0,863
Proteína ribosomal mitocondrial S33	MRPS33	218654_s_at	Citoplasma	Otro	-0,609
Proteína quinasa quinasa quinasa 5 activada por mitógenos	MAP3K5	203836_s_at	Citoplasma	Quinasa	-1,159
Moesina	MSN	200600_at	Membrana plasmática	Otro	2,082
Monoamino oxidasa A	MAOA	204388_s_at	Citoplasma	Enzima	2,15
Monoamino oxidasa A	MAOA	204389_at	Citoplasma	Enzima	1,88
Monoamino oxidasa A	MAOA	212741_at	Citoplasma	Enzima	2,048
Asociado a diferenciación de monocito a macrófago	MMD	244523_at	Membrana plasmática	Otro	1,045
Dominios C2 múltiples, transmembrana 1	MCTP1	220122_at	Desconocida	Otro	-1,597
Antígeno nuclear inducido por MYC	MINA	213188_s_at	Núcleo	Otro	1,391

Antígeno nuclear inducido por MYC	MINA	213189_at	Núcleo	Otro	1,641
Miosina IB	MYO1B	212365_at	Citoplasma	Otro	0,71
Miosina VI	MYO6	203216_s_at	Citoplasma	Otro	1,104
Miosina VI	MYO6	210480_s_at	Citoplasma	Otro	1,41
Proteína 2 que contiene dominio interambiador Na ⁺ /H ⁺	NHEDC2	1564746_at	Membrana plasmática	Otro	-1,462
N-aciletanolamina acidoamidasa	NAAA	214765_s_at	Citoplasma	Enzima	0,911
Subcomplejo 1 alfa de la NADH deshidrogenasa (ubiquinona), similar a 4	NDUFA4L2	218484_at	Desconocida	Enzima	-3,507
NADH deshidrogenasa (ubiquinona) flavoproteína 3, 10 kDa	NDUFV3	226616_s_at	Citoplasma	Enzima	-0,875
Nebuleta	NEBL	203961_at	Citoplasma	Otro	-1,359
Precursor neural expresado en células, regulado negativamente en cuanto a desarrollo 9	NEDD9	202150_s_at	Núcleo	Otro	2,41
Proteína 3 que contiene dominio similar a NIPA	NIPAL3	225876_at	Desconocida	Otro	-1,203
Óxido nítrico sintasa 1 (neuronal)	NOS1	239132_at	Citoplasma	Enzima	1,138
Óxido nítrico sintasa 1 (neuronal)	NOS1	240911_at	Citoplasma	Enzima	1,187
Miembro X1 de la familia NLR	NLRX1	219680_at	Desconocida	Otro	-1,541
ARN codificante de no proteínas 171	NCRNA00171	215985_at	Desconocida	Otro	-0,692
Coactivador 7 de receptor nuclear	NCOA7	225344_at	Núcleo	Otro	-0,842
Proteína 3 similar a proteína 1 de ensamblaje de nucleosomas	NAP 1 L3	204749_at	Núcleo	Otro	-1,53
Motivo 19 de tipo nudix (nucleósido difosfato vinculado a resto X)	NUDT19	235384_at	Citoplasma	Otro	-1,685
Olfactomedina 3	OLFM3	1554524_a_at	Citoplasma	Otro	-0,927
Proteína 3 similar a proteína de unión a oxisteroles	OSBPL3	209626_s_at	Citoplasma	Otro	2,083
Proteína 2 similar a Pecanex	PCNXL2	1554256_a_at	Desconocida	Otro	-0,728
Homólogo 2 a Pellino	PELI2	219132_at	Citoplasma	Otro	0,732
Proteína 2 que contiene dominio peptidasa M20	PM20D2	225421_at	Desconocida	Otro	1,6
Monooxigenasa peptidil-glicina alfa-amidante	PAM	202336_s_at	Membrana plasmática	Enzima	-0,861
Periferina	PRPH	213847_at	Membrana plasmática	Otro	-1,417
Proteína 20 con dedos de zinc PHD	PHF20	235389_at	Núcleo	Otro	0,596
Proteína 1A contiene dominio fosfatasa ácido fosfatídico tipo 2	PPAPDC1A	236044_at	Desconocida	Fosfatasa	-2,621
Biosíntesis de anclaje fosfatidilinositol-glicano, clase H	PIGH	209625_at	Citoplasma	Enzima	-0,597

Regulador que interactúa con fosfoinosítidos de canales de potencial de receptor transitorio	HCG 1776018	232887_at	Desconocida	Otro	-2,019
Fosforilasa quinasa, alfa 1 (muscular)	PHKA1	229876_at	Citoplasma	Quinasa	-1,2
Plastina 3 (isoforma T)	PLS3	201215_at	Citoplasma	Otro	1,068
Receptor de factor de crecimiento derivado de plaquetas, beta polipéptido	PDGFRB	202273_at	Membrana plasmática	Quinasa	-1,373
Pleiotrofina	PTN	209466_x_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	-1,426
Pleiotrofina	PTN	211737_x_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	-2,929
Regulador pleiotrópico 1	PLRG1	225194_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-0,701
Regulador pleiotrópico 1	PLRG1	227246_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-1,228
Plexina A2	PLXNA2	213030_s_at	Membrana plasmática	Otro	0,946
Plexina A4	PLXNA4	232317_at	Membrana plasmática	Receptor	1,368
Quinasa 2 de tipo polo	PLK2	201939_at	Núcleo	Quinasa	3,606
Proteína 5 con dedos de zinc RING de grupo Polycomb	PCGF5	227935_s_at	Desconocida	Otro	0,791
Polimerasa (dirigida por ADN), épsilon	POLE	216026_s_at	Núcleo	Enzima	1,053
Proteína 12 que contiene dominio de tetramerización del canal de potasio	KCTD12	212188_at	Desconocida	Canal iónico	3,396
Proteína 12 que contiene dominio de tetramerización del canal de potasio	KCTD12	212192_at	Desconocida	Canal iónico	4,806
potasio gran conductancia canal activado por calcio, subfamilia M, miembro alfa 1	KCNMA1	221584_s_at	Membrana plasmática	Canal iónico	-2,389
canal de potasio dependiente de voltaje, subfamilia similar a KQT, miembro 2	KCNQ2	205737_at	Membrana plasmática	Canal iónico	-1,246
Proteína plasmática A asociada al embarazo, papalisina 1	PAPPA	201982_s_at	Espacio extracelular	Peptidasa	-1,672
Receptor 2 de la prostaglandina E (subtipo EP2), 53 kDa	PTGER2	206631_at	Membrana plasmática	Receptor	-2,328
Regulador negativo del receptor de la prostaglandina F2	PTGFRN	224937_at	Membrana plasmática	Otro	2,301
Subunidad de proteasoma (prosome, macropaina), tipo alfa, 7	PSMA7	216088_s_at	Citoplasma	Peptidasa	0,658
Proteína quinasa, dependiente de cAMP, catalítica, beta	PRKACB	235780_at	Citoplasma	Quinasa	-2,17
Proteína tirosina fosfatasa, tipo de receptor D	PTPRD	214043_at	Membrana plasmática	Fosfatasa	-1,16
Proteína tirosina fosfatasa,	PTPRE	221840_at	Membrana	Fosfatasa	3,044

tipo de receptor E			plasmática		
Proteína tirosina fosfatasa, tipo de receptor G	PTPRG	204944_at	Membrana plasmática	Fosfatasa	1,237
RAB35, miembro RAS familia oncogenes	RAB35	205461_at	Citoplasma	Enzima	0,737
RAB6B, miembro RAS familia oncogenes	RAB6B	225259_at	Citoplasma	Enzima	-1,229
Factor intercambiador de nucleótidos de guanina Rac/Cdc42 (GEF) 6	ARHGEF6	209539_at	Citoplasma	Otro	2,719
RAN, miembro RAS familia oncogenes	RAN	200750_s_at	Núcleo	Enzima	0,59
Contiene dominio de mano EF y RAS	RASEF	1553986_at	Desconocida	Otro	1,393
familia de genes homólogos a ras, miembro U	RHOU	223168_at	Citoplasma	Enzima	-1,154
Proteína 5 reguladora de señalización de proteínas G	RGS5	1555725_a at	Membrana plasmática	Otro	4,038
Proteína 5 reguladora de señalización de proteínas G	RGS5	209070_s at	Membrana plasmática	Otro	3,729
Proteína 5 reguladora de señalización de proteínas G	RGS5	209071_s_at	Membrana plasmática	Otro	3,468
Proteína 5 reguladora de señalización de proteínas G	RGS5	218353_at	Membrana plasmática	Otro	3,65
Proteína 1 similar a RELT	RELL1	226430_at	Desconocida	Otro	1,214
Proteína 1 similar a retinoblastoma (p107)	RBL1	1559307_s_at	Núcleo	Otro	0,959
Proteína 4 que contiene dominio gag de retrotransposones	RGAG4	227823_at	Desconocida	Otro	-1,775
Proteína 6 activadora de Rho GTPasa	ARHGAP6	206167_s_at	Citoplasma	Otro	2,809
Proteína 1 que contiene dominio L1 ribosomal	RSL1D1	213750_at	Citoplasma	Otro	-0,816
Proteína 2 de unión a RIMS	RIMBP2	238817_at	Membrana plasmática	Otro	1,679
Proteína 13 con dedos de zinc RING	RNF13	201780_s_at	Núcleo	Otro	-0,707
Proteína 182 con dedos de zinc RING	RNF182	230720_at	Desconocida	Otro	2,696
Proteína 34 con dedos de zinc RING	RNF34	219035_s_at	Citoplasma	Enzima	0,85
Proteína 41 con dedos de zinc RING	RNF41	201962_s_at	Citoplasma	Otro	-0,591
Pseudogén homólogo 1 a factor de transcripción de ARN polimerasa I	LOC94431	216908_x_at	Desconocida	Otro	-0,674
Proteína 4 similar a sal	SALL4	229661_at	Núcleo	Otro	1,586
Quinasa 1 inducible por sal	SIK1	208078_s_at	Citoplasma	Quinasa	-1,403
Similar a homólogo (ratón) 6 relacionada con ataques	SEZ6L	207873_x_at	Membrana plasmática	Otro	0,866
Similar a homólogo (ratón) 6 relacionada con ataques	SEZ6L	211894_x_at	Membrana plasmática	Otro	0,797
Dominio sema, dominio transmembrana (TM) y dominio citoplasmático, (semaforina)	SEMA6A	220454_s_at	Membrana plasmática	Otro	1,356
Inhibidor de peptidasa tipo 2,	SPINT2	210715_s_at	Espacio	Otro	-1,889

Kunitz			extracelular		
Proteína 1 similar a Ysc84, contiene dominio SH3	SH3YL1	204019_s_at	Desconocida	Otro	-0,859
Proteína 2 similar a GRB2 dominio SH3	SH3GL2	205751_at	Membrana plasmática	Enzima	-1,605
Similar a hCG2031213	LOC728052	1558795_at	Desconocida	Otro	2,239
Similar a hCG2031213	LOC728052	1558796_a_at	Desconocida	Otro	1,887
Inmunoglobulina simple y dominio de receptor de tipo Toll-interleucina 1 (TIR)	SIGIRR	52940_at	Membrana plasmática	Receptor	-1,42
Homólogo monoinjerto 1	SIM1	1556300_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	6,36
Homólogo monoinjerto 1	SIM1	206876_at	Núcleo	Regulador de transcripción	5,737
Familia similar a NTRK y SLIT, miembro 5	SLITRK5	214930_at	Desconocida	Otro	4,094
Homólogo a SMG1, pseudogén de quinasa relacionado con fosfatidilinositol 3-quinasa	LOC641298	244766_at	Desconocida	Otro	1,065
Familia de transportadores de solutos 12 (transportadores de potasio/cloruro), miembro 7	SLC12A7	218066_at	Membrana plasmática	Transportador	-1,258
Familia de transportadores de solutos 22, miembro 17	SLC22A17	218675_at	Membrana plasmática	Transportador	-0,724
Familia de transportadores de solutos 35, miembro F3	SLC35F3	229065_at	Desconocida	Otro	-3,048
Familia de transportadores de solutos 44, miembro 5	SLC44A5	1569112_at	Desconocida	Otro	2,738
Familia de transportadores de solutos 44, miembro 5	SLC44A5	235763_at	Desconocida	Otro	1,845
Familia de transportadores de solutos 7 (transportador de aminoácidos catiónicos, sistema y+), miembro 2	SLC7A2	225516_at	Membrana plasmática	Transportador	1,892
Familia de transportadores de aniones orgánicos transportadores de solutos, miembro 3A1	SLC03A1	219229_at	Membrana plasmática	Transportador	1,622
Familia de transportadores de aniones orgánicos transportadores de solutos, miembro 3A1	SLC03A1	227367_at	Membrana plasmática	Transportador	1,045
Proteoglicano 2 dominios similares a cwcw y kazal (testican) SPARC/osteonectina	SPOCK2	202524_s_at	Espacio extracelular	Otro	-0,83
Antígeno 6 asociado al semen	SPAG6	210032_s_at	Citoplasma	Otro	1,687
Antígeno 6 asociado al semen	SPAG6	210033_s_at	Citoplasma	Otro	2,774
Similar a la proteína 2 rica en serina, asociada a la espermatogénesis	SPATS2L	222154_s_at	Desconocida	Otro	0,907
Receptor 3 de la esfingosina-1-fosfato	S1PR3	228176_at	Membrana plasmática	Receptor	1,9

ST8 alfa-N-acetil-neuraminida alfa-2,8-sialiltransferasa 1	ST8SIA1	210073_at	Citoplasma	Enzima	1,114
ST8 alfa-N-acetil-neuraminida alfa-2,8-sialiltransferasa 3	ST8SIA3	230262_at	Citoplasma	Enzima	-1,039
Proteína 3 similar a la estatmina	STMN3	222557_at	Núcleo	Otro	0,788
Miembro 3 de la familia STEAP	STEAP3	218424_s_at	Citoplasma	Transportador	-1,827
Proteína reguladora de la esteroidogénesis aguda	STAR	204548_at	Citoplasma	Transportador	-1,093
Homólogo al gen 6 estimulado por ácido retinoico	STRA6	1569334_at	Membrana plasmática	Otro	1,359
Homólogo al gen 6 estimulado por ácido retinoico	STRA6	1569335_a_at	Membrana plasmática	Otro	1,167
Caja storkhead 2	STOX2	226822_at	Desconocida	Otro	-0,854
Sinaptojanina 1	SYNJ1	212990_at	Citoplasma	Fosfatasa	-0,624
Sinaptotagmina XIII	SYT13	226086_at	Desconocida	Transportador	-4,754
Alfa-sinucleína (componente no A4 de la precursora amiloidea)	SNCA	236081_at	Citoplasma	Otro	-0,935
Beta-taxilina	TXLNB	227834_at	Citoplasma	Otro	-2,226
Homeocaja 3 con dedos de zinc <i>teashirt</i>	TSHZ3	223392_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,472
Homeocaja 3 con dedos de zinc <i>teashirt</i>	TSHZ3	223393_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,962
Dominio de repeticiones de tetratricopéptidos 39C	TTC39C	238480_at	Desconocida	Otro	-0,824
Similar a TH1	TH1L	220607_x_at	Núcleo	Otro	1,027
Similar a TH1	TH1L	225006_x_at	Núcleo	Otro	0,884
Similar a TH1	TH1L	225261_x_at	Núcleo	Otro	0,883
Similar a TH1	TH1L	225865_x_at	Núcleo	Otro	0,904
Tioredoxina reductasa 1	TXNRD1	201266_at	Citoplasma	Enzima	1,032
Complejo THO 4	THOC4	226319_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,996
Inhibidor 3 de la metalopeptidasa TIMP	TIMP3	201147_s_at	Espacio extracelular	Otro	5,151
Inhibidor 3 de la metalopeptidasa TIMP	TIMP3	201148_s_at	Espacio extracelular	Otro	3,637
Inhibidor 3 de la metalopeptidasa TIMP	TIMP3	201149_s_at	Espacio extracelular	Otro	5,037
Inhibidor 3 de la metalopeptidasa TIMP	TIMP3	201150_s_at	Espacio extracelular	Otro	4,312
Inhibidor 2 de la vía del factor tisular	TFPI2	209277_at	Espacio extracelular	Otro	1,592
Inhibidor 2 de la vía del factor tisular	TFPI2	209278_s_at	Espacio extracelular	Otro	2,326
Proteína 1 que contiene dominio TM2	TM2D1	213882_at	Membrana plasmática	Receptor	-0,769
Proteína 2 similar al factor de transcripción 7 (específico de linfocitos T, caja HMG)	TCF7L2	212761_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,005
Proteína 2 similar al factor de transcripción 7	TCF7L2	212762_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,224

(específico de linfocitos T, caja HMG)					
Proteína 2 similar al factor de transcripción 7 (específico de linfocitos T, caja HMG)	TCF7L2	216035_x_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,072
Proteína 2 similar al factor de transcripción 7 (específico de linfocitos T, caja HMG)	TCF7L2	216037_x_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,81
Proteína 2 similar al factor de transcripción 7 (específico de linfocitos T, caja HMG)	TCF7L2	216511_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,003
Potenciador de división 3 similar a transducina	TLE3	212770_at	Núcleo	Otro	0,976
Homólogo a la proteína transformadora 2 alfa	TRA2A	213593_s_at	Núcleo	Otro	1,12
Transmembrana oído interno	TMIE	1553601_a_at	Desconocida	Otro	-3,334
Proteína transmembrana 132C	TMEM132C	232313_at	Desconocida	Otro	4,02
Proteína transmembrana 178	TMEM178	229302_at	Desconocida	Otro	1,697
Proteína transmembrana 184C	TMEM184C	219074_at	Desconocida	Otro	-0,779
Proteína transmembrana 5	TMEM5	204808_s_at	Membrana plasmática	Otro	-1,074
Similar a proteína transmembrana 59	TMEM59L	219005_at	Citoplasma	Otro	-0,845
Proteína 29 que contiene motivo tripartito	TRIM29	211002_s_at	Citoplasma	Regulador de transcripción	2,005
Proteína 36 que contiene motivo tripartito	TRIM36	219736_at	Citoplasma	Otro	2,221
Glicoproteína de trofoblasto	TPBG	203476_at	Membrana plasmática	Otro	2,158
Candidato 3 supresor de tumor	TUSC3	232770_at	Espacio extracelular	Enzima	-1,407
Factor auxiliar 1 de ARN nuclear pequeño U2	U2AF1	232141_at -	Núcleo	Otro	0,776
Variante 1 enzima E2 de conjugación de ubiquitina	UBE2V1	201003_x_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,663
Urocortina	UCN	206072_at	Espacio extracelular	Otro	-0,961
Homólogo a proteína de ordenamiento vacuolar 29	VPS29	223026_s_at	Citoplasma	Transportador	0,805
Homólogo 4 al oncogén viral de la leucemia eritroblástica v-erb-a	ERBB4	206794_at -	Membrana plasmática	Quinasa	-1,537
Homólogo 4 al oncogén viral de la leucemia eritroblástica v-erb-a	ERBB4	214053_at -	Membrana plasmática	Quinasa	-1,708
Homólogo 2 al oncogén viral de la leucemia eritroblástica v-erb-b2 homólogo al oncogén derivado de neuro/glioblastoma	ERBB2	216836_s_at	Membrana plasmática	Quinasa	-0,698
Homólogo 1 al oncogén viral de la leucemia murina v-raf-	RAF1	1557675_at	Citoplasma	Quinasa	0,696

1					
Proteína 3 que contiene dominio FYVE y de repetición WD	WDFY3	212602_at	Citoplasma	Enzima	-0,626
Proteína 3 que contiene dominio FYVE y de repetición WD	WDFY3	212606_at	Citoplasma	Enzima	-0,785
Homeocaja 4 con dedos de zinc	ZFHX4	219779_at	Desconocida	Otro	1,36
Homeocaja 4 con dedos de zinc	ZFHX4	241700_at	Desconocida	Otro	1,234
Proteína 217 con dedos de zinc	ZNF217	203739_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,096
Proteína 503 con dedos de zinc	ZNF503	227195_at	Núcleo	Otro	1,373
Proteína 641 con dedos de zinc	ZNF641	226509_at	Desconocida	Otro	-1,427
Proteína 662 con dedos de zinc	ZNF662	228538_at	Desconocida	Otro	-3,352
dedos de zinc, tipo CCCH con dominio parche G	ZGPAT	221848_at	Desconocida	Otro	0,991

Se llevó a cabo un análisis informático como en el Ejemplo V, con la excepción de que el listado de sondas refleja genes expresados diferencialmente más de 1,5 veces en las líneas celulares H1 y BB10 en comparación con las líneas celulares 2D6 y SiMa parental, y asimismo expresados diferencialmente más de 1,5 veces en la línea celular 5 SiMa parental en comparación con la línea celular 2D6. Cuando el corte del valor p se estableció en 0,05, este análisis identificó 94 sondas génicas que se pudieron clasificar en 70 genes (Tabla 17)

Tabla 17. Genes identificados utilizando análisis nuclear IPA					
Nombre del gen	Símbolo del gen	ID de sonda N.º	Ubicación	Tipo	Proporción logarítmica
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	209985_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	2,429
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	209988_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,446
Homólogo 1 al complejo achaete-scute	ASCL1	213768_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,578
Molécula de adhesión celular del leucocito activado	ALCAM	201952_at	Membrana plasmática	Otro	1,521
Factor 1 de ribosilación-ADP	ARF1	1565651_at	Citoplasma	Enzima	1,063
17A similar a factor de ribosilación-ADP	ARL17A	243899_at	Desconocida	Otro	0,741
Proteína 1 de unión a la ataxina 2	A2BP1	1553422_s_at	Citoplasma	Otro	1,453
Proteína 1 de unión a la ataxina 2	A2BP1	221217_s_at	Citoplasma	Otro	1,497
Proteína señal 1 adherida a la membrana, abundante en el cerebro	BASP1	202391_at	Membrana plasmática	Otro	1,146
CAP, proteína asociada a ciclase de adenilato, 2	CAP2	212551_at	Membrana plasmática	Otro	-1,974
Molécula CD9	CD9	201005_at	Membrana plasmática	Otro	1,415
Repetición de triplete CUG, proteína 2 de unión a ARN	CUGBP2	202157_s_at	Núcleo	Otro	2,156

Canal dependiente de nucleótidos cíclicos alfa 3	CNGA3	207261_at	Membrana plasmática	Canal iónico	-3,182
Inhibidor 2A de quinasa dependiente de ciclina (melanoma, p16, inhibe CDK4)	CDKN2A	209644_x_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-1,277
Factor 2 asociado a ELL	EAF2	219551_at	Núcleo	Regulador de transcripción	0,693
Factor 3 de iniciación de traducción en los eucariotas, subunidad C	EIF3C	236700_at	Citoplasma	Regulador de traducción	1,378
Familia con similitud de secuencia 162, miembro B	FAM162B	228875_at	Desconocida	Otro	-0,743
Familia con similitud de secuencia 181, miembro B	FAM181B	231430_at	Desconocida	Otro	0,794
Proteína 3 de unión al elemento cadena arriba Far (FUSE)	FUBP3	239193_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,192
Factor de crecimiento de fibroplastos 13	FGF13	205110_s_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	-3,522
Proteína 1 similar a foliestatina	FSTL1	208782_at	Espacio extracelular	Otro	-1,275
Caja de cabeza de horquilla O6	FOXO6	239657_x_at	Núcleo	Otro	-1,512
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), polipéptido 1 inhibidor de actividad alfa	GNAI1	227692_at	Membrana plasmática	Enzima	2,111
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), polipéptido beta 4	GNB4	225710_at	Membrana plasmática	Enzima	4,695
Proteína de unión a nucleótidos de guanina (proteína G), gamma 11	GNG11	204115_at	Membrana plasmática	Enzima	2,587
Proteína 2 que contiene KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu)	KDEL2	225128_at	Desconocida	Otro	1,085
Proteína 13 similar a Kelch	KLHL13	227875_at	Desconocida	Otro	0,902
Proteína 3 que contiene dominio KH, de unión a ARN asociada a transducción	KHDRBS3	209781_s_at	Núcleo	Otro	1,082
Proteína 1 que contiene dominio de homología a KH	KHDC1	230055_at	Desconocida	Otro	-1,656
Receptor del factor inhibidor de leucemia alfa	LIFR	225575_at	Membrana plasmática	Receptor transmembrana	-0,941
Proteína 2 similar a mab-21	MAB21L2	210303_at	Desconocida	Otro	2,204
Homeocaja 2 de tejido mesenquimal	MEOX2	206201_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	-4,213
Moesina	MSN	200600_at	Membrana	Otro	2,082

			plasmática		
Monoamino oxidasa A	MAOA	204388_s_at	Citoplasma	Enzima	2,15
Monoamino oxidasa A	MAOA	204389_at	Citoplasma	Enzima	1,88
Monoamino oxidasa A	MAOA	212741_at	Citoplasma	Enzima	2,048
Dominios C2 múltiples, transmembrana 1	MCTP1	220122_at	Desconocida	Otro	-1,597
Antígeno nuclear inducido por MYC	MINA	213188_s_at	Núcleo	Otro	1,391
Antígeno nuclear inducido por MYC	MINA	213189_at	Núcleo	Otro	1,641
Miosina VI	MYO6	203216_s_at	Citoplasma	Otro	1,104
Fosfatasa ácido fosfatídico contiene dominio tipo 2	PPAPDC1A	236044_at	Desconocida	Fosfatasa	-2,621
Plastina 3 (isoforma T)	PLS3	201215_at	Citoplasma	Otro	1,068
Pleiotrofina	PTN	209466_x_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	-1,426
Pleiotrofina	PTN	211737_x_at	Espacio extracelular	Factor de crecimiento	-2,929
Quinasa 2 de tipo polo (Drosophila)	PLK2	201939_at	Núcleo	Quinasa	3,606
potasio gran conductancia canal activado por calcio, subfamilia M, miembro alfa 1	KCNMA1	221584_s_at	Membrana plasmática	Canal iónico	-2,389
Proteína 1 similar a RELT	RELL1	226430_at	Desconocida	Otro	1,214
Proteína 182 con dedos de zinc RING	RNF182	230720_at	Desconocida	Otro	2,696
Similar a homólogo a 6 relacionada con ataques	SEZ6L	207873_x_at	Membrana plasmática	Otro	0,866
Similar a homólogo (ratón) 6 relacionada con ataques	SEZ6L	211894_x_at	Membrana plasmática	Otro	0,797
Similar a hCG2031213	LOC728052	1558795_at	Desconocida	Otro	2,239
Homólogo monoinjerto 1 (Drosophila)	SIM1	1556300_s_at	Núcleo	Regulador de transcripción	6,36
Homólogo monoinjerto 1 (Drosophila)	SIM1	206876_at	Núcleo	Regulador de transcripción	5,737
Familia similar a NTRK y SLIT, miembro 5	SLITRK5	214930_at	Desconocida	Otro	4,094
Homólogo a SMG1, pseudogén de quinasa relacionado con fosfatidilinositol 3-quinasa	LOC641298	244766_at	Desconocida	Otro	1,065
Familia de transportadores de solutos 44, miembro 5	SLC44A5	1569112_at	Desconocida	Otro	2,738
Familia de transportadores de solutos 44, miembro 5	SLC44A5	235763_at	Desconocida	Otro	1,845
Familia de transportadores de solutos 7 (transportador de aminoácidos catiónicos, sistema y+), miembro 2	SLC7A2	225516_at	Membrana plasmática	Transportador	1,892

Familia de transportadores de aniones orgánicos de transportadores de solutos, miembro 3A1	SLCO3A1	219229_at	Membrana plasmática	Transportador	1,622
Similar a la proteína 2 rica en serina, asociada a la espermatogénesis	SPATS2L	222154_s_at	Desconocida	Otro	0,907
Sinaptotagmina XIII	SYT13	226086_at	Desconocida	Transportador	-4,754
Inhibidor 2 de la vía del factor tisular	TFPI2	209278_s_at	Espacio extracelular	Otro	2,326
Proteína 2 similar al factor de transcripción 7 (específico de linfocitos T, caja HMG)	TCF7L2	212761_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,005
Homólogo a la proteína transformadora 2 alfa	TRA2A	213593_s_at	Núcleo	Otro	1,12
Transmembrana oído interno	TMIE	1553601_a_at	Desconocida	Otro	-3,334
Proteína transmembrana 178	TMEM178	229302_at	Desconocida	Otro	1,697
Factor auxiliar 1 de ARN nuclear pequeño U2	U2AF1	232141_at	Núcleo	Otro	0,776
Homólogo 1 al oncogén viral de la leucemia murina v-raf-1	RAF1	1557675_at	Citoplasma	Quinasa	0,696
Proteína 217 con dedos de zinc	ZNF217	203739_at	Núcleo	Regulador de transcripción	1,096
Proteína 662 con dedos de zinc	ZNF662	228538_at	Desconocida	Otro	-3,352
La proporción logarítmica representa valores de $\log_2$ donde 0,585 es $\log_2(1,5)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 1,5, 1 es $\log_2(2)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 2, 1,584 es $\log_2(3)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 3, 2 es $\log_2(4)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 4, 2,321 es $\log_2(5)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 5, 2,584 es $\log_2(6)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 6, 2,807 es $\log_2(7)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 7, 3 es $\log_2(8)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 8, 3,169 es $\log_2(9)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 9, y 3,321 es $\log_2(10)$ que equivale a una diferencia en número de veces de 10.					

Ejemplo VI

Procedimiento basado en la respuesta inmunológica para detectar cantidades picomolares de BoNT/A

5

El siguiente ejemplo ilustra cómo llevar a la práctica procedimientos basados en la respuesta inmunológica para detectar actividad de BoNT/A capaces de detectar cantidades picomolares del producto farmacéutico de BoNT/A, tal como, p. ej., BOTOX® DYSPORE®/RELOXIN®, PURTOX®, XEOMIN®, NEURONOX®, o BTX-A.

10 1. Procedimiento basado en la respuesta inmunológica para detectar BoNT/A utilizando el análisis ELISA en sándwich con ECL.

Para preparar un lisado de células tratadas con una BoNT/A, aproximadamente 150.000 células de una línea celular clonal establecida se colocó en los pocillos de placas con poli-D-lisina de cultivo de tejidos de 96 pocillos que
15 contenían 100 μ L de un medio libre de suero que contenía un medio mínimo esencial, GlutaMAX™ I 2 mM con sales de Earle, suplemento B27 1x, suplemento N2 1x, aminoácidos no esenciales 0,1 mM, HEPES 10 mM y 60 μ g/mL de GT1b. Las líneas celulares utilizadas fueron BB10, H1 y SiMa. Estas células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que las células se diferenciaron, de acuerdo con la evaluación realizada
20 mediante criterios morfológicos estándar y rutinarios, tales como detención del crecimiento y extensión de neuritas (aproximadamente 3 días). Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron por medio nuevo que contenía uno de los siguientes: 1) línea celular SiMa, 0 (sin tratar), 0,98 U/mL, 1,9 U/mL,

3,91 U/mL, 7,81 U/mL, 15,6 U/mL, 31,3 U/mL, 62,5 U/mL, 125 U/mL, 250 U/mL, o 500 U/mL de un producto farmacéutico de BoNT/A reconstituido en un medio libre de cloruro de sodio; 2) BB10, 0 (sin tratar), 0,49 U/mL, 0,98 U/mL, 1,9 U/mL, 3,91 U/mL, 7,81 U/mL, 15,6 U/mL, 31,3 U/mL, 62,5 U/mL, 125 U/mL, 250 U/mL; 3) H1, 0 (sin tratar), 0,3 U/mL, 1 U/mL, 3 U/mL, 9 U/mL, 28 U/mL, 83 U/mL, y 250 U/mL. Puesto que el producto farmacéutico de BoNT/A contiene cloruro de sodio, su adición al medio de cultivo produjo un medio hipertónico que resultó perjudicial para la viabilidad celular. Para solucionar el problema de hipertonicidad, se utilizaron 200 µL de medio MEM hecho sin cloruro de sodio para reconstituir el producto farmacéutico de BoNT/A alcanzando una concentración final de BoNT/A 25 pM (500 U/mL). La matriz se mantuvo constante para todas las concentraciones a lo largo de la curva de dosis-respuesta añadiendo cloruro de sodio en el medio utilizado para que las diluciones coincidieran con la cantidad de excipientes presentes a la mayor concentración utilizada (25 pM or 500 U/mL). Al cabo de 24 horas de tratamiento, las células se lavaron e incubaron durante dos días adicionales sin toxina. Para recoger las células, se aspiró la PBS 1x, las células fueron lisadas añadiendo 75 µl de tampón de lisis que comprendía HEPES 50 mM, NaCl 150 mM, MgCl₂ 1,5 mM, EGTA 1 mM, Triton X-100 al 1 % a cada pocillo, y la placa se incubó en un agitador que rotaba a 500 rpm durante 30 minutos a 4 °C. La placa se centrifugó a 4.000 rpm durante 20 minutos a 4 °C para que sedimentaran los residuos celulares y el sobrenadante se transfirió a una placa de 96 pocillos revestida con anticuerpo de captura para llevar a cabo la etapa de detección.

Para preparar una disolución de anticuerpo de captura α-SNAP-25, el anticuerpo monoclonal α-SNAP-25 contenido en la ascitis de la línea celular de hibridoma 2E2A6 (Ejemplo VII) se purificó utilizando un protocolo de purificación de proteína A estándar. Para preparar la disolución de anticuerpo de detección α-SNAP-25, se conjugó un anticuerpo policlonal de conejo α-SNAP-25 S9684 (Sigma, St. Louis, MO) con reactivo de marcado éster de rutenio(II)-tris-bipiridina-(4-metilsulfonato) NHS (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD) de acuerdo con las instrucciones del fabricante (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD). La reacción de conjugación se llevó a cabo añadiendo 30 µL de disolución madre MSD SULFO-TAG™ reconstituida con agua destilada a 200 µL de 2 mg/mL de anticuerpos policlonales α-SNAP-25 e incubando la reacción a temperatura ambiente durante 2 horas en la oscuridad. Los anticuerpos marcados se purificaron utilizando un protocolo de columna de centrifugado estándar y la concentración de proteína se determinó mediante un ensayo clorimétrico estándar de la proteína. Se midió la absorbancia del conjugado de anticuerpo α-SNAP-25/MSD SULFO-TAG™ a 455 nm con un espectrofotómetro para determinar la concentración en moles por litro. La disolución de anticuerpo de detección se almacenó a 4 °C hasta el momento de su uso.

Para preparar el soporte de fase sólida que comprende el anticuerpo de captura que es específico para un producto de escisión de SNAP-25, se añadió aproximadamente 1 µL de una disolución 2E2A6 de anticuerpo monoclonal α-SNAP-25 (45 µg/mL en PBS 1x, 750 µg/mL de BSA) a cada pocillo de una placa de 96 pocillos MSD High Bind (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD) y se dejó que la disolución se secara al aire en una cabina de seguridad biológica durante 2-3 horas para que se evaporara el líquido de la disolución, y posteriormente las placas se sellaron y se almacenaron a 4 °C hasta el momento de su uso. A continuación, los pocillos con anticuerpo de captura unido seco se bloquearon añadiendo 150 µL de tampón de bloqueo que comprendía PBS 1x, Tween-20 al 0,05 %, reactivo de bloqueo ECL (GE Healthcare-Amersham) al 2 %, y suero de cabra (Rockland Immunochemicals, Gilbertsville, PA) al 1 % a temperatura ambiente durante 2 horas con rotación a 600 rpm.

Para detectar la presencia de un producto de escisión de SNAP-25 mediante el análisis ELISA en sándwich con ECL, se aspiró el tampón de bloqueo de las placas, se añadieron 25 µL de un lisado de células tratadas con BoNT/A a cada pocillo y las placas se incubaron a 4 °C durante una noche. Los pocillos de la placa se lavaron tres veces aspirando el lisado celular y aclarando cada pocillo tres veces con 200 µL de PBS 1x, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Después del lavado, se añadieron 25 µL de disolución de anticuerpo de detección α-SNAP-25 a 5 pg/mL que comprendía reactivo de bloqueo Amersham al 2 % en PBS 1x, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 % a cada pocillo, la placa se selló y la placa sellada se incubó a temperatura ambiente durante 1 hora con agitación. Después de la incubación del anticuerpo de detección α-SNAP-25, los pocillos se lavaron tres veces con 250 µL de PBS 1x, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Después del lavado, se añadieron 150 µL de tampón de lectura 1x (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD) a cada pocillo y las placas se leyeron utilizando un lector de imágenes SECTOR™ Imager 6000 (Meso Scale Discovery, Gaithersburg, MD). A continuación, los datos primarios se transfirieron a SigmaPlot v. 10.0 y se utilizó un ajuste logístico de curvas de 4 parámetros para definir las curvas de dosis-respuesta. No se utilizaron limitaciones para la función logística de 4 parámetros cuando se trazaron los datos. Se generaron informes gráficos utilizando el siguiente análisis: R2 (coeficiente de correlación), a (Máx. para conjunto de datos), b (ladera), y $X0 \pm SE$ (valor $CE_{50} \pm$ error estándar).

Estos resultados indicaron que, de media, las células que comprendían las líneas celulares clonales BB10 y H1 eran más susceptibles a intoxicación con BoNT/A en comparación con células que comprendían la línea celular SiMa

parental. Las células de una línea celular BB10 mostraron una CE_{50} para actividad de BoNT/A de 7 U/mL, las células de una línea celular H1 mostraron una CE_{50} para actividad de BoNT/A de 8 U/mL, y las células de la línea celular SiMa parental mostraron una CE_{50} para actividad de BoNT/A de 13 U/mL. Este procedimiento también se puede llevar a cabo de manera múltiple como se describe en Ester Fernandez-Salas, y col., *Immuno-Based Botulinum Toxin Serotype A Activity Assays*, solicitud de patente de EE. UU. N.º de serie: 12/403.531.

Ejemplo VII

La transfección de ADN de receptor de BoNT/A en líneas celulares clonales sensibles mejora adicionalmente la sensibilidad de la línea celular clonal para BoNT/A

El siguiente ejemplo ilustra cómo introducir una molécula de polinucleótido que codifica un receptor de BoNT/A en células de una línea celular clonal para mejorar adicionalmente la susceptibilidad a intoxicación con BoNT/A o mejorar la capacidad de captación de BoNT/A.

- 15 Para introducir un receptor de BoNT/A exógeno en células que comprenden una línea celular clonal establecida, se transfectó un constructo de expresión en mamíferos que comprendía una molécula de polinucleótido de la SEQ ID NO: 139 que codifica el FGFR3 de la SEQ ID NO: 25 en células de una línea celular clonal H1 mediante un procedimiento de lípidos catiónicos. Se colocó una densidad apropiada (alrededor de 5×10^5 células) de células de una línea celular clonal establecida en un plato de cultivo de tejidos de 100 mm que contenía 5 mL de medio de cultivo completo y se cultivó en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que las células alcanzaron una densidad apropiada para transfección. Se preparó una disolución de transfección de 3 mL añadiendo 1,5 mL de medio de suero reducido OPTI-MEM® con 60 µL de LIPOFECTAMINE® 2000 (Invitrogen, Carlsbad, CA) incubado a temperatura ambiente durante 5 minutos a 1,5 mL de medio de suero reducido OPTI-MEM® que contenía 24 µg de un constructo de expresión que codifica el FGFR3 de la SEQ ID NO: 25. Esta mezcla de transfección se incubó a temperatura ambiente durante aproximadamente 30 minutos. El medio completo en las células se reemplazó por la disolución de transfección de 3 mL y las células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono durante aproximadamente 8 horas. El medio de transfección se reemplazó por 3 mL de medio de cultivo completo nuevo y las células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono durante aproximadamente 24 horas. El medio se reemplazó por 3 mL de medio de cultivo completo nuevo que contenía aproximadamente G418 1 mM (Invitrogen, Carlsbad, CA) para seleccionar las células transfectadas. Las células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono durante aproximadamente 1 semana, el medio usado se reemplazó por medio de cultivo completo nuevo con G418 0,5 mM y las células se colocaron en una placa revestida con colágeno de tipo IV de 96 pocillos a una densidad de colocación de 0,5 células por pocillo. Se controló el crecimiento celular y la viabilidad mediante observación con microscopio y al cabo de alrededor de 3 semanas aparecieron clones sencillos en alrededor de 20 % de los pocillos. Estos clones crecieron durante 2 semanas adicionales y posteriormente se transfirieron a placas duplicadas de 24 pocillos revestidas con colágeno de tipo IV, una para mantener la línea celular clonal y la otra para analizar la susceptibilidad de BoNT/A.
- 40 Para determinar la susceptibilidad de las células que comprendían las líneas celulares clonales que sobreexpresan un receptor de BoNT/A, se llevó a cabo un análisis de Western blot para determinar la sensibilidad y un análisis ELISA en sándwich con ECL para determinar un valor de CE_{50} . Se analizó un total de ocho clones para determinar las células de H1 transfectadas de manera estable con FGFR3.
- 45 Para preparar un lisado celular para el análisis de Western blot, las células de la línea celular clonal se colocaron en dos pocillos en una placa de 96 pocillos revestida con poli-D-lisina en un medio libre de suero que contenía medio mínimo esencial, GLUTAMAX™ I 2 mM con sales de Earle, suplemento B27 1x, suplemento N2 1x, aminoácidos no esenciales 0,1 mM, HEPES 10 mM y 25 µg/mL de GT1b (Alexis Biochemicals, Lausen, Switzerland). Estas células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que las células se diferenciaron, de acuerdo con la evaluación realizada mediante criterios morfológicos estándar y rutinarios, tales como detención del crecimiento y extensión de neuritas (aproximadamente 3 días). Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron por medio nuevo que contenía ya sea 0 (sin tratar), 0,5 nM o 0,25 nM de un complejo de BoNT/A. Después de 6 horas de tratamiento, las células se lavaron y se incubaron durante 18 horas adicionales sin toxina. Después de la incubación, las células se lavaron aspirando el medio de cultivo y aclarando cada pocillo con 200 µL de PBS 1x. Para recoger las células, se aspiró la PBS 1x, las células fueron lisadas añadiendo 40 µL de tampón de carga SDS 2x y se hizo girar la placa para que se produjera un revestimiento parejo del tampón de carga. El lisado se transfirió a una placa de PCR nueva de 96 pocillos (Axygen, Union City, CA) y la placa se calentó a 95 °C durante 5 minutos para completar la lisis celular y desnaturalizar las proteínas.
- 60 Para detectar la presencia de tanto el sustrato de SNAP-25 no escindido como los productos de SNAP-25

escindidos, una alícuota de cada muestra recogida se analizó mediante Western blot. En este análisis, se separó una alícuota de 12 µL de la muestra recogida mediante electroforesis en gel de poliacrilamida con MOPS utilizando geles de poliacrilamida precolados con Bis-Tris NUPAGE® Novex al 12% (Invitrogen inc., Carlsbad, CA) en condiciones de reducción y de desnaturalización. Las proteínas separadas se transfirieron del gel a las membranas de nitrocelulosa (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA) mediante el análisis de Western blot utilizando una cámara de transferencia «Transfer +4 cassettes & Cooler» (GE Healthcare, Piscataway, NJ). Las membranas se bloquearon mediante incubación a temperatura ambiente durante 1 hora con agitación suave en una disolución que contenía solución salina tamponada con Tris (TBS) (2-amino-2-hidroximetil-1,3-propanodiol ácido clorhídrico 25 mM (Tris-HCl) (pH 7,4), cloruro de sodio 137 mM, cloruro de potasio 2,7 mM), TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %, albúmina de suero bovino (BSA, por su sigla en inglés) al 2 %, leche desnatada en polvo al 5 %. Las membranas bloqueadas se incubaron a 4 °C durante una noche en TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %, BSA al 2 %, y leche desnatada en polvo al 5 % que contenía una dilución de 1:5.000 de un antisuero policlonal de conejo α-SNAP-25 S9684 (Sigma, St. Louis, MO) como el anticuerpo primario. Los anticuerpos policlonales de conejo α-SNAP-25 pueden detectar tanto el sustrato de SNAP-25 no escindido como el producto de escisión de SNAP-25, permitiendo la evaluación de la expresión general de SNAP-25 en cada línea celular y del porcentaje de SNAP-25 escindido después del tratamiento con BoNT/A como parámetro para evaluar la cantidad de captación de BoNT/A. Los blots sondeados para anticuerpos primarios fueron lavados tres veces durante 5 minutos cada vez en TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano). Las membranas lavadas se incubaron a temperatura ambiente durante 2 horas en TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %, BSA al 2 %, y leche desnatada en polvo al 5 % que contenía una dilución de 1:10.000 de anticuerpo de cabra antiinmunoglobulina G de conejo policlonal, cadenas pesada y ligera (IgG, P+L) conjugado con peroxidasa de rábano picante (Invitrogen, Inc., Carlsbad, CA) como anticuerpo secundario. Los blots sondeados para anticuerpos secundarios fueron lavados cinco veces durante 5 minutos cada vez en TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. La detección de señal de los productos de SNAP-25 marcados se visualizaron utilizando el sistema de detección de Western blot con ECL Plus™ (GE Healthcare, Amersham Biosciences, Piscataway, NJ) y la membrana se observó y el porcentaje de productos de SNAP-25 escindidos se cuantificó con un generador de imágenes de modo variable Typhoon 9410 y software de análisis correspondiente (GE Healthcare, Amersham Biosciences, Piscataway, NJ). La elección de tamaño de píxeles (100 a 200 píxeles) y configuración de corriente PMT (350 a 600, normalmente 400) dependieron del blot individual. Los volúmenes de las bandas correspondientes a ya sea producto de SNAP-25 intacto como escindido se cuantificaron mediante el software Image Quant TL y la cantidad total de SNAP-25 y el porcentaje de SNAP-25 escindida se calcularon de acuerdo con la intensidad de estas dos bandas de SNAP-25.

El clon H1 1,4 mostró un porcentaje elevado de escisión de SNAP-25 y niveles elevados de SNAP-25 total y se seleccionó para análisis adicionales. El clon seleccionado se cultivó, en primer lugar, en un plato de 10 cm² y, a continuación, en matraces T175 para asegurar que se produjeran suficientes células para el análisis ELISA en sándwich con ECL y para congelar como disolución madre. Las disoluciones madre congeladas se hicieron con 1 x 10⁶ células y 1 mL de medio de congelación de cultivo celular para recuperación (medios de congelación GIBCO-Invitrogen, #12648-010).

Para preparar un lisado celular para el análisis ELISA en sándwich con ECL, aproximadamente 50.000 células de la línea celular clonal H1 y de la línea celular clonal H1 1,4 con sobreexpresión de FGFR3 se colocaron en placas y se diferenciaron como se explica más arriba. Los medios de las células diferenciadas se aspiraron de cada pocillo y se reemplazaron con medio nuevo que contenía ya sea (sin tratar), 0,27 pM, 0,82 pM, 2,47 pM, 7,4 pM, 22,2 pM, 66,6 pM, o 200 pM de un complejo de BoNT/A de un complejo de BoNT/A. Después de 6 horas de tratamiento, las células se lavaron y se incubaron durante la noche sin toxina. Al cabo de 24 horas de tratamiento, las células se lavaron aspirando el medio que contenía BoNT/A y aclarando cada pocillo con 200 µL de PBS 1x. Las células lavadas se recogieron con lisis en tampón de lisis Triton X-100 recién preparado (NaCl 150 mM, Tris-HCl 20 mM (pH 7,5), EDTA 1 mM, EGTA 1 mM, Triton X-100 al 1 % más inhibidores de proteasa) a 4°C durante 30 minutos con agitación constante. Las células lisadas se centrifugaron a 4.000 rpm durante 20 minutos a 4 °C para que sedimentaran los residuos.

La disolución de anticuerpo de captura α-SNAP-25, la disolución de anticuerpo de detección α-SNAP-25, y el soporte de fase sólida que comprendía el anticuerpo de captura específico para un producto de escisión de SNAP-25 se prepararon como se describe en el Ejemplo V. Para detectar la presencia de un producto de SNAP-25 escindido mediante el análisis ELISA en sándwich con ECL, las placas se procesaron y los datos se recogieron y analizaron, y se calculó la CE₅₀ como se describe en el Ejemplo VI. La CE₅₀ para las células H1 1,4 se estimó en alrededor de 1,7 pM, en comparación con una CE₅₀ de alrededor de 8,7 pM para células H1, lo cual indicó que la línea celular H1 1,4 recién generada es alrededor de 5 veces más sensible que la línea celular H1 para captación de BoNT/A (promedio de dos experimentos independientes con resultados similares). La señal máxima para ambas líneas

celulares fue idéntica, lo cual indicó eficacia similar en cuanto a escisión de SNAP-25. El incremento en sensibilidad es especialmente significativo con concentraciones inferiores de BoNT/A, donde las células H1 1,4 son muchas veces más sensibles a BoNT/A en comparación con las células H1, produciendo una señal muy potente sobre el fondo a una concentración de 0,27 pM. La sobreexpresión de FGFR3 se verificó en un análisis de Western blot utilizando anticuerpos α -FGFR3 sc-123 (Santa Cruz Biotechnologies, Santa Cruz, CA).

Ejemplo VIII

Desarrollo de anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 que se unen selectivamente a un epítipo de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

El siguiente ejemplo ilustra cómo hacer anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 que pueden unirse selectivamente a un epítipo de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A.

1. Generación de anticuerpos monoclonales α -SNAP-25.

Se desarrollaron los anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 con mayor afinidad de unión para un producto de escisión de SNAP-25 y/o los anticuerpos α -SNAP-25 con una mayor especificidad para un producto de escisión de SNAP-25. Asimismo, puesto que para realizar un ensayo aprobado por la FDA se prefiere una fuente permanente, estable y renovable de anticuerpos α -SNAP-25, se llevaron a cabo cribas para aislar anticuerpos monoclonales. Para producir anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 se diseñó el péptido de 13 residuos CDSNKTRIDEANQ_{COOH} (SEQ ID NO: 38) como un antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A. Este péptido comprende una región enlazadora flexible y un residuo de cisteína en el extremo N-terminal para conjugar con KLH y los aminoácidos 186-197 de la SNAP-25 humana (SEQ ID NO: 5) con una glutamina de extremo C-terminal carboxilada (SEQ ID NO: 38). La generación de anticuerpos monoclonales en secuencias de péptidos únicos y bien elegidos proporciona control sobre la especificidad de epítipo, permitiendo la identificación de una subpoblación de proteína determinada entre un conjunto de isoformas estrechamente relacionadas. Las búsquedas con programas Blast revelaron que este péptido tiene una gran homología únicamente a SNAP-25 y casi ninguna reactividad cruzada posible con otras proteínas en células neuronales. La secuencia también fue examinada cuidadosamente con algoritmos informáticos para determinar índice de hidropatía, probabilidad en superficie de proteína, regiones de flexibilidad, y estructura secundaria favorable, seguidas de orientación apropiada y presentación de la secuencia de péptidos elegida. El péptido se sintetizó y conjugó con hemocianina de lapa californiana (KLH por su sigla en inglés) para aumentar la inmunogenicidad. Se inmunizaron seis ratones Balb/c con este péptido, y después de tres inmunizaciones en alrededor de ocho semanas, se tomaron muestras de sangre de los ratones para su análisis. La sangre se dejó coagular incubándola a 4 °C durante 60 minutos. La sangre coagulada se centrifugó a 10.000 x g a 4 °C durante 10 minutos para que sedimentaran los residuos celulares. La muestra de suero resultante se dispensó en alícuotas de 50 μ L y se almacenó a -20 °C hasta el momento de su uso.

Se utiliza una estrategia similar basada en otros antígenos de SNAP-25 descritos en la presente memoria descriptiva para desarrollar anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 que pueden unirse selectivamente a una SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A. Por ejemplo, el antígeno de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 45 se puede conjugar con KLH en vez del antígeno de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 38. Como otro ejemplo, los aminoácidos 186-197 de SNAP-25 humana del antígeno de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 38 se puede reemplazar por la SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 147, o SEQ ID NO: 148.

2. Cribado para determinar presencia de anticuerpos monoclonales α -SNAP-25.

Para determinar la presencia de un anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 que puede unirse selectivamente a un antígeno de SNAP-25 con un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A, se llevaron a cabo un ensayo de escisión basado en células y un análisis ELISA comparativo utilizando el suero de ratón extraído. Para el análisis ELISA comparativo, se construyeron dos proteínas de fusión: BIRA-HIS TAG@-SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇ de la SEQ ID NO: 48 y BIRA-HIS TAG@-SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆ de la SEQ ID NO: 49. BIRA-HIS TAG@-SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇ comprendía un péptido BirA de 16 aminoácidos biotinilado de manera natural de la SEQ ID NO: 50 enlazado por los extremos amino-terminales a un péptido de SNAP-25 que comprendía los aminoácidos 134-197 de la SEQ ID NO: 5. BIRA-HIS TAG@-SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆ comprendía un péptido BirA de 16 aminoácidos biotinilado de manera natural de la SEQ ID NO: 50 enlazado por los extremos amino-terminales a un

péptido de SNAP-25 que comprendía los aminoácidos 134-206 de la SEQ ID NO: 5. Estos dos sustratos se suspendieron en PBS 1x a una concentración de 10 µg/mL de BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇ y BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆. Las BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇ y BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆ se usaron para revestir dos placas separadas añadiendo aproximadamente 100 µl de la disolución de sustrato apropiada e incubando las placas a temperatura ambiente durante una hora. Las placas lavadas se incubaron a 37 °C durante una hora en BSA al 0,5 % en TBS 1x con una dilución de 1:10 a 1:100 de un suero que contenía anticuerpo derivado de uno de los seis ratones inmunizados (Ratón 1, Ratón 2, Ratón 3, Ratón 4, Ratón 5 y Ratón 6). Las placas sondeadas para anticuerpos primarios fueron lavadas cuatro veces durante 5 minutos cada vez en 200 µl de TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Las placas lavadas se incubaron a 37 °C durante 1 hora en TBS 1x con una dilución de 1:10.000 de anticuerpo de cabra antiinmunoglobulina G de ratón conjugado con peroxidasa de rábano picante (Pierce Biotechnology, Rockford, IL) como anticuerpo secundario. Las placas sondeadas para anticuerpos secundarios fueron lavadas cuatro veces en 200 µl de TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. La detección cromogénica de los productos de SNAP-25 marcados se visualizó mediante detección cromogénica utilizando el kit de sustrato TMB ImmunoPure (Pierce Biotechnology, Rockford, IL). La aparición de un color amarillo en las placas revestidas con BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇, pero no en las placas revestidas con BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆, indicó que el anticuerpo α-SNAP-25 preferentemente reconoció el producto de escisión SNAP-25₁₉₇. Los resultados indicaron que de los seis ratones utilizados para inmunización, tres ratones (Ratón 2, Ratón 3 y Ratón 4) mostraron titulaciones superiores y más especificidad hacia un antígeno de SNAP-25 con un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A.

Estos resultados se confirmaron con un ensayo de actividad de cadena ligera ELISA. Se prepararon placas revestidas con estreptavidina Reacti-Bind de 96 pocillos (Pierce Biotechnology, Rockford, IL) añadiendo aproximadamente 100 µl de la siguiente disolución de sustrato: Las filas A-C se revistieron con 100 µL de BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇ con doce concentraciones diferentes; las filas D-H se revistieron con 100 µL de BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆ a 10 µg/mL. Las placas se lavaron aspirando la disolución de sustrato y aclarando cada pocillo tres veces con 200 µl de TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Las diluciones de BoNT/A se prerredujeron a 37 °C durante 20 minutos en tampón de incubación de BoNT/A (HEPES 50 mM, pH 7,4, suero fetal bovino al 1 %, 10 µM de ZnCl₂, ditiotrietol 10 mM) y se añadieron 100 µl del BoNT/A prerreducido a las placas revestidas con sustrato y estas se incubaron a 37 °C durante 90 minutos. Las placas tratadas con BoNT/A se lavaron aspirando el tampón de incubación de BoNT/A y aclarando cada placa tres veces con 200 µL de TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Las placas lavadas se incubaron a 37 °C durante una hora en BSA al 0,5 % en TBS 1x con una dilución de 1:10 a 1:100 del suero que contenía anticuerpo que se estaba analizando. Las placas sondeadas para anticuerpos primarios fueron lavadas cuatro veces durante 5 minutos cada vez en 200 µl de TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. Las placas lavadas se incubaron a 37 °C durante 1 hora en TBS 1x con una dilución de 1:10.000 de anticuerpo de cabra antiinmunoglobulina G de ratón conjugado con peroxidasa de rábano picante (Pierce Biotechnology, Rockford, IL) como anticuerpo secundario. Las placas sondeadas para anticuerpos secundarios fueron lavadas cuatro veces en 200 µl de TBS, TWEEN-20® (monolaurato de polioxietilen(20)sorbitano) al 0,1 %. La detección cromogénica de los productos de SNAP-25 marcados se visualizó mediante detección cromogénica utilizando el kit de sustrato TMB ImmunoPure (Pierce Biotechnology, Rockford, IL). La aparición de un color amarillo, que se correlacionó con la presencia del producto de escisión SNAP-25₁₉₇, se detectó en muestras tratadas con BoNT/A, pero no en los controles sin tratar, utilizando suero que contenía anticuerpo de los seis ratones inmunizados (Ratón 1, Ratón 2, Ratón 3, Ratón 4, Ratón 5 y Ratón 6). Por lo tanto, el análisis ELISA comparativo indicó que de los ratones utilizados para inmunización, tres ratones (Ratón 2, Ratón 3 y Ratón 4) mostraron titulaciones superiores y más especificidad hacia un antígeno de SNAP-25 con un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A.

Para el ensayo de escisión basado en células, se colocó en placas una densidad apropiada de células PC12 en placas de cultivo de tejidos de 60 mm² que contenían 3 mL de un medio de suero apropiado (Tabla 1). Las células se cultivaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que alcanzaron la densidad apropiada. Se preparó una disolución de transfección de 500 µL añadiendo 250 µL de medio de suero reducido OPTI-MEM® con 15 µL de LIPOFECTAINE® 2000 (Invitrogen, Carlsbad, CA) incubado a temperatura ambiente durante 5 minutos a 250 µL de medio de suero reducido OPTI-MEM® que contenía 10 µg de un constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC (SEQ ID NO: 51). El constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC comprende un vector de expresión pQBI-25 (Qbiogene Inc., Carlsbad, CA) cuyos elementos promotores están ligados funcionalmente a un polinucleótido que codifica la cadena ligera de GFP-BoNT/A SEQ ID NO: 52. Esta mezcla de transfección se incubó a temperatura ambiente durante aproximadamente 20 minutos. El medio se reemplazó por medio nuevo no suplementado y la disolución de transfección de 500 µL se añadió a las células. A continuación las células se incubaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono durante aproximadamente 6 a 18 horas. Las

células se lavaron y recogieron como se describe en el Ejemplo II. Para detectar la presencia del producto escindido SNAP-25₁₉₇, se analizó una alícuota de cada muestra recogida mediante Western blot como se describe en el Ejemplo II, con la excepción de que el anticuerpo primario utilizado fue una dilución de 1:1.000 del suero que contenía anticuerpo y el anticuerpo secundario utilizado fue 1:20.000 de α -IgG de ratón peroxidasa de rábano picante (Pierce Biotechnology, Rockford, IL). Una única banda correspondiente al producto de escisión SNAP-25₁₉₇ se detectó en muestras tratadas con BoNT/A, pero no en los controles sin tratar, utilizando suero que contenía anticuerpo derivado de tres ratones (Ratón 2, Ratón 3, y Ratón 4). Por lo tanto, el ensayo de escisión basado en células indicó que de los ratones utilizados para inmunización, tres ratones (Ratón 2, Ratón 3 y Ratón 4) mostraron titulaciones superiores y más especificidad hacia un antígeno de SNAP-25 con un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A.

3. Producción de hibridomas.

Para generar hibridomas produciendo anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 que se pueden unir selectivamente a un antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A, el bazo del Ratón 2 se recogió después de tres días de una inmunización de refuerzo final y las células del bazo se fusionaron con células de mieloma P3-X63 Ag8.653 utilizando protocolos de hibridomas estándar. Estas células se colocaron en cinco placas de 96 pocillos y se seleccionaron híbridos utilizando un medio HAT. Al cabo de 8-14 días después de la fusión, se llevó a cabo el primer cribado de los aproximadamente 480 clones utilizando el análisis ELISA comparativo con los péptidos BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇ y BIRA-HIS TAG®-SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆ que revestían dos placas separadas. El análisis ELISA comparativo proporcionó un procedimiento de cribado rápido para identificar hibridomas que producen anticuerpos específicos para el SNAP-25₁₉₇ escindido. Los 18 clones superiores se sometieron a cribado adicional utilizando el ensayo de escisión basado en células descrito más arriba y a inmunotinción de células transfectadas con LC/A. (Tabla 18).

Tabla 18. Análisis de sobrenadantes que contienen anticuerpo monoclonal α -SNAP-25						
Clon	ELISA comparativo				Ensayo basado en células	
	OD SNAP-25 ₁₉₇	OD SNAP-25 ₂₀₆	Proporción _{197/206}	Proporción _{206/197}	SNAP-25 ₁₉₇	SNAP-25 ₂₀₆
1D3	1,805	0,225	8,02	0,13	+++	-
1F12	0,365	0,093	3,92	0,25	-	-
1G10	0,590	0,137	4,31	0,23	++	-
1H1	0,335	0,121	2,77	0,36	-	-
1H8	0,310	0,302	1,03	0,97	+	-
2C9	0,139	0,274	0,51	1,97	-	-
2E2	0,892	0,036	24,78	0,04	++	-
2E4	0,228	0,069	3,30	0,30	+	-
2F11	1,095	1,781	0,61	1,63	-	-
3C1	1,268	0,053	23,92	0,04	++	-
3C3	0,809	0,052	15,56	0,06	++	-
3E1	0,086	0,155	0,55	1,80	0	-
3E8	2,048	0,053	38,64	0,03	+++	-
3G2	0,053	0,158	0,34	2,98	-	-
4D1	0,106	0,218	0,49	2,06	-	-
4G6	0,061	0,159	0,38	2,61	-	-
5A5	0,251	0,106	2,37	0,42	+	-
5F11	0,243	0,061	3,98	0,25	-	-

Los clones 1D3, 1G10, 2E2, 3C1, 3C3, y 3E8 se clonaron adicionalmente limitando la dilución puesto que los medios acondicionados producidos por estos clones comprendían anticuerpos α -SNAP-25 con una especificidad de unión preferida que tenía una proporción _{197/206} de al menos 4:1 para el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ respecto del sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆ y se detectó el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ utilizando el ensayo de escisión basado en células y la inmunotinción de células PC12 transfectadas con GFP-LC/A. De manera similar, los clones 2C9, 2F11, 3G2, 4D1 y 4G6 se clonaron adicionalmente limitando la dilución puesto que los medios acondicionados producidos por estos clones comprendían anticuerpos α -SNAP-25 con una especificidad de unión preferida que tenía una proporción _{206/197} de al menos 1,5:1 para el sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆ respecto del producto de escisión SNAP-25₁₉₇ y se detectó el sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆ utilizando el ensayo de escisión basado en

células. Estos clones derivados de células únicas se cribaron nuevamente utilizando el análisis ELISA comparativo, escisión basada en células e inmunotinción para confirmar su afinidad y especificidad, y se determinó el isotipo de los anticuerpos utilizando procedimientos estándar. Se produjeron ascitis de los clones 1D3B8 (IgM.k), 1G10A12 (IgG3.k), 2C9B10 (IgG3.k), 2E2A6 (IgG3.k), 2F11B6 (IgM.k), 3C1A5 (IgG2a.k), y 3C3E2 (IgG2a.k). El clon 3E8 dejó de producir anticuerpos durante el proceso de clonación y no se pudo seguir evaluando.

4. Evaluación de especificidad de unión de anticuerpos monoclonales α -SNAP-25

Para evaluar la especificidad de unión de un anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 que puede unirse selectivamente a un antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A, se utilizaron ascitis de los clones 1D3B8, 1G10A12, 2C9B10, 2E2A6, 2F11B6, 3C1A5, y 3C3E2 para detectar el producto de escisión de SNAP-25 utilizando el ensayo de actividad basado en células, inmunocitoquímica e inmunoprecipitación.

Para el ensayo de actividad basado en células, la especificidad de unión se determinó analizando la capacidad de la ascitis que contenía anticuerpo α -SNAP-25 para detectar el sustrato SNAP-25₂₀₆ no escindido y el producto SNAP-25₁₉₇ escindido mediante el análisis de Western blot. Una densidad apropiada de células PC12 se colocaron en placas de cultivo de tejidos de 60 mm² que contenían 3 mL de un medio de suero apropiado, se cultivaron en una incubadora a 37 °C en 5 % de dióxido de carbono hasta que se alcanzó una densidad celular apropiada y se transfectaron con ya sea una disolución de transfección que no tenía el constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC (células no transfectadas) o una disolución de transfección que contenía el constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC (células transfectadas) como se describe más arriba. Las células se lavaron y recogieron como se describe en el Ejemplo I. Para detectar la presencia del sustrato SNAP-25₂₀₆ no escindido y el producto SNAP-25₁₉₇ escindido, se analizó una alícuota de cada muestra recogida mediante el análisis de Western blot como se describe en el Ejemplo I, con la excepción de que el anticuerpo primario utilizado fue una dilución de 1:100 de la ascitis que contenía anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 y el anticuerpo secundario utilizado fue 1:20.000 de α -IgG de ratón conjugado con peroxidasa de rábano picante (Pierce Biotechnology, Rockford, IL). Asimismo, se analizaron tres anticuerpos monoclonales de ratón α -SNAP-25 disponibles en el mercado. SMI-81 (Sternberger Monoclonals Inc., Lutherville, MD), un anticuerpo α -SNAP-25 que, de acuerdo con el fabricante, detecta tanto el sustrato SNAP-25₂₀₆ no escindido como el producto SNAP-25₁₉₇escindido se utilizó en una dilución de 15.000 de acuerdo con las recomendaciones del fabricante. MC-6050 (Research & Diagnostic Antibodies, Las Vegas, NV), un anticuerpo α -SNAP-25 que, de acuerdo con el fabricante, detecta tanto el sustrato SNAP-25₂₀₆ no escindido como el producto SNAP-25₁₉₇escindido se utilizó en una dilución de 1:100 de acuerdo con las recomendaciones del fabricante. MC-6053 (Research & Diagnostic Antibodies, Las Vegas, NV), un anticuerpo α -SNAP-25 que, de acuerdo con el fabricante, detecta solo el producto SNAP-25₁₉₇escindido se utilizó en una dilución de 1:100 de acuerdo con las recomendaciones del fabricante.

La Tabla 19 indica la ascitis que contiene el anticuerpo α -SNAP-25 que detectó solo el producto de escisión SNAP-25₁₉₇. El ensayo de escisión basado en células indicó que la ascitis producida a partir de los clones 1D3B8, 2C9B10, 2E2A6, 3C1A5, y 3C3E2 sintetizan un anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 que tiene especificidad de unión elevada para el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ que permite el reconocimiento selectivo de este producto de escisión respecto del sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆. El anticuerpo comercial SMI-81 detectó el sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆, pero solo reconoció escasamente el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ (Tabla 19). De manera sorprendente, el anticuerpo comercial MC-6050 solo detectó el sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆, y no pudo reconocer el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ (Tabla 19). De manera incluso más sorprendente, el anticuerpo comercial MC-6050 solo detectó el sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆, y no pudo reconocer el producto de escisión SNAP-25₁₉₇, aunque el fabricante informa de que este anticuerpo detecta selectivamente el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ (Tabla 19). Por lo tanto, este análisis indica que si bien 1D3B8, 2C9B10, 2E2A6, 3C1A5, y 3C3E2 muestran selectividad apropiada para el producto de escisión SNAP-25₁₉₇, esto no sucede con 1G10A12 y 2F11B6. Asimismo, ninguno de los anticuerpos comerciales SMI-81, MC-6050 y MC-6053 es apropiado para los procedimientos basados en la respuesta inmunológica descritos en la presente solicitud puesto que ninguno pudo detectar selectivamente el producto de escisión SNAP-25₁₉₇.

Para el análisis inmunocitoquímico, se determinó la especificidad de unión analizando la capacidad de la ascitis que contenía el anticuerpo α -SNAP-25 para detectar el sustrato SNAP-25₂₀₆ no escindido y el producto SNAP-25₁₉₇ escindido mediante inmunotinción. Véase, *p. ej.*, el documento Ester Fernandez-Salas y col., Plasma Membrane Localization Signals in the Light Chain of Botulinum Neurotoxin, Proc. Natl. Acad. Sci., EE. UU. 101 (9): 3208-3213 (2004). Una densidad apropiada de células PC12 se colocó en placas, cultivó y transfectó con ya sea una disolución de transfección que no tenía el constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC (células no transfectadas) o una disolución de transfección que contenía el constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC (células transfectadas)

como se describe más arriba. Las células se lavaron en PBS 1x y se fijaron en 5 mL de PAF a temperatura ambiente durante 30 minutos. Las células fijadas se lavaron en tampón fosfato salino, se incubaron en 5 mL de Triton® X-100 (polietilenglicol octilfenol éter) al 0,5 % en PBS 1x, se lavaron en PBS 1x y se permeabilizaron en 5 mL de metanol a -20 °C durante seis minutos. Las células permeabilizadas se bloquearon en 5 mL de glicina 100 mM a temperatura ambiente durante 30 minutos, se lavaron en PBS 1x, y se bloquearon en 5 mL de BSA al 0,5 % en PBS 1x a temperatura ambiente durante 30 minutos. Las células bloqueadas se lavaron en PBS 1x y se incubaron a temperatura ambiente durante dos horas en BSA al 0,5 % en PBS 1x con una dilución de 1:10 de una ascitis de una línea celular de hibridomas que se estaba analizando. Las células sondeadas para anticuerpos primarios se lavaron tres veces durante 5 minutos cada vez en PBS 1x. Las células lavadas se incubaron a temperatura ambiente durante 2 horas en PBS 1x con una dilución de 1:200 de anticuerpo de cabra antiinmunoglobulina G de ratón policlonal, cadenas pesada y ligera (IgG, P+L) conjugado con ALEXA® FLUOR 568 (Invitrogen, Inc., Carlsbad, CA) como anticuerpo secundario. Las células sondeadas para anticuerpos primarios se lavaron tres veces durante 5 minutos cada vez en PBS 1x. Las células lavadas se prepararon para análisis microscópico montándose en medio de montaje VECTASHIELD® (Vector Laboratories, Burlingame, CA) y se cubrieron con un cubreobjetos. Las imágenes de detección de señales se obtuvieron con un microscopio confocal Leica utilizando parámetros láser apropiados. La Tabla 19 indica que la ascitis que contiene el anticuerpo α -SNAP-25 que detectó específicamente el producto de escisión SNAP-25₁₉₇. El análisis inmunocitoquímico indicó que la ascitis producida a partir de los clones 1D3B8, 2C9B10, 2E2A6, 3C1A5, y 3C3E2 sintetizan un anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 que tiene especificidad de unión elevada para el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ que permite el reconocimiento preferente de este producto de escisión respecto del sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆.

Para el análisis de inmunoprecipitación, la especificidad de unión se determinó analizando la capacidad de la Proteína A (HiTrap™ columnas de alto rendimiento de Proteína A, GE Healthcare, Amersham, Piscataway, NJ), los anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 para precipitar el sustrato SNAP-25₂₀₆ no escindido y el producto SNAP-25₁₉₇ escindido. Véase, p. ej., Capítulo 8 Storing and Purifying Antibodies, pág. 309-311, Harlow & Lane, citado más arriba, 1998a. Una densidad apropiada de células PC12 se colocaron en placas, cultivaron y transfectaron con ya sea una disolución de transfección que contenía un constructo de expresión pQBI-25/GFP (células de control; SEQ ID NO: 53) o una disolución de transfección que contenía el constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC (células de experimento) como se describe más arriba. El constructo de expresión pQBI-25/GFP comprende un vector de expresión cuyos elementos promotores están funcionalmente vinculados a un polinucleótido que codifica GFP de la SEQ ID NO: 54. Tras una noche de incubación, las células se lavaron aspirando el medio de cultivo y aclarando cada pocillo con 200 μ L de PBS 1x. Para recoger las células, el PBS fue aspirado, las células fueron lisadas añadiendo un tampón de lisis de inmunoprecipitación que comprende HEPES 50 mM, NaCl 150 mM, MgCl₂ 1,5 mM, EGDT 1 mM, glicerol al 10 %, Triton® X-100 (polietilenglicol octilfenol éter) al 1 % y un cóctel inhibidor de proteasa COMPLETE™ 1x (Roche Applied Biosciences, Indianapolis, IN) e incubando a 4 °C durante una hora. Las células lisadas se centrifugaron a 3.000 x g a 4 °C durante 10 minutos para eliminar los residuos celulares y el sobrenadante se transfirió a un tubo limpio y se diluyó a una concentración de proteína de aproximadamente 1 mg/mL. Aproximadamente 5 μ g de anticuerpo monoclonal purificado se añadió a 0,5 mL de sobrenadante diluido y se incubó a 4 °C durante dos horas. Después de la incubación del anticuerpo primario, se añadieron aproximadamente 50 μ L de Proteína G inmovilizada (Pierce Biotechnology, Rockford, IL) al sobrenadante diluido y se incubó a 4 °C durante una hora. El sobrenadante incubado se lavó tres veces durante 30 minutos cada vez añadiendo 0,5 mL de tampón de lisis de inmunoprecipitación, centrifugando a 300 x g a 4 °C durante un minuto para que sedimentara la Proteína G inmovilizada, y decantando el sobrenadante. Después del lavado, el sedimento se volvió a suspender en 30 μ L de tampón de carga SDS 1x y la muestra se calentó a 95 °C durante 5 minutos. Para detectar la presencia del sustrato SNAP-25₂₀₆ no escindido y el producto SNAP-25₁₉₇ escindido, se analizó una alícuota de cada muestra recogida mediante el análisis de Western blot como se describe en el Ejemplo I, con la excepción de que el anticuerpo primario utilizado fue una dilución de 1:1.000 del suero de anticuerpo policlonal α -SNAP-25 (véase Ejemplo IV) y el anticuerpo secundario utilizado fue 1:20.000 de α -IgG de conejo peroxidasa de rábano picante (Pierce Biotechnology, Rockford, IL). La Tabla 19 indica la ascitis que contiene el anticuerpo α -SNAP-25 que redujo específicamente el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ mediante análisis de inmunoprecipitación. El análisis de inmunoprecipitación indicó que la ascitis producida a partir de los clones 2E2A6 y 3C1A5 sintetizan un anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 que tiene especificidad de unión elevada para el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ que permite el reconocimiento preferente de este producto de escisión respecto del sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆.

Tabla 19. Análisis de ascitis de clones que contienen anticuerpo monoclonal α -SNAP-25						
Clon	Ensayo basado en células		Inmunocitoquímica		Inmunoprecipitación	
	SNAP-25 ₁₉₇	SNAP-25 ₂₀₆	SNAP-25 ₁₉₇	SNAP-25 ₂₀₆	SNAP-25 ₁₉₇	SNAP-25 ₂₀₆

1D3B8	++	-	++	-	No se analizó	No se analizó
1G10A12	++	++	No se analizó	No se analizó	No se analizó	No se analizó
2C9B10	++	-	++	-	No se analizó	No se analizó
2E2A6	++	-	++	-	++	-
2F11B6	+	+	+	+	No se analizó	No se analizó
3C1A5	++	-	++	-	++	-
3C3E2	+	-	No se analizó	No se analizó	No se analizó	No se analizó
MC-6050	-	+	No se analizó	No se analizó	No se analizó	No se analizó
MC-6053	-	+	No se analizó	No se analizó	No se analizó	No se analizó
SMI-81	-/+	++	No se analizó	No se analizó	No se analizó	No se analizó

5. Evaluación de afinidad de unión de anticuerpos monoclonales α -SNAP-25

- Para determinar la afinidad de unión de un anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 que muestra especificidad de unión elevada para ya sea el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ o el sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆, los ensayos de afinidad de unión se llevaron a cabo en un instrumento BIACORE 3000 utilizando chips sensores (CM5) de carboximetil dextrano (BIAcore, Inc., Piscataway, NJ). Las series se llevaron a cabo a 25 °C con tampón HBS-EP que comprendía HEPES 10 mM (pH 7,4), cloruro de sodio 150 mM, EDTA 3 mM, tensioactivo P20 al 0,005 % (v/v) a un caudal de 10 μ L/min. Los péptidos de SNAP-25 que comprendían los aminoácidos 134-197 de la SEQ ID NO: 5 (SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇) o los aminoácidos 134-206 de la SEQ ID NO: 5 (SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆) fueron unidos de manera covalente a la superficie de los chips sensores CM5 utilizando acoplamiento de aminas estándar. En resumen, los chips CM5 se activaron por una inyección de 7 minutos de una mezcla de 1-etil-3-(3-dimetilaminopropil) carbodiimida 0,2 M y N-hidroxisuccinimida 0,05 M; los péptidos de SNAP-25 se inyectaron a continuación en acetato de sodio 10 mM (pH 4,0) durante 20 minutos a un caudal de 10 μ L/min; y los ésteres de succinimida sin reaccionar se bloquearon mediante una inyección de 7 minutos de clorhidrato de etanolamina 1 M, pH 8,5. La cantidad inmovilizada de SNAP-25₁₃₄₋₁₉₇ o SNAP-25₁₃₄₋₂₀₆ en el chip se reflejó mediante un incremento de 100-150 en unidades de respuesta (alrededor de 0,10-0,15 ng/mm²). Las muestras de anticuerpo que comprendían ya sea ascitis o anticuerpos monoclonales purificados producidos a partir de los clones 1D3B8, 2C9B10, 2E2A6, 3C1A5, y 3C3E2, así como los anticuerpos α -SNAP-25 disponibles en el mercado, se hicieron pasar por encima de la superficie de los chips CM5 permitiendo un tiempo de asociación de 10 minutos y un tiempo de disociación de 20 minutos. Las superficies se regeneraron entre las series mediante una inyección de 1 minuto de glicina-HCl 10 mM (pH 2,5) con un caudal de 15 μ L/min. Las curvas del sensorgrama se ajustaron a un modelo de unión cinética de 1:1 con el software BIAevaluation 3.0.
- Los resultados indican que tanto 2E2A6 como 3C1A5 eran altamente específicos para el producto SNAP-25₁₉₇ escindido respecto del sustrato no escindido de SNAP-25 (Tabla 20). En comparación con las afinidades de unión de MC-6050 y MC-6053, 1D3B6 tenía una constante de disociación de equilibrio aproximadamente 10 veces mayor para el producto de escisión de SNAP-25 respecto de estos anticuerpos comerciales (Tabla 20). Curiosamente, 2E2A6 tenía solamente una constante de disociación de equilibrio ligeramente inferior para el producto de escisión de SNAP-25 en relación con estos anticuerpos comerciales (0,405 nM versus 0,497 y 0,508) (Tabla 20). Puesto que ninguno de estos anticuerpos comerciales α -SNAP-25 reconoció selectivamente el producto de escisión de SNAP-25 (Tabla 19), una constante de disociación de equilibrio inferior a alrededor de 0,5 nM parece, en parte, fundamental para conseguir dicha selectividad. De manera similar, en comparación con las afinidades de unión de MC-6050 y MC-6053, 2E2A6 presentó una constante de disociación alrededor de una vez más lenta ($6,74 \times 10^{-5}$ versus $8,82 \times 10^{-4} \text{ s}^{-1}$ y $1,18 \times 10^{-3} \text{ s}^{-1}$) (Tabla 20). Esto asimismo indica que una constante de disociación inferior a alrededor de $8,82 \times 10^{-4}$ parece, en parte, fundamental para conseguir la unión selectiva para el producto de escisión de SNAP-25. Este resultado es coherente con 1 D3B8, que presentó una constante de disociación de $5,78 \times 10^{-5} \text{ s}^{-1}$ (Tabla 20).

Tabla 20. Análisis de afinidad de unión de anticuerpos monoclonales α-SNAP-25				
Parámetro RPS	1D3B8	2E2A6		
	SNAP-25₁₉₇	SNAP-25₂₀₆^a	SNAP-25₁₉₇	SNAP-25₂₀₆^b
Ka (M ⁻¹ s ⁻¹)	1,06 x 10 ⁶	-	1,70 x 10 ⁶ (1,66 x 10 ⁶)	- (-)
Kd (s ⁻¹)	5,78 x 10 ⁻⁵	-	1,53 x 10 ⁻⁴ (6,74 x 10 ⁻⁵)	- (-)
KD (nM)	0,050	-	0,090 (0,405)	(-)
Parámetro RPS	3C1A5	2C9B10		
	SNAP-25₁₉₇	SNAP-25₂₀₆^c	SNAP-25₁₉₇	SNAP-25₂₀₆^d
Ka (M ⁻¹ s ⁻¹)	2,17 x 10 ⁵	-	1,15 x 10 ⁴	-
Kd (s ⁻¹)	2,88 x 10 ⁻⁴	-	3,11 x 10 ⁻⁴	-
KD (nM)	1,33	-	27,1	-
Parámetro RPS	MC-6050	MC-6053		
	SNAP-25₁₉₇	SNAP-25₂₀₆	SNAP-25₁₉₇	SNAP-25₂₀₆
Ka (M ⁻¹ s ⁻¹)	1,78 x 10 ⁶	3,06 x 10 ²	2,32 x 10 ⁶	1,06 x 10 ²
Kd (s ⁻¹)	8,82 x 10 ⁻⁴	6,07 x 10 ⁻³	1,18 x 10 ⁻³	2,56 x 10 ⁻⁵
KD (nM)	0,497	19.800	0,508	240
^a No se observó unión cuando hasta 125 nM del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 1D3B8 se pasó por encima de la superficie del chip sensor CM5 después de un tiempo de asociación de 10 minutos.				
^b No se observó unión cuando hasta 10 μ M del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 2E2A6 se pasó por encima de la superficie del chip sensor CM5 después de un tiempo de asociación de 10 minutos.				
^c No se observó unión cuando hasta 100 nM del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 3C1A5 se pasó por encima de la superficie del chip sensor CM5 después de un tiempo de asociación de 10 minutos.				
^d No se observó unión cuando hasta 100 nM del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 2C9B10 se pasó por encima de la superficie del chip sensor CM5 después de un tiempo de asociación de 10 minutos.				

Para comparar los seis anticuerpos diferentes, la velocidad de asociación (ka) y la velocidad de disociación (kd) para cada uno se normalizó utilizando un programa del software BIA evaluation 4.1. Para comparar las velocidades de asociación, los datos se recortaron, en primer lugar, individualmente eliminando la parte de regeneración y los picos de inyección, y a continuación se normalizaron a una escala de 0 a 100. Para comparar la velocidad de disociación, los datos se normalizaron al punto de parada/máximo de la inyección. Este análisis indicó que 2C9B10 tenía una tasa de asociación mucho más lenta que los otros anticuerpos (Fig. 3A), y que MC-6053 tiene una tasa de disociación mucho más rápida que los otros anticuerpos (Fig. 3B). La tasa de disociación de MC-6053 indica que este anticuerpo no llevará a cabo de manera satisfactoria los procedimientos descritos en la presente memoria descriptiva porque este anticuerpo tendrá dificultad para mantenerse unido al antígeno de sustrato durante las etapas de lavado.

6. Secuenciación del epítipo a partir de anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 aislados

Para determinar el epítipo de un anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 aislado que puede unirse de manera selectiva a un antígeno de SNAP-25 con un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A, se secuenciaron las moléculas de polinucleótido que codifican las cadenas pesada variable (V_P) y ligera variable (V_L) del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 producido por los hibridomas 1D3B8, 2C9B10, 2E2A6, 3C1A5 y 3C3E2. Se extrajo y se purificó ARNm de cada hibridoma utilizando protocolos estándar y se llevó a cabo transcripción inversa a ADNc utilizando ya sea un cebador antisentido oligo dT o un cebador antisentido específico de un gen (IgG1 CH murino y kappa CL). Se utilizaron cebadores de dominio constante murinos y humanos específicos para amplificar el ADNc mediante PCR después de la producción de ADNc para determinar el isotipo del anticuerpo. Se utilizaron cebadores V_P y V_L para amplificar los dominios variables a partir del ADNc. Para 5'RACE se añadió una cola de dCTP homopolimérica al extremo 3' del ADNc. A continuación, las cadenas pesada y ligera se amplificaron con un cebador sentido oligo dG y un cebador antisentido (CH-KC) específico de genes. Los productos de PCR incluyeron la secuencia del péptido señal, dominios variables y dominios constantes hasta el cebador antisentido. Los productos de PCR se purificaron con gel para eliminar fragmentos pequeños y se clonaron en un vector romo o TA para secuenciación. Se secuenciaron cinco clones independientes para cada cadena y se

- determinaron alineaciones de cadenas V_P y V_L y secuencias de consenso. Los procedimientos utilizados para determinar las secuencias de aminoácidos de V_P y V_L se describen en, p. ej., el documento Roger A Sabbadini, y col., *Novel Bioactive Lipid Derivatives and Methods of Making and Using Same*, solicitud de patente de EE. UU. 2007/0281320: y el documento Peter Amersdorfer, y col., *Molecular Characterization of Murine Humoral Immune Response to Botulinum Neurotoxin Type A Binding Domain as Assessed by Using Phage Antibody Libraries*, 65(9) Infect. Immun. 3743-3752. Asimismo, existen servicios comerciales disponibles para secuenciar las cadenas pesada variable (V_P) y ligera variable (V_L) de un anticuerpo e identificar las regiones CDR, véase, p. ej., en Fusion Antibodies Ltd., Irlanda del Norte.
- 10 La secuencia de polinucleótido que comprende las cadenas V_P y V_L del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 producido por los hibridomas descritos en la presente memoria descriptiva es como sigue: 1D3B8 V_P(SEQ ID NO: 71), 2C9B10 V_P(SEQ ID NO: 73), 2E2A6 V_P(SEQ ID NO: 75), 3C1A5 V_P(SEQ ID NO: 77), 3C3E2 V_Pvariante 1 (SEQ ID NO: 79), 3C3E2 V_Pvariante 2 (SEQ ID NO: 81), 3C3E2 V_Pvariante 3 (SEQ ID NO: 149), 1D3B8 V_L(SEQ ID NO: 83), 2C9B10 V_L(SEQ ID NO: 85), 2E2A6 V_L(SEQ ID NO: 87), 3C1A5 V_L(SEQ ID NO: 89), y 3C3E2 V_L(SEQ ID NO: 91).
- 15 La secuencia de aminoácido que comprende las cadenas V_P y V_L del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 producido por los hibridomas descritos en la presente memoria descriptiva es como sigue: 1D3B8 V_P(SEQ ID NO: 72), 2C9B10 V_P(SEQ ID NO: 74), 2E2A6 V_P(SEQ ID NO: 76), 3C1A5 V_P(SEQ ID NO: 78), 3C3E2 V_Pvariante 1 (SEQ ID NO: 80), 3C3E2 V_Pvariante 2 (SEQ ID NO: 82), 3C3E2 V_Pvariante 2 (SEQ ID NO: 150), 1D3B8 V_L(SEQ ID NO: 84), 2C9B10 V_L(SEQ ID NO: 86), 2E2A6 V_L(SEQ ID NO: 88), 3C1A5 V_L(SEQ ID NO: 90), y 3C3E2 V_L(SEQ ID NO: 92).
- 20 Las secuencias de aminoácido que comprenden los dominios de CDR V_P y V_L del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 producido por los hibridomas 1D3B8, 2C9B10, 2E2A6, 3C1A5, y 3C3E2 se incluyen en la Tabla 21.

Tabla 21. Secuencias de CDR de dominios V_P y V_L de anticuerpos monoclonales α-SNAP-25			
CDR	Secuencia	Identificada en	SEQ ID NO:
CDR 1 V _P	TFTDHSIH	2E2A6	93
		2C9B10	
		3C1A5	
CDR 1 V _P	TFTNYVIH	3C3E2	94
CDR 1 V _P	IFTDHALH	1D3B8	95
CDR 2 V _P	YIFPGNGNIEYNDFKFG	2E2A6	96
CDR 2 V _P	YLFPNGNGNFEYNEKFKG	2C9B10 3C1A5	97
CDR 2 V _P	YINPYNDGSKYNEKFKG	3C3E2	98
CDR 2 V _P	YIFPGNGNIEYNEKFKG	1D3B8	99
CDR 3 V _P	KRMGY	2E2A6 3C1A5	100
CDR 3 V _P	KKMDY	2C9B10 1D3B8	101
CDR 3 V _P	ARMGY	3C3E2var1	102
CDR 3 V _P	ARMGY	3C3E2var2	151
CDR 3 V _P	ARHLANTYYYFDY	3C3E2var3	152
CDR 1 V _L	RSSQSIVHSNGNTYLE	1D3B8	103
CDR 1 V _L	RTTENIYSYFV	2C9B10	104
CDR 1 V _L	KSSQSLLYTNGKTYLT	2E2A6	105
CDR 1 V _L	KSSQSLLNTNGKTYLT	3C1A5	106
CDR 1 V _L	RASQNIGNYLH	3C3E2	107
CDR 2 V _L	KVSNRFS	1D3B8	108
CDR 2 V _L	NAKSLAE	2C9B10	109
CDR 2 V _L	LVSELD	2E2A6	110
CDR 2 V _L	LVSKLDS	3C1A5	111
CDR 2 V _L	YASQSI	3C3E2	112
CDR 3 V _L	FQGSHVPPT	1D3B8	113
CDR 3 V _L	QHGYGTPYT	2C9B10	114
CDR 3 V _L	LQSAHFPPT	2E2A6	115
CDR 3 V _L	LQSSHFPPT	3C1A5	116
CDR 3 V _L	QQSDTWPLT	3C3E2	117

- 25 Los ejemplos no restrictivos de secuencias de aminoácidos que comprenden variantes de dominio de CDR V_P del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 producido por los hibridomas descritos en la presente memoria descriptiva

incluyen la variante CDR1 V_P SEQ ID NO: 118 para 1D3B8; variante CDR1 V_P SEQ ID NO: 119 para 2C9B10, 2E2A6 y 3C1A5 V_P; variante CDR1 V_P SEQ ID NO: 120 para 3C1A5 V_P y 3C3E2 variante 3; variante CDR2 V_P SEQ ID NO: 121 para 1D3B8 y 2E2A6; variante CDR2 V_P SEQ ID NO: 122 para 2C9B10 y 3C1A5 V_P; variante CDR2 V_P SEQ ID NO: 123 para 3C1A5 V_P y 3C3E2 variante 3; CDR3 V_P variante MDY para 1D3B8 y 2C9B10; 5 CDR3 V_P variante MGY para 2E2A6 y 3C1A5 V_P; y variante CDR3 V_P SEQ ID NO: 124 para 3C1A5 V_P y 3C3E2 variante 3. Los ejemplos no restrictivos de secuencias de aminoácidos que comprenden variantes de dominio de CDR V_L del anticuerpo monoclonal α -SNAP-25 producido por los hibridomas descritos en la presente memoria descriptiva incluyen la variante CDR1 V_L SEQ ID NO: 125 para 1 D3B8; variante CDR1 V_L SEQ ID NO: 126 para 2C9B10; variante CDR1 V_L SEQ ID NO: 127 para 2E2A6; variante CDR1 V_L SEQ ID NO: 128 para 3C1A5; variante 10 CDR1 V_L SEQ ID NO: 129 para 3C3E2; CDR2 V_L variante KVS para 1D3B8; CDR2 V_L variante NAK para 2C9B10; CDR2 V_L variante LVS para 2E2A6; CDR2 V_L variante YAT para 3C1A5; y CDR2 V_L variante YAS para 3C3E2.

Ejemplo IX

15 Desarrollo de anticuerpos policlonales α -SNAP-25 que se unen selectivamente a un epítipo de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

El siguiente ejemplo ilustra cómo hacer anticuerpos policlonales α -SNAP-25 que pueden unirse selectivamente a un epítipo de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de 20 BoNT/A.

Para desarrollar anticuerpos policlonales α -SNAP-25 que unen un epítipo que comprende un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A a partir de un producto de escisión de SNAP-25, se diseñó el péptido de 10 residuos CGGGRIDEANQ (SEQ ID NO: 46) como un antígeno de producto de escisión de 25 SNAP-25. Este péptido comprende un residuo de cisteína en el extremo N-terminal para conjugación con KLH, un espaciador flexible de G (GGG) vinculado a los aminoácidos 191-197 de SNAP-25 humana (SEQ ID NO: 5) y tiene una glutamina con extremo C-terminal carboxilada. Las búsquedas con programas Blast revelaron que este péptido tiene una gran homología únicamente a SNAP-25 y casi ninguna reactividad cruzada posible con otras proteínas en células neuronales. La secuencia también fue examinada cuidadosamente con algoritmos informáticos para 30 determinar índice de hidropatía, probabilidad en superficie de proteína, regiones de flexibilidad, y estructura secundaria favorable, seguidas de orientación apropiada y presentación de la secuencia de péptidos elegida. El péptido se sintetizó y conjugó con hemocianina de lapa californiana (KLH por su sigla en inglés) para aumentar la inmunogenicidad. Antes de que los animales se inmunizaran, primero se cribaron conejos sin exposición previa contra lisados celulares de líneas celulares candidatas en un análisis de Western blot para identificar animales que 35 no presentaban inmunorreactividad a las proteínas presentes en los lisados celulares. Se inmunizaron seis ratones Balb/c con este péptido, y después de tres inmunizaciones en alrededor de ocho semanas, se tomaron muestras de sangre de los ratones para su análisis. La sangre se dejó coagular incubándola a 4 °C durante 60 minutos. La sangre coagulada se centrifugó a 10.000 x g a 4 °C durante 10 minutos para que sedimentaran los residuos celulares. La muestra de suero resultante se dispensó en alícuotas de 50 μ L y se almacenó a -20 °C hasta el 40 momento de su uso.

Se utiliza una estrategia similar basada en otros antígenos de SNAP-25 descritos en la presente memoria descriptiva para desarrollar anticuerpos policlonales α -SNAP-25 que se unen a un epítipo que comprende un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A a partir de un producto de escisión de SNAP- 45 25. Por ejemplo, el antígeno de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 47 se puede conjugar con KLH en vez del antígeno de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 46. Como otro ejemplo, los aminoácidos 191-197 de SNAP-25 humana del antígeno de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 38 se puede reemplazar por la SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, o SEQ ID NO: 44.

50

2. Cribado para determinar la presencia de anticuerpos policlonales α -SNAP-25

Para determinar la presencia de anticuerpos monoclonales α -SNAP-25 que pueden unirse selectivamente a un antígeno de SNAP-25 con un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de 55 BoNT/A, se llevaron a cabo un ensayo de escisión basado en células y un análisis ELISA comparativo utilizando el suero de conejo extraído como se describe en el Ejemplo VIII. El suero de ambos conejos contenía anticuerpos policlonales α -SNAP-25 que pueden unirse selectivamente a un antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A. Los anticuerpos policlonales de conejo α -SNAP-25 se designaron NTP 22 y NTP 23.

60

3. Purificación de anticuerpos policlonales α -SNAP-25.

Para purificar anticuerpos policlonales α -SNAP-25 que pueden unirse selectivamente a un antígeno de SNAP-25 con un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A, se purificaron los anticuerpos NTP 22 y NTP 23 a partir de suero de conejo utilizando columnas de afinidad que contenían el antígeno de SNAP-25 de la SEQ ID NO: 46.

4. Evaluación de especificidad de unión de anticuerpos policlonales α -SNAP-25.

Para evaluar la especificidad de unión de un anticuerpo policlonal α -SNAP-25 que puede unirse selectivamente a un antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo en el residuo P₁ del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A, se utilizaron anticuerpos policlonales α -SNAP-25 purificados NTP 22 y NTP 23 para detectar el producto de escisión utilizando el ensayo de actividad basado en células, inmunocitoquímica e inmunoprecipitación como se describe en el Ejemplo VIII. El ensayo de escisión basado en células, el análisis inmunocitoquímico y el análisis de inmunoprecipitación indicaron que los anticuerpos policlonales α -SNAP-25 NTP 22 y NTP 23 no reaccionaron de forma cruzada con SNAP-25 no escindida. En consecuencia, tanto NTP 22 como NTP 23 tienen una especificidad de unión elevada para el producto de escisión SNAP-25₁₉₇ que permite el reconocimiento preferente de este producto de escisión respecto del sustrato no escindido SNAP-25₂₀₆. La afinidad por los antígenos se puede determinar utilizando RPS en el instrumento BiAcore como se describe en el Ejemplo VIII.

A menos que se indique otra cosa, todos los números que expresan cantidades de ingredientes, propiedades tales como el peso molecular, las condiciones de reacción y demás utilizados en la memoria descriptiva y en las reivindicaciones deben entenderse como modificados en todos los casos por la expresión «alrededor de». Por consiguiente, a menos que se indique lo contrario, los parámetros numéricos expuestos en esta memoria descriptiva y las reivindicaciones adjuntas son aproximaciones que pueden variar dependiendo de las propiedades deseadas que se pretenda obtener por la presente invención. Como mínimo, y no como un intento de limitar la aplicación de la doctrina de los equivalentes al alcance de las reivindicaciones, cada parámetro numérico debería al menos ser interpretado a la luz del número de dígitos significativos indicados y aplicando técnicas de redondeo ordinarias. A pesar de que los intervalos numéricos y parámetros que exponen el alcance amplio de la invención son aproximaciones, los valores numéricos expuestos en los ejemplos específicos se reseñan lo más precisamente posible. Sin embargo, cualquier valor numérico contiene inherentemente ciertos errores necesariamente resultantes de la desviación estándar encontrada en sus medidas respectivas en el ensayo.

Los términos «un», «una», «el/la» y otros referentes similares utilizados en el contexto de la descripción de la invención (especialmente en el contexto de las siguientes reivindicaciones) deben ser interpretados para incluir tanto el singular como el plural, a menos que se indique de otro modo en esta solicitud o se contradiga claramente por el contexto. La enumeración de los intervalos de valores en el presente documento pretende simplemente servir como un resumen de referencia individual de cada valor por separado comprendido dentro del intervalo. A menos que se indique lo contrario en el presente documento, cada valor individual se incorpora en la memoria descriptiva como si se enumerara individualmente en el presente documento. Todos los procedimientos descritos en el presente documento pueden llevarse a la práctica en cualquier orden adecuado a menos que se indique lo contrario en el presente documento o que de otro modo se contradiga claramente en el contexto. El uso de cualquiera y todos los ejemplos, o un lenguaje ejemplar (por ejemplo, «tal como») proporcionado en esta solicitud pretende simplemente aclarar la invención y no plantea una limitación en el alcance de ninguna reivindicación. Ninguna expresión de la memoria descriptiva debe interpretarse como que indica cualquier elemento no reivindicado esencial para la práctica de la invención.

El agrupamiento de elementos o realizaciones alternativos de la invención descritos en el presente documento no se deben interpretar como limitaciones. Cada miembro de un grupo se puede mencionar y reivindicar individualmente o en cualquier combinación con otros miembros del grupo u otros elementos del presente documento. Se prevé que uno o más miembros de un grupo se pueda incluir en, o eliminar de, un grupo por razones de conveniencia y/o patentabilidad. Cuando se produce cualquier inclusión o eliminación, se considera que la memoria descriptiva contiene el grupo como modificado, cumpliendo de este modo con la descripción escrita de todos los grupos Markush utilizados en las reivindicaciones adjuntas.

Ciertas realizaciones de esta invención se describen en el presente documento, incluyendo la mejor forma conocida por los autores de la invención para poner en práctica dicha invención. Evidentemente, las variaciones a estas realizaciones se harán evidentes para los expertos en la técnica tras la lectura de la descripción anterior. El autor de la invención espera que los expertos en la técnica utilicen dichas variaciones como apropiadas, y los autores de la invención pretenden que la invención se pueda llevar a la práctica de otro modo que no sea el descrito

específicamente en el presente documento. Por consiguiente, la presente invención incluye todas las modificaciones y equivalentes del tema mencionado en las reivindicaciones anexas a la presente de acuerdo con lo establecido en la legislación en vigor. Además, cualquier combinación de los elementos descritos anteriormente en todas sus posibles variaciones está incluida en la invención a menos que se indique lo contrario en el presente documento o se contradiga de otro modo claramente en el contexto.

Las realizaciones específicas descritas en la presente se pueden limitar aun más en las reivindicaciones utilizando las expresiones «constituido/a por» o «constituido/a esencialmente por». Cuando se utiliza en las reivindicaciones, ya sea tal como se presentó o añadida como enmienda, la expresión de transición «constituido/a por» excluye cualquier elemento, etapa o ingrediente no especificado en las reivindicaciones. La expresión de transición «constituido/a esencialmente por» limita el alcance de una reivindicación a materiales o etapas especificados y aquellos que no afectan materialmente la o las características básicas y novedosas. Las realizaciones de la invención reivindicadas de este modo se describen y se habilitan inherente o expresamente en la presente.

15 **Tabla 5. Expresión génica incrementada en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular 2D6 en estado no diferenciado utilizando análisis de micromatrices**

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
PLS3	201215_at	NM_005032	NM_005032	5358	6,56	2,91E-12
H99792	225710_at	H99792	---	---	6,46	1,81E-07
DAZ1	208282_x_at	NM_020363	NM_00100537 5	1617	6,45	4,63E-04
DAZ3			NM_00100578 5	57054		
DAZ2			NM_00100578 6	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
TPTE	220205_at	NM_013315	NM_013315	7179	6,44	3,16E-08
			NM_199259			
			NM_199260			
			NM_199261			
DAZ1	207909_x_at	U21663	NM_00100537 5	1617	6,20	2,48E-04
DAZ3			NM_00100578 5	57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
MSN	200600_at	NM_002444	NM_002444	4478	6,11	2,92E-09
CXCR4	217028_at	AJ224869	NM_00100854 0	7852	5,95	3,23E-04
			NM_003467			
NDN	209550_at	U35139	NM_002487	4692	5,81	3,18E-06
FLJ32942	227711_at	BG150433	NM_144594	121355	5,73	8,08E-09
AI197932	229498_at	AI197932	---	---	5,59	3,21E-

ES 2 689 703 T3

PEG3	209242_at	AL042588	NM_006210	5178	5,58	1,13E-08
TIMP3	201149_s_at	U67195	NM_000362	7078	5,57	3,00E-07
NEDD9	202149_at	AL136139	NM_006403	4739	5,49	3,70E-05
TIMP3	201150_s_at	NM_000362	NM_182966 NM_000362	7078	5,40	1,53E-03
PRSS12	205515_at	NM_003619	NM_003619	8492	5,37	1,39E-06
LUM	201744_s_at	NM_002345	NM_002345	4060	5,37	1,04E-06
RGS5	1555725_at	AF493929	NM_003617	8490	5,22	2,23E-07
TFPI2	209278_s_at	L27624	NM_006528	7980	5,22	1,95E-05
CXCR4	211919_s_at	AF348491	NM_0010085 4 0	7852	5,18	9,56E-04
RGS5	218353_at	NM_025226	N M 003467 NM_003617	8490	5,15	1,82E-07
ASCL1	209985_s_at	BE797438	NM_004316	429	5,09	8,38E-06
KCTD12	212192_at	A1718937	NM_138444	115207	5,04	6,32E-06
SPARC	200665_s_at	NM_003118	NM_003118	6678	4,97	2,45E-06
CXCR4	209201_x_at	L01639	NM_0010085 4 0	7852	4,97	9,51E-04
TIMP3	201147_s_at	BF347089	NM_003467 NM_000362	7078	4,95	1,56E-04
DAZ1	207912_s_at	NM_004081	NM_0010053 7 5	1617	4,94	1,79E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_0010057 8 5	57055		
DAZ4			NM_0010057 8 6	57135		
			NM_004081 NM_020363 NM_020364 NM_020420			
MINA	213189_at	BE966695	NM_032778	84864	4,92	1,50E-08
CUGBP2	202157_s_at	U69546	NM_153182 NM_006561	10659	4,91	1,20E-06
BF000203	236385_at	BF000203	---	---	4,87	6,43E-06
GRP	206326_at	NM_002091	NM_002091	2922	4,82	1,83E-06
RGS5	209070_s_at	AI183997	NM_003617	8490	4,78	1,01E-07
AI183997	233858_at	AU144918	---	---	4,72	1,79E-05
RNF182	230720_at	AI884906	NM_152737	221687	4,72	4,74E-07

ES 2 689 703 T3

PEG3	209243_s_a t	AF208967	NM_006210	5178	4,69	8,13E-06
RAM2	225081_s_a t	AK022955	NM_018719	55536	4,52	1,18E-04
DKFZp667G211	214030_at	BE501352	XM_376254	131544	4,52	6,37E-10
RGS5	209071_s_a t	AF159570	NM_003617	8490	4,50	1,74E-07
VIP	206577_at	NM_003381	NM_003381	7432	4,44	2,77E-04
PRSS12	213802_at	AI810767	NM_194435 NM_003619	8492	4,41	1,46E-03
MGC34032	235763_at	AA001450	NM_152697	204962	4,40	3,84E-08
DAZ1	208281_x_a t	NM_020364	NM_0010053 7 5	1617	4,39	5,53E-04
DAZ3			NM_0010057	57054		
DAZ2			8	57055		
DAZ4			5	57135		
			NM_0010057			
			8 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
DAZ1	216922_x_a t	AF271088	NM_0010053 7 5	1617	4,35	6,79E-04
DAZ3			NM_0010057	57054		
DAZ2			8	57055		
DAZ4			5	57135		
			NM_0010057			
			8 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
SPARC	212667_at	AL575922	NM_003118	6678	4,30	4,26E-05
MAB21L2	210302_s_a t	AF262032	NM_006439	10586	4,28	1,96E-08
CCDC3	223316_at	AL136562	NM_031455	83643	4,21	1,24E-06
SLAC2-B	214734_at	AB014524	NM_015065	23086	4,20	1,64E-03
ARHGAP6	206167_s_a t	NM_001174	NM_001174	395	4,19	1,68E-05
			NM_006125			
			NM_013422			
			NM_013423			
			NM_013427			
BASP1	202391_at	NM_006317	NM_006317	10409	4,18	3,67E-08
SIM1	206876_at	AL121948	NM_005068	6492	4,16	4,38E-05
SMC6L1	236535_at	AW069285	NM_024624	79677	4,09	2,41E-07
CUGBP2	202158_s_a	NM_006561	NM_006561	10659	4,09	8,95E-

ES 2 689 703 T3

FAT	201579_at	NM_005245	NM_005245	2195	4,08	5,01E-04
GNG11	204115_at	NM_004126	NM_004126	2791	4,07	6,53E-04
ITGA6	201656_at	NM_000210	NM_000210	3655	3,98	4,23E-09
ACATE2	221641_s_at	AF241787	NM_012332	23597	3,97	4,71E-05
TCTE1L	203303_at	NM_006520	NM_006520	6990	3,96	2,11E-07
NEDD9	202150_s_at	U64317	NM_006403	4739	3,94	1,90E-06
DOK5	214844_s_at	AL050069	NM_182966 NM_018431	55816	3,83	1,64E-05
EDG2	204036_at	AW269335	NM_177959 NM_001401	1902	3,82	2,36E-08
MAOA	204388_s_at	NM_000240	NM_057159 NM_000240	4128	3,80	8,51E-05
SPAG6	210033_s_at	AF079363	NM_012443	9576	3,78	6,66E-06
BF476109	1556300_s_at	BF476109	NM_172242 ---	---	3,78	7,77E-06
PTPRK	203038_at	NM_002844	NM_002844	5796	3,75	1,34E-03
GFRA2	205722_s_at	NM_001495	NM_001495	2675	3,74	7,15E-06
PTPRE	221840_at	AA775177	NM_006504	5791	3,72	2,12E-06
ADAMTS9	226814_at	AI431730	NM_130435 NM_020249	56999	3,70	9,69E-05
MINA	213188_s_at	AI823896	NM_182920 NM_182921 NM_032778	84864	3,69	3,36E-05
PLK2	201939_at	NM_006622	NM_153182 NM_006622	10769	3,69	1,39E-06
KIAA1754	225582_at	AA425726	NM_033397	85450	3,67	2,03E-04
FN5	219806_s_at	NM_020179	NM_020179	56935	3,65	2,97E-04
SMC6L1	218781_at	NM_024624	NM_024624	79677	3,64	1,72E-08
EML1	204797_s_at	NM_004434	NM_0010087 07	2009	3,64	6,58E-05
ADAMTS9	1562275_at	AL832835	NM_004434 NM_020249	56999	3,58	1,72E-06
LOC441157	1558795_at	AL833240	NM_182920 NM_182921 XM_499037	441157	3,56	7,55E-06
MAOA	212741_at	AA923354	NM_000240	4128	3,55	6,62E-04

ES 2 689 703 T3

TRIM29	211002_s_a t	AF230389	NM_012101	23650	3,51	2,23E-07
MAOA	204389_at	NM_000240	NM_058193 NM_000240	4128	3,50	4,16E-07
MGC34032	1569112_at	AW020413	NM_152697	204962	3,50	9,78E-06
ELOVL7	227180_at	AW138767	XM_371740	79993	3,45	6,72E-04
TFPI2	209277_at	AL574096	NM_006528	7980	3,43	6,92E-06
ASCL1	213768_s_a t	AW950513	NM_004316	429	3,36	5,80E-07
CHRNA7	210123_s_a t	U62436	NM_000746	1139	3,33	4,22E-06
CHRFAM7A			NM_139320 NM_148911 NM_004316	89832		
ASCL1	209987_s_a t	BC002341	NM_004316	429	3,33	1,82E-08
FRZB	203697_at	U91903	NM_001463	2487	3,31	1,02E-05
SLC43A3	210692_s_a t	BC003163	NM_014096	29015	3,31	7,81E-05
LOC253012	242601_at	AA600175	NM_017611 NM_199329 NM_198151	253012	3,30	2,75E-04
CD9	201005_at	NM_001769	NM_001769	928	3,26	3,31E-04
SMAD6	207069_s_a t	NM_005585	NM_005585	4091	3,26	6,45E-06
PCGF5	226326_at	AI798098	NM_032373	84333	3,26	7,00E-07
MAB21L2	210303_at	AF262032	NM_006439	10586	3,26	6,74E-05
SLC7A2	225516_at	AA876372	NM_0010085 3 9 NM_003046	6542	3,22	1,59E-06
AL109791	233932_at	AL109791	---	---	3,20	1,60E-03
MGC33926	229302_at	AA058832	NM_152390	130733	3,20	1,16E-03
KCTD12	212188_at	AA551075	NM_138444	115207	3,19	7,60E-05
MAFB	218559_s_a t	NM_005461	NM_005461	9935	3,16	7,22E-03
BNC2	220272_at	NM_017637	NM_017637	54796	3,14	3,14E-03
ASCL1	209988_s_a t	BC001638	NM_004316	429	3,14	4,77E-08
CBLN2	242301_at	R60224	NM_182511	147381	3,14	3,35E-03
ALCAM	240655_at	BE502785	NM_001627	214	3,13	2,14E-04
AF131795	233139_at	AF131795	---	---	3,12	8,04E-03
AI656180	242447_at	AI656180	---	---	3,12	3,69E-05
LOC402524	242206_at	AW590588	XM_379850	402524	3,10	5,25E-04

ES 2 689 703 T3

EDG3	228176_at	AA534817	NM_005226	1903	3,10	4,81E-04
KDELC2	225128_at	AL548941	NM_153705	143888	3,09	2,21E-04
NEGR1	243357_at	AA115106	NM_173808	257194	3,09	1,42E-05
DACT1	219179_at	NM_016651	NM_016651	51339	3,09	2,14E-04
DAZ1	216351_x_at	AF248483		1617	3,06	4,06E-04
DAZ3			NM_00100537	57054		
DAZ2			5	57055		
DAZ4			NM_001005785	57135		
			NM_001005786			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
KIAA0527	214954_at	BF977837	XM_171054	26032	3,03	2,02E-04
TPBG	203476_at	NM_006670	NM_006670	7162	3,02	2,88E-05
LGR5	213880_at	AL524520	NM_003667	8549	3,02	2,16E-03
FLJ23091	228950_s_at	AL534095	NM_001002292	79971	3,01	2,38E-03
			NM_024911			
PLXNA4	232317_at	AB046770	XM_039393	57671	2,99	6,60E-07
			XM_379927			
FLJ20647	218802_at	NM_017918	NM_017918	55013	2,99	7,56E-03
CNTN4	229084_at	R42166	NM_175607	152330	2,96	2,55E-06
			NM_175612			
			NM_175613			
RBPMS	209488_s_at	D84109	NM_001008710	11030	2,96	5,32E-03
			NM_001008711			
			NM_001008712			
			NM_006867			
E2F7	228033_at	AI341146	NM_203394	144455	2,94	1,26E-03
TRIM29	202504_at	NM_012101	NM_012101	23650	2,93	6,42E-08
			NM_058193			
N26620	227503_at	N26620	---	---	2,93	1,14E-04
TIMP3	201148_s_at	AW338933	NM_000362	7078	2,91	1,23E-03
	t					
C2orf31	221245_s_at	NM_030804	---	81561	2,91	2,25E-05
	t					
DKFZp7610201	232313_at	AL122107	XM_044062	92293	2,91	1,59E-06
BC041965	1560411_at	BC041965	---	---	2,91	8,58E-04

ES 2 689 703 T3

GNAI1	227692_at	AU153866	NM_002069	2770	2,90	2,00E-06
GPR10	231805_at	AL563031	NM_004248	2834	2,90	1,19E-04
LGR5	210393_at	AF062006	NM_003667	8549	2,89	4,97E-05
ENC1	201340_s_at	AF010314	NM_003633	8507	2,89	4,72E-05
LOC51760	205613_at	NM_016524	NM_016524	51760	2,88	9,54E-03
GNG12	222834_s_at	N32508	NM_018841	55970	2,88	1,98E-04
BARD1	205345_at	NM_000465	NM_000465	580	2,87	6,84E-03
A2BP1	1553422_s_at	NM_145892	NM_018723	54715	2,86	4,30E-03
			NM_145891 NM_145892 NM_145893 NM_005398			
PPP1R3C	204284_at	N26005		5507	2,84	1,93E-05
AF086027	1559697_at	AF086027	---	---	2,83	1,45E-03
PMP22	210139_s_at	L03203	NM_000304	5376	2,83	1,89E-04
			NM_153321 NM_153322 NM_001495			
GFRA2	205721_at	U97145		2675	2,83	4,80E-04
PFKFB3	202464_s_at	NM_004566	NM_004566	5209	2,82	3,61E-03
BF222929	242346_x_at	BF222929	---	---	2,82	2,87E-04
SLC43A3	213113_s_at	AI630178	NM_014096	29015	2,80	1,02E-06
			NM_017611 NM_199329 NM_016559			
PEX5L	1562473_at	BC037943		51555	2,79	1,76E-04
PELO	226731_at	AA156873		53918	2,76	4,84E-03
			NM_015946 NM_000138			
FBN1	202765_s_at	AI264196		2200	2,76	2,17E-03
PLEKHE1	212719_at	AB011178	NM_194449	23239	2,75	5,65E-03
MYRIP	214156_at	AL050090	NM_015460	25924	2,75	2,44E-06
BNC2	235723_at	AA843242	NM_017637	54796	2,74	2,24E-03
CPVL	208146_s_at	NM_031311	NM_019029	54504	2,73	2,87E-03
			NM_031311 XM_039393			
PLXNA4	228104_at	AL117427		57671	2,72	4,31E-04
			XM_379927			
BF940761	229427_at	BF940761	---	---	2,69	4,80E-03
ARHGEF6	209539_at	D25304	NM_004840	9459	2,68	2,81E-04

ES 2 689 703 T3

H17657	241444_at	H17657	---	---	2,67	2,17E-04
GNAI1	209576_at	AL049933	NM_002069	2770	2,65	1,06E-07
LOC441157	1558796_a_at	AL833240	XM_499037	441157	2,65	1,11E-03
CADPS	1568603_at	AI912173	NM_003716	8618	2,64	4,31E-04
POSTN	210809_s_at	D13665	NM_183393 NM_183394 NM_006475	10631	2,63	1,47E-03
PTPRR	210675_s_at	U77917	NM_002849	5801	2,60	4,53E-03
MGC24103	232568_at	AU145658	NM_130846 ---	158295	2,59	3,96E-04
STK17A	202693_s_at	AW194730	NM_004760	9263	2,59	1,11E-04
LOC440738	221697_at	AF276659	NM_0010043 42	440738	2,58	1,85E-03
MYO6	203215_s_at	AA877789	NM_004999	4646	2,56	7,95E-03
CADPS	1568604_a_at	AI912173	NM_003716	8618	2,56	2,70E-07
NR3C1	211671_s_at	U01351	NM_183393 NM_183394 NM_000176	2908	2,56	2,36E-09
FRZB	203698_s_at	NM_001463	NM_001463	2487	2,56	3,80E-04
FLJ23091	221958_s_at	AA775681	NM_0010022 9 2	79971	2,54	5,86E-03
ADAMTS9	1554697_at	AF488803	NM_024911 NM_020249	56999	2,54	1,99E-04
AW130600	226865_at	AW130600	NM_182920 NM_182921 ---	---	2,53	4,86E-04
ST8SIA4	230836_at	AI422986	NM_005668	7903	2,50	7,33E-03
CNTN1	211203_s_at	U07820	NM_175052 NM_001843	1272	2,49	1,34E-04
EMILIN2	224374_s_at	AF270513	NM_175038 NM_032048	84034	2,48	1,13E-04
HGF	210997_at	M77227	NM_000601	3082	2,46	4,58E-03
AI582818	229053_at	AI582818	NM_0010109 3 1 NM_0010109 3 2 NM_0010109 3 3 NM_0010109 3 4 ---	---	2,44	6,88E-03

ES 2 689 703 T3

LOC253981	226430_at	AI394438	---	253981	2,44	3,85E-03
GNG12	212294_at	BG111761	NM_018841	55970	2,42	1,06E-06
C6orf148	220513_at	NM_030568	NM_030568	80759	2,41	5,89E-03
OSBPL3	209626_s_at	AI202969	NM_015550	26031	2,40	9,56E-04
			NM_145320			
			NM_145321			
			NM_145322			
			NM_145323			
			NM_145324			
SEMA6D	233882_s_at	AK022831	NM_020858	80031	2,39	1,02E-03
			NM_024966			
			NM_153616			
			NM_153617			
			NM_153618			
			NM_153619			
PCDH8	206935_at	NM_002590	NM_002590	5100	2,37	6,17E-07
			NM_032949			
MAB21L1	206163_at	NM_005584	NM_005584	4081	2,36	4,98E-03
TSC	218872_at	NM_017899	NM_017899	54997	2,36	1,01E-05
PPP2R2B	213849_s_at	AA974416	NM_004576	5521	2,35	2,05E-06
			NM_181674			
			NM_181675			
			NM_181676			
			NM_181677			
			NM_181678			
PDE5A	227088_at	BF221547	NM_001083	8654	2,35	2,27E-04
			NM_033430			
			NM_033431			
			NM_033437			
ZNF521	226676_at	AK021452	NM_015461	25925	2,34	1,55E-03
PVRL3	213325_at	AA129716	NM_015480	25945	2,34	3,70E-06
ENC1	201341_at	NM_003633	NM_003633	8507	2,33	3,06E-05
RGMA	223468_s_at	AL136826	NM_020211	56963	2,33	1,24E-07
ST8SIA2	239537_at	AW589904	NM_006011	8128	2,32	8,94E-07
FGFR2	203639_s_at	M80634	NM_000141	2263	2,29	4,06E-03
			NM_022969			
			NM_022970			
			NM_022971			
			NM_022972			
			NM_022973			
			NM_022974			
			NM_022975			
			NM_022976			
			NM_023028			

ES 2 689 703 T3

			NM_023029 NM_023030 NM_023031 NM_012342	25805	2,29	2,34E-08
BAMBI	203304_at	NM_012342				
ARHGAP6	1563386_at	AL079282	NM_001174	395	2,27	2,07E-03
			NM_006125 NM_013422 NM_013423 NM_013427 NM_015184	23228	2,27	1,92E-03
PLCL2	213309_at	AL117515				
A2BP1	221217_s_at	NM_018723	NM_018723	54715	2,26	5,56E-03
			NM_145891 NM_145892 NM_145893 XM_379322	340109	2,25	2,28E-05
LOC340109	1557765_at	BC039509				
SLC39A8	209267_s_at	AB040120	NM_022154	64116	2,25	4,91E-03
ITGA6	215177_s_at	AV733308	NM_000210	3655	2,23	2,05E-03
CNTN1	227209_at	AI091445	NM_001843	1272	2,23	4,31E-03
			NM_175038 NM_022073	112399	2,23	7,56E-03
EGLN3	219232_s_at	NM_022073				
ZFH4	219779_at	NM_024721	NM_024721	79776	2,22	1,39E-03
AF086027	1559696_at	AF086027	---	---	2,21	1,05E-03
AL050204	213929_at	AL050204	---	---	2,20	2,15E-03
TPTE	233879_at	AL137389	NM_013315	7179	2,20	2,76E-03
			NM_199259 NM_199260 NM_199261 NM_021637	59353	2,20	8,17E-03
TMEM35	219685_at	NM_021637				
MSX2	205555_s_at	D31771	NM_002449	4488	2,20	6,02E-04
GPR51	211679_x_at	AF095784	NM_005458	9568	2,19	5,89E-03
BE856929	239349_at	BE856929	---	---	2,17	2,00E-03
SYN2	210247_at	AW139618	NM_003178	6854	2,15	5,68E-03
			NM_133625 NM_030781	81035	2,15	7,66E-03
COLEC12	221019_s_at	NM_030781				
TCF7L1	221016_s_at	NM_031283	NM_130386 NM_031283	83439	2,14	1,38E-03
NRXN1	228547_at	BF509242	NM_004801	9378	2,13	8,92E-03
			NM_138735 NM_000756	1392	2,13	1,12E-
CRH	205630_at	NM_000756				

ES 2 689 703 T3

GPR161	230369_at	AI743151	NM_007369	23432	2,12	03 1,61E-04
ZNF217	203739_at	NM_006526	NM_153832 NM_006526	7764	2,12	3,18E-04
NEDD9	233223_at	AK000850	NM_006403	4739	2,11	4,23E-04
RASEF	235144_at	AA826324	NM_182966 NM_152573	158158	2,09	2,92E-03
PLAT	201860_s_at	NM_000930	NM_000930	5327	2,09	6,29E-04
GPR51	209990_s_at	AF056085	NM_000931 NM_033011 NM_005458	9568	2,05	1,33E-05
AL161982	1563494_at	AL161982	---	---	2,05	1,21E-03
SEMA6D	226492_at	AL036088	NM_020858	80031	2,05	1,22E-04
ORF1-FL49	224707_at	AL522667	NM_024966 NM_153616 NM_153617 NM_153618 NM_153619 NM_032412	84418	2,04	2,79E-05
NID	202007_at	BF940043	NM_002508	4811	2,04	2,24E-03
PCGF5	229194_at	AL045882	NM_032373	84333	2,02	2,51E-04
TCF7L2	216035_x_at	AV721430	NM_030756	6934	2,02	2,84E-07
AA156721	201952_at	AA156721	---	---	2,02	1,05E-06
FBN1	202766_s_at	NM_000138	NM_000138	2200	2,02	7,81E-04
DBH	206450_at	NM_000787	NM_000787	1621	2,01	2,59E-03
PTPRR	206084_at	NM_002849	NM_002849	5801	2,01	4,19E-03
CNTN1	227202_at	AW072790	NM_130846 NM_001843	1272	2,00	1,32E-03
ARHGEF3	218501_at	NM_019555	NM_175038 NM_019555	50650	2,00	4,42E-05
SLITRK5	214930_at	AW449813	NM_015567	26050	2,00	7,82E-06
ETV1	206501_x_at	NM_004956	NM_004956	2115	1,99	3,21E-03
SPAG6	210032_s_at	AI651156	NM_012443	9576	1,99	2,72E-04
LCRISP1	223475_at	AF142573	NM_172242 NM_031461	83690	1,99	3,27E-03
FGFR2	211401_s_at	AB030078	NM_000141	2263	1,99	1,83E-04
			NM_022969			

ES 2 689 703 T3

			NM_022970			
			NM_022971			
			NM_022972			
			NM_022973			
			NM_022974			
			NM_022975			
			NM_022976			
			NM_023028			
			NM_023029			
			NM_023030			
			NM_023031			
FLJ30058	238047_at	AA405456	NM_144967	158763	1,99	3,10E-03
BF434771	1568598_at	BF434771	XM_498494	440000	1,98	2,21E-03
TCF7L2	216511_s_at	AJ270770	NM_030756	6934	1,97	7,59E-05
MYO6	203216_s_at	NM_004999	NM_004999	4646	1,96	8,88E-05
ATP2B4	212136_at	AW517686	NM_001001396	493	1,96	7,81E-03
			NM_001684			
RAB32	204214_s_at	NM_006834	NM_006834	10981	1,96	3,53E-03
AI703256	231336_at	AI703256	---	---	1,95	4,67E-04
FLJ40773	1563933_at	AK091691	NM_152666	200150	1,95	1,13E-03
LOC92689	213455_at	W87466	NM_138389	92689	1,95	5,71E-04
TCF7L2	212761_at	AI949687	NM_030756	6934	1,94	5,52E-05
TDRD7	213361_at	AW129593	NM_014290	23424	1,93	4,13E-03
GFPT2	205100_at	NM_005110	NM_005110	9945	1,92	3,68E-04
FGFR2	203638_s_at	NM_022969	NM_000141	2263	1,92	3,46E-03
			NM_022969			
			NM_022970			
			NM_022971			
			NM_022972			
			NM_022973			
			NM_022974			
			NM_022975			
			NM_022976			
			NM_023028			
			NM_023029			
			NM_023030			
			NM_023031			
ALCAM	201951_at	BF242905	NM_001627	214	1,91	6,46E-06
ETV1	217053_x_at	X87175	NM_004956	2115	1,91	7,09E-03
NR3C1	201865_x_at	AI432196	NM_000176	2908	1,90	1,19E-05
PDLIM5	203242_s_at	BG054550	NM_001011513	10611	1,89	7,00E-05
			NM_001011514			

ES 2 689 703 T3

			NM_0010115 1 5			
			NM_0010115 1 6			
ST8SIA2	221285_at	NM_006011	NM_006457 NM_006011	8128	1,89	8,94E-04
TWIST1	213943_at	X99268	NM_000474	7291	1,88	3,85E-04
TLE4	216997_x_a t	AL358975	NM_007005	7091	1,88	7,83E-03
GPR161	214104_at	AI703188	NM_007369	23432	1,88	5,85E-03
EDG2	204037_at	BF055366	NM_153832 NM_001401	1902	1,87	9,88E-08
PDLIM5	216804_s_a t	AK027217	NM_057159 NM_0010115 1 3	10611	1,87	2,39E-05
			NM_0010115 1 4			
			NM_0010115 1 5			
			NM_0010115 1 6			
R39126	230932_at	R39126	NM_006457 ---	---	1,87	2,27E-04
AI377043	230722_at	AI377043	---	---	1,87	1,53E-03
W93046	230068_s_a t	W93046	---	---	1,86	2,03E-03
DMN	212730_at	AK026420	NM_015286	23336	1,86	2,15E-03
ARHGAP24	223422_s_a t	AI743534	NM_145728 NM_031305	83478	1,86	1,60E-03
CCNE2	211814_s_a t	AF112857	NM_004702	9134	1,85	5,31E-03
NRXN1	209914_s_a t	AW149405	NM_057735 NM_057749 NM_004801	9378	1,84	2,88E-03
ETV1	217061_s_a t	AC004857	NM_138735 NM_004956	2115	1,83	4,93E-04
FAM19A5	229459_at	AV723914	NM_015381	25817	1,82	1,07E-06
ITPR1	240052_at	AA648993	NM_002222	3708	1,82	7,08E-04
ZAK	222757_s_a t	AB030034	NM_016653	51776	1,81	3,74E-04
FGFR2	208228_s_a t	M87771	NM_133646 NM_000141	2263	1,81	1,44E-03
			NM_022969 NM_022970 NM_022971 NM_022972 NM_022973			

ES 2 689 703 T3

			NM_022974 NM_022975 NM_022976 NM_023028 NM_023029 NM_023030 NM_023031 NM_133466			
ZNF545	1555793_a_at	AL834267		284406	1,80	4,60E-04
AW024890	229942_at	AW024890	---	---	1,79	6,14E-05
AI733341	240911_at	AI733341	---	---	1,79	7,62E-04
PPAP2B	209355_s_at	AB000889	NM_003713	8613	1,79	4,28E-04
TBX3	222917_s_at	U69556	NM_177414 NM_005996	6926	1,79	9,78E-06
TRIP10	202734_at	NM_004240	NM_016569 NM_004240	9322	1,79	8,00E-03
TCF7L2	212762_s_at	AI375916	NM_030756	6934	1,79	3,86E-07
PELO	214660_at	X68742	NM_015946	53918	1,78	2,39E-03
GPR51	217077_s_at	AF095723	NM_005458	9568	1,78	3,16E-04
FBLN1	202994_s_at	Z95331	NM_001996	2192	1,77	2,59E-03
			NM_006485 NM_006486 NM_006487 NM_018431			
DOK5	1554863_s_at	BC008992		55816	1,77	3,36E-03
NRXN1	209915_s_at	AB035356	NM_177959 NM_004801	9378	1,76	7,05E-03
FLJ25067	243507_s_at	AV715251	NM_138735 NM_152504	149840	1,76	6,53E-07
DNAPTP6	222154_s_at	AK002064	NM_015535	26010	1,76	4,90E-04
MGC21654	1556429_a_at	BC026969	NM_145647	93594	1,76	6,54E-03
CPNE4	228796_at	BE645967	NM_130808	131034	1,75	4,64E-04
POSTN	1555778_a_at	AY140646	NM_006475	10631	1,75	4,56E-05
ATOH8	228890_at	BF434995	NM_032827	84913	1,75	7,05E-04
ALCAM	1569362_at	BC041127	NM_001627	214	1,75	9,54E-03
HTATSF1	202601_s_at	AI373539	NM_014500	27336	1,75	5,33E-05
MYD88	209124_at	U70451	NM_002468	4615	1,74	3,20E-04
PPAP2B	212230_at	AV725664	NM_003713	8613	1,74	1,11E-05
ZNF253	242919_at	AV683221	NM_177414 NM_021047	114977	1,73	1,13E-

ES 2 689 703 T3

LOC114977				56242		03
DCLRE1B	219490_s_a t	NM_022836	NM_022836	64858	1,73	3,54E-03
TBX3	229576_s_a t	N29712	NM_005996	6926	1,72	6,02E-07
KHDRBS3	230249_at	AI650382	NM_016569 NM_006558	10656	1,72	3,44E-04
FLJ39609	1555980_a_ at	CA447406	XM_379692	284598	1,72	9,03E-03
BF110268	238178_at	BF110268	---	---	1,71	1,80E-04
KLF7	238482_at	AL120562	NM_003709	8609	1,71	1,93E-03
ELL2	226099_at	AI924426	NM_012081	22936	1,71	8,96E-04
KHDRBS3	209781_s_a t	AF069681	NM_006558	10656	1,71	3,55E-05
TRIM37	1569114_at	BC011742	NM_0010052 0 7	4591	1,71	3,38E-03
DLL3	222898_s_a t	BE350882	NM_015294 NM_016941	10683	1,70	5,19E-07
SNAI2	213139_at	AI572079	NM_203486 NM_003068	6591	1,70	2,74E-03
FAM19A5	229655_at	N66656	NM_015381	25817	1,70	4,35E-05
ZNF560	1553276_at	NM_152476	NM_152476	147741	1,70	2,56E-04
TBX3	219682_s_a t	NM_016569	NM_005996	6926	1,69	1,06E-06
C20orf23	232083_at	AB046810	NM_016569 NM_024704	55614	1,69	8,35E-06
AF131796	231916_at	AF131796	---	---	1,69	2,15E-03
NSE1	229546_at	AI378035	NM_145175	151354	1,69	2,85E-08
CXorf34	205238_at	NM_024917	NM_024917	79979	1,68	6,46E-03
CRH	205629_s_a t	BC002599	NM_000756	1392	1,68	5,48E-03
NR3C1	216321_s_a t	X03348	NM_000176	2908	1,68	5,45E-07
PTGFRN	224937_at	BF311866	NM_020440	5738	1,67	6,89E-04
ARG99	226322_at	BF109231	NM_031920	83857	1,67	4,14E-03
NXN	243503_at	AI632740	NM_175861 NM_022463	64359	1,67	2,57E-04
STK17A	202695_s_a t	NM_004760	NM_004760	9263	1,66	2,52E-03
C11orf8	205413_at	NM_001584	NM_001584	744	1,66	1,85E-05
PI15	229947_at	AI088609	NM_015886	51050	1,66	1,62E-04
NXT2	209629_s_a	AF201942	NM_018698	55916	1,65	3,43E-

ES 2 689 703 T3

CDC25B	201853_s_a t	NM_021873	NM_004358	994	1,65	04 4,80E-05
TPST2	204079_at	NM_003595	NM_021872 NM_021873 NM_021874 NM_212530 NM_0010085 6 6	8459	1,65	2,97E-04
LOC344595	235606_at	AA417117	NM_003595 XM_298151	344595	1,64	2,58E-05
H22448	242530_at	H22448	---	---	1,64	2,20E-04
BF981643	214720_x_a t	BF981643	NM_144710	151011	1,64	1,45E-04
LOC93349	214791_at	AK023116	NM_178584 NM_138402	93349	1,64	9,50E-05
DOK4	209690_s_a t	BF591163	NM_018110	55715	1,64	7,06E-06
LZTS1	47550_at	N21184	NM_021020	11178	1,63	3,08E-04
TBX3	225544_at	AI806338	NM_005996	6926	1,63	5,24E-06
FSTL1	208782_at	BC000055	NM_016569 NM_007085	11167	1,63	2,00E-03
EMILIN3	228307_at	AL137580	NM_052846	90187	1,63	2,86E-03
ATP2B4	212135_s_a t	AW517686	NM_0010013 9 6 NM_001684	493	1,63	4,64E-03
AL833029	1559444_at	AL833029	---	---	1,63	2,28E-03
PDLIM5	203243_s_a t	NM_006457	NM_0010115 1 3 NM_0010115 1 4 NM_0010115 1 5 NM_0010115 1 6 NM_006457 NM_018317	10611	1,62	2,91E-05
TBC1D19	220260_at	NM_018317	NM_006457 NM_018317	55296	1,62	6,08E-05
FZD5	206136_at	NM_003468	NM_003468	7855	1,62	1,51E-03
PCDH9	219737_s_a t	AI524125	NM_020403	5101	1,62	3,72E-03
PDLIM5	212412_at	AV715767	NM_203487 NM_0010115 1 3 NM_0010115 1 4 NM_0010115 1 5 NM_0010115 1 6 NM_006457	10611	1,61	7,77E-04

ES 2 689 703 T3

ZNF537	223393_s_a t	AL136805	NM_020856	57616	1,61	2,15E-03
AW052186	239942_at	AW052186	---	---	1,61	5,57E-03
GPR51	209991_x_a t	AF069755	NM_005458	9568	1,60	1,65E-06
BF509125	232198_at	BF509125	---	---	1,60	4,75E-03
C14orf31	225464_at	N30138	NM_152330	122786	1,60	3,92E-03
PARVA	217890_s_a t	NM_018222	NM_018222	55742	1,59	6,06E-03
CBLB	227900_at	AV701750	NM-170662	868	1,59	2,60E-03
EB-1	227441_s_a t	AW005572	NM_020140	56899	1,59	2,08E-04
NAGA	1555041_a_ at	M29276	NM_152788 NM_181670 NM_000262	4668	1,59	2,23E-06
KIAA1713	233536_at	AI202664	XM_290811	80816	1,59	9,66E-04
HOMER3	215489_x_a t	AI871287	NM_004838	9454	1,58	2,88E-04
NFIB	233304_at	AU145782	NM_005596	4781	1,58	6,95E-03
SOX5	238009_at	AI446064	NM_006940	6660	1,58	9,49E-06
TCF7L2	216037_x_a t	AA664011	NM_152989 NM_178010 NM_030756	6934	1,57	2,43E-03
LOC152573	229485_x_a t	AI735586	XM_496688	152573	1,57	6,34E-05
DCBLD2	213865_at	AI378788	NM_080927	131566	1,57	1,25E-04
NS5ATP13T P2	1558613_at	BC040647	NM_178507	220323	1,56	8,59E-03
SAMHD1	204502_at	NM_015474	NM_015474	25939	1,56	9,98E-05
N50083	229110_at	N50083	---	---	1,56	4,18E-04
LRRN3	209840_s_a t	AI221950	NM_018334	54674	1,55	9,99E-07
CADPS	233950_at	AK000873	NM_003716	8618	1,55	1,09E-04
ELL2	226982_at	AI745624	NM_183393 NM_183394 NM_012081	22936	1,55	3,35E-03
HRH3	220447_at	NM_007232	NM_007232	11255	1,54	6,15E-04
LRRN3	209841_s_a t	AL442092	NM_018334	54674	1,54	6,25E-07
PLK4	211088_s_a t	Z25433	NM_014264	10733	1,53	1,15E-03
NOS1	239132_at	BE299830	NM_000620	4842	1,53	1,65E-03
PLEKHF2	218640_s_a t	NM_024613	NM_024613	79666	1,53	1,36E-03

ES 2 689 703 T3

MGC72104	243689_s_a t	AI681945	NM_207350	284802	1,52	1,75E-04
NOS1	207309_at	NM_000620	NM_000620	4842	1,52	2,45E-04
C1orf43	1555225_at	BC008306	NM_015449	25912	1,52	2,71E-03
GPR161	206972_s_a t	NM_007369	NM_138740 NM_007369	23432	1,52	4,09E-03
ODZ3	219523_s_a t	NM_018104	NM_153832 XM_371717	55714	1,51	2,29E-04
DOK4	209691_s_a t	BC003541	NM_018110	55715	1,50	1,43E-04
TRIM68	219405_at	NM_018073	NM_018073	55128	1,50	2,70E-05
DPYSL3	201431_s_a t	NM_001387	NM_001387	1809	1,50	7,17E-03
RBL1	1559307_s_a at	BG387892	NM_002895	5933	1,50	2,27E-03
MYO6	210480_s_a t	U90236	NM_183404 NM_004999	4646	1,50	1,85E-05
SYNGR1	210613_s_a t	BC000731	NM_004711	9145	1,50	8,09E-03
CDO1	204154_at	NM_001801	NM_145731 NM_145738 NM_001801	1036	1,50	3,73E-04
NXT2	209628_at	AK023289	NM_018698	55916	1,49	1,70E-03
ACO1	207071_s_a t	NM_002197	NM_002197	48	1,49	5,20E-03
STOM	201060_x_a t	AI537887	NM_004099	2040	1,49	3,02E-04
ZNF503	227195_at	AA603467	NM_198194 NM_032772	84858	1,49	8,67E-07
CBX5	242069_at	BE568225	NM_012117	23468	1,48	3,23E-04
PPAP2B	212226_s_a t	AA628586	NM_003713	8613	1,48	2,29E-03
C20orf102	226973_at	AA206763	NM_177414 NM_080607	128434	1,47	1,33E-04
CDKN2C	211792_s_a t	U17074	NM_001262	1031	1,47	7,95E-03
PDZRN3	212915_at	AL569804	NM_078626 NM_015009	23024	1,47	5,49E-04
CRYGD	207532_at	NM_006891	NM_006891	1421	1,46	3,28E-03
AW207243	238617_at	AW207243	---	---	1,46	3,92E-09
EIF5A2	235296_at	BG500474	NM_020390	56648	1,46	5,19E-09
ANKRD5	220144_s_a t	NM_022096	NM_022096	63926	1,45	8,13E-04
UNQ470	228403_at	AL541276	NM_198798 NM_198573	375704	1,45	3,48E-

ES 2 689 703 T3

KCNJ8	205303_at	BF514158	NM_004982	3764	1,45	5,86E-03
ID1	208937_s_at	D13889	NM_002165	3397	1,45	1,41E-04
SALL4	229661_at	NM_020436	NM_181353 NM_020436	57167	1,44	2,91E-05
DPYSL3	201430_s_at	W72516	NM_001387	1809	1,44	2,58E-03
MSX2	210319_x_at	D89377	NM_002449	4488	1,44	1,48E-03
FNDC5	226096_at	AI760132	NM_153756	252995	1,44	7,61E-04
ZNF239	206261_at	NM_005674	NM_005674	8187	1,44	6,22E-05
COBLL1	203642_s_at	NM_014900	NM_014900	22837	1,44	6,55E-03
KIAA1524	1553810_at	NM_020890	NM_020890	57650	1,44	8,59E-03
AL038824	213676_at	AL038824	XM_496810	441151	1,44	6,78E-04
ARL6	235320_at	AL138043	NM_032146	84100	1,44	4,10E-07
MGC15937	227794_at	BF432254	NM_177976 NM_080661	92292	1,43	3,16E-03
BE671123	235798_at	BE671123	---	---	1,43	4,96E-06
ARL6	223735_at	AL136815	NM_032146	84100	1,43	7,57E-05
LOC221810	221911_at	BE881590	NM_177976 ---	221810	1,43	2,72E-03
SEZ6L	207873_x_at	NM_021115	NM_021115	23544	1,42	2,45E-05
DOK4	207747_s_at	NM_018110	NM_018110	55715	1,42	3,44E-05
SLC1A1	206396_at	NM_004170	NM_004170	6505	1,42	4,65E-03
NSE1	225667_s_at	AI601101	NM_145175	151354	1,42	1,15E-03
ARHGAP24	230803_s_at	AI761947	NM_031305	83478	1,42	3,92E-03
C6orf152	242006_at	AI379143	NMJ81714	167691	1,42	6,09E-03
LOC132671	229331_at	AI559300	NM_145263	132671	1,41	1,82E-03
TH	208291_s_at	NM_000360	NM_000360	7054	1,40	7,49E-04
RBL1	1555004_at	BC032247	NM_199292 NM_199293 NM_002895	5933	1,40	5,16E-03
SFRP1	202037_s_at	NM_003012	NM_183404 NM_003012	6422	1,40	5,74E-05
CTNNA1	1558214_s_at	BG330076	NM_001903	1495	1,40	5,25E-07
CPT1A	210688_s_at	BC000185	NM_001876	1374	1,40	1,43E-

ES 2 689 703 T3

AI917901	t 243140_at	AI917901	---	---	1,40	03 1,50E-
HES1	203394_s_a	BE973687	NM_005524	3280	1,40	04 4,39E-
GALNT7	t 222587_s_a	BF699855	NM_017423	51809	1,40	06 1,79E-
MGC33846	t 231430_at	AW205640	NM_175885	220382	1,39	03 1,42E-
SEZ6L	211894_x_a	AB041736	NM_021115	23544	1,39	03 9,95E-
CHML	t 206079_at	NM_001821	NM_001821	1122	1,39	07 8,74E-
EGLN3	222847_s_a	AI378406	NM_022073	112399	1,39	03 3,90E-
MDM1	t 213761_at	AW664850	NM_017440	56890	1,38	03 1,18E-
SFRP1	202035_s_a	AI332407	NM_020128 NM_003012	6422	1,38	04 3,39E-
CBLN1	t 205747_at	NM_004352	NM_004352	869	1,38	03 1,13E-
PDLIM5	211681_s_a	AF116705	NM_0010115	10611	1,38	03 1,41E-
	t		1 3 NM_0010115			04
			1 4 NM_0010115			
			1 5 NM_0010115			
			1 6 NM_006457			
NQO1	210519_s_a	BC000906	NM_000903	1728	1,38	03 4,39E-
ST8SIA1	t 210073_at	L32867	NM_003034	6489	1,38	04 9,29E-
AL359594	1566867_at	AL359594	---	---	1,38	03 4,68E-
DLEU2	216870_x_a	AF264787	NM_006021	8847	1,38	04 2,48E-
BF966021	t 212698_s_a	BF966021	NM_144710	151011	1,37	04 4,75E-
	t		NM_178584			
C14orf125	226510_at	BF435286	XM_113763	25938	1,37	03 5,78E-
			XM_370759			
TRIM37	1554001_at	BC036012	NM_0010052	4591	1,37	05 1,10E-
			0 7 NM_015294			
TLE3	228340_at	BE967118	NM_005078	7090	1,36	03 2,10E-
SFRP1	202036_s_a	AF017987	NM_003012	6422	1,36	03 1,13E-
C5orf13	t 222344_at	AW972765	NM_004772	9315	1,36	03 3,74E-
SLC8A3	1562403_a_	AK096553	NM_033262	6547	1,36	04 1,60E-
	at		NM_058240 NM_182932 NM_182933 NM_182936			

ES 2 689 703 T3

FGFR2	208234_x_a t	NM_022976	NM_183002 NM_000141	2263	1,36	2,95E-03
			NM_022969 NM_022970 NM_022971 NM_022972 NM_022973 NM_022974 NM_022975 NM_022976 NM_023028 NM_023029 NM_023030 NM_023031			
DLL3	219537_x_a t	NM_016941	NM_016941	10683	1,35	4,38E-05
CUGBP2	202156_s_a t	N36839	NM_203486 NM_006561	10659	1,35	2,49E-03
APBB2	213419_at	U62325	NM_173075	323	1,35	5,44E-04
DOCK10	219279_at	NM_017718	NM_014689	55619	1,34	5,78E-05
MAPK12	206106_at	AL022328	NM_002969	6300	1,34	2,33E-06
TLE3	212770_at	AW873621	NM_005078	7090	1,34	8,20E-04
BE670307	227955_s_a t	BE670307	---	---	1,34	1,89E-05
HGF	210998_s_a t	M77227	NM_000601	3082	1,34	9,86E-03
			NM_0010109 3 1 NM_0010109 3 2 NM_001 01093 3 NM_001 01093 4			
FLJ11259	218627_at	NM_018370	NM_018370	55332	1,33	4,22E-03
AI826125	229866_at	AI826125	---	---	1,33	4,02E-04
SEZ6L	240709_at	AW204757	NM_021115	23544	1,33	5,75E-03
RAB27B	228708_at	BF438386	NM_004163	5874	1,33	9,45E-03
MAP3K1	225927_at	AA541479	XM_042066	4214	1,33	1,90E-03
AL040051	225481_at	AL040051	---	---	1,33	5,84E-04
BE967311	226225_at	BE967311	---	---	1,32	2,96E-05
TLE4	204872_at	NM_007005	NM_007005	7091	1,32	4,50E-03
SNCAIP	219511_s_a t	NM_005460	NM_005460	9627	1,32	3,58E-04
KIAA0376	212480_at	AB002374	NM_015330	23384	1,32	2,79E-05

ES 2 689 703 T3

LZTS1	219042_at	NM_021020	NM_021020	11178	1,32	3,07E-04
KIAA0318	238817_at	BF063412	NM_015347	23504	1,32	5,00E-04
RNF34	219035_s_at	NM_025126	NM_025126	80196	1,32	1,40E-03
STXBP4	244404_at	AI376134	NM_194271 NM_178509	252983	1,31	3,35E-05
AU144956	232501_at	AU144956	---	---	1,31	6,46E-06
FLJ11127	219694_at	NM_019018	NM_019018	54491	1,31	1,32E-03
MITF	226066_at	AL117653	NM_000248	4286	1,31	1,07E-03
ETS1	224833_at	BE218980	NM_006722 NM_198158 NM_198159 NM_198177 NM_198178 NM_005238	2113	1,31	2,75E-03
NANOS1	228523_at	AW970089	NM_0010095 53	340719	1,31	1,30E-03
FAM19A5	237094_at	AI953086	NM_199461 NM_015381	25817	1,31	2,32E-07
LBH	221011_s_at	NM_030915	NM_030915	81606	1,31	1,22E-04
PEX26	219180_s_at	AI817074	NM_017929	55670	1,30	3,74E-03
GALNT7	218313_s_at	NM_017423	NM_017423	51809	1,30	1,80E-04
C2orf23	204365_s_at	NM_022912	NM_022912	65055	1,30	5,58E-03
AL049709	216548_x_at	AL049709	---	---	1,30	5,30E-04
MGC34032	1552782_at	AK091400	NM_152697	204962	1,30	1,97E-03
DLL1	224215_s_at	AF196571	NM_005618	28514	1,30	1,62E-04
TMEM20	236219_at	AI452512	NM_153226	159371	1,30	3,29E-03
AW305300	238962_at	AW305300	---	---	1,30	4,31E-04
C20orf23	219570_at	NM_024704	NM_024704	55614	1,29	1,18E-03
DRIM	209725_at	AF072718	NM_014503	27340	1,29	1,99E-03
CBLB	209682_at	U26710	NM_170662	868	1,29	3,69E-03
STRA6	1569335_at	BC015881	NM_022369	64220	1,29	9,19E-04
CRTAC1	221204_s_at	NM_018058	NM_018058	55118	1,28	5,56E-04
AF070602	216214_at	AF070602	---	---	1,28	5,02E-03
NAGA	202943_s_at	M38083	NM_000262	4668	1,28	1,26E-03
AK025909	233814_at	AK025909	---	---	1,27	1,16E-

ES 2 689 703 T3

AI141426	229898_at	AI141426	---	---	1,27	04 6,87E-05
SLC8A1	241752_at	AA094434	NM_021097	6546	1,27	6,10E-04
INSIG1	201625_s_at	BE300521	NM_005542	3638	1,26	8,33E-03
			NM_198336 NM_198337 NM_003870			
IQGAP1	210840_s_at	D29640		8826	1,26	2,60E-04
GAP43	204471_at	NM_002045	NM_002045	2596	1,26	5,02E-04
PDLIM5	213684_s_at	BF671400	NM_0010115	10611	1,26	9,47E-04
			1 3 NM_0010115 1 4 NM_0010115 1 5 NM_0010115 1 6 NM_006457 NM_002045			
GAP43	216963_s_at	AF279774		2596	1,26	5,66E-03
KLHL5	226001_at	AK002174	NM_0010070	51088	1,26	3,67E-04
			7 5 NM_199039 NM_005613			
RGS4	204339_s_at	BC000737		5999	1,25	4,16E-04
AF279774	216967_at	AF279774	---	---	1,25	9,39E-03
PTER	218967_s_at	NM_030664	NM_0010014	9317	1,25	1,22E-03
			8 4 NM_030664 NM_005078			
TLE3	212769_at	AI567426		7090	1,25	3,78E-03
TLE3	206472_s_at	NM_005078	NM_005078	7090	1,25	4,37E-03
RGS4	204338_s_at	NM_005613	NM_005613	5999	1,25	3,77E-04
CPT1A	203634_s_at	NM_001876	NM_001876	1374	1,25	1,93E-03
ASAH1	227135_at	AI436803	NM_014435	27163	1,25	9,20E-06
LOC344595	239466_at	AA463827	XM_298151	344595	1,25	4,65E-05
TH1L	225006_x_at	AJ238379	NM_016397	51497	1,24	9,26E-03
			NM_198976 NM_021115			
SEZ6L	216047_x_at	AL050253		23544	1,24	1,75E-05
NSE1	234331_s_at	AK025063	NM_145175	151354	1,24	1,19E-04
LRRIQ2	219886_at	NM_024548	NM_024548	79598	1,24	1,44E-03
GALNT10	207357_s_at	NM_017540	NM_017540	55568	1,24	2,18E-03
			NM_198321			
BF815640	238517_at	BF815640	---	---	1,23	4,48E-03

ES 2 689 703 T3

SLC30A9	229500_at	AI609256	NM_006345	10463	1,23	2,32E-03
LOC63929	227910_at	AI635379	NM_022098	63929	1,23	1,48E-04
CSE1L	210765_at	AF053640	NM_001316	1434	1,23	7,45E-03
BCL2L11	1558143_at	AK027160	NM_177436 NM_006538	10018	1,23	6,27E-03
			NM_138621 NM_138622 NM_138623 NM_138624 NM_138625 NM_138626 NM_138627 NM_207002 NM_207003			
TM4SF14	221002_s_at	NM_030927	NM_030927	81619	1,22	4,04E-03
SLIT3	203813_s_at	NM_003062	NM_003062	6586	1,22	1,58E-06
RAPGEF5	204681_s_at	NM_012294	XM_499059	9771	1,22	6,58E-04
ZNF184	213452_at	AI811577	NM_007149	7738	1,22	9,16E-03
PCYT2	209577_at	BC000351	NM_002861	5833	1,22	2,05E-03
WDR51A	234749_s_at	AL117629	NM_015426	25886	1,22	2,87E-03
MAN2A1	226538_at	AV700323	NM_002372	4124	1,21	3,05E-03
TLE4	233575_s_at	AA705845	NM_007005	7091	1,21	2,34E-04
AW665447	230113_at	AW665447	---	---	1,21	3,86E-03
SAP30	204899_s_at	BF247098	NM_003864	8819	1,21	2,33E-03
LOC221810	221910_at	BF131965	---	221810	1,21	8,18E-03
HOMER3	204647_at	NM_004838	NM_004838	9454	1,20	4,61E-03
SLC1A1	213664_at	AW235061	NM_004170	6505	1,20	5,98E-03
C20orf108	224690_at	BG432350	NM_080821	116151	1,20	8,73E-03
ZNF238	207164_s_at	NM_006352	NM_006352	10472	1,20	7,96E-03
			NM_205768			
PIR	207469_s_at	NM_003662	NM_003662	8544	1,20	1,53E-05
FLRT3	219250_s_at	NM_013281	NM_013281	23767	1,19	7,10E-04
			NM_198391			
SLIT3	203812_at	AB011538	NM_003062	6586	1,19	1,40E-03
TGIF	203313_s_at	NM_003244	NM_003244	7050	1,19	5,40E-05
			NM_170695 NM_173207			

ES 2 689 703 T3

			NM_173208 NM_173209 NM_173210 NM_173211 NM_174886 NM_001262			
CDKN2C	204159_at	NM_001262		1031	1,19	8,59E-05
MTUS1	212095_s_at	BE552421	NM_078626 NM_0010019 2 4 NM_0010019 2 5 NM_0010019 2 7 NM_0010019 3 1 NM_020749 NM_016240	57509	1,19	2,48E-04
SCARA3	223842_s_at	AB007830		51435	1,19	3,33E-04
HTATSF1	202602_s_at	NM_014500	NM_182826 NM_014500	27336	1,19	2,42E-05
TRAM2	202369_s_at	NM_012288	NM_012288	9697	1,18	7,27E-03
PTGFRN	224950_at	BF476250	NM_020440	5738	1,18	2,73E-03
DRD2	216938_x_at	S69899	NM_000795	1813	1,18	2,02E-03
TOP3B	215781_s_at	D87012	NM_016574 NM_003935	8940	1,18	2,21E-03
ACY1L2	225421_at	AI654133	NM_0010108 52	135293	1,18	7,34E-04
BC025350	1569418_at	BC025350	---	---	1,18	1,04E-06
KIAA1706	225630_at	AB051493	NM_030636	80820	1,18	1,55E-04
AW874669	239834_at	AW874669	---	---	1,18	7,57E-04
CPT1A	203633_at	BF001714	NM_001876	1374	1,17	1,23E-03
C2orf23	204364_s_at	BE535746	NM_022912	65055	1,17	2,59E-04
SMO	218629_at	NM_005631	NM_005631	6608	1,17	3,37E-05
RPH3A	205230_at	NM_014954	NM_014954	22895	1,17	6,35E-03
VIL2	208621_s_at	BF663141	NM_003379	7430	1,17	8,04E-04
SEC15L2	225900_at	AW294630	XM_039570	23233	1,17	7,12E-03
MCC	206132_at	NM_002387	NM_002387	4163	1,17	5,91E-04
C20orf108	224693_at	AI133137	NM_080821	116151	1,16	2,04E-05
RFC5	203209_at	BC001866	NM_007370	5985	1,16	9,74E-03
MAPK11	211499_s_at	U92268	NM_181578 NM_002751	5600	1,16	3,08E-04

ES 2 689 703 T3

EB-1	227439_at	AI806510	NM_138993 NM_020140	56899	1,16	9,25E-08
FBXL7	213249_at	AU145127	NM_152788 NM_181670 NM_012304	23194	1,16	5,25E-07
TTC9	213172_at	AW235608	XM_027236	23508	1,16	7,95E-04
SLC40A1	223044_at	AL136944	NM_014585	30061	1,16	6,08E-04
AI452715	229817_at	AI452715	---	---	1,16	3,41E-03
MAN2A1	235103_at	AA029155	NM_002372	4124	1,16	5,37E-04
VIL2	217234_s_a t	AF199015	NM_003379	7430	1,16	3,24E-03
SEZ6L	213609_s_a t	AB023144	NM_021115	23544	1,15	2,65E-06
TLX2	207410_s_a t	NM_016170	NM_001534	3196	1,15	3,55E-05
CGI-96	202937_x_a t	AL022316	NM_016170 NM_015703	27341	1,15	2,55E-03
KCNJ8	205304_s_a t	NM_004982	NM_004982	3764	1,14	5,54E-03
ZNF537	223392_s_a t	BF510588	NM_020856	57616	1,14	9,47E-06
DHX35	234728_s_a t	AL023803	NM_021931	60625	1,14	6,62E-06
STRA6	1569334_at	BC015881	NM_022369	64220	1,14	5,40E-03
EA2F	219551_at	NM_018456	NM_018456	55840	1,14	9,77E-04
ITPR1	203710_at	NM_002222	NM_002222	3708	1,14	1,07E-03
LIFR	225575_at	AI680541	NM_002310	3977	1,13	4,19E-06
GJA7	208460_at	NM_005497	NM_005497	10052	1,13	4,63E-03
MBD2	214397_at	AI827820	NM_003927	8932	1,13	1,61E-03
ANKRD13	224810_s_a t	AL569476	NM_015832 NM_033121	88455	1,13	2,65E-04
HDAC8	223908_at	AF212246	NM_018486	55869	1,13	1,96E-04
STN2	227461_at	AA632295	NM_033104	85439	1,12	4,18E-03
BE464799	214036_at	BE464799	---	---	1,12	1,37E-04
SOX2	228038_at	AI669815	NM_003106	6657	1,12	1,75E-04
GTF2E1	205930_at	NM_005513	NM_005513	2960	1,12	1,67E-03
H10661	242317_at	H10661	---	---	1,12	3,16E-04
HSZFP36	229732_at	AI417785	XM_375568	55552	1,12	2,16E-03
RBBP9	221440_s_a	NM_006606	NM_006606	10741	1,12	9,04E-

ES 2 689 703 T3

	t					04
DNAJB6	209015_s_a t	BC002446	NM_153328 NM_005494	10049	1,12	2,51E-03
KNTC1	206316_s_a t	NM_014708	NM_058246 NM_014708	9735	1,12	7,31E-03
FUT11	238551_at	BF541967	NM_173540	170384	1,12	1,14E-03
MAP2K6	205698_s_a t	NM_002758	NM_002758	5608	1,11	8,00E-03
NRM	225592_at	D81048	NM_031988 NM_007243	11270	1,11	8,62E-03
STMN3	222557_at	AL353715	NM_015894	50861	1,11	1,13E-03
INSIG1	201626_at	BG292233	NM_005542	3638	1,11	1,47E-03
SH3MD2	225589_at	AB040927	NM_198336 NM_198337 NM_020870	57630	1,11	3,78E-04
BCL2L11	225606_at	AI949179	NM_006538	10018	1,11	4,77E-07
			NM_138621 NM_138622 NM_138623 NM_138624 NM_138625 NM_138626 NM_138627 NM_207002 NM_207003			
TYRO3	211432_s_a t	U05682	NM_006293	7301	1,11	7,76E-03
APAF1	204859_s_a t	NM_013229	NM_001160	317	1,11	8,54E-03
			NM_013229 NM_181861 NM_181868 NM_181869			
LRRC1	218816_at	NM_018214	NM_018214	55227	1,11	4,89E-03
DNM3	209839_at	AL136712	NM_025168 NM_015569	26052	1,11	5,67E-06
MAN2A1	205105_at	NM_002372	NM_002372	4124	1,11	6,81E-03
FLJ23322	220707_s_a t	NM_024955	NM_024955	80020	1,10	2,15E-03
NDRG2	214279_s_a t	W74452	NM_016250	57447	1,10	5,44E-03
			NM_201535 NM_201536 NM_201537 NM_201538 NM_201539 NM_201540 NM_201541			
SCAM-1	207788_s_a	NM_005775	NM_005775	10174	1,10	9,08E-

ES 2 689 703 T3

LMO1	206718_at	NM_002315	NM_002315	4004	1,10	5,27E-04
ITPR1	216944_s_at	U23850	NM_002222	3708	1,10	8,15E-03
PCNXL2	39650_s_at	AB007895	NM_014801	80003	1,10	9,56E-05
RBBP9	232751_at	AL121893	NM_024938 NM_006606	10741	1,10	8,94E-04
AP3B1	203142_s_at	NM_003664	NM_153328 NM_003664	8546	1,09	2,19E-03
SNAP29	222597_at	AI346639	NM_004782	9342	1,09	1,46E-04
C20orf161	1553960_at	CA447177	NM_033421	90203	1,09	2,01E-03
LOC283464	232021_at	AI864273	NM_152897 XM_290597	283464	1,09	1,32E-03
AI589594	238694_at	AI589594	---	---	1,09	2,79E-05
SOX2	213721_at	L07335	NM_003106	6657	1,08	7,40E-04
ST3GAL6	210942_s_at	AB022918	NM_006100	10402	1,08	2,47E-04
BG231758	227615_at	BG231758	---	---	1,08	5,95E-08
FLJ33814	225644_at	BF060776	NM_173510	150275	1,08	2,63E-06
TYMS	1554696_s_at	AB077208	NM_001071	7298	1,08	7,83E-03
BOK	223349_s_at	BE614255	NM_032515	666	1,08	3,19E-06
C1QL1	205575_at	NM_006688	NM_006688	10882	1,08	1,06E-04
GMPS	236648_at	AI684467	NM_003875	8833	1,08	6,96E-04
AI733583	243235_at	AI733583	---	---	1,08	6,94E-03
BE066500	239729_at	BE066500	---	---	1,08	8,69E-04
ASAH1	232072_at	AK025371	NM_014435	27163	1,08	3,73E-04
SNX5	229981_at	AA131508	NM_014426	27131	1,08	1,66E-05
CYBA	203028_s_at	NM_000101	NM_152227 NM_000101	1535	1,07	5,76E-04
PTER	222798_at	BF112019	NM_0010014 8 4	9317	1,07	2,48E-03
LOC440820	226602_s_at	T30183	NM_030664 XM_496519	440820	1,07	2,20E-05
AA214369	238545_at	AA214369	---	---	1,07	3,48E-03
ELAVL4	241424_at	BF111117	NM_021952	1996	1,07	4,96E-03
C6orf189	228875_at	AI540210	---	221303	1,07	1,85E-04

ES 2 689 703 T3

PARG1	203910_at	NM_004815	NM_004815	9411	1,07	1,74E-04
OLFML3	218162_at	NM_020190	NM_020190	56944	1,07	4,22E-03
PI4K2B	222631_at	AI862887	NM_018323	55300	1,07	2,03E-03
PHYHIPL	226623_at	AI829726	NM_032439	84457	1,07	5,85E-05
AA156933	236141_at	AA156933	---	---	1,07	9,86E-04
AI346432	229132_at	AI346432	---	---	1,07	3,94E-04
AI919519	235092_at	AI919519	---	---	1,07	8,75E-03
ELK3	221773_at	AW575374	NM_005230	2004	1,07	2,45E-03
LPPR4	213496_at	AW592563	NM_014839	9890	1,07	1,23E-05
EZH2	203358_s_at	NM_004456	NM_004456	2146	1,06	5,13E-03
NS5ATP13T P2	225510_at	BG033561	NM_152998 NM_178507	220323	1,06	1,40E-04
KIAA1102	212325_at	AK027231	NM_014988	22998	1,06	1,82E-09
ZNF505	208119_s_at	NM_031218	NM_0010041 2 6	81931	1,06	5,75E-03
C20orf40	231200_at	BG222606	NM_031218 NM_144703	149986	1,06	1,73E-03
SLC8A1	238546_at	BF344961	NM_021097	6546	1,06	6,63E-03
PREX1	224909_s_at	BF308645	NM_020820	57580	1,06	7,16E-03
MAK3	222393_s_at	AU149868	NM_025146	80218	1,06	1,11E-05
TMPO	209753_s_at	BG391171	NM_003276	7112	1,06	3,02E-03
ADORA2A	205013_s_at	NM_000675	NM_000675	135	1,06	9,97E-03
MGC3040	223523_at	BC000568	NM_023943	66000	1,06	7,88E-07
AI700633	212812_at	AI700633	---	---	1,06	8,55E-03
TWSG1	219201_s_at	NM_020648	NM_020648	57045	1,06	9,70E-04
PPP3CB	209817_at	M29550	NM_021132	5532	1,06	2,71E-06
MAP3K13	206249_at	NM_004721	NM_004721	9175	1,06	3,52E-03
SKP2	210567_s_at	BC001441	NM_005983	6502	1,06	8,10E-04
SYN2	210315_at	AF077737	NM_032637 NM_003178	6854	1,05	9,08E-03
CGI-96	33307_at	AL022316	NM_133625 NM_015703	27341	1,05	7,16E-04
GNG12	1555240_s_at	AF493879	NM_018841	55970	1,05	6,35E-04

ES 2 689 703 T3

CUTL2	213920_at	AB006631	NM_015267	23316	1,04	1,63E-03
FLRT3	222853_at	N71923	NM_013281	23767	1,04	9,61E-07
FLJ13842	219877_at	NM_024645	NM_198391 NM_024645	79698	1,04	6,38E-03
ADRBK2	228771_at	AI651212	NM_005160	157	1,04	7,18E-05
SEC61A2	228747_at	AI694646	NM_018144	55176	1,04	4,56E-03
ST3GAL6	213355_at	AI989567	NM_006100	10402	1,04	1,38E-04
BF434228	235850_at	BF434228	---	---	1,04	4,97E-03
PCGF5	227935_s_at	AA522681	NM_032373	84333	1,04	8,11E-04
MYST1	214885_at	AL050395	NM_032188	84148	1,04	5,82E-03
PEX13	1558163_at	BC040953	NM_002618	5194	1,03	3,87E-03
INSIG1	201627_s_at	NM_005542	NM_005542	3638	1,03	2,57E-06
NELL2	203413_at	NM_006159	NM_198336 NM_198337 NM_006159	4753	1,03	1,75E-03
RND3	212724_at	BG054844	NM_005168	390	1,03	1,50E-03
TFDP2	203588_s_at	BG034328	NM_006286	7029	1,03	9,43E-03
CTNNBL1	221021_s_at	NM_030877	NM_030877	56259	1,03	3,20E-03
CHML	1565951_s_at	AJ293392	NM_001821	1122	1,03	8,52E-03
ITPR1	211323_s_at	L38019	NM_002222	3708	1,02	3,21E-05
DKFZP564O123	202536_at	AK002165	NM_014043	25978	1,02	9,94E-05
CKLF	219161_s_at	NM_016951	NM_016326	51192	1,02	8,63E-03
IQGAP1	213446_s_at	AI679073	NM_016951 NM_181640 NM_181641 NM_003870	8826	1,02	1,01E-03
C11orf8	215692_s_at	BE645386	NM_001584	744	1,02	1,49E-03
AL559474	235918_x_at	AL559474	---	---	1,02	2,13E-03
ADRBK2	204184_s_at	NM_005160	NM_005160	157	1,02	3,30E-04
LOC152185	234995_at	AA668779	NM_144718	152185	1,02	9,02E-04
XRCC4	205071_x_at	AB017445	NM_003401	7518	1,02	3,71E-03
GPR125	210473_s_at	M37712	NM_022406 NM_022550 NM_145290	166647	1,01	1,54E-08

ES 2 689 703 T3

SLCO3A1	219229_at	NM_013272	NM_013272	28232	1,01	7,19E-04
POLE	216026_s_at	AL080203	NM_006231	5426	1,01	8,50E-03
TMOD3	223078_s_at	AF177171	NM_014547	29766	1,01	2,98E-05
SKP2	203626_s_at	NM_005983	NM_005983	6502	1,01	9,59E-08
RBPMS		207836_s_at NM_006867	NM_032637 NM_0010087 1 0 NM_0010087 1 1 NM_0010087 1 2 NM_006867	11030	1,00	5,05E-03
PHTF2	217097_s_at	AC004990	NM_020432	57157	1,00	4,53E-03
TM4SF14	223314_at	BF025955	NM_030927	81619	1,00	2,72E-03
SDC2	212157_at	BE048514	NM_002998	6383	1,00	6,35E-03
TP53I3	210609_s_at	BC0004 74	NM_004881	9540	1,00	8,78E-04
AL049385	232297_at	AL049385	NM_147184	---	1,00	1,36E-05
MTUS1		212096_s_at AL096842	NM_0010019 2 4 NM_0010019 2 5 NM_0010019 2 7 NM_0010019 3 1 NM_020749	57509	1,00	1,43E-04
KLF7	1555420_a_at	BC012919	NM_003709	8609	1,00	1,21E-04
ZNF555	1556187_at	AF052118	NM_152791	148254	0,99	7,62E-03
GPAM	225424_at	AB046780	NM_020918	57678	0,99	5,06E-03
FLJ13273	1554518_at	BC032942	NM_024751	79807	0,99	2,86E-04
SAP30	204900_x_at	NM_003864	NM_003864	8819	0,99	3,10E-03
FBXL10	229855_at	AA779208	NM_0010053 6 6 NM_032590	84678	0,99	1,80E-03
NEUROD4	221318_at	NM_021191	NM_021191	58158	0,99	2,89E-03
FLJ12649	219626_at	NM_024597	XM_291344	79649	0,99	9,37E-05
TMPO	209754_s_at	AF113682	NM_003276	7112	0,99	6,52E-03
RASL11B	219142_at	NM_023940	NM_023940	65997	0,99	4,29E-03
ASAH1	214765_s_at	AK024677	NM_014435	27163	0,98	1,03E-05
ZNF238	212774_at	AJ223321	NM_006352	10472	0,98	6,70E-05

ES 2 689 703 T3

						05
ITPR2	202662_s_a t	NM_002223	NM_205768 NM_002223	3709	0,98	8,48E-03
SEZ6L	231650_s_a t	BE672217	NM_021115	23544	0,98	1,12E-04
C10orf47	229801_at	AI640157	NM_153256	254427	0,98	7,31E-03
SNAG1	226683_at	AU146771	NM_052870	112574	0,98	1,70E-04
FGF11	227271_at	AU151265	NM_004112	2256	0,98	9,49E-03
DDT	202929_s_a t	NM_001355	NM_001355	1652	0,98	3,16E-04
KLHL5		233866_at AK001836	NM_0010070 7 5	51088	0,97	7,05E-03
PVRL3	241970_at	C14898	NM_199039 NM_015480	25945	0,97	5,02E-03
SEMA5A	205405_at	NM_003966	NM_003966	9037	0,97	2,27E-03
RFC1	209085_x_a t	L14922	NM_002913	5981	0,97	6,24E-03
TRIM36	219736_at	NM_018700	NM_018700	55521	0,97	4,06E-03
FLJ23322	231846_at	AK026975	NM_024955	80020	0,97	3,27E-03
IMP-1	223689_at	AF198254	NM_006546	10642	0,97	1,78E-04
MDFI	205375_at	NM_005586	NM_005586	4188	0,97	7,23E-03
BE878277	212829_at	BE878277	---	---	0,97	1,51E-04
FLJ14451	227430_at	AI969773	NM_032786	84872	0,97	8,15E-03
NARG1	226998_at	AL556909	NM_057175	80155	0,96	1,89E-06
TMEM38B	222736_s_a t	BC000049	NM_018112	55151	0,96	3,02E-05
LAMP2	203041_s_a t	J04183	NM_002294	3920	0,96	1,13E-04
FANCL	218397_at	NM_018062	NM_013995 NM_018062	55120	0,96	3,05E-03
APOBEC3G	204205_at	NM_021822	NM_021822	60489	0,96	7,76E-03
NM_024853	220533_at	NM_024853	---	---	0,96	3,50E-03
UNG	202330_s_a t	NM_003362	NM_003362	7374	0,96	2,31E-03
ACTL6A	202666_s_a t	NM_004301	NM_080911 NM_004301	86	0,96	1,28E-03
N71074	238078_at	N71074	NM_177989 NM_178042 ---	---	0,96	7,93E-04
FLJ40432	228810_at	AW135279	NM_152523	151195	0,96	4,18E-06
KIAA1102	212327_at	AK026815	NM_014988	22998	0,96	1,66E-

ES 2 689 703 T3

C12orf2	225946_at	BG484552	NM_007211	11228	0,96	05 4,33E-06
FLJ11539	219791_s_a t	NM_024748	XM_496724	79804	0,96	4,56E-04
MNS1	219703_at	NM_018365	NM_018365	55329	0,96	6,11E-04
SLC8A1	235518_at	AI741439	NM_021097	6546	0,95	4,16E-03
PSMD9	209334_s_a t	BC002383	NM_002813	5715	0,95	5,08E-06
ACY1L2	225431_x_a t	BE779764	NM_0010108 52	135293	0,95	7,73E-04
SOD2	215223_s_a t	W46388	NM_000636	6648	0,95	3,07E-03
PPP1R3D	204554_at	AL109928	NM_006242	5509	0,95	2,56E-03
BF056892	229024_at	BF056892	---	---	0,95	1,67E-04
CHD6	225031_at	AL031667	NM_032221	84181	0,95	4,37E-05
MGC7036	227983_at	AI810244	NM_145058	196383	0,95	2,13E-04
CCBE1	243805_at	BG035826	NM_133459	147372	0,95	1,68E-03
AL110237	232959_at	AL110237	---	---	0,95	9,01E-04
LOC134111	226612_at	H17038	XM_059689	134111	0,94	3,88E-03
ELAVL4	234904_x_a t	S73887	NM_021952	1996	0,94	1,21E-04
PANK2	238856_s_a t	BG108346	NM_024960	80025	0,94	3,01E-05
			NM_153637 NM_153638 NM_153639 NM_153640 NM_153641			
CBX5	230752_at	AI638063	NM_012117	23468	0,94	6,48E-04
NDUFA6	202000_at	BC002772	NM_002490	4700	0,94	5,54E-04
HSPC117	200042_at	NM_014306	NM_014306	51493	0,94	6,59E-07
TLE4	235765_at	AI742932	NM_007005	7091	0,94	9,75E-04
SDC4	202071_at	NM_002999	NM_002999	6385	0,94	8,24E-05
CD47	211075_s_a t	Z25521	NM_001777	961	0,94	1,46E-03
EGFR	224999_at	BE878463	NM_198793 NM_005228	1956	0,93	4,74E-03
			NM_201282 NM_201283 NM_201284			
TLX2	211049_at	BC006356	NM_001534	3196	0,93	6,56E-04
VIL2	208622_s_a	AA670344	NM_016170 NM_003379	7430	0,93	3,33E-

ES 2 689 703 T3

JPH1	1553533_at	NM_020647	NM_020647	56704	0,93	2,57E-03
TEAD3	209454_s_a	AF142482	NM_003214	7005	0,93	5,72E-03
FKBP5	204560_at	NM_004117	NM_004117	2289	0,93	2,37E-03
SEC61A2	219499_at	NM_018144	NM_018144	55176	0,93	9,99E-03
PGM2	225366_at	AI652855	NM_018290	55276	0,93	6,09E-04
P4HA1	207543_s_a	NM_000917	NM_000917	5033	0,93	2,61E-04
SEC23A	204344_s_a	NM_006364	NM_006364	10484	0,93	3,24E-03
KIAA1102	212328_at	AB029025	NM_014988	22998	0,93	1,29E-05
RANBP1	202483_s_a	NM_002882	NM_002882	5902	0,93	7,82E-03
STARD4	226390_at	AA628398	NM_139164	134429	0,93	1,59E-04
B4GALT6	206232_s_a	NM_004775	NM_004775	9331	0,93	2,63E-03
AHI1	220842_at	NM_017651	NM_017651	54806	0,92	6,04E-03
MCM4	212142_at	AI936566	NM_005914	4173	0,92	7,62E-04
CHD6	225026_at	BF572029	NM_182746 NM_032221	84181	0,92	3,17E-03
HMGB2	208808_s_a	BC000903	NM_002129	3148	0,92	7,83E-03
DNMT3B	220668_s_a	NM_006892	NM_006892	1789	0,92	2,56E-03
AI095542	235759_at	AI095542	NM_175848 NM_175849 NM_175850 ---	---	0,92	4,36E-03
SLC25A1	210010_s_a	U25147	NM_005984	6576	0,92	2,10E-03
ELAVL4	238073_at	R55745	NM_021952	1996	0,92	1,01E-03
BG149337	229814_at	BG149337	---	---	0,92	2,56E-03
R43103	243642_x_a	R43103	---	---	0,92	3,67E-03
NEDD1	1552417_a	NM_152905	NM_152905	121441	0,91	2,33E-03
MTUS1	212093_s_a	AI695017	NM_0010019 2 4 NM_0010019 2 5 NM_0010019 2 7 NM_0010019 3 1 NM_020749 NM_032834	57509	0,91	4,60E-04
ALG10	1552306_at	BC033730	NM_020749 NM_032834	84920	0,91	7,39E-04

ES 2 689 703 T3

ELAVL4	206051_at	NM_021952	NM_021952	1996	0,91	1,99E-03
MLF1	204783_at	AI911434	NM_022443	4291	0,91	1,31E-04
SLC2A8	218985_at	NM_014580	NM_014580	29988	0,91	6,78E-03
ITPR2	202660_at	AA834576	NM_002223	3709	0,91	9,15E-03
CISH	223377_x_at	AF035947	NM_013324	1154	0,91	4,28E-03
C3orf4	1554149_at	BC013610	NM_145071 NM_019895	56650	0,91	2,11E-05
LOC134111	226618_at	AW572911	XM_059689	134111	0,91	5,63E-04
BE857972	243781_at	BE857972	---	---	0,91	1,20E-03
Cep70	224150_s_at	AF289495	NM_024491	80321	0,91	4,27E-03
PP2447	232706_s_at	AW009248	NM_025204	80305	0,90	4,10E-03
RGS4	204337_at	AL514445	NM_005613	5999	0,90	1,42E-03
KLF7	204334_at	AA488672	NM_003709	8609	0,90	9,17E-04
SLCO3A1	227367_at	AW976431	NM_013272	28232	0,90	4,34E-03
FZD2	210220_at	L37882	NM_001466	2535	0,90	2,77E-04
SESTD1	226763_at	AW409611	NM_178123	91404	0,90	9,00E-04
DHX35	218579_s_at	NM_021931	NM_021931	60625	0,90	2,42E-05
PDLIM1	208690_s_at	BC000915	NM_020992	9124	0,90	6,24E-04
BICD1	1554020_at	BC010091	NM_0010033 9 8	636	0,90	3,41E-06
PXMP2	219076_s_at	NM_018663	NM_001714 NM_018663	5827	0,90	6,61E-03
SPOCK	202363_at	AF231124	NM_004598	6695	0,90	5,89E-03
AA581439	244650_at	AA581439	---	---	0,89	5,83E-03
BC003667	222487_s_at	BC003667	---	---	0,89	8,10E-03
NFYB	218128_at	AU151875	NM_006166	4801	0,89	2,19E-03
SYNJ2	212828_at	AA191573	NM_003898	8871	0,89	6,92E-03
ITGB5	201124_at	AL048423	NM_002213	3693	0,89	4,74E-03
SLC39A8	219869_s_at	NM_022154	NM_022154	64116	0,89	1,30E-03
AI333006	240432_x_at	AI333006	---	---	0,89	2,24E-03
BRD4	202103_at	AI991631	NM_014299	23476	0,89	3,39E-03
			NM_058243			

ES 2 689 703 T3

MCM8	233560_x_a t	AA370141	NM_032485	84515	0,89	2,33E-03
PKIA	226864_at	BF245954	NM_182802 NM_006823	5569	0,89	4,86E-04
FAM43A	227410_at	AW264102	NM_181839 NM_153690	131583	0,89	4,81E-03
ZMYM1	220206_at	NM_024772	NM_024772	79830	0,89	5,27E-03
SLK	206875_s_a t	NM_014720	NM_014720	9748	0,89	9,22E-06
EPB41L5	225855_at	AB046768	NM_020909	57669	0,89	8,39E-04
RAD18	223417_at	AF169796	NM_020165	56852	0,89	2,04E-04
MEIS2	207480_s_a t	NM_020149	NM_002399	4212	0,89	4,23E-04
NFYA	204107_at	BF445142	NM_020149 NM_170674 NM_170675 NM_170676 NM_170677 NM_172315 NM_172316 NM_002505	4800	0,88	3,28E-06
SREBF2	201248_s_a t	NM_004599	NM_021705 NM_004599	6721	0,88	4,75E-03
FLJ31842	237515_at	AA054642	NM_152487	148534	0,88	8,21E-04
ZFD25	205739_x_a t	NM_016220	---	51427	0,88	8,79E-03
DLEU2	215629_s_a t	AA905286	NM_006021	8847	0,88	6,43E-04
ZNF85	206572_x_a t	NM_003429	NM_003429	7639	0,88	6,85E-06
PCDH17	228863_at	N69091	NM_014459	27253	0,88	6,70E-03
PTPRG	204944_at	NM_002841	NM_002841	5793	0,88	3,65E-03
AL833487	1562245_a_ at	AL833487	---	---	0,88	8,59E-03
PCDH17	205656_at	NM_014459	NM_014459	27253	0,88	6,19E-03
ANAPC7	225554_s_a t	AA131793	NM_016238	51434	0,88	8,37E-04
BE504215	228563_at	BE504215	---	---	0,88	1,17E-03
MLLT3	204917_s_a t	AV756536	NM_004529	4300	0,88	5,47E-03
CD47	213857_s_a t	BG230614	NM_001777	961	0,88	3,54E-04
PTK7	1555324_at	BC046109	NM_198793 NM_002821	5754	0,87	3,45E-03
			NM_152880 NM_152881 NM_152882			

ES 2 689 703 T3

EP300	1562921_at	BC040700	NM_152883 NM_001429	2033	0,87	3,55E-03
VPS29	223026_s_at	AF201946	NM_016226	51699	0,87	9,51E-03
EBF	227646_at	BG435302	NM_057180 NM_024007	1879	0,87	6,32E-04
GPC6	223730_at	AF111178	NM_005708	10082	0,87	7,72E-03
PHF5A	225309_at	AL008582	NM_032758	84844	0,87	1,93E-03
FLJ31842	234980_at	A1004375	NM_152487	148534	0,87	3,12E-04
AW953794	230968_at	AW953794	---	---	0,87	3,09E-03
AI888657	244189_at	AI888657	---	---	0,87	1,23E-03
FLJ21415	218867_s_at	NM_024738	NM_024738	79794	0,87	2,65E-03
MAK3	217745_s_at	NM_025146	NM_025146	80218	0,87	5,22E-04
SEC23A	212887_at	AI753659	NM_006364	10484	0,86	6,69E-03
PAX5	221969_at	BF510692	NM_016734	5079	0,86	4,37E-03
UNC84B	212144_at	AL021707	NM_015374	25777	0,86	9,44E-03
PRIM2A	205628_at	NM_000947	NM_000947	5558	0,86	1,80E-03
ISL1	206104_at	NM_002202	NM_002202	3670	0,86	2,89E-03
NAGA	202944_at	NM_000262	NM_000262	4668	0,86	1,12E-04
SCD4	224901_at	AL571375	NM_024906	79966	0,86	2,89E-04
PHYH	203335_at	NM_006214	NM_006214	5264	0,86	3,64E-05
HMGCS1	205822_s_at	NM_002130	NM_002130	3157	0,86	5,71E-04
GALNAC4S-6S	203066_at	NM_014863	NM_015892	51363	0,86	1,55E-04
DKFZp762A217	235775_at	AI765006	NM_152588	160335	0,86	2,87E-03
ADRBK2	204183_s_at	AI478542	NM_005160	157	0,85	7,45E-05
BC002942	31837_at	U62317	NM_033200	91289	0,85	2,32E-03
KIAA1853	236151_at	BF315452	NM_194286	84530	0,85	8,93E-03
C10orf58	228155_at	BF512388	NM_032333	84293	0,85	4,55E-08
KIAA0286	212619_at	AW205215	NM_015257	23306	0,85	2,40E-03
AU146017	234082_at	AU146017	---	---	0,85	5,56E-03
GPR85	219898_at	NM_018970	NM_018970	54329	0,85	2,12E-03
KIAA1145	235146_at	N51717	NM_020698	57458	0,85	4,62E-05

ES 2 689 703 T3

CSTF1	202190_at	NM_001324	NM_001324	1477	0,85	2,75E-03
BF510533	228107_at	BF510533	---	---	0,85	7,13E-04
PANK2	218809_at	NM_024960	NM_024960	80025	0,85	5,93E-04
			NM_153637 NM_153638 NM_153639 NM_153640 NM_153641			
DHX37	223364_s_a t	BC004463	NM_032656	57647	0,85	1,99E-03
HMGB3	203744_at	NM_005342	NM_005342	3149	0,85	6,52E-03
BNIP3	201848_s_a t	U15174	NM_004052	664	0,85	1,65E-03
LOC284244	214162_at	AF070541	---	284244	0,85	2,94E-03
SV2C	216086_at	AB028977	XM_043493	22987	0,85	3,24E-03
MTP18	223172_s_a t	AF060924	NM_0010037 0 4	51537	0,85	6,41E-03
SNAP29	218327_s_a t	NM_004782	NM_004782	9342	0,85	4,67E-03
NFYA	204109_s_a t	NM_002505	NM_002505	4800	0,85	4,40E-03
FLJ37858	227354_at	BF589359	NM_021705 NM_0010075 49	441357	0,84	6,04E-03
R58282	238557_at	R58282	---	---	0,84	5,38E-03
CDH2	203441_s_a t	NM_001792	NM_001792	1000	0,84	1,55E-03
C20orf45	217851_s_a t	NM_016045	NM_016045	51012	0,84	1,50E-03
MYO1B	212364_at	BF432550	NM_012223	4430	0,84	1,02E-03
PAICS	201014_s_a t	NM_006452	NM_006452	10606	0,84	4,23E-04
ZNF505	215758_x_a t	AC007204	NM_0010041 2 6	81931	0,84	1,32E-04
SEMA6A	215028_at	AB002438	NM_031218 NM_020796	57556	0,84	1,21E-04
SLIT2	209897_s_a t	AF055585	NM_004787	9353	0,84	3,51E-03
CELSR3	40020_at	AB011536	NM_001407	1951	0,84	1,82E-06
DIRAS2	219619_at	NM_017594	NM_017594	54769	0,84	9,62E-03
TOB2	222243_s_a t	AB051450	NM_016272	10766	0,84	3,84E-03
HAND1	220138_at	NM_004821	NM_004821	9421	0,84	8,36E-04
RAD18	224200_s_a t	AB035274	NM_020165	56852	0,83	3,81E-03
LRIG3	226908_at	AI627704	NM_153377	121227	0,83	9,44E-

ES 2 689 703 T3

AI150000	226671_at	AI150000	---	---	0,83	03 7,72E-04
EIF5A2	235289_at	AV747725	NM_020390	56648	0,83	2,77E-03
CDK2AP1	201938_at	NM_004642	NM_004642	8099	0,83	8,12E-03
MLF1	204784_s_at	NM_022443	NM_022443	4291	0,83	2,50E-03
MPP5	219321_at	NM_022474	NM_022474	64398	0,83	1,84E-03
TXNRD1	201266_at	NM_003330	NM_003330	7296	0,83	6,73E-05
C10orf58	224435_at	BC005871	NM_182729 NM_182742 NM_182743 NM_032333	84293	0,82	5,15E-06
EVE1	225162_at	BG285417	NM_00100955	152503	0,82	5,43E-03
RALY	201271_s_at	NM_016732	NM_007367	22913	0,82	1,71E-03
SEC10L1	228418_at	BF509391	NM_016732 NM_006544	10640	0,82	6,79E-06
MFAP2	203417_at	NM_017459	NM_002403	4237	0,82	9,64E-05
MYO1B	212365_at	BF215996	NM_017459 NM_012223	4430	0,82	2,49E-04
ACAA1	214274_s_at	AI860341	NM_001607	30	0,82	5,44E-03
KIAA0701	1554292_at	BC014891	NM_00100694 NM_015054	23074	0,81	5,60E-03
AK022598	232662_x_at	AK022598	---	---	0,81	5,55E-03
PLXNA2	213030_s_at	AI688418	NM_025179	5362	0,81	6,66E-03
BE501881	227565_at	BE501881	---	---	0,81	2,21E-03
BF447112	236192_at	BF447112	---	---	0,81	2,02E-03
LOC85028	228990_at	AI339426	XM_378848	85028	0,81	4,87E-04
BF511170	227332_at	BF511170	---	---	0,81	3,67E-03
KLF3	219657_s_at	NM_016531	NM_016531	51274	0,81	3,64E-03
GRIA1	209793_at	AL567302	NM_000827	2890	0,81	3,68E-03
SUHW2	229360_at	N22886		140883	0,81	8,50E-03
LOC401022	242042_s_at	AA406052	NM_080764 ---	401022	0,81	5,97E-04
C3orf4	208925_at	AF161522	NM_019895	56650	0,81	1,42E-08
MRPL40	203152_at	NM_003776	NM_003776	64976	0,81	6,67E-03

ES 2 689 703 T3

PVT1	1558290_a_at	BG200951	XM_372058	441378	0,81	2,88E-03
LOC441378			XM_499128	5820		
KELCHL	221837_at	BG325646	NM_032775	84861	0,81	3,12E-04
CELSR3	205165_at	NM_001407	NM_001407	1951	0,81	1,43E-04
RAB35	205461_at	NM_006861	NM_006861	11021	0,81	6,64E-03
MGC70857	226710_at	AI199072	NM_001001795	414919	0,81	3,76E-05
AA446953	241749_at	AA446953	XM_294592	347273	0,81	2,10E-04
PSMD5	203447_at	AU157008	NM_005047	5711	0,80	8,55E-04
NUP50	222583_s_at	AF116624	NM_007172	10762	0,80	2,54E-04
			NM_153645			
ARL61P6	225707_at	AL581082	NM_153684			
			NM_152522	151188	0,80	4,86E-03
H1F0	208886_at	BC000145	NM_005318	3005	0,80	2,95E-04
RQCD1	1554080_at	BC007102	NM_005444	9125	0,80	5,80E-03
MVK	215649_s_at	AF217536	NM_000431	4598	0,80	4,39E-04
CDC5L	209055_s_at	AW268817	NM_001253	988	0,80	9,38E-03
LGR4	218326_s_at	NM_018490	NM_018490	55366	0,80	1,35E-04
C19orf32	226597_at	AI348159	NM_138393	92840	0,80	6,56E-03
HPS4	218402_s_at	NM_022081	NM_022081	89781	0,80	8,60E-04
			NM_152840			
			NM_152841			
			NM_152842			
			NM_152843			
MGC18216	243358_at	BF347362	---	145815	0,79	8,83E-03
ZNF43	222136_x_at	AK022905	NM_003423	7594	0,79	1,19E-06
DRG1	236537_at	AI760332	NM_004147	4733	0,79	9,05E-03
SLC2A4RG	218494_s_at	NM_020062	NM_020062	56731	0,79	1,26E-04
CHRNA3	211772_x_at	BC006114	NM_000743	1136	0,79	5,89E-03
UBE2L3	200683_s_at	BE964689	NM_003347	7332	0,79	2,55E-04
NUP43	238474_at	BF978064	NM_198157			
			NM_024647	348995	0,79	6,09E-03
EML5	1568777_at	BM677635	NM_198887			
			NM_183387	161436	0,79	2,74E-03
N24703	238637_at	N24703	---	---	0,79	1,03E-03
CHRNA3	211587_x_at	M37981	NM_000743	1136	0,79	2,09E-

ES 2 689 703 T3

ZNF20	213916_at	AU154474	NM_021143	7568	0,79	2,24E-03
VAMP1	213326_at	AU150319	NM_014231	6843	0,79	2,99E-03
			NM_016830			
			NM_199245			
TMEM38B	222735_at	AW452608	NM_018112	55151	0,79	1,36E-05
MAPKAPK3	202788_at	NM_004635	NM_004635	7867	0,79	7,86E-03
GNB4	223488_s_at	BC000873	NM_021629	59345	0,79	5,46E-03
EPOR	209962_at	M34986	NM_000121	2057	0,78	2,19E-04
C6orf115	223361_at	AF116682	XM_371848	58527	0,78	1,07E-03
AK057923	1556364_at	AK057923	XM_498935	440960	0,78	4,56E-03
PGM2	225367_at	BF512139	NM_018290	55276	0,78	3,75E-04
CECR5	218592_s_at	NM_017829	NM_017829	27440	0,78	4,74E-03
	t					
CHRNA3	210221_at	BC000513	NM_033070	1136	0,78	2,56E-05
			NM_000743			
STMN3	218207_s_at	NM_015894	NM_015894	50861	0,78	8,10E-04
UCP2	208997_s_at	U82819	NM_003355	7351	0,78	3,02E-04
SFRS8	202773_s_at	AI023864	NM_004592	6433	0,78	4,72E-03
	t					
FIGNL1	1552921_a_at	NM_022116	NM_152235	63979	0,78	5,97E-03
			NM_022116			
MEST	202016_at	NM_002402	NM_002402	4232	0,78	9,96E-03
			NM_177524			
C20orf45	222441_x_at	BF032213	NM_177525	51012	0,78	2,01E-05
	t		NM_016045			
PLCXD2	235230_at	AW170015	NM_153268	257068	0,78	7,04E-03
UCK1	223142_s_at	AF237290	NM_031432	83549	0,78	3,34E-05
SNAP29	239084_at	BE896490	NM_004782	9342	0,78	7,09E-03
SNRPD3	202567_at	NM_004175	NM_004175	6634	0,78	8,05E-03
GABPB2	204618_s_at	NM_005254	NM_002041	2553	0,78	4,11E-04
	t					
			NM_005254			
			NM_016654			
			NM_016655			
			NM_181427			
RNF10	208632_at	AL578551	NM_014868	9921	0,77	7,94E-04
RFC1	208021_s_at	NM_002913	NM_002913	5981	0,77	9,34E-03
	t					
PAPPA	240295_at	AL045014	NM_002581	5069	0,77	2,94E-03

ES 2 689 703 T3

TM4SF9	225387_at	AA059445	NM_005723	10098	0,77	1,49E-03
PDCL	204448_s_a t	AF031463	NM_005388	5082	0,77	8,07E-03
GNAZ	204993_at	NM_002073	NM_002073	2781	0,77	3,40E-03
STK39	202786_at	NM_013233	NM_013233	27347	0,77	5,82E-03
UBE2L3	200684_s_a t	AI819709	NM_003347	7332	0,77	4,66E-06
BZRP	202096_s_a t	NM_000714	NM_198157 NM_000714	706	0,77	2,65E-03
ELK3	206127_at	NM_005230	NM_007311 NM_005230	2004	0,77	2,08E-03
ZDHHC13	219296_at	NM_019028	NM_0010014 8 3	54503	0,77	9,19E-04
TIMP2	231579_s_a t	BE968786	NM_019028 NM_003255	7077	0,77	2,80E-03
C8orf13	226614_s_a t	BE856336	NM_053279	83648	0,77	3,12E-03
BAX	208478_s_a t	NM_004324	NM_004324	581	0,77	5,20E-03
TCF8	239952_at	AI743662	NM_138761 NM_138762 NM_138763 NM_138764 NM_138765 NM_030751	6935	0,77	2,84E-04
LOC128977	227086_at	AA194312	NM_173793	128977	0,77	3,39E-03
PAICS	201013_s_a t	AA902652	NM_006452	10606	0,76	3,48E-03
AKAP8	203848_at	AL050160	NM_005858	10270	0,76	6,90E-05
TWSG1	225406_at	AA195009	NM_020648	57045	0,76	1,41E-03
PKD1	206686_at	NM_002610	NM_002610	5163	0,76	4,33E-04
TIMP2	224560_at	BF107565	NM_003255	7077	0,76	7,63E-03
CDS2	212862_at	AL568982	NM_003818	8760	0,76	2,78E-05
384D8-2	205086_s_a t	NM_014551	NM_014551	29781	0,76	4,69E-04
DTNBP1	223445_at	AF061734	NM_152299 NM_032122	84062	0,76	9,22E-04
BG492376	1557961_s_	BG492376	NM_183040 NM_183041 ---	---	0,76	3,56E-03
ARL6IP6	225711_at	AA654338	NM_152522	151188	0,76	8,52E-03
LRP10	201412_at	NM_014045	NM_014045	26020	0,75	8,53E-03

ES 2 689 703 T3

G22P1	200792_at	NM_001469	NM_001469	2547	0,75	1,40E-05
SDCBP	200958_s_at	NM_005625	NM_001007067 NM_001007068 NM_001007069 NM_001007070 NM_005625	6386	0,75	8,95E-04
PELI2	219132_at	NM_021255	NM_021255	57161	0,75	4,32E-04
NFYB	218129_s_at	NM_006166	NM_006166	4801	0,75	6,84E-03
BTBD3	202946_s_at	NM_014962	NM_014962	22903	0,75	2,02E-04
CSE1L	201111_at	AF053641	NM_181443 NM_001316	1434	0,75	9,19E-03
CAMKK1	223460_at	AL136576	NM_177436 NM_032294	84254	0,75	6,46E-03
TFDP2	244043_at	AI049624	NM_172206 NM_172207 NM_006286	7029	0,75	1,03E-03
AU154030	242141_at	AU154030	---	---	0,75	6,48E-03
C20orf20	218586_at	NM_018270	NM_018270	55257	0,75	4,07E-04
PPAT	209434_s_at	U00238	NM_002703	5471	0,75	4,18E-04
FH	203032_s_at	AI363836	NM_000143	2271	0,75	3,75E-04
USP28	231837_at	AB040948	NM_020886	57646	0,75	4,33E-04
COVA1	32042_at	S72904	NM_006375	10495	0,75	1,36E-03
KIAA1432	226221_at	AL138104	NM_182314 XM_039698	57589	0,75	1,64E-03
ZNF43	206695_x_at	NM_003423	NM_003423	7594	0,75	2,70E-03
MICAL-L1	55081_at	W46406	NM_033386	85377	0,75	4,38E-03
HPRP8BP	215905_s_at	AL157420	NM_004814	9410	0,74	1,02E-04
MAC30	214283_at	AU150186	NM_014573	27346	0,74	8,38E-06
C10orf78	238794_at	N23586	NM_001002759 NM_145247	119392	0,74	7,02E-03
Cep70	219036_at	NM_024491	NM_024491	80321	0,74	1,04E-03
CDKAL1	214877_at	BE794663	NM_017774	54901	0,74	7,46E-04
CUGBP2	227178_at	AI652861	NM_006561	10659	0,74	1,87E-03
SQLE	213562_s_at	BF979497	NM_003129	6713	0,74	1,93E-

ES 2 689 703 T3

RABL3	t 226089_at	AI742028	NM_173825	285282	0,74	03 2,21E-
TRAM2	202368_s_a t	AI986461	NM_012288	9697	0,74	03 4,19E-
CD47	227259_at	BF439618	NM_001777	961	0,74	03 6,22E-
T87730	242500_at	T87730	NM_198793 ---	---	0,74	05 5,92E-
DGCR2	214198_s_a t	AU150824	NM_005137	9993	0,74	05 5,08E-
GIT2	209876_at	AF124491	NM_014776	9815	0,74	03 1,42E-
MKKS	222530_s_a t	AF275813	NM_057169 NM_057170 NM_139201 NM_018848	8195	0,74	03 8,92E-
NFKBIE	203927_at	NM_004556	NM_170784 NM_004556	4794	0,73	03 7,87E-
PTCH	209815_at	BG054916	NM_000264	5727	0,73	07 4,15E-
SORT1	212807_s_a t	BF447105	NM_002959	6272	0,73	04 6,06E-
SKP2	203625_x_a t	BG105365	NM_005983	6502	0,73	03 2,38E-
B3GNT1	219326_s_a t	NM_006577	NM_032637 NM_006577	10678	0,73	03 3,66E-
TST	209605_at	D87292	NM_033252 NM_003312	7263	0,73	03 3,44E-
RQCD1	1553510_s_ at	NM_005444	NM_005444	9125	0,73	03 7,31E-
LOC440928	235147_at	R56118	XM_498917	440928	0,73	05 8,09E-
EPB41L5	220977_x_a t	NM_020909	NM_020909	57669	0,73	03 9,69E-
B4GALT6	206233_at	AF097159	NM_004775	9331	0,73	04 3,61E-
MTHFD1	202309_at	NM_005956	NM_005956	4522	0,73	03 5,58E-
SUHW2	230789_at	AI015954	NM_080764	140883	0,73	03 4,75E-
TCF4	228837_at	BE857360	NM_003199	6925	0,73	05 1,23E-
C20orf22	224742_at	BF570412	NM_015600	26090	0,73	04 5,04E-
EIF4ENIF1	218626_at	NM_019843	NM_019843	56478	0,73	06 3,09E-
ZNF141	206931_at	NM_003441	NM_003441	7700	0,73	03 1,09E-
ZNF278	209494_s_a t	AI807017	NM_014323	23598	0,73	03 1,80E-
RNF26	224947_at	AL559247	NM_032050 NM_032051 NM_032052 NM_032015	79102	0,73	9,69E-

ES 2 689 703 T3

GNG4	1555765_a_at	AF493872	NM_004485	2786	0,73	04 2,53E-03
BCR	202315_s_at	NM_004327	NM_004327	613	0,72	5,57E-03
FPGT	205140_at	NM_003838	NM_021574 NM_003838	8790	0,72	4,20E-05
FLJ13273	235387_at	AA740875	NM_024751	79807	0,72	2,00E-06
PRIM2A	215708_s_at	AL121975	NM_000947	5558	0,72	3,15E-03
TOMM22	217960_s_at	NM_020243	NM_020243	56993	0,72	3,02E-03
CDH2	203440_at	M34064	NM_001792	1000	0,72	1,27E-04
DENR	234915_s_at	BC000925	NM_003677	8562	0,72	5,52E-06
KIAA1280	219520_s_at	NM_018458	NM_015691	55841	0,72	1,98E-03
CDC5L	209056_s_at	NM_001253	NM_001253	988	0,72	5,21E-03
MYH9	211926_s_at	AI827941	NM_002473	4627	0,72	5,89E-03
SLC25A13	203775_at	NM_014251	NM_014251	10165	0,72	5,47E-03
SEMA6A	220454_s_at	NM_020796	NM_020796	57556	0,72	5,20E-04
SOX2	213722_at	AW007161	NM_003106	6657	0,72	3,52E-04
RP2	205191_at	NM_006915	NM_006915	6102	0,72	1,30E-03
AI291804	242856_at	AI291804	---	---	0,72	6,53E-03
SLC26A2	224963_at	AK025078	NM_000112	1836	0,72	3,23E-03
GRIA1	211520_s_at	M64752	NM_000827	2890	0,71	6,86E-04
SCD	211162_x_at	AF116616	NM_005063	6319	0,71	8,56E-03
TM4SF6	209109_s_at	U84895	NM_003270	7105	0,71	1,07E-04
CYB5-M	201634_s_at	NM_030579	NM_030579	80777	0,71	8,39E-03
AW025579	213429_at	AW025579	---	---	0,71	1,53E-04
CDW92	224595_at	AK022549	NM_022109	23446	0,71	4,42E-03
KIAA1853	230010_at	AA608629	NM_080546 NM_194286	84530	0,71	1,11E-03
GCLM	203925_at	NM_002061	NM_002061	2730	0,71	2,48E-03
TLK2	228627_at	AL041560	NM_006852	11011	0,71	1,99E-03
RNF144	204040_at	NM_014746	NM_014746	9781	0,71	3,67E-03
PAXIP1L	212825_at	AI357401	NM_007349	22976	0,71	7,70E-03
PHOX2B	207009_at	NM_003924	NM_003924	8929	0,71	1,10E-

ES 2 689 703 T3

FAM19A2	241399_at	AI142028	NM_178539	338811	0,71	05 3,12E-03
RSN	210716_s_at	M97501	NM_002956	6249	0,71	1,47E-03
RB1	203132_at	NM_000321	NM_198240 NM_000321	5925	0,71	9,52E-03
AA603344	235964_x_at	AA603344	---	---	0,71	5,50E-03
ZNF278	211392_s_at	AF242522	NM_014323	23598	0,71	9,10E-03
DEK	200934_at	NM_003472	NM_032050 NM_032051 NM_032052 NM_003472	7913	0,71	7,14E-03
GPC6	227059_at	AI651255	NM_005708	10082	0,71	1,48E-03
KBTBD4	223765_s_at	AF151086	NM_016506	55709	0,71	2,77E-04
AA521504	235952_at	AA521504	NM_018095 ---	---	0,71	7,68E-03
LOC163404	231397_at	AF131783	XM_375754	163404	0,71	9,06E-03
CHRNA4	207516_at	NM_000750	NM_000750	1143	0,70	2,92E-04
UBE2L3	200676_s_at	NM_003347	NM_003347	7332	0,70	3,80E-07
MAGEH1	218573_at	NM_014061	NM_198157 NM_014061	28986	0,70	8,04E-07
PKM2	201251_at	NM_002654	NM_002654	5315	0,70	5,34E-03
DVL2	57532_at	AW016304	NM_182470 NM_182471 NM_004422	1856	0,70	2,07E-03
AMMECR1	1553219_at	NM_015365	NM_015365	9949	0,70	2,11E-03
SLA/LP	235516_at	AI038867	NM_016955	51091	0,70	3,09E-03
PEPD	202108_at	NM_000285	NM_153825 NM_000285	5184	0,70	7,53E-04
LDHA	200650_s_at	NM_005566	NM_005566	3939	0,70	3,92E-03
MVK	204056_s_at	NM_000431	NM_000431	4598	0,70	3,92E-03
RAB22A	218360_at	NM_020673	NM_020673	57403	0,70	2,55E-03
MAP3K71P1	203901_at	NM_006116	NM_006116	10454	0,70	4,29E-03
HMGCR	202540_s_at	NM_000859	NM_153497 NM_000859	3156	0,70	6,44E-04
AGPS	225113_at	BF688144	NM_003659	8540	0,70	1,13E-03
ZNF305	240181_at	AI939511	NM_014724	9753	0,70	2,45E-

ES 2 689 703 T3

SATB2	213435_at	AB028957	NM_015265	23314	0,70	03 6,66E-
HPS4	54037_at	AL041451	NM_022081	89781	0,70	03 1,86E-
			NM_152840 NM_152841 NM_152842 NM_152843 NM_003778	8702	0,70	03 4,75E-
B4GALT4	210540_s_a t	BC004523	NM_212543 NM_152791	148254	0,70	03 9,31E-
ZNF555	1556188_a_ at	AF052118	NM_152905	121441	0,70	03 9,72E-
NEDD1	234984_at	AA236927	---	284900	0,70	03 4,59E-
KIAA1648	213058_at	AL033538	NM_000248	4286	0,69	03 9,18E-
MITF	207233_s_a t	NM_000248	NM_006722 NM_198158 NM_198159 NM_198177 NM_198178 NM_005723	10098	0,69	05 1,96E-
TM4SF9	225388_at	AI928507	NM_015044	23062	0,69	04 5,04E-
GGA2	214190_x_a t	AI799984	NM_138640 NM_018022	55092	0,69	03 5,48E-
FLJ10199	218815_s_a t	NM_018022	NM_015474	25939	0,69	03 8,34E-
SAMHD1	234987_at	AV715309	NM_006899	3420	0,69	05 9,34E-
IDH3B	210418_s_a t	AF023265	NM_174855 NM_174856 NM_004052	664	0,69	03 3,88E-
BNIP3	201849_at	NM_004052	NM_198947	374393	0,69	03 8,06E-
CANP	1557129_a_ at	AA960844	NM_004485	2786	0,69	03 4,91E-
GNG4	205184_at	NM_004485	NM_005754	10146	0,69	05 7,45E-
G3BP	201514_s_a t	NM_005754	NM_198395 NM_006577	10678	0,69	03 3,54E-
B3GNT1	222870_s_a t	AF288208	NM_033252 NM_012287	23527	0,69	03 1,34E-
CENTB2	212476_at	D26069	NM_002296	3930	0,69	04 3,92E-
LBR	201795_at	NM_002296	NM_194442 NM_020140	56899	0,69	06 8,38E-
EB-1	227440_at	AW005572	NM_152788 NM_181670 NM_006055	10314	0,69	4,49E-
LANCL1	202019_s_a	AI935255				

ES 2 689 703 T3

AI857788	t 227126_at	AI857788	---	---	0,69	03 9,75E-
GPC1	202756_s_a t	NM_002081	NM_002081	2817	0,69	03 1,42E-
RBM14	204178_s_a t	NM_006328	NM_006328	10432	0,69	05 2,67E-
CRKL	212180_at	AK000311	NM_005207	1399	0,68	03 3,46E-
SMC1L1	201589_at	D80000	NM_006306	8243	0,68	07 1,70E-
NFIB	213032_at	AI186739	NM_005596	4781	0,68	03 4,95E-
RBM14	1555639_a_ at	AF315633	NM_006328	10432	0,68	03 5,28E-
IDH3B	210014_x_a t	AF023266	NM_006899	3420	0,68	04 2,88E-
SC4MOL	209146_at	AV704962	NM_174855 NM_174856 NM_006745	6307	0,68	05 1,06E-
SLC25A15	222705_s_a t	BC002702	NM_014252	10166	0,68	05 5,67E-
ESD	228162_at	AA193515	NM_001984	2098	0,68	03 7,72E-
PPAT	209433_s_a t	AI457120	NM_002703	5471	0,68	03 1,12E-
ROD1	224618_at	BF059136	NM_005156	9991	0,68	03 6,34E-
ATP7A	205197_s_a t	BE567813	NM_000052	538	0,68	03 6,71E-
AK022438	233508_at	AK022438	---	---	0,68	03 3,52E-
BG337831	238065_at	BG337831	---	---	0,68	03 8,60E-
CDS2	212864_at	Y16521	NM_003818	8760	0,68	04 1,15E-
MGC34646	224996_at	N30209	NM_173519	157807	0,68	04 1,11E-
RECK	205407_at	NM_021111	NM_021111	8434	0,67	03 8,99E-
MCAM	211042_x_a t	BC006329	NM_006500	4162	0,67	04 2,11E-
LOC128977	1553974_at	BC030758	NM_173793	128977	0,67	04 2,13E-
SNX5	222417_s_a t	AF121855	NM_014426	27131	0,67	04 7,63E-
C20orf22	228123_s_a t	AW303865	NM_152227 NM_015600	26090	0,67	04 2,89E-
PHF20	235389_at	BG168139	NM_016436	51230	0,67	03 9,09E-
NM_014838	204799_at	NM_014838	---	---	0,67	04 1,84E-
Cep70	1554489_a_ at	BC016050	NM_024491	80321	0,67	03 5,84E-
GCAT	205164_at	NM_014291	NM_014291	23464	0,67	03 9,67E-
MGC20255	225257_at	AA534536	NM_052848	90324	0,67	04 2,25E-

ES 2 689 703 T3

KIAA1715	225717_at	AI814587	NM_030650	80856	0,67	2,65E-03
SH3MD1	224817_at	W93554	NM_014631	9644	0,67	3,37E-04
NFYA	204108_at	AL031778	NM_002505	4800	0,67	6,22E-03
MGC10854	223456_s_a t	BC004285	NM_021705 NM_032300	84260	0,67	2,49E-03
DNAJC13	212467_at	AB014578	NM_173823	23317	0,67	4,58E-05
SEMA6A	223449_at	AF225425	NM_020796	57556	0,67	7,98E-03
BC017932	1569283_at	BC017932	XM_495940	440122	0,67	1,88E-03
CDW92	224596_at	AI634866	NM_022109	23446	0,67	6,95E-03
HMGCS1	221750_at	BG035985	NM_080546 NM_002130	3157	0,67	5,27E-04
IDH3B	201509_at	NM_006899	NM_006899	3420	0,66	3,23E-04
CECR6	224393_s_a t	AF307451	NM_174855 NM_174856 NM_031890	27439	0,66	3,23E-05
IPO11	222659_at	AK001696	NM_016338	51194	0,66	3,34E-03
ACTL6B	206013_s_a t	NM_016188	NM_016188	51412	0,66	5,47E-03
D15Wsu75e	212527_at	BF057059	XM_039495	27351	0,66	1,32E-04
AL134573	228208_x_a t	AL134573	---	---	0,66	1,64E-03
MLLT3	204918_s_a t	NM_004529	NM_004529	4300	0,66	8,51 E-03
GGA2	208913_at	AA868560	NM_015044	23062	0,66	2,22E-03
ROD1	224617_at	AI735576	NM_138640 NM_005156	9991	0,66	3,70E-03
SNN	218032_at	AF070673	NM_003498	8303	0,66	5,14E-03
CD47	213055_at	BF693956	NM_001777	961	0,66	2,63E-03
ENO1	217294_s_a t	U88968	NM_198793 NM_001428	2023	0,66	2,43E-04
SESN3	235150_at	AW376955	NM_144665	143686	0,66	7,70E-04
CRY1	209674_at	D83702	NM_004075	1407	0,66	2,50E-03
NM_018243	201308_s_a t	NM_018243	NM_018243	55752	0,66	3,72E-03
CBX5	241875_at	AA204654	NM_012117	23468	0,66	1,75E-03
ZFYVE16	203651_at	NM_014733	NM_014733	9765	0,66	1,76E-05
NRF1	204652_s_a t	NM_005011	NM_005011	4899	0,66	2,20E-03

ES 2 689 703 T3

GALNT2	217788_s_a t	NM_004481	NM_004481	2590	0,66	6,79E-06
SNX5	217792_at	NM_014426	NM_014426	27131	0,66	1,46E-03
ALK	208212_s_a t	NM_004304	NM_152227 NM_004304	238	0,65	2,47E-03
WDR44	219297_at	NM_019045	NM_019045	54521	0,65	3,28E-04
ELMOD2	1553928_at	NM_153702	NM_153702	255520	0,65	1,79E-04
VAPB	202550_s_a t	NM_004738	NM_004738	9217	0,65	3,71E-05
LOC129285	1553955_at	AY134855	NM_152994	129285	0,65	3,87E-03
MPHOSPH9	206205_at	NM_022782	NM_022782	10198	0,65	7,66E-05
SCML2	206147_x_a t	NM_006089	NM_006089	10389	0,65	1,04E-03
HS6ST2	230030_at	AI767756	NM_147174	90161	0,65	3,43E-03
NUP43	219007_at	NM_024647	NM_147175 NM_024647	348995	0,65	6,58E-03
R12027	241836_x_a t	R12027	NM_198887 ---	---	0,65	6,67E-03
H16725	239138_at	H16725	---		0,65	7,65E-03
AGPS	205401_at	NM_003659	NM_003659	8540	0,65	1,27E-03
DKFZP564 M082	204218_at	NM_014042	NM_014042	25906	0,65	2,63E-03
MCART1	214126_at	N39314	NM_033412	92014	0,65	6,73E-04
NUP50	218295_s_a t	NM_007172	NM_007172	10762	0,65	4,08E-04
PDK1	226452_at	AU146532	NM_153645 NM_153684 NM_002610	5163	0,65	7,55E-03
GPR125	1555122_at	BC026009	NM_145290	166647	0,65	1,16E-03
KIAA0692	212200_at	AK025933	---	23141	0,65	3,35E-04
ZADH1	230774_at	BE465894	NM_152444	145482	0,65	1,11E-03
CD24	209772_s_a t	X69397	NM_013230	934	0,65	3,11E-04
KIAA1715	225718_at	AL133768	NM_030650	80856	0,65	2,15E-03
MANEA	222805_at	AI587307	NM_024641	79694	0,65	3,26E-04
C10orf86	219067_s_a t	NM_017615	NM_017615	54780	0,65	6,76E-03
AL524175	225479_at	AL524175	---	---	0,64	4,37E-05
MICAL-L1	221779_at	BC001090	NM_033386	85377	0,64	1,27E-03
AI708256	229342_at	AI708256	---	---	0,64	1,31E-

ES 2 689 703 T3

G3BP	201503_at	BG500067	NM_005754	10146	0,64	05 3,53E-03
PLCXD1	222795_s_a t	BE675241	NM_198395 NM_018390	55344	0,64	2,51E-03
CD47	226016_at	AL118798	NM_001777	961	0,64	1,22E-07
RAB8B	219210_s_a t	NM_016530	NM_198793 NM_016530	51762	0,64	2,35E-04
RNF150	227657_at	AA722069	NM_020724	57484	0,64	5,51E-03
TEX261	212083_at	BG170659	NM_144582	113419	0,64	6,37E-03
BE893995	234983_at	BE893995	---	---	0,64	1,28E-03
MGC3731	222057_at	AW002578	NM_024313	79159	0,64	8,73E-03
LOC284801	225762_x_a t	AL531683	XM_378973	284801	0,64	3,26E-03
SLC25A17	211754_s_a t	BC005957	NM_006358	10478	0,64	9,76E-04
KIAA0692	212201_at	AW274877	---	23141	0,64	2,57E-03
PCDHB2	231725_at	NM_018936	NM_018936	56133	0,64	1,47E-03
ATP1A1	220948_s_a t	NM_000701	NM_000701	476	0,64	2,01E-03
CHKB	204193_at	NM_005198	NM_0010015 8 6 NM_005198	1120	0,64	3,36E-03
MPHOSPH9	215731_s_a t	X98258	NM_152253 NM_022782	10198	0,64	3,26E-03
KIAA0877	1560916_a_ at	BI461155	XM_371891	23333	0,64	1,49E-03
MAC30	212279_at	BE779865	XM_374422 NM_014573	27346	0,64	1,07E-03
RPA1	201529_s_a t	NM_002945	NM_002945	6117	0,64	4,43E-03
HADHSC	211569_s_a t	AF001903	NM_005327	3033	0,64	4,68E-03
HNRPC	227110_at	AA126793	NM_004500	3183	0,64	8,86E-04
C2orf12	225269_s_a t	BE384529	NM_031314 ---	192137	0,64	5,65E-05
GSK3B	209945_s_a t	BC000251	NM_002093	2932	0,64	8,48E-04
RCN3	61734_at	AI797684	NM_020650	57333	0,64	1,45E-03
MANEA	219003_s_a t	NM_024641	NM_024641	79694	0,63	1,47E-04
LOC339448	238010_at	BF970340	NM_207356	339448	0,63	6,74E-03
U1SNRNPB P	205300_s_a t	NM_022717	NM_007020	11066	0,63	7,93E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_022717 NM_180699 NM_180703			
AB014540	209307_at	AB014540	---	---	0,63	5,07E-03
MKL1	212748_at	AB037859	NM_020831	57591	0,63	9,09E-04
NBS1	217299_s_a t	AK001017	NM_002485	4683	0,63	5,38E-03
ACSL3	201662_s_a t	D89053	NM_004457	2181	0,63	3,55E-04
GALNT2	223991_s_a t	AF130059	NM_203372 NM_004481	2590	0,63	9,09E-04
FBXL10	226215_s_a t	AI989996	NM_0010053 6 6	84678	0,63	6,47E-03
C1orf48	230592_at	BE501789	NM_032590 NM_015471	25936	0,63	6,21E-03
FSCN1	210933_s_a t	BC004908	NM_003088	6624	0,63	7,38E-03
ALMS1	214221_at	A1825212	NM_015120	7840	0,63	6,34E-03
MGC3040	223524_s_a t	BC000568	NM_023943	66000	0,63	8,05E-03
WDR5	223308_s_a t	AL521101	NM_017588	11091	0,63	1,08E-03
RBMS1	203748_x_a t	NM_016839	NM_052821 NM_002897	5937	0,63	4,92E-04
ACTR6	218395_at	NM_022496	NM_016836 NM_016839 NM_022496	64431	0,63	1,97E-06
TOMM22	222474_s_a t	AB041906	NM_020243	56993	0,63	2,85E-03
LOC129138	231847_at	Z97630	NM_138797	129138	0,63	1,02E-04
LOC338799	226369_at	AW138760	---	338799	0,63	3,36E-03
SLC2A4RG	222650_s_a t	BE898559	NM_020062	56731	0,63	7,06E-04
SCOC	224786_at	AL133580	NM_032547	60592	0,63	1,37E-05
MGC3731	219324_at	NM_024313	NM_024313	79159	0,62	1,54E-03
C10orf6	203481_at	AI655902	NM_018121	55719	0,62	2,18E-04
NUP133	233421_s_a t	AU146738	NM_018230	55746	0,62	7,97E-03
CSRP2BP	228543_at	AA780252	NM_020536	57325	0,62	6,49E-04
HSPC129	1555106_a at	BC035744	NM_177926 NM_016396	51496	0,62	1,80E-03
MGC5139	202365_at	BC004815	---	84747	0,62	1,02E-04
HIC2	212964_at	AI912206	NM_015094	23119	0,62	1,32E-04
FCHO2	228220_at	AI627666	NM_138782	115548	0,62	4,50E-

ES 2 689 703 T3

CDK5RAP1	218315_s_a t	NM_016408	NM_016082	51654	0,62	03 7,08E-05
FH	214170_x_a t	AA669797	NM_016408 NM_000143	2271	0,62	9,05E-03
ENTPD6	201704_at	NM_001247	NM_001247	955	0,62	1,44E-03
NUP50	213682_at	AL036344	NM_007172	10762	0,62	2,73E-03
SNX5	229980_s_a t	AA131508	NM_153645 NM_153684 NM_014426	27131	0,62	1,66E-04
B4GALT6	235333_at	BG503479	NM_152227 NM_004775	9331	0,62	4,18E-03
LOC150383	227590_at	BE501980	NM_0010089 1 7	150383	0,62	1,10E-03
SYNGR1	213854_at	BF511590	NM_207327 NM_004711	9145	0,62	3,40E-03
DZIP3	207231_at	NM_014648	NM_145731 NM_145738 NM_014648	9666	0,62	5,60E-05
CSRP2BP	228544_s_a t	AA780252	NM_020536	57325	0,62	8,59E-03
SCC-112	212138_at	AK021757	NM_177926 NM_015200	23244	0,62	2,22E-06
TEAD1	224955_at	AI590088	NM_021961	7003	0,62	1,84E-03
DYRK4	212954_at	AF263541	NM_003845	8798	0,62	2,89E-04
RAPH1	243012_at	BF196252	NM_025252	65059	0,62	5,72E-03
SC5DL	211423_s_a t	D85181	NM_203365 NM_213589 NM_006918	6309	0,61	1,75E-03
BUB3	201457_x_a t	AF081496	NM_0010077 9 3	9184	0,61	5,81E-03
TMEM38B	218772_x_a t	NM_018112	NM_004725 NM_018112	55151	0,61	1,91E-03
TPARL	218095_s_a t	NM_018475	NM_018475	55858	0,61	1,44E-03
HRPT2	235196_at	AA447464	NM_024529	79577	0,61	2,37E-03
KIAA0406	212898_at	AB007866	NM_014657	9675	0,61	1,44E-03
FBXO30	226541_at	AI808182	NM_032145	84085	0,61	1,59E-03
EPOR	209963_s_a t	M34986	NM_000121	2057	0,61	8,17E-03
AP3B1	203141_s_a t	AW058575	NM_003664	8546	0,61	1,23E-04
FLJ33008	228954_at	AW452620	NM_152449	145748	0,61	3,98E-04

ES 2 689 703 T3

FLJ21908	1557984_s_at	BI464019	NM_024604	79657	0,61	1,58E-03
ALS2CR2	223266_at	AB038950	NM_018571	55437	0,61	6,51E-05
RPP30	203436_at	NM_006413	NM_006413	10556	0,61	4,85E-03
LOC388272	226608_at	AW157311	NM_001001436	388272	0,61	7,08E-03
AI421677	242964_at	AI421677	---	---	0,61	2,28E-04
HSDL1	223248_at	AK025626	NM_031463	83693	0,61	3,31E-04
GLT25D1	222644_s_at	AI924150	NM_024656	79709	0,61	3,50E-03
CBX5	209715_at	L07515	NM_012117	23468	0,61	7,77E-03
SCOC	223341_s_at	AF330205	NM_032547	60592	0,61	7,55E-03
FLJ22531	204922_at	NM_024650	NM_024650	79703	0,61	4,70E-03
TMOD3	220800_s_at	NM_014547	NM_014547	29766	0,61	1,32E-03
ZFP161	209724_s_at	AL534416	NM_003409	7541	0,61	7,01E-05
AL563613	226532_at	AL563613	---	---	0,61	3,89E-03
SESN3	242899_at	N78412	NM_144665	143686	0,61	2,87E-03
PGM2	223738_s_at	AL136705	NM_018290	55276	0,61	9,76E-05
ORC4L	203352_at	NM_002552	NM_002552	5000	0,60	3,05E-03
PANK3	218433_at	NM_024594	NM_181741 NM_181742 NM_024594	79646	0,60	9,11E-03
MGC13170	224468_s_at	BC006151	NM_199249	84798	0,60	2,79E-04
HABP4	209818_s_at	AF241831	NM_199250 NM_014282	22927	0,60	5,02E-04
RBMS1	225265_at	AI580100	NM_002897	5937	0,60	1,37E-03
SESN3	225123_at	BE883841	NM_016836 NM_016839 NM_144665	143686	0,60	3,28E-05
RG9MTD1	223267_at	AF226052	NM_017819	54931	0,60	4,25E-05
SEMA6A	225660_at	W92748	NM_020796	57556	0,60	3,33E-03
PPM1F	37384_at	D86995	NM_014634	9647	0,60	9,35E-04
BMP2K	219546_at	NM_017593	NM_017593	55589	0,60	7,82E-04
SCD	211708_s_at	BC005807	NM_198892 NM_005063	6319	0,60	3,69E-03
LOC286505	226421_at	AA707320	---	286505	0,60	6,02E-03

ES 2 689 703 T3

TOMM70A	201512_s_a t	BC003633	NM_014820	9868	0,60	8,65E-03
ANXA11	206200_s_a t	NM_001157	NM_001157	311	0,60	1,86E-03
			NM_145868 NM_145869			
AW971254	222369_at	AW971254	---	---	0,60	7,78E-04
AI754928	226347_at	AI754928	---	---	0,60	4,04E-03
NHLRC2	235356_at	AW297204	NM_198514	374354	0,60	4,48E-03
HDAC1	201209_at	NM_004964	NM_004964	3065	0,60	2,74E-05
MGC14141	225568_at	BE728983	NM_032928	85014	0,60	4,04E-04
NIT2	218557_at	NM_020202	NM_020202	56954	0,59	8,84E-03
SREBF2	201247_at	BE513151	NM_004599	6721	0,59	7,04E-03
MKKS	218138_at	NM_018848	NM_018848	8195	0,59	1,60E-04
EPIM	213434_at	H95263	NM_170784 NM_001980	2054	0,59	3,73E-03
NDRG3	221082_s_a t	NM_022477	NM_194356 NM_022477	57446	0,59	7,59E-04
TIGD7	224365_s_a t	AF251050	NM_032013 NM_033208	91151	0,59	8,93E-03
R68654	236971_at	R68654	---	---	0,59	5,73E-03
BE675101	236384_at	BE675101	---	---	0,59	2,31E-04
MAC30	212281_s_a t	BF038366	NM_014573	27346	0,59	1,68E-04
FLJ12806	220199_s_a t	NM_022831	NM_022831	64853	0,59	2,17E-05
ASF1A	203427_at	NM_014034	NM_014034	25842	0,59	1,25E-04
CTCF	202521_at	NM_006565	NM_006565	10664	0,59	4,94E-05
PSCD3	225147_at	AL521959	NM_004227	9265	0,59	9,96E-03
IQSEC3	213834_at	AB029033	XM_370667	440073	0,59	2,90E-04
			XM_495902 NM_022782			
MPHOSPH9	221965_at	AI990326	NM_001378	10198	0,58	9,17E-03
DNCI2	236698_at	AI823600	NM_001378	1781	0,58	1,70E-03
ZNRF3	226360_at	AK022809	XM_290972	84133	0,58	2,94E-03
OSBPL11	222586_s_a t	AI884890	NM_022776	114885	0,58	2,49E-03
NIPSNAP3A	224436_s_a t	BC005935	NM_015469	25934	0,58	3,38E-03
NBS1	202906_s_a t	AF049895	NM_002485	4683	0,58	4,86E-03

MGC3162	218860_at	NM_024078	NM_024078	79050	0,58	3,07E-04
FLJ13149	219016_at	NM_021826	NM_021826	60493	0,58	8,95E-03
DIAPH1	213514_s_at	AU158818	NM_005219	1729	0,58	7,31E-03
IGSF4	209031_at	AL519710	NM_014333	23705	0,58	2,03E-03
ATP6V1A	201971_s_at	NM_001690	NM_001690	523	0,58	4,36E-04
FLJ25952	225365_at	BG249221	NM_153251	253832	0,58	2,88E-03

Tabla 6. Expresión génica disminuida en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular 2D6 en estado no diferenciado utilizando análisis de micromatrices

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
KIAA0125	206478_at	NM_014792	NM_014792	9834	-7,57	6,75E-06
CART	206339_at	NM_004291	NM_004291	9607	-6,35	6,05E-07
CPNE8	228365_at	AI765180	NM_153634	144402	-5,76	5,62E-09
MEOX2	206201_s_at	NM_005924	NM_005924	4223	-5,64	6,26E-06
CYTL1	219837_s_at	NM_018659	NM_018659	54360	-5,64	1,55E-10
CYGB	226632_at	AL513673	NM_134268	114757	-5,63	1,66E-03
FGF13	205110_s_at	NM_004114	NM_004114	2258	-5,18	1,42E-06
CPNE8	241706_at	AA431782	NM_033642 NM_153634	144402	-4,70	2,99E-10
CYGB	1553572_a_at	NM_134268	NM_134268	114757	-4,40	5,68E-05
BC036254	1557443_s_at	BC036254	---	---	-4,26	3,10E-05
SLC1A2	225491_at	AL157452	NM_004171	6506	-4,14	7,08E-13
CAP2	212554_at	N90755	NM_006366	10486	-4,08	3,14E-07
AL353759	215071_s_at	AL353759	---	---	-3,91	1,82E-05
GNAS	217057_s_at	AF107846	NM_000516	2778	-3,79	5,67E-04
CFC1	223753_s_at	AF312769	NM_016592 NM_080425 NM_080426 NM_032545	55997	-3,75	5,58E-06
GRM5	214217_at	D60132	NM_000842	2915	-3,73	3,90E-09
CYP2E1	1431_at	J02843	NM_000773	1571	-3,66	1,03E-03
LOC56901	218484_at	NM_020142	NM_020142	56901	-3,66	1,04E-04
PAPPA	224942_at	BG434272	NM_002581	5069	-3,64	2,15E-04

ES 2 689 703 T3

AQP1	209047_at	AL518391	NM_000385	358	-3,61	1,21E-05
BG325630	234973_at	BG325630	NM_198098 ---	---	-3,57	9,05E-04
CDKN2A	209644_x_at	U38945	NM_000077	1029	-3,30	4,00E-06
CYP2E1	209975_at	AF182276	NM_058195 NM_058197 NM_000773	1571	-3,28	1,91E-03
BF432956	229057_at	BF432956	---	---	-3,21	2,21E-06
ANK3	237839_at	BF433975	NM_001149	288	-3,19	4,55E-03
AU144437	232887_at	AU144437	NM_020987 ---	---	-3,17	9,97E-06
LOC158572	243017_at	AA032156	XM_379705	158572	-3,12	5,87E-07
SAMD4	212845_at	AB028976	NM_015589	23034	-3,12	2,46E-03
M160	223655_at	AF264014	NM_174941	283316	-3,12	3,65E-05
SYT13	226086_at	AB037848	NM_020826	57586	-3,11	1,85E-05
AI093492	237435_at	AI093492	---	---	-3,03	2,14E-03
CYP2E1	209976_s_at	AF182276	NM_000773	1571	-3,01	9,74E-04
N39597	1555993_at	N39597	---	---	-2,99	1,61E-04
ASAM	226834_at	BG112263	NM_024769	79827	-2,98	6,28E-03
KIAA1598	221802_s_at	AU157109	NM_018330	57698	-2,94	8,29E-05
CDC42EP1	204693_at	NM_007061	NM_007061	11135	-2,90	4,19E-03
N92599	241421_at	N92599	NM_152243 ---	---	-2,86	2,63E-05
GDF15	221577_x_at	AF003934	NM_004864	9518	-2,84	2,08E-03
AI341823	239657_x_at	AI341823	---	---	-2,82	2,19E-05
AW665665	237187_at	AW665665	---	---	-2,78	1,83E-03
SLC35F3	229065_at	BF968270	NM_173508	148641	-2,76	7,38E-06
AA151917	230503_at	AA151917	---	---	-2,73	3,30E-05
PAPPA	201982_s_at	NM_002581	NM_002581	5069	-2,70	2,76E-06
IL17B	220273_at	NM_014443	NM_014443	27190	-2,67	2,02E-04
KIAA0125	220377_at	NM_014151		9834	-2,65	1,07E-05
ANK2	232606_at	AK021894	NM_014792 NM_001148	287	-2,65	4,00E-08

ES 2 689 703 T3

AK021495	215571_at	AK021495	NM_020977 ---	---	-2,65	9,41E-04
ANK3	239726_at	AI743588	NM_001149	288	-2,64	4,93E-04
ANK2	1561895_at	BC030740	NM_020987 NM_001148	287	-2,63	1,24E-04
PAPPA	224940_s_at	BF107618	NM_020977 NM_002581	5069	-2,63	4,08E-04
PAPPA	228128_x_at	AI110886	NM_002581	5069	-2,60	6,58E-04
AW274468	242299_at	AW274468	---	---	-2,54	9,96E-08
GRIA2	205358_at	NM_000826	NM_000826	2891	-2,54	3,09E-03
PAPPA	201981_at	AA148534	NM_002581	5069	-2,51	2,17E-04
ANK2	216195_at	AF131823	NM_001148	287	-2,51	1,40E-06
PAPPA	224941_at	BF107618	NM_020977 NM_002581	5069	-2,50	1,61E-03
LOC283404	1558195_at	BG204230	---	283404	-2,49	1,03E-07
GRIP2	216481_at	AF052177	XM_042936	80852	-2,44	1,03E-04
BF000047	235736_at	BF000047	---	---	-2,43	2,70E-05
FGF1	1552721_a_at	NM_033136	NM_000800	2246	-2,43	2,69E-04
GRIA2	236538_at	BE219628	NM_033136 NM_033137 NM_000826	2891	-2,40	8,42E-04
BM977131	1557478_at	BM977131	---	---	-2,38	9,09E-05
BHLHB2	201170_s_at	NM_003670	NM_003670	8553	-2,37	5,35E-03
CAP2	212551_at	NM_006366	NM_006366	10486	-2,36	1,47E-03
PTN	211737_x_at	BC005916	NM_002825	5764	-2,35	1,99E-06
AI051127	231478_at	AI051127	---	---	-2,34	3,52E-03
PHLDA2	209803_s_at	AF001294	NM_003311	7262	-2,32	1,79E-05
RGS11	206107_at	NM_003834	NM_003834	8786	-2,31	1,17E-03
EGR1	201694_s_at	NM_001964	NM_183337 NM_001964	1958	-2,30	5,17E-03
DKK1	204602_at	NM_012242	NM_012242	22943	-2,29	9,68E-04
ZAP128	202982_s_at	NM_006821	NM_006821	10965	-2,29	2,38E-03
AK096401	1556204_a_at	AK096401	XM_375664	400721	-2,28	4,02E-05
AI459194	227404_s_at	AI459194	---	---	-2,28	8,03E-

ES 2 689 703 T3

DKFZp313N062	1555905_a_at	AI147556	NM_173826	285343	-2,26	03 6,00E-04
LOC51315	222585_x_at	BE326678	NM_016618	51315	-2,26	7,70E-05
HIST2H2BE	202708_s_at	NM_003528	NM_003528	8349	-2,25	5,90E-05
BC035768	1559987_at	BC035768	---	---	-2,24	2,82E-04
ERBB4	206794_at	NM_005235	NM_005235	2066	-2,24	7,92E-04
IL7	206693_at	NM_000880	NM_000880	3574	-2,20	1,47E-04
AA601031	228919_at	AA601031	---	---	-2,18	1,30E-03
HS3ST1	205466_s_at	NM_005114	NM_005114	9957	-2,18	6,77E-04
ANK3	215314_at	AU146646	NM_001149	288	-2,18	3,85E-04
LOC144571	1564139_at	AK056852	NM_020987 ---	144571	-2,17	1,36E-03
ENOSF1	213645_at	AF305057	NM_017512	55556	-2,16	1,79E-06
RASGEF1B	230233_at	BF110534	NM_152545	153020	-2,16	7,76E-03
CREB5	205931_s_at	NM_004904	NM_004904	9586	-2,15	5,67E-03
CG018	213375_s_at	N80918	NM_182898 NM_182899 NM_052818	90634	-2,14	7,06E-03
GAL	214240_at	AL556409	NM_015973	51083	-2,12	7,95E-03
ANK2	202921_s_at	NM_001148	NM_001148	287	-2,11	3,33E-05
CAMK2B	209956_s_at	U23460	NM_020977 NM_001220	816	-2,10	8,15E-06
PHKA2	1560358_at	BC038597	NM_172078 NM_172079 NM_172080 NM_172081 NM_172082 NM_172083 NM_172084 NM_000292	5256	-2,08	2,64E-05
CACNA1D	210108_at	BE550599	NM_000720	776	-2,08	2,44E-03
AW954199	239331_at	AW954199	---	---	-2,08	1,68E-07
LOC150759	221973_at	AI983904	XM_498456	150759	-2,05	4,18E-04
ADCY1	235049_at	AA021120	XM_499585 NM_021116	107	-2,05	1,26E-03
AI435590	237193_s_at	AI435590	---	---	-2,02	9,66E-04
AQP1	207542_s_at	NM_000385	NM_000385	358	-2,02	1,79E-

ES 2 689 703 T3

			NM_198098			03
BE219849	240180_at	BE219849	---	---	-2,00	1,75E-03
BF111884	230491_at	BF111884	---	---	-2,00	8,24E-07
KIAA0251	1558430_at	R08650	NM_015027	23042	-2,00	5,90E-03
AI810266	235456_at	AI810266	---	---	-2,00	2,25E-07
PPP3CA	1562467_at	AK097085	NM_000944	5530	-1,97	1,35E-03
SYNPR	230303_at	H11380	NM_144642	132204	-1,96	6,12E-03
ADCY1	213245_at	AL120173	NM_021116	107	-1,96	8,54E-05
BCAR3	239908_at	AA496799	NM_003567	8412	-1,96	2,42E-03
BC025319	1568974_at	BC025319	---	---	-1,95	6,55E-05
DDEF1	1557685_at	AK054840	NM_018482	50807	-1,94	5,02E-04
NEURL	230767_at	BF448300	NM_004210	9148	-1,94	4,29E-04
STAR	204548_at	NM_000349	NM_000349	6770	-1,93	5,97E-05
			NM_00100724			
			3			
NAG8	210109_at	AF191492	NM_014411	27099	-1,92	7,56E-03
LOC55831	215250_at	AU147317	NM_018447	55831	-1,92	4,21E-04
AI927692	228528_at	AI927692	---	---	-1,91	1,93E-03
BC041941	1559597_at	BC041941	---	---	-1,90	9,44E-04
CLDN10	1556687_a_at	BE465772	NM_006984	9071	-1,90	2,11E-03
			NM_182848			
AI800713	235122_at	AI800713	---	---	-1,88	8,12E-04
ADARB1	203865_s_at	NM_015833	NM_001112	104	-1,87	6,53E-04
			NM_015833			
			NM_015834			
LOC92162	229452_at	AL544576	NM_203411	92162	-1,86	1,23E-03
AL049252	216527_at	AL049252	---	---	-1,85	4,62E-05
ARC	210090_at	AF193421	NM_015193	23237	-1,85	1,06E-04
FYN	1559101_at	AK090692	NM_002037	2534	-1,85	6,72E-04
			NM_153047			
			NM_153048			
AAK1	214956_at	AF090101	NM_014911	22848	-1,85	2,35E-03
FARP1	227996_at	BF725250	NM_00100171	10160	-1,85	2,09E-03
			5			
			NM_005766			

ES 2 689 703 T3

PTGER2	206631_at	NM_000956	NM_000956	5732	-1,84	5,50E-04
LOC360030	232744_x_at	BG485129	---	360030	-1,84	1,99E-03
TCEAL2	211276_at	AF063606	NM_080390	140597	-1,84	4,69E-04
SIGIRR	218921_at	NM_021805	NM_021805	59307	-1,83	2,45E-03
RAB7	239405_at	A1022632	NM_004637	7879	-1,83	1,40E-04
CAMK2B	210404_x_at	AF078803	NM_001220	816	-1,82	2,11E-06
			NM_172078 NM_172079 NM_172080 NM_172081 NM_172082 NM_172083 NM_172084			
ERBB4	214053_at	AW772192	NM_005235	2066	-1,82	9,63E-05
FLJ13955	227001_at	AI096706	NM_024759	79815	-1,81	1,39E-03
AI697701	243666_at	AI697701	---	---	-1,81	1,63E-04
AK024567	234597_at	AK024567	---	---	-1,81	4,51E-07
RHOQ	1559582_at	BC033251	NM_012249	23433	-1,81	2,02E-03
ATP2B3	207026_s_at	NM_021949	NM_00100134 4 NM_021949	492	-1,81	3,94E-03
BF055351	231205_at	BF055351	---	---	-1,79	3,90E-03
ACYP2	206833_s_at	NM_001108	NM_138448	98	-1,79	1,40E-04
CAMK2B	211483_x_at	AF081924	NM_001220	816	-1,78	7,39E-06
			NM_172078 NM_172079 NM_172080 NM_172081 NM_172082 NM_172083 NM_172084			
DUSP5	209457_at	U16996	NM_004419	1847	-1,77	7,59E-04
NLF1	241031_at	BE218239	NM_207322	145741	-1,77	1,06E-06
DTNA	240125_at	AI697494	NM_001390	1837	-1,77	2,09E-03
			NM_001391 NM_001392 NM_032975 NM_032978 NM_032979 NM_032980 NM_032981			
FLJ12671	233728_at	AU148213	NM_030980	81875	-1,77	1,42E-03

ES 2 689 703 T3

TM4SF2	234245_at	AL162055	NM_004615	7102	-1,76	3,16E-03
MGC13040	224463_s_at	BC006128	NM_032930	85016	-1,76	9,67E-03
IGFBP5	211959_at	AW007532	NM_000599	3488	-1,76	5,39E-03
COL9A2	213622_at	AI733465	NM_001852	1298	-1,76	2,66E-03
AB088847	1555547_at	AB088847	---	---	-1,76	4,05E-06
UGCGL2	1558467_a_at	BE156619	NM_020121	55757	-1,75	2,63E-03
GPX7	213170_at	AA406605	NM_015696	2882	-1,75	1,66E-03
RLF	241438_at	AI742686	NM_012421	6018	-1,75	3,53E-03
DUSP16	1558739_at	R30807	NM_030640	80824	-1,74	1,87E-04
SORCS1	1556891_at	BE328250	NM_052918	114815	-1,74	2,33E-03
ANK2	202920_at	BF726212	NM_001148	287	-1,73	1,72E-04
AL119491	244292_at	AL119491	NM_020977 ---	---	-1,73	2,74E-03
ATP2B3	242036_x_at	H09073	NM_00100134 4	492	-1,72	2,83E-03
DRD1IP	219896_at	NM_015722	NM_021949 NM_015722	50632	-1,72	4,50E-04
KCNQ2	205737_at	NM_004518	NM_004518	3785	-1,72	4,02E-06
LOC51315	233329_s_at	AK025986	NM_172106 NM_172107 NM_172108 NM_172109 NM_016618	51315	-1,71	4,22E-05
PNCK	229411_at	AI986390	NM_198452	139728	-1,71	9,68E-05
AA007336	237586_at	AA007336	---	---	-1,71	5,37E-04
AI681941	237663_at	AI681941	---	---	-1,71	9,56E-04
SRPK2	242755_at	BE672140	NM_182691	6733	-1,71	3,64E-05
C9orf3	232783_at	AI147867	NM_182692 NM_032823	84909	-1,70	4,59E-03
RGAG4	227823_at	BE348679	XM_291322	340526	-1,70	6,60E-05
AK098781	1560814_a_at	AK098781	---	---	-1,69	7,73E-04
ERBB4	233498_at	AK024204	NM_005235	2066	-1,69	1,49E-03
C9orf10	241242_at	BE503118	NM_014612	23196	-1,68	1,66E-03
BF342356	238934_at	BF342356	---	---	-1,67	6,33E-06
IER3	201631_s_at	NM_003897	NM_003897	8870	-1,67	2,10E-

ES 2 689 703 T3

						06
AU147091	232818_at	AU147091	NM_052815 XM_097622	149297	-1,67	1,82E-05
SNX27	244349_at	AI807658	NM_030918	81609	-1,66	4,72E-04
ACSL4	1559663_at	AF090916	NM_004458	2182	-1,66	4,29E-04
AA705933	239866_at	AA705933	NM_022977 ---	---	-1,66	1,19E-04
PRR3	244204_at	W87300	NM_025263	80742	-1,66	4,53E-03
TMP21	239851_at	AW629289	NM_006827	10972	-1,66	5,43E-03
DDHD1	231165_at	BE857355	NM_030637	80821	-1,65	5,85E-07
BRD4	232551_at	AA521443	NM_014299	23476	-1,65	1,19E-03
LRRC5	234148_at	AK025238	NM_058243 NM_018103	55144	-1,65	6,30E-04
BE674309	230913_at	BE674309	---	---	-1,64	9,40E-04
AI052447	236796_at	A1052447	---	---	-1,64	1,69E-05
BF513468	241505_at	BF513468	---	---	-1,63	7,53E-03
KIAA0754	215268_at	AW663712	---	23056	-1,62	1,40E-05
FLJ10378	242153_at	AW264125	NM_018078	55132	-1,62	6,22E-03
AGPAT3	223182_s_at	AI337300	NM_032239 NM_178043 NM_020132	56894	-1,62	7,22E-06
C9orf150	216769_x_at	AK025180	NM_203403	286343	-1,62	6,30E-03
LOC286411	1557133_at	AV753446	---	286411	-1,62	1,50E-03
HNRPD	213359_at	W74620	NM_00100381 0 NM_002138 NM_031369 NM_031370 NM_020990	3184	-1,61	9,97E-03
CKMT1	1561155_at	W76548	NM_020990	1159	-1,61	1,10E-03
BF433341	235977_at	BF433341	---	---	-1,61	3,15E-03
PRKACB	202742_s_at	NM_002731	NM_002731	5567	-1,61	2,42E-03
FLJ45880	228538_at	BE671164	NM_182948 NM_207578 NM_207404	389114	-1,59	3,25E-03
CRYGS	223643_at	AI762135	NM_017541	1427	-1,58	2,85E-05
BACH2	221234_s_at	NM_021813	NM_021813	60468	-1,58	2,32E-05
AW150212	1556038_at	AW150212	---	---	-1,58	7,16E-

ES 2 689 703 T3

CDH12	207149_at	L33477	NM_004061	1010	-1,58	7,69E-03
AB062488	1555014_x_at	AB062488	---	---	-1,58	1,71E-03
RHOU	223168_at	AL096776	NM_021205	58480	-1,57	2,07E-07
C21orf66	239407_at	AI793248	NM_013329	94104	-1,57	4,80E-03
ENOSF1	204143_s_at	NM_017512	NM_016631 NM_058191 NM_145328 NM_017512	55556	-1,56	4,33E-04
BE894882	235681_at	BE894882	---	---	-1,55	4,33E-05
AW606588	239008_at	AW606588	---	---	-1,54	5,81E-03
SYTL1	227134_at	AI341537	NM_032872	84958	-1,54	6,41E-03
AK025360	216173_at	AK025360	---	---	-1,54	2,23E-04
DKFZP564D166	231799_at	AK021886	XM_371074	26115	-1,54	7,37E-03
LGALS3BP	200923_at	NM_005567	NM_005567	3959	-1,54	5,18E-09
AI768374	228661_s_at	AI768374	---	---	-1,54	1,48E-03
AA639707	243837_x_at	AA639707	---	---	-1,54	3,39E-03
AI821995	240201_at	AI821995	---	---	-1,54	1,51E-04
PHGDHL1	241932_at	AI073803	NM_177967	337867	-1,53	2,06E-03
LOC51315	218303_x_at	NM_016618	NM_016618	51315	-1,53	2,32E-05
C10orf10	209183_s_at	AL136653	NM_007021	11067	-1,52	3,47E-03
AI817960	239649_at	A1817960	---	---	-1,52	9,05E-05
CTBP2	215377_at	AK024129	NM_001329	1488	-1,52	3,37E-04
AI828075	230795_at	AI828075	NM_022802 ---	---	-1,51	3,70E-05
ARHGAP20	228368_at	AI936560	NM_020809	57569	-1,51	1,86E-03
BC020585	1568817_at	BC020585	---	---	-1,51	6,55E-04
NDRG1	200632_s_at	NM_006096	NM_006096	10397	-1,51	1,79E-04
SLICK	234103_at	AU145191	NM_198503	343450	-1,51	8,70E-03
PROM1	204304_s_at	NM_006017	NM_006017	8842	-1,51	1,53E-04
THADA	233692_at	AK024928	NM_022065	63892	-1,51	8,55E-05
FBXL13	243057_at	AI923673	NM_198554 NM_145032	222235	-1,50	2,27E-03

ES 2 689 703 T3

LOC54103	222150_s_at	AK026747	XM_379881	54103	-1,50	3,51E-04
			XM_499340			
BE552011	230208_at	BE552011	---	---	-1,50	4,21E-03
MGC45477	1554250_s_at	BC033812	---	387277	-1,50	3,37E-04
AI521273	241702_at	AI521273	---	---	-1,49	2,58E-03
AL833239	1560082_at	AL833239	---	---	-1,49	2,21E-03
BACE1	217904_s_at	NM_012104	NM_012104	23621	-1,48	3,27E-05
			NM_138971			
			NM_138972			
			NM_138973			
PRSS11	201185_at	NM_002775	NM_002775	5654	-1,48	7,56E-04
PTPRH	208300_at	NM_002842	NM_002842	5794	-1,48	2,27E-03
C9orf150	227443_at	AI972386	NM_203403	286343	-1,48	1,85E-03
FLJ10159	236602_at	AA833813	---	55084	-1,48	1,23E-06
GLT25D2	209883_at	AF288389	NM_015101	23127	-1,47	9,47E-04
LOC133308	229491_at	BF433180	NM_178833	133308	-1,47	2,89E-03
KIAA1276	233823_at	AB033102	XM_039169	27146	-1,46	3,60E-04
GNRHR	1568661_at	BC039430	NM_000406	2798	-1,46	8,63E-03
RAB6B	221792_at	AW118072	NM_016577	51560	-1,46	2,71E-03
FLJ12666	215029_at	AL117451	NM_024595	79647	-1,45	1,46E-04
LOC23117	238342_at	BF677084	XM_290670	23117	-1,45	1,20E-05
BG430958	1559455_at	BG430958	---	---	-1,44	7,89E-04
C6orf148	237347_at	AL039379	NM_030568	80759	-1,44	3,82E-04
MAST4	225613_at	AI096389	XM_291141	23227	-1,44	4,89E-03
AL832439	1560661_x_at	AL832439	---	---	-1,44	3,31E-04
AA824624	239531_at	AA824624	---	---	-1,44	1,73E-05
AU146893	229858_at	AU146893	---	---	-1,44	1,74E-03
NDFIP2	1568807_a_at	AI301081	NM_019080	54602	-1,43	4,05E-06
SFRS1	239384_at	R18746	NM_006924	6426	-1,43	8,25E-03
STMN2	203001_s_at	NM_007029	NM_007029	11075	-1,43	6,36E-03
PTP4A3	209695_at	BC003105	NM_007079	11156	-1,43	3,11E-05
			NM_032611			
BE671117	243114_at	BE671117	---	---	-1,43	3,37E-

ES 2 689 703 T3

AK021551	232589_at	AK021551	---	---	-1,43	04 2,58E-
SRP54	1557505_a_at	AI076351	NM_003136	6729	-1,42	03 1,37E-
KIAA1641	220940_at	NM_025190	NM_020970	57730	-1,42	03 1,31E-
AW591282	231374_at	AW591282	---	---	-1,42	04 5,06E-
MCM3AP	215581_s_at	AK022303	NM_003906	8888	-1,42	03 7,91E-
TPD52	239862_at	W89022	NM_005079	7163	-1,42	04 1,59E-
MGC15523	1563226_at	BC020925	NM_138570	124565	-1,42	04 3,66E-
CEBPD	203973_s_at	NM_005195	NM_005195	1052	-1,42	03 2,21E-
LOC133308	1564746_at	BC009732	NM_178833	133308	-1,41	05 9,96E-
AI041215	242912_at	AI041215	---	---	-1,41	03 1,41E-
BTN3A3	204820_s_at	NM_006994	NM_006994	10384	-1,41	03 3,26E-
BTN3A2			NM_007047 NM_197974 NM_033055	11118		
HIAT1	242374_at	AA747563		64645	-1,41	03 1,51E-
KIAA0500	213839_at	AW028110	---	57237	-1,40	04 2,08E-
C9orf41	1564690_at	BC022435	NM_152420	138199	-1,40	04 2,81E-
AL832439	1560659_at	AL832439	---	---	-1,40	05 4,57E-
ABR	214671_s_at	L19704	NM_001092	29	-1,40	04 1,63E-
BE219187	237594_at	BE219187	NM_021962 ---	---	-1,40	03 1,72E-
HLCS	207833_s_at	NM_000411	NM_000411	3141	-1,39	03 7,33E-
NFYC	1558782_a_at	BG390627	NM_014223	4802	-1,39	03 2,59E-
SNF1LK	208078_s_at	NM_030751	NM_173354	150094	-1,39	03 3,83E-
C9orf150	233112_at	AW301393	NM_203403	286343	-1,39	03 1,07E-
SCFD1	243525_at	AA808051	NM_016106	23256	-1,39	04 5,74E-
AA936428	244674_at	AA936428	NM_182835 ---	---	-1,39	03 1,59E-
DKFZp761N1 11	229254_at	BE550027	NM_181644	148808	-1,39	06 3,32E-
AI691075	229728_at	AI691075	---	---	-1,38	04 1,16E-
FLJ11710	244646_at	AW972881	---	79904	-1,38	03 7,97E-
AGPAT3	223183_at	AI928403	NM_20132	56894	-1,38	04 6,88E-
BC037911	1568981_at	BC037911	---	---	-1,38	04 1,58E-

ES 2 689 703 T3

RHOU	223169_s_at	AB051826	NM_021205	58480	-1,38	05 6,23E-03
AW172407	240908_at	AW172407	XM_373053	391733	-1,38	1,17E-04
HIST1H2BK	209806_at	BC000893		85236	-1,38	1,12E-04
BE046461	215303_at	BE046461	NM_080593 ---	---	-1,38	7,47E-04
AA973100	230725_at	AA973100	---	---	-1,38	8,35E-07
SRP54	1557504_at	A1076351	NM_003136	6729	-1,38	5,06E-03
FLJ13197	219871_at	NM_024614	NM_024614	79667	-1,37	8,97E-03
OR7D2	1562337_at	AK095468	NM_175883	162998	-1,37	2,08E-04
TRIM32	1557315_a_at	AL134420	NM_012210	22954	-1,37	2,53E-03
AI394334	232696_at	AI394334	---	---	-1,37	2,28E-03
BIRC6	242068_at	AA608834	NM_016252	57448	-1,37	7,28E-03
ETFA	239830_at	AW850555	NM_000126	2108	-1,37	4,23E-04
PDGFRB	202273_at	NM_002609	NM_002609	5159	-1,37	1,64E-04
DDEF1	232952_at	AU146493	NM_018482	50807	-1,37	3,89E-03
AI912571	228333_at	AI912571	---	---	-1,36	9,03E-04
AW150212	1556039_s_at	AW150212	---	---	-1,36	2,10E-04
SLC16A14	238029_s_at	R15072	NM_152527	151473	-1,36	3,15E-04
COL6A1	212091_s_at	AI141603	NM_001848	1291	-1,35	4,35E-04
TMEM1	215269_at	AI922538	NM_00100172 3 NM_003274 ---	7109	-1,35	7,34E-04
AA262583	238534_at	AA262583	---	---	-1,35	3,27E-03
AL037414	230055_at	AL037414	---	---	-1,35	3,69E-04
KIF1A	203849_s_at	BG473130	NM_004321	547	-1,35	3,10E-03
KIAA1904	1559072_a_at	BC032083	NM_052906	114794	-1,34	4,03E-03
ACSL4	1557418_at	W95007	NM_004458	2182	-1,34	4,22E-04
ATP1B4	243737_at	AI082610	NM_022977 NM_012069	23439	-1,34	4,77E-03
MAP2K5	244298_at	AA702999	NM_002757	5607	-1,34	3,13E-05
GAL	207466_at	NM_015973	NM_145160 NM_145161 NM_145162 NM_015973	51083	-1,33	8,78E-

ES 2 689 703 T3

DOC2A	205744_at	NM_003586	NM_003586	8448	-1,33	03 3,98E-07
AV703843	1560775_at	AV703843	---	---	-1,33	4,77E-03
PCTK3	214797_s_at	BC000281	NM_002596	5129	-1,33	9,10E-04
DKFZp761O011	207797_s_at	NM_018409	NM_212502 NM_212503 NM_018409	55805	-1,33	6,16E-03
RAC2	207419_s_at	NM_002872	NM_002872	5880	-1,33	4,07E-03
STMN2	203000_at	BF967657	NM_007029	11075	-1,32	8,36E-03
D4S234E	209569_x_at	NM_014392	NM_014392	27065	-1,32	1,21E-06
AV709727	225996_at	AV709727	---	---	-1,32	2,28E-03
C19orf4	219005_at	NM_012109	NM_012109	25789	-1,32	6,30E-06
AI276956	230766_at	AI276956	---	---	-1,32	5,11E-04
C13orf22	1562238_at	AL832776	NM_005800	10208	-1,32	1,46E-03
CRYZL1	243091_at	BF435599	NM_005111	9946	-1,32	7,89E-03
HR	241355_at	BF528433	NM_145311 NM_145858 NM_005144	55806	-1,32	3,52E-03
LOC285513	1564077_at	AK074440	NM_018411 NM_198281	285513	-1,32	8,81E-03
AI973085	239765_at	AI973085	---	---	-1,32	9,72E-03
DJ462O23,2	225876_at	T84558	NM_020448	57185	-1,31	3,81E-03
PKD1	216949_s_at	L39891	NM_000296	5310	-1,31	4,56E-03
MAD	226275_at	AI188653	NM_00100994 4 NM_002357	4084	-1,31	3,40E-03
MSI2	243579_at	BF029215	NM_138962	124540	-1,31	4,03E-03
UGCGL2	1558466_at	BE156619	NM_170721 NM_020121	55757	-1,31	7,77E-04
DDEF1	238193_at	W87434	NM_018482	50807	-1,31	6,32E-04
KIAA1277	221886_at	AL037701	NM_015689	27147	-1,31	3,41E-07
AI056683	228171_s_at	AI056683	---	---	-1,31	8,22E-04
FYN	243006_at	BG222258	NM_002037	2534	-1,31	1,31E-04
GART	236969_at	AI961651	NM_153047 NM_153048 NM_000819	2618	-1,30	9,66E-

ES 2 689 703 T3

						06
FLJ32130	242272_at	AI375066	NM_175085 NM_152458	146540	-1,30	2,75E-04
C6orf198	227834_at	AL589605	XM_371849	167838	-1,30	9,19E-03
DTNA	210736_x_at	U46746	NM_001390	1837	-1,30	5,47E-03
			NM_001391 NM_001392 NM_032975 NM_032978 NM_032979 NM_032980 NM_032981 NM_014445			
SERP1	235475_at	AI580135	NM_199050	27230	-1,30	1,39E-03
C21orf25	212875_s_at	AP001745	---	25966	-1,30	5,16E-05
MGC12488	211386_at	BC005372	---	84786	-1,30	2,63E-03
BM989131	1558075_at	BM989131	---	---	-1,30	1,86E-04
ENOSF1	204142_at	NM_017512	NM_017512	55556	-1,30	6,73E-04
AW014345	236229_at	AW014345	---	---	-1,29	1,23E-05
PKD1	202328_s_at	NM_000296	NM_000296	5310	-1,29	5,93E-03
			NM_00100994 4			
KIAA1276	227505_at	N64630	XM_039169	27146	-1,29	9,12E-04
AL390170	213904_at	AL390170	---	---	-1,29	4,93E-04
BE672499	230962_at	BE672499	---	---	-1,28	1,31E-05
FLJ20753	229918_at	AB046860	XM_371082	55036	-1,28	1,20E-05
SIGIRR	52940_at	AA085764	NM_021805	59307	-1,28	3,70E-04
S100A6	217728_at	NM_014624	NM_014624	6277	-1,28	5,27E-04
UCN	206072_at	NM_003353	NM_003353	7349	-1,28	1,49E-03
INSL3	214572_s_at	NM_005543	NM_005543	3640	-1,28	3,79E-03
TBX3	243234_at	BG055137	NM_005996	6926	-1,28	1,16E-04
			NM_016569 NM_198285			
LOC349136	242452_at	AI683911	XM_496239	349136	-1,28	4,80E-04
LOC440457	206088_at	NM_014834	---	440457	-1,28	1,40E-03
LONP	221833_at	AI971258	NM_031490	83752	-1,27	6,14E-03
LOC158301	239193_at	BF060981	---	158301	-1,27	2,55E-04
AW449624	239379_at	AW449624	---	---	-1,27	2,70E-03

ES 2 689 703 T3

KCTD13	45653_at	AW026481	NM_178863	253980	-1,27	2,70E-06
ST7L	216123_x_at	AK024158	NM_017744	54879	-1,27	1,64E-04
			NM_138727 NM_138728 NM_138729 NM_198327 NM_198328			
AA835417	243007_at	AA835417	---	---	-1,27	1,46E-03
FLJ40342	1558854_a_at	BG616498	NM_152347	124989	-1,27	5,60E-05
UBE2D3	233303_at	AL110175	NM_003340	7323	-1,26	6,81E-05
			NM_181886 NM_181887 NM_181888 NM_181889 NM_181890 NM_181891 NM_181892 NM_181893 NM_199450			
ZNF365	206448_at	NM_014951	NM_199451 NM_199452 NM_000076	22891	-1,26	1,40E-03
CDKN1C	213182_x_at	R78668	NM_000076	1028	-1,26	1,79E-03
FLJ32130	1554769_at	BC040642	NM_152458	146540	-1,26	3,10E-04
ICAM2	213620_s_at	AA126728	NM_000873	3384	-1,26	5,57E-03
KIAA0256	216278_at	AL109705	NM_014701	9728	-1,26	1,61E-03
BF432875	235782_at	BF432875	XM_497668	388620	-1,26	4,13E-04
PRKACB	202741_at	AA130247	NM_002731	5567	-1,25	3,74E-04
			NM_182948 NM_207578 ---			
BG548427	235547_at	BG548427	---	---	-1,25	2,88E-03
MCF2L	35147_at	AB002360	NM_024979	23263	-1,25	1,29E-04
AGPAT3	223184_s_at	BC004219	NM_020132	56894	-1,25	7,98E-04
HSD17B1	205829_at	NM_000413	NM_000413	3292	-1,25	2,09E-03
AF086013	1556543_at	AF086013	---	---	-1,25	7,87E-04
FAH	202862_at	NM_000137	NM_000137	2184	-1,25	3,32E-03
FLJ23754	1553248_at	NM_152675	NM_152675	201252	-1,25	8,02E-03
RAB6B	225259_at	AI805050	NM_016577	51560	-1,25	8,67E-05
ZNF148	243559_at	BF515306	NM_021964	7707	-1,25	2,25E-03
HIAT1	230868_at	BF433103	NM_033055	64645	-1,24	2,21E-

ES 2 689 703 T3

GAD2	243265_at	AW444497	NM_000818	2572	-1,24	03 4,66E-
KCTD13	221889_at	AW026481	NM_178863	253980	-1,24	03 1,81E-
PAN3	239597_at	AA993566	NM_175854	255967	-1,24	04 8,71E-
RPIP8	206196_s_at	NM_006695	NM_006695	10900	-1,24	03 4,99E-
FBXO22	215854_at	AU146050	NM_012170	26263	-1,24	03 8,97E-
			NM_147188			04
AI733281	239994_at	AI733281	---	---	-1,24	03 8,71E-
COL6A1	213428_s_at	AA292373	NM_001848	1291	-1,23	05 1,41E-
PHC3	215521_at	AK023029	NM_024947	80012	-1,23	05 2,90E-
BF431902	228469_at	BF431902	---	---	-1,23	05 3,29E-
SLC7A1	215401_at	AU147698	NM_003045	6541	-1,23	03 4,72E-
ABCC5	226363_at	BE550362	NM_005688	10057	-1,23	05 1,08E-
WDR9	225446_at	AI638279	NM_00100724	54014	-1,22	04 4,64E-
			6			03
			NM_018963			
			NM_033656			
C21orf18	213989_x_at	AB004853	NM_00100725	54093	-1,22	4,28E-
			8			04
			NM_00100725			
			9			
			NM_00100726			
			0			
			NM_00100726			
			1			
			NM_00100726			
			2			
			NM_017438			
FLJ11267	220216_at	NM_019607	NM_019607	56260	-1,22	2,57E-
						04
BE217890	240046_at	BE217890	---	---	-1,22	1,64E-
						03
UBE2D3	242403_at	AI459177	NM_003340	7323	-1,22	7,24E-
						05
			NM_181886			
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NM_181893			
AI697662	231465_at	AI697662	---	---	-1,22	6,05E-
						06
WDR9	1553227_s_at	NM_018963	NM_00100724	54014	-1,22	9,76E-
			6			0,3
			NM_018963			
			NM_033656			
AI985021	238918_at	AI985021	---	---	-1,22	3,05E-

ES 2 689 703 T3

LOC387904	243760_at	AI739231	XM_370711	387904	-1,21	8,97E-03
GFRA3	214479_at	NM_001496	NM_001496	2676	-1,21	3,99E-03
BF196060	236521_at	BF196060	---	---	-1,21	8,75E-04
CDKN1C	219534_x_at	NM_000076	NM_000076	1028	-1,21	3,80E-04
FLJ10613	46947_at	T87245	NM_019067	54552	-1,21	6,49E-03
BG288330	235028_at	BG288330	---	---	-1,20	3,05E-03
PPP3CA	236545_at	AA532718	NM_000944	5530	-1,20	2,51E-03
EXT1	1564378_a_at	AK025101	NM_000127	2131	-1,20	9,41E-04
AI862542	235696_at	AI862542	---	---	-1,20	3,39E-04
D4S234E	213533_at	M98528	NM_014392	27065	-1,20	2,09E-05
AL353951	232601_at	AL353951	XM_498488	439987	-1,20	9,24E-03
OKFZp434O052	1557879_at	BF110506	NM_194302	255101	-1,20	1,41E-03
MCTP1	220122_at	NM_024717	NM_001002796	79772	-1,20	2,83E-05
VN1R1	221412_at	NM_020633	NM_024717 NM_020633	57191	-1,20	1,29E-03
H29132	241658_at	H29132	---	---	-1,20	2,35E-03
MGC13057	232773_at	AI932618	NM_032321	84281	-1,20	2,72E-03
LOC51619	244046_at	BF939235	NM_015983	51619	-1,20	5,06E-03
HNRPR	232004_at	AK001846	NM_005826	10236	-1,20	5,41E-04
U80764	222128_at	U80764	---	---	-1,20	1,17E-04
RAB6IP2	1557738_at	BC041344	NM_015064	23085	-1,19	2,25E-03
LOC255326	239151_at	BG427809	NM_178037 NM_178038 NM_178039 NM_178040 XM_497224	255326	-1,19	4,72E-04
CTBP2	233315_at	AK024947	NM_001329	1488	-1,19	1,31E-03
MCF2L	212935_at	AB002360	NM_022802 NM_024979	23263	-1,19	4,90E-05
BF514509	239049_at	BF514509	---	---	-1,19	6,48E-03
AA678564	238620_at	AA678564	---	---	-1,19	9,54E-03
AW364675	239066_at	AW364675	---	---	-1,19	6,72E-04
BE856960	242712_x_at	BE856960	---	---	-1,18	8,35E-

ES 2 689 703 T3

TYMS	217690_at	BG281679	NM_001071	7298	-1,18	03 3,35E-
AL530703	231882_at	AL530703	XM_498570	440156	-1,18	03 1,80E-
SH3BGR	204979_s_at	NM_007341	NM_00100171 3	6450	-1,18	06 6,25E-
KIF5C	1557089_at	CA449408	NM_007341 XM_377774	3800	-1,18	05 8,52E-
AP1GBP1	243667_at	AW977986	NM_007247	11276	-1,18	03 2,85E-
DCAMKL1	205399_at	NM_004734	NM_080550 NM_004734	9201	-1,18	04 8,71E-
JAG2	32137_at	Y14330	NM_002226	3714	-1,18	03 9,67E-
TNFRSF25	219423_x_at	NM_003790	NM_145159 NM_003790	8718	-1,18	03 9,97E-
			NM_148965 NM_148966 NM_148967 NM_148968 NM_148969 NM_148970 NM_148971 NM_148972 NM_148973 NM_148974			05
R99939	239245_at	R99939	XM_498488	439987	-1,18	2,96E-
KLF9	203542_s_at	AI690205	NM_001206	687	-1,18	03 9,74E-
ZC3HDC1	218543_s_at	NM_022750	NM_022750	64761	-1,17	05 7,23E-
IDS	1559136_s_at	AU140213	NM_000202	3423	-1,17	04 9,45E-
CDKN1C	213348_at	N33167	NM_006123 NM_000076	1028	-1,17	03 3,74E-
MLLT10	238257_at	N64035	NM_00100956 9	8028	-1,17	04 8,79E-
LRRN6A	227933_at	AI193252	NM_004641 NM_032808	84894	-1,17	03 5,79E-
IL10RB	209575_at	BC001903	NM_000628	3588	-1,17	05 2,48E-
KIF1A	225482_at	AL533416	NM_004321	547	-1,17	04 1,50E-
FAM46A	221766_s_at	AW246673	NM_017633	55603	-1,17	03 3,00E-
D4S234E	209570_s_at	BC001745	NM_014392	27065	-1,17	04 3,84E-
PDCD2	228420_at	AW590850	NM_002598	5134	-1,17	06 2,71E-
DKFZp313N062	1555906_s_at	AI147556	NM_144781 NM_173826	285343	-1,17	03 1,60E-
TIMP1	201666_at	NM_003254	NM_003254	7076	-1,17	05 1,45E-

ES 2 689 703 T3

LOC401074	1559826_a_at	BC039495	XM_376247	401074	-1,16	03 6,12E-
AW300500	228907_at	AW300500	---	---	-1,16	03 9,31E-
BACH2	227173_s_at	AW450901	NM_021813	60468	-1,16	03 1,95E-
FLJ11800	220575_at	NM_024974	NM_024974	80039	-1,15	04 8,14E-
AU146999	215986_at	AU146999	---	---	-1,15	05 4,17E-
FLJ10404	243047_at	AV698751	NM_019057	54540	-1,15	05 3,32E-
AI744451	81811_at	AI744451	XM_373053	391733	-1,15	06 6,74E-
UBE2D3	240383_at	AI239832	NM_003340	7323	-1,15	04 1,23E-
			NM_181886			03
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NM_181893			
YEATS2	236462_at	AA742310	NM_018023	55689	-1,15	9,25E-
LTBP3	219922_s_at	NM_021070	NM_021070	4054	-1,15	03 3,83E-
IREB2	1563130_a_at	AL109710	NM_004136	3658	-1,15	05 6,76E-
CRYGS	223644_s_at	AF161703	NM_017541	1427	-1,15	04 2,33E-
BE326951	243562_at	BE326951	---	---	-1,15	03 3,70E-
KIAA0217	241965_at	BF589232	NM_015155	23185	-1,15	03 6,15E-
AK024175	222152_at	AK024175	XM_373053	391733	-1,15	04 6,88E-
DNAJB5	207453_s_at	NM_012266	NM_012266	25822	-1,14	04 8,99E-
AI798680	227943_at	AI798680	---	---	-1,14	05 1,60E-
VPS13C	235023_at	AA828371	NM_017684	54832	-1,14	03 2,37E-
LAF4	232286_at	AA572675	NM_002285	3899	-1,14	03 5,79E-
AA021559	244815_at	AA021559	---	---	-1,14	03 1,83E-
AI051572	243310_at	AI051572	---	---	-1,14	03 4,12E-
PAK3	214078_at	AF070581	NM_002578	5063	-1,14	04 2,48E-
RNF19	230599_at	AI681558	NM_015435	25897	-1,14	05 5,16E-
			NM_183419			03
SH3GL2	205751_at	NM_003026	NM_003026	6456	-1,14	04 7,99E-
AA779679	227805_at	AA779679	---	---	-1,13	04 3,80E-

ES 2 689 703 T3

BC009525	1568813_at	BC009525	---	---	-1,13	2,50E-03
AA682539	235575_at	AA682539	---	---	-1,13	2,54E-03
PSMB7	244801_at	AI248671	NM_002799	5695	-1,13	3,90E-06
FARP1	239246_at	AW102941	NM_001001715	10160	-1,13	2,54E-03
SF3B14	1561923_a_at	AF147425	NM_005766 NM_016047	51639	-1,13	1,53E-03
KATNB1	203163_at	NM_005886	NM_005886	10300	-1,13	6,37E-05
FLJ10246	220458_at	NM_018038	NM_018038	55104	-1,13	1,74E-03
BE738279	242546_at	BE738279	XM_498570	440156	-1,13	1,10E-07
ABR	212895_s_at	AL527773	NM_001092	29	-1,13	2,07E-03
AI631833	227396_at	AI631833	NM_021962 ---	---	-1,12	5,31E-03
AI424872	81737_at	AI424872	XM_497487	441749	-1,12	1,92E-03
AK027225	222145_at	AK027225	XM_497487	441749	-1,12	2,62E-04
BIRC1	204860_s_at	AI817801	NM_004536	4671	-1,12	3,81E-03
SLC12A7	218066_at	NM_006598	NM_006598	10723	-1,12	2,90E-03
TRIO	209010_s_at	AI797657	NM_007118	7204	-1,12	7,12E-05
AV699781	239577_at	AV699781	---	---	-1,12	1,61E-03
AB037813	231969_at	AB037813	---	---	-1,12	9,92E-03
ABCC3	208161_s_at	NM_020037	NM_003786	8714	-1,12	5,49E-03
ATP2B2	204685_s_at	R52647	NM_020037 NM_020038 NM_001001331	491	-1,12	3,74E-05
FGF7	230918_at	BE856598	NM_001683 NM_002009	2252	-1,12	7,41E-03
MRAS	225185_at	BF343625	NM_012219	22808	-1,12	4,78E-04
LOC255326	231106_at	AI684591	XM_497224	255326	-1,11	2,25E-04
BTN3A3	204821_at	NM_006994	NM_006994	10384	-1,11	3,77E-04
PPP2R5C	1557718_at	AL834350	NM_197974 NM_002719	5527	-1,11	2,73E-03
BE467577	228251_at	BE467577	NM_178586 NM_178587 NM_178588 ---	---	-1,11	3,53E-03
BM983749	1558686_at	BM983749	---	---	-1,11	5,76E-

ES 2 689 703 T3

AK022031	1556713_at	AK022031	---	---	-1,11	04 3,57E-
PPP3R1	1565811_at	BC033945	NM_000945	5534	-1,11	03 1,10E-
AI907083	222380_s_at	AI907083	XM_373053	391733	-1,11	03 5,00E-
DNAH5	243938_x_at	AI872645	NM_001369	1767	-1,11	03 1,58E-
PRPH	213847_at	NM_006262	NM_006262	5630	-1,10	03 3,67E-
AI796536	229810_at	AI796536	---	---	-1,10	03 1,23E-
R3HDM	210714_at	BC001217	NM_015361	23518	-1,10	04 5,50E-
AA412065	242492_at	AA412065	---	---	-1,10	03 1,37E-
SCN2A2	206381_at	NM_021007	NM_021007	6326	-1,10	03 5,85E-
AU 157716	227051_at	AU157716	---	---	-1,10	03 3,37E-
LOC339047	214682_at	AK023376	XM_290671	339047	-1,10	03 9,05E-
CNOT4	1559347_at	BI599409	NM_00100822 5	4850	-1,10	04 5,45E-
POFUT2	209578_s_at	BC000626	NM_013316 NM_015227	23275	-1,10	03 5,47E-
PTN	209466_x_at	M57399	NM_133634 NM_133635 NM_002825	5764	-1,10	04 2,17E-
BF001773	241906_at	BF001773	---	---	-1,10	03 3,71E-
TM4SF8	232632_at	AU145719	NM_005724	10099	-1,10	03 3,31E-
CKLFSF8	234562_x_at	AK000115	NM_198902 NM_178868	152189	-1,10	04 5,38E-
PCSK7	232521_at	AK027156	NM_00100152 2	6876	-1,10	03 8,49E-
TAGLN				9159		
HNRPD	236000_s_at	AA863112	NM_003186 NM_004716 NM_00100381 0	3184	-1,10	03 1,74E-
FARP1	235501_at	AW961576	NM_002138 NM_031369 NM_031370 NM_00100171 5	10160	-1,10	03 2,99E-
LOC255326	242393_x_at	AV708982	NM_005766 XM_497224	255326	-1,10	03 5,74E-
IBTK	215086_at	AB037838	NM_015525	25998	-1,10	03 8,89E-
DTNA	211493_x_at	U46744	NM_001390	1837	-1,10	03 3,03E-
			NM_001391 NM_001392			

ES 2 689 703 T3

			NM_032975 NM_032978 NM_032979 NM_032980 NM_032981 NM_001390	1837	-1,10	3,15E-03
DTNA	227084_at	AW339310				
			NM_001391 NM_001392 NM_032975 NM_032978 NM_032979 NM_032980 NM_032981 XM_379881	54103	-1,10	8,79E-03
LOC54103	213142_x_at	AV700415	XM_499340			
AA088430	242556_at	AA088430	---	---	-1,10	2,33E-04
RP42	242428_at	N58513	NM_020640	54165	-1,09	9,11E-03
KIAA1731	1565830_at	AL833615	XM_374922	85459	-1,09	3,43E-03
LOC284408	1558809_s_at	AK094324	---	284408	-1,09	6,98E-05
LOC255326	233271_at	AU145563	XM_497224	255326	-1,09	6,71E-05
AW290940	226773_at	AW290940	---	---	-1,09	4,20E-05
TAGLN2	200916_at	NM_003564	NM_003564	8407	-1,09	2,34E-03
HIST1H2BD	209911_x_at	BC002842		3017	-1,09	2,10E-03
			NM_021063 NM_138720 NM_024692	79745	-1,09	1,82E-03
RSNL2	242710_at	AI791820				
AL833123	1559496_at	AL833123	---	---	-1,09	6,13E-04
AF138859	233037_at	AF138859	---	---	-1,09	4,93E-04
DUSP16	1558740_s_at	R30807	NM_030640	80824	-1,09	5,64E-04
NSUN6	242239_at	AW970888	NM_182543	221078	-1,09	1,80E-03
SLC39A14	1561886_a_at	R00975	NM_015359	23516	-1,09	3,24E-03
FMNL2	1556656_at	BF477401	NM_00100441 7 NM_00100442 1 NM_00100442 2	114793	-1,09	8,64E-03
MYO15B	219173_at	NM_024957	NM_052905 XR_000222	80022	-1,09	7,64E-03
MTSS1	232757_at	AV705679	NM_014751	9788	-1,09	4,23E-03
BCL6B	243825_at	T79768	NM_181844	255877	-1,09	2,13E-04

ES 2 689 703 T3

AK023394	232107_at	AK023394	---	---	-1,09	4,94E-04
CDKN1C	216894_x_at	D64137	NM_000076	1028	-1,09	8,38E-05
PGAP1	220576_at	NM_024989	NM_024989	80055	-1,09	4,32E-03
ATP8B2	226771_at	AB032963	NM_001005855	57198	-1,09	7,06E-06
PDE5A	1556257_at	BC037908	NM_020452 NM_001083	8654	-1,08	5,89E-03
STK17A	241410_at	AI949081	NM_033430 NM_033431 NM_033437 NM_004760	9263	-1,08	7,78E-03
FBLP-1	1555480_a_at	AF459643	NM_017556	54751	-1,08	4,80E-04
NDUFV3	226616_s_at	NM_021075	NM_001001503	4731	-1,08	7,94E-07
PHACTR1	1561642_at	AF085859	NM_021075 NM_030948	221692	-1,08	6,92E-03
PAK3	236277_at	H23551	NM_002578	5063	-1,08	7,40E-05
TP53BP1	1569098_s_at	BU508386	NM_005657	7158	-1,08	1,66E-05
FNBP1	230389_at	BE046511	NM_015033	23048	-1,08	1,40E-03
AK021973	234098_at	AK021973	---	---	-1,08	9,97E-03
N70015	236510_at	N70015	---	---	-1,08	8,69E-04
PPP2R2C	223574_x_at	AF086924	NM_020416	5522	-1,08	2,02E-05
JMY	226352_at	BF447037	NM_181876 NM_152405	133746	-1,08	4,14E-03
MYT1L	1554633_a_at	AF036943	NM_015025	23040	-1,08	2,26E-03
AVO3	237330_at	AA603494	XM_380173	253260	-1,08	2,23E-03
PTPN2	240843_at	N53696	NM_002828	5771	-1,07	1,44E-04
LUC7L2	242024_at	T90999	NM_080422 NM_080423 NM_016019	51631	-1,07	8,65E-03
AI631888	235532_at	AI631888	---	---	-1,07	1,86E-08
PDE9A	205593_s_at	NM_002606	NM_001001567 NM_001001568 NM_001001569 NM_001001570 NM_001001571	5152	-1,07	1,16E-05

ES 2 689 703 T3

			NM_00100157			
			2			
			NM_00100157			
			3			
			NM_00100157			
			4			
			NM_00100157			
			5			
			NM_00100157			
			6			
			NM_00100157			
			7			
			NM_00100157			
			8			
			NM_00100157			
			9			
			NM_00100158			
			0			
			NM_00100158			
			1			
			NM_00100158			
			2			
LOC92154	1555894_s_at	AA829283	NM_138383	92154	-1,07	1,06E-03
CUL4A	232466_at	AU155661	NM_00100889	8451	-1,07	1,04E-04
			5			
FLJ21106	219980_at	NM_025097	NM_003589			
			NM_025097	80167	-1,07	3,33E-03
GSPT1	240452_at	AA580082	NM_002094	2935	-1,07	1,19E-03
PCAF	203845_at	AV727449	NM_003884	8850	-1,07	9,18E-05
TIGD4	232998_at	AK024235	NM_145720	201798	-1,07	1,44E-03
PCNXL2	1554256_a_at	BC008300	NM_014801	80003	-1,06	3,23E-03
			NM_024938			
AI950451	240971_x_at	AI950451	---	---	-1,06	6,35E-03
LOC57228	209679_s_at	BC003379	NM_020467	57228	-1,06	5,22E-04
ARFGEF1	236742_at	AA132172	NM_006421	10565	-1,06	8,57E-04
FLJ14966	243611_at	BG231646	NM_032867	84953	-1,06	3,24E-03
AK097571	1556261_a_at	AK097571	---	---	-1,06	3,95E-03
FLJ22729	238295_at	N22706	NM_024683	79736	-1,06	4,49E-05
BICD1	242052_at	AW979272	NM_00100339	636	-1,06	1,94E-03
			8			
AA468422	239780_at	AA468422	NM_001714			
			---	---	-1,06	5,66E-04
BF476403	230218_at	BF476403	---	---	-1,06	9,08E-04
BIRC1	238446_at	AI970117	NM_004536	441081	-1,06	3,30E-03
LOC441081			XM_496754	4671		

ES 2 689 703 T3

T78074	236386_at	T78074	XM_496203	440423	-1,06	3,85E-03
P15RS	231502_at	BF591615	NM_018170	55197	-1,06	4,06E-03
JMJD1C	228793_at	BF002296	NM_004241	221037	-1,06	2,41E-05
TRIM33	214815_at	AU136587	NM_015906	51592	-1,05	9,87E-04
WDR42A	233637_at	AU146915	NM_033020 NM_015726	50717	-1,05	1,13E-03
AA757630	236724_at	AA757630	---	---	-1,05	7,93E-03
NM_014152	220694_at	NM_014152	---	---	-1,05	4,06E-04
AW665538	244532_x_at	AW665538	XM_496692	441014	-1,05	2,86E-03
MYST4	215597_x_at	AU143799	NM_012330	23522	-1,05	4,35E-04
CAPZA1	238407_at	AI792880	NM_006135	829	-1,05	2,34E-07
KIAA1276	235288_at	AI627532	XM_039169	27146	-1,05	5,52E-05
CNNM1	220166_at	NM_020348	NM_020348	26507	-1,05	2,70E-05
RPH3AL	221614_s_at	BC005153	NM_006987	9501	-1,04	8,30E-04
MGC13098	60815_at	AA601208	XM_379817	84820	-1,04	3,22E-05
AI003508	244114_x_at	AI003508	XM_499280 XM_496690	401131	-1,04	2,52E-03
RAC2	213603_s_at	BE138888	NM_002872	5880	-1,04	2,21E-03
PLXNC1	206471_s_at	NM_005761	NM_005761	10154	-1,04	5,22E-03
C19orf30	223913_s_at	AB058892	NM_174947	284424	-1,04	1,45E-03
BF002625	229530_at	BF002625	---	---	-1,04	2,72E-03
ATP6V0A1	1559375_s_at	AV739195	NM_005177	535	-1,04	7,96E-03
BACE1	224335_s_at	AB050436	NM_012104	23621	-1,04	1,07E-03
MGC9850	224857_s_at	BE378670	NM_138971 NM_138972 NM_138973 NM_152705	219404	-1,04	1,09E-03
BC035958	1569540_at	BC035958	---	---	-1,04	3,88E-03
FLJ32130	1554770_x_at	BC040642	NM_152458	146540	-1,04	1,31E-05
GFRA3	229936_at	AA694259	NM_001496	2676	-1,04	1,40E-03
FKBP11	228308_at	AI452444	NM_016594	51303	-1,04	8,54E-03
AL137290	233724_at	AL137290	---	---	-1,04	4,79E-04
FRAS1	226145_s_at	AL157471	NM_020875	80144	-1,04	3,23E-

ES 2 689 703 T3

			NM_025074 NM_032863 NM_206841 XM_496203			04
AU145394	215370_at	AU145394		440423	-1,04	3,51E-06
BRUNOL6	227775_at	BE467313	NM_052840	60677	-1,04	1,58E-03
METAP2	240769_at	AI733395	NM_006838	10988	-1,04	8,99E-03
NDP52	238560_at	AI684710	NM_005831	10241	-1,04	2,82E-07
AW150065	217653_x_at	AW150065	---	---	-1,04	2,30E-04
C21orf57	227421_at	BF026326	NM_001006114	54059	-1,04	4,05E-06
CDKL3	1561190_at	AF087989	NM_058181 NM_016508	51265	-1,03	1,48E-04
CLN8	219341_at	NM_018941	NM_018941	2055	-1,03	2,97E-03
CACNA1B	235781_at	AA448208	NM_000718	774	-1,03	6,51E-04
CPEB4	242384_at	AI452469	NM_030627	80315	-1,03	8,14E-03
BCAN	223632_s_at	AI739071	NM_021948	63827	-1,03	2,54E-03
KIAA0746	212314_at	AB018289	NM_198427 NM_015187	23231	-1,03	5,88E-05
PGAP1	233479_at	AU148008	NM_024989	80055	-1,03	2,96E-03
C1orf50	219406_at	NM_024097	NM_024097	79078	-1,03	7,42E-04
AF130084	1569538_at	AF130084	---	---	-1,03	5,41E-03
PCF11	239926_at	AI675753	NM_015885	51585	-1,03	2,46E-03
FNBP1	230086_at	AA937109	NM_015033	23048	-1,03	1,57E-04
AW117322	239415_at	AW117322	XM_374094	389237	-1,03	5,77E-03
BC033530	1560209_at	BC033530	---	---	-1,03	9,56E-05
AA888777	242740_at	AA888777	---	---	-1,03	1,32E-04
SFRS1	226419_s_at	AA046439	NM_006924	6426	-1,03	8,12E-03
HNRPD	229434_at	AA865357	NM_001003810 NM_002138 NM_031369 NM_031370	3184	-1,03	1,17E-04
LOC222070	51774_s_at	AW014299	---	222070	-1,03	7,32E-05
PHKA1	229876_at	BE503584	NM_002637	5255	-1,02	1,73E-05
NPY	206001_at	NM_000905	NM_000905	4852	-1,02	5,51E-03
CD302	203799_at	NM_014880	NM_014880	9936	-1,02	5,85E-

ES 2 689 703 T3

UBE3A	1560741_at	AL832250		7337	-1,02	04 1,28E-03
			NM_000462 NM_130838 NM_130839 XM_498956			
AI582773	214373_at	AI582773		440996	-1,02	5,09E-03
C21orf66	240105_at	AI021902	NM_013329	94104	-1,02	3,11E-04
			NM_016631 NM_058191 NM_145328 NM_004968			
ICA1	204002_s_at	NM_022307		3382	-1,02	8,76E-05
			NM_022307 NM_022308 NM_001748			
CAPN2	208683_at	M23254		824	-1,02	7,34E-04
CYLD	213295_at	AA555096	NM_015247	1540	-1,02	8,54E-04
AK021477	232710_at	AK021477	---	---	-1,02	9,52E-03
AV658469	244699_at	AV658469	---	---	-1,02	6,27E-04
GUCY1A3	221942_s_at	AI719730	NM_000856	2982	-1,02	1,00E-03
FLJ10287	232489_at	AK001149	NM_019083	54482	-1,02	1,54E-03
PAQR6	219236_at	NM_024897	NM_024897	79957	-1,02	6,43E-04
			NM_198406 NM_020651			
PELI1	232304_at	AK026714		57162	-1,01	4,26E-04
AU152763	232939_at	AU152763	---	---	-1,01	1,50E-03
AK021423	232890_at	AK021423	---	---	-1,01	8,93E-05
SORL1	203509_at	NM_003105	NM_003105	6653	-1,01	7,27E-03
PPIE	210502_s_at	AF042386	NM_006112	10450	-1,01	7,51E-03
			NM_203456 NM_203457 NM_015033			
FBNP1	239453_at	AA262084		23048	-1,01	1,33E-05
C9orf126	233246_at	AI523450	NM_173690	286205	-1,01	4,78E-03
FAM13A1	232628_at	AI740629	NM_014883	10144	-1,01	2,51E-03
DDX31	236210_at	AW628575	NM_022779	64794	-1,01	3,89E-03
			NM_138620 NM_001878			
CRABP2	202575_at	NM_001878		1382	-1,01	3,16E-03
KIAA0746	212311_at	AA522514	NM_015187	23231	-1,01	2,25E-03
PDE4C	206791_s_at	BF511742	NM_000923	5143	-1,01	1,92E-03
BE669703	229541_at	BE669703	---	---	-1,01	8,81E-

ES 2 689 703 T3

MLL	212079_s_at	AA715041	NM_005933	4297	-1,01	05 8,80E-04
ZDHHC11	221646_s_at	AF267859	NM_024786	79844	-1,01	2,90E-04
BC038589	1569311_at	BC038589	---	---	-1,01	9,76E-04
C21orf66	1555125_at	BC030539	NM_013329	94104	-1,00	1,94E-03
			NM_016631 NM_058191 NM_145328			
AK024879	216751_at	AK024879	---	---	-1,00	8,95E-06
EFNB3	205031_at	NM_001406	NM_001406	1949	-1,00	1,02E-03
AW188311	243281_at	AW188311	---	---	-1,00	1,13E-03
N95363	213183_s_at	N95363	---	---	-1,00	2,68E-05
RAB6IP2	232565_at	AK025052	NM_015064	23085	-1,00	3,56E-03
			NM_178037 NM_178038 NM_178039 NM_178040			
RASA4	208534_s_at	NM_006989	NM_006989	10156	-1,00	1,13E-03
FLJ21767			XM_376602	401331		
			XM_379820			
DCTD	210137_s_at	BC001286	NM_001921	1635	-1,00	2,80E-03
EIF3S9	236274_at	AW129967	NM_003751	8662	-1,00	7,13E-04
			NM_182712			
PTP4A3	206574_s_at	NM_007079	NM_007079	11156	-1,00	8,68E-03
			NM_032611			
ARIH1	1558710_at	BI791845	NM_005744	25820	-1,00	2,71E-03
BF507816	240517_at	BF507816	---	---	-1,00	3,52E-04
C10orf42	243335_at	BE764796	NM_138357	90550	-0,99	5,78E-03
LNK	203320_at	NM_005475	NM_005475	10019	-0,99	9,93E-05
OPTN	202073_at	AV757675	NM_00100821	10133	-0,99	1,43E-03
			1			
			NM_00100821			
			2			
			NM_00100821			
			3			
			NM_021980			
AK022461	232472_at	AK022461	---	---	-0,99	8,48E-04
GRK4	241989_at	AW269179	NM_00100405	2868	-0,99	1,24E-04
			6			
			NM_00100405			
			7			
			NM_005307			

ES 2 689 703 T3

LOC200030	242191_at	AI701905	NM_182982 NM_183372	200030	-0,99	5,68E-07
LOC400781 AG1			XM_371384 XM_378897 XM_496394	400781 440673		
RAB3- GAP150	240234_at	AI216539	NM_012414	25782	-0,99	3,46E-03
DHX57	239311_at	AI367034	NM_144995	90957	-0,99	3,00E-03
			NM_145646 NM_198963 NM_006338			
LRRN5	216167_at	AK024867	NM_201630 NM_000819	10446	-0,99	3,96E-03
GART	230097_at	AI207338	NM_175085 NM_172070	2618	-0,99	1,29E-03
KIAA2024	1566166_at	AL833423	NM_175085 NM_172070	130507	-0,99	2,85E-03
MLL3	244010_at	AI057455	NM_021230	58508	-0,99	1,91E-03
			NM_170606 NM_018530			
GSDML	215659_at	AK025174	NM_001389	55876	-0,99	4,78E-03
DSCAM	237268_at	BE503065	NM_001389	1826	-0,99	1,16E-03
			NM_206887 ---			
AK057701	1558515_at	AK057701	---	---	-0,99	6,69E-03
MGC11332	213393_at	AI767210	NM_032718	84804	-0,99	7,13E-04
ISYNA1	222240_s_at	AL137749	NM_016368	51477	-0,99	2,38E-04
CLTC	220855_at	NM_014127	NM_004859	1213	-0,99	7,98E-03
COL6A2	209156_s_at	AY029208	NM_001849	1292	-0,98	2,04E-03
			NM_058174 NM_058175 NM_016028			
SUV420H1	242646_at	AA702946	NM_017635 XM_048747	51111	-0,98	1,65E-04
KIAA1223	225735_at	AL110131	NM_021800	57182	-0,98	5,36E-05
DNAJC12	218976_at	NM_021800	NM_021800	56521	-0,98	1,57E-06
			NM_201262 NM_003961			
RHBDL1	207383_s_at	NM_003961	NM_003961	9028	-0,98	6,79E-03
UBE2E1	236062_at	AI742722	NM_003341	7324	-0,98	5,85E-03
			NM_182666 NM_133636			
HEL308	228736_at	AW084661	XM_496692	113510	-0,98	1,68E-03
H28915	244359_s_at	H28915	NM_021938	441014	-0,98	5,93E-03
BRUNOL5	232416_at	AL390161	NM_016120	60680	-0,98	4,62E-03
RNF12	242121_at	AW973232		51132	-0,98	6,21E-

ES 2 689 703 T3

			NM_183353			03
SFRS15	222310_at	AA648521	NM_020706	57466	-0,98	2,65E-04
ACSL4	1557419_a_at	W95007	NM_004458	2182	-0,98	4,91E-03
SPOCK2	202524_s_at	NM_014767	NM_022977 NM_014767	9806	-0,98	6,88E-05
KIAA0999	242920_at	AW590838	NM_025164	23387	-0,97	3,05E-03
KCNK10	220727_at	NM_021161	NM_021161	54207	-0,97	9,90E-03
			NM_138317 NM_138318			
AATK	205986_at	NM_004920	---	9625	-0,97	2,81E-05
SERTAD4	230660_at	AU146709	NM_019605	56256	-0,97	5,49E-03
CDC2L5	242693_at	AW664859	NM_003718	8621	-0,97	6,26E-03
			NM_031267			
NM_025120	220728_at	NM_025120	---	---	-0,97	5,32E-03
SMG1	244766_at	BG180003	NM_014006	23049	-0,97	2,50E-03
KIAA0220			NM_015092	283846		
LOC440345			XM_496125	440345		
DNAJB5	212817_at	AK023253	NM_012266	25822	-0,97	1,18E-03
HIST3H2A	221582_at	BC001193	NM_033445	92815	-0,97	2,09E-03
SORL1	212560_at	AV728268	NM_003105	6653	-0,97	4,84E-03
BBP	213882_at	AA012917	NM_032027	83941	-0,97	7,60E-03
UGCGL2	218801_at	NM_020121	NM_020121	55757	-0,96	1,53E-03
TLE1	228284_at	BE302305	NM_005077	7088	-0,96	2,82E-06
CRYZL1	1552347_at	NM_145311	NM_005111	9946	-0,96	8,59E-03
			NM_145311 NM_145858			
KIAA1223	225731_at	BF196876	XM_048747	57182	-0,96	1,92E-04
CTNND1	238884_at	AW195351	NM_001331	1500	-0,96	7,20E-03
FLJ10980	225327_at	AB037791	NM_019600	56204	-0,96	4,11E-04
LOC255783	227325_at	AW172584	---	255783	-0,96	6,35E-03
SLICK	244455_at	AI732637	NM_198503	343450	-0,96	5,42E-04
MCM3AP	212269_s_at	AJ010089	NM_003906	8888	-0,96	2,03E-05
EMR3	1561042_at	AF086249	NM_032571	84658	-0,96	1,76E-03
			NM_152939			
OCIAD2	225314_at	BG291649	NM_152398	132299	-0,96	6,40E-

ES 2 689 703 T3

BACE1	222463_s_at	AF190725	NM_012104	23621	-0,96	05 5,33E-04
			NM_138971 NM_138972 NM_138973			
DNAJC12	223721_s_at	AF176013	NM_021800	56521	-0,95	9,38E-05
			NM_201262 NM_019084			
CCNJ	1557830_at	AW063658		54619	-0,95	1,55E-03
KLF12	243089_at	AA551114	NM_007249	11278	-0,95	3,83E-03
			NM_016285 NM_015659			
RSL1D1	212019_at	AK025446		26156	-0,95	2,34E-04
AK022004	233003_at	AK022004	---	---	-0,95	3,09E-03
FTO	215385_at	AK022473	XM_051200	79068	-0,95	4,76E-03
AKAP10	236007_at	AU147278	NM_007202	11216	-0,95	8,23E-04
PDXK	202671_s_at	NM_003681	NM_003681	8566	-0,95	3,67E-06
TRIT1	218617_at	NM_017646	NM_017646	54802	-0,95	3,17E-07
MYT1L	210016_at	BF223003	NM_015025	23040	-0,95	8,33E-05
AA573901	227783_at	AA573901	---	---	-0,95	5,00E-04
AA804267	243185_at	AA804267	---	---	-0,95	9,14E-03
AW593330	237064_x_at	AW593330	---	---	-0,95	2,04E-03
HERC1	237632_at	AA765387	NM_003922	8925	-0,95	3,34E-04
INPP1	202794_at	NM_002194	NM_002194	3628	-0,95	1,43E-04
LOC169834	230876_at	AI827906	XM_095965	169834	-0,95	1,26E-04
C21orf5	205248_at	NM_005128	NM_005128	9980	-0,95	3,75E-04
FBXW7	222729_at	BE551877	NM_018315	55294	-0,95	4,83E-05
			NM_033632 NM_00100538 7			
NFASC	214799_at	A1821777	NM_00100538 8	23114	-0,95	1,20E-03
			NM_00100538 9			
			NM_015090 ---			
LOC90639	235533_at	AW021673		90639	-0,95	6,72E-03
BRUNOL5	230497_at	BE503640	NM_021938	60680	-0,95	1,48E-06
CHPT1	1559739_at	AK025141	NM_020244	56994	-0,95	1,25E-05
APOC1	204416_x_at	NM_001645	NM_001645	341	-0,95	8,52E-03

ES 2 689 703 T3

TPD52	228818_at	BF110792	NM_005079	7163	-0,94	2,91E-03
HBXAP	215786_at	AK022170	NM_016578	51773	-0,94	8,66E-03
ATXN1	203232_s_at	NM_000332	NM_000332	6310	-0,94	1,93E-03
PDXK	218019_s_at	NM_021941	NM_003681	8566	-0,94	1,93E-04
FBXW7	218751_s_at	NM_018315	NM_018315 NM_033632	55294	-0,94	8,91E-05
ANKRD11	228866_at	BF514864	NM_013275	29123	-0,94	9,50E-03
LOC149297	1558113_at	BM545032	XM_097622	149297	-0,94	3,48E-03
FLJ20758	228512_at	AW138833	NM_017952	55037	-0,94	8,02E-05
BE552208	229359_at	BE552208	---	---	-0,94	3,55E-05
PDE4DIP	244511_at	AV700591	NM_00100281 0 NM_00100281 1 NM_00100281 2 NM_014644 NM_022359 NM_152705	9659	-0,94	2,74E-03
MGC9850	224874_at	N32181	NM_004420	219404	-0,94	2,65E-04
DUSP8	206374_at	NM_004420	NM_004420	1850	-0,94	1,10E-05
LOC400729	243021_at	AI344101	XM_378824	400729	-0,94	5,94E-03
LOC440745			XM_498840	440745		
AI939586	237930_at	AI939586	---	---	-0,94	6,80E-03
PHF17	225820_at	AV646599	NM_024900	79960	-0,94	5,13E-03
LOC222070	58900_at	AW025284	NM_199320 ---	222070	-0,93	6,09E-04
APOE	203381_s_at	N33009	NM_000041	348	-0,93	7,96E-03
AF086134	1561754_at	AF086134	XM_498989	441057	-0,93	4,00E-03
AMH	206516_at	NM_000479	NM_000479	268	-0,93	3,43E-04
SYT15	1560879_a_at	AI971263	NM_031912	83849	-0,93	1,08E-03
KCNJ12	207110_at	NM_021012	NM_181519 NM_021012	3768	-0,93	5,28E-03
ARHGEF4	205109_s_at	NM_015320	NM_015320	50649	-0,93	2,32E-03
PPM1B	232580_x_at	AL117553	NM_032995 NM_002706	5495	-0,93	7,12E-04
ZNF587	60794_f_at	AI400621	NM_177968 NM_177969 NM_032828	84914	-0,93	6,69E-06

ES 2 689 703 T3

HIPK2	224016_at	AF111850	NM_022740	28996	-0,93	8,37E-03
LOC133926	235628_x_at	BG025030	---	133926	-0,93	4,71E-03
AI681025	230220_at	AI681025	---	---	-0,93	2,78E-04
LOC64744	225282_at	AL137764	NM_022733	64744	-0,92	4,81E-05
ICA1	214191_at	W67992	NM_004968	3382	-0,92	2,91E-04
DKFZp451M211	239240_at	AI814116	NM_022307 NM_022308 NM_182585	285023	-0,92	9,61E-03
SFRS15	222311_s_at	AA648521	NM_020706	57466	-0,92	6,79E-03
RNF111	241413_at	W80457	NM_017610	54778	-0,92	5,97E-04
KATNB1	203162_s_at	NM_005886	NM_005886	10300	-0,92	3,97E-04
PPM1K	235061_at	AV706522	NM_152542	152926	-0,92	2,02E-03
PHC3	233431_x_at	AU148142	NM_024947	80012	-0,92	1,61E-03
TJP1	244476_at	R39769	NM_003257	7082	-0,91	9,46E-04
ZDHHC11	232417_x_at	AU150300	NM_175610 NM_024786	79844	-0,91	3,90E-03
AKAP9	215483_at	AK000270	NM_005751	10142	-0,91	3,78E-03
PLRG1	227246_at	BF438014	NM_147166 NM_147171 NM_147185 NM_002669	5356	-0,91	4,23E-03
AL390216	234317_s_at	AL390216	---	---	-0,91	9,52E-03
METAP2	244185_at	AA921841	NM_006838	10988	-0,91	3,64E-04
PER1	36829_at	AF022991	NM_002616	5187	-0,91	3,45E-03
FLJ44796	230757_at	AA195276	NM_00100170 4	401209	-0,91	3,23E-03
R3HDM	240503_at	AW274946	NM_015361	23518	-0,91	3,05E-03
NME5	206197_at	NM_003551	NM_003551	8382	-0,91	1,53E-04
MGC5566	220449_at	NM_024049	---	79015	-0,90	2,88E-03
MGC13098	222208_s_at	W07700	XM_379817	84820	-0,90	1,93E-05
W90010	238271_x_at	W90010	XM_499280 ---	---	-0,90	3,98E-03
DCTD	201572_x_at	NM_001921	NM_001921	1635	-0,90	3,11E-03
MGC42174	244304_at	AW129650	NM_152383	129563	-0,90	8,32E-03
DJ328E19,C1	214693_x_at	BE732345	NM_015383	200030	-0,90	2,29E-

ES 2 689 703 T3

, 1						04
LOC200030			NM_173638	25832		
MGC8902			NM_183372	284565		
LOC401967			XM_371384	401967		
AG1			XM_496394	440673		
AA714835	1556646_at	AA714835	---	---	-0,90	8,70E-04
PPID	204186_s_at	AI014573	NM_005038	5481	-0,90	1,20E-03
ST18	206135_at	NM_014682	NM_014682	9705	-0,90	1,28E-03
ZNF275	225382_at	U82670	XM_372267	10838	-0,90	3,80E-03
W80446	231013_at	W80446	---	---	-0,90	2,17E-03
AI200555	228275_at	AI200555	---	---	-0,90	1,34E-05
CXorf43	1553646_at	NM_144657	NM_144657	139324	-0,90	5,46E-04
PAPD4	222282_at	AV761453	NM_173797	167153	-0,90	7,86E-03
AI015847	1568838_at	AI015847	---	---	-0,90	3,96E-03
CTGLF1	1565620_at	BG621044	NM_133446	119016	-0,90	3,42E-03
KIAA1838	241152_at	BE466903	NM_032448	84498	-0,90	1,43E-03
SLC22A17	218675_at	NM_020372	NM_016609	51310	-0,89	2,14E-04
FLJ21159	220145_at	NM_024826	NM_020372 NM_024826	79884	-0,89	6,77E-03
TRIP12	244659_at	AL120025	NM_004238	9320	-0,89	1,07E-03
FAM46A	224973_at	AL078599	NM_017633	55603	-0,89	5,88E-03
PPP2R2C	228010_at	AI669212	NM_020416	5522	-0,89	1,10E-03
MAST4	210958_s_at	BC003646	NM_181876 XM_291141	23227	-0,89	1,00E-03
KIDINS220	1557246_at	AA992480	NM_020738	57498	-0,89	4,66E-03
NOB1P	223018_at	BC000050	NM_014062	28987	-0,89	6,87E-03
AI469960	230653_at	AI469960	---	---	-0,89	4,89E-03
HCG8	215985_at	X92110	---	80869	-0,89	5,08E-03
BRUNOL4	238966_at	AA678985	NM_020180	56853	-0,89	1,12E-05
C21orf51	228239_at	AA148789	NM_058182	54065	-0,89	8,47E-04
MST1	216320_x_at	U37055	NM_020998	4485	-0,89	7,59E-03
DVL3	201908_at	NM_004423	NM_004423	1857	-0,89	2,80E-03
NR2F1	209506_s_at	BC004154	NM_005654	7025	-0,89	2,53E-05

ES 2 689 703 T3

STK19	243719_at	AI973206		8859	-0,89	3,23E-03
			NM_004197 NM_032454 NM_001206			
KLF9	203543_s_at	NM_001206		687	-0,89	1,00E-03
AA830545	235730_at	AA830545	---	---	-0,89	1,23E-03
AI949265	229156_s_at	AI949265	XM_499089	441301	-0,89	2,40E-04
SHANK2	213307_at	AF131790	NM_012309	22941	-0,88	1,79E-04
			NM_133266 ---	---	-0,88	8,15E-06
AI802997	235211_at	AI802997			-0,88	8,91E-04
GPR123	239221_at	AI884909	NM_032422	84435	-0,88	4,48E-04
ABCA2	212772_s_at	AL162060	NM_001606	20	-0,88	
			NM_212533 ---	---	-0,88	5,29E-05
AL049377	1562684_at	AL049377			-0,88	1,49E-03
SAT2	225272_at	AA128261	NM_133491	112483	-0,88	1,01E-03
ERMAP	219905_at	NM_018538	NM_018538	114625	-0,88	2,58E-03
C20orf103	219463_at	NM_012261	NM_012261	24141	-0,88	1,82E-04
CDS1	226185_at	AK026697	NM_001263	1040	-0,88	1,08E-03
AI459283	231220_at	AI459283	---	---	-0,88	1,19E-03
DKFZp313N062	226688_at	AW003508	NM_173826	285343	-0,88	7,73E-03
AW235215	238913_at	AW235215	---	---	-0,87	3,01E-03
SLC27A2	205768_s_at	NM_003645	NM_003645	11001	-0,87	5,23E-03
AA975422	242829_x_at	AA975422	---	---	-0,87	7,47E-04
DEPDC6	218858_at	NM_022783	NM_022783	64798	-0,87	1,03E-03
CDC2L5	210965_x_at	BC001274	NM_003718	8621	-0,87	
			NM_031267 NM_152392	130872	-0,87	8,94E-03
AHSA2	212980_at	AL050376			-0,87	4,38E-04
AK056212	1557215_at	AK056212	---	---	-0,87	8,70E-03
BF114733	236703_at	BF114733	---	---	-0,87	4,04E-04
AW628665	235555_at	AW628665	---	---	-0,87	7,99E-03
FXR1	229519_at	H48840	NM_005087	8087	-0,86	2,34E-03
AF5Q31	232865_at	N59653	NM_014423	27125	-0,86	2,03E-03
TAF15	241885_at	BF431050	NM_003487	8148	-0,86	
			NM_139215			

ES 2 689 703 T3

NM_001048	213921_at	NM_001048	---	---	-0,86	1,92E-03
PFAAP5	214753_at	AW084068	NM_014887	10443	-0,86	1,88E-03
FRMD4A	1560031_at	R19413	NM_018027	55691	-0,86	1,21E-04
NELF	221214_s_at	NM_015537	NM_015537	26012	-0,86	5,19E-05
MGC11332	213403_at	BF223370	NM_032718	84804	-0,86	5,38E-03
ETV3	1552423_at	NM_005240	NM_005240	2117	-0,86	4,99E-04
TMF1	242243_at	AI767435	NM_007114	7110	-0,86	4,40E-03
PIAS2	244633_at	AA404996	NM_004671	9063	-0,86	6,85E-03
SLC19A1	229489_at	AI681043	NM_173206 NM_003056	6573	-0,86	4,96E-03
ECE2	230706_s_at	A1084921	NM_194255 NM_014693	9718	-0,86	7,23E-04
HNRPM	238610_s_at	AI906424	NM_005968	4670	-0,86	2,13E-03
AW303888	1561346_at	AW303888	NM_031203 ---	---	-0,86	5,89E-07
HNRPM	233605_x_at	AK022050	NM_005968	4670	-0,86	3,84E-05
FBXO15	231472_at	BE464323	NM_031203 NM_152676	201456	-0,86	5,46E-03
UBE2B	239163_at	AW364833	NM_003337	7320	-0,86	1,91E-03
BE467787	243835_at	BE467787	---	---	-0,86	3,40E-04
SORCS1	228194_s_at	AI675836	NM_052918	114815	-0,86	7,48E-05
ZDHHC11	1552283_s_at	NM_024786	NM_024786	79844	-0,86	1,80E-04
DEADC1	227213_at	AA706895	NM_182503	134637	-0,85	7,30E-04
RRAGC	218088_s_at	NM_022157	NM_022157	64121	-0,85	7,96E-03
UBE3C	242673_at	AA931284	NM_014671	9690	-0,85	2,73E-03
MGC13098	224517_at	BC006435	XM_379817	84820	-0,85	2,71E-05
FLJ23825	1555866_a_at	BM980844	XM_499280 NM_173620	284004	-0,85	2,22E-03
SLC16A1	1560579_s_at	BC023568	NM_003051	6566	-0,85	6,33E-04
RSNL2	226425_at	AU144247	NM_024692	79745	-0,85	1,24E-03
LOC283922	228688_at	AA843726	XM_208908	283922	-0,85	3,51E-04
GOLGIN-67	213650_at	AW006438	NM_015003	23015	-0,85	2,66E-03
			NM_181076			

ES 2 689 703 T3

FLJ37953	241825_at	AI265967	NM_181077 NM_152382	129450	-0,85	1,32E-03
AV700050	228835_at	AV700050	---	---	-0,85	2,40E-03
KIAA1915	1569706_at	BC017579	XM_055481	114803	-0,85	6,38E-03
CEPT1	1561884_at	AL833102	NM_00100779 4 NM_006090	10390	-0,85	1,37E-03
BF510762	230262_at	BF510762	---	---	-0,85	2,02E-06
TAGLN2	210978_s_at	BC002616	NM_003564	8407	-0,84	3,57E-03
DUSP6	208893_s_at	BC005047	NM_001946	1848	-0,84	1,45E-04
AI811800	241846_at	AI811800	NM_022652 ---	---	-0,84	3,44E-03
AA167167	243684_at	AA167167	---	---	-0,84	3,92E-03
CNOT6L	227119_at	BF103856	NM_144571	246175	-0,84	2,79E-07
ARIH1	242431_at	AI656728	NM_005744	25820	-0,84	2,27E-03
BC037935	1569539_at	BC037935	---	---	-0,84	6,55E-04
DUSP6	208891_at	BC003143	NM_001946	1848	-0,84	3,81E-03
C15orf28	220710_at	NM_024970	NM_022652 ---	80035	-0,84	9,94E-03
AA935515	242790_at	AA935515	---	---	-0,84	1,15E-03
MSI2	243010_at	BE000929	NM_138962	124540	-0,84	1,62E-03
CXorf45	205583_s_at	NM_024810	NM_170721 NM_024810	79868	-0,84	2,89E-03
PMS2L5	242201_at	AI418253	NM_174930	5383	-0,84	7,25E-04
AW000942	240230_s_at	AW000942	---	---	-0,84	6,90E-03
C9orf94	229585_at	AI803088	NM_152702	206938	-0,84	1,26E-03
FLJ20719	230712_at	AI634549	XM_373827	55672	-0,84	5,27E-03
GA17	215190_at	AV717062	NM_006360	10480	-0,84	6,82E-03
CD200	209582_s_at	H23979	NM_00100419 6 NM_00100419 7 NM_005944	4345	-0,84	7,62E-03
AA928506	213750_at	AA928506	---	---	-0,84	2,15E-04
AHI1	221569_at	AL136797	NM_017651	54806	-0,84	2,48E-05
RPIP8	213439_x_at	AI197870	NM_006695	10900	-0,84	1,33E-06

ES 2 689 703 T3

AI929792	236081_at	AI929792	---	---	-0,84	3,07E-04
CTNNB1	242558_at	AW362945	NM_001904	1499	-0,84	1,09E-04
ELOVL5	1566079_at	AL833001	NM_021814	60481	-0,83	1,76E-03
WDR11	229694_at	BF062828	NM_018117	55717	-0,83	2,23E-03
MAN2A2	219999_at	NM_018621	NM_006122	4122	-0,83	4,36E-03
AA825721	242228_at	AA825721	---	---	-0,83	8,71E-04
RAB12	238714_at	AA504249	XM_113967	201475	-0,83	4,32E-04
KCNMA1	221584_s_at	U11058	NM_002247	3778	-0,83	7,71E-04
BE467087	231075_x_at	BE467087	---	---	-0,83	4,80E-03
FGD5	226985_at	AW269340	NM_152536	152273	-0,83	5,34E-03
ProSAPiP1	204447_at	NM_014731	NM_014731	9762	-0,83	1,67E-04
ZNF539	1559449_a_at	BF679633	NM_203282	399655	-0,83	2,80E-04
NKX6-1	221366_at	NM_006168	NM_006168	4825	-0,83	7,76E-03
FLJ22624	236560_at	BE218020	NM_024808	79866	-0,83	7,40E-03
MGC72104	234949_at	AL117574	NM_207350	284802	-0,83	1,91E-03
GRIK2	1563754_at	AJ252246	NM_021956	2898	-0,83	6,46E-03
AI018235	240314_at	AI018235	NM_175768 ---	---	-0,82	3,87E-03
ZNF518	242343_x_at	H57111	NM_014803	9849	-0,82	6,06E-03
FNBP4	235101_at	AV683244	NM_015308	23360	-0,82	3,49E-03
C21orf86	226995_at	AV705934	NM_153454	257103	-0,82	2,10E-03
AW148862	235217_at	AW148862	XM_380136	402582	-0,82	8,18E-03
AL559202	226458_at	AL559202	---	---	-0,82	5,40E-05
JMJD2C	214861_at	AI341811	NM_015061	23081	-0,82	2,97E-03
AOF2	212348_s_at	AB011173	NM_00100999 9	23028	-0,82	1,77E-05
TTC3	208663_s_at	AI652848	NM_015013 NM_00100189 4	7267	-0,82	7,37E-05
BE327722	239840_at	BE327722	NM_003316 ---	---	-0,82	1,21E-06
AK021474	215892_at	AK021474	---	---	-0,82	9,46E-05
BF344235	242202_at	BF344235	XM_379855	402530	-0,82	5,35E-04
YLPM1	1557065_at	AA927802	XM_085151	56252	-0,82	8,82E-

ES 2 689 703 T3

CaMKIINalph	228302_x_at	AW162846	NM_018584	55450	-0,81	03 1,09E-
AKT2	236664_at	AA448167	NM_001626	208	-0,81	03 3,20E-
PRKCD	202545_at	NM_006254	NM_006254	5580	-0,81	03 2,09E-
CYLD	39582_at	AL050166	NM_212539 NM_015247	1540	-0,81	04 1,26E-
EIF4G1	208624_s_at	BE966878	NM_004953	1981	-0,81	03 7,60E-
			NM_182917 NM_198241 NM_198242 NM_198244 NM_001616			04
ACVR2	244332_at	AW974077	NM_001616	92	-0,81	1,17E-
AI150690	228466_at	AI150690	---	---	-0,81	06 4,49E-
AV700891	222303_at	AV700891	---	---	-0,81	04 1,60E-
C20orf13	233719_s_at	AL121754	NM_017714	55617	-0,81	03 6,92E-
SMURF2	230099_at	AI139993	NM_022739	64750	-0,81	04 2,36E-
SHC2	213464_at	AV705938	XM_375550	25759	-0,81	03 4,62E-
AW167298	228116_at	AW167298	XM_210856	283029	-0,80	06 5,41E-
GPR56	206582_s_at	NM_005682	NM_005682	9289	-0,80	03 4,72E-
			NM_201524 NM_201525 NM_000333			03
ATXN7	209964_s_at	AF032105	NM_000333	6314	-0,80	2,95E-
AK000995	215349_at	AK000995	---	---	-0,80	03 4,02E-
AW086077	232800_at	AW086077	---	---	-0,80	03 1,60E-
SLC37A1	218928_s_at	NM_018964	NM_018964	54020	-0,80	03 5,55E-
PCNXL2	229202_at	AI768826	NM_014801	80003	-0,80	03 2,18E-
			NM_024938 NM_012236			04
SCMH1	221216_s_at	NM_012236	NM_012236	22955	-0,80	06 5,20E-
FLJ31951	236322_at	AA830854	NM_144726	153830	-0,80	03 5,68E-
CXXC5	233955_x_at	AK001782	NM_016463	51523	-0,80	03 9,43E-
KIAA0220	231989_s_at	AC003007	---	283846	-0,80	05 5,47E-
POLR3C	239383_at	AW023610	NM_006468	10623	-0,79	04 4,37E-
SLC9A3R2	209830_s_at	AF035771	NM_004785	9351	-0,79	03 1,09E-
CACNA1D	207998_s_at	NM_000720	NM_000720	776	-0,79	04 2,71E-
AI417268	225028_at	AI417268	---	---	-0,79	03 5,37E-

ES 2 689 703 T3

CTSB	213274_s_at	AA020826	NM_001908	1508	-0,79	03 2,12E-04
			NM_147780 NM_147781 NM_147782 NM_147783			
C9orf85	1557805_at	AF085969	NM_182505	138241	-0,79	4,15E-06
			NM_198394 NM_015575			
TNRC15	1560133_at	BC012484		26058	-0,79	1,04E-04
ARSD	225280_x_at	N51673	NM_001669	414	-0,79	8,39E-03
			NM_009589 NM_172193			
KLHDC1	1552733_at	NM_172193		122773	-0,79	8,55E-05
PRO0478	220696_at	NM_014129	---	29048	-0,79	7,62E-04
RAB40B	204547_at	NM_006822	NM_006822	10966	-0,79	3,04E-04
ETFDH	33494_at	S69232	NM_004453	2110	-0,79	1,02E-03
TGFBR1	236561_at	AV700621	NM_004612	7046	-0,79	6,33E-03
GPR18	233554_at	AF339764	NM_005292	2841	-0,79	2,72E-04
U2AF1	231904_at	AU122448	NM_006758	7307	-0,79	1,73E-03
DKFZP434I0714	231954_at	AL137273	---	54553	-0,79	1,34E-03
YAP	244803_at	AI335191	NM_018253	55249	-0,79	7,84E-05
			NM_139118 NM_139119 NM_139120 NM_139121			
LOC23117	238341_at	BF677084	XM_290670	23117	-0,79	1,63E-03
CLASP2	212308_at	AL137636	NM_015097	23122	-0,78	1,67E-03
C18orf17	238480_at	AI871745	NM_153211	125488	-0,78	8,79E-04
LOC51066	206741_at	NM_015931	NM_015931	51066	-0,78	3,65E-05
S100A13	202598_at	NM_005979	XM_371380	6284	-0,78	4,04E-03
FLJ39653	1553145_at	BC010030	NM_152684	202020	-0,78	4,89E-03
ANP32A	235954_at	AA972597	NM_006305	8125	-0,78	9,06E-03
TAF15	227884_at	AW296067	NM_003487	8148	-0,78	1,80E-03
			NM_139215 NM_005826			
HNRPR	208765_s_at	NM_005826		10236	-0,78	8,21E-05
AF194537	224549_x_at	AF194537	---	---	-0,78	6,16E-03
AF5Q31	1555436_a_at	BC025700	NM_014423	27125	-0,78	9,74E-05

ES 2 689 703 T3

MGC47869	229888_at	AA861435	NM_175874	144608	-0,78	5,64E-03
MEG3	235077_at	BF956762	XR_000277	55384	-0,78	2,12E-03
DKFZp547A023	214731_at	AB037854	NM_018704	55917	-0,78	1,66E-03
AI820796	217704_x_at	AI820796	---	---	-0,78	1,61E-04
CCNB1IP1	217988_at	NM_021178	NM_021178	57820	-0,77	9,59E-03

			NM_182851			
			NM_182852			
WDFY1	1562955_at	BC028181	NM_020830	57590	-0,77	2,91E-03
GPLD1	238752_at	AA780295	NM_001503	2822	-0,77	2,12E-04
			NM_177483			
CTSB	213275_x_at	W47179	NM_001908	1508	-0,77	2,40E-03
			NM_147780			
			NM_147781			
			NM_147782			
			NM_147783			
PLA2G4B	222256_s_at	AK000550	NM_005090	8681	-0,77	2,03E-03
BE856980	230961_at	BE856980	---	---	-0,77	2,41E-03
ABTB1	229164_s_at	AI337369	NM_032548	80325	-0,77	2,25E-03
			NM_172028			
AI702720	242309_at	A1702720	---	---	-0,77	2,84E-03
MGC4707	238161_at	AA813859	NM_001003676	79096	-0,77	2,25E-03
			NM_001003677			
			NM_001003678			
			NM_024113			
CD200	209583_s_at	AF063591	NM_001004196	4345	-0,77	1,43E-03
			NM_001004197			
			NM_005944			
GTF3C3	1555439_at	AF465407	NM_012086	9330	-0,77	3,57E-05
PTPRD	214043_at	BF062299	NM_002839	5789	-0,77	6,45E-05
			NM_130391			
			NM_130392			
			NM_130393			
MLR1	235970_at	AI807408	NM_153686	254251	-0,77	1,70E-03
AI305170	235747_at	AI305170	---	---	-0,77	8,11E-04
PLXNC1	213241_at	AF035307	NM_005761	10154	-0,77	8,27E-03
SP192	1569320_at	CA391618	NM_021639	60313	-0,77	2,71E-03

ES 2 689 703 T3

LRCH3	1559490_at	AL832278	NM_032773	84859	-0,77	7,53E-03
BC035170	1561079_at	BC035170	---	---	-0,77	3,38E-03
BC029480	1554447_at	BC029480	---	---	-0,77	1,93E-03
AI598222	235679_at	AI598222	---	---	-0,77	4,88E-04
SH3KBP1	223082_at	AF230904	NM_031892	30011	-0,77	9,30E-05
TNFSF13B	223502_s_at	AF134715	NM_006573	10673	-0,77	2,15E-06
AP3B2	205678_at	NM_004644	NM_004644	8120	-0,76	1,23E-04
MDS009	236649_at	AA907927	NM_020234	56986	-0,76	6,41E-04
CLIPR-59	212358_at	AL117468	NM_015526	25999	-0,76	2,11E-03
EDG4	206723_s_at	AF011466	NM_004720	9170	-0,76	2,87E-04
RNASET2	217984_at	NM_003730	NM_003730	8635	-0,76	7,52E-03
AI979338	229364_at	AI979338	---	---	-0,76	5,81E-03
KIAA1545	225704_at	AA527531	XM_495939	57666	-0,76	8,16E-03
MGC29898	235259_at	AA398590	NM_145048	133015	-0,76	3,12E-03
SIDT2	56256_at	AA150165	NM_015996	51092	-0,76	8,92E-03
MGC20741	232826_at	AU144129	NM_018561	25862	-0,76	2,64E-03
WBSCR19	232964_at	AL137266	NM_175064	285955	-0,76	3,56E-03
ACTR2	234210_x_at	AK025051	NM_001005386	10097	-0,76	2,63E-03
LOC92249	212957_s_at	AU154785	NM_005722 XM_499179	92249	-0,76	1,06E-03
JAK1	234193_at	AK025218	NM_002227	3716	-0,76	5,21E-03
PRH1	243389_at	AW663570	NM_006250	5554	-0,76	3,39E-03
AI523613	222358_x_at	AI523613	---	---	-0,76	4,89E-06
HSPA12A	214434_at	AB007877	XM_048898	259217	-0,76	6,62E-03
PIK3R2	1568629_s_at	BC033311	NM_005027	5296	-0,76	4,17E-03
MEG3	212732_at	AI950273	XR_000277	55384	-0,76	2,60E-03
AI743452	237031_at	AI743452	---	---	-0,76	8,51E-03
PVT1	222087_at	AW451806	XM_372058	5820	-0,76	1,17E-04
HNRPD	235999_at	AA863112	NM_001003810 NM_002138 NM_031369 NM_031370	3184	-0,75	2,35E-03

ES 2 689 703 T3

BG253162	242585_at	BG253162	---	---	-0,75	7,96E-04
LOC401320	238540_at	AA933883	XM_379482	401320	-0,75	9,69E-03
AK024681	231972_at	AK024681	XM_380098	---	-0,75	5,89E-05
FLJ14167	232289_at	BF237871	---	92080	-0,75	9,36E-03
FLJ10996	244648_at	AA007283	NM_019044	54520	-0,75	2,90E-03
TMEM25	226647_at	AL562445	NM_032780	84866	-0,75	1,43E-03
BC003629	210230_at	BC003629	---	---	-0,75	7,07E-03
DUSP6	208892_s_at	BC003143	NM_001946	1848	-0,75	5,05E-03
H63	1552719_at	NM_138423	NM_022652 NM_138423	113201	-0,75	2,02E-03
CXorf45	205584_at	NM_024810	NM_177974 NM_024810	79868	-0,75	2,96E-03
BG396868	1559957_a_at	BG396868	---	---	-0,75	1,66E-04
CLDN12	223249_at	AL136770	NM_012129	9069	-0,75	3,65E-04
UBE2G2	209042_s_at	BC001738	NM_003343	7327	-0,75	1,16E-05
BTN3A1	209770_at	U90552	NM_182688 NM_007048	11119	-0,75	8,21E-03
MRPL1	223154_at	AF212225	NM_194441 NM_020236	65008	-0,75	1,63E-03
SYNJ1	207594_s_at	NM_003895	NM_003895	8867	-0,75	9,53E-03
SORBS1	218087_s_at	NM_015385	NM_203446 NM_006434	10580	-0,75	9,17E-03
PORCN	219483_s_at	NM_022825	NM_015385 NM_022825	64840	-0,75	3,19E-05
ZRANB3	244092_at	AI670931	NM_203473 NM_203474 NM_203475 NM_203476 NM_032143	84083	-0,75	9,19E-03
MRPS30	231207_at	AW263539	NM_016640	10884	-0,75	6,93E-04
FLJ12666	217893_s_at	NM_024595	NM_024595	79647	-0,74	3,79E-03
DKFZp761L141	238426_at	AV707703	NM_152913	222865	-0,74	8,47E-03
AI814750	1565692_at	AI814750	---	---	-0,74	2,10E-03
H2AFY	226840_at	AW291297	NM_004893	9555	-0,74	2,05E-04
			NM_138609			

ES 2 689 703 T3

LOC388312	238678_at	AI094787	NM_138610 XM_373704	388312	-0,74	3,88E-03
MCAM	209087_x_at	AF089868	NM_006500	4162	-0,74	6,99E-03
SH3YL1	204019_s_at	NM_015677	NM_015677	26751	-0,74	1,21E-03
KCNH2	210036_s_at	AB044806	NM_000238	3757	-0,74	6,86E-05
AW157450	235716_at	AW157450	NM_172056 NM_172057 ---	---	-0,74	1,29E-03
LOC400099	230136_at	AI573252	XM_378399	400099	-0,74	3,10E-03
ASB13	239610_at	BF509210	NM_024701	79754	-0,74	1,28E-03
POU6F1	216330_s_at	L14482	NM_002702	5463	-0,74	2,20E-03
SH2D3C	1552667_a_at	NM_005489	NM_005489	10044	-0,74	7,58E-03
JAM2	219213_at	NM_021219	NM_170600 NM_021219	58494	-0,74	3,58E-05
AW665096	214188_at	AW665096	---	---	-0,74	2,49E-03
RIOK3	215588_x_at	AK024958	NM_003831	8780	-0,73	2,49E-04
AI963605	230269_at	AI963605	NM_145906 ---	---	-0,73	8,73E-04
BE217923	228686_at	BE217923	---	---	-0,73	1,71E-03
C6orf111	226412_at	N66397	NM_032870	25957	-0,73	9,78E-03
BG109865	222459_at	BG 109865	---	---	-0,73	1,83E-03
SP3	232529_at	AU144413	NM_003111	6670	-0,73	2,50E-03
RAB18	229398_at	A1769954	NM_021252	22931	-0,73	3,78E-03
KIAA1324	243349_at	AI672868	NM_020775	57535	-0,73	8,70E-03
CTSB	227961_at	AA130998	NM_001908	1508	-0,73	7,63E-04
AV733292	225444_at	AV733292	NM_147780 NM_147781 NM_147782 NM_147783 ---	---	-0,73	1,88E-04
H73101	1556984_at	H73101	---	---	-0,73	1,17E-03
MGAT4A	219797_at	NM_012214	NM_012214	11320	-0,73	2,44E-03
EPOR	396_f_at	X97671	NM_000121	2057	-0,73	4,18E-03
LOC401394	231406_at	AW205664	XM_379512	401394	-0,73	2,54E-04
GPR153	221902_at	AL567940	NM_207370	387509	-0,73	2,83E-

ES 2 689 703 T3

KIAA0241	1563452_at	AL833560	NM_015060	23080	-0,73	03 5,29E-04
BF114745	235459_at	BF114745	---	---	-0,73	8,34E-03
AA553722	243594_x_at	AA553722	---	---	-0,73	9,09E-04
AL359605	227318_at	AL359605	---	---	-0,73	3,65E-05
SMA4	214850_at	X75940	NM_021652	11039	-0,73	1,38E-03
ADFP	209122_at	BC005127	NM_001122	123	-0,73	5,72E-04
ETS2	201329_s_at	NM_005239	NM_005239	2114	-0,73	5,11E-03
AV761014	217667_at	AV761014	---	---	-0,73	4,49E-03
LOC283174	229734_at	BF507379	NM_00100187 3	283174	-0,73	1,27E-04
IGBP1	242337_at	AI347128	NM_001551	3476	-0,73	3,64E-03
TMEM1	209412_at	U61500	NM_00100172 3	7109	-0,73	3,07E-03
MGEA5	223494_at	AF307332	NM_003274 NM_012215	10724	-0,73	4,98E-03
PEX6	204545_at	NM_000287	NM_000287	5190	-0,73	9,95E-03
MGC42174	242539_at	AW665509	NM_152383	129563	-0,73	6,73E-04
KIF5C	203129_s_at	BF059313	XM_377774	3800	-0,73	3,45E-04
GPR56	212070_at	AL554008	NM_005682	9289	-0,72	1,51E-03
AMOTL2	203002_at	NM_016201	NM_201524 NM_201525 NM_016201	51421	-0,72	5,43E-04
LOC440360	236838_at	H11609	XM_498641	440360	-0,72	5,58E-03
MYEF2	222153_at	AK023133	NM_016132	50804	-0,72	2,99E-03
T82487	241759_at	T82487	---	---	-0,72	2,18E-03
CSTB	201201_at	NM_000100	NM_000100	1476	-0,72	9,61E-04
NGLY1	207492_at	NM_025105	NM_018297	55768	-0,72	9,68E-03
DUSP8	238594_x_at	AI864441	NM_004420	1850	-0,72	6,31E-03
LUZP1	1558173_a_at	AK093016	NM_033631	7798	-0,72	3,02E-04
BRUNOL4	223654_s_at	BC004167	NM_020180	56853	-0,72	3,06E-04
RGS8	234297_at	AL359941	NM_033345	85397	-0,72	8,24E-03
AI950023	244433_at	AI950023	---	---	-0,72	5,91E-03
AA327293	1566284_at	AA327293	---	---	-0,72	1,66E-03

ES 2 689 703 T3

CA442342	1556097_at	CA442342	---	---	-0,72	3,35E-03
PDE8B	243590_at	AA860184	NM_003719	8622	-0,72	9,18E-03
ARHGAP1	241419_at	AA709154	NM_004308	392	-0,72	4,95E-03
DKFZp547I014	207283_at	NM_020217	NM_020217	56969	-0,72	2,61E-03
DNASE1L1	203912_s_at	NM_006730	NM_00100993 2 NM_00100993 3 NM_00100993 4 NM_006730	1774	-0,72	1,52E-03
ANKRD17	225852_at	BE463523	NM_032217	26057	-0,72	7,58E-06
AI827550	229606_at	AI827550	NM_198889	---	-0,72	1,23E-04
AI538880	1558250_s_at	AI538880	---	---	-0,72	7,65E-05
AI040738	240730_at	AI040738	---	---	-0,72	7,11E-03
FBXW7	229419_at	BF222826	NM_018315	55294	-0,72	5,69E-04
ABCG1	204567_s_at	NM_004915	NM_033632 NM_004915	9619	-0,72	3,49E-04
TRA2A	213593_s_at	AW978896	NM_016818 NM_207174 NM_207627 NM_207628 NM_207629 NM_207630 NM_013293	29896	-0,72	4,15E-03
APC	215310_at	AF038181	NM_000038	324	-0,72	3,73E-03
CXXC5	222996_s_at	BC002490	NM_016463	51523	-0,71	8,07E-04
CSNK1A1	235464_at	AA010757	NM_001892	1452	-0,71	6,52E-04
USP7	230967_s_at	BF433061	NM_003470	7874	-0,71	1,69E-03
TAS2R14	235762_at	AI458566	NM_023922	50840	-0,71	1,07E-03
HNRPR	208766_s_at	BC001449	NM_005826	10236	-0,71	5,99E-04
CAPN1	232012_at	AV691296	NM_005186	823	-0,71	4,07E-03
AI825987	235889_at	AI825987	---	---	-0,71	1,70E-03
FLJ23867	226706_at	BE301252	---	200058	-0,71	5,23E-03
IGF2	202410_x_at	NM_000612	NM_000612	3481	-0,71	2,47E-03
AI887898	228423_at	AI887898	XM_374094	389237	-0,71	2,25E-03
MGC14801	224443_at	BC005997	NM_032705	84791	-0,71	1,76E-

ES 2 689 703 T3

C1orf50	62212_at	W37846	NM_024097	79078	-0,71	03 1,18E-
RLF	204243_at	NM_012421	NM_012421	6018	-0,71	03 2,22E-
AW268719	236798_at	AW268719	---	---	-0,71	04 1,17E-
AL080112	216858_x_at	AL080112	---	---	-0,71	04 6,17E-
AI022648	242972_at	AI022648	---	---	-0,71	04 3,82E-
AW072078	230959_at	AW072078	XM_496690	401131	-0,71	05 2,04E-
PHKA1	205450_at	NM_002637	NM_002637	5255	-0,71	05 2,60E-
AA694209	229066_at	AA694209	---	---	-0,71	04 1,09E-
MAP1LC3B	208786_s_at	AF183417	NM_022818	81631	-0,71	03 4,58E-
PABPC4	201064_s_at	NM_003819	NM_003819	8761	-0,71	04 2,02E-
IGF2	210881_s_at	M17863	NM_000612	3481	-0,70	03 3,36E-
C5orf16	1564031_a_at	AK054889	NM_173828	285613	-0,70	03 3,27E-
UBXD1	223012_at	AF272894	NM_025241	80700	-0,70	03 2,81E-
ANKRD28	229307_at	N32051	NM_015199	23243	-0,70	03 5,01E-
UNQ1912	226752_at	AI816071	NM_198507	345757	-0,70	03 3,53E-
ARHGAP1	202117_at	BG468434	NM_004308	392	-0,70	03 2,81E-
C21orf59	218123_at	NM_017835	NM_017835	56683	-0,70	07 6,33E-
MONDOA	225157_at	AW245631	NM_021254 NM_014938	22877	-0,70	04 1,12E-
NM_024900	218517_at	NM_024900	---	---	-0,70	04 8,22E-
C6orf133	215558_at	AK001118	NM_015255	23304	-0,70	03 6,83E-
TRIM14	203147_s_at	BE962483	NM_014788	9830	-0,70	03 7,70E-
NM_018678	220494_s_at	NM_018678	NM_033219 NM_033220 NM_033221 ---	---	-0,70	03 1,04E-
LOC144766	243986_at	BE409452	XM_378419	144766	-0,70	03 1,05E-
PPP3CA	202429_s_at	AL353950	NM_000944	5530	-0,70	04 5,44E-
RNF41	201962_s_at	NM_005785	NM_005785	10193	-0,70	04 4,15E-
RPL35A	215208_x_at	AK021571	NM_194358 NM_194359 NM_000996	6165	-0,70	03 5,45E-
CLSTN3	204375_at	NM_014718	NM_014718	9746	-0,70	03 4,42E-

ES 2 689 703 T3

PTK2	241387_at	AW276701	NM_005607	5747	-0,70	04 5,63E-04
SYNJ1	212990_at	AB020717	NM_153831 NM_003895	8867	-0,69	1,15E-06
KIAA1276	227504_s_at	N64630	NM_203446 XM_039169	27146	-0,69	7,28E-06
MLR1	240592_at	AI939336	NM_153686	254251	-0,69	3,41E-04
LMNA	1554600_s_at	BC033088	NM_005572	4000	-0,69	9,76E-03
ZNF207	1556035_s_at	AI201248	NM_170707 NM_170708 NM_003457	7756	-0,69	3,42E-03
TM4SF2	202242_at	NM_004615	NM_004615	7102	-0,69	2,98E-03
AGRN	212285_s_at	AW008051	NM_198576	375790	-0,69	4,04E-03
AF116695	224254_x_at	AF116695	---	---	-0,69	4,32E-03
FLJ20758	228020_at	BG055431	NM_017952	55037	-0,69	3,97E-05
MYLIP	223130_s_at	AF212221	NM_013262	29116	-0,69	8,41E-03
PTPRD	213362_at	N73931	NM_002839	5789	-0,69	4,67E-03
UNC5A	236448_at	R37358	NM_130391 NM_130392 NM_130393 XM_030300	90249	-0,69	1,44E-05
USP36	224979_s_at	AU154368	NM_025090	57602	-0,69	1,61E-03
RBPMS2	228802_at	BE348466	XM_496072	348093	-0,69	1,05E-03
SENP2	222523_at	BE622841	NM_021627	59343	-0,69	4,48E-03
ATXN1	203231_s_at	AW235612	NM_000332	6310	-0,69	9,97E-03
AA630955	242133_s_at	AA630955	---	---	-0,69	1,82E-03
LOC285458	242577_at	BF109197	---	285458	-0,69	9,98E-03
ZNF573	217627_at	BE515346	NM_152360	126231	-0,69	5,61E-03
APC	216933_x_at	S67788	NM_000038	324	-0,69	1,03E-03
WDFY3	212598_at	BE348236	NM_014991	23001	-0,69	1,37E-05
FNBP1	244286_at	AI017983	NM_178583 NM_178585 NM_015033	23048	-0,69	3,21E-03
DSCR3	203635_at	NM_006052	NM_006052	10311	-0,68	1,64E-05
MONDOA	202519_at	NM_014938	NM_014938	22877	-0,68	3,72E-04

ES 2 689 703 T3

AI859990	244197_x_at	AI859990	---	---	-0,68	1,47E-03
C7orf19	1558426_x_at	BC016797	NM_032831	80228	-0,68	6,95E-04
MGC20419	225642_at	AL581536	NM_138417	112970	-0,68	5,44E-03
KIAA1644	221901_at	BF516072	XM_376018	85352	-0,68	3,43E-03
AI146751	242565_x_at	AI146751	---	---	-0,68	1,09E-03
PHF17	225816_at	AW138134	NM_024900 NM_199320	79960	-0,68	8,15E-04
NFASC	213438_at	AA995925	NM_00100538 7 NM_00100538 8 NM_00100538 9 NM_015090	23114	-0,68	1,25E-03
AI332346	225445_at	AI332346	---	---	-0,68	4,20E-03
PEX6	238672_at	AW953952	NM_000287	5190	-0,68	1,21E-05
PALM2-AKAP2	226694_at	BG540494	NM_007203 NM_147150	445815	-0,68	3,43E-04
AI821721	241223_x_at	AI821721	---	---	-0,68	5,48E-04
BF197705	230401_at	BF197705	---	---	-0,68	7,84E-03
BG527339	226457_at	BG527339	---	---	-0,68	2,91E-04
LOC146174	230721_at	BF436957	NM_173501	146174	-0,68	1,72E-03
C1orf21	223127_s_at	AW003850	NM_030806	81563	-0,68	6,33E-04
FBX031	222352_at	BE465371	NM_024735	79791	-0,68	1,00E-04
TAF15	227891_s_at	AU144462	NM_003487	8148	-0,68	9,77E-03
ZNF207	231848_x_at	AW192569	NM_139215 NM_003457	7756	-0,68	1,45E-03
ZNF37A	228711_at	BF059259	NM_00100709 4 NM_003421	7587	-0,68	5,10E-04
ATP11A	1556055_at	U90905	NM_015205 NM_032189	23250	-0,68	4,26E-03
TIM14	225358_at	AI003794	NM_145261	131118	-0,68	2,38E-03
COL5A1	212489_at	AI983428	NM_201259 NM_201260 NM_201261 NM_000093	1289	-0,68	8,47E-03
MGC35274	226748_at	AI674731	NM_153374	256586	-0,68	1,32E-05
ST7L	238512_at	BF961733	NM_017744	54879	-0,67	2,66E-03
			NM_138727 NM_138728			

ES 2 689 703 T3

HUMPPA	213230_at	AI422335	NM_138729 NM_198327 NM_198328 NM_014603	30850	-0,67	7,14E-03
Cep164	204251_s_at	NM_014956	NM_014956	22897	-0,67	5,51E-03
C14orf159	218298_s_at	NM_024952	NM_024952	80017	-0,67	2,50E-03
MCTP1	235740_at	BG250585	NM_00100279 6	79772	-0,67	3,10E-03
ZNF451	215012_at	AU144775	NM_024717 NM_015555	26036	-0,67	3,81E-03
MAPT	225379_at	AA199717	NM_005910	4137	-0,67	6,84E-04
SMURF2	241900_at	AW195928	NM_016834 NM_016835 NM_016841 NM_022739	64750	-0,67	7,08E-03
FOXP1	235444_at	AI417897	NM_032682	27086	-0,67	5,32E-04
ZBED3	228402_at	AI679968	NM_032367	84327	-0,67	3,66E-03
ABCC8	210246_s_at	AF087138	NM_000352	6833	-0,67	5,10E-03
FLJ11016	219754_at	NM_018301	NM_018301	55285	-0,67	4,87E-03
AI344332	227227_at	AI344332	XM_373737	388397	-0,67	6,03E-05
HIS1	202814_s_at	AW193511	NM_006460	10614	-0,67	5,23E-04
LOC401394	217529_at	BE547674	XM_379512	401394	-0,67	1,35E-04
TMEM34	219074_at	NM_018241	NM_018241	55751	-0,67	2,81E-03
PPID	204185_x_at	NM_005038	NM_005038	5481	-0,67	2,92E-03
SFRS21P	232597_x_at	AK025132	NM_004719	9169	-0,67	3,06E-03
SLC35E1	227518_at	AW051365	NM_024881	79939	-0,67	7,53E-03
C14orf118	229514_at	AB032978	NM_017926	55668	-0,67	8,14E-04
KIAA0913	212359_s_at	W89120	NM_017972 NM_015037	23053	-0,67	7,72E-03
C9orf85	238912_x_at	AA824363	NM_182505	138241	-0,67	1,86E-03
CaMKIINalph a	218309_at	NM_018584	NM_198394 NM_018584	55450	-0,67	1,94E-07
TAF1	227205_at	AW575233	NM_004606	6872	-0,67	3,47E-03
LOC144363	225469_at	AA015609	NM_138923 NM_00100166 C	144363	-0,66	4,42E-03
TNKS	233152_x_at	AL049979	NM_003747	8658	-0,66	2,23E-03

ES 2 689 703 T3

C1orf52	228135_at	AA738437	NM_198077	148423	-0,66	3,10E-03
BG502771	226397_s_at	BG502771	---	---	-0,66	6,19E-05
ELMO1	204513_s_at	NM_014800	NM_014800	9844	-0,66	6,47E-03
AI627803	236194_at	AI627803	NM_130442 ---	---	-0,66	2,79E-03
AA604601	1570566_at	AA604601	---	---	-0,66	1,29E-04
RAMP1	204916_at	NM_005855	NM_005855	10267	-0,66	2,24E-06
AL137655	231886_at	AL137655	XM_373814	388572	-0,66	1,31E-04
PCDHB16	232099_at	AB046841		57717	-0,66	4,23E-03
KIAA0804	209553_at	BC001001	NM_020957 NM_00100992 1	23355	-0,66	2,61E-03
N63920	226179_at	N63920	NM_015303 ---	---	-0,66	3,55E-04
MCPH1	219592_at	NM_024596	NM_024596	79648	-0,66	3,60E-03
MLLT6	224784_at	BG024886	NM_005937	4302	-0,66	6,68E-04
ARRDC1	226405_s_at	AK001822	NM_152285	92714	-0,66	2,73E-03
RAB11FIP4	224482_s_at	BC006240	NM_032932	84440	-0,66	3,11E-03
EFNA1	202023_at	NM_004428	NM_004428 NM_182685	1942	-0,66	2,72E-03
C18orf17	1552307_a_at	NM_153211	NM_153211	125488	-0,66	6,53E-03
MBTD1	207115_x_at	NM_017643	NM_017643	54799	-0,66	6,47E-03
ALG3	207396_s_at	NM_005787	NM_00100694 0 NM_00100694 1 NM_00100694 2 NM_005787 NM_000629	10195	-0,66	8,88E-04
IFNAR1	225661_at	AA811138		3454	-0,66	2,66E-03
FER1L4	222245_s_at	AF218012	---	80307	-0,66	3,17E-03
DDX50	1568815_a_at	AA903184	NM_024045	79009	-0,66	4,02E-03
ELK1	210376_x_at	M25269	NM_005229	2002	-0,66	8,45E-03
FBX031	224162_s_at	BC002985	NM_024735	79791	-0,66	3,15E-03
RNF13	201779_s_at	AF070558	NM_007282	11342	-0,66	1,55E-03
			NM_183381 NM_183382 NM_183383 NM_183384			

ES 2 689 703 T3

LOC440345	238449_at	BG534511	XM_496125	440345	-0,66	1,28E-03
CXXC5	224516_s_at	BC006428	NM_016463	51523	-0,66	1,05E-05
MKNK2	223199_at	AA404592	NM_017572	2872	-0,66	2,26E-03
NFYC	202215_s_at	NM_014223	NM_199054 NM_014223	4802	-0,66	4,41E-04
RAB12	236019_at	AI076335	XM_113967	201475	-0,66	1,77E-03
ETFDH	205530_at	NM_004453	NM_004453	2110	-0,66	1,11E-03
LOC153364	230298_at	AI692906	NM_203406	153364	-0,66	1,11E-04
ELMO3	219411_at	NM_024712	NM_024712	79767	-0,66	2,82E-03
SERTAD4	229674_at	AL035414	NM_019605	56256	-0,66	3,57E-04
GPRASP1	204793_at	NM_014710	NM_014710	9737	-0,65	1,35E-03
SMAD4	1565703_at	AL832789	NM_005359	4089	-0,65	4,45E-03
ATP9A	216129_at	AL117659	XM_030577	10079	-0,65	3,73E-03
MGC21688	232806_s_at	AU158601	NM_144635	131408	-0,65	3,23E-03
LOC90410	210312_s_at	BC002640	NM_174887	90410	-0,65	1,34E-04
BE348430	230235_at	BE348430	---	---	-0,65	1,62E-04
UBE2G2	1557053_s_at	BC035653	NM_003343	7327	-0,65	1,15E-03
TRA2A	229574_at	AI268231	NM_182688 NM_013293	29896	-0,65	1,49E-03
MGC42174	238602_at	AL036541	NM_152383	129563	-0,65	9,27E-03
QSCN6	201482_at	NM_002826	NM_00100412 8	5768	-0,65	6,49E-03
C15orf24	217898_at	NM_020154	NM_002826 NM_020154	56851	-0,65	6,93E-03
SLCO1A2	211480_s_at	AF085224	NM_005075	6579	-0,65	3,46E-04
ATP2C1	230387_at	AL038450	NM_021094 NM_134431 NM_00100148 5 NM_00100148 6 NM_00100148 7	27032	-0,65	6,34E-03
AF5Q31	232864_s_at	N59653	NM_014382 NM_014423	27125	-0,65	1,51E-03
AL049975	234020_x_at	AL049975	---	---	-0,64	1,81E-03
AI634543	242208_at	AI634543	---	---	-0,64	1,23E-03

ES 2 689 703 T3

AI695743	244534_at	AI695743	---	---	-0,64	9,29E-03
CCNDBP1	223084_s_at	AF246144	NM_012142	23582	-0,64	1,19E-03
ZBED3	235109_at	AI887983	NM_037370 NM_032367	84327	-0,64	4,83E-03
BACE1	222462_s_at	AI653425	NM_012104	23621	-0,64	2,24E-05
SERTAD4	235337_at	AI276403	NM_138971 NM_138972 NM_138973 NM_019605	56256	-0,64	9,08E-04
ZNF596	240324_at	H50654	NM_173539	169270	-0,64	6,01E-04
AA845825	217534_at	AA845825	---	---	-0,64	1,19E-03
BE551142	241091_at	BE551142	XM_497668	388620	-0,64	2,87E-03
KIAA1181	224576_at	AK000752	NM_020462	57222	-0,64	9,10E-03
JMJD1C	221763_at	AI694023	NM_004241	221037	-0,64	1,29E-04
PPP2R5B	635_s_at	L42374	NM_006244	5526	-0,64	7,89E-04
FLJ31438	228316_at	AA905470	NM_152385	130162	-0,64	3,25E-05
AI524240	238863_x_at	AI524240	---	---	-0,64	3,04E-05
DJ971N18,2	240094_at	AL042660	NM_021156	56255	-0,64	7,59E-03
TTC3	208661_s_at	AW510696	NM_00100189 4	7267	-0,64	1,95E-04
JMJD3	41386_i_at	AB002344	NM_003316 XM_043272	23135	-0,64	6,66E-03
SEC6L1	228847_at	W69265	NM_007277	11336	-0,64	8,93E-03
C21orf106	227199_at	AW027812	NM_015151	23181	-0,64	1,63E-03
KIAA1919	242851_at	BE964989	NM_206889 NM_206890 NM_206891 NM_153369	91749	-0,64	1,22E-03
AI683552	217679_x_at	AI683552	---	---	-0,64	3,76E-03
ICA1	207949_s_at	NM_004968	NM_004968	3382	-0,64	3,58E-06
AI885665	238360_s_at	AI885665	NM_022307 NM_022308 ---	---	-0,64	3,47E-04
AW511239	229765_at	AW511239	---	---	-0,64	7,38E-03
BI496583	1557675_at	BI496583	---	---	-0,63	3,19E-03
LOC253982	214993_at	AF070642	NM_181718	253982	-0,63	1,41E-04

ES 2 689 703 T3

ASB13	218862_at	NM_024701	NM_198907 NM_024701	79754	-0,63	2,48E-03
C18orf23	230143_at	BF433220	NM_152470	147341	-0,63	3,83E-03
WDFY3	212602_at	AI806395	NM_014991	23001	-0,63	3,16E-04
TMEM5	204808_s_at	NM_014254	NM_178583 NM_178585 NM_014254	10329	-0,63	4,54E-05
SPTBN1	200671_s_at	N92501	NM_003128	6711	-0,63	4,18E-04
AI216567	236754_at	AI216567	NM_178313 ---	---	-0,63	2,90E-03
PTPRN2	203030_s_at	AF007555	NM_002847	5799	-0,63	7,43E-03
M17S2	1568857_a_at	BC012591	NM_130842 NM_130843 NM_005899	4077	-0,63	6,88E-03
C6orf170	1553726_s_at	NM_152730	NM_031858 NM_031862 NM_152730	221322	-0,63	2,53E-04
SON	201085_s_at	AA664291	NM_003103	6651	-0,63	2,20E-03
AA102332	240172_at	AA102332	NM_032195 NM_058183 NM_138925 NM_138926 NM_138927 ---	---	-0,63	6,39E-03
MGC15416	225861_at	AW001250	NM_032371	84331	-0,63	4,24E-04
AK024602	222207_x_at	AK024602	NM_138418 ---	---	-0,63	1,29E-03
AW945538	239208_s_at	AW945538	---	---	-0,63	2,53E-03
AI140364	221740_x_at	AI140364	XM_373737	388397	-0,63	1,10E-04
ARHGEF7	1562271_x_at	AL831814	NM_003899	8874	-0,63	5,76E-03
AG1	215434_x_at	AV684285	NM_145735 XM_371384	440673	-0,63	1,46E-03
BZRAP1	205839_s_at	NM_004758	XM_496394 NM_004758	9256	-0,63	3,66E-03
C14orf149	227699_at	BF511003	NM_144581	112849	-0,63	5,42E-03
U2AF1	232141_at	AU144161	NM_006758	7307	-0,63	2,12E-03
CAMK2B	213276_at	T15766	NM_001220	816	-0,63	7,05E-03
			NM_172078 NM_172079			

ES 2 689 703 T3

			NM_172080 NM_172081 NM_172082 NM_172083 NM_172084 NM_002525			
NRD1	229422_at	AA448346		4898	-0,63	5,72E-03
C10orf18	244165_at	AI809511	XM_374765	54906	-0,62	9,92E-03
TMPIT	234084_x_at	AU147104	NM_031925	83862	-0,62	7,32E-04
AI334297	225961_at	AI334297	---	---	-0,62	9,96E-03
MAPT	203929_s_at	AI056359	NM_005910	4137	-0,62	6,17E-04
			NM_016834 NM_016835 NM_016841 NM_019001			
XRN1	242995_at	AW976347		54464	-0,62	5,64E-03
NFIC	226377_at	A1093722	NM_005597	4782	-0,62	1,82E-03
FBXO9	212991_at	AL137520	NM_205843 NM_012347	26268	-0,62	1,09E-05
			NM_033480 NM_033481 NM_032523			
OSBPL6	223805_at	AF323728		114880	-0,62	1,05E-04
			NM_145739 NM_002525			
NRD1	242235_x_at	AW978721		4898	-0,62	6,13E-04
ATXN7L1	227732_at	AB033044	---	57485	-0,62	5,06E-03
PDPK1	32029_at	AC005591	NM_002613	5170	-0,62	8,86E-03
			NM_031268 XM_371506			
BF110411	221878_at	BF110411		388969	-0,62	4,02E-03
SNX1	1559154_at	AK098001	NM_003099	6642	-0,62	2,16E-03
			NM_148955 NM_152826 ---			
LOC282965	230108_at	BF433475		282965	-0,62	7,42E-03
AA045233	224686_x_at	AA045233	XM_373737	388397	-0,62	1,42E-04
TIMM9	218316_at	NM_012460	NM_012460	26520	-0,62	9,93E-03
PTPRN2	203029_s_at	NM_002847	NM_002847	5799	-0,62	1,78E-04
			NM_130842 NM_130843 NM_00100821 E			
MGC52110	226039_at	AW006441		493753	-0,62	2,08E-04
SCN5A	207413_s_at	NM_000335	NM_000335	6331	-0,62	2,09E-03
			NM_198056 NM_006856			
ATF7	244473_at	R37637		11016	-0,62	6,77E-04

ES 2 689 703 T3

AL162054	1559420_x_at	AL162054	---	---	-0,62	2,91E-03
INHA	1569409_x_at	BC037812	NM_002191	3623	-0,62	9,67E-03
CTTN	214782_at	AU155105	NM_005231	2017	-0,62	3,85E-03
FLJ20758	228590_at	AA045257	NM_138565 NM_017952	55037	-0,62	1,29E-06
DTX3	221835_at	N92708	NM_178502	196403	-0,61	6,82E-03
AFG3L2	232919_at	AU147380	NM_006796	10939	-0,61	7,83E-03
NR2F1	209505_at	AI951185	NM_005654	7025	-0,61	1,18E-04
MYLIP	228098_s_at	AW292746	NM_013262	29116	-0,61	9,86E-05
FLJ00312	221971_x_at	BE672818	XM_374801	399761	-0,61	2,00E-05
STAT3	235680_at	AI914925	NM_003150	6774	-0,61	7,44E-04
PALM2-AKAP2	202759_s_at	BE879367	NM_139276 NM_213662 NM_007203	445815	-0,61	1,06E-05
AI692645	230206_at	AI692645	NM_147150 ---	---	-0,61	7,26E-04
PPP3CA	202457_s_at	AA911231	NM_000944	5530	-0,61	1,76E-04
POM121	212178_s_at	AK022555	NM_172020	340318	-0,61	6,29E-04
LOC340318			XM_290401 XM_379877 ---	9883		
AK024255	232569_at	AK024255	---	---	-0,61	5,98E-03
TRIM8	223132_s_at	AF220034	NM_030912	81603	-0,61	5,53E-05
PDLIM4	211564_s_at	BC003096	NM_003687	8572	-0,61	4,83E-04
SHFM3	221519_at	AF281859	NM_022039	6468	-0,61	8,52E-06
RIC3	220282_at	NM_024557	NM_024557	79608	-0,61	3,26E-03
AK024881	234723_x_at	AK024881	---	---	-0,61	7,62E-03
DKFZP434H132	204494_s_at	AW516789	NM_015492	56905	-0,61	1,22E-04
SMA3	206565_x_at	NM_006780	NM_006780	10571	-0,61	8,06E-03
C21orf108	212996_s_at	AI803485	---	9875	-0,61	8,23E-04
MAP1LC3B	208785_s_at	BE893893	NM_022818	81631	-0,61	2,42E-03
PRKCZ	202178_at	NM_002744	NM_002744	5590	-0,61	2,33E-03
BICD1	214806_at	U90030	NM_00100339 8	636	-0,61	1,56E-03
MAP3K12	205447_s_at	BE222201	NM_001714 NM_006301	7786	-0,61	3,86E-

ES 2 689 703 T3

PSIP1	232363_at	AK024516	NM_021144	11168	-0,61	03 2,71E-03
HPCAL1	205462_s_at	NM_002149	NM_033222 NM_002149	3241	-0,61	1,40E-05
PALM2-AKAP2	202760_s_at	NM_007203	NM_134421 NM_007203	445815	-0,61	4,74E-03
LOC282997	222307_at	AI695595	NM_147150 ---	282997	-0,61	8,47E-03
BF339133	213296_at	BF339133	---	---	-0,60	3,76E-03
AI791303	238890_at	AI791303	---	---	-0,60	2,71E-03
KIAA1881	207730_x_at	NM_017932	XM_375558		-0,60	1,50E-03
AL355532	213845_at	AL355532	---		-0,60	1,88E-04
ELOVL5	214153_at	BE467941	NM_021814		-0,60	2,39E-03
FLJ38991	227442_at	BG283902	NM_173827		-0,60	9,08E-05
C3orf6	226713_at	AI247881	NM_174908		-0,60	6,70E-03
FNTA	230808_at	AA833870	NM_178335 NM_002027		-0,60	3,58E-03
MGC54289	225228_at	AI474054	NM_178454		-0,60	6,20E-03
KIAA1536	209002_s_at	BC003177	NM_020898		-0,60	9,44E-03
CDK5R1	204995_at	AL567411	NM_003885		-0,60	4,65E-04
SFXN3	1559993_at	AK091504	NM_030971		-0,60	4,27E-03
AU157441	226511_at	AU157441	---		-0,60	3,90E-03
FLJ23861	231252_at	AI680874	NM_152519	151050	-0,60	5,09E-03
BE219067	243641_at	BE219067	---	---	-0,60	2,03E-06
BC042959	1556194_a_at	BC042959	---	---	-0,60	5,58E-03
PFAAP5	221899_at	AI809961	NM_014887	10443	-0,60	8,51E-03
PPP2R2C	223573_s_at	AW166283	NM_020416 NM_181876	5522	-0,60	4,24E-03
CLASP2	212309_at	AV725315	NM_015097	23122	-0,60	3,17E-04
INSR	226450_at	AV703054	NM_000208	3643	-0,60	8,36E-06
USP34	207365_x_at	NM_014709	NM_014709	9736	-0,60	8,70E-03
RUNX1	236114_at	AI798118	NM_00100189 0	861	-0,59	5,87E-03
VPS13C	218396_at	NM_017684	NM_001754 NM_017684	54832	-0,59	6,96E-03

ES 2 689 703 T3

KPNA1	202057_at	BC002374	NM_002264	3836	-0,59	3,30E-04
RPS6KL1	223534_s_at	BC004540	NM_031464	83694	-0,59	6,25E-04
CNNM3	240339_at	AA829860	NM_017623	26505	-0,59	2,25E-03
AK022428	234731_at	AK022428	NM_199078 ---	---	-0,59	3,34E-04
NT5C3	223298_s_at	AF312735	NM_016489	51251	-0,59	8,53E-04
JMJD3	213146_at	AA521267	XM_043272	23135	-0,59	7,42E-03
NM_018289	219794_at	NM_018289	---	---	-0,59	4,18E-07
FCMD	205283_at	NM_006731	NM_006731	2218	-0,59	4,33E-03
C18orf17	1570552_at	AF363068	NM_153211	125488	-0,59	2,11E-03
FLJ23451	1569601_at	BF106979	NM_024766	79823	-0,59	1,13E-03
BF514509	239050_s_at	BF514509	---	---	-0,59	1,54E-03
LOC442647	229157_at	AI949265	XM_499544	442647	-0,59	2,37E-03
SLC24A5	228792_at	AU145100	NM_205850	283652	-0,59	1,36E-03
AI796076	243339_at	AI796076	---	---	-0,59	2,87E-03
BE857570	235677_at	BE857570	---	---	-0,59	2,57E-03
RALGDS	209051_s_at	AF295773	NM_006266	5900	-0,59	8,43E-03
SND1	242506_at	AI138785	NM_014390	27044	-0,59	1,79E-03
BM914560	1558220_at	BM914560	XM_496669	440993	-0,58	6,65E-03
SEZ6L2	218720_x_at	NM_012410	NM_012410	26470	-0,58	3,65E-03
AW294192	228040_at	AW294192	NM_201575 ---	---	-0,58	3,57E-04
PCNT2	233387_s_at	AK024009	NM_006031	5116	-0,58	5,43E-03
CHST5	219182_at	NM_024533	NM_012126	23563	-0,58	9,75E-03
MGC15416	1553715_s_at	NM_032371	NM_024533 NM_032371	84331	-0,58	4,55E-03
ABAT	209460_at	AF237813	NM_138418 NM_000663	18	-0,58	5,91E-03
C9orf112	225586_at	BF222775	NM_020686 NM_138778	92715	-0,58	3,08E-03
DSCR3	217309_s_at	AJ001867	NM_006052	10311	-0,58	6,91E-03
IER2	202081_at	NM_004907	NM_004907	9592	-0,58	6,30E-03
MGC4796	223852_s_at	BC005169	NM_032017	83931	-0,58	7,87E-

CD151	204306_s_at	NM_004357	NM_004357	977	-0,58	03 1,98E-03
MACF1	208633_s_at	W61052	NM_139030 NM_012090	23499	-0,58	1,19E-03
MGC16279	65585_at	AA527515	NM_033044 NM_032916	85002	-0,58	2,75E-03
ZBTB4	225629_s_at	AI669498	NM_020899	57659	-0,58	4,70E-05
GRIPAP1	1557562_at	AI984118	NM_020137	56850	-0,58	3,18E-03
AU145662	233399_x_at	AU145662	NM_207672 XM_499131	441383	-0,58	1,90E-03
SYNGAP1	230297_x_at	AW002361	NM_006772	8831	-0,58	5,57E-03
MGC15407	224968_at	AL518311	NM_080667	112942	-0,58	3,50E-03

Tabla 7. Expresión génica incrementada en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular 2D6 en estado diferenciado utilizando análisis de micromatrices

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
PLS3	201215_at	NM_005032	NM_005032	5358	6,46	2,18E-11
PEG3	209242_at	AL042588	NM_006210	5178	6,29	4,38E-07
FLJ32942	227711_at	BG150433	NM_144594	121355	6,29	3,26E-08
MSN	200600_at	NM_002444	NM_002444	4478	6,24	7,65E-10
DKFZp667G211	214030_at	BE501352	XM_376254	131544	6,06	3,72E-05
MCM10	220651_s_at	NM_018518	NM_018518	55388	5,94	2,90E-06
TPTE	220205_at	NM_013315	NM_182751 NM_013315	7179	5,89	2,90E-07
DLG7	203764_at	NM_014750	NM_199259 NM_199260 NM_199261 NM_014750	9787	5,79	1,58E-05
PLK2	201939_at	NM_006622	NM_006622	10769	5,72	1,74E-08
HMMR	209709_s_at	U29343	NM_012484	3161	5,64	2,12E-07
BUB1	209642_at	AF043294	NM_012485 NM_004336	699	5,53	9,46E-06
RGS5	1555725_a_at	AF493929	NM_003617	8490	5,49	1,14E-04
NDN	209550_at	U35139	NM_002487	4692	5,42	1,66E-05
FLJ34013	225710_at	H99792	---	---	5,39	6,18E-08
FAT	201579_at	NM_005245	NM_005245	2195	5,36	1,20E-

ES 2 689 703 T3

RGS5	218353_at	NM_025226	NM_003617	8490	5,29	4,83E-03
KCTD12	212192_at	AI718937	NM_138444	115207	5,28	1,26E-04
TFPI2	209278_s_at	L27624	NM_006528	7980	5,28	1,22E-06
AI813331	229097_at	AI813331	---	---	5,23	3,44E-05
GNG11	204115_at	NM_004126	NM_004126	2791	5,21	7,49E-07
AI197932	229498_at	AI197932	---	---	5,17	1,33E-06
RGS5	209070_s_at	AI183997	NM_003617	8490	5,14	3,20E-07
MKI67	212021_s_at	AU132185	NM_002417	4288	5,04	3,20E-04
PRSS12	205515_at	NM_003619	NM_003619	8492	5,01	2,78E-05
MCM10	222962_s_at	AB042719	NM_018518	55388	5,01	3,19E-07
BIRC5	210334_x_at	AB028869	NM_182751 NM_001168	332	5,00	2,63E-05
RAMP	222680_s_at	AK001261	NM_016448	51514	5,00	5,51E-05
ASF1B	218115_at	NM_018154	NM_018154	55723	4,97	2,74E-05
MKI67	212023_s_at	AU147044	NM_002417	4288	4,97	3,08E-06
MKI67	212020_s_at	AU152107	NM_002417	4288	4,97	7,09E-07
ATAD2	218782_s_at	NM_014109	NM_014109	29028	4,96	3,98E-07
BIRC5	202094_at	AA648913	NM_001168	332	4,96	7,16E-05
FLJ40629	229610_at	AW088063	NM_152515	150468	4,96	3,70E-05
EXO1	204603_at	NM_003686	NM_003686	9156	4,90	2,93E-05
DEPDC1	222958_s_at	AK000490	NM_006027 NM_130398 NM_017779	55635	4,89	1,18E-07
RGS5	209071_s_at	AF159570	NM_003617	8490	4,87	2,51E-04
RRM2	209773_s_at	BC001886	NM_001034	6241	4,86	1,25E-05
KIF14	236641_at	AW183154	XM_375825	9928	4,86	4,36E-05
OIP5	213599_at	BE045993	NM_007280	11339	4,85	1,11E-08
C10orf3	218542_at	NM_018131	NM_018131	55165	4,85	5,98E-06
BRRN1	212949_at	D38553	NM_015341	23397	4,85	4,79E-06
FLJ10719	223785_at	BC004277	NM_018193	55215	4,84	2,87E-06
CHEK2	210416_s_at	BC004207	NM_00100573 5	11200	4,81	6,89E-03

ES 2 689 703 T3

N31731	230165_at	N31731	NM_007194 NM_145862 ---	---	4,80	2,02E-07
BRIP1	235609_at	BF056791	NM_032043	83990	4,80	3,95E-05
MELK	204825_at	NM_014791	NM_014791	9833	4,80	2,52E-04
KIF20A	218755_at	NM_005733	NM_005733	10112	4,71	2,34E-05
SPARC	200665_s_at	NM_003118	NM_003118	6678	4,71	6,23E-06
BUB1	215509_s_at	AL137654	NM_004336	699	4,69	2,73E-06
BASP1	202391_at	NM_006317	NM_006317	10409	4,68	5,50E-07
SULT1C2	1553321_a_at	NM_006588	NM_006588	27233	4,66	9,28E-06
GTSE1	204317_at	BF305380	NM_016426	51512	4,64	2,33E-08
DAZ1	208282_x_at	NM_020363	NM_00100537 5	1617	4,64	4,44E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
CDC45L	204126_s_at	NM_003504	NM_003504	8318	4,62	2,60E-04
PRSS12	213802_at	AI810767	NM_003619	8492	4,61	1,09E-05
BRIP1	221703_at	AF360549	NM_032043	83990	4,60	7,21E-06
RNF182	230720_at	AI884906	NM_152737	221687	4,59	1,15E-07
SLC1A3	202800_at	NM_004172	NM_004172	6507	4,55	1,78E-06
DAZ1	207912_s_at	NM_004081	NM_00100537 5	1617	4,55	1,51E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
GTSE1	204315_s_at	AI340239	NM_016426	51512	4,54	9,21E-06
NEIL3	219502_at	NM_018248	NM_018248	55247	4,54	8,88E-06
SPARC	212667_at	AL575922	NM_003118	6678	4,53	5,72E-05
FN5	219806_s_at	NM_020179	NM_020179	56935	4,53	2,58E-05

ES 2 689 703 T3

CENPA	204962_s_at	NM_001809	NM_001809	1058	4,53	1,46E-06
MYBL1	213906_at	AW592266	XM_034274	4603	4,52	2,33E-05
MAOA	212741_at	AA923354	NM_000240	4128	4,52	9,33E-07
HMMR	207165_at	NM_012485	NM_012484	3161	4,51	5,91E-06
ZNF367	229551_x_at	N62196	NM_012485 NM_153695	195828	4,50	2,65E-05
NMU	206023_at	NM_006681	NM_006681	10874	4,50	1,75E-04
CDCA8	221520_s_at	BC001651	NM_018101	55143	4,49	1,67E-06
FLJ10156	221591_s_at	BC005004	NM_019013	54478	4,48	1,61E-06
SHCBP1	219493_at	NM_024745	NM_024745	79801	4,47	1,26E-05
DIAPH3	232596_at	AL354829	NM_030932	81624	4,46	1,53E-06
DAZ1	207909_x_at	U21663	NM_00100537 5	1617	4,46	3,63E-03
DAZ3			NM_00100578 5	57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081 NM_020363 NM_020364 NM_020420 NM_021953			
FOXM1	202580_x_at	NM_021953	NM_021953	2305	4,44	1,30E-04
			NM_202002 NM_202003 NM_006439			
MAB21L2	210302_s_at	AF262032	NM_006439	10586	4,43	9,15E-04
KIF18A	221258_s_at	NM_031217	NM_031217	81930	4,42	2,20E-07
STK6	204092_s_at	NM_003600	NM_003600	6790	4,41	1,58E-06
			NM_198433 NM_198434 NM_198435 NM_198436 NM_198437 NM_018685			
ANLN	1552619_a_at	NM_018685	NM_018685	54443	4,41	6,79E-05
MINA	213188_s_at	AI823896	NM_032778	84864	4,41	1,40E-04
			NM_153182 NM_001813			
CENPE	205046_at	NM_001813	NM_001813	1062	4,40	5,00E-07
FLJ20641	227928_at	AI224977	NM_017915	55010	4,40	5,48E-07
CDC2	203214_x_at	NM_001786	NM_001786	983	4,37	1,70E-06
			NM_033379 NM_012310			
KIF4A	218355_at	NM_012310	NM_012310	24137	4,36	5,88E-

ES 2 689 703 T3

CDCA2	226661_at	T90295	NM_152562	157313	4,34	08 2,67E-07
BRCA1	211851_x_at	AF005068	NM_007294	672	4,34	1,52E-05
			NM_007295			
			NM_007296			
			NM_007297			
			NM_007298			
			NM_007299			
			NM_007300			
			NM_007301			
			NM_007302			
			NM_007303			
			NM_007304			
			NM_007305			
			NM_007306			
DEPDC1	235545_at	AI810054	NM_017779	55635	4,32	1,48E-07
MINA	213189_at	BE966695	NM_032778	84864	4,31	1,18E-06
			NM_153182			
CDKN3	209714_s_at	AF213033	NM_005192	1033	4,31	8,89E-05
PLK4	204887_s_at	NM_014264	NM_014264	10733	4,29	1,64E-04
RRM2	201890_at	BE966236	NM_001034	6241	4,28	5,37E-05
RAD51	205024_s_at	NM_002875	NM_002875	5888	4,27	1,40E-05
			NM_133487			
AURKB	209464_at	AB011446	NM_004217	9212	4,27	2,23E-05
TTK	204822_at	NM_003318	NM_003318	7272	4,27	7,61E-06
POLE2	205909_at	NM_002692	NM_002692	5427	4,27	9,18E-04
OSBPL3	209627_s_at	AY008372	NM_015550	26031	4,26	1,75E-05
			NM_145320			
			NM_145321			
			NM_145322			
			NM_145323			
			NM_145324			
PEG3	209243_s_at	AF208967	NM_006210	5178	4,26	3,95E-05
KIF11	204444_at	NM_004523	NM_004523	3832	4,25	4,91E-04
Spc24	235572_at	AI469788	NM_182513	147841	4,25	7,74E-09
FGFR2	203639_s_at	M80634	NM_000141	2263	4,24	9,58E-06
			NM_022969			
			NM_022970			
			NM_022971			
			NM_022972			
			NM_022973			
			NM_022974			
			NM_022975			
			NM_022976			

ES 2 689 703 T3

CDCA1	223381_at	AF326731	NM_023028 NM_023029 NM_023030 NM_023031 NM_031423	83540	4,22	1,90E-05
ANLN	222608_s_at	AK023208	NM_145697 NM_018685	54443	4,22	2,01E-04
MAB21L1	206163_at	NM_005584	NM_005584	4081	4,21	2,65E-05
CDC6	203967_at	U77949	NM_001254	990	4,20	1,21E-03
ESPL1	38158_at	D79987	NM_012291	9700	4,17	1,15E-06
MCM5	201755_at	NM_006739	NM_006739	4174	4,16	4,33E-04
MGC57827	225834_at	AL135396	NM_207418	389835	4,16	6,28E-06
STK6	208079_s_at	NM_003158	NM_003600	6790	4,16	1,80E-05
SLD5	211767_at	BC005995	NM_198433 NM_198434 NM_198435 NM_198436 NM_198437 NM_032336	84296	4,16	3,72E-03
RAMP	218585_s_at	NM_016448	NM_016448	51514	4,16	1,38E-04
KNTC2	204162_at	NM_006101	NM_006101	10403	4,14	1,03E-06
DEPDC1	220295_x_at	NM_017779	NM_017779	55635	4,14	6,26E-07
KNSL7	219306_at	NM_020242	NM_020242	56992	4,14	7,68E-06
CDCA2	236957_at	AI248208	NM_152562	157313	4,13	1,53E-05
MLF11P	229305_at	AA460299	NM_024629	79682	4,13	2,13E-06
CDC2	210559_s_at	D88357	NM_001786	983	4,11	3,40E-06
CDKN3	1555758_a_at	AF213040	NM_033379 NM_005192	1033	4,10	5,09E-07
ATAD2	222740_at	AI925583	NM_014109	29028	4,10	1,44E-05
FAM54A	228069_at	AL138828	NM_138419	113115	4,10	8,67E-07
CDK2	204252_at	M68520	NM_001798	1017	4,10	1,46E-06
AI377043	230722_at	AI377043	NM_052827 ---	---	4,10	2,84E-08
CDC25C	205167_s_at	NM_001790	NM_001790	995	4,09	1,38E-05
GTSE1	204318_s_at	NM_016426	NM_022809 NM_016426	51512	4,08	6,60E-06
UHRF1	225655_at	AK025578	NM_013282	29128	4,08	5,58E-

ES 2 689 703 T3

FLJ23311	219990_at	NM_024680	NM_024680	79733	4,08	1,87E-05
PBK	219148_at	NM_018492	NM_018492	55872	4,08	2,74E-06
MGC34032	235763_at	AA001450	NM_152697	204962	4,07	4,96E-06
Spc25	209891_at	AF225416	NM_020675	57405	4,07	2,08E-04
ASPM	219918_s_at	NM_018123	NM_018136	259266	4,06	1,74E-06
IQGAP3	229538_s_at	AW271106	NM_178229	128239	4,04	3,66E-05
UBE3B	213822_s_at	BE856776	NM_130466	89910	4,03	1,32E-06
SMC2L1	204240_s_at	NM_006444	NM_183414 NM_183415 NM_006444	10592	4,02	1,45E-04
SYNPO2	225720_at	AW009747	NM_133477	171024	4,02	2,27E-04
FBLN1	202995_s_at	NM_006486	NM_001996	2192	4,01	1,34E-06
ITGA6	201656_at	NM_000210	NM_006485 NM_006486 NM_006487 NM_000210	3655	4,00	1,10E-06
CDC6	203968_s_at	NM_001254	NM_001254	990	4,00	3,34E-04
TK1	1554408_a_at	BC007986	NM_003258	7083	4,00	4,33E-07
FLJ25416	228281_at	BF343258	NM_145018	220042	3,99	1,36E-06
ORC1L	205085_at	NM_004153	NM_004153	4998	3,98	1,89E-05
CNTN1	211203_s_at	U07820	NM_001843	1272	3,97	1,43E-05
NUSAP1	218039_at	NM_016359	NM_175038 NM_016359	51203	3,97	2,83E-06
KIF23	204709_s_at	NM_004856	NM_018454 NM_004856	9493	3,96	7,58E-05
FBLN1	201787_at	NM_001996	NM_138555 NM_001996	2192	3,96	1,15E-04
RAD54L	204558_at	NM_003579	NM_006485 NM_006486 NM_006487 NM_003579	8438	3,95	6,59E-06
CENPF	209172_s_at	U30872	NM_016343	1063	3,95	2,98E-08
FGL1	205305_at	NM_004467	NM_004467	2267	3,94	2,35E-05
ARHGAP24	223422_s_at	AI743534	NM_147203 NM_201552 NM_201553 NM_031305	83478	3,94	2,71E-

ES 2 689 703 T3

DKFZp564A 232	1556300_s_at	BF476109	---	---	3,93	05 1,17E-03
PEPDC1	232278_s_at	AJ278112	NM_017779	55635	3,93	3,60E-05
GRP	206326_at	NM_002091	NM_002091	2922	3,92	5,54E-05
MAOA	204388_s_at	NM_000240	NM_000240	4128	3,92	3,38E-07
POLQ	219510_at	NM_006596	NM_006596	10721	3,91	8,49E-06
DKFZp762E 1312	218726_at	NM_018410	NM_199420 NM_018410	55355	3,91	7,86E-06
GTSE1	215942_s_at	BF973178	NM_016426	51512	3,90	9,11E-06
TPX2	210052_s_at	AF098158	NM_012112	22974	3,90	3,85E-06
LOC440738	221697_at	AF276659	NM_00100434 2	440738	3,90	2,27E-03
LOC340109	1557765_at	BC039509	XM_379322	340109	3,89	2,74E-05
NUSAP1	219978_s_at	NM_018454	NM_016359	51203	3,89	3,26E-06
LOC253981	226430_at	AI394438	NM_018454 ---	253981	3,88	6,06E-07
ESPL1	204817_at	NM_012291	NM_012291	9700	3,85	7,34E-05
KIFC1	209680_s_at	BC000712	XM_371813	3833	3,83	1,36E-06
KCTD12	212188_at	AA551075	NM_138444	115207	3,82	1,05E-05
KIF14	206364_at	NM_014875	XM_375825	9928	3,82	6,29E-07
SGOL2	235425_at	AW965339	NM_152524	151246	3,81	3,04E-05
KIAA0186	206102_at	NM_021067	XM_375911	9837	3,81	4,00E-06
C20orf129	225687_at	BC001068	NM_030919	81610	3,80	4,60E-05
DNA2L	213647_at	D42046	XM_166103	1763	3,79	4,96E-07
CCDC3	223316_at	AL136562	NM_031455	83643	3,78	9,60E-05
CIT	212801_at	AI861788	NM_007174	11113	3,78	9,25E-05
BUB1B	203755_at	NM_001211	NM_001211	701	3,78	6,66E-07
CDCA3	221436_s_at	NM_031299	NM_031299	83461	3,77	1,69E-04
MCM10	223570_at	AL136840	NM_018518	55388	3,76	8,71E-06
C18orf24	217640_x_at	BF038461	NM_182751 NM_145060	220134	3,76	7,58E-05
EMILIN2	224374_s_at	AF270513	NM_032048	84034	3,75	2,71E-05
C18orf54	229442_at	BF059556	NM_173529	162681	3,75	4,74E-08

ES 2 689 703 T3

MAB21L2	210303_at	AF262032	NM_006439	10586	3,73	4,97E-07
BNC2	238478_at	H97386	NM_017637	54796	3,73	6,40E-07
AI926924	239253_at	AI926924	---	---	3,73	3,76E-04
CDC2	203213_at	AL524035	NM_001786	983	3,73	5,41E-06
Pfs2	221521_s_at	BC003186	NM_033379 NM_016095	51659	3,73	2,20E-05
MGC34032	1569112_at	AW020413	NM_152697	204962	3,72	5,15E-06
NEK2	204641_at	NM_002497	NM_002497	4751	3,71	2,52E-05
MGC45871	226876_at	AI961778	NM_182705	359845	3,71	6,58E-06
DPYD	204646_at	NM_000110	NM_000110	1806	3,70	1,06E-04
BIRC5	202095_s_at	NM_001168	NM_001168	332	3,70	1,51E-06
ELOVL7	227180_at	AW138767	XM_371740	79993	3,69	9,47E-05
BF000203	236385_at	BF000203	---	---	3,69	1,75E-05
STK17A	202693_s_at	AW194730	NM_004760	9263	3,68	3,33E-04
CHEK1	205394_at	NM_001274	NM_001274	1111	3,67	2,79E-04
FLJ13912	45633_at	AI421812	NM_022770	64785	3,67	3,76E-06
FLJ10719	213008_at	BG403615	NM_018193	55215	3,67	4,86E-06
CENPF	207828_s_at	NM_005196	NM_016343	1063	3,65	1,58E-06
E2F2	228361_at	AL561296	NM_004091	1870	3,65	2,93E-06
NEGR1	243357_at	AA115106	NM_173808	257194	3,65	1,29E-06
CENPA	210821_x_at	BC002703	NM_001809	1058	3,65	7,15E-06
MGC40179	242560_at	AA579890	NM_173472	115795	3,64	1,89E-04
SPAG6	210033_s_at	AF079363	NM_012443	9576	3,64	3,09E-03
SLAC2-B	214734_at	AB014524	NM_172242 NM_015065	23086	3,64	3,42E-04
ASCL1	209985_s_at	BE797438	NM_004316	429	3,63	3,48E-04
ZNF521	226677_at	AF141339	NM_015461	25925	3,62	6,14E-07
NEK2	211080_s_at	Z25425	NM_002497	4751	3,62	4,42E-05
TK1	202338_at	NM_003258	NM_003258	7083	3,62	1,03E-05
CCNB1	214710_s_at	BE407516	NM_031966	891	3,62	5,65E-07
TCF7L1	221016_s_at	NM_031283	NM_031283	83439	3,61	1,36E-03

ES 2 689 703 T3

MYBL2	201710_at	NM_002466	NM_002466	4605	3,60	5,06E-05
BRCA2	208368_s_at	NM_000059	NM_000059	675	3,60	1,84E-05
TOP2A	201292_at	AL561834	NM_001067	7153	3,60	4,23E-06
CCNE2	205034_at	NM_004702	NM_004702	9134	3,60	1,96E-05
AI937080	244033_at	AI937080	NM_057735 NM_057749 ---	---	3,59	1,30E-04
MKI67	212022_s_at	BF001806	NM_002417	4288	3,59	3,34E-05
dJ383J4,3	1554271_a_at	BC019022	NM_033319	91687	3,57	3,09E-05
SMC6L1	236535_at	AW069285	NM_024624	79677	3,56	3,19E-05
ECT2	219787_s_at	NM_018098	NM_018098	1894	3,56	7,41E-08
CDCA3	223307_at	BC002551	NM_031299	83461	3,56	9,80E-05
CDCA5	224753_at	BE614410	NM_080668	113130	3,56	1,86E-05
TRIP10	202734_at	NM_004240	NM_004240	9322	3,55	1,98E-05
C14orf106	226630_at	BF062175	NM_018353	55320	3,55	5,62E-07
TMEM35	219685_at	NM_021637	NM_021637	59353	3,55	9,24E-05
POLA2	204441_s_at	NM_002689	NM_002689	23649	3,54	5,49E-06
FLJ13912	218719_s_at	NM_022770	NM_022770	64785	3,52	1,92E-06
PDE5A	227088_at	BF221547	NM_001083	8654	3,52	7,25E-04
SIM1	206876_at	AL121948	NM_033430 NM_033431 NM_033437 NM_005068	6492	3,52	9,26E-04
WDR51A	226355_at	AW001089	NM_015426	25886	3,52	2,74E-05
TFPI2	209277_at	AL574096	NM_006528	7980	3,51	1,33E-04
CUGBP2	202158_s_at	NM_006561	NM_006561	10659	3,51	3,91E-03
ATAD2	235266_at	AI139629	NM_014109	29028	3,49	5,52E-05
DOK5	1554863_s_at	BC008992	NM_018431	55816	3,49	1,51E-03
ATAD2	228401_at	AI656807	NM_177959 NM_014109	29028	3,49	2,96E-06
WDHD1	204728_s_at	NM_007086	NM_00100839 6 NM_007086	11169	3,48	1,11E-05
BC002493	223274_at	BC002493	---	---	3,47	3,08E-05
BARD1	205345_at	NM_000465	NM_000465	580	3,46	1,90E-

ES 2 689 703 T3

MGC45866	230021_at	AI638593	NM_152259	90381	3,46	1,66E-03
Cep152	239413_at	AI130715	NM_014985	22995	3,46	2,08E-05
DKFZp7610201	232313_at	AL122107	XM_044062	92293	3,46	1,14E-07
TOP2A	201291_s_at	AU159942	NM_001067	7153	3,45	8,58E-04
TRAF4	202871_at	NM_004295	NM_004295	9618	3,44	2,74E-06
RBPMS	209488_s_at	D84109	NM_145751 NM_001008710 NM_001008711 NM_001008712	11030	3,44	6,92E-04
CNTN1	227202_at	AW072790	NM_006867 NM_001843	1272	3,44	1,89E-06
DCC1	219000_s_at	NM_024094	NM_175038 NM_024094	79075	3,43	2,54E-04
KIF2C	211519_s_at	AY026505	NM_006845	11004	3,42	9,85E-05
SLC43A3	210692_s_at	BC003163	NM_014096	29015	3,41	1,35E-04
KIAA0101	202503_s_at	NM_014736	NM_017611 NM_199329 NM_014736	9768	3,40	1,33E-05
FBP1	209696_at	D26054	NM_000507	2203	3,40	3,15E-04
AA224205	238075_at	AA224205	---	---	3,39	1,33E-05
ADAMTS9	226814_at	AI431730	NM_020249	56999	3,38	2,69E-06
FLJ10706	220840_s_at	NM_018186	NM_182920 NM_182921 NM_018186	55732	3,38	4,66E-05
HCAP-G	218662_s_at	NM_022346	NM_022346	64151	3,37	3,87E-06
SLC7A2	225516_at	AA876372	NM_001008539 NM_003046	6542	3,37	1,80E-08
BF477980	242775_at	BF477980	---	---	3,36	1,18E-04
UBE2C	202954_at	NM_007019	NM_007019	11065	3,36	1,60E-06
CSRP2	207030_s_at	NM_001321	NM_181799 NM_181800 NM_181801 NM_181802 NM_181803 NM_001321	1466	3,35	9,35E-07
PRC1	218009_s_at	NM_003981	NM_003981	9055	3,35	2,53E-06

ES 2 689 703 T3

GNG12	222834_s_at	N32508	NM_199413 NM_199414 NM_018841	55970	3,34	4,89E-06
AB040957	231855_at	AB040957	---	---	3,34	2,91E-07
DAZ1	208281_x_at	NM_020364	NM_00100537 5	1617	3,34	4,52E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081 NM_020363 NM_020364 NM_020420			
MCM5	216237_s_at	AA807529	NM_006739	4174	3,34	1,01E-04
CCNA2	203418_at	NM_001237	NM_001237	890	3,34	2,17E-04
FLJ20105	219650_at	NM_017669	NM_00100995 4	54821	3,34	1,12E-05
BF108778	235363_at	BF108778	NM_017669 ---	---	3,33	1,13E-04
BM039	222118_at	AK023669	NM_018455	55839	3,33	1,47E-07
SDC2	212154_at	AI380298	NM_002998	6383	3,33	5,56E-04
LOC440928	235147_at	R56118	XM_498917	440928	3,33	1,32E-03
LOC146909	222039_at	AA292789	XM_085634	146909	3,31	2,57E-05
RAD51AP1	204146_at	BE966146	NM_006479	10635	3,31	4,07E-06
SMC6L1	218781_at	NM_024624	NM_024624	79677	3,30	2,52E-08
ZWINT	204026_s_at	NM_007057	NM_00100541 3	11130	3,29	7,56E-06
			NM_00100541 4			
			NM_007057 NM_032997 NM_033397			
KIAA1754	225582_at	AA425726		85450	3,29	3,22E-06
CCNB1	228729_at	N90191	NM_031966	891	3,29	3,59E-06
PRAME	204086_at	NM_006115	NM_006115	23532	3,28	3,84E-04
			NM_206953 NM_206954 NM_206955 NM_206956			
BRCA1	204531_s_at	NM_007295	NM_007294	672	3,28	2,73E-04
			NM_007295 NM_007296 NM_007297 NM_007298			

ES 2 689 703 T3

			NM_007299 NM_007300 NM_007301 NM_007302 NM_007303 NM_007304 NM_007305 NM_007306 NM_001843			
CNTN1	227209_at	AI091445		1272	3,27	3,23E-05
SLC43A3	213113_s_at	AI630178	NM_175038 NM_014096	29015	3,27	1,59E-06
			NM_017611 NM_199329 NM_000362			
TIMP3	201147_s_at	BF347089		7078	3,27	2,90E-04
LTB4DH	231897_at	AL135787	NM_012212	22949	3,27	4,25E-05
FLJ22624	219544_at	NM_024808	NM_024808	79866	3,27	4,96E-04
GNAI1	227692_at	AU153866	NM_002069	2770	3,26	1,36E-05
BC035780	1560258_a_at	BC035780	---	---	3,26	1,57E-07
CCNB2	202705_at	NM_004701	NM_004701	9133	3,24	2,06E-06
PTTG1	203554_x_at	NM_004219	NM_004219	9232	3,24	8,78E-06
LOC157570	235588_at	AA740849	XM_088331	157570	3,23	2,41E-04
BG391951	236852_at	BG391951	---	---	3,22	1,77E-04
MLF1IP	218883_s_at	NM_024629	NM_024629	79682	3,21	1,31E-05
MGC24665	226456_at	AW138157	NM_152308	116028	3,21	6,88E-05
GNAI1	209576_at	AL049933	NM_002069	2770	3,21	1,53E-06
PLK4	204886_at	AL043646	NM_014264	10733	3,20	2,80E-04
GPSM2	205240_at	NM_013296	NM_013296	29899	3,20	9,04E-07
TROAP	204649_at	NM_005480	NM_005480	10024	3,19	2,23E-05
SYNPO2	227662_at	AA541622	NM_133477	171024	3,19	1,95E-03
C14orf106	206500_s_at	NM_018353	NM_018353	55320	3,19	5,08E-04
HCAP-G	218663_at	NM_022346	NM_022346	64151	3,19	1,36E-04
FLJ10719	213007_at	W74442	NM_018193	55215	3,18	1,31E-05
LTB4DH	228824_s_at	BE566894	NM_012212	22949	3,17	2,71E-05
TRIM36	219736_at	NM_018700	NM_018700	55521	3,17	4,38E-05
HGF	209960_at	X16323	NM_000601	3082	3,17	6,34E-04
			NM_00101093			

ES 2 689 703 T3

			1 NM_00101093			
			2 NM_00101093			
			3 NM_00101093			
			4 NM_005483			
CHAF1A	203976_s_at	NM_005483	NM_005483	10036	3,17	3,20E-04
AK022040	233445_at	AK022040	---	---	3,17	1,50E-06
AA938184	236312_at	AA938184	---	---	3,17	1,06E-04
CTSL2	210074_at	AF070448	NM_001333	1515	3,17	5,51E-04
FKSG14	222848_at	BC005400	NM_022145	64105	3,16	3,35E-06
EME1	234465_at	AK021607	NM_152463	146956	3,16	8,50E-06
TCTE1L	203303_at	NM_006520	NM_006520	6990	3,15	2,23E-04
SBLF	213413_at	BG434174	NM_006873	11037	3,15	3,72E-03
MCM6	201930_at	NM_005915	NM_005915	4175	3,15	3,87E-06
LOC402524	242206_at	AW590588	XM_379850	402524	3,14	1,94E-07
INCENP	242787_at	AI924134	NM_020238	3619	3,14	7,83E-06
LTB4DH	228825_at	BE566894	NM_012212	22949	3,12	1,25E-04
FNDC5	226096_at	AI760132	NM_153756	252995	3,12	3,00E-04
P2RY5	218589_at	NM_005767	NM_005767	10161	3,12	2,25E-03
GABRA5	206456_at	NM_000810	NM_000810	2558	3,11	3,01E-04
E2F1	204947_at	NM_005225	NM_005225	1869	3,11	1,27E-05
E2F7	228033_at	AI341146	NM_203394	144455	3,11	9,10E-05
EDG2	204036_at	AW269335	NM_001401	1902	3,11	9,74E-05
RFC5	203210_s_at	NM_007370	NM_057159 NM_007370	5985	3,09	2,74E-05
BNC2	220272_at	NM_017637	NM_181578 NM_017637	54796	3,09	7,83E-06
DEPDC1B	226980_at	AK001166	NM_018369	55789	3,09	1,82E-06
PPAP2B	209355_s_at	AB000889	NM_003713	8613	3,09	1,33E-03
RBL1	1555004_a_at	BC032247	NM_177414 NM_002895	5933	3,09	1,25E-05
LOC132671	229331_at	AI559300	NM_183404 NM_145263	132671	3,09	2,77E-04
AI656180	242447_at	AI656180	---	---	3,09	6,33E-

ES 2 689 703 T3

KCNG3	1552897_a_at	NM_133329	NM_133329	170850	3,09	05 1,62E-04
EFNB2	202668_at	BF001670	NM_172344 NM_004093	1948	3,08	7,07E-04
TACC3	218308_at	NM_006342	NM_006342	10460	3,07	121E-05
SHOX2	210135_s_at	AF022654	NM_003030	6474	3,07	2,01E-03
TYMS	1554696_s_at	AB077208	NM_006884 NM_001071	7298	3,07	2,09E-06
CDK2	211804_s_at	AB012305	NM_001798	1017	3,06	3,25E-06
MGC33887	213644_at	AI979276	NM_052827 NM_145036	201134	3,06	7,13E-03
BVES	228783_at	AA993518	NM_007073	11149	3,06	3,06E-04
C20orf172	219512_at	NM_024918	NM_147147 NM_024918	79980	3,05	1,03E-05
OSBPL3	209626_s_at	AI202969	NM_015550	26031	3,05	2,81E-04
CXCR4	211919_s_at	AF348491	NM_145320 NM_145321 NM_145322 NM_145323 NM_145324 NM_00100854 0	7852	3,05	2,72E-03
GAS2L3	235709_at	H37811	NM_003467 NM_174942	283431	3,04	8,83E-03
CENPJ	220885_s_at	NM_018451	NM_018451	55835	3,04	5,23E-04
TIMP3	201149_s_at	U67195	NM_000362	7078	3,03	3,76E-05
AW271106	229490_s_at	AW271106	---	---	3,03	3,24E-06
SPAG5	203145_at	NM_006461	NM_006461	10615	3,03	2,06E-06
CXCR4	217028_at	AJ224869	NM_00100854 0	7852	3,03	8,98E-04
PRIMA1	230087_at	AI823645	NM_003467 NM_178004	145270	3,02	1,47E-05
DDA3	201896_s_at	BC001425	NM_178013 NM_00100529 0	84722	3,02	5,61E-06
DAZ1	216922_x_at	AF271088	NM_032636 NM_00100537 5	1617	3,02	8,33E-03
DAZ3			NM_00100578	57054		
DAZ2			5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			

ES 2 689 703 T3

MYRIP	214156_at	AL050090	NM_020363 NM_020364 NM_020420 NM_015460	25924	3,02	2,47E-05
KITLG	226534_at	AI446414	NM_000899	4254	3,01	4,26E-04
GAS2L3	238756_at	AI860012	NM_003994 NM_174942	283431	3,00	7,34E-05
NRXN1	228547_at	BF509242	NM_004801	9378	3,00	1,59E-03
ORC6L	219105_x_at	NM_014321	NM_138735 NM_014321	23594	3,00	2,00E-07
CHEK1	205393_s_at	NM_001274	NM_001274	1111	2,99	6,29E-05
FLJ20641	220060_s_at	NM_017915	NM_017915	55010	2,98	3,74E-07
SLITRK5	214930_at	AW449813	NM_015567	26050	2,98	2,02E-05
BNC2	233036_at	AU146418	NM_017637	54796	2,98	6,17E-03
SYNPO2	225895_at	AI634580	NM_133477	171024	2,98	8,59E-04
UCP2	208998_at	U94592	NM_003355	7351	2,97	3,77E-05
ETV1	217061_s_at	AC004857	NM_004956	2115	2,96	6,17E-07
MNS1	219703_at	NM_018365	NM_018365	55329	2,96	3,49E-04
MGC11266	226118_at	BE326728	NM_024322	79172	2,95	4,33E-06
AW075105	228868_x_at	AW075105	---	---	2,95	2,52E-05
LOC91431	228859_at	BF056790	NM_138698	91431	2,95	1,95E-05
OSAP	223734_at	AF329088	NM_032623	84709	2,95	4,92E-04
ARHGAP11A	204492_at	NM_014783	NM_014783	9824	2,95	3,64E-08
C6orf173	226936_at	BG492359	NM_199357 ---	---	2,95	2,93E-07
HSPA2	211538_s_at	U56725	NM_021979	3306	2,95	2,25E-03
MYO6	203216_s_at	NM_004999	NM_004999	4646	2,94	2,66E-07
MAOA	204389_at	NM_000240	NM_000240	4128	2,94	4,60E-06
ZNF521	226676_at	AK021452	NM_015461	25925	2,94	8,51E-04
ASPM	232238_at	AK001380	NM_018136	259266	2,94	4,78E-04
ENC1	201340_s_at	AF010314	NM_003633	8507	2,94	2,73E-05
KDELC2	225128_at	AL548941	NM_153705	143888	2,94	4,64E-05
SYNPO2	225894_at	AL589603	NM_133477	171024	2,93	8,98E-05

ES 2 689 703 T3

ENC1	201341_at	NM_003633	NM_003633	8507	2,93	2,30E-05
LOC441157	1558796_a_at	AL833240	XM_499037	441157	2,93	2,03E-03
SDC2	212158_at	AL577322	NM_002998	6383	2,92	7,40E-07
TROAP	1568596_a_at	AI199355	NM_005480	10024	2,92	8,12E-06
LOC253012	242601_at	AA600175	NM_198151	253012	2,92	1,02E-03
MGC24103	232568_at	AU145658	---	158295	2,91	1,01E-02
TFDP1	242939_at	AI950069	NM_007111	7027	2,91	4,17E-05
LOC441157	1558795_at	AL833240	XM_499037	441157	2,90	7,52E-07
C22orf18	218741_at	NM_024053	NM_001002876	79019	2,90	2,43E-05
TYMS	202589_at	NM_001071	NM_024053 NM_001071	7298	2,89	1,61E-06
CXCR4	209201_x_at	L01639	NM_001008540	7852	2,88	5,99E-03
MGC45871	226905_at	BG036514	NM_003467 NM_182705	359845	2,88	3,75E-04
KNTC1	206316_s_at	NM_014708	NM_014708	9735	2,87	5,79E-05
PCNA	201202_at	NM_002592	NM_002592	5111	2,87	8,09E-06
NEUROD4	221318_at	NM_021191	NM_182649 NM_021191	58158	2,86	1,12E-04
AF15Q14	1552680_a_at	NM_020380	NM_020380	57082	2,85	1,73E-04
AA699443	241838_at	AA699443	NM_144508 NM_170589 ---	---	2,85	9,18E-05
CCNE1	213523_at	AI671049	NM_001238	898	2,85	3,52E-04
ST8SIA4	230836_at	AI422986	NM_057182 NM_005668	7903	2,85	4,72E-06
MGC33926	229302_at	AA058832	NM_175052 NM_152390	130733	2,84	2,64E-05
DDB2	203409_at	NM_000107	NM_000107	1643	2,84	2,16E-03
TWIST1	213943_at	X99268	NM_000474	7291	2,83	1,05E-05
DHRS6	218285_s_at	NM_020139	NM_020139	56898	2,82	4,65E-05
DHFR	202533_s_at	BC003584	NM_000791	1719	2,82	4,52E-05
FLJ11029	228273_at	BG165011	NM_018304	55771	2,82	6,55E-07
RNASEH2A	203022_at	NM_006397	NM_006397	10535	2,82	9,96E-07
DCLRE1B	222889_at	AI703304	NM_022836	64858	2,81	7,59E-

ES 2 689 703 T3

C13orf3	227165_at	AI829603	NM_145061	221150	2,81	9,72E-05
RBPMS	209487_at	D84109	NM_00100871 0 NM_00100871 1 NM_00100871 2 NM_006867 NM_004956	11030	2,81	2,78E-06
ETV1	217053_x_at	X87175	NM_006867 NM_004956	2115	2,80	4,43E-07
CHRNA7	210123_s_at	U62436	NM_000746	1139	2,80	1,15E-04
CHRFAM7A			NM_139320 NM_148911 NM_144720	89832		
MARLIN1	238600_at	AW157571	NM_144720	152789	2,80	1,18E-03
PLCL2	213309_at	AL117515	NM_015184	23228	2,80	1,93E-04
Cep152	238535_at	AW955956	NM_014985	22995	2,79	8,14E-06
RAB32	204214_s_at	NM_006834	NM_006834	10981	2,79	1,16E-03
MAD2L1	1554768_a_at	AF394735	NM_002358	4085	2,79	3,08E-06
ITGA6	215177_s_at	AV733308	NM_000210	3655	2,79	2,99E-04
ENDOG	204824_at	NM_004435	NM_004435	2021	2,78	3,20E-04
TFDP2	203588_s_at	BG034328	NM_006286	7029	2,78	7,51E-05
BTG3	1556213_a_at	BC028229	NM_006806	10950	2,78	5,93E-04
KIF2C	209408_at	U63743	NM_006845	11004	2,77	6,84E-05
CD9	201005_at	NM_001769	NM_001769	928	2,77	9,74E-06
TMPO	209754_s_at	AF113682	NM_003276	7112	2,77	9,71E-06
CDC25B	201853_s_at	NM_021873	NM_004358	994	2,77	2,17E-06
			NM_021872 NM_021873 NM_021874 NM_212530 NM_003276			
TMPO	209753_s_at	BG391171	NM_003276	7112	2,76	7,36E-06
AURKB	239219_at	N55457	NM_004217	9212	2,76	3,82E-04
TIFA	226117_at	AA195074	NM_052864	92610	2,75	2,55E-05
CDCA7	224428_s_at	AY029179	NM_031942	83879	2,75	2,27E-06
			NM_145810 NM_030928			
CDT1	209832_s_at	AF321125	NM_030928	81620	2,75	4,06E-04
HS3ST2	219697_at	NM_006043	NM_006043	9956	2,75	9,91E-05
C18orf54	244324_at	BG283921	NM_173529	162681	2,75	1,19E-

ES 2 689 703 T3

PTPRM	1555579_s_at	BC029442	NM_002845	5797	2,74	5,55E-05
PLK1	202240_at	NM_005030	NM_005030	5347	2,74	4,99E-06
FBLN1	202994_s_at	Z95331	NM_001996	2192	2,74	5,20E-04
			NM_006485 NM_006486 NM_006487			
RAD54B	219494_at	NM_012415	NM_012415	25788	2,74	3,14E-04
			NM_134434 NM_152330			
C14orf31	225464_at	N30138		122786	2,74	6,69E-06
EDG3	228176_at	AA534817	NM_005226	1903	2,73	2,38E-04
UBL3	243072_at	AI733828	NM_007106	5412	2,72	2,94E-04
ASCL1	213768_s_at	AW950513	NM_004316	429	2,71	5,62E-05
RHEBL1	1570253_a_at	BC014155	NM_144593	121268	2,70	1,21E-05
FLJ40773	1563933_a_at	AK091691	NM_152666	200150	2,70	3,08E-04
ALCAM	240655_at	BE502785	NM_001627	214	2,70	9,75E-04
BRCA2	214727_at	X95152	NM_000059	675	2,70	4,89E-03
SCAP1	1560861_at	BG210619	NM_003726	8631	2,70	9,27E-05
CCNA2	213226_at	AI346350	NM_001237	890	2,69	3,29E-05
PKMYT1	204267_x_at	NM_004203	NM_004203	9088	2,69	2,26E-05
			NM_182687 NM_003384			
VRK1	203856_at	NM_003384		7443	2,69	6,68E-06
ARHGEF3	218501_at	NM_019555	NM_019555	50650	2,69	2,18E-04
ASPM	239002_at	AA748494	NM_018136	259266	2,69	7,18E-03
H17657	241444_at	H17657	---	---	2,69	3,92E-04
TNFAIP8	210260_s_at	BC005352	NM_014350	25816	2,68	5,03E-05
Cep72	219531_at	NM_018140	NM_018140	55722	2,68	5,02E-05
FGFR2	203638_s_at	NM_022969	NM_000141	2263	2,68	4,60E-05
			NM_022969 NM_022970 NM_022971 NM_022972 NM_022973 NM_022974 NM_022975 NM_022976 NM_023028 NM_023029			

ES 2 689 703 T3

CSRP2	211126_s_at	U46006	NM_023030 NM_023031 NM_001321	1466	2,68	6,18E-07
FAM49A	208092_s_at	NM_030797	NM_030797	81553	2,68	1,51E-03
CHAF1A	214426_x_at	BF062223	NM_005483	10036	2,67	2,14E-07
LOC387816	241360_at	BG413368	XM_370664	387816	2,67	1,92E-05
MTB	219588_s_at	NM_017760	NM_017760	54892	2,67	4,22E-05
EML1	204797_s_at	NM_004434	NM_00100870 7	2009	2,67	3,68E-03
MAD2L1	203362_s_at	NM_002358	NM_004434 NM_002358	4085	2,67	1,55E-06
RBL1	205296_at	AL365505	NM_002895	5933	2,66	2,73E-05
SYNPO2	225721_at	AI658662	NM_183404 NM_133477	171024	2,66	4,01E-04
SYNE2	202761_s_at	NM_015180	NM_015180	23224	2,66	1,44E-06
RASSF2	203185_at	NM_014737	NM_182910 NM_182912 NM_182913 NM_182914 NM_014737	9770	2,65	1,34E-04
AI001880	242723_at	AI001880	NM_170773 NM_170774 ---	---	2,65	9,66E-04
PTPRK	203038_at	NM_002844	NM_002844	5796	2,65	5,22E-06
ETV1	206501_x_at	NM_004956	NM_004956	2115	2,65	2,26E-07
WDHD1	216228_s_at	AK001538	NM_00100839 6	11169	2,64	9,95E-04
ZNF505	1569241_a_at	BC020837	NM_007086 NM_00100412 6	81931	2,64	6,40E-03
SESN3	235683_at	BF685808	NM_031218 NM_144665	143686	2,63	1,07E-03
BLM	205733_at	NM_000057	NM_000057	641	2,63	3,91E-03
MYO6	210480_s_at	U90236	NM_004999	4646	2,62	1,11E-06
SIL	205339_at	NM_003035	NM_003035	6491	2,61	1,15E-04
CENPH	231772_x_at	AL572471	NM_022909	64946	2,60	1,04E-05
GUCY1B3	211555_s_at	AF020340	NM_000857	2983	2,60	8,17E-05
MLF1IP	229304_s_at	AA460299	NM_024629	79682	2,60	9,56E-06
ASCL1	209987_s_at	BC002341	NM_004316	429	2,60	2,04E-04

ES 2 689 703 T3

BF111626	228559_at	BF111626	---	---	2,60	2,36E-05
GAJ	223700_at	AY028916	NM_032117	84057	2,60	2,48E-05
LOC494143	235117_at	AI191897	NM_001008708	494143	2,59	9,30E-04
BG252802	229641_at	BG252802	---	---	2,58	2,53E-05
AA406603	230002_at	AA406603	---	---	2,58	3,50E-06
AW024890	229942_at	AW024890	---	---	2,58	9,80E-04
GPR10	231805_at	AL563031	NM_004248	2834	2,58	2,33E-04
Cep152	215170_s_at	AB020719	NM_014985	22995	2,58	6,05E-06
EB-1	227441_s_at	AW005572	NM_020140	56899	2,57	1,57E-03
			NM_152788 NM_181670 NM_005078	7090	2,57	3,99E-04
TLE3	206472_s_at	NM_005078				
WEE1	215711_s_at	AJ277546	NM_003390	7465	2,56	8,25E-05
BM039	219555_s_at	NM_018455	NM_018455	55839	2,56	9,17E-08
TMSNB	205347_s_at	NM_021992	NM_021992	11013	2,56	1,86E-04
KIAA1524	1553810_a_at	NM_020890	NM_020890	57650	2,55	1,25E-06
ACATE2	221641_s_at	AF241787	NM_012332	23597	2,54	6,19E-04
AF15Q14	228323_at	BF248364	NM_020380	57082	2,54	2,09E-04
			NM_144508 NM_170589 NM_003503	8317	2,54	7,24E-04
CDC7	204510_at	NM_003503				
PTPRM	203329_at	NM_002845	NM_002845	5797	2,53	3,83E-04
PLEKHE1	212719_at	AB011178	NM_194449	23239	2,52	1,61E-05
MYO6	203215_s_at	AA877789	NM_004999	4646	2,51	2,63E-04
AL035461	231827_at	AL035461	---	---	2,51	3,24E-04
BF509125	232198_at	BF509125	---	---	2,51	3,41E-03
TIMP3	201150_s_at	NM_000362	NM_000362	7078	2,51	1,89E-05
NRXN1	209915_s_at	AB035356	NM_004801	9378	2,51	9,30E-04
			NM_138735			
LOC221810	221911_at	BE881590	---	221810	2,51	4,94E-06
SLC16A10	222939_s_at	N30257	NM_018593	117247	2,51	2,79E-04
PPAP2B	212230_at	AV725664	NM_003713	8613	2,50	1,17E-04
			NM_177414			

ES 2 689 703 T3

C14orf143	214264_s_at	AI656610	NM_145231	90141	2,50	1,62E-05
FLJ11259	218627_at	NM_018370	NM_018370	55332	2,50	3,56E-04
FAM46C	226811_at	AL046017	NM_017709	54855	2,50	6,18E-03
CLSTN2	219414_at	NM_022131	NM_022131	64084	2,50	2,54E-04
OVOS	228245_s_at	AW594320	XM_495907	408186	2,49	1,90E-04
LOC440080	224320_s_at	BC005170	XM_495909	440080	2,49	1,61E-05
MCM8			NM_032485	84515		
ARG99	226322_at	BF109231	NM_182802 NM_031920	83857	2,49	6,26E-04
SUV39H1	218619_s_at	NM_003173	NM_175861 NM_003173	6839	2,49	1,39E-03
BG109249	1558750_a_at	BG109249	---	---	2,48	6,02E-05
CKAP2	218252_at	NM_018204	NM_018204	26586	2,48	9,73E-07
MGC17791	227420_at	BF338045	NM_152362	126282	2,48	2,52E-04
AK025909	233814_at	AK025909	---	---	2,48	3,30E-04
MGC20533	226308_at	AA099118	NM_00101169 9	93323	2,48	8,23E-06
GATM	216733_s_at	X86401	NM_033417 NM_001482	2628	2,48	4,09E-04
TPBG	203476_at	NM_006670	NM_006670	7162	2,47	4,81E-05
PTER	222798_at	BF112019	NM_00100148 4	9317	2,47	8,26E-04
FGFR2	208228_s_at	M87771	NM_030664 NM_000141	2263	2,47	2,00E-05
SMC4L1	201663_s_at	NM_005496	NM_022969	10051	2,47	1,52E-06
			NM_022970			
			NM_022971			
			NM_022972			
			NM_022973			
			NM_022974			
			NM_022975			
			NM_022976			
			NM_023028			
			NM_023029			
			NM_023030			
			NM_023031			
			NM_00100279 9			
			NM_00100280 0			
			NM_005496			
AW963185	241700_at	AW963185	---	---	2,46	2,26E-04
RFC3	204128_s_at	NM_002915	NM_002915	5983	2,46	3,05E-05

ES 2 689 703 T3

GLDC	204836_at	NM_000170	NM_181558 NM_000170	2731	2,46	4,48E-04
BF432331	242519_at	BF432331	---	---	2,46	1,67E-04
AW151660	239744_at	AW151660	---	---	2,46	4,79E-05
HRH3	220447_at	NM_007232	NM_007232	11255	2,46	1,62E-03
VAV3	218807_at	NM_006113	NM_006113	10451	2,46	6,79E-08
MCM6	238977_at	R54683	NM_005915	4175	2,45	1,80E-04
KIF22	202183_s_at	NM_007317	NM_007317	3835	2,44	1,23E-04
HSPC150	223229_at	AB032931	NM_014176	29089	2,44	1,16E-05
QKI	212636_at	AL031781	NM_006775	9444	2,43	4,26E-03
MGC21654	1556429_a_at	BC026969	NM_206853 NM_206854 NM_206855 NM_145647	93594	2,43	3,09E-06
ASCL1	209988_s_at	BC001638	NM_004316	429	2,43	1,00E-04
FLJ37034	229622_at	H16258	---	151176	2,42	4,51E-03
FSHPRH1	207590_s_at	NM_006733	NM_006733	2491	2,42	3,10E-03
PPP1R3C	204284_at	N26005	NM_005398	5507	2,42	2,95E-04
MASTL	228468_at	BF108964	NM_032844	84930	2,42	1,20E-05
DPYSL3	201430_s_at	W72516	NM_001387	1809	2,41	3,61E-06
AW052186	239942_at	AW052186	---	---	2,41	9,52E-03
RAM2	225081_s_at	AK022955	NM_018719	55536	2,40	3,44E-03
PCSK1	205825_at	NM_000439	NM_000439	5122	2,40	1,58E-03
TMPO	203432_at	AW272611	NM_003276	7112	2,40	5,20E-05
CUGBP2	202157_s_at	U69546	NM_006561	10659	2,40	6,84E-03
C19orf14	215218_s_at	AC004144	NM_173636	284403	2,38	1,41E-03
TRIM68	219405_at	NM_018073	NM_018073	55128	2,38	3,90E-03
TEX15	221448_s_at	NM_031271	NM_031271	56154	2,38	6,78E-03
AU156421	233413_at	AU156421	---	---	2,37	1,88E-03
CDKN2D	210240_s_at	U20498	NM_001800	1032	2,36	8,95E-04
PTGFRN	224937_at	BF311866	NM_079421 NM_020440	5738	2,36	4,21E-05
DERA	218102_at	NM_015954	NM_015954	51071	2,36	4,21E-

ES 2 689 703 T3

VAV3	218806_s_at	AF118887	NM_006113	10451	2,35	2,50E-04
RASEF	1553986_at	BC023566	NM_152573	158158	2,34	4,65E-04
TNFSF13B	223502_s_at	AF134715	NM_006573	10673	2,34	3,38E-03
STN2	235852_at	BE379761	NM_033104	85439	2,34	2,91E-03
SLC4A11	223748_at	AF336127	NM_032034	83959	2,34	7,89E-03
C20orf72	225890_at	AI678096	NM_052865	92667	2,33	7,53E-05
CPVL	208146_s_at	NM_031311	NM_019029	54504	2,33	1,12E-03
HMGB2	208808_s_at	BC000903	NM_031311 NM_002129	3148	2,33	5,57E-07
FLJ13215	220466_at	NM_025004	NM_025004	80071	2,32	1,61E-04
PLK4	211088_s_at	Z25433	NM_014264	10733	2,31	1,24E-05
MRC2	37408_at	AB014609	NM_006039	9902	2,31	4,86E-03
ZNF488	229901_at	AI056483	NM_153034	118738	2,31	3,12E-03
TM4SF7	209264_s_at	AF054841	NM_003271	7106	2,31	1,36E-04
CCNF	204827_s_at	U17105	NM_001761	899	2,31	1,47E-04
RECQL4	1553015_a_at	NM_004260	NM_004260	9401	2,31	2,02E-04
CDR2	209501_at	AL582414	NM_001802	1039	2,31	1,41E-05
HGF	210997_at	M77227	NM_000601	3082	2,30	3,55E-03
			NM_00101093 1			
			NM_00101093 2			
			NM_00101093 3			
			NM_00101093 4			
WHSC1	209052_s_at	BF111870	NM_007331	7468	2,30	2,39E-03
			NM_014919 NM_133330 NM_133331 NM_133332 NM_133333 NM_133334 NM_133335 NM_133336			
CDCA7	230060_at	AI277642	NM_031942	83879	2,30	9,28E-03
			NM_145810 NM_003068			
SNAI2	213139_at	AI572079		6591	2,30	9,13E-04
NM_004260	213520_at	NM_004260	---	---	2,30	1,47E-

ES 2 689 703 T3

DIRAS3	215506_s_at	AK021882	NM_004675	9077	2,30	2,88E-03
FLJ32363	229886_at	AA502768	NM_198566	375444	2,30	4,42E-04
KCNJ4	208359_s_at	NM_004981	NM_004981	3761	2,30	6,70E-04
PLCXD2	235230_at	AW170015	NM_152868 NM_153268	257068	2,29	2,14E-03
GALNAC4S-6S	203066_at	NM_014863	NM_015892	51363	2,29	8,81E-05
TREX2	207891_s_at	NM_017518	---	11219	2,29	6,18E-05
DHFR	202534_x_at	NM_000791	NM_000791	1719	2,29	3,70E-05
dJ383J4,3	232065_x_at	N29457	NM_033319	91687	2,29	1,75E-05
ITGA9	227297_at	AI479176	NM_002207	3680	2,29	1,72E-03
NUP43	238474_at	BF978064	NM_024647	348995	2,28	1,07E-03
SSB4	229929_at	AL563476	NM_198887 NM_080862	92369	2,28	5,85E-04
GNG12	212294_at	BG111761	NM_018841	55970	2,28	2,93E-05
POLD1	203422_at	NM_002691	NM_002691	5424	2,27	8,87E-04
SHMT1	209980_s_at	L23928	NM_004169	6470	2,27	6,54E-05
DMN	212730_at	AK026420	NM_148918 NM_015286	23336	2,27	9,70E-05
EB-1	227439_at	AI806510	NM_145728 NM_020140	56899	2,27	3,41E-05
SGOL1	231938_at	AK024292	NM_152788 NM_181670 NM_138484	151648	2,26	2,13E-07
ARG99	226931_at	AU151239	NM_031920	83857	2,26	3,38E-04
U79256	37577_at	U79256	NM_175861 ---	---	2,26	3,97E-05
HS6ST2	1552766_at	NM_147174	NM_147174	90161	2,26	2,22E-04
AW305300	238962_at	AW305300	NM_147175 ---	---	2,25	3,89E-05
CCNF	204826_at	NM_001761	NM_001761	899	2,25	6,97E-06
CNAP1	201774_s_at	AK022511	NM_014865	9918	2,25	6,86E-05
AA019836	241733_at	AA019836	---	---	2,25	3,30E-04
SPAG6	210032_s_at	AI651156	NM_012443	9576	2,24	1,37E-03
			NM_172242			

ES 2 689 703 T3

PEX13	1558163_at	BC040953	NM_002618	5194	2,24	3,22E-04
AW953794	230968_at	AW953794	---	---	2,24	1,52E-03
TBPIP	213951_s_at	BE964655	NM_013290	29893	2,24	3,20E-05
SESN3	235150_at	AW376955	NM_016556 NM_144665	143686	2,24	4,11E-05
JPH1	229139_at	AI202201	NM_020647	56704	2,24	3,22E-03
CTSH	202295_s_at	NM_004390	NM_004390	1512	2,24	4,20E-03
NRG3	229233_at	H05240	NM_148979 NM_00101084	10718	2,24	1,44E-03
DPYSL3	201431_s_at	NM_001387	NM_001387	1809	2,23	2,10E-06
RACGAP1	222077_s_at	AU153848	NM_013277	29127	2,23	3,69E-06
BF222929	242346_x_at	BF222929	---	---	2,23	1,34E-03
FBXO5	218875_s_at	NM_012177	NM_012177	26271	2,23	3,85E-05
LOC143381	227550_at	AW242720	---	143381	2,23	7,49E-03
KIAA0056	212789_at	AI796581	NM_015261	23310	2,22	1,47E-05
GSG2	223759_s_at	AB039834	NM_031965	83903	2,22	7,72E-05
ZNF537	223392_s_at	BF510588	NM_020856	57616	2,22	4,48E-06
ADAMTS9	1554697_at	AF488803	NM_020249	56999	2,21	5,03E-04
CHAF1A	203975_s_at	BF000239	NM_182920 NM_182921 NM_005483	10036	2,21	6,39E-04
TEAD4	41037_at	U63824	NM_003213	7004	2,21	6,00E-03
PTER	218967_s_at	NM_030664	NM_201441 NM_201443 NM_00100148	9317	2,21	8,86E-03
ARHGAP20	228368_at	AI936560	NM_030664 NM_020809	57569	2,20	2,69E-04
GMNN	218350_s_at	NM_015895	NM_015895	51053	2,20	1,84E-05
RAD18	224200_s_at	AB035274	NM_020165	56852	2,20	8,40E-08
CCNE2	211814_s_at	AF112857	NM_004702	9134	2,20	8,82E-03
RAD18	223417_at	AF169796	NM_057735 NM_057749 NM_020165	56852	2,19	2,68E-06
HGF	210755_at	U46010	NM_000601	3082	2,19	4,99E-03
			NM_00101093			

ES 2 689 703 T3

			1 NM_00101093			
			2 NM_00101093			
			3 NM_00101093			
			4 NM_001627	214	2,19	3,28E-04
ALCAM	1569362_at	BC041127	NM_002915	5983	2,19	1,51E-04
RFC3	204127_at	BC000149	NM_181558 NM_007317	3835	2,18	7,12E-04
KIF22	216969_s_at	AC002301	NM_020436	57167	2,18	3,50E-03
SALL4	229661_at	NM_020436	NM_017637	54796	2,18	6,54E-03
BNC2	235723_at	AA843242	NM_080723	140767	2,18	7,44E-03
VMP	239293_at	R38624	---	---	2,18	1,78E-04
AU154486	213253_at	AU154486	NM_024007	1879	2,17	1,69E-03
EBF	229487_at	W73890	NM_001789	993	2,17	7,52E-04
CDC25A	204696_s_at	NM_001789	NM_201567 NM_00100229	79971	2,17	1,84E-06
FLJ23091	221958_s_at	AA775681	2 NM_024911 NM_175885	220382	2,17	4,57E-05
MGC33846	231430_at	AW205640	---	---	2,17	1,18E-04
BG028209	230521_at	BG028209	NM_025149	80221	2,16	2,85E-04
FLJ20920	218844_at	NM_025149	---	---	2,16	7,81E-05
AF131796	231916_at	AF131796	NM_007370	5985	2,16	3,16E-06
RFC5	203209_at	BC001866	NM_181578 NM_00100139	493	2,16	8,96E-03
ATP2B4	212136_at	AW517686	6 NM_001684 XM_496059	440261	2,16	3,06E-03
AI653240	240247_at	AI653240	NM_005460	9627	2,15	6,77E-04
SNCAIP	219511_s_at	NM_005460	NM_000791	1719	2,14	6,65E-05
DHFR	48808_at	AI144299	NM_021614	3781	2,14	8,09E-03
KCNN2	220116_at	NM_021614	NM_170775	---	2,14	4,87E-06
AI144156	238670_at	AI144156	---	---	2,14	6,49E-04
C15orf20	228252_at	AF108138	NM_025049	80119	2,14	7,76E-04
AA287223	238748_at	AA287223	---	---	2,13	2,30E-
CKS1B	201897_s_at	NM_001826	NM_001826	1163	2,13	

ES 2 689 703 T3

RHEBL1	1553713_a_at	NM_144593	NM_144593	121268	2,13	1,90E-06
PVRL3	213325_at	AA129716	NM_015480	25945	2,13	3,03E-03
H2AFX	212525_s_at	AA760862	NM_002105	3014	2,13	2,86E-04
XRCC4	205071_x_at	AB017445	NM_003401	7518	2,13	6,87E-07
STK17A	202695_s_at	NM_004760	NM_022406 NM_022550 NM_004760	9263	2,12	4,96E-04
MCM2	202107_s_at	NM_004526	NM_004526	4171	2,12	7,65E-06
DHFR	202532_s_at	BC000192	NM_000791	1719	2,12	1,71E-04
INCENP	219769_at	NM_020238	NM_020238	3619	2,12	7,09E-03
CBLN1	205747_at	NM_004352	NM_004352	869	2,11	1,51E-03
ZNF545	1555793_a_at	AL834267	NM_133466	284406	2,11	5,39E-07
GGH	203560_at	NM_003878	NM_003878	8836	2,10	7,91E-06
FLJ23091	228950_s_at	AL534095	NM_00100229 2	79971	2,10	5,48E-05
TLE3	212769_at	AI567426	NM_024911 NM_005078	7090	2,09	4,14E-03
BE464799	214036_at	BE464799	---	---	2,09	9,39E-04
ANP32E	208103_s_at	NM_030920	NM_030920	81611	2,09	1,57E-05
NXPH1	232377_at	N62902	NM_152745	30010	2,08	8,71E-05
CDC25A	1555772_a_at	AY137580	NM_001789	993	2,08	1,17E-03
PPAP2B	212226_s_at	AA628586	NM_201567 NM_003713	8613	2,08	2,24E-03
FABP6	210445_at	U19869	NM_177414 NM_001445	2172	2,08	2,58E-03
T96523	237469_at	T96523	---	---	2,08	5,67E-03
KIAA0286	212621_at	AB006624	NM_015257	23306	2,08	1,03E-05
DTYMK	203270_at	NM_012145	NM_012145	1841	2,08	4,74E-05
NRM	225592_at	D81048	NM_007243	11270	2,08	4,53E-05
FLJ25067	243507_s_at	AV715251	NM_152504	149840	2,08	2,73E-04
ZNF215	220214_at	NM_013250	NM_013250	7762	2,08	6,34E-05
SEMA6A	220454_s_at	NM_020796	NM_020796	57556	2,07	4,90E-04
SEMA6A	223449_at	AF225425	NM_020796	57556	2,07	1,30E-03

ES 2 689 703 T3

PPIL5	235113_at	AA742244	NM_152329	122769	2,07	2,13E-05
SMC4L1	201664_at	AL136877	NM_203466 NM_203467 NM_00100279 9 NM_00100280 0	10051	2,06	2,53E-06
MPHOSPH1	205235_s_at	NM_016195	NM_005496 NM_016195	9585	2,06	3,99E-06
SKP2	210567_s_at	BC001441	NM_005983	6502	2,06	9,75E-05
ZNF537	223393_s_at	AL136805	NM_032637 NM_020856	57616	2,06	1,76E-04
PLEKHK1	230469_at	AW665138	NM_145307	219790	2,06	6,70E-04
ALCAM	201951_at	BF242905	NM_001627	214	2,06	1,36E-03
AI733341	240911_at	AI733341	---	---	2,06	4,21E-04
C14orf94	218383_at	NM_017815	NM_017815	54930	2,05	4,04E-05
HES6	226446_at	AW249678	NM_018645	55502	2,05	1,20E-04
EAF2	219551_at	NM_018456	NM_018456	55840	2,05	1,74E-04
GJA7	208460_at	NM_005497	NM_005497	10052	2,05	2,33E-03
PHF21B	1560091_a_at	AK092243	NM_138415	112885	2,04	6,65E-04
SEMA6A	225660_at	W92748	NM_020796	57556	2,04	7,90E-04
BF593263	228018_at	BF593263	---	---	2,03	4,92E-03
FLJ20647	218802_at	NM_017918	NM_017918	55013	2,03	1,70E-03
C20orf58	228017_s_at	BF593263	NM_152864	128414	2,03	1,08E-04
NET1	201830_s_at	NM_005863	NM_005863	10276	2,03	1,27E-03
FNDC5	226097_at	AI686488	NM_153756	252995	2,03	1,40E-03
HSDL2	209513_s_at	BC004331	NM_032303	84263	2,03	3,49E-05
NRXN1	209914_s_at	AW149405	NM_004801	9378	2,02	6,83E-03
CXorf34	205238_at	NM_024917	NM_138735 NM_024917	79979	2,02	5,46E-03
SYTL4	227703_s_at	AL391688	NM_080737	94121	2,02	3,25E-04
FGFR2	211401_s_at	AB030078	NM_000141	2263	2,01	3,92E-04
			NM_022969 NM_022970 NM_022971 NM_022972 NM_022973			

ES 2 689 703 T3

			NM_022974 NM_022975 NM_022976 NM_023028 NM_023029 NM_023030 NM_023031 XM_496075			
LOC440288	239792_at	N75594		440288	2,01	5,78E-04
TEX15	232760_at	AL133653	NM_031271	56154	2,00	9,86E-04
C6orf189	228875_at	AI540210	---	221303	2,00	1,16E-05
NSE1	229546_at	AI378035	NM_145175	151354	2,00	2,29E-04
KLHL13	227875_at	AB037730	NM_033495	90293	2,00	3,06E-06
ARHGAP24	230803_s_at	AI761947	NM_031305	83478	2,00	2,48E-04
RFC4	204023_at	NM_002916	NM_002916	5984	1,99	1,39E-05
TFDP2	203589_s_at	NM_006286	NM_181573 NM_006286	7029	1,99	1,73E-06
THBS4	204776_at	NM_003248	NM_003248	7060	1,99	4,42E-03
EMILIN3	228307_at	AL137580	NM_052846	90187	1,99	6,67E-03
SESN3	242906_at	BE787063	NM_144665	143686	1,99	2,42E-04
TLE4	216997_x_at	AL358975	NM_007005	7091	1,99	1,02E-02
MYH11	227249_at	AI857685	NM_002474	4629	1,99	3,80E-04
SMTN	209427_at	AF064238	NM_022844 NM_006932	6525	1,99	3,97E-03
FLJ11127	219694_at	NM_019018	NM_134269 NM_134270 NM_019018	54491	1,99	1,47E-03
AA156721	201952_at	AA156721	---	---	1,98	1,86E-04
LOC338773	227300_at	AL521682	NM_181724	338773	1,98	1,37E-03
SDC1	201286_at	Z48199	NM_00100694 6	6382	1,98	1,62E-04
LYN	202625_at	AI356412	NM_002997 NM_002350	4067	1,98	1,63E-05
TLE3	212770_at	AW873621	NM_005078	7090	1,98	1,14E-04
LOX	204298_s_at	NM_002317	NM_002317	4015	1,96	7,97E-04
KIAA0286	212619_at	AW205215	NM_015257	23306	1,96	2,89E-06
LHFPL2	212658_at	N66633	NM_005779	10184	1,96	3,29E-05
C11orf8	205413_at	NM_001584	NM_001584	744	1,96	1,73E-06

ES 2 689 703 T3

Cep70	1554489_a_at	BC016050	NM_024491	80321	1,96	2,05E-06
GPR155	231166_at	AI733474	NM_152529	151556	1,96	8,30E-05
POLA	204835_at	NM_016937	NM_016937	5422	1,96	2,08E-04
ZAK	225665_at	AI129320	NM_016653	51776	1,96	2,36E-06
DKFZP564K196	223170_at	AF132000	NM_133646 NM_015544	26022	1,96	2,12E-05
TPST2	204079_at	NM_003595	NM_00100856 6	8459	1,95	1,43E-03
TRIP	205598_at	NM_005879	NM_003595 NM_005879	10293	1,95	1,00E-05
TPTE	233879_at	AL137389	NM_013315	7179	1,94	3,31E-03
FLJ10408	220535_at	NM_018088	NM_199259 NM_199260 NM_199261 NM_018088	55138	1,94	9,00E-03
DNAPTP6	222154_s_at	AK002064	NM_015535	26010	1,94	2,39E-07
DKFZp434P055	232398_at	AK001064	NM_173466	91531	1,93	5,72E-03
FBXO5	234863_x_at	AK026197	NM_012177	26271	1,93	2,02E-05
STRA6	1569335_a_at	BC015881	NM_022369	64220	1,93	3,41E-04
PASK	213534_s_at	D50925	NM_015148	23178	1,93	6,33E-04
DRF1	238508_at	BG026951	NM_025104	80174	1,93	4,54E-04
R71596	229580_at	R71596	NM_145663 ---	---	1,93	8,51E-03
TTF2	204407_at	AF080255	NM_003594	8458	1,93	3,06E-03
KIAA0635	206003_at	NM_014645	NM_025009	9662	1,93	1,09E-05
OLFML3	218162_at	NM_020190	NM_020190	56944	1,93	7,36E-03
GPSM2	221922_at	AW195581	NM_013296	29899	1,92	1,45E-05
AW022607	226806_s_at	AW022607	---	---	1,92	6,78E-03
OPN3	219032_x_at	NM_014322	NM_014322	23596	1,92	2,34E-03
DTYMK	1553983_at	AF258562	NM_012145	1841	1,92	1,06E-04
NY-REN-41	226287_at	AI458313	NM_080654	91057	1,92	1,77E-04
RGMA	223468_s_at	AL136826	NM_020211	56963	1,91	2,31E-03
EBF	232204_at	AF208502	NM_024007	1879	1,91	4,36E-05
C9orf140	225777_at	AW250904	NM_178448	89958	1,91	8,55E-05

ES 2 689 703 T3

HPCA	205454_at	BC001777	NM_002143	3208	1,91	2,09E-04
RFC2	1053_at	M87338	NM_002914	5982	1,91	2,20E-06
GUCY1B3	203817_at	W93728	NM_181471 NM_000857	2983	1,91	1,10E-03
SEZ6L	207873_x_at	NM_021115	NM_021115	23544	1,90	4,82E-07
CUGBP2	202156_s_at	N36839	NM_006561	10659	1,90	8,07E-04
AF15Q14	1552682_a_at	NM_144508	NM_020380	57082	1,90	2,18E-04
CENPJ	223513_at	AF139625	NM_144508 NM_170589 NM_018451	55835	1,90	1,64E-05
SEZ6L	211894_x_at	AB041736	NM_021115	23544	1,90	1,44E-05
SDC1	201287_s_at	NM_002997	NM_00100694 6	6382	1,90	6,29E-05
PLAUR	210845_s_at	U08839	NM_002997 NM_00100537 6 NM_00100537 7	5329	1,90	5,08E-03
CBLN2	242301_at	R60224	NM_002659 NM_182511	147381	1,90	4,25E-03
DCLRE1B	219490_s_at	NM_022836	NM_022836	64858	1,89	2,44E-04
ZFHx4	219779_at	NM_024721	NM_024721	79776	1,89	6,77E-05
CYBA	203028_s_at	NM_000101	NM_000101	1535	1,89	3,82E-05
DOCK10	219279_at	NM_017718	NM_014689	55619	1,88	9,11E-04
MCM3	201555_at	NM_002388	NM_002388	4172	1,88	1,06E-05
ECT2	234992_x_at	BG170335	NM_018098	1894	1,87	2,46E-04
ADA	204639_at	NM_000022	NM_000022	100	1,87	8,91E-04
SOX4	213668_s_at	AI989477	NM_003107	6659	1,87	2,08E-04
STN2	227461_at	AA632295	NM_033104	85439	1,87	6,01E-04
HS6ST2	230030_at	AI767756	NM_147174	90161	1,87	6,20E-07
NAGA	1555041_a_at	M29276	NM_147175 NM_000262	4668	1,87	2,11E-04
GCHFR	204867_at	NM_005258	NM_005258	2644	1,86	8,27E-03
KIAA1596	234733_s_at	AK001672	XM_048128	57697	1,86	9,32E-05
RFC2	203696_s_at	NM_002914	NM_002914	5982	1,86	8,69E-06
HUNK	1555935_s_at	T58129	NM_181471 NM_014586	30811	1,86	2,81E-

ES 2 689 703 T3

PEX13	1558164_s_at	BC040953	NM_002618	5194	1,85	9,05E-04
DTYMK	1553984_s_at	AF258562	NM_012145	1841	1,85	4,47E-04
TCF3	209151_x_at	AA768906	NM_003200	6929	1,85	2,01E-04
LOC91614	228293_at	AJ245600	NM_139160	91614	1,85	4,22E-03
CDCA4	218399_s_at	NM_017955	NM_017955	55038	1,84	3,08E-04
Cep152	215882_at	AK025247	NM_145701 NM_014985	22995	1,84	1,38E-03
TIMELESS	203046_s_at	NM_003920	NM_003920	8914	1,84	2,25E-04
ZNF505	208119_s_at	NM_031218	NM_00100412 6	81931	1,84	1,87E-04
SESN3	242899_at	N78412	NM_031218 NM_144665	143686	1,84	2,44E-03
FLJ14146	218546_at	NM_024709	NM_024709	79762	1,83	4,55E-04
PHF19	225533_at	AL117477	NM_00100993 6	26147	1,83	6,38E-04
C19orf32	226597_at	AI348159	NM_015651 NM_138393	92840	1,83	5,57E-05
SATB2	213435_at	AB028957	NM_015265	23314	1,83	9,07E-03
PASK	216945_x_at	U79240	NM_015148	23178	1,83	1,22E-03
MSH5	210410_s_at	AF034759	NM_002441	4439	1,83	2,29E-04
CBLB	227900_at	AV701750	NM_025259 NM_172165 NM_172166 NM_170662	868	1,82	5,23E-03
AI984541	235434_at	AI984541	---	---	1,82	1,15E-03
NEDD1	1552417_a_at	NM_152905	NM_152905	121441	1,82	2,63E-03
KDELR3	204017_at	NM_006855	NM_006855	11015	1,82	4,53E-03
TYMS	228989_at	AW291159	NM_016657 NM_001071	7298	1,82	3,40E-03
PCNXL2	39650_s_at	AB007895	NM_014801	80003	1,82	9,16E-05
HS6ST2	1552767_a_at	NM_147174	NM_024938 NM_147174	90161	1,82	8,21E-07
KIF23	244427_at	AW192521	NM_147175 NM_004856	9493	1,81	8,25E-03
EBF	227646_at	BG435302	NM_138555 NM_024007	1879	1,81	2,17E-05
BE466145	227041_at	BE466145	---	---	1,81	5,47E-

ES 2 689 703 T3

KCNJ8	205303_at	BF514158	NM_004982	3764	1,81	1,32E-05
TRIP13	204033_at	NM_004237	NM_004237	9319	1,80	1,65E-06
SMAD3	218284_at	NM_015400	NM_005902	4088	1,80	2,69E-04
AI582818	229053_at	AI582818	---	---	1,80	1,03E-03
TBC1D1	212350_at	AB029031	NM_015173	23216	1,80	1,24E-04
FEN1	204768_s_at	NM_004111	NM_004111	2237	1,79	7,12E-05
HELLS	223556_at	AF155827	NM_018063	3070	1,79	4,87E-04
SFI1	36545_s_at	AB011114	NM_001007467	9814	1,78	8,13E-03
WASPIP	202664_at	AW058622	NM_014775 NM_003387	7456	1,78	6,38E-03
RASEF	235144_at	AA826324	NM_152573	158158	1,78	9,50E-04
NOS1	239132_at	BE299830	NM_000620	4842	1,78	9,36E-04
DNMT3B	220668_s_at	NM_006892	NM_006892	1789	1,78	3,32E-05
H10545	242137_at	H10545	NM_175848 NM_175849 NM_175850 ---	---	1,77	7,47E-04
PKP4	214874_at	AL050364	NM_001005476	8502	1,76	7,22E-04
T86830	227835_at	T86830	NM_003628 XM_374317	389831	1,76	2,76E-03
HSDL2	209512_at	BC004331	NM_032303	84263	1,76	1,97E-03
AI146450	228073_at	AI146450	---	---	1,76	4,60E-06
BC041029	1569025_s_at	BC041029	XM_371697	389211	1,76	4,47E-06
AMOTL1	225459_at	AU157155	NM_130847	154810	1,76	8,01E-05
C2orf31	221245_s_at	NM_030804	---	81561	1,75	5,43E-05
STK3	204068_at	NM_006281	NM_006281	6788	1,75	3,93E-05
FAM19A4	242348_at	AA757457	NM_001005527	151647	1,75	6,22E-07
CHTF18	226569_s_at	AK024476	NM_182522 NM_022092	63922	1,75	5,44E-06
SOX4	201417_at	AL136179	NM_003107	6659	1,75	6,42E-05
RRM1	201476_s_at	AI692974	NM_001033	6240	1,74	5,08E-04
AV717623	212738_at	AV717623	---	---	1,74	2,87E-04
FGD4	227948_at	AI949549	NM_139241	121512	1,74	3,49E-

ES 2 689 703 T3

NTRK2	221796_at	AA707199	NM_001007097	4915	1,74	04 2,14E-04
SOX4	201416_at	BG528420	NM_006180 NM_003107	6659	1,73	5,20E-04
SESN3	225123_at	BE883841	NM_144665	143686	1,73	4,70E-04
C6orf139	219294_at	NM_018132	NM_018132	55166	1,73	3,59E-05
SRGAP1	233888_s_at	AK023899	NM_020762	57522	1,73	7,93E-04
CDK6	235287_at	AW192700	NM_001259	1021	1,73	2,32E-03
TNFAIP8	208296_x_at	NM_014350	NM_014350	25816	1,73	9,57E-04
TUBG1	201714_at	NM_001070	NM_001070	7283	1,73	1,25E-04
LOC221810	221910_at	BF131965	---	221810	1,73	1,75E-04
AI220427	230696_at	AI220427	---	---	1,73	4,25E-03
AI685824	244565_at	AI685824	XM_370580	387716	1,73	2,27E-04
AL566034	224944_at	AL566034	---	---	1,72	1,01E-05
WEE1	212533_at	X62048	NM_003390	7465	1,72	1,55E-05
RRM1	201477_s_at	NM_001033	NM_001033	6240	1,72	1,46E-04
EZH2	203358_s_at	NM_004456	NM_004456	2146	1,72	4,30E-06
WHSC1	222777_s_at	AI770166	NM_152998 NM_007331	7468	1,72	4,09E-04
			NM_014919 NM_133330 NM_133331 NM_133332 NM_133333 NM_133334 NM_133335 NM_133336			
H2AFX	205436_s_at	NM_002105	NM_002105	3014	1,72	4,53E-05
DKFZP434L011	227818_at	AL133609	NM_022778	64793	1,72	2,15E-04
C9orf100	230522_s_at	BG028209	NM_032818	84904	1,72	3,63E-04
ANKRD9	230972_at	AW194999	NM_152326	122416	1,71	5,46E-06
ACTA2	200974_at	NM_001613	NM_001613	59	1,71	1,89E-03
GALNT10	212256_at	BE906572	NM_017540	55568	1,71	2,83E-03
			NM_198321			
AI826125	229866_at	AI826125	---	---	1,71	1,06E-03
LRRC20	218550_s_at	NM_018205	NM_018205	55222	1,70	6,18E-03

ES 2 689 703 T3

C6orf213	1562443_at	AK095527	NM_018239 NM_207119 NM_001010852	134829	1,70	2,22E-07
EDG2	204037_at	BF055366	NM_001401	1902	1,69	2,85E-03
DLL3	222898_s_at	BE350882	NM_057159 NM_016941	10683	1,69	3,90E-05
TBPIP	205956_x_at	NM_013290	NM_203486 NM_013290	29893	1,69	8,09E-05
GFRA2	205721_at	U97145	NM_016556 NM_001495	2675	1,69	3,03E-03
AI140305	228849_at	AI140305	---	---	1,69	5,44E-03
MBD2	214397_at	AI827820	NM_003927	8932	1,68	7,38E-05
POLE	216026_s_at	AL080203	NM_015832 NM_006231	5426	1,68	1,73E-04
TIMP3	201148_s_at	AW338933	NM_000362	7078	1,68	3,70E-06
RBMS3	206767_at	NM_014483	NM_001003792 NM_001003793 NM_014483	27303	1,68	5,38E-04
BE670307	227955_s_at	BE670307	---	---	1,68	3,67E-04
LAMA4	202202_s_at	NM_002290	NM_002290	3910	1,68	8,97E-03
NUDT1	204766_s_at	NM_002452	NM_002452	4521	1,68	4,44E-03
LOC81691	208107_s_at	NM_030941	NM_198948 NM_198949 NM_198950 NM_198952 NM_198953 NM_198954 NM_030941	81691	1,68	6,55E-05
PKP4	201927_s_at	BG292559	NM_001005476 NM_003628	8502	1,68	8,23E-03
AI919519	235092_at	AI919519	---	---	1,68	4,50E-04
KPNA2	211762_s_at	BC005978	NM_002266	3838	1,67	1,78E-06
ZNF519	1568873_at	BC010705	NM_145287	162655	1,67	8,56E-03
PELO	226731_at	AA156873	NM_015946	53918	1,67	5,20E-03
HIRIP3	204504_s_at	NM_003609	NM_003609	8479	1,67	1,47E-05
RAD54B	235846_at	AI208616	NM_012415	25788	1,67	2,55E-03
DKFZP761	225355_at	AK026748	NM_134434 ---	54492	1,67	5,04E-

ES 2 689 703 T3

M151 SYN2	210247_at	AW139618	NM_003178	6854	1,67	03 7,92E-04
SNAG1	226683_at	AU146771	NM_133625 NM_052870	112574	1,67	1,69E-04
CDC25A	204695_at	AI343459	NM_001789	993	1,66	4,73E-04
MEST	202016_at	NM_002402	NM_201567 NM_002402	4232	1,66	1,55E-04
HPSE	222881_at	AF155510	NM_177524 NM_177525 NM_006665	10855	1,66	3,24E-04
AI673553	203061_s_at	AI673553	---	---	1,66	1,97E-05
SANG	232881_at	AI500353	---	149775	1,66	2,02E-04
HGF	210998_s_at	M77227	NM_000601	3082	1,66	6,82E-03
			NM_00101093 1			
			NM_00101093 2			
			NM_00101093 3			
			NM_00101093 4			
SCD4	224901_at	AL571375	NM_024906	79966	1,66	1,68E-03
RDH10	226021_at	AW150720	NM_172037	157506	1,66	1,99E-03
SYNPO2	232119_at	BF984227	NM_133477	171024	1,66	5,45E-03
LSM4	202737_s_at	NM_012321	NM_012321	25804	1,65	5,27E-05
BE857972	243781_at	BE857972	---	---	1,65	7,56E-04
NET1	201829_at	AW263232	NM_005863	10276	1,65	7,05E-05
LYN	210754_s_at	M79321	NM_002350	4067	1,65	3,45E-05
DACH1	228915_at	AI650353	NM_004392	1602	1,65	6,68E-03
			NM_080759 NM_080760 NM_000234	3978	1,65	3,00E-04
LIG1	202726_at	NM_000234	NM_000234	3978	1,65	3,00E-04
LYN	202626_s_at	NM_002350	NM_002350	4067	1,64	1,87E-05
ST8SIA2	221285_at	NM_006011	NM_006011	8128	1,64	2,88E-03
FLJ23322	233250_x_at	AL022313	NM_024955	80020	1,64	1,54E-04
GNG12	1555240_s_at	AF493879	NM_018841	55970	1,64	9,06E-05
BC025350	1569418_at	BC025350	---	---	1,63	1,39E-03
EVE1	225162_at	BG285417	NM_00100955	152503	1,63	1,62E-

ES 2 689 703 T3

SCML1	222747_s_at	BF001786	NM_006746	6322	1,63	2,63E-04
C20orf100	228737_at	AA211909	NM_032883	84969	1,63	9,04E-04
LMNB1	203276_at	NM_005573	NM_005573	4001	1,63	1,56E-04
TNFSF13B	223501_at	AW151360	NM_006573	10673	1,63	2,45E-03
ZAK	225662_at	H28667	NM_016653	51776	1,63	2,26E-05
N36085	227221_at	N36085	NM_133646 ---	---	1,63	2,85E-04
SOX4	201418_s_at	NM_003107	NM_003107	6659	1,62	4,87E-04
LOC342892	244640_at	AW440392	XM_292740	342892	1,62	9,38E-05
MCM4	222037_at	AI859865	NM_005914	4173	1,62	4,15E-03
RAD51C	206066_s_at	NM_002876	NM_182746 NM_002876	5889	1,62	2,63E-04
SORT1	212807_s_at	BF447105	NM_058216 NM_058217 NM_002959	6272	1,62	7,88E-04
AV687517	228498_at	AV687517	---	---	1,62	4,00E-03
FLJ44635	227618_at	AI250910	NM_207422	392490	1,62	4,08E-03
HMG2L1	212597_s_at	AL079310	NM_00100368 1	10042	1,62	1,26E-04
PLXNA2	213030_s_at	AI688418	NM_005487 NM_014250 NM_025179	5362	1,62	1,87E-04
ST8SIA2	239537_at	AW589904	NM_006011	8128	1,61	3,33E-06
SCML1	218793_s_at	NM_006746	NM_006746	6322	1,61	6,46E-07
KIAA1754L	240037_at	R37132	NM_00100894 9	150771	1,61	8,33E-03
COBLL1	203642_s_at	NM_014900	NM_178495 NM_014900	22837	1,61	1,06E-03
N26620	227503_at	N26620	---	---	1,61	1,67E-03
RPA3	209507_at	BC005264	NM_002947	6119	1,61	2,30E-04
RODH	205700_at	NM_003725	NM_003725	8630	1,61	9,72E-03
CARHSP1	224910_at	AL575747	NM_014316	23589	1,61	7,34E-03
AL049709	216548_x_at	AL049709	---	---	1,61	2,85E-04
POLD3	212836_at	D26018	NM_006591	10714	1,61	3,76E-04
BZRP	202096_s_at	NM_000714	NM_000714	706	1,61	7,10E-03

ES 2 689 703 T3

LOC286044	222662_at	W60806	NM_007311 ---	286044	1,60	2,19E-04
MICAL3	229474_at	BF055090	XM_032996	57553	1,60	4,74E-03
C1QL1	205575_at	NM_006688	XM_032997 NM_006688	10882	1,60	1,17E-03
EGFR	224999_at	BE878463	NM_005228	1956	1,60	1,02E-02
AL040051	225481_at	AL040051	NM_201282 NM_201283 NM_201284 ---	---	1,60	1,85E-03
GLRX	209276_s_at	AF162769	NM_002064	2745	1,59	8,29E-03
CDC25C	217010_s_at	AF277724	NM_001790	995	1,59	8,33E-03
DNM3	209839_at	AL136712	NM_022809 NM_015569	26052	1,59	3,88E-04
LOC81691	215215_s_at	AC004381	NM_030941	81691	1,59	1,47E-05
SCD4	224018_s_at	BC004936	NM_024906	79966	1,59	5,27E-04
PAG	225626_at	AK000680	NM_018440	55824	1,59	7,40E-03
SLC8A1	235518_at	AI741439	NM_021097	6546	1,58	5,49E-04
W93046	230068_s_at	W93046	---	---	1,58	3,19E-03
Cep70	224150_s_at	AF289495	NM_024491	80321	1,58	1,32E-03
DACH1	205471_s_at	AW772082	NM_004392	1602	1,58	3,93E-03
FLJ12484	219361_s_at	NM_022767	NM_080759 NM_080760 NM_022767	64782	1,58	3,84E-04
IMP-1	223689_at	AF198254	NM_006546	10642	1,57	2,37E-03
AI697657	229128_s_at	AI697657	---	---	1,57	1,62E-05
LOC90139	227307_at	AL565381	NM_130783	90139	1,57	2,80E-03
SEZ6L	216047_x_at	AL050253	NM_021115	23544	1,57	1,21E-04
CENPC1	204739_at	NM_001812	NM_001812	1060	1,57	4,21E-04
CKS2	204170_s_at	NM_001827	NM_001827	1164	1,57	6,57E-04
LOC92689	213455_at	W87466	NM_138389	92689	1,57	6,69E-04
ROR1	211057_at	BC006374	NM_005012	4919	1,57	9,11E-04
PHF19	227211_at	BE544837	NM_00100993 6	26147	1,56	3,54E-04
PHF21B	1562309_s_at	AK092243	NM_015651 NM_138415	112885	1,56	5,12E-

ES 2 689 703 T3

USP48	229812_at	BE645018	NM_032236	84196	1,56	4,62E-05
LOC221362	213248_at	AL577024	---	221362	1,56	9,52E-03
CRYZ	202950_at	NM_001889	NM_001889	1429	1,56	3,29E-06
GATM	203178_at	NM_001482	NM_001482	2628	1,56	1,90E-04
NM_014641	203062_s_at	NM_014641	---	---	1,55	5,41E-05
FLJ38964	235699_at	H19232	NM_173527	161253	1,55	4,09E-03
SPA17	205406_s_at	NM_017425	NM_017425	53340	1,55	1,75E-03
NRP1	212298_at	BE620457	NM_003873	8829	1,55	7,51E-03
NXN	243503_at	AI632740	NM_022463	64359	1,55	1,68E-04
TCFL5	235694_at	N49233	NM_006602	10732	1,55	7,24E-05
UNG	202330_s_at	NM_003362	NM_003362	7374	1,54	5,21E-06
TREX2	213334_x_at	BE676218	NM_080911 ---	11219	1,54	6,50E-04
WHSC1	209053_s_at	BE793789	NM_007331	7468	1,54	1,93E-04
			NM_014919 NM_133330 NM_133331 NM_133332 NM_133333 NM_133334 NM_133335 NM_133336			
ITGB3BP	205176_s_at	NM_014288	NM_014288	23421	1,54	1,06E-04
LSM4	202736_s_at	AA112507	NM_012321	25804	1,54	8,14E-05
MPP5	226092_at	BF115203	NM_022474	64398	1,54	7,77E-03
MGC21654	214061_at	AI017564	NM_145647	93594	1,54	4,22E-04
C9orf76	218979_at	NM_024945	NM_024945	80010	1,54	2,48E-04
KLF7	238482_at	AL120562	NM_003709	8609	1,54	5,35E-03
LZTS1	47550_at	N21184	NM_021020	11178	1,54	9,06E-03
SLC8A1	238546_at	BF344961	NM_021097	6546	1,54	1,55E-03
FGD4	242445_at	AA296351	NM_139241	121512	1,54	9,73E-03
ZNF217	203739_at	NM_006526	NM_006526	7764	1,54	4,11E-06
TM4SF14	221002_s_at	NM_030927	NM_030927	81619	1,54	1,44E-03
NAGA	202943_s_at	M38083	NM_000262	4668	1,53	1,02E-03

ES 2 689 703 T3

RAI14	202052_s_at	NM_015577	NM_015577	26064	1,53	4,59E-04
PARD6G	227204_at	AI817448	NM_032510	84552	1,53	7,67E-04
MMD	203414_at	NM_012329	NM_012329	23531	1,53	7,58E-05
C15orf23	225300_at	BF792864	NM_033286	90417	1,53	6,24E-04
ACO1	207071_s_at	NM_002197	NM_002197	48	1,53	6,67E-03
FLJ10514	218365_s_at	AI765051	NM_018122	55157	1,53	2,72E-03
RAB3B	227123_at	AU156710	NM_002867	5865	1,52	1,25E-03
TCFL5	204849_at	NM_006602	NM_006602	10732	1,52	8,79E-04
GEMIN4	205527_s_at	NM_015487	NM_015721	50628	1,52	2,20E-03
CBLB	209682_at	U26710	NM_170662	868	1,52	9,18E-07
HMG2L1	212596_s_at	AJ010070	NM_00100368 1	10042	1,52	1,65E-04
CARHSP1	218384_at	NM_014316	NM_005487 NM_014250 NM_014316	23589	1,52	1,20E-03
PTPRR	210675_s_at	U77917	NM_002849	5801	1,51	6,84E-03
ZNF85	1554445_at	BC008688	NM_130846 NM_003429	7639	1,51	8,78E-03
C20orf58	230668_at	AI758937	NM_152864	128414	1,51	2,35E-04
AK098258	1564175_at	AK098258	---	---	1,51	4,42E-03
ADPN	220675_s_at	NM_025225	NM_025225	80339	1,51	6,52E-04
RANBP1	202483_s_at	NM_002882	NM_002882	5902	1,51	9,75E-06
CDK6	224851_at	AW274756	NM_001259	1021	1,51	3,51E-04
GPR161	206972_s_at	NM_007369	NM_007369	23432	1,51	3,61E-05
MCFP	205716_at	NM_018843	NM_153832 NM_018843	55972	1,51	5,29E-03
RTN4IP1	224509_s_at	BC006399	NM_032730	84816	1,51	1,29E-03
RANGAP1	212125_at	NM_002883	NM_002883	5905	1,50	4,37E-04
BF057492	221871_s_at	BF057492	---	---	1,50	2,08E-03
MMD	244523_at	AW104453	NM_012329	23531	1,50	4,38E-05
PHF19	227212_s_at	BE544837	NM_00100993 6	26147	1,50	4,91E-05
HMGB3	203744_at	NM_005342	NM_015651 NM_005342	3149	1,50	1,38E-06
RODH	37512_at	U89281	NM_003725	8630	1,50	6,29E-

ES 2 689 703 T3

AW665447	230113_at	AW665447	---	---	1,50	03 8,13E-
RANGAP1	1553535_a_at	NM_002883	NM_002883	5905	1,50	03 6,68E-
PRIM1	205053_at	NM_000946	NM_000946	5557	1,49	05 7,62E-
FEN1	204767_s_at	BC000323	NM_004111	2237	1,49	05 2,41E-
MAN1A1	208116_s_at	NM_005907	NM_005907	4121	1,49	04 2,54E-
SLC1A1	213664_at	AW235061	NM_004170	6505	1,49	03 1,97E-
LOC283027	1562527_at	AF519622	---	283027	1,49	04 6,56E-
BUB3	201457_x_at	AF081496	NM_00100779 3	9184	1,49	03 1,77E-
GPR161	230369_at	AI743151	NM_004725 NM_007369	23432	1,49	05 2,32E-
TRIM59	235476_at	AW182459	NM_153832 NM_173084	286827	1,49	04 9,48E-
TLE4	204872_at	NM_007005	NM_007005	7091	1,48	03 3,51E-
LOC401022	242042_s_at	AA406052	---	401022	1,48	05 1,50E-
ZAK	238613_at	AI475164	NM_016653	51776	1,48	03 7,42E-
DHRS10	228713_s_at	AI742586	NM_133646 NM_016246	51171	1,48	03 3,31E-
FLJ10747	222673_x_at	AI582192	NM_018202	159090	1,48	05 4,86E-
LOC159090			NM_145284	55219		
MGC13186	223272_s_at	BC005102	NM_032324	84284	1,47	03 5,80E-
FLJ11535	220798_x_at	NM_024888	NM_024888	79948	1,47	03 8,54E-
C9orf81	228774_at	AW268594	XM_095991	84131	1,47	04 2,00E-
DHX35	234728_s_at	AL023803	NM_021931	60625	1,47	04 9,46E-
EPOR	209962_at	M34986	NM_000121	2057	1,47	04 4,25E-
DUT	208955_at	AB049113	NM_001948	1854	1,47	03 1,77E-
KHDRBS3	209781_s_at	AF069681	NM_006558	10656	1,47	03 5,70E-
AA218973	237245_at	AA218973	XM_372330	390009	1,47	06 2,67E-
PVT1	1558290_a_at	BG200951	XM_372058	441378	1,47	03 4,77E-
LOC441378			XM_499128	5820		04
MCM7	210983_s_at	AF279900	NM_005916	4176	1,47	05 5,48E-
POLR3K	218866_s_at	NM_016310	NM_182776 NM_016310	51728	1,47	03 2,20E-
LOC159090	225361_x_at	AI348001	NM_145284	159090	1,47	03 4,60E-

ES 2 689 703 T3

CNP	208912_s_at	BC001362	NM_033133	1267	1,47	7,89E-04
LOC201725	235088_at	AI276663	NM_00100839 3	201725	1,46	1,25E-03
CHRNA3	211772_x_at	BC006114	NM_000743	1136	1,46	8,95E-04
LOC126295	1554628_at	BC028974	NM_173480	126295	1,46	8,70E-03
FARP1	201911_s_at	NM_005766	NM_00100171 5	10160	1,46	7,82E-05
PAX5	221969_at	BF510692	NM_005766 NM_016734	5079	1,46	8,27E-04
HTR2B	206638_at	NM_000867	NM_000867	3357	1,46	5,49E-03
SLC25A10	218275_at	NM_012140	NM_012140	1468	1,46	6,48E-03
HELLS	242890_at	AI650364	NM_018063	3070	1,46	2,08E-03
CCBE1	243805_at	BG035826	NM_133459	147372	1,46	3,38E-03
BE877357	228314_at	BE877357	---	---	1,46	3,26E-03
MAK3	222393_s_at	AU149868	NM_025146	80218	1,46	4,59E-03
BE222344	226034_at	BE222344	---	---	1,46	5,03E-04
FLJ10375	243230_at	AA918375	NM_018075	55129	1,46	6,10E-03
BRI3BP	231810_at	BG106919	NM_080626	140707	1,46	5,53E-04
LCRISP1	223475_at	AF142573	NM_031461	83690	1,46	8,87E-04
ARHGAP6	206167_s_at	NM_001174	NM_001174	395	1,45	6,89E-03
			NM_006125 NM_013422 NM_013423 NM_013427			
TLX3	208495_at	NM_021025	NM_021025	30012	1,45	3,06E-04
H2AFV	202487_s_at	NM_012412	NM_012412	94239	1,45	4,29E-03
			NM_138635 NM_201436 NM_201516 NM_201517			
BIRC5	1555826_at	BQ021146	NM_001168	332	1,45	3,48E-03
AI357639	225716_at	AI357639	---	---	1,44	3,04E-04
ARMC7	229906_at	BF194773	NM_024585	79637	1,44	2,42E-03
OSBPL10	219073_s_at	NM_017784	NM_017784	114884	1,44	1,05E-03
TUBB4	212664_at	AL567012	NM_006087	10382	1,44	2,03E-03
LRRIQ2	219886_at	NM_024548	NM_024548	79598	1,44	8,76E-04

ES 2 689 703 T3

CUGBP2	1557422_at	R49146	NM_006561	10659	1,44	7,78E-03
SRGAP2	213329_at	AA742261	XM_059095	23380	1,44	1,39E-03
NUP93	202188_at	NM_014669	NM_014669	9688	1,44	2,68E-06
LOC440288	238511_at	BF982733	XM_496075	440288	1,44	3,83E-04
AI346432	229132_at	AI346432	---	---	1,44	3,77E-04
HSZFP36	229732_at	AI417785	XM_375568	55552	1,43	1,60E-04
DLG2	206253_at	NM_001364	NM_001364	1740	1,43	7,70E-04
PTX3	206157_at	NM_002852	NM_002852	5806	1,43	3,96E-04
FIGNL1	1552921_a_at	NM_022116	NM_022116	63979	1,43	3,50E-04
CHML	206079_at	NM_001821	NM_001821	1122	1,43	7,71E-03
AI889959	227350_at	AI889959	---	---	1,43	3,94E-04
TLE4	233575_s_at	AA705845	NM_007005	7091	1,43	5,78E-04
LOC388272	226608_at	AW157311	NM_001001436	388272	1,43	2,91E-03
MGC2603	220011_at	NM_024037	NM_024037	79000	1,43	1,24E-04
KIAA1853	230010_at	AA608629	NM_194286	84530	1,43	8,35E-04
LOC51760	205613_at	NM_016524	NM_016524	51760	1,42	1,17E-03
CSE1L	210766_s_at	AF053640	NM_001316	1434	1,42	1,06E-05
FAD158	223533_at	AL136919	NM_177436 NM_032270	84230	1,42	2,21E-04
FAM54A	234944_s_at	AL138828	NM_138419	113115	1,42	4,74E-03
UNC84B	212144_at	AL021707	NM_015374	25777	1,42	1,88E-03
BICD1	1554020_at	BC010091	NM_001003398	636	1,42	9,68E-03
GNG2	1555766_a_at	AF493870	NM_001714 NM_053064	54331	1,42	1,16E-06
WDR51A	234749_s_at	AL117629	NM_015426	25886	1,42	5,03E-03
EME1	234464_s_at	AK021607	NM_152463	146956	1,42	1,54E-05
TNFRSF19L	227060_at	AW571669	NM_032871	84957	1,42	3,79E-03
TSC	218872_at	NM_017899	NM_152222 NM_017899	54997	1,42	3,16E-03
LOC201725	238015_at	BE620598	NM_001008393	201725	1,42	7,24E-05
FAM33A	225686_at	BE048371	NM_182620	348235	1,42	9,89E-05
GTF2E1	205930_at	NM_005513	NM_005513	2960	1,42	2,50E-

ES 2 689 703 T3

TYRO3	211432_s_at	U05682	NM_006293	7301	1,42	1,33E-03
GFPT2	205100_at	NM_005110	NM_005110	9945	1,42	1,08E-03
SNX10	218404_at	NM_013322	NM_013322	29887	1,41	4,80E-04
BU077901	1557214_at	BU077901	---	---	1,41	2,12E-04
KPNA2	201088_at	NM_002266	NM_002266	3838	1,41	1,16E-05
LZTS1	219042_at	NM_021020	NM_021020	11178	1,41	5,78E-03
NOS1	207309_at	NM_000620	NM_000620	4842	1,41	5,32E-04
CGI-96	33307_at	AL022316	NM_015703	27341	1,41	4,76E-04
WDR34	224715_at	BG338983	NM_052844	89891	1,40	1,09E-03
RAB3B	205924_at	BC005035	NM_002867	5865	1,40	2,80E-03
GCH1	204224_s_at	NM_000161	NM_000161	2643	1,40	2,84E-03
C14orf145	1557755_at	AW028337	XM_496002	145508	1,40	1,22E-03
PDLIM5	203242_s_at	BG054550	NM_00101151 3 NM_00101151 4 NM_00101151 5 NM_00101151 6 NM_006457	10611	1,40	6,09E-03
MPP5	219321_at	NM_022474	NM_022474	64398	1,40	2,21E-05
CDO1	204154_at	NM_001801	NM_001801	1036	1,40	3,42E-05
CHAF1B	204775_at	NM_005441	NM_005441	8208	1,40	9,66E-04
RECQL	210568_s_at	BC001052	NM_002907	5965	1,40	3,54E-03
MAPK12	206106_at	AL022328	NM_032941 NM_002969	6300	1,40	1,10E-06
PTTG3	208511_at	NM_021000	---	26255	1,39	1,10E-03
HAT1	203138_at	NM_003642	NM_003642	8520	1,39	2,54E-05
MYD88	209124_at	U70451	NM_002468	4615	1,39	2,89E-03
NUDT15	219347_at	NM_018283	NM_018283	55270	1,39	1,29E-04
PCDH9	219737_s_at	AI524125	NM_020403 NM_203487	5101	1,39	7,01E-03
182-FIP	243119_at	AA810156	NM_020772	57532	1,39	2,92E-04
MCM4	212141_at	AA604621	NM_005914 NM_182746	4173	1,39	3,82E-03
RAB23	229504_at	AI810826	NM_016277	51715	1,39	1,82E-

ES 2 689 703 T3

C9orf88	223019_at	BC001979	NM_183227 NM_022833	64855	1,39	05 2,37E-03
DLX6	242940_x_at	AA040332	XM_376652	1750	1,39	2,34E-06
FLJ13909	219556_at	NM_025108	XM_379892 NM_025108	80178	1,39	5,95E-04
CDKN2C	204159_at	NM_001262	NM_001262	1031	1,39	5,88E-04
MEIS1	1559477_s_at	AL832770	NM_078626 NM_002398	4211	1,39	3,54E-04
STRA6	1569334_at	BC015881	NM_022369	64220	1,39	6,72E-03
AW069181	223519_at	AW069181	---	---	1,39	9,35E-04
SEZ6L	213609_s_at	AB023144	NM_021115	23544	1,38	5,40E-04
FKBP14	235311_at	BG110260	NM_017946	55033	1,38	1,16E-04
BG231758	227615_at	BG231758	---	---	1,38	1,85E-04
GEMIN4	217099_s_at	AF258545	NM_015721	50628	1,38	2,18E-03
H2AFV	227085_at	AI823792	NM_012412	94239	1,38	1,65E-04
KLF10	202393_s_at	NM_005655	NM_138635 NM_201436 NM_201516 NM_201517 NM_005655	7071	1,38	4,37E-03
MRE11A	205395_s_at	NM_005590	NM_005590	4361	1,38	9,90E-04
FDXR	207813_s_at	NM_004110	NM_005591 NM_004110	2232	1,38	6,17E-04
GNG4	205184_at	NM_004485	NM_024417 NM_004485	2786	1,38	2,86E-05
MYOHD1	219320_at	NM_025109	NM_025109	80179	1,38	6,52E-04
CTL2	224609_at	AI264216	NM_020428	57153	1,37	2,31E-03
FLJ13273	235387_at	AA740875	NM_024751	79807	1,37	1,76E-05
EDA2R	221399_at	NM_021783	NM_021783	60401	1,37	4,37E-03
MGC10744	238590_x_at	BF981428	NM_032354	84314	1,37	6,04E-03
ACYP1	205260_s_at	NM_001107	NM_183065 NM_001107	97	1,37	7,99E-03
MGC12197	1555501_s_at	BC010357	NM_203488 NM_016625	51319	1,37	1,22E-03
MGC13186	226813_at	AA883980	NM_032324	84284	1,37	9,86E-04
MRE11A	242456_at	AA931565	NM_005590	4361	1,37	6,99E-

ES 2 689 703 T3

			NM_005591			03
BCR	202315_s_at	NM_004327	NM_004327	613	1,36	1,69E-04
CHRNA3	211587_x_at	M37981	NM_021574 NM_000743	1136	1,36	8,91E-04
GPR161	235961_at	BF248385	NM_007369	23432	1,36	5,62E-05
DUSP4	204015_s_at	BC002671	NM_153832 NM_001394	1846	1,36	6,68E-04
GNG4	1555765_a_at	AF493872	NM_057158 NM_004485	2786	1,36	8,13E-05
FLJ11712	219056_at	NM_024570	NM_024570	79621	1:36	2,93E-03
BUB3	209974_s_at	AF047473	NM_00100779 3	9184	1,36	2,12E-06
LOC93081	213346_at	BE748563	NM_004725 NM_138779	93081	1,36	2,01E-05
UNQ470	228403_at	AL541276	NM_198573	375704	1,36	9,85E-03
FLJ20364	221685_s_at	AF269167	NM_017785	54908	1,36	4,22E-05
LOC283454	242715_at	AA331548	---	283454	1,36	8,25E-04
LOC388272	242555_at	AW578854	NM_00100143 6	388272	1,35	7,50E-03
SELM	226051_at	BF973568	NM_080430	140606	1,35	1,09E-04
PAQR4	212858_at	AL520675	NM_152341	124222	1,35	3,60E-05
C20orf7	222894_x_at	AI640582	NM_024120	79133	1,35	1,37E-04
PKP4	201929_s_at	NM_003628	NM_199052 NM_00100547 6	8502	1,35	6,66E-05
CBX5	242069_at	BE568225	NM_003628 NM_012117	23468	1,35	1,98E-03
CPNE4	228796_at	BE645967	NM_130808	131034	1,35	4,28E-03
CSE1L	201112_s_at	NM_001316	NM_001316	1434	1,35	2,61E-06
TBC1D1	227945_at	BE882538	NM_177436 NM_015173	23216	1,34	4,34E-03
B4GALT1	201883_s_at	D29805	NM_001497	2683	1,34	1,44E-03
TAF5	1553528_a_at	NM_139052	NM_006951	6877	1,34	9,10E-04
CEP1	205642_at	NM_007018	NM_007018	11064	1,34	3,35E-04
STOM	201061_s_at	M81635	NM_004099	2040	1,34	1,41E-04
C6orf182	1554019_s_at	BC033448	NM_198194 NM_173830	285753	1,34	1,74E-05

ES 2 689 703 T3

LOC284465	229382_at	AW149270	---	284465	1,34	3,05E-03
C20orf108	224690_at	BG432350	NM_080821	116151	1,34	1,10E-03
TDRD7	213361_at	AW129593	NM_014290	23424	1,34	5,01E-03
CDK6	224847_at	AW051349	NM_001259	1021	1,33	2,41E-04
C20orf102	226973_at	AA206763	NM_080607	128434	1,33	2,65E-03
TMPO	227578_at	H28597	NM_003276	7112	1,33	1,51E-03
TUBB6	209191_at	BC002654	NM_032525	84617	1,33	1,57E-04
ANP32E	221505_at	AW612574	NM_030920	81611	1,33	1,41E-05
FLJ20516	219258_at	NM_017858	NM_017858	54962	1,33	1,05E-03
DC13	218447_at	NM_020188	NM_020188	56942	1,33	3,60E-03
CKLF	219161_s_at	NM_016951	NM_016326	51192	1,33	6,08E-05
			NM_016951 NM_181640 NM_181641			
DLL3	219537_x_at	NM_016941	NM_016941	10683	1,33	1,14E-05
			NM_203486 NM_014705			
DOCK4	205003_at	NM_014705	NM_014705	9732	1,33	1,67E-03
UBAP2L	201377_at	NM_014847	NM_014847	9898	1,33	1,35E-05
FLJ10036	218349_s_at	NM_017975	NM_017975	55055	1,33	1,50E-03
SERPING1	200986_at	NM_000062	NM_000062	710	1,33	3,17E-03
SCML2	206147_x_at	NM_006089	NM_006089	10389	1,33	2,97E-05
BE877775	1568955_at	BE877775	---	---	1,33	1,57E-05
LOC440820	226602_s_at	T30183	XM_496519	440820	1,33	3,16E-05
FKBP5	224856_at	W86302	NM_004117	2289	1,33	1,42E-03
PPM1D	230330_at	AI312083	NM_003620	8493	1,33	4,50E-04
DKFZp313A243:	226278_at	AI150224	---	258010	1,32	1,69E-04
MAN1A1	221760_at	BG287153	NM_005907	4121	1,32	1,75E-05
RFWD3	218564_at	BC002574	---	55159	1,32	4,99E-04
C10orf78	238794_at	N23586	NM_001002759	119392	1,32	9,64E-05
			NM_145247 NM_173808			
NEGR1	229461_x_at	AI123532	NM_173808	257194	1,32	1,20E-03
DCK	203302_at	NM_000788	NM_000788	1633	1,32	3,62E-05
K-ALPHA-1	211072_x_at	BC006481	NM_006082	10376	1,32	6,06E-

ES 2 689 703 T3

AI092265	228088_at	AI092265	---	---	1,32	06 9,95E-04
UCHL5	220083_x_at	NM_016017	NM_015984	51377	1,32	2,96E-04
TRIM37	1554001_at	BC036012	NM_001005207	4591	1,32	8,08E-04
MGC39900	214051_at	BF677486	NM_015294 NM_194324	286527	1,32	7,28E-03
NFYB	218129_s_at	NM_006166	NM_006166	4801	1,32	5,07E-03
FAS	204781_s_at	NM_000043	NM_000043	355	1,32	1,70E-03
			NM_152871 NM_152872 NM_152873 NM_152874 NM_152875 NM_152876 NM_152877			
C2orf23	204364_s_at	BE535746	NM_022912	65055	1,31	8,43E-05
YPEL1	228296_at	AW450686	NM_013313	29799	1,31	7,66E-03
TRAF4	211899_s_at	AF082185	NM_004295	9618	1,31	4,10E-03
GLS	203158_s_at	AF097493	NM_145751 NM_014905	2744	1,31	9,13E-04
FARP1	201910_at	BF213279	NM_001001715	10160	1,31	6,05E-04
			NM_005766			
C9orf40	222781_s_at	BF590861	NM_017998	55071	1,31	1,00E-02
ADCY3	235441_at	BF217471	NM_004036	109	1,31	9,61E-03
ZNF253	242919_at	AV683221	NM_021047	114977	1,31	1,27E-03
LOC114977				56242		
NASP	201970_s_at	NM_002482	NM_002482	4678	1,31	8,90E-05
			NM_152298 NM_172164			
ACTL6A	202666_s_at	NM_004301	NM_004301	86	1,30	1,03E-07
			NM_177989 NM_178042			
HOXD3	206601_s_at	BC005124	NM_006898	3232	1,30	3,02E-04
SORD	201563_at	L29008	NM_003104	6652	1,30	6,16E-05
COQ3	223515_s_at	AL136726	NM_017421	51805	1,30	1,20E-05
SKP2	203626_s_at	NM_005983	NM_005983	6502	1,30	9,20E-03
			NM_032637			
CDK6	224848_at	AA922068	NM_001259	1021	1,30	3,32E-03
BOK	223349_s_at	BE614255	NM_032515	666	1,30	4,78E-

ES 2 689 703 T3

PCDH17	205656_at	NM_014459	NM_014459	27253	1,30	06 1,41E-03
BCAS4	220588_at	NM_017843	NM_00101097 4 NM_017843 NM_198799	55653	1,30	3,33E-04
TDP1	219715_s_at	NM_018319	NM_00100874 4 NM_018319	55775	1,30	5,37E-05
LOC283683	217520_x_at	BG396614	XM_290660	283683	1,30	9,14E-03
LOC339003 C6orf152	242006_at	AI379143	NM_181714	339003 167691	1,30	2,64E-03
AA824298	222606_at	AA824298	---	---	1,30	2,38E-03
PRPS1	208447_s_at	NM_002764	NM_002764	5631	1,30	1,12E-04
AA401256	230537_at	AA401256	---	---	1,30	2,49E-03
SUV39H2	1554572_a_at	BC029360	NM_024670	79723	1,29	2,41E-05
LOC284244	214162_at	AF070541	---	284244	1,29	9,39E-03
WDR53	227814_at	AA789329	NM_182627	348793	1,29	5,37E-06
CPT1A	210688_s_at	BC000185	NM_001876	1374	1,29	5,31E-03
RFC1	208021_s_at	NM_002913	NM_002913	5981	1,29	1,61E-06
MGC10812	223469_at	BC004942	---	83542	1,29	3,11E-04
CSE1L	201111_at	AF053641	NM_001316	1434	1,29	1,01E-03
PPFIBP2	212841_s_at	AI692180	NM_177436 NM_003621	8495	1,29	4,46E-04
CHRNA3	210221_at	BC000513	NM_000743	1136	1,29	6,31E-03
RBL1	1559307_s_at	BG387892	NM_002895	5933	1,29	5,93E-05
ZNF43	206695_x_at	NM_003423	NM_183404 NM_003423	7594	1,28	2,30E-04
TM4SF7	209263_x_at	BC000389	NM_003271	7106	1,28	2,01E-04
PDLIM5	216804_s_at	AK027217	NM_00101151 3 NM_00101151 4 NM_00101151 5 NM_00101151 6 NM_006457	10611	1,28	1,45E-03
KCNJ8	205304_s_at	NM_004982	NM_004982	3764	1,28	8,99E-05
NLN	225943_at	BF222737	NM_020726	57486	1,28	6,53E-03

ES 2 689 703 T3

ORF1-FL49	224707_at	AL522667	NM_032412	84418	1,28	6,23E-05
AL833487	1562244_at	AL833487	---	---	1,28	1,81E-04
EB-1	227440_at	AW005572	NM_020140	56899	1,28	2,28E-03
MEIS1	204069_at	NM_002398	NM_152788 NM_181670 NM_002398	4211	1,28	3,15E-04
SESTD1	226763_at	AW409611	NM_178123	91404	1,27	1,35E-03
GNG2	224964_s_at	AK026424	NM_053064	54331	1,27	1,89E-05
DPF1	231599_x_at	AI939563	NM_004647	8193	1,27	1,45E-03
STMN1	200783_s_at	NM_005563	NM_005563	3925	1,27	5,04E-04
AF279774	216967_at	AF279774	NM_203399 NM_203401 ---	---	1,27	8,55E-03
DUSP4	204014_at	NM_001394	NM_001394	1846	1,27	1,77E-04
MCM4	222036_s_at	AI859865	NM_057158 NM_005914	4173	1,27	2,04E-03
C6orf151	1553274_a_at	NM_152551	NM_182746 NM_152551	154007	1,27	8,31E-03
RRM2B	223342_at	AB036063	NM_015713	50484	1,27	4,55E-04
TDRKH	223530_at	AF227192	NM_006862	11022	1,27	1,02E-06
PRIM2A	215708_s_at	AL121975	NM_000947	5558	1,26	1,78E-03
GPR161	214104_at	AI703188	NM_007369	23432	1,26	1,74E-05
NR3C1	211671_s_at	U01351	NM_153832 NM_000176	2908	1,26	1,39E-04
TCF7L2	212761_at	AI949687	NM_030756	6934	1,26	8,24E-03
HECA	218603_at	NM_016217	NM_016217	51696	1,26	8,85E-03
KREMEN1	227250_at	BF221745	NM_032045	83999	1,26	3,46E-04
RBMS3	241789_at	AW338699	NM_153379 NM_00100379 2 NM_00100379 3	27303	1,26	7,52E-03
PLAUR	211924_s_at	AY029180	NM_014483 NM_00100537 6 NM_00100537 7	5329	1,26	2,35E-03
FLJ25059	229025_s_at	AW008627	NM_002659 NM_144981	196294	1,26	2,34E-03

ES 2 689 703 T3

FKBP5	204560_at	NM_004117	NM_004117	2289	1,26	5,68E-03
HOMER3	215489_x_at	AI871287	NM_004838	9454	1,26	3,85E-03
ZNF503	227195_at	AA603467	NM_032772	84858	1,26	6,66E-04
AL833634	1562699_at	AL833634	---	---	1,26	8,19E-05
BAX	211833_s_at	U19599	NM_004324	581	1,25	6,21E-04
			NM_138761			
			NM_138762			
			NM_138763			
			NM_138764			
			NM_138765			
SUHW2	229360_at	N22886	NM_080764	140883	1,25	5,46E-04
CNTN4	229084_at	R42166	NM_175607	152330	1,25	9,69E-04
			NM_175612			
			NM_175613			
ZNF184	213452_at	AI811577	NM_007149	7738	1,25	4,11E-05
MPP1	202974_at	NM_002436	NM_002436	4354	1,25	1,81E-03
LOC93349	214791_at	AK023116	NM_138402	93349	1,25	5,56E-06
TOP3B	215781_s_at	D87012	NM_003935	8940	1,25	1,49E-03
RTTN	227072_at	BG167480	NM_173630	25914	1,25	8,89E-06
ASK	204244_s_at	NM_006716	NM_006716	10926	1,25	3,89E-05
FANCG	203564_at	NM_004629	NM_004629	2189	1,25	1,29E-04
WIG1	1555609_a_at	AF355465	NM_022470	64393	1,25	2,45E-03
			NM_152240			
RFC1	209085_x_at	L14922	NM_002913	5981	1,24	3,75E-07
TRIM59	227801_at	N90779	NM_173084	286827	1,24	3,52E-03
KIAA1522	224746_at	AB040955	XM_036299	57648	1,24	8,59E-03
SLC17A6	220551_at	NM_020346	NM_020346	57084	1,24	4,19E-04
PFKFB3	202464_s_at	NM_004566	NM_004566	5209	1,24	4,76E-04
BF110268	238178_at	BF110268	---	---	1,24	1,57E-03
TCF3	209152_s_at	AI655986	NM_003200	6929	1,24	2,72E-03
AMOTL1	225450_at	AI433831	NM_130847	154810	1,24	5,65E-06
TUBA2	210527_x_at	L11645	NM_006001	7278	1,24	3,79E-05
			NM_079836			
AB033091	225295_at	AB033091	---	---	1,23	8,34E-06
Cep70	219036_at	NM_024491	NM_024491	80321	1,23	6,01E-

ES 2 689 703 T3

RTN4IP1	1555679_a_at	AF439711	NM_032730	84816	1,23	3,15E-03
HTATSF1	202601_s_at	AI373539	NM_014500	27336	1,23	1,15E-03
CA773938	1558517_s_at	CA773938	---	---	1,23	7,86E-04
RAB27A	210951_x_at	AF125393	NM_004580	5873	1,23	4,76E-03
			NM_183234 NM_183235 NM_183236 NM_005078			
TLE3	228340_at	BE967118	NM_005078	7090	1,23	4,90E-03
AI452715	229817_at	AI452715	---	---	1,23	3,71E-03
AK022598	232662_x_at	AK022598	---	---	1,22	2,67E-03
RNF26	224947_at	AL559247	NM_032015	79102	1,22	2,05E-04
C2orf23	204365_s_at	NM_022912	NM_022912	65055	1,22	9,80E-05
KIAA0574	213997_at	AB011146	---	23359	1,22	4,46E-03
K-ALPHA-1	213646_x_at	BE300252	NM_006082	10376	1,22	1,24E-05
SKP2	203625_x_at	BG105365	NM_005983	6502	1,22	4,38E-06
			NM_032637 NM_005815			
ZNF443	205928_at	NM_005815	NM_005815	10224	1,22	2,72E-03
MAPKAPK3	202788_at	NM_004635	NM_004635	7867	1,22	1,73E-04
RUSC1	206949_s_at	NM_014328	NM_014328	23623	1,22	4,02E-04
FIGNL1	222843_at	AK023411	NM_022116	63979	1,22	1,26E-04
SENP1	1552812_a_at	NM_014554	NM_014554	29843	1,22	2,44E-03
AW874669	239834_at	AW874669	---	---	1,22	1,90E-04
USP1	202413_s_at	NM_003368	NM_003368	7398	1,22	3,61E-04
KIAA0318	238817_at	BF063412	NM_015347	23504	1,22	1,61E-03
MGC5576	201764_at	NM_024056	NM_024056	79022	1,22	1,26E-03
MGC34032	1552782_at	AK091400	NM_152697	204962	1,21	2,92E-03
septin 6	213666_at	AK026589	NM_015129	23157	1,21	5,69E-03
			NM_145800 NM_145802 ---			
AI143124	212832_s_at	AI143124	---		1,21	2,67E-04
SLC2A4RG	218494_s_at	NM_020062	NM_020062		1,21	6,93E-04
ZNF423	214761_at	AW149417	NM_015069		1,21	8,23E-03

ES 2 689 703 T3

CSRP2BP	228543_at	AA780252	NM_020536		1,21	9,19E-06
MTUS1	212095_s_at	BE552421	NM_177926 NM_001001924 NM_001001925 NM_001001927 NM_001001931 NM_020749		1,21	2,45E-04
BF056092	242629_at	BF056092	---		1,21	6,11E-03
HPSE	219403_s_at	NM_006665	NM_006665		1,21	1,02E-02
BF445001	238212_at	BF445001	---		1,21	2,00E-03
SRGAP2	1568957_x_at	BE877775	XM_059095		1,21	1,43E-04
CDKN1A	202284_s_at	NM_000389	NM_000389	1026	1,21	1,36E-03
RAD51C	209849_s_at	AF029669	NM_078467 NM_002876	5889	1,21	2,70E-03
GTPBP1	219357_at	NM_014027	NM_058216 NM_058217 NM_004286	9567	1,20	7,29E-04
SLC25A1	210010_s_at	U25147	NM_005984	6576	1,20	5,15E-04
KIAA1713	233536_at	AI202664	XM_290811	80816	1,20	2,85E-03
APAF1	204859_s_at	NM_013229	NM_001160	317	1,20	5,73E-05
WHSC1	222778_s_at	AW024870	NM_013229 NM_181861 NM_181868 NM_181869 NM_007331	7468	1,20	4,19E-05
T87730	242500_at	T87730	NM_014919 NM_133330 NM_133331 NM_133332 NM_133333 NM_133334 NM_133335 NM_133336	---	1,20	1,38E-03
EHD4	209536_s_at	AF320070	NM_139265	30844	1,20	5,84E-03
WIG1	219628_at	NM_022470	NM_022470	64393	1,20	8,50E-04
BF977829	229067_at	BF977829	NM_152240	---	1,20	3,26E-04
NUP62	202153_s_at	NM_016553	NM_012346	23636	1,20	3,85E-04

ES 2 689 703 T3

N50083	229110_at	N50083	NM_016553 NM_153718 NM_153719 ---	---	1,20	1,89E-03
ARL6	223735_at	AL136815	NM_032146	84100	1,20	5,56E-03
MGC2574	203119_at	NM_024098	NM_177976 NM_024098	79080	1,19	1,54E-04
FLJ10407	218073_s_at	NM_018087	NM_018087	55706	1,19	1,01E-02
DKFZp313A243: C20orf7	230006_s_at 227160_s_at	AI742358 AW102828	--- NM_024120	258010 79133	1,19 1,19	1,25E-04 8,46E-04
MVK	215649_s_at	AF217536	NM_199052 NM_000431	4598	1,19	4,73E-03
PPP1R3D	204554_at	AL109928	NM_006242	5509	1,19	9,07E-04
MGC14560	218461_at	NM_016301	NM_016301	51184	1,19	2,49E-06
AC007277	216508_x_at	AC007277	---	---	1,19	1,79E-05
EPHA2	203499_at	NM_004431	NM_004431	1969	1,19	7,06E-04
UBE2L3	200684_s_at	AI819709	NM_003347	7332	1,19	4,60E-07
NFS1	218455_at	NM_021100	NM_198157 NM_021100	9054	1,19	2,24E-03
RELB	205205_at	NM_006509	NM_181679 NM_006509	5971	1,19	8,97E-03
GAS2L1	31874_at	Y07846	NM_006478	10634	1,19	1,72E-03
FLJ33814	225644_at	BF060776	NM_152236 NM_152237 NM_173510	150275	1,19	2,07E-05
K-ALPHA-1	211058_x_at	BC006379	NM_006082	10376	1,18	1,05E-05
NUP62	207740_s_at	NM_012346	NM_012346	23636	1,18	1,26E-04
K-ALPHA-1	201090_x_at	NM_006082	NM_016553 NM_153718 NM_153719 NM_006082	10376	1,18	1,13E-05
NLN	225944_at	AW006938	NM_020726	57486	1,18	5,24E-03
ALS2CR4	1553956_at	BG194770	NM_152388	65062	1,18	8,49E-04
FZD2	210220_at	L37882	NM_001466	2535	1,18	2,21E-05
RET	205879_x_at	BC004257	NM_020630	5979	1,18	2,08E-04
FLJ23322	231846_at	AK026975	NM_020975 NM_024955	80020	1,18	2,79E-

ES 2 689 703 T3

BE878277	212829_at	BE878277	---	---	1,18	04 6,73E-
ZNF286	239898_x_at	AI498484	NM_020652	57335	1,18	04 2,96E-
HIVEP2	243254_at	T08739	NM_006734	3097	1,18	03 6,77E-
SUCLG2	215772_x_at	AL050226	NM_003848	8801	1,18	04 3,77E-
ARF4L	203586_s_at	NM_001661	NM_001661	379	1,18	04 3,10E-
DDX11	213378_s_at	AI983033	NM_004399	1663	1,18	03 6,41E-
			NM_030653 NM_030655 NM_024613			
PLEKHF2	218640_s_at	NM_024613	NM_024613	79666	1,18	03 2,90E-
MCM7	208795_s_at	D55716	NM_005916	4176	1,18	04 2,26E-
			NM_182776 NM_001259			
CDK6	207143_at	NM_001259	NM_001259	1021	1,18	04 4,14E-
BAX	208478_s_at	NM_004324	NM_004324	581	1,17	04 5,30E-
			NM_138761 NM_138762 NM_138763 NM_138764 NM_138765 NM_024955			
FLJ23322	220707_s_at	NM_024955	NM_024955	80020	1,17	03 2,10E-
LOC139886	228654_at	AU145277	XM_066946	139886	1,17	06 1,82E-
TANC	225308_s_at	AB051515	NM_033394	85461	1,17	03 1,16E-
FBXO22	225736_at	BE966247	NM_012170	26263	1,17	05 3,53E-
			NM_147188			
BE504215	228563_at	BE504215	---	---	1,17	04 2,17E-
FAM43A	227410_at	AW264102	NM_153690	131583	1,17	04 2,24E-
PXN	201087_at	NM_002859	NM_002859	5829	1,17	04 5,53E-
BCLP	225536_at	AL545105	NM_033504	113452	1,16	03 9,28E-
C1orf43	1555225_at	BC008306	NM_015449	25912	1,16	04 4,74E-
			NM_138740 NM_012189			
CABYR	219928_s_at	NM_012189	NM_012189	26256	1,16	04 4,76E-
			NM_138643 NM_138644 NM_153768 NM_153769 NM_153770 NM_021115			
SEZ6L	231650_s_at	BE672217	NM_021115	23544	1,16	04 9,63E-
USP1	202412_s_at	AW499935	NM_003368	7398	1,16	04 9,85E-

ES 2 689 703 T3

C21orf45	228597_at	AW151538	NM_018944	54069	1,16	9,08E-04
PDLIM5	203243_s_at	NM_006457	NM_001011513	10611	1,16	3,70E-05
			NM_001011514			
			NM_001011515			
			NM_001011516			
LGR4	218326_s_at	NM_018490	NM_006457	55366	1,16	1,79E-03
LOC284307	235773_at	AW029293	NM_001010879	284307	1,16	2,08E-03
ZCCHC4	220473_s_at	NM_014150	XM_376310	29063	1,16	2,21E-04
H10661	242317_at	H10661	---	---	1,16	4,34E-03
MFGE8	210605_s_at	BC003610	NM_005928	4240	1,16	5,08E-03
CDC5L	209055_s_at	AW268817	NM_001253	988	1,16	2,21E-06
ARL6IP	211935_at	D31885	NM_015161	23204	1,16	1,46E-04
NAGA	202944_at	NM_000262	NM_000262	4668	1,16	4,02E-05
RAB23	220955_x_at	NM_016277	NM_016277	51715	1,16	5,82E-04
KCNN1	206231_at	NM_002248	NM_183227	3780	1,16	4,89E-04
			NM_002248			
ch-TOG	1555278_a_at	BC035554	NM_001008938	9793	1,16	1,57E-04
			NM_014756			
MPHOSPH9	206205_at	NM_022782	NM_022782	10198	1,16	5,99E-04
AI141426	229898_at	AI141426	---	---	1,16	4,31E-04
POU2F1	206789_s_at	NM_002697	NM_002697	5451	1,15	5,40E-03
DKFZP434L187	230861_at	AA889613	XM_496054	26082	1,15	5,85E-05
C14orf160	224460_s_at	BC006117	NM_024884	79944	1,15	3,17E-03
PPM1D	204566_at	NM_003620	NM_003620	8493	1,15	1,21E-04
KIAA1853	236151_at	BF315452	NM_194286	84530	1,15	1,89E-03
GLS	203159_at	NM_014905	NM_014905	2744	1,15	4,23E-03
FLJ31842	234980_at	AI004375	NM_152487	148534	1,15	5,24E-03
FLJ20512	219219_at	NM_017854	NM_017854	54958	1,15	2,66E-03
C13orf7	219303_at	NM_024546	NM_024546	79596	1,15	1,92E-07
ADPN	233030_at	AK025665	NM_025225	80339	1,14	4,14E-03
FANCL	218397_at	NM_018062	NM_018062	55120	1,14	1,80E-

ES 2 689 703 T3

MAK3	217745_s_at	NM_025146	NM_025146	80218	1,14	04 3,70E-06
H05254	244170_at	H05254	---	---	1,14	1,12E-03
FAM14B	230172_at	AL039706	NM_145249	122509	1,14	5,19E-03
NR3C1	216321_s_at	X03348	NM_206949 NM_000176	2908	1,14	4,77E-03
FH	203032_s_at	AI363836	NM_000143	2271	1,14	1,19E-03
SIVA	203489_at	NM_006427	NM_006427	10572	1,14	1,23E-04
C10orf58	224435_at	BC005871	NM_021709 NM_032333	84293	1,14	2,67E-05
MCAM	211042_x_at	BC006329	NM_006500	4162	1,14	2,97E-06
LOC144997	227289_at	AU119437	---	144997	1,14	8,41E-04
SAFB2	32099_at	D50928	NM_014649	9667	1,14	1,08E-03
MTUS1	212093_s_at	AI695017	NM_00100192 4 NM_00100192 5 NM_00100192 7 NM_00100193 1 NM_020749 NM_003104	57509	1,14	1,51E-04
SORD	201562_s_at	NM_003104	NM_003104	6652	1,14	8,56E-04
HMGB1	200679_x_at	BE311760	NM_002128	3146	1,14	4,89E-05
TUBB	212320_at	BC001002	NM_178014	203068	1,14	1,69E-04
CDC42EP4	218062_x_at	NM_012121	NM_012121	23580	1,13	4,75E-04
PACSIN1	227053_at	N47315	NM_020804	29993	1,13	8,60E-03
KIAA1712	228334_x_at	AI633734	NM_030633	80817	1,13	1,79E-03
CDK2AP1	201938_at	NM_004642	NM_004642	8099	1,13	4,73E-05
AI650582	226475_at	AI650582	---	---	1,13	9,58E-03
ZNF626	1552643_at	NM_145297	NM_145297	199777	1,13	4,93E-04
MAPKAPK3	202787_s_at	U43784	NM_004635	7867	1,13	2,06E-03
BTG3	205548_s_at	NM_006806	NM_006806	10950	1,13	3,73E-03
UBE2S	202779_s_at	NM_014501	NM_014501	27338	1,13	1,67E-04
TP531NP1	225912_at	AW341649	NM_033285	94241	1,13	6,83E-03
Cep192	218827_s_at	NM_018069	NM_018069	55125	1,13	3,17E-04

ES 2 689 703 T3

SUHW2	230789_at	AI015954	NM_080764	140883	1,13	1,79E-05
LOC128977	1553974_at	BC030758	NM_173793	128977	1,12	4,40E-04
CDH2	203441_s_at	NM_001792	NM_001792	1000	1,12	5,79E-03
ST8SIA1	210073_at	L32867	NM_003034	6489	1,12	1,10E-03
PTP4A1	200733_s_at	U48296	NM_003463	7803	1,12	2,69E-03
RNF34	219035_s_at	NM_025126	NM_025126	80196	1,12	2,20E-04
DDX11	208159_x_at	NM_004399	NM_194271 NM_004399	1663	1,12	2,66E-03
PTGES2	218083_at	NM_025072	NM_030653 NM_030655 NM_025072	80142	1,12	5,25E-05
PCCB	212694_s_at	NM_000532	NM_198938 NM_198939 NM_198940 NM_000532	5096	1,12	1,29E-03
ETV4	211603_s_at	U35622	NM_001986	2118	1,12	1,80E-03
MGC7036	227983_at	AI810244	NM_145058	196383	1,12	1,70E-05
GAP43	204471_at	NM_002045	NM_002045	2596	1,12	2,85E-05
DATF1	222595_s_at	AL578222	NM_022105	11083	1,12	9,82E-04
C1orf41	215691_x_at	AV702994	NM_080796 NM_080797 NM_016126	51668	1,11	6,15E-03
CHES1	218031_s_at	NM_018589	NM_005197	1112	1,11	3,51E-04
LOC89944	213713_s_at	R48779	NM_138342	89944	1,11	4,60E-03
AI807356	227349_at	AI807356	---	---	1,11	7,01E-03
RANGAP1	212127_at	BE379408	NM_002883	5905	1,11	1,65E-03
CHRNA5	206533_at	NM_000745	NM_000745	1138	1,11	2,14E-03
RNF138	239143_x_at	AW291944	NM_016271	51444	1,11	1,74E-04
LOC440145	225578_at	AI885466	NM_198128 XM_495961	440145	1,11	2,53E-04
FGF1	1552721_a_at	NM_033136	NM_000800	2246	1,11	1,39E-03
AL533234	225725_at	AL533234	NM_033136 NM_033137 ---	---	1,11	7,91E-04
TM7SF3	222477_s_at	BC005176	NM_016551	51768	1,11	5,89E-04

ES 2 689 703 T3

FLJ90430	229533_x_at	AI963028	NM_178558	340252	1,11	7,02E-03
RPS27L	218007_s_at	NM_015920	NM_015920	51065	1,11	3,68E-03
CRTAC1	221204_s_at	NM_018058	NM_018058	55118	1,11	1,69E-03
SKD3	221845_s_at	AI655698	NM_030813	81570	1,11	1,33E-04
ZNF85	206572_x_at	NM_003429	NM_003429	7639	1,11	3,31E-03
XRCC3	216299_s_at	AK022829	NM_005432	7517	1,11	7,35E-05
AKAP13	222024_s_at	AK022014	NM_006738	11214	1,11	5,22E-03
C9orf81	1557985_s_at	AA248753	NM_007200 NM_144767 XM_095991	84131	1,11	6,85E-04
PDCL	204448_s_at	AF031463	NM_005388	5082	1,10	4,06E-03
RAPH1	243012_at	BF196252	NM_025252	65059	1,10	2,75E-03
DEK	200934_at	NM_003472	NM_203365 NM_213589 NM_003472	7913	1,10	5,01E-06
PPIF	201490_s_at	NM_005729	NM_005729	10105	1,10	3,89E-06
PTP4A1	200730_s_at	BF576710	NM_003463	7803	1,10	4,25E-03
AI888657	244189_at	AI888657	---	---	1,10	1,81E-05
TCF7L2	216037_x_at	AA664011	NM_030756	6934	1,10	1,01E-02
SNX5	222417_s_at	AF121855	NM_014426	27131	1,10	2,71E-03
SSH2	226080_at	BE676214	NM_152227 NM_033389	85464	1,10	4,02E-04
BE671123	235798_at	BE671123	---	---	1,10	2,84E-05
MSH6	211450_s_at	D89646	NM_000179	2956	1,10	4,87E-04
PDZRN3	212915_at	AL569804	NM_015009	23024	1,10	4,32E-03
PPP3CB	209817_at	M29550	NM_021132	5532	1,10	4,16E-04
FAM29A	218602_s_at	NM_017645	NM_017645	54801	1,09	1,73E-04
MINA	1554774_at	AB083191	NM_032778	84864	1,09	7,48E-03
SRGAP1	1569269_s_at	BM912471	NM_153182 NM_020762	57522	1,09	8,29E-03
LOC152185	234995_at	AA668779	NM_144718	152185	1,09	2,38E-04
LOC63929	227910_at	AI635379	NM_022098	63929	1,09	2,09E-03
ITPR2	202662_s_at	NM_002223	NM_002223	3709	1,09	4,74E-03

ES 2 689 703 T3

PCDH17	228863_at	N69091	NM_014459	27253	1,09	2,79E-04
ELAVL1	201727_s_at	NM_001419	NM_001419	1994	1,09	1,03E-02
PKP4	201928_at	AA194254	NM_001005476	8502	1,09	5,68E-05
MTUS1	212096_s_at	AL096842	NM_003628 NM_001001924 NM_001001925 NM_001001927 NM_001001931	57509	1,09	8,18E-06
SPOCK	202363_at	AF231124	NM_020749 NM_004598	6695	1,09	4,27E-04
DIAPH1	209190_s_at	AF051782	NM_005219	1729	1,09	3,00E-03
CKLFSF7	226017_at	AI708432	NM_138410	112616	1,09	7,48E-04
CORO6	1552301_a_at	NM_032854	NM_181472 NM_032854	84940	1,09	3,51E-03
C18orf9	219311_at	NM_024899	NM_024899	79959	1,09	7,95E-04
PDGFD	219304_s_at	NM_025208	NM_025208	80310	1,09	1,44E-03
UBE2L3	200676_s_at	NM_003347	NM_033135 NM_003347	7332	1,09	3,98E-06
SLA/LP	227982_at	AI806592	NM_198157 NM_016955	51091	1,08	6,59E-03
HOMER3	204647_at	NM_004838	NM_153825 NM_004838	9454	1,08	1,80E-04
SNRPD3	202567_at	NM_004175	NM_004175	6634	1,08	1,90E-05
3'HEXO	226416_at	AL137679	NM_153332	90459	1,08	3,50E-03
LMNB2	216952_s_at	M94363	NM_032737	84823	1,08	2,28E-04
CBX5	209715_at	L07515	NM_012117	23468	1,08	2,29E-03
ASF1A	203428_s_at	AB028628	NM_014034	25842	1,08	4,83E-05
UBE2L3	200682_s_at	BG531983	NM_003347	7332	1,08	7,87E-06
PDLIM5	212412_at	AV715767	NM_198157 NM_001011513 NM_001011514 NM_001011515 NM_001011516 NM_006457	10611	1,08	2,29E-03

ES 2 689 703 T3

PLEKHG3	212823_s_at	AI738980	NM_015549	26030	1,08	9,61E-03
ASXL1	244519_at	AI829840	NM_015338	171023	1,08	1,17E-03
HIST1H4C	205967_at	NM_003542	NM_003542	8364	1,08	4,91E-03
UBE2L3	200683_s_at	BE964689	NM_003347	7332	1,07	1,25E-06
DPYSL5	222797_at	BF508726	NM_198157 NM_020134	56896	1,07	7,59E-04
ZFP36L2	201368_at	U07802	NM_006887	678	1,07	1,86E-04
PUSL1	228733_at	AU154793	NM_153339	126789	1,07	3,30E-03
AA973128	242294_at	AA973128	---	---	1,07	3,63E-03
SAP30	204899_s_at	BF247098	NM_003864	8819	1,07	7,88E-05
ETV4	1554576_a_at	BC007242	NM_001986	2118	1,07	2,79E-03
RARA	203749_s_at	AI806984	NM_000964	5914	1,07	3,55E-03
TUBB	211714_x_at	BC005838	NM_178014	203068	1,07	3,33E-04
STARD4	226390_at	AA628398	NM_139164	134429	1,07	1,71E-05
TUBA6	211750_x_at	BC005946	NM_032704	84790	1,07	1,66E-05
CKLFSF8	235099_at	AW080832	NM_178868	152189	1,07	5,68E-03
THOC3	224623_at	BE614567	NM_032361	84321	1,07	3,08E-05
PRPS1	209440_at	BC001605	NM_002764	5631	1,07	2,15E-05
PRPS2	203401_at	NM_002765	NM_002765	5634	1,07	2,40E-03
CRY1	209674_at	D83702	NM_004075	1407	1,06	3,45E-03
DKFZP547N043	223511_at	AL512744	NM_00101098 4	83932	1,06	1,17E-03
FSTL1	208782_at	BC000055	NM_032018 NM_007085	11167	1,06	2,60E-03
NDRG2	214279_s_at	W74452	NM_016250	57447	1,06	7,80E-03
			NM_201535 NM_201536 NM_201537 NM_201538 NM_201539 NM_201540 NM_201541			
FLJ13273	1554518_at	BC032942	NM_024751	79807	1,06	4,36E-05
EPB41L1	212336_at	AA912711	NM_012156	2036	1,06	6,75E-05
FAM55C	243011_at	BF317081	NM_177996 NM_145037	91775	1,06	9,28E-03

ES 2 689 703 T3

TCF3	213730_x_at	BE962186	NM_003200	6929	1,06	4,18E-04
PLXNB2	208890_s_at	BC004542	XM_371474	23654	1,06	2,15E-04
BE218067	243662_at	BE218067	---	---	1,06	6,88E-03
PDRG1	225075_at	AL031658	NM_030815	81572	1,06	4,96E-03
BTG3	213134_x_at	AI765445	NM_006806	10950	1,06	2,21E-03
CDC42EP4	214721_x_at	AL162074	NM_012121	23580	1,06	6,10E-04
LOC96610	1569013_s_at	BC033148	NM_080926	96610	1,06	2,71E-03
BF510533	228107_at	BF510533	---	---	1,06	2,14E-03
TFDP1	204147_s_at	NM_007111	NM_007111	7027	1,06	2,66E-03
AI092770	230466_s_at	AI092770	---	---	1,06	1,88E-03
SFRP1	202037_s_at	NM_003012	NM_003012	6422	1,06	2,39E-04
FBXO22	225734_at	AW294765	NM_012170	26263	1,06	1,77E-05
TUBB	209026_x_at	AF141349	NM_147188 NM_178014	203068	1,06	6,65E-04
ELK3	221773_at	AW575374	NM_005230	2004	1,05	1,33E-05
APG4C	228190_at	BF197009	NM_032852	84938	1,05	3,09E-03
BCL11A	210347_s_at	AF080216	NM_178221 NM_018014	53335	1,05	4,33E-03
MFAP2	203417_at	NM_017459	NM_022893 NM_138553 NM_138559 NM_002403	4237	1,05	2,57E-04
C20orf108	224693_at	AI133137	NM_017459 NM_080821	116151	1,05	1,58E-03
CD24	209772_s_at	X69397	NM_013230	934	1,05	1,98E-04
FAS	204780_s_at	AA164751	NM_000043	355	1,05	3,67E-04
GGCX	214005_at	BE326952	NM_152871 NM_152872 NM_152873 NM_152874 NM_152875 NM_152876 NM_152877 NM_000821	2677	1,05	6,80E-03
SESN3	235684_s_at	BF685808	NM_144665	143686	1,05	8,56E-03
ANAPC7	225554_s_at	AA131793	NM_016238	51434	1,05	3,09E-06
INA	230859_at	BF111276	NM_032727	9118	1,05	1,36E-

ES 2 689 703 T3

FKBP7	223667_at	AF092137	NM_016105	51661	1,05	03 1,99E-03
ESRRG	207981_s_at	NM_001438	NM_181342 NM_001438	2104	1,05	6,81E-03
RET	215771_x_at	X15786	NM_206594 NM_206595 NM_020630	5979	1,05	9,85E-04
CTNNAL1	202468_s_at	NM_003798	NM_020975 NM_003798	8727	1,05	1,23E-03
SMC1L1	201589_at	D80000	NM_006306	8243	1,05	3,76E-05
NFYB	218128_at	AU151875	NM_006166	4801	1,04	1,55E-04
NFYB	218127_at	AI804118	NM_006166	4801	1,04	2,59E-03
EPOR	209963_s_at	M34986	NM_000121	2057	1,04	9,69E-04
MGC10854	223455_at	BG493862	NM_032300	84260	1,04	2,09E-03
TCF3	210776_x_at	M31222	NM_003200	6929	1,04	6,32E-05
ELAVL4	238073_at	R55745	NM_021952	1996	1,04	6,02E-07
N66584	230593_at	N66584	---	---	1,04	1,67E-03
MGC13204	225836_s_at	AL528840	NM_031465	83695	1,04	4,81E-04
NUCKS	222424_s_at	BC000805	NM_022731	64710	1,04	1,65E-03
FBXO22	225737_s_at	BE966247	NM_012170	26263	1,04	2,33E-04
CXorf40	228809_at	AW006998	NM_147188 NM_178124	91966	1,04	6,72E-03
NEFL	221805_at	AL537457	NM_006158	4747	1,04	3,74E-03
MTHFD1	202309_at	NM_005956	NM_005956	4522	1,04	1,63E-04
SRD5A1	210959_s_at	AF113128	NM_001047	6715	1,04	3,17E-03
NASP	201969_at	AW003362	NM_002482	4678	1,04	8,40E-03
Septin 10	212698_s_at	BF966021	NM_152298 NM_172164 NM_144710	151011	1,04	4,13E-03
PLCXD1	218951_s_at	NM_018390	NM_178584 NM_018390	55344	1,04	2,13E-03
CD24	208650_s_at	BG327863	NM_013230	934	1,04	5,35E-03
ZNF92	235170_at	T52999	NM_007139	168374	1,04	1,71E-05
CENPF	207331_at	NM_016343	NM_152626 NM_016343	1063	1,03	3,14E-04

ES 2 689 703 T3

AA766126	244385_at	AA766126	---	---	1,03	2,59E-04
TENS1	217853_at	NM_022748	NM_022748	64759	1,03	1,28E-03
AL559474	235918_x_at	AL559474	---	---	1,03	7,29E-04
FLJ10407	234672_s_at	AL354612	NM_018087	55706	1,03	4,74E-05
SET8	220200_s_at	NM_020382	NM_020382	387893	1,03	5,39E-04
FLJ21125	226204_at	AI832193	NM_024627	79680	1,03	7,12E-03
PANK2	218809_at	NM_024960	NM_024960	80025	1,03	5,90E-06
			NM_153637 NM_153638 NM_153639 NM_153640 NM_153641			
TAF5	210053_at	AW138827	NM_006951	6877	1,03	3,76E-04
AI806853	225601_at	AI806853	---	---	1,03	2,08E-05
MMP11	203878_s_at	NM_005940	NM_005940	4320	1,03	2,69E-03
TUBA6	209251_x_at	BC004949	NM_032704	84790	1,03	2,38E-05
BCL2L11	225606_at	AI949179	NM_006538	10018	1,03	1,11E-04
			NM_138621 NM_138622 NM_138623 NM_138624 NM_138625 NM_138626 NM_138627 NM_207002 NM_207003			
ZGPAT	221848_at	AL121845	NM_032527	84619	1,03	4,13E-04
			NM_181484 NM_181485			
C14orf106	241816_at	AW103300	NM_018353	55320	1,03	2,05E-03
BCL3	204908_s_at	NM_005178	NM_005178	602	1,03	7,14E-04
CBFA2T2	209145_s_at	AF068266	NM_005093	9139	1,03	4,72E-03
			NM_175864 NM_018843			
MCFP	227012_at	AI823986	NM_018843	55972	1,03	1,94E-06
THAP10	219596_at	NM_020147	NM_020147	56906	1,03	7,28E-04
AW511319	227167_s_at	AW511319	---	---	1,03	6,48E-04
C2orf7	223312_at	BC005069	NM_032319	84279	1,03	8,00E-05
TTC9	213172_at	AW235608	XM_027236	23508	1,03	5,24E-03
DOT1L	231297_at	AI479899	NM_032482	84444	1,03	7,59E-

ES 2 689 703 T3

TM7SF3	226478_at	BF540749	NM_016551	51768	1,02	1,16E-03
NFIA	224976_at	R37335	NM_005595	4774	1,02	4,91E-03
MGC72104	243689_s_at	AI681945	NM_207350	284802	1,02	6,29E-03
DGCR14	204383_at	NM_022719	NM_022719	8220	1,02	2,13E-03
TUBB2	208977_x_at	BC004188	NM_006088	10383	1,02	1,96E-05
ZNF505	215758_x_at	AC007204	NM_001004126	81931	1,02	1,93E-03
C6orf115	223361_at	AF116682	NM_031218 XM_371848	58527	1,02	3,11E-04
RAB3C	242328_at	BG055348	NM_138453	115827	1,02	5,07E-03
CECR5	218592_s_at	NM_017829	NM_017829	27440	1,02	1,72E-05
PSMD5	203447_at	AU157008	NM_033070 NM_005047	5711	1,02	3,28E-06
PHF6	225501_at	AK027039	NM_032335	84295	1,02	3,94E-05
CSRP2BP	228544_s_at	AA780252	NM_032458 NM_020536	57325	1,02	3,08E-03
M96	209704_at	AL523380	NM_177926 NM_007358	22823	1,01	2,10E-04
PELI2	219132_at	NM_021255	NM_021255	57161	1,01	2,52E-05
RPA1	201529_s_at	NM_002945	NM_002945	6117	1,01	1,36E-04
TCF3	213811_x_at	AW062341	NM_003200	6929	1,01	2,33E-03
C6orf151	226263_at	AA630674	NM_152551	154007	1,01	1,66E-03
C6orf4	215411_s_at	AL008730	NM_147200	10758	1,01	1,04E-02
DUSP6	208893_s_at	BC005047	NM_147686 NM_001946	1848	1,01	4,12E-03
PEG10	212094_at	AL582836	NM_022652 XM_496907	23089	1,01	4,74E-03
CTNNBL1	221021_s_at	NM_030877	XM_499343 NM_030877	56259	1,01	1,87E-05
MPHOSPH9	237158_s_at	AW449069	NM_022782	10198	1,01	8,39E-04
SCLY	221575_at	BC000586	NM_016510	51540	1,01	5,24E-04
NUP50	222583_s_at	AF116624	NM_007172	10762	1,01	9,47E-04
GSTO2	227163_at	AL162742	NM_153645 NM_153684 NM_183239	119391	1,01	9,87E-03

ES 2 689 703 T3

C20orf44	222470_s_at	AA033998	NM_018244	55245	1,01	9,65E-05
			NM_199487 NM_199513			
N56956	227254_at	N56956	---	---	1,01	6,12E-03
BAGE4	1555408_at	AF218570	NM_181704	85317	1,01	6,41E-03
BAGE2 ARL2L1	228201_at	BE858032	NM_182482 NM_144996	85319 200894	1,01	2,30E-03
TCF7L2	212762_s_at	AI375916	NM_182896 NM_030756	6934	1,01	2,14E-03
C21orf45	219004_s_at	NM_018944	NM_018944	54069	1,01	1,32E-03
C10orf58	228155_at	BF512388	NM_032333	84293	1,00	1,86E-05
LYK5	52169_at	AI302185	NM_00100378 6 NM_00100378 7 NM_00100378 8 NM_153335	92335	1,00	6,85E-04
PGF	209652_s_at	BC001422	NM_002632	5228	1,00	5,14E-03
FLJ14627	221908_at	AL120375	NM_032814	84900	1,00	7,78E-04
NUP37	218622_at	NM_024057	NM_024057	79023	1,00	2,06E-03
SYT3	223901_at	AL136594	NM_032298	84258	1,00	6,98E-05
NARG1	222837_s_at	AF327722	NM_057175	80155	1,00	1,83E-03
RNF144	204040_at	NM_014746	NM_014746	9781	1,00	1,07E-06
MRPL35	222775_s_at	AK026220	NM_016622	51318	1,00	1,64E-03
ROR1	205805_s_at	NM_005012	NM_145644 NM_005012	4919	1,00	3,27E-03
POP1	213449_at	D31765	NM_015029	10940	1,00	7,21E-03
ABTB2	213497_at	AL050374	NM_145804	25841	1,00	2,06E-03
ASCC3	212815_at	AA156961	NM_006828	10973	1,00	4,84E-03
HDGF	216484_x_at	L24521	NM_004494	3068	1,00	1,89E-03
DUSP6	208892_s_at	BC003143	NM_001946	1848	1,00	2,56E-03
DCPS	218774_at	NM_014026	NM_022652 NM_014026	28960	1,00	6,63E-03
AKIP	228800_x_at	BE463815	NM_017900	54998	1,00	1,79E-03
C6orf60	220150_s_at	NM_024581	NM_024581	79632	1,00	2,46E-03
NXT2	209629_s_at	AF201942	NM_018698	55916	1,00	6,17E-

ES 2 689 703 T3

SEC61A2	219499_at	NM_018144	NM_018144	55176	1,00	1,35E-03
AI095542	235759_at	AI095542	---	---	1,00	3,08E-05
RPA1	201528_at	BG398414	NM_002945	6117	1,00	7,67E-06
FLJ14627	221909_at	AW299700	NM_032814	84900	1,00	1,91E-03
BE967311	226225_at	BE967311	---	---	0,99	6,96E-05
KIAA0841	213054_at	AA845355	XM_049237	23354	0,99	5,40E-05
GNG2	224965_at	AU118419	NM_053064	54331	0,99	5,01E-05
ZNF238	207164_s_at	NM_006352	NM_006352	10472	0,99	3,24E-03
PSMD9	209334_s_at	BC002383	NM_205768 NM_002813	5715	0,99	2,73E-04
SNX5	217792_at	NM_014426	NM_014426	27131	0,99	1,19E-05
PHLDA3	218634_at	NM_012396	NM_152227 NM_012396	23612	0,99	4,00E-04
ITGA2B	206494_s_at	NM_000419	NM_000419	3674	0,99	8,82E-03
SOX2	213722_at	AW007161	NM_003106	6657	0,99	7,14E-03
RALY	201271_s_at	NM_016732	NM_007367	22913	0,99	1,03E-05
PCNT1	218014_at	NM_024844	NM_016732 NM_024844	79902	0,99	2,81E-03
LOC400506	213237_at	AI652058	XM_375305	400506	0,99	8,09E-04
SLC6A15	240419_at	N25883	NM_018057	55117	0,99	6,25E-03
CBFA2T2	209144_s_at	AI810484	NM_182767 NM_005093	9139	0,99	5,43E-03
ASMTL	36554_at	Y15521	NM_175864 NM_004192	8623	0,99	2,79E-04
NARG1	226998_at	AL556909	NM_057175	80155	0,99	2,85E-05
KLHL5	226001_at	AK002174	NM_00100707 5	51088	0,99	5,50E-04
MGC59937	1569144_a_at	BC018787	NM_199039 NM_199001	375791	0,98	9,69E-03
NEDD4L	212445_s_at	AI357376	NM_015277	23327	0,98	3,46E-03
COVA1	32042_at	S72904	NM_006375	10495	0,98	1,78E-04
SWAP70	209306_s_at	AI139569	NM_182314 NM_015055	23075	0,98	1,45E-03
EPLIN	217892_s_at	NM_016357	NM_016357	51474	0,98	1,73E-03

ES 2 689 703 T3

TEF	225840_at	AA779795	NM_003216	7008	0,98	3,69E-03
KIAA0391	202713_s_at	AA129755	XM_375074	9692	0,98	7,23E-05
TXNRD1	201266_at	NM_003330	NM_003330	7296	0,98	7,52E-04
			NM_182729			
			NM_182742			
			NM_182743			
AI220627	213608_s_at	AI220627	XM_377713	402055	0,98	1,61E-04
SLC25A17	211754_s_at	BC005957	NM_006358	10478	0,98	1,22E-03
DDX11	208149_x_at	NM_030653	NM_004399	1663	0,98	2,49E-03
			NM_030653			
			NM_030655			
CD24	266_s_at	L33930	NM_013230	934	0,98	9,60E-04
SNAP29	218327_s_at	NM_004782	NM_004782	9342	0,98	4,38E-04
DDEFL1	219103_at	NM_017707	NM_017707	55616	0,98	8,35E-03
MTAP	211363_s_at	AF109294	NM_002451	4507	0,98	8,59E-03
H2AFJ	225245_x_at	BG386566	NM_018267	55766	0,98	9,29E-03
			NM_177925			
W91876	230240_at	W91876	---	---	0,98	6,38E-03
FLJ38973	227973_at	BF130937	NM_153689	205327	0,97	4,61E-03
ARL6	235320_at	AL138043	NM_032146	84100	0,97	9,35E-03
			NM_177976			
WVOX	219077_s_at	NM_016373	NM_016373	51741	0,97	2,03E-03
			NM_018560			
			NM_130788			
			NM_130790			
			NM_130791			
			NM_130792			
			NM_130844			
XTP3TPA	218069_at	NM_024096	NM_024096	79077	0,97	1,83E-04
NAPB	225111_s_at	AK022817	NM_022080	63908	0,97	1,32E-05
MRVI1	226047_at	N66571	NM_006069	10335	0,97	6,11E-03
			NM_130385			
H93038	241574_s_at	H93038	---	---	0,97	4,24E-03
AI700633	212812_at	AI700633	---	---	0,97	4,71E-04
DDAH2	215537_x_at	AJ012008	NM_013974	23564	0,97	4,32E-03
HSPC159	219998_at	NM_014181	NM_014181	29094	0,97	7,46E-04
GRK6	202849_x_at	NM_002082	NM_00100410	2870	0,97	5,10E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_00100410 6			
ZNF219	219314_s_at	NM_016423	NM_002082 NM_016423	51222	0,97	2,40E-03
KLF3	219657_s_at	NM_016531	NM_016531	51274	0,97	2,90E-03
K03460	216323_x_at	K03460	---	---	0,96	1,11E-03
IER5	218611_at	NM_016545	NM_016545	51278	0,96	1,63E-03
BC040884	1560156_at	BC040884	---	---	0,96	8,01E-03
PROS1	207808_s_at	NM_000313	NM_000313	5627	0,96	4,30E-03
ALDH1B1	209645_s_at	NM_000692	NM_000692	219	0,96	5,95E-03
PEG10	212092_at	BE858180	XM_496907	23089	0,96	1,83E-03
GRK6	211543_s_at	AF040752	XM_499343 NM_00100410 5	2870	0,96	4,44E-04
			NM_00100410 6			
RPP30	203436_at	NM_006413	NM_002082 NM_006413	10556	0,96	4,98E-04
AD-003	223369_at	BC001396	NM_014064	28989	0,96	5,09E-03
BG026236	230166_at	BG026236	---	---	0,96	6,20E-03
KIAA2002	225913_at	AK025943	XM_370878	79834	0,96	8,75E-03
CD24	208651_x_at	M58664	NM_013230	934	0,96	1,62E-03
TCF3	209153_s_at	M31523	NM_003200	6929	0,96	1,74E-04
NMT1	201157_s_at	AF020500	NM_021079	4836	0,96	7,38E-03
SURB7	209363_s_at	U46837	NM_004264	9412	0,96	1,98E-04
PHYHIPL	226623_at	AI829726	NM_032439	84457	0,96	4,52E-06
HSPC117	200042_at	NM_014306	NM_014306	51493	0,96	2,37E-05
ALDH7A1	208950_s_at	BC002515	NM_001182	501	0,96	1,54E-05
TFDP2	226157_at	AI569747	NM_006286	7029	0,95	1,73E-03
SURB7	209362_at	AI688580	NM_004264	9412	0,95	3,64E-04
BC003636	222756_s_at	BC003636	---	---	0,95	1,07E-04
SCLY	59705_at	AA911739	NM_016510	51540	0,95	8,43E-04
MGC15634	242923_at	AW027457	---	84841	0,95	9,36E-03
KIBRA	216074_x_at	AK001727	NM_015238	23286	0,95	6,38E-03
CASP8AP2	222201_s_at	AB037736	NM_012115	9994	0,95	4,11E-

ES 2 689 703 T3

AARS	201000_at	NM_001605	NM_001605	16	0,95	1,89E-03
LOC148203	229700_at	BE966267	---	148203	0,95	3,12E-04
CBLL1	220018_at	NM_024814	NM_024814	79872	0,95	1,63E-03
MRPL35	225255_at	AA810707	NM_016622	51318	0,95	4,17E-03
FAM29A	233655_s_at	AK022964	NM_145644 NM_017645	54801	0,95	1,14E-05
DKFZP566E144	223989_s_at	BC003502	NM_015523	25996	0,95	1,35E-04
PHF20	235389_at	BG168139	NM_016436	51230	0,95	7,86E-06
C20orf23	219570_at	NM_024704	NM_024704	55614	0,95	7,76E-04
MRS2L	228542_at	AI631209	NM_020662	57380	0,95	5,03E-04
GPX3	201348_at	NM_002084	NM_002084	2878	0,95	6,41E-03
PRIM2A	205628_at	NM_000947	NM_000947	5558	0,95	1,53E-04
PPAT	209433_s_at	AI457120	NM_002703	5471	0,95	1,28E-06
SLC9A3R1	201349_at	NM_004252	NM_004252	9368	0,95	3,16E-04
SNX5	229980_s_at	AA131508	NM_014426	27131	0,95	2,51E-04
C9orf122	1557014_a_at	BC041970	NM_152227 XM_379636	158228	0,95	9,32E-03
ETV6	235056_at	AV722693	NM_001987	2120	0,95	1,50E-03
ROD1	224617_at	AI735576	NM_005156	9991	0,95	5,78E-04
PPP2R5D	202513_s_at	NM_006245	NM_006245	5528	0,95	5,76E-03
AI392908	230352_at	AI392908	NM_180976 NM_180977 ---	---	0,95	5,22E-03
PPAT	209434_s_at	U00238	NM_002703	5471	0,95	1,94E-06
HSPC129	1555106_a_at	BC035744	NM_016396	51496	0,94	1,87E-04
KIAA1333	223256_at	AW007694	NM_017769	55632	0,94	1,83E-05
GAP43	216963_s_at	AF279774	NM_002045	2596	0,94	8,23E-05
C6orf155	226810_at	BE500942	NM_024882	79940	0,94	3,25E-04
FKBP7	224002_s_at	AF100751	NM_016105	51661	0,94	7,01E-04
NIT2	218557_at	NM_020202	NM_181342 NM_020202	56954	0,94	8,71E-04
NTAN1	213061_s_at	AA643304	NM_173474	123803	0,94	3,59E-03

ES 2 689 703 T3

FBXL13	243057_at	AI923673	NM_145032	222235	0,94	1,12E-03
SURF5	206593_s_at	NM_006752	NM_006752	6837	0,94	1,04E-03
ASMTL	209394_at	BC002508	NM_133640 NM_181491 NM_004192	8623	0,94	7,15E-04
PXMP4	219428_s_at	BF057649	NM_007238	11264	0,94	1,03E-03
IGF1R	203627_at	AI830698	NM_183397 NM_000875	3480	0,94	5,54E-04
HN1	217755_at	NM_016185	NM_00100203 2 NM_00100203 3 NM_016185	51155	0,94	1,06E-03
AL833487	1562245_a_at	AL833487	---	---	0,94	2,02E-03
LIG3	204123_at	NM_013975	NM_002311	3980	0,93	1,64E-05
CSTF1	202190_at	NM_001324	NM_013975 NM_001324	1477	0,93	1,15E-03
KIAA0406	212898_at	AB007866	NM_014657	9675	0,93	4,37E-05
LIG3	207348_s_at	NM_002311	NM_002311	3980	0,93	5,83E-05
MAML3	242794_at	AI569476	NM_013975 NM_018717	55534	0,93	5,09E-03
SRD5A1	211056_s_at	BC006373	NM_001047	6715	0,93	1,03E-02
ELAVL4	206051_at	NM_021952	NM_021952	1996	0,93	8,90E-05
XRCC4	210813_s_at	BC005259	NM_003401	7518	0,93	5,17E-03
ALDH7A1	208951_at	BC002515	NM_022406 NM_022550 NM_001182	501	0,93	4,00E-06
SLCO3A1	227367_at	AW976431	NM_013272	28232	0,93	4,38E-03
OGFRL1	219582_at	NM_024576	NM_024576	79627	0,93	1,65E-04
CDH2	203440_at	M34064	NM_001792	1000	0,93	9,39E-06
FLJ31842	237515_at	AA054642	NM_152487	148534	0,93	6,73E-04
LOC283464	226868_at	BF977231	XM_290597	283464	0,93	1,55E-04
DNMT1	201697_s_at	NM_001379	NM_001379	1786	0,93	1,35E-04
H2AFZ	200853_at	NM_002106	NM_002106	3015	0,93	1,62E-06
GAS2L1	209729_at	BC001782	NM_006478	10634	0,93	6,61E-03
			NM_152236 NM_152237			

ES 2 689 703 T3

IDH2	210046_s_at	U52144	NM_002168	3418	0,93	2,00E-04
LOC51337	218500_at	NM_016647	NM_016647	51337	0,93	2,50E-03
DKFZp313A243:	230005_at	AI742358	---	258010	0,93	1,41E-03
CKLF	223451_s_at	AF096895	NM_016326	51192	0,93	7,64E-03
			NM_016951 NM_181640 NM_181641			
APEX2	204408_at	NM_014481	NM_014481	27301	0,92	5,63E-04
UBOX5	215544_s_at	AL121891	NM_014948	22888	0,92	5,63E-03
			NM_199415 NM_018112			
TMEM38B	222735_at	AW452608	NM_018112	55151	0,92	1,79E-03
GPX2	202831_at	NM_002083	NM_002083	2877	0,92	9,43E-04
MPHOSPH9	215731_s_at	X98258	NM_022782	10198	0,92	1,91E-04
HABP4	232341_x_at	AK025144	NM_014282	22927	0,92	1,03E-02
C20orf161	1553960_at	CA447177	NM_033421	90203	0,92	8,23E-03
			NM_152897 NM_004117			
FKBP5	224840_at	AI753747	NM_004117	2289	0,92	1,63E-03
MGC3162	218860_at	NM_024078	NM_024078	79050	0,92	6,27E-05
DKFZp313A243:	230285_at	BF447829	---	258010	0,92	4,30E-03
AA669799	36553_at	AA669799	---	---	0,92	2,04E-04
N93774	229671_s_at	N93774	---	---	0,92	3,48E-03
AW971254	222369_at	AW971254	---	---	0,92	3,06E-03
BF516305	230728_at	BF516305	---	---	0,92	9,61E-04
ALDH1A2	207016_s_at	AB015228	NM_003888	8854	0,92	7,68E-03
			NM_170696 NM_170697 NM_198457			
ZNF600	242463_x_at	AI620827	NM_198457	162966	0,92	6,82E-03
BUB3	201458_s_at	NM_004725	NM_001007793	9184	0,92	3,29E-04
			NM_004725 NM_031866			
FZD8	227405_s_at	AW340311	NM_031866	8325	0,92	7,53E-04
RAD1	228535_at	AI796010	NM_002853	5810	0,92	3,58E-04
			NM_133282 NM_133377 NM_014291			
GCAT	205164_at	NM_014291	NM_014291	23464	0,92	4,73E-03
DKFZp761A078	231895_at	AA501453	NM_194292	163786	0,92	1,89E-04

ES 2 689 703 T3

BE464337	229512_at	BE464337	---	---	0,92	2,81E-03
AI670824	238887_at	AI670824	---	---	0,91	4,22E-03
USP49	212872_s_at	AK023092	NM_004275	9477	0,91	1,13E-04
HTATSF1	202602_s_at	NM_014500	NM_014500	27336	0,91	3,64E-05
MAML3	228508_at	AI828006	NM_018717	55534	0,91	2,27E-04
UCHL5	219960_s_at	NM_015984	NM_015984	51377	0,91	1,62E-03
MKKS	222530_s_at	AF275813	NM_018848	8195	0,91	1,32E-04
C18orf9	52285_f_at	AW002970	NM_170784 NM_024899	79959	0,91	2,78E-06
ADRBK2	204183_s_at	AI478542	NM_005160	157	0,91	5,18E-03
LOC90313	225605_at	AL540867	NM_138349	90313	0,91	5,20E-03
FANCE	220255_at	NM_021922	NM_021922	2178	0,91	1,82E-03
SH3BGRL2	225354_s_at	AL035700	NM_031469	83699	0,91	3,32E-04
YEATS4	218911_at	NM_006530	NM_006530	8089	0,91	7,53E-05
FKBP14	219390_at	NM_017946	NM_017946	55033	0,91	3,85E-06
KIAA1712	231850_x_at	AB051499	NM_030633	80817	0,91	6,64E-03
C10orf78	236027_at	N23587	NM_00100275 9	119392	0,91	4,28E-03
BG261385	225906_at	BG261385	NM_145247 XM_499448	442703	0,91	2,60E-03
LOC339903	228721_at	AA225165	XM_291063	339903	0,91	2,86E-03
KIBRA	213085_s_at	AB020676	NM_015238	23286	0,91	5,30E-05
KIAA1333	223255_at	AA642341	NM_017769	55632	0,91	1,02E-03
H2AFJ	224301_x_at	BC003602	NM_018267	55766	0,91	8,07E-03
HRASLS	219984_s_at	NM_020386	NM_177925 NM_020386	57110	0,91	1,08E-03
TUBA3	212639_x_at	AL581768	NM_006009	10376	0,91	2,50E-05
K-ALPHA-1 TOMM34	201870_at	NM_006809	NM_006082 NM_006809	7846 10953	0,91	6,55E-05
RFX5	202964_s_at	NM_000449	NM_000449	5993	0,91	7,31E-04
AK1	202587_s_at	BC001116	NM_000476	203	0,91	7,38E-03
KATNA1	205526_s_at	NM_007044	NM_007044	11104	0,91	2,54E-03
PAICS	201014_s_at	NM_006452	NM_006452	10606	0,91	3,31E-03

ES 2 689 703 T3

KIAA1576	226415_at	AA156723	NM_020927	57687	0,90	4,18E-03
CHML	1565951_s_at	AJ293392	NM_001821	1122	0,90	1,84E-04
SLC2A8	218985_at	NM_014580	NM_014580	29988	0,90	1,85E-04
DKFZp779O175	238952_x_at	BF439163	XM_375606	374899	0,90	1,98E-03
FLJ43505	221477_s_at	BF575213	NM_207468	400823	0,90	2,64E-05
HTLF	226711_at	BF590117	NM_002158	3344	0,90	2,44E-05
FLJ10385	44563_at	AI858000	NM_018081	55135	0,90	1,42E-05
FLJ16517	229349_at	AL039884	NM_001004317	389421	0,90	7,06E-04
SIX5	229009_at	AA527770	NM_175875	147912	0,90	7,46E-03
STMN3	222557_at	AL353715	NM_015894	50861	0,90	3,11E-03
PPP2R5D	211159_s_at	AB000635	NM_006245	5528	0,90	3,08E-03
AI701857	243359_at	AI701857	NM_180976 NM_180977 ---	---	0,90	7,55E-04
PHYH	203335_at	NM_006214	NM_006214	5264	0,90	1,50E-03
UFD1L	209103_s_at	BC001049	NM_005659	7353	0,90	7,15E-04
RAD1	204460_s_at	AF074717	NM_002853	5810	0,90	1,59E-03
MPHOSPH9	221965_at	AI990326	NM_133282 NM_133377 NM_022782	10198	0,90	5,47E-04
MLF1	204783_at	AI911434	NM_022443	4291	0,90	1,40E-03
THOC4	226319_s_at	AF047002	NM_005782	10189	0,90	3,55E-05
TM4SF15	218693_at	NM_012339	NM_012339	23555	0,90	1,06E-03
MSH6	202911_at	NM_000179	NM_000179	2956	0,90	8,89E-05
ANXA6	200982_s_at	NM_001155	NM_001155	309	0,90	2,34E-06
RAB23	223463_at	AF161486	NM_004033 NM_016277	51715	0,90	1,40E-03
PCTK1	207239_s_at	NM_006201	NM_183227 NM_006201	5127	0,90	2,68E-03
ZNF238	212774_at	AJ223321	NM_033018 NM_006352	10472	0,90	9,30E-04
HIP1R	209558_s_at	AB013384	NM_205768 NM_003959	9026	0,90	2,26E-04
UBAP2L	201378_s_at	NM_014847	NM_014847	9898	0,90	3,17E-04

ES 2 689 703 T3

FLJ32745	235644_at	BF213953	NM_144978	165055	0,90	2,95E-03
GGCX	214006_s_at	BE326952	NM_000821	2677	0,89	1,19E-03
HIP1	226364_at	AU145049	NM_005338	3092	0,89	1,85E-04
BG496998	225684_at	BG496998	---	---	0,89	7,38E-05
PIGX	1563111_a_at	AK000529	NM_017861	54965	0,89	1,57E-03
RAN	200750_s_at	AF054183	NM_006325	5901	0,89	7,04E-07
LOC128977	227086_at	AA194312	NM_173793	128977	0,89	7,56E-04
PRIM2A	1554885_a_at	BC017833	NM_000947	5558	0,89	1,97E-03
ACY1L2	225421_at	AI654133	NM_001010853	135293	0,89	1,02E-04
FLJ39582	239015_at	BE675073	XM_498459	439931	0,89	4,23E-03
CDK5RAP2	233540_s_at	AK025867	XM_499589 NM_001011649	55755	0,89	1,44E-03
HIP1	205425_at	NM_005338	NM_018249 NM_005338	3092	0,89	3,21E-04
RNF157	226433_at	BF056204	NM_052916	114804	0,89	4,40E-04
AL832468	1560116_a_at	AL832468	---	---	0,89	1,66E-04
CDC5L	209056_s_at	NM_001253	NM_001253	988	0,89	2,06E-05
C20orf17	235616_at	AI694059	NM_173485	128553	0,89	7,79E-03
STAU2	204226_at	NM_014393	NM_014393	27067	0,89	4,24E-05
TUBB2	213726_x_at	AA515698	NM_006088	10383	0,89	1,59E-04
TMEPAI	222449_at	AL035541	NM_020182	56937	0,89	8,38E-03
KIAA1958	239033_at	AI640482	NM_199169 NM_199170 NM_199171 NM_133465	158405	0,89	2,35E-04
TEAD3	209454_s_at	AF142482	NM_003214	7005	0,89	3,41E-03
KIAA1211	227231_at	AI991996	XM_044178	57482	0,88	1,97E-03
TMEFF1	205122_at	BF439316	NM_003692	8577	0,88	6,32E-03
SLC16A10	219915_s_at	NM_018593	NM_018593	117247	0,88	7,05E-04
ACPL2	226925_at	AW069729	NM_152282	92370	0,88	5,44E-07
C1orf41	203960_s_at	NM_016126	NM_016126	51668	0,88	6,92E-03
VPS29	223026_s_at	AF201946	NM_016226	51699	0,88	3,36E-04
			NM_057180			

ES 2 689 703 T3

FRAT2	209864_at	AB045118	NM_012083	23401	0,88	9,56E-03
IGSF4	209031_at	AL519710	NM_014333	23705	0,88	1,80E-03
PARP2	215773_x_at	AJ236912	NM_005484	10038	0,88	1,31E-03
SLCO3A1	219229_at	NM_013272	NM_013272	28232	0,88	8,63E-04
RNPC1	212430_at	AL109955	NM_017495	55544	0,88	4,48E-03
STAMBP	202811_at	NM_006463	NM_183425 NM_006463	10617	0,88	3,92E-04
RPS6KA1	203379_at	NM_002953	NM_201647 NM_213622 NM_001006665	6195	0,88	2,48E-03
BUB3	201456_s_at	AU160695	NM_002953 NM_001007793	9184	0,88	1,21E-04
LOC375295	228564_at	AI569804	NM_004725 XM_374020	375295	0,88	2,04E-03
KCNQ2	210508_s_at	D82346	NM_004518	3785	0,88	1,23E-04
EIF4E	201437_s_at	NM_001968	NM_172106 NM_172107 NM_172108 NM_172109 NM_001968	1977	0,88	2,52E-03
AGPS	225113_at	BF688144	NM_003659	8540	0,88	2,42E-03
BRD4	202103_at	AI991631	NM_014299	23476	0,88	2,06E-03
TOX	204529_s_at	AI961231	NM_058243 NM_014729	9760	0,88	4,56E-03
AI032121	227422_at	AI032121	---	---	0,88	5,07E-04
RAB3IP	223471_at	BC002556	NM_022456	117177	0,87	1,10E-03
DDT	202929_s_at	NM_001355	NM_175623 NM_175624 NM_175625 NM_175626 NM_175627 NM_001355	1652	0,87	4,60E-04
C10orf77	219745_at	NM_024789	NM_024789	79847	0,87	9,14E-03
NUCKS	224582_s_at	H09085	NM_022731	64710	0,87	2,99E-05
FBN1	202766_s_at	NM_000138	NM_000138	2200	0,87	9,90E-03
AA287457	226943_at	AA287457	---	---	0,87	2,30E-03
C10orf86	219067_s_at	NM_017615	NM_017615	54780	0,87	6,15E-05
MAGE:3604	1555875_at	BU733713	---	---	0,87	7,23E-

ES 2 689 703 T3

678						03
HSPA4L	205543_at	NM_014278	NM_014278	22824	0,87	7,62E-04
PLS1	205190_at	NM_002670	NM_002670	5357	0,87	7,93E-03
AW299815	241815_at	AW299815	---	---	0,87	5,59E-03
MRPL42	222466_s_at	AL136659	NM_014050	28977	0,87	3,61E-06
LYK5	221554_at	AF308302	NM_172177 NM_172178 NM_00100378 6 NM_00100378 7 NM_00100378 8 NM_153335	92335	0,87	5,17E-03
C6orf61	219673_at	NM_017696	---	54844	0,87	2,34E-04
NR3C1	201865_x_at	AI432196	NM_000176	2908	0,87	1,11E-03
KIAA1280	219520_s_at	NM_018458	NM_015691	55841	0,87	6,75E-05
HMG20B	209113_s_at	AF288679	NM_006339	10362	0,87	8,93E-05
KIAA1211	227230_s_at	BE855799	XM_044178	57482	0,87	4,76E-04
GAS6	202177_at	NM_000820	NM_000820	2621	0,87	1,87E-03
AKAP13	221718_s_at	M90360	NM_006738	11214	0,87	4,55E-04
H2AFZ	213911_s_at	BF718636	NM_007200 NM_144767 NM_002106	3015	0,87	6,81E-06
NYREN18	1569030_s_at	BC034716	NM_016118	51667	0,87	1,77E-03
C20orf20	218586_at	NM_018270	NM_018270	55257	0,86	1,58E-04
PAICS	201013_s_at	AA902652	NM_006452	10606	0,86	5,07E-04
HPS4	218402_s_at	NM_022081	NM_022081	89781	0,86	9,72E-04
GSS	211630_s_at	L42531	NM_152840 NM_152841 NM_152842 NM_152843 NM_000178	2937	0,86	3,22E-04
AL136980	222603_at	AL136980	---	---	0,86	1,97E-03
septin 11	201307_at	AL534972	NM_018243	55752	0,86	6,58E-05
PDLIM7	214266_s_at	AW206786	NM_005451	9260	0,86	8,67E-04
HIP1	205426_s_at	U79734	NM_203352 NM_203353 NM_213636 NM_005338	3092	0,86	1,59E-

ES 2 689 703 T3

BF447112	236192_at	BF447112	---	---	0,86	03 6,78E-04
AW161909	232697_at	AW161909	---	---	0,86	1,71E-04
SEC61A2	228747_at	AI694646	NM_018144	55176	0,86	3,38E-04
PXMP2	219076_s_at	NM_018663	NM_018663	5827	0,86	2,72E-03
AU145336	233446_at	AU145336	---	---	0,86	2,61E-03
SIVA	210792_x_at	AF033111	NM_006427	10572	0,86	5,84E-04
NDUFA6	202000_at	BC002772	NM_021709 NM_002490	4700	0,86	2,77E-03
HMGB1	200680_x_at	NM_002128	NM_002128	3146	0,85	7,80E-05
septin 8	209000_s_at	BC001329	XM_034872	23176	0,85	1,12E-03
EIF2B3	218488_at	NM_020365	NM_020365	8891	0,85	2,51E-06
DCX	204851_s_at	AF040254	NM_000555	1641	0,85	1,15E-03
TBC1D16	1554701_a_at	BC028290	NM_178151 NM_178152 NM_178153 NM_019020	125058	0,85	2,39E-03
CARD10	210026_s_at	AY028896	NM_014550	29775	0,85	2,51E-03
VAV2	205536_at	NM_003371	NM_003371	7410	0,85	2,59E-03
NES	218678_at	NM_024609	NM_006617	10763	0,85	8,46E-03
DRD2	216938_x_at	S69899	NM_000795	1813	0,85	7,98E-03
PARP2	214086_s_at	AK001980	NM_016574 NM_005484	10038	0,85	2,66E-03
MGC13204	225837_at	AL577977	NM_031465	83695	0,85	1,56E-03
SLC29A1	201802_at	NM_004955	NM_004955	2030	0,85	4,79E-03
DONSON	221677_s_at	AF232674	NM_017613	29980	0,85	3,72E-03
SLC37A4	217289_s_at	AF097831	NM_145794 NM_145795 NM_001467	2542	0,85	2,49E-03
HAND1	220138_at	NM_004821	NM_004821	9421	0,85	7,06E-03
ZGPAT	57539_at	AA535065	NM_032527	84619	0,85	3,82E-04
CGI-96	202937_x_at	AL022316	NM_181484 NM_181485 NM_015703	27341	0,85	4,33E-04
NUP107	218768_at	NM_020401	NM_020401	57122	0,84	7,62E-05

ES 2 689 703 T3

AL133101	228007_at	AL133101	---	---	0,84	1,62E-04
CALM3	200622_x_at	AV685208	NM_005184	808	0,84	4,45E-03
AW450360	222072_at	AW450360	---	---	0,84	4,39E-03
BTBD3	202946_s_at	NM_014962	NM_014962	22903	0,84	7,63E-04
RBBP8	203344_s_at	NM_002894	NM_181443 NM_002894	5932	0,84	2,62E-04
FH	203033_x_at	NM_000143	NM_203291 NM_203292 NM_000143	2271	0,84	2,23E-06
VAV2	226063_at	AA481141	NM_003371	7410	0,84	1,78E-04
MRPL49	201717_at	NM_004927	NM_004927	740	0,84	3,26E-03
TUBA3	209118_s_at	AF141347	NM_006009	7846	0,84	7,92E-05
CD24	216379_x_at	AK000168	NM_013230	934	0,84	4,53E-05
FLJ21415	218867_s_at	NM_024738	NM_024738	79794	0,84	3,59E-03
AA004210	229835_s_at	AA004210	---	---	0,84	1,26E-04
PIGX	1552291_at	NM_017861	NM_017861	54965	0,84	2,94E-03
L3MBTL2	1555815_a_at	AL136564	NM_00100368 9	83746	0,84	6,19E-03
SEC23A	212887_at	AI753659	NM_031488 NM_006364	10484	0,84	2,12E-03
AI589594	238694_at	AI589594	---	---	0,84	6,20E-04
C20orf45	222441_x_at	BF032213	NM_016045	51012	0,84	3,50E-03
C8orf20	218777_at	NM_025232	NM_025232	80346	0,84	8,62E-04
PREX1	224925_at	AL445192	NM_020820	57580	0,84	4,97E-03
RPA2	201756_at	NM_002946	NM_002946	6118	0,84	2,53E-03
RECQL	212918_at	AI962943	NM_002907	5965	0,83	5,17E-03
HOXD4	205522_at	NM_014621	NM_032941 NM_014621	3233	0,83	4,47E-03
AU144918	233858_at	AU144918	---	---	0,83	9,47E-03
DATF1	218325_s_at	NM_022105	NM_022105	11083	0,83	3,04E-03
EED	209572_s_at	AF080227	NM_080796 NM_080797 NM_003797	8726	0,83	6,60E-06
RIMS4	227644_at	AL049000	NM_152991 NM_182970	140730	0,83	1,04E-03
CHML	226350_at	AU155565	NM_001821	1122	0,83	1,58E-

ES 2 689 703 T3

RAD21	200607_s_at	BG289967	NM_006265	5885	0,83	1,96E-03
ZNF555	1556188_a_at	AF052118	NM_152791	148254	0,83	3,68E-04
FSCN1	210933_s_at	BC004908	NM_003088	6624	0,83	1,24E-03
KIAA1467	213234_at	AB040900	XM_370682	57613	0,83	4,71E-03
DDX54	224433_s_at	BC005848	NM_024072	79039	0,83	4,90E-03
TERT	207199_at	NM_003219	NM_003219	7015	0,83	3,88E-03
HRASLS	219983_at	NM_020386	NM_198253 NM_198254 NM_198255 NM_020386	57110	0,83	7,17E-03
BACH	215728_s_at	AL031848	NM_007274	11332	0,83	3,84E-06
MSH5	221406_s_at	NM_025259	NM_181862 NM_181863 NM_181864 NM_181865 NM_181866 NM_002441	4439	0,83	9,50E-03
FLJ22955	221224_s_at	NM_024819	NM_025259 NM_172165 NM_172166 NM_024819	79877	0,83	2,19E-03
ATF7IP	218987_at	NM_018179	NM_018179	55729	0,83	8,71E-04
FLJ20508	218712_at	NM_017850	NM_017850	54955	0,82	1,46E-03
PHF5A	225309_at	AL008582	NM_032758	84844	0,82	1,72E-04
C20orf27	50314_i_at	AI761506	NM_017874	54976	0,82	7,41E-04
SET8	225094_at	AL578116	NM_020382	387893	0,82	8,35E-04
KCNS3	205968_at	NM_002252	NM_002252	3790	0,82	9,42E-03
CHES1	222494_at	AW051527	NM_005197	1112	0,82	1,04E-02
RCBTB1	218352_at	NM_018191	NM_018191	55213	0,82	8,95E-05
NM_024601	220033_at	NM_024601	---	---	0,82	1,30E-03
HCN3	228741_s_at	AA569959	NM_020897	57657	0,82	2,94E-03
ATP6V1A	201971_s_at	NM_001690	NM_001690	523	0,82	1,36E-03
RNF26	224338_s_at	AB055622	NM_032015	79102	0,82	2,45E-03
BC042916	1559111_a_at	BC042916	---	---	0,82	8,94E-03
PINX1	223907_s_at	AF205718	NM_017884	54984	0,82	1,62E-04

ES 2 689 703 T3

AW771952	242434_at	AW771952	---	---	0,82	2,95E-03
HNRPAB	201277_s_at	NM_004499	NM_004499	3182	0,82	1,19E-04
FH	214170_x_at	AA669797	NM_031266 NM_000143	2271	0,82	3,99E-05
LOC283852	238554_at	BE501733	---	283852	0,82	5,07E-03
ZNF79	214138_at	AA284829	NM_007135	7633	0,82	2,28E-04
C22orf19	209418_s_at	BC003615	NM_00100287 7 NM_00100287 8 NM_00100287 9 NM_003678	8563	0,82	2,69E-04
RAD21	200608_s_at	NM_006265	NM_006265	5885	0,82	1,40E-03
H1FO	208886_at	BC000145	NM_005318	3005	0,82	3,44E-03
MAPKAPK5	212871_at	NM_003668	NM_003668	8550	0,82	5,71E-04
PPP1R13B	216347_s_at	AK023188	NM_139078 NM_015316	23368	0,82	4,23E-04
ZNF278	211392_s_at	AF242522	NM_014323	23598	0,81	1,59E-03
ENC2	210307_s_at	AL136796	NM_032050 NM_032051 NM_032052 NM_022480	64410	0,81	6,42E-03
DACH1	1562342_at	AL713717	NM_004392	1602	0,81	4,53E-03
ADRBK2	204184_s_at	NM_005160	NM_080759 NM_080760 NM_005160	157	0,81	3,83E-04
JUP	201015_s_at	NM_021991	NM_002230	3728	0,81	5,55E-03
KIAA1333	223258_s_at	BC000973	NM_021991 NM_017769	55632	0,81	2,69E-03
ETAA16	219216_at	NM_019002	NM_019002	54465	0,81	1,33E-03
LOC387882	225105_at	BF969397	NM_207376	387882	0,81	9,88E-04
KIAA1648	213058_at	AL033538	---	284900	0,81	3,45E-03
DYRK4	212954_at	AF263541	NM_003845	8798	0,81	3,72E-03
LOC200008	229605_at	AI150848	NM_201546	200008	0,81	6,35E-06
GPX3	214091_s_at	AW149846	NM_002084	2878	0,81	1,38E-03
LRP10	201412_at	NM_014045	NM_014045	26020	0,81	4,50E-03
LOC55954	218752_at	NM_019103	NM_00100369	55954	0,81	9,27E-

ES 2 689 703 T3

			2			03
FLJ23441	219217_at	NM_024678	NM_019103 NM_024678	79731	0,81	5,14E-06
TH1L	220607_x_at	NM_016397	NM_016397	51497	0,81	1,63E-03
AD-003	223368_s_at	BC001396	NM_198976 NM_014064	28989	0,81	2,11E-03
HIP2	202347_s_at	AB022435	NM_005339	3093	0,80	1,48E-04
MGAT5B	238445_x_at	AI609043	NM_144677	146664	0,80	6,85E-04
EPOR	37986_at	M60459	NM_198955 NM_000121	2057	0,80	5,63E-03
HIC2	212966_at	AL043112	NM_015094	23119	0,80	3,15E-05
GJA7	228776_at	AA430014	NM_005497	10052	0,80	4,03E-05
DNAJC9	213088_s_at	BE551340	NM_015190	23234	0,80	2,60E-03
HMG2	208668_x_at	BC003689	NM_005517	3151	0,80	1,11E-03
MRPL42	217919_s_at	BE782148	NM_014050	28977	0,80	2,11E-03
HSPC129	223270_at	AF161543	NM_172177 NM_172178 NM_016396	51496	0,80	1,61E-05
HNRPA2B1	205292_s_at	NM_002137	NM_002137	3181	0,80	3,05E-04
ANXA4	201301_s_at	BC000182	NM_031243 NM_001153	307	0,80	8,27E-03
SOX13	38918_at	AF083105	NM_005686	9580	0,80	3,55E-03
ACTR1A	200721_s_at	NM_005736	NM_005736	10121	0,80	2,85E-03
MEIS2	207480_s_at	NM_020149	NM_002399	4212	0,80	4,47E-04
APG3L	221492_s_at	AF202092	NM_020149 NM_170674 NM_170675 NM_170676 NM_170677 NM_172315 NM_172316 NM_022488	64422	0,80	1,43E-03
CDYL	203099_s_at	AF081258	NM_004824	9425	0,80	3,28E-03
ODZ3	219523_s_at	NM_018104	NM_170751 NM_170752 XM_371717	55714	0,80	1,87E-03
VAPB	202550_s_at	NM_004738	NM_004738	9217	0,80	8,33E-06
SAP30	204900_x_at	NM_003864	NM_003864	8819	0,80	1,56E-05

ES 2 689 703 T3

HOXD1	205975_s_at	NM_024501	NM_024501	3231	0,80	1,08E-03
FLJ10385	220258_s_at	NM_018081	NM_018081	55135	0,80	1,71E-03
LRRC1	218816_at	NM_018214	NM_018214	55227	0,80	5,23E-03
CD24	209771_x_at	AA761181	NM_025168 NM_013230	934	0,80	5,76E-04
SLC29A1	201801_s_at	AF079117	NM_004955	2030	0,80	7,75E-04
C10orf86	211376_s_at	BC005212	NM_017615	54780	0,80	2,32E-05
GNAZ	204993_at	NM_002073	NM_002073	2781	0,80	8,65E-05
C15orf25	229208_at	AK022939	NM_018097	55142	0,80	8,67E-03
CPT1A	203633_at	BF001714	NM_001876	1374	0,80	1,57E-03
LOC150383	227590_at	BE501980	NM_00100891 7	150383	0,80	1,76E-05
MGC18216	225330_at	AL044092	NM_207327 ---	145815	0,80	7,91E-04
384D8-2	205086_s_at	NM_014551	NM_014551	29781	0,80	8,25E-05
USP28	231837_at	AB040948	NM_152299 NM_020886	57646	0,80	4,10E-04
G22P1	200792_at	NM_001469	NM_001469	2547	0,79	1,57E-06
TIMM50	224913_s_at	AA877820	NM_00100156 3	92609	0,79	1,54E-06
OSRF	219421_at	NM_012382	NM_012382	23548	0,79	1,38E-03
TIAF1	202039_at	NM_004740	NM_004740	399687	0,79	7,17E-03
MYO18A			NM_078471 NM_203318	9220		
SNN	218032_at	AF070673	NM_003498	8303	0,79	3,27E-05
HPS4	54037_at	AL041451	NM_022081	89781	0,79	3,31E-05
AI339606	222852_at	AI339606	NM_152840 NM_152841 NM_152842 NM_152843 ---	---	0,79	3,52E-03
CNN3	201445_at	NM_001839	NM_001839	1266	0,79	2,38E-05
C16orf34	212115_at	AK023154	NM_144570	90861	0,79	1,93E-04
OKFZP564K082	208091_s_at	NM_030796	NM_030796	81552	0,79	4,71E-04
LETM2	1557415_s_at	AI023774	NM_144652	137994	0,79	1,29E-03
AW665227	229713_at	AW665227	---	---	0,79	2,47E-05
C14orf130	218108_at	NM_018108	NM_018108	55148	0,79	4,99E-

ES 2 689 703 T3

			NM_175748			03
NEDD1	234984_at	AA236927	NM_152905	121441	0,79	3,11E-04
LOC57168	227015_at	Z99714	NM_020437	57168	0,79	4,74E-06
ZNF267	219540_at	AU150728	NM_003414	10308	0,79	1,98E-03
HIC2	212964_at	AI912206	NM_015094	23119	0,79	6,64E-06
BG150301	230271_at	BG150301	---	---	0,79	9,81E-03
NM_014838	204799_at	NM_014838	---	---	0,79	1,18E-03
FLJ14827	221777_at	BE966197	NM_032848	84934	0,79	2,97E-05
NP	201695_s_at	NM_000270	NM_000270	4860	0,78	8,55E-03
BACH	208002_s_at	NM_007274	NM_007274	11332	0,78	1,62E-04
			NM_181862			
			NM_181863			
			NM_181864			
			NM_181865			
			NM_181866			
GPR155	244509_at	AW449728	NM_152529	151556	0,78	8,05E-03
EIF2S1	201144_s_at	NM_004094	NM_004094	1965	0,78	4,48E-06
CLEC11A	205131_x_at	NM_002975	NM_002975	6320	0,78	3,57E-03
BCL11A	219497_s_at	NM_022893	NM_018014	53335	0,78	8,37E-05
			NM_022893			
			NM_138553			
			NM_138559			
MRPL2	229884_s_at	AA187325	NM_015950	51069	0,78	6,69E-04
PRKAB2	1558027_s_at	AL552001	NM_005399	5565	0,78	1,67E-03
DTX1	227336_at	AW576405	NM_004416	1840	0,78	1,19E-03
M96	203347_s_at	NM_007358	NM_007358	22823	0,78	8,86E-03
ACN9	218981_at	NM_020186	NM_020186	57001	0,78	1,05E-03
IMP-1	227377_at	AK022784	NM_006546	10642	0,78	2,10E-04
DVL2	57532_at	AW016304	NM_004422	1856	0,78	1,49E-04
DKFZp547A023	239525_at	AI733041	NM_018704	55917	0,78	2,26E-04
LOC91431	1565935_at	AF075091	NM_138698	91431	0,78	1,72E-03
H1FX	204805_s_at	NM_006026	NM_006026	8971	0,78	2,36E-03
RNPEP	208270_s_at	NM_020216	NM_020216	6051	0,78	1,53E-03
LOC400960	227969_at	AI627636	XM_379102	400960	0,78	1,32E-04

ES 2 689 703 T3

PXMP4	224210_s_at	BC001147	NM_007238	11264	0,78	7,76E-03
MAP3K7IP1	203901_at	NM_006116	NM_183397 NM_006116	10454	0,78	2,33E-04
LSM2	209449_at	AF196468	NM_153497 NM_021177	57819	0,78	2,81E-03
ODF2	225617_at	AL138382	NM_002540	4957	0,78	1,50E-03
JARID2	203297_s_at	BG029530	NM_153437 NM_004973	3720	0,77	5,30E-03
C20orf27	218081_at	NM_017874	NM_017874	54976	0,77	1,93E-04
FLJ35779	227267_at	AI953478	NM_152408	134359	0,77	5,87E-03
FLJ38973	238974_at	N47077	NM_153689	205327	0,77	3,60E-03
LOC202181	232309_at	Y13871	---	202181	0,77	9,94E-04
DDX54	219111_s_at	NM_024072	NM_024072	79039	0,77	5,24E-03
NELL2	203413_at	NM_006159	NM_006159	4753	0,77	1,82E-04
AZI1	214742_at	AB029041	NM_00100981 1	22994	0,77	4,54E-04
C13orf6	235348_at	AA404347	NM_014984 NM_032859	84945	0,77	6,35E-07
MKL1	212748_at	AB037859	NM_020831	57591	0,77	1,75E-04
MLF1	204784_s_at	NM_022443	NM_022443	4291	0,77	4,84E-03
RPP25	219143_s_at	NM_017793	NM_017793	54913	0,77	2,33E-03
MRPL39	218558_s_at	NM_017446	NM_017446	54148	0,77	1,79E-03
MR-1	225298_at	AA074597	NM_080794 NM_015488	25953	0,77	9,47E-03
SCOC	223341_s_at	AF330205	NM_022572 NM_032547	60592	0,77	5,34E-06
GAMT	1552474_a_at	NM_138924	NM_000156	2593	0,77	8,68E-04
MGC61550	228791_at	BF434655	NM_138924 NM_182616	348110	0,77	5,38E-04
MGC4172	218756_s_at	NM_024308	NM_024308	79154	0,76	8,18E-04
IKIP	227295_at	AW182575	NM_153687	121457	0,76	1,09E-04
BCL11A	219498_s_at	NM_018014	NM_201612 NM_201613 NM_201614 NM_018014	53335	0,76	6,17E-05
			NM_022893 NM_138553			

ES 2 689 703 T3

LOC115098	225454_at	AW248770	NM_138559 NM_138442	115098	0,76	2,43E-03
NM_016534	219817_at	NM_016534	---	---	0,76	1,74E-03
H15087	238186_at	H15087	---	---	0,76	4,91E-03
D15Wsu75e	212527_at	BF057059	XM_039495	27351	0,76	5,47E-03
TMEM19	229126_at	AI597651	NM_018279	55266	0,76	9,91E-03
TCF3	215260_s_at	X52078	NM_003200	6929	0,76	3,41E-03
PEX19	201706_s_at	BC000496	NM_002857	5824	0,76	6,90E-07
HSPC132	218403_at	NM_016399	NM_016399	51499	0,76	1,21E-03
TMEM33	222642_s_at	BC000948	NM_018126	55161	0,76	1,16E-03
LOC58489	225436_at	AI339710	XM_051862	58489	0,76	6,79E-04
RAB3D	225001_at	AI744658	NM_004283	9545	0,76	1,35E-04
CBWD1	226193_x_at	AV709992	NM_018491	150472	0,76	7,42E-06
CBWD2 LOC220869 DC36 C7orf31	229146_at	AA778688	NM_172003 NM_201453 NM_138811	220869 389760 55871 136895	0,76	4,75E-04
ZNF569	1569366_a_at	BC038737	NM_152484	148266	0,76	2,84E-03
TOB2	222243_s_at	AB051450	NM_016272	10766	0,76	1,66E-04
BF978778	226832_at	BF978778	XM_374070	389188	0,75	2,91E-03
SULF2	233555_s_at	AL034418	NM_018837	55959	0,75	2,13E-03
D50683	208944_at	D50683	NM_198596 ---	---	0,75	8,75E-04
TMEFF1	205123_s_at	NM_003692	NM_003692	8577	0,75	5,76E-04
CSNK2A1	206075_s_at	NM_001895	NM_001895	1457	0,75	8,62E-03
MYO1B	212364_at	BF432550	NM_177559 NM_177560 NM_012223	4430	0,75	1,60E-05
TBL1XR1	222634_s_at	AF314544	NM_024665	79718	0,75	8,23E-03
C20orf6	222765_x_at	AL161659	NM_016649	51575	0,75	2,08E-03
TRA16	226839_at	N25631	NM_176880	126382	0,75	4,39E-03
TH1L	225006_x_at	AJ238379	NM_016397	51497	0,75	3,15E-03
LANCL1	202019_s_at	AI935255	NM_198976 NM_006055	10314	0,75	3,29E-04

ES 2 689 703 T3

ZFYVE21	219929_s_at	NM_024071	NM_024071	79038	0,75	5,24E-04
BF697865	235018_at	BF697865	---	---	0,75	3,31E-05
RECQL	212917_x_at	AI814728	NM_002907	5965	0,75	1,03E-03
GPR158	232195_at	R41459	NM_032941 NM_020752	57512	0,75	9,00E-03
TH1L	225865_x_at	AJ238374	NM_016397	51497	0,75	5,42E-03
AW025579	213429_at	AW025579	NM_198976 ---	---	0,75	2,61E-03
NDUFA3	218563_at	NM_004542	NM_004542	4696	0,75	1,05E-03
AI857788	227126_at	AI857788	---	---	0,75	3,17E-04
TRIM32	203846_at	BC003154	NM_012210	22954	0,75	9,18E-04
LZIC	226087_at	BG180887	NM_032368	84328	0,75	5,95E-03
CBX1	201518_at	NM_006807	NM_006807	10951	0,75	3,35E-03
TUB	228882_at	AL042088	NM_003320	7275	0,75	1,66E-03
EPOR	215054_at	H16758	NM_177972 NM_000121	2057	0,74	2,51E-03
PDXP	223290_at	BC000320	NM_020315	57026	0,74	3,77E-04
GSS	201415_at	NM_000178	NM_000178	2937	0,74	8,16E-04
SEC10L1	228418_at	BF509391	NM_006544	10640	0,74	1,01E-02
DNAJC9	213092_x_at	AW241779	NM_015190	23234	0,74	4,38E-03
SULF2	224724_at	AL133001	NM_018837	55959	0,74	7,10E-04
KIAA0082	212380_at	D43949	NM_198596 NM_015050	23070	0,74	9,43E-03
NM_003349	201003_x_at	NM_003349	---	---	0,74	2,17E-03
HH114	232506_s_at	AK026504	NM_032499	84529	0,74	2,32E-03
MAP3K13	211083_s_at	Z25428	NM_004721	9175	0,74	1,51E-03
SRR	222844_s_at	AF169974	NM_021947	63826	0,74	1,66E-03
SIP1	205063_at	NM_003616	NM_00100918 2 NM_00100918 3 NM_003616 NM_018667	8487	0,74	5,42E-03
SMPD3	219695_at	NM_024703	NM_018667	55512	0,74	8,85E-03
ARL6IP6	225707_at	AL581082	NM_152522	151188	0,74	3,27E-03
LOC90525	228922_at	AI760446	NM_138356	90525	0,74	8,81E-

ES 2 689 703 T3

PARP2	204752_x_at	NM_005484	NM_005484	10038	0,74	8,00E-03
EPB41L5	225855_at	AB046768	NM_020909	57669	0,74	2,98E-04
BG492376	1557961_s_at	BG492376	---	---	0,74	8,26E-03
KLF3	225140_at	BF438116	NM_016531	51274	0,74	1,89E-03
R12027	241836_x_at	R12027	---	---	0,74	1,13E-03
MCM8	233560_x_at	AA370141	NM_032485	84515	0,74	7,31E-03
TFR2	210215_at	AF067864	NM_182802 NM_003227	7036	0,74	3,11E-04
EIF4E	201435_s_at	AW268640	NM_001968	1977	0,74	4,34E-05
AK001164	232752_at	AK001164	---	---	0,74	3,62E-03
FLJ21839	218480_at	NM_021831	NM_021831	60509	0,73	2,20E-04
DUT	209932_s_at	U90223	NM_001948	1854	0,73	1,26E-03
RBBP7	201092_at	NM_002893	NM_002893	5931	0,73	2,45E-03
SCOC	224786_at	AL133580	NM_032547	60592	0,73	1,16E-06
ELF2	210361_s_at	AF256223	NM_006874	1998	0,73	1,61E-04
BF315093	227617_at	BF315093	NM_201999 NM_00101086 6	199953	0,73	3,23E-03
C6orf125	224448_s_at	BC006007	NM_032340	84300	0,73	1,18E-03
AK025512	225514_at	AK025512	---	---	0,73	2,88E-03
TTLL4	203702_s_at	AL043927	NM_014640	9654	0,73	1,86E-03
PHOX2B	207009_at	NM_003924	NM_003924	8929	0,73	6,98E-04
PAK4	33814_at	AF005046	NM_005884	10298	0,73	6,87E-03
TTC8	226120_at	AW293939	NM_144596	123016	0,73	8,67E-04
SSBP3	217991_x_at	NM_018070	NM_198309 NM_198310 NM_00100995 5	23648	0,73	2,77E-03
PPIF	201489_at	BC005020	NM_018070 NM_145716 NM_005729	10105	0,73	5,19E-05
LOC155435	226732_at	AI823400	NM_00100840 8	155435	0,73	8,92E-03
RAD1	210216_x_at	AF084513	NM_002853	5810	0,73	1,61E-04
PDE7A	223358_s_at	AW269834	NM_133282 NM_133377 NM_002603	5150	0,73	1,04E-

ES 2 689 703 T3

			NM_002604			03
LOC284611	226568_at	AI478747	NM_001010882	284611	0,73	4,22E-03
MPHOSPH9	1558369_at	BC036600	NM_022782	10198	0,73	9,01E-03
AHCY	200903_s_at	NM_000687	NM_000687	191	0,73	6,38E-04
KIAA1393	221952_x_at	AB037814	NM_020810	57570	0,73	1,27E-03
WDR50	203721_s_at	NM_016001	NM_016001	51096	0,73	2,41E-06
NRF1	204651_at	AW003022	NM_005011	4899	0,72	2,06E-05
ATP6V1A	201972_at	AF113129	NM_001690	523	0,72	6,11E-06
ATP6V1C1	202872_at	AW024925	NM_001007254	528	0,72	5,21E-03
AP3M1	222517_at	AU152391	NM_001695 NM_012095	26985	0,72	8,61E-04
HIP1R	38340_at	AB014555	NM_207012 NM_003959	9026	0,72	9,01E-03
CDKAL1	214877_at	BE794663	NM_017774	54901	0,72	2,66E-07
C10orf119	222464_s_at	BC004183	NM_024834	79892	0,72	2,58E-04
QRSL1	218949_s_at	NM_018292	NM_018292	55278	0,72	1,91E-04
HSPC129	223271_s_at	AF161543	NM_016396	51496	0,72	1,33E-04
MTAP	204956_at	NM_002451	NM_002451	4507	0,72	9,35E-03
TNFRSF10B	210405_x_at	AF153687	NM_003842	8795	0,72	1,20E-05
NDUFS1	203039_s_at	NM_005006	NM_147187 NM_005006	4719	0,72	3,56E-06
SRPK1	202199_s_at	AW082913	NM_003137	6732	0,71	2,30E-04
B4GALT4	210540_s_at	BC004523	NM_003778	8702	0,71	3,68E-03
RBM9	213901_x_at	AW149379	NM_212543 NM_014309	23543	0,71	8,10E-03
DENR	234915_s_at	BC000925	NM_003677	8562	0,71	1,01E-02
CPOX	204172_at	NM_000097	NM_000097	1371	0,71	4,66E-04
HSPC121	217777_s_at	NM_016395	NM_016395	51495	0,71	2,24E-04
RFX5	202963_at	AW027312	NM_000449	5993	0,71	6,50E-03
SHD1	205449_at	NM_013299	NM_013299	29901	0,71	7,97E-03
ARF3	200734_s_at	BG341906	NM_001659	377	0,71	3,13E-05
ING1	208415_x_at	NM_005537	NM_005537	3621	0,71	1,86E-05

ES 2 689 703 T3

TH1L	225261_x_at	AJ238376	NM_198217 NM_198218 NM_198219 NM_016397	51497	0,71	2,65E-03
VCL	200931_s_at	NM_014000	NM_198976 NM_003373	7414	0,71	4,61E-03
ZNF545	235176_at	AA927918	NM_014000 NM_133466	284406	0,71	8,64E-03
UBOX5	204598_at	NM_014948	NM_014948	22888	0,71	5,08E-03
ELAVL1	201726_at	BC003376	NM_199415 NM_001419	1994	0,71	7,04E-03
ITGB5	201125_s_at	NM_002213	NM_002213	3693	0,71	2,15E-03
NUP205	212247_at	AW008531	NM_015135	23165	0,71	5,94E-04
SLC17A5	221041_s_at	NM_012434	NM_012434	26503	0,71	9,98E-03
AI939588	241156_at	AI939588	---	---	0,71	3,21E-03
SCRIB	212556_at	AI469403	NM_015356	23513	0,71	7,66E-03
SOCS4	226178_at	BF446961	NM_182706 NM_080867	122809	0,71	1,73E-04
C6orf211	218195_at	NM_024573	NM_199421 NM_024573	79624	0,71	6,55E-03
PSMA7	216088_s_at	AL078633	NM_002792	5688	0,71	2,39E-04
AKR1B1	201272_at	NM_001628	NM_152255 NM_001628	231	0,71	4,69E-04
HMG20B	210719_s_at	BC002552	NM_006339	10362	0,71	5,46E-03
DZIP3	213186_at	BG502305	NM_014648	9666	0,71	5,65E-03
MFI2	223723_at	BC001875	NM_005929	4241	0,71	2,36E-03
PPP1CC	200726_at	NM_002710	NM_033316 NM_002710	5501	0,71	1,35E-03
AL521247	225046_at	AL521247	XM_374317	389831	0,71	3,82E-03
KIAA0841	213053_at	AW189966	XM_049237	23354	0,71	9,24E-03
PDE7A	224046_s_at	U67932	NM_002603	5150	0,71	5,94E-03
FBXO30	226541_at	AI808182	NM_002604 NM_032145	84085	0,71	1,04E-02
SRC	213324_at	AK024281	NM_005417	6714	0,70	5,83E-05
LOC57168	227014_at	BE550881	NM_198291 NM_020437	57168	0,70	3,95E-04

ES 2 689 703 T3

CIB2	205008_s_at	NM_006383	NM_006383	10518	0,70	1,68E-03
GPAM	225420_at	AV699379	NM_020918	57678	0,70	5,07E-03
KLF7	1555420_a_at	BC012919	NM_003709	8609	0,70	6,45E-03
AA833830	230896_at	AA833830	---	---	0,70	7,62E-04
BTBD14A	243431_at	BF000597	NM_144653	138151	0,70	2,99E-03
MAPK11	211499_s_at	U92268	NM_002751	5600	0,70	9,93E-03
FSCN1	201564_s_at	NM_003088	NM_138993 NM_003088	6624	0,70	2,66E-03
PLAGL2	202924_s_at	AL562280	NM_002657	5326	0,70	3,13E-04
USP39	217829_s_at	NM_006590	NM_006590	10713	0,70	6,69E-04
ABHD10	222697_s_at	AI521709	NM_018394	55347	0,70	3,65E-04
C20orf142	233061_at	AL117382	XM_371399	128486	0,70	8,68E-03
GPR51	209990_s_at	AF056085	NM_005458	9568	0,70	1,26E-03
CELSR3	205165_at	NM_001407	NM_001407	1951	0,70	1,21E-03
SSBP2	210829_s_at	AF077048	NM_012446	23635	0,70	7,97E-04
POT1	204353_s_at	BC002923	NM_015450	25913	0,70	1,78E-04
B4GALT6	206233_at	AF097159	NM_004775	9331	0,70	1,09E-03
MARF (C3HC4)	210075_at	AF151074	NM_00100541 5 NM_00100541 6 NM_016496 NM_024122	51257	0,70	7,91E-03
MGC4825	221620_s_at	AF061264	NM_024122	79135	0,70	9,49E-03
CBLL1	227187_at	AI824009	NM_024814	79872	0,70	2,62E-03
RAB11A	200864_s_at	NM_004663	NM_004663	8766	0,70	7,58E-03
SLBP	206052_s_at	NM_006527	NM_006527	7884	0,70	1,28E-03
TBX3	229576_s_at	N29712	NM_005996	6926	0,70	1,56E-03
RNF10	207801_s_at	NM_014868	NM_016569 NM_014868	9921	0,69	2,04E-03
KIAA0153	1552257_a_at	NM_015140	NM_015140	23170	0,69	9,62E-04
THOC4	226320_at	AF047002	NM_005782	10189	0,69	2,92E-03
SDHA	201093_x_at	NM_004168	NM_004168	6389	0,69	1,14E-05
FKBP1	219187_at	NM_022110	NM_022110	63943	0,69	5,41E-03
EXOSC3	223489_x_at	AW015573	NM_00100226	51010	0,69	2,58E-

ES 2 689 703 T3

			9			04
COCH	1554242_a_at	BC007230	NM_016042 NM_004086	1690	0,69	4,57E-03
C16orf34	212109_at	AI590869	NM_144570	90861	0,69	1,30E-04
CITED1	207144_s_at	NM_004143	NM_004143	4435	0,69	6,40E-03
ZDHHC3	218077_s_at	BE542551	NM_016598	51304	0,69	1,09E-03
AW611729	228744_at	AW611729	---	---	0,69	1,38E-03
MBD4	209580_s_at	AF114784	NM_003925	8930	0,69	1,50E-04
CKLF	221058_s_at	NM_016326	NM_016326	51192	0,69	6,66E-03
PPM1F	37384_at	D86995	NM_016951 NM_181640 NM_181641 NM_014634	9647	0,69	9,40E-05
CSTF1	32723_at	L02547	NM_001324	1477	0,69	7,49E-04
KIAA1333	223257_at	AI823905	NM_017769	55632	0,69	1,45E-04
SHB	1557458_s_at	BU685917	NM_003028	6461	0,69	1,46E-03
AA608749	228095_at	AA608749	---	---	0,69	8,96E-03
MPST	203524_s_at	NM_021126	NM_021126	4357	0,69	4,69E-04
METRNL	232269_x_at	BE965311	NM_024042	79006	0,69	7,29E-03
NUP43	219007_at	NM_024647	NM_024647	348995	0,69	8,85E-05
TTYH2	223741_s_at	BC004233	NM_198887 NM_032646	94015	0,69	9,46E-03
C20orf178	225119_at	AW299290	NM_052869 NM_176812	128866	0,69	9,97E-06
GTF3A	215091_s_at	BE542815	NM_002097	2971	0,69	1,55E-04
NIPSNAP1	201708_s_at	AW083371	NM_003634	8508	0,69	1,45E-03
C20orf44	217935_s_at	NM_018244	NM_018244	55245	0,68	2,08E-03
PNRC2	222406_s_at	AV738970	NM_199487 NM_199513 NM_017761	55629	0,68	5,58E-05
IGFBP2	202718_at	NM_000597	NM_000597	3485	0,68	8,62E-03
PDE6D	204091_at	NM_002601	NM_002601	5147	0,68	3,97E-04
KIAA0376	212480_at	AB002374	NM_015330	23384	0,68	1,42E-03
PLAGL2	202925_s_at	NM_002657	NM_002657	5326	0,68	1,26E-03
C6orf18	42361_g_at	AI588986	NM_019052	54535	0,68	4,87E-

ES 2 689 703 T3

C16orf5	223960_s_at	AF195661	NM_013399	29965	0,68	1,19E-04
ZDHHC22	229875_at	AI363193	NM_174976	283576	0,68	8,32E-03
RetSat	1566472_s_at	AK098125	NM_017750	54884	0,68	8,62E-03
CD47	213857_s_at	BG230614	NM_001777	961	0,68	1,35E-04
ADRBK2	228771_at	AI651212	NM_198793 NM_005160	157	0,68	4,73E-04
KCTD9	218823_s_at	NM_017634	NM_017634	54793	0,68	1,27E-03
H49805	239911_at	H49805	---	---	0,68	6,32E-03
ZA20D3	221613_s_at	AL136598	NM_019006	54469	0,68	2,84E-04
KELCHL	221837_at	BG325646	NM_032775	84861	0,68	4,31E-03
HMOX2	218120_s_at	D21243	NM_002134	3163	0,68	2,33E-04
C22orf13	223039_at	BC004144	NM_031444	83606	0,68	2,45E-03
ZNF71	226514_at	W55975	NM_021216	58491	0,68	1,83E-03
MGC12466	223898_at	BC005360	NM_033213	93474	0,68	6,20E-03
HMGB1	224731_at	BF673940	NM_002128	3146	0,68	1,63E-03
TBC1D7	223461_at	AF151073	NM_016495	51256	0,68	8,95E-04
PDCL	204449_at	NM_005388	NM_005388	5082	0,68	1,36E-03
RAD1	235253_at	AI742925	NM_002853	5810	0,68	2,51E-03
CKB	200884_at	NM_001823	NM_133282 NM_133377 NM_001823	1152	0,68	3,63E-05
SRp35	239295_at	AA889416	NM_080743	135295	0,68	5,74E-03
SARA2	218254_s_at	NM_016103	NM_016103	51128	0,68	7,27E-06
CBX2	226473_at	BE514414	---	876	0,68	2,77E-04
BLCAP	201032_at	NM_006698	NM_006698	10904	0,68	1,40E-04
MGC5139	202365_at	BC004815	---	84747	0,68	1,18E-03
HIBADH	224812_at	AL577446	NM_152740	11112	0,68	4,29E-05
MOBK1B	201298_s_at	BC003398	NM_018221	55233	0,68	1,42E-05
NIPSNAP1	201709_s_at	NM_003634	NM_003634	8508	0,67	3,88E-03
CSNK2A1	212072_s_at	AL049761	NM_001895	1457	0,67	4,08E-03
			NM_177559 NM_177560			

ES 2 689 703 T3

DUT	208956_x_at	U62891	NM_001948	1854	0,67	2,02E-03
HOOK3	224359_s_at	AF241830	NM_032410	84376	0,67	9,68E-04
CSTF3	229665_at	AI653037	NM_001326	1479	0,67	9,91E-03
RUVBL1	201614_s_at	NM_003707	NM_003707	8607	0,67	3,37E-03
PNRC2	217779_s_at	NM_017761	NM_017761	55629	0,67	1,36E-03
KIAA1893	227975_at	AW963386	NM_052899	114787	0,67	8,58E-03
KIAA1949	224927_at	BG251556	---	170954	0,67	8,52E-03
PSMB2	200039_s_at	NM_002794	NM_002794	5690	0,67	2,36E-04
RCOR2	236030_at	BF528119	NM_173587	283248	0,67	3,41E-03
AL157484	221861_at	AL157484	---	---	0,67	8,93E-03
RBX1	218117_at	NM_014248	NM_014248	9978	0,67	4,54E-03
SIPA1	204164_at	NM_006747	NM_006747	6494	0,67	5,05E-03
DHRS8	217989_at	NM_016245	NM_153253 NM_016245	51170	0,67	3,77E-03
FBXO45	225100_at	BF590021	XM_117294	200933	0,67	5,60E-03
C19orf25	226378_s_at	AI554705	NM_152482	148223	0,67	2,15E-03
E2F3	203693_s_at	NM_001949	NM_001949	1871	0,67	9,86E-04
SERAC1	232183_at	AA128978	NM_032861	84947	0,67	2,83E-05
LOC129138	231847_at	Z97630	NM_138797	129138	0,67	4,79E-04
AL524175	225479_at	AL524175	---	---	0,67	3,32E-04
CCDC5	225297_at	AV715391	NM_138443	115106	0,67	1,96E-04
KIAA1166	225784_s_at	AU150745	NM_018684	55906	0,67	4,05E-03
SH3BP4	222258_s_at	AF015043	NM_014521	23677	0,67	8,34E-05
YTHDF1	221741_s_at	AL096828	NM_017798	54915	0,66	8,07E-04
DKFZP566E14	218194_at	NM_015523	NM_015523	25996	0,66	9,77E-05
HADHSC	201035_s_at	BC000306	NM_005327	3033	0,66	2,93E-03
GALNT4	231832_at	AI890347	NM_003774	8693	0,66	6,21E-03
FLJ90709	243709_at	BG054799	NM_173514	153129	0,66	1,04E-02
SMARCB1	212167_s_at	AK021419	NM_00100746 8	6598	0,66	3,27E-05
NDUFC1	203478_at	NM_002494	NM_003073 NM_002494	4717	0,66	4,38E-03

ES 2 689 703 T3

ATP1A1	220948_s_at	NM_000701	NM_000701	476	0,66	9,29E-05
			NM_001001586			
KIAA0265	209256_s_at	AF277177	NM_014997	23008	0,66	5,63E-03
KIAA0153	216251_s_at	BF965437	NM_015140	23170	0,66	1,12E-04
CCNG1	208796_s_at	BC000196	NM_004060	900	0,66	7,05E-03
			NM_199246			
DT1P1A10	213079_at	AA223871	NM_058163	90121	0,66	1,80E-03
FLJ32065	223443_s_at	BC003669	NM_153032	201283	0,66	8,33E-04
CORO1C	222409_at	AL162070	NM_014325	23603	0,66	6,46E-05
GGA2	208914_at	BE646414	NM_015044	23062	0,66	1,84E-03
			NM_138640			
SNRPB	208821_at	J04564	NM_003091	6628	0,66	8,27E-05
			NM_198216			
NUCKS	224581_s_at	AI707721	NM_022731	64710	0,66	5,13E-06
FLJ40432	228810_at	AW135279	NM_152523	151195	0,66	7,36E-05
G6PC3	221759_at	AL583123	NM_138387	92579	0,66	9,07E-04
CAMTA1	225692_at	AV756867	NM_015215	23261	0,66	1,84E-03
CBX5	212126_at	BG391282	NM_012117	23468	0,66	2,40E-03
LIMK2	202193_at	NM_005569	NM_005569	3985	0,66	8,69E-03
			NM_016733			
MRPL40	203152_at	NM_003776	NM_003776	64976	0,66	7,24E-03
CBR4	244052_at	AI469277	NM_032783	84869	0,66	1,00E-03
NKIRAS1	225930_at	AI970120	NM_020345	28512	0,65	3,27E-04
ASH2L	209517_s_at	AB020982	NM_004674	9070	0,65	4,47E-04
KRAS	204009_s_at	W80678	NM_004985	3845	0,65	2,50E-04
			NM_033360			
KELCHL	221838_at	N38751	NM_032775	84861	0,65	6,67E-04
MRPL35	218890_x_at	NM_016622	NM_016622	51318	0,65	6,17E-03
			NM_145644			
NUDT3	221579_s_at	AF062530	NM_006703	11165	0,65	6,42E-03
MAGEH1	218573_at	NM_014061	NM_014061	28986	0,65	1,12E-04
CCNK	225824_at	AA528091	NM_003858	317762	0,65	1,32E-04
C14orf65				8812		
CPE	201117_s_at	NM_001873	NM_001873	1363	0,65	5,66E-

ES 2 689 703 T3

GAMT	205354_at	NM_000156	NM_000156	2593	0,65	03 1,31E-03
KIAA1423	225127_at	BF217531	N M_138924 XM_376550	57583	0,65	2,39E-03
EXOSC3	227916_x_at	AA747303	NM_00100226 9	51010	0,65	9,83E-03
RNF166	227726_at	BF057084	NM_016042 NM_178841	115992	0,65	8,38E-04
SFI1	213431_x_at	AB011114	NM_00100746 7	9814	0,65	6,82E-03
FLJ14721	226487_at	BE551088	NM_014775 NM_032829	84915	0,65	9,93E-04
FLJ21908	1557984_s_at	BI464019	NM_024604	79657	0,65	4,41E-03
TNFRSF10 B	209294_x_at	BC001281	NM_003842	8795	0,65	9,89E-05
FLJ14827	44065_at	AI937468	NM_147187 NM_032848	84934	0,65	1,53E-04
TMEM33	218465_at	NM_018126	NM_018126	55161	0,65	1,81E-03
PDHA1	1555864_s_at	AW057819	NM_000284	5160	0,65	2,47E-04
SDCBP	200958_s_at	NM_005625	NM_00100706 7 NM_00100706 8 NM_00100706 9 NM_00100707 0 NM_005625 NM_005723	6386	0,65	5,40E-03
TM4SF9	225387_at	AA059445	NM_016103	10098	0,65	2,21E-04
SARA2	1554482_a_at	BC002847	NM_016103	51128	0,65	1,82E-04
BE138575	214020_x_at	BE138575	---	---	0,65	1,59E-05
LOC440885	239624_at	AA725362	XM_498906	440885	0,65	3,36E-04
MGC4308	224523_s_at	BC006475	NM_032359	84319	0,65	5,54E-03
SSBP2	203787_at	NM_012446	NM_012446	23635	0,65	3,43E-03
ELMOD2	1553928_at	NM_153702	NM_153702	255520	0,65	3,72E-03
KIAA1043	215146_s_at	AB028966	---	23331	0,64	5,53E-04
BC015774	1569973_at	BC015774	XM_496867	441220	0,64	7,67E-03
FLJ14166	219227_at	NM_024565	NM_024565	79616	0,64	4,93E-03
BRMS1L	224484_s_at	BC006250	NM_032352	84312	0,64	1,03E-02
SIP1	211115_x_at	AB037703	NM_00100918 2	8487	0,64	4,84E-05

ES 2 689 703 T3

			NM_00100918 3			
RGS19	204336_s_at	NM_005873	NM_003616 NM_005873	10287	0,64	2,62E-03
HEMK1	52159_at	W93807	NM_016173	51409	0,64	4,05E-03
BCCIP	218264_at	NM_016567	NM_016567	56647	0,64	2,33E-04
			NM_078468 NM_078469			
RPL5	213689_x_at	AL137958	NM_000969	388650	0,64	1,28E-03
LOC388650			NM_00100660 5	6125		
CYCS	208905_at	BC005299	NM_018947	54205	0,64	6,99E-07
ARF3	211622_s_at	M33384	NM_001659	377	0,64	1,47E-04
C19orf14	1553125_x_at	NM_173636	NM_173636	284403	0,64	9,52E-03
MGC10433	205740_s_at	NM_024321	NM_024321	79171	0,64	3,28E-04
PRKDC	208694_at	U47077	NM_006904	5591	0,64	8,30E-03
SCDR10	1569905_at	BC018336	NM_198533	374875	0,64	8,71E-03
			NM_198704 NM_198705 NM_198706 NM_198707 NM_198708			
TGIF2	216262_s_at	AL050318	NM_021809	60436	0,64	1,37E-05
LOC90268	229268_at	AA723152	NM_138348	90268	0,64	3,05E-04
PARP1	208644_at	M32721	NM_001618	142	0,64	6,21E-05
RGMB	227339_at	BE206621	NM_173670	285704	0,64	2,63E-04
LOC285705				285705		
ZNF250	213858_at	BE350026	NM_021061	58500	0,64	6,68E-03
ACTR1A	200720_s_at	AL532341	NM_005736	10121	0,64	3,97E-03
FBXL10	229855_at	AA779208	NM_00100536 6	84678	0,64	5,29E-03
			NM_032590 NM_014460			
PIPPIN	209981_at	AL023553	NM_014460	27254	0,64	8,32E-03
C22orf16	224932_at	AI814909	NM_213720	400916	0,64	5,31E-03
DTNBP1	223445_at	AF061734	NM_032122	84062	0,63	1,32E-03
			NM_183040 NM_183041			
GRWD1	221549_at	AF337808	NM_031485	83743	0,63	8,09E-03
LARS2	34764_at	D21851	NM_015340	23395	0,63	1,98E-03

ES 2 689 703 T3

PPP5C	201979_s_at	NM_006247	NM_006247	5536	0,63	5,76E-05
AW051899	242602_x_at	AW051899	---	---	0,63	2,62E-03
FLJ21125	219560_at	NM_024627	NM_024627	79680	0,63	9,02E-03
MRPS28	219819_s_at	NM_014018	NM_014018	28957	0,63	1,73E-03
SENP1	226619_at	AW665440	NM_014554	29843	0,63	3,06E-03
CENTD2	34206_at	AB018325	NM_015242	116985	0,63	2,69E-04
TPM1	206117_at	NM_000366	NM_139181 NM_000366	7168	0,63	1,78E-03
RAP1GDS1	209444_at	BC001851	NM_021159	5910	0,63	2,24E-04
CELSR3	40020_at	AB011536	NM_001407	1951	0,63	6,88E-04
PPM1F	203063_at	NM_014634	NM_014634	9647	0,63	3,60E-05
HMGB1	214938_x_at	AF283771	NM_002128	3146	0,63	4,46E-04
AW294869	225227_at	AW294869	---	---	0,63	1,30E-03
AI417537	227739_at	AI417537	XM_372169	389822	0,63	9,49E-03
GTF3A	201338_x_at	NM_002097	NM_002097	2971	0,63	4,05E-04
EXOSC3	223490_s_at	AF281132	NM_00100226 9	51010	0,63	4,03E-05
HSPA14	219212_at	NM_016299	NM_016042 NM_016299	51182	0,63	2,58E-05
DHX15	201386_s_at	AF279891	NM_001358	1665	0,63	2,26E-05
CDK5RAP2	220935_s_at	NM_018249	NM_00101164 9	55755	0,62	1,12E-03
CBX5	231862_at	AK023520	NM_018249 NM_012117	23468	0,62	8,64E-03
AW024563	225712_at	AW024563	---	---	0,62	2,41E-03
NME4	212739_s_at	AL523860	NM_005009	4833	0,62	4,02E-04
EEF2K	225545_at	BF001312	NM_013302	29904	0,62	1,58E-06
ECHDC1	219974_x_at	NM_018479	NM_018479	55862	0,62	1,24E-03
SORT1	224818_at	BE622952	NM_002959	6272	0,62	6,15E-03
FKBP7	231130_at	AA683602	NM_016105	51661	0,62	6,59E-03
PPP4R2	225519_at	AA206408	NM_181342 NM_174907	151987	0,62	1,07E-03
JAG1	216268_s_at	U77914	NM_000214	182	0,62	3,91E-03
OSBPL1A	241693_at	BF246603	NM_018030	114876	0,62	3,59E-03

ES 2 689 703 T3

AP1B1	205423_at	NM_001127	NM_080597 NM_133268 NM_001127	162	0,62	5,15E-06
SNRPB	213175_s_at	AL049650	NM_145730 NM_003091	6628	0,62	1,16E-05
MYH9	211926_s_at	AI827941	NM_198216 NM_002473	4627	0,62	7,82E-06
BICD2	213154_s_at	AI934125	NM_00100380 0	23299	0,62	6,85E-03
SNX11	220140_s_at	NM_013323	NM_015250 NM_013323	29916	0,62	6,32E-03
ZNF354A	205427_at	NM_005649	NM_152244 NM_005649	6940	0,62	9,78E-03
ANK1	205390_s_at	NM_000037	NM_000037	286	0,62	1,01E-02
SNRPG	205644_s_at	NM_003096	NM_020475 NM_020476 NM_020477 NM_020478 NM_020479 NM_020480 NM_020481 NM_003096	6637	0,62	1,58E-03
15E1,2	214711_at	BE568184	NM_176818	283459	0,62	9,53E-03
PPOX	204788_s_at	NM_000309	NM_000309	5498	0,62	5,07E-03
GTF2F2	209595_at	BC001771	NM_004128	2963	0,62	6,89E-04
RAC3	206103_at	NM_005052	NM_005052	5881	0,62	8,05E-04
IRAK1BP1	213074_at	BG545769	NM_00101084 4	134728	0,62	1,38E-03
M96	203345_s_at	AI566096	NM_007358	22823	0,62	1,24E-03
CHPPR	203208_s_at	NM_014637	NM_014637	9650	0,62	5,77E-03
CBFB	206788_s_at	AF294326	NM_001755	865	0,62	3,44E-03
HIVEP2	212641_at	AL023584	NM_022845 NM_006734	3097	0,62	2,38E-03
FDPS	201275_at	NM_002004	NM_002004	2224	0,62	1,13E-03
SCC-112	213983_s_at	AW991219	NM_015200	23244	0,62	4,84E-03
NCOR2	207760_s_at	NM_006312	NM_006312	9612	0,62	2,28E-03
CIAPIN1	208424_s_at	NM_020313	NM_020313	57019	0,62	2,19E-05
STAT1	JMISGF3A/M97	HUMISGF3A/M97	NM_007315	6772	0,62	9,80E-04
EIF5B	201027_s_at	NM_015904	NM_139266 NM_015904	9669	0,62	3,52E-

ES 2 689 703 T3

FBXO45	225099_at	AA126446	XM_117294	200933	0,62	04 4,20E-03
COPS6	213504_at	W63732	NM_006833	10980	0,62	7,94E-03
ACO2	200793_s_at	NM_001098	NM_001098	50	0,61	1,19E-03
HADHSC	211569_s_at	AF001903	NM_005327	3033	0,61	1,58E-03
M6PRBP1	202122_s_at	NM_005817	NM_005817	10226	0,61	5,73E-03
GPR51	211679_x_at	AF095784	NM_005458	9568	0,61	2,47E-03
LOC63929	226501_at	BE966628	NM_022098	63929	0,61	5,18E-04
FLJ20331	218577_at	NM_017768	NM_017768	55631	0,61	7,70E-03
AI125670	231431_s_at	AI125670	XM_373626	388114	0,61	5,65E-04
RENT1	211168_s_at	D86988	NM_002911	5976	0,61	5,90E-03
COX7B	202110_at	NM_001866	NM_001866	1349	0,61	1,87E-03
RBMS1	209868_s_at	D28482	NM_002897	5937	0,61	1,58E-05
NAP1L4	1560339_s_at	AK095320	NM_016836 NM_016839 NM_005969	4676	0,61	7,56E-03
DTNBP1	223446_s_at	AF061734	NM_032122	84062	0,61	1,14E-03
SUHW3	235520_at	AA805654	NM_183040 NM_183041 NM_017666	55609	0,61	7,60E-03
RAD1	204461_x_at	NM_002853	NM_002853	5810	0,61	8,03E-03
NAP1L4	201414_s_at	NM_005969	NM_133282 NM_133377 NM_005969	4676	0,61	8,91E-03
DBN1	202806_at	NM_004395	NM_004395	1627	0,61	6,46E-03
LSM3	202209_at	NM_014463	NM_080881 NM_014463	27258	0,61	3,78E-04
ITGAV	202351_at	AI093579	NM_002210	3685	0,61	1,45E-03
PDCD8	205512_s_at	NM_004208	NM_004208	9131	0,61	3,22E-03
GLT28D1	219015_s_at	NM_018466	NM_145812 NM_145813 NM_018466	55849	0,61	1,02E-02
DKFZp586M181	224776_at	BF513102	NM_178819	137964	0,61	3,28E-04
ZNF305	206507_at	NM_014724	NM_014724	9753	0,61	6,84E-03
MRPL37	222993_at	AF325707	NM_016491	51253	0,61	3,36E-03

ES 2 689 703 T3

MYO1B	212365_at	BF215996	NM_012223	4430	0,61	4,15E-06
XRCC5	208642_s_at	AA205834	NM_021141	7520	0,61	1,58E-05
AK096932	1564220_a_at	AK096932	---	---	0,60	2,76E-03
MGC50372	1558097_at	W21283	NM_173566	253143	0,60	1,75E-03
UBE2R2	226954_at	BE221883	NM_017811	54926	0,60	1,57E-04
LOC283484	1556940_at	AW665184	---	283484	0,60	6,08E-03
C20orf77	225024_at	AL117521	NM_021215	58490	0,60	4,10E-05
FLJ10350	217943_s_at	NM_018067	NM_018067	55700	0,60	2,33E-03
LOC84661	224129_s_at	AF226998	NM_032574	84661	0,60	6,46E-03
SMYD5	209516_at	U50383	NM_006062	10322	0,60	2,51E-04
H2AFJ	220936_s_at	NM_018267	NM_018267	55766	0,60	2,36E-03
XPNPEP1	208453_s_at	NM_006523	NM_177925 NM_020383	7511	0,60	2,47E-03
APG7L	218673_s_at	NM_006395	NM_006395	10533	0,60	7,62E-03
RASGRP1	205590_at	NM_005739	NM_005739	10125	0,60	8,56E-03
KIAA1333	223254_s_at	AA887053	NM_017769	55632	0,60	1,03E-02
C6orf79	220094_s_at	NM_022102	NM_022102	63933	0,60	1,45E-03
PHACTR3	227949_at	AL357503	NM_080672	116154	0,60	5,45E-04
CSPG6	209259_s_at	AF020043	NM_183244 NM_183246 NM_005445	9126	0,60	4,65E-03
C6orf108	204238_s_at	NM_006443	NM_006443	10591	0,60	6,02E-03
MGC15606	215968_at	AF055018	NM_199184 NM_145037	91775	0,60	6,84E-04
MGC13017	235006_at	AL571598	NM_080656	91368	0,60	6,97E-03
PA2G4	208676_s_at	U87954	NM_006191	5036	0,60	2,40E-03
MRPL2	218887_at	NM_015950	NM_015950	51069	0,60	4,44E-04
FUSIP1	206095_s_at	NM_006625	NM_006625	10772	0,60	6,03E-03
NUP98	203194_s_at	AA527238	NM_054016 NM_005387	4928	0,60	2,00E-03
G6PC3	44654_at	AI669655	NM_016320 NM_139131 NM_139132 NM_138387	92579	0,60	2,87E-03

ES 2 689 703 T3

BCR	217223_s_at	U07000	NM_004327	613	0,60	3,32E-03
AP3S2	202399_s_at	NM_005829	NM_021574 NM_005829	10239	0,59	2,43E-03
ZNF589	219968_at	NM_016089	NM_016089	51385	0,59	2,39E-03
AHCYL1	200850_s_at	NM_006621	NM_006621	10768	0,59	5,75E-04
SIN3A	225135_at	AI433017	NM_015477	25942	0,59	4,14E-03
CHCHD3	217972_at	NM_017812	NM_017812	54927	0,59	2,72E-03
SSBP3	223635_s_at	BC003605	NM_00100995 5	23648	0,59	1,16E-03
AI127452	228443_s_at	AI127452	NM_018070 NM_145716 ---	---	0,59	2,59E-03
LOC113174	225614_at	AI815207	NM_138421	113174	0,59	4,60E-04
C20orf24	224376_s_at	AF274948	NM_018840	55969	0,59	1,49E-04
PITPNB	202522_at	AL031591	NM_199483 NM_199484 NM_199485 NM_012399	23760	0,59	1,72E-04
RPE	216574_s_at	J04742	NM_006916	6120	0,59	1,51E-03
AF061733	223477_s_at	AF061733	NM_199229 ---	---	0,59	4,14E-03
ECHDC1	223088_x_at	BC003549	NM_018479	55862	0,59	2,67E-05
MRPL30	223996_s_at	AF151083	NM_016503	51263	0,59	5,32E-04
CNOT4	203291_at	NM_013316	NM_145212 NM_145213 NM_00100822 5	4850	0,59	1,86E-04
MGC32020	214816_x_at	BC003535	NM_013316 NM_152266	91442	0,59	1,21E-03
SLC4A7	209884_s_at	AF047033	NM_003615	9497	0,59	8,63E-03
ATXN10	208833_s_at	AF119662	NM_013236	25814	0,59	1,71E-06
POP7	209482_at	BC001430	NM_005837	10248	0,59	4,07E-04
LRRFIP1	223492_s_at	BC004958	NM_004735	9208	0,59	2,17E-03
HIG1	221896_s_at	BE739519	NM_014056	25994	0,58	3,91E-03
PBX3	204082_at	NM_006195	NM_006195	5090	0,58	7,63E-03
LZTR1	203412_at	NM_006767	NM_006767	8216	0,58	7,27E-03
SFI1	215699_x_at	AL096768	NM_00100746 7	9814	0,58	6,00E-03

ES 2 689 703 T3

TOP3B	213660_s_at	AA581879	NM_014775 NM_003935	8940	0,58	3,68E-03
PSMD12	202352_s_at	AI446530	NM_002816	5718	0,58	1,19E-03
RAB7L1	218700_s_at	BC002585	NM_174871 NM_003929	8934	0,58	7,31E-03
NM_016402	217946_s_at	NM_016402	---	---	0,58	3,60E-04
SIP1	211114_x_at	AB037702	NM_00100918 2 NM_00100918 3	8487	0,58	5,55E-03
COPS8	214260_at	AI079287	NM_003616 NM_006710	10920	0,58	9,44E-03
ZNF141	206931_at	NM_003441	NM_198189 NM_003441	7700	0,58	8,62E-05
LANCL1	202020_s_at	NM_006055	NM_006055	10314	0,58	6,88E-03
PXK	225796_at	AI684747	NM_017771	54899	0,58	6,08E-04
AMACR	209424_s_at	AI796120	NM_014324	23600	0,58	8,99E-03
RPE	225040_s_at	AV699857	NM_203382 NM_006916	6120	0,58	5,46E-04
GSPT1	215438_x_at	BE906054	NM_199229 NM_002094	2935	0,58	1,02E-02
ASXL1	212234_at	AL034550	NM_015338	171023	0,58	1,46E-03
EIF4ENIF1	218626_at	NM_019843	NM_019843	56478	0,58	1,12E-04
RIT1	239843_at	AI655057	NM_006912	6016	0,58	2,20E-03
TP53RK	225402_at	BG339450	NM_033550	112858	0,58	1,38E-04
MAT2B	217993_s_at	NM_013283	NM_013283	27430	0,58	2,85E-03
TMCC3	226489_at	BG177562	NM_182796 NM_020698	57458	0,58	3,41E-03
POLRMT	203782_s_at	NM_005035	NM_005035	5442	0,58	2,34E-03
BG109230	228567_at	BG109230	---	---	0,58	2,93E-04
RBMS1	203748_x_at	NM_016839	NM_002897	5937	0,58	1,17E-05
LOC96610	226802_s_at	W87523	NM_016836 NM_016839 NM_080926	96610	0,58	8,19E-03

Tabla 8. Expresión génica disminuida en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular 2D6 en estado diferenciado utilizando análisis de micromatrices

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
CYTL1	219837_s_at	NM_018659	NM_018659	54360	-6,87	8,62E-11
IL17B	220273_at	NM_014443	NM_014443	27190	-6,24	3,55E-08
KIAA0125	206478_at	NM_014792	NM_014792	9834	-5,76	4,88E-04
OLFML2A	213075_at	AL050002	NM_182487	169611	-5,40	4,32E-12
GNAS	217057_s_at	AF107846	NM_000516	2778	-5,37	6,02E-03
THBS2	203083_at	NM_003247	NM_016592 NM_080425 NM_080426 NM_003247	7058	-5,31	9,79E-08
CAP2	212554_at	N90755	NM_006366	10486	-5,29	4,85E-06
CYGB	226632_at	AL513673	NM_134268	114757	-5,15	2,38E-03
MEOX2	206201_s_at	NM_005924	NM_005924	4223	-4,96	9,77E-08
AI051127	231478_at	AI051127	---	---	-4,84	1,89E-03
CRH	205630_at	NM_000756	NM_000756	1392	-4,78	2,26E-03
NXF	1554299_at	AB049469	NM_178864	266743	-4,75	3,31E-05
SLC1A2	225491_at	AL157452	NM_004171	6506	-4,71	1,26E-09
FGF13	205110_s_at	NM_004114	NM_004114	2258	-4,65	6,61E-06
MICAL2	212473_s_at	BE965029	NM_033642 NM_014632	9645	-4,59	1,59E-05
CART	206339_at	NM_004291	NM_004291	9607	-4,59	4,64E-03
ADM	202912_at	NM_001124	NM_001124	133	-4,47	5,16E-07
OSCAR	1554503_a_at	BC035023	NM_130771	126014	-4,38	3,92E-04
HTR1E	207404_s_at	NM_000865	NM_133168 NM_133169 NM_206817 NM_206818 NM_000865	3354	-4,24	8,64E-04
BF681305	1561817_at	BF681305	---	---	-4,22	5,84E-04
EGFL7	218825_at	NM_016215	NM_016215	51162	-4,16	3,07E-05
SLC1A6	1554593_s_at	BC028721	NM_201446 NM_005071	6511	-4,16	8,15E-04
GPR54	242517_at	AI819198	NM_032551	84634	-4,15	1,40E-04

ES 2 689 703 T3

BC036254	1557443_s_at	BC036254	---	---	-4,14	5,46E-06
NDRG1	200632_s_at	NM_006096	NM_006096	10397	-4,10	8,60E-05
LOC56901	218484_at	NM_020142	NM_020142	56901	-4,10	1,79E-03
STX3A	209238_at	BE966922	NM_004177	6809	-4,02	4,71E-04
AQP1	209047_at	AL518391	NM_000385	358	-4,02	1,49E-03
AA530995	213832_at	AA530995	NM_198098 ---	---	-4,00	2,31E-03
AL353759	215071_s_at	AL353759	---	---	-3,90	1,96E-05
ARHGAP9	224451_x_at	BC006107	NM_032496	64333	-3,89	8,61E-04
CAP2	212551_at	NM_006366	NM_006366	10486	-3,86	4,69E-07
LOC158572	243017_at	AA032156	XM_379705	158572	-3,85	1,09E-04
PDE4C	211818_s_at	U88712	NM_000923	5143	-3,78	3,71E-03
RaLP	230538_at	AI027957	NM_203349	399694	-3,67	1,39E-05
PTGS1	215813_s_at	S36219	NM_000962	5742	-3,65	1,09E-08
CYGB	1553572_a_at	NM_134268	NM_080591 NM_134268	114757	-3,65	2,42E-06
ANXA2	201590_x_at	NM_004039	NM_00100285 7 NM_00100285 8 NM_004039 NM_006393	302	-3,65	1,12E-05
NEBL	203961_at	AL157398	NM_213569 NM_00100285 7 NM_00100285 8 NM_004039	10529	-3,63	1,91E-05
ANXA2	210427_x_at	BC001388	NM_00100285 7 NM_00100285 8 NM_004039	302	-3,61	1,06E-05
BE219849	240180_at	BE219849	---	---	-3,60	1,29E-05
AU157716	227051_at	AU157716	---	---	-3,56	1,17E-07
RaLP	235238_at	BF676462	NM_203349	399694	-3,55	6,19E-07
RGS11	206107_at	NM_003834	NM_003834	8786	-3,53	1,56E-06
AI743780	229385_s_at	AI743780	NM_183337 ---	---	-3,53	5,61E-08
CRH	205629_s_at	BC002599	NM_000756	1392	-3,52	2,27E-03
MGC4677	225799_at	BF209337	NM_052871	112597	-3,49	6,17E-05
AW954199	239331_at	AW954199	---	---	-3,49	1,64E-05

ES 2 689 703 T3

PTGS1	205128_x_at	NM_000962	NM_000962	5742	-3,48	3,62E-08
BF449053	238018_at	BF449053	NM_080591 ---	---	-3,48	3,99E-07
CDC42EP1	204693_at	NM_007061	NM_007061	11135	-3,46	1,15E-04
CDH10	220115_s_at	NM_006727	NM_152243 NM_006727	1008	-3,43	5,86E-06
AI341823	239657_x_at	AI341823	---	---	-3,42	9,66E-07
HPCAL1	1560154_a_at	AK026500	NM_002149	3241	-3,40	3,33E-08
LOC283454	229552_at	AI698128	NM_134421 ---	283454	-3,38	1,29E-03
ABLM3	205730_s_at	NM_014945	NM_014945	22885	-3,34	4,32E-05
AI885066	239845_at	AI885066	---	---	-3,32	1,56E-05
AI810266	235456_at	AI810266	---	---	-3,31	6,67E-04
HIST1H3E	236278_at	AV705309	NM_003532	8353	-3,26	1,95E-05
SLC35F3	229065_at	BF968270	NM_173508	148641	-3,24	3,97E-06
BHLHB2	201170_s_at	NM_003670	NM_003670	8553	-3,22	2,22E-03
NEBL	203962_s_at	NM_006393	NM_006393	10529	-3,21	3,48E-05
ANXA2	213503_x_at	BE908217	NM_213569 NM_00100285 7 NM_00100285 8	302	-3,19	2,51E-07
PHKA2	1560358_at	BC038597	NM_004039 NM_000292	5256	-3,18	3,38E-03
GRM5	214217_at	D60132	NM_000842	2915	-3,18	2,84E-04
AL512727	215014_at	AL512727	---	---	-3,18	8,51E-04
STC1	204595_s_at	AI300520	NM_003155	6781	-3,16	9,00E-03
BG325630	234973_at	BG325630	---	---	-3,15	2,18E-03
SYTL1	227134_at	AI341537	NM_032872	84958	-3,14	1,02E-05
BC002465	216189_at	BC002465	---	---	-3,11	3,46E-03
C1orf24	217967_s_at	AF288391	NM_022083	116496	-3,11	5,38E-03
PDE4C	206791_s_at	BF511742	NM_052966 NM_000923	5143	-3,08	2,33E-03
HIST1H2BD	209911_x_at	BC002842	NM_021063	3017	-3,08	9,52E-06
SYT5	206161_s_at	AI659957	NM_138720 NM_003180	6861	-3,06	3,57E-

ES 2 689 703 T3

LAMP3	205569_at	NM_014398	NM_014398	27074	-3,06	03 8,91E-03
ADARB1	203865_s_at	NM_015833	NM_001112	104	-3,06	2,79E-04
CYP2E1	1431_at	J02843	NM_015833 NM_015834 NM_000773	1571	-3,05	1,50E-03
LOC150759	221973_at	AI983904	XM_498456	150759	-3,03	2,56E-03
SORCS1	1556891_at	BE328250	XM_499585 NM_052918	114815	-3,03	3,14E-05
CREB5	232555_at	AI689210	NM_004904	9586	-3,03	1,60E-03
ISG20	204698_at	NM_002201	NM_182898 NM_182899 NM_002201	3669	-3,00	1,76E-03
AA417078	238619_at	AA417078	---	---	-2,99	5,87E-05
AW274468	242299_at	AW274468	---	---	-2,98	2,44E-05
PTPRH	208300_at	NM_002842	NM_002842	5794	-2,97	3,46E-04
BHLHB2	201169_s_at	BG326045	NM_003670	8553	-2,96	1,38E-03
AW270105	229413_s_at	AW270105	---	---	-2,92	9,07E-04
LOC390916	235384_at	AW963217	XM_372723	390916	-2,90	9,52E-08
SLCO1A2	211480_s_at	AF085224	NM_005075	6579	-2,88	2,29E-05
HIST1H2BK	209806_at	BC000893	NM_021094 NM_134431 NM_080593	85236	-2,88	3,64E-05
SYT5	206162_x_at	NM_003180	NM_003180	6861	-2,86	6,38E-04
DKFZp761O011	207797_s_at	NM_018409	NM_018409	55805	-2,86	2,54E-05
CDKN1C	219534_x_at	NM_000076	NM_000076	1028	-2,86	3,17E-04
SCHIP1	1566772_at	AL832567	NM_014575	29970	-2,85	7,20E-03
CDKN1C	213182_x_at	R78668	NM_000076	1028	-2,85	3,87E-04
FLJ13955	227001_at	AI096706	NM_024759	79815	-2,82	9,16E-04
SYT13	226086_at	AB037848	NM_020826	57586	-2,80	7,99E-04
M160	223655_at	AF264014	NM_174941	283316	-2,79	3,27E-04
CDKN2A	209644_x_at	U38945	NM_000077	1029	-2,78	1,33E-06
AA954997	243436_at	AA954997	NM_058195 NM_058197 ---	---	-2,77	1,59E-05

ES 2 689 703 T3

HIST2H2BE	202708_s_at	NM_003528	NM_003528	8349	-2,75	8,53E-04
GTF2IRD2	1557289_s_at	BU617476	NM_173537	84163	-2,75	3,68E-05
AI079543	236949_at	AI079543	XM_498613	440283	-2,75	7,55E-03
LONP	221833_at	AI971258	NM_031490	83752	-2,75	1,32E-03
AI681941	237663_at	AI681941	---	---	-2,74	1,15E-04
BE894882	235681_at	BE894882	---	---	-2,73	3,37E-06
GRIA2	205358_at	NM_000826	NM_000826	2891	-2,73	7,10E-03
MYO15B	219173_at	NM_024957	XR_000222	80022	-2,73	4,36E-05
BC042953	1561242_at	BC042953	---	---	-2,70	6,39E-03
GRIA2	236538_at	BE219628	NM_000826	2891	-2,69	3,27E-03
MYO15B	59375_at	AI825877	XR_000222	80022	-2,68	1,90E-06
AI927692	228528_at	AI927692	---	---	-2,67	6,22E-06
BC021677	1559631_at	BC021677	---	---	-2,67	4,72E-04
AA088430	242556_at	AA088430	---	---	-2,65	5,20E-07
AI769477	236875_at	AI769477	---	---	-2,65	2,18E-08
HSPA5	230031_at	AW052044	NM_005347	3309	-2,64	7,69E-03
HRK	206865_at	U76376	NM_003806	8739	-2,64	6,03E-03
BE671060	235901_at	BE671060	---	---	-2,63	9,58E-04
PLA2G4C	1554810_at	BC017956	NM_003706	8605	-2,63	4,54E-05
CYP2E1	209976_s_at	AF182276	NM_000773	1571	-2,63	4,37E-03
CDKN1C	213348_at	N33167	NM_000076	1028	-2,62	4,09E-04
ARHGAP9	232543_x_at	BE675685	NM_032496	64333	-2,62	7,93E-05
AI798680	227943_at	AI798680	---	---	-2,62	1,59E-05
BG430958	1559455_at	BG430958	---	---	-2,59	1,73E-06
PPP2R2C	1562290_at	AL157448	NM_020416	5522	-2,59	4,74E-04
ANK2	216195_at	AF131823	NM_181876 NM_001148	287	-2,59	2,14E-03
CYP2E1	209975_at	AF182276	NM_020977 NM_000773	1571	-2,58	3,47E-03
BG231712	230408_at	BG231712	---	---	-2,58	3,02E-03
ACRBP	223717_s_at	AB051833	NM_032489	84519	-2,58	1,02E-04

ES 2 689 703 T3

AU145981	232439_at	AU145981	---	---	-2,57	3,24E-05
SIK2	233648_at	AK026914	NM_015191	23235	-2,55	1,93E-03
ANK2	1561895_at	BC030740	NM_001148	287	-2,55	9,50E-04
RHOB	1553962_s_at	BI668074	NM_020977 NM_004040	388	-2,54	1,06E-03
BC040652	1559528_at	BC040652	---	---	-2,53	1,20E-03
CDKN1C	216894_x_at	D64137	NM_000076	1028	-2,52	2,77E-04
AQP1	207542_s_at	NM_000385	NM_000385	358	-2,52	6,49E-03
DKZP434N181	232257_s_at	AK022645	NM_198098 NM_032137	84077	-2,51	6,77E-03
CTBP1	243180_at	AW452392	NM_001328	1487	-2,51	1,14E-05
KIAA0500	213839_at	AW028110	---	57237	-2,51	5,06E-05
AW606588	239008_at	AW606588	---	---	-2,50	5,69E-04
AA903473	235666_at	AA903473	---	---	-2,50	1,43E-03
DKFZp313N062	1555905_a_at	AI147556	NM_173826	285343	-2,49	1,95E-04
VEGF	211527_x_at	M27281	NM_003376	7422	-2,49	1,00E-03
FAM46A	224973_at	AL078599	NM_017633	55603	-2,48	2,76E-05
ZNF395	223216_x_at	BC001237	NM_018660	157574	-2,48	7,42E-04
FBXO16 XPO1	230729_at	AI860764	NM_172366 NM_003400	55893 7514	-2,48	1,68E-05
C20orf119	231838_at	AK026760	---	80336	-2,47	1,43E-06
ANK2	232606_at	AK021894	NM_001148	287	-2,46	1,49E-04
AV702101	238595_at	AV702101	NM_020977 ---	---	-2,46	3,03E-04
AW364675	239066_at	AW364675	---	---	-2,45	3,80E-06
FAM46A	221766_s_at	AW246673	NM_017633	55603	-2,45	2,44E-06
AK096401	1556204_a_at	AK096401	XM_375664	400721	-2,44	7,27E-04
ZNF395	221123_x_at	NM_018660	NM_018660	55893	-2,44	8,86E-04
PTGER2	206631_at	NM_000956	NM_000956	5732	-2,43	2,99E-05
FLJ31295	226509_at	AV700302	NM_152320	121274	-2,43	2,75E-05
MEF2A	239571_at	AI123399	NM_005587	4205	-2,42	5,57E-04
AW298171	244346_at	AW298171	---	---	-2,41	1,16E-05

ES 2 689 703 T3

FLJ30594	235836_at	N51413	---	150622	-2,41	3,87E-03
AW205919	229830_at	AW205919	---	---	-2,40	1,33E-04
BE671519	242236_at	BE671519	---	---	-2,39	2,68E-03
SIGIRR	218921_at	NM_021805	NM_021805	59307	-2,39	3,99E-05
AW665665	237187_at	AW665665	---	---	-2,39	6,09E-04
GPR92	230252_at	AW183080	NM_020400	57121	-2,39	1,54E-05
MGC13040	224463_s_at	BC006128	NM_032930	85016	-2,39	2,97E-03
ANKS1	212747_at	AI990523	NM_015245	23294	-2,38	1,37E-03
ABCC8	210246_s_at	AF087138	NM_000352	6833	-2,38	2,60E-04
RHOB	212099_at	AI263909	NM_004040	388	-2,38	7,05E-04
SMOC2	223235_s_at	AB014737	NM_022138	64094	-2,37	1,05E-03
CENTG2	1559491_at	AL390180	NM_014914	116987	-2,36	1,41E-03
ARTS-1	214012_at	BE551138	NM_016442	51752	-2,36	4,64E-05
TM4SF8	232632_at	AU145719	NM_005724	10099	-2,36	2,15E-04
U66046	215057_at	U66046	NM_198902 ---	---	-2,36	2,03E-04
KIAA0251	1558430_at	R08650	NM_015027	23042	-2,35	5,89E-03
TIMP1	201666_at	NM_003254	NM_003254	7076	-2,35	1,13E-05
AK024567	234597_at	AK024567	---	---	-2,34	1,59E-04
PPFIA4	214978_s_at	AK023365	NM_015053	8497	-2,34	1,46E-03
BCL11B	233302_at	AU146285	NM_022898	64919	-2,34	1,59E-04
C21orf4	228001_at	N51405	NM_138576 NM_006134	757	-2,34	7,50E-05
ATF5	204999_s_at	BC005174	NM_012068	22809	-2,34	1,08E-03
COL7A1	217312_s_at	L23982	NM_000094	1294	-2,33	2,40E-05
AL049252	216527_at	AL049252	---	---	-2,33	1,19E-03
VGCNL1	228608_at	N49852	NM_052867	259232	-2,32	3,07E-06
OLFM1	205591_at	NM_006334	NM_006334	10439	-2,32	9,85E-03
ZNF395	232693_s_at	AK021850	NM_014279 NM_058199 NM_018660	157574	-2,32	2,21E-03
FBXO16			NM_172366	55893		
CNTN2	230045_at	BF740264	NM_005076	6900	-2,31	5,97E-

ES 2 689 703 T3

ZNF395	239619_at	BF431867	NM_018660	55893	-2,31	04 2,70E-03
RASGEF1B	230233_at	BF110534	NM_152545	153020	-2,31	2,05E-03
AGPAT3	223182_s_at	AI337300	NM_020132	56894	-2,31	6,95E-03
ZNF395	236474_at	AI797677	NM_018660	55893	-2,30	6,29E-03
MPP5	242779_at	N36400	NM_022474	64398	-2,30	3,44E-08
AL512728	216813_at	AL512728	---	---	-2,30	1,89E-03
PLEKHH1	225727_at	AB033026	NM_020715	57475	-2,29	1,26E-06
PLEKHH1	225726_s_at	AB033026	NM_020715	57475	-2,29	3,43E-07
AI123416	227591_at	AI123416	---	---	-2,29	2,47E-04
ANK2	202921_s_at	NM_001148	NM_001148	287	-2,29	7,41E-03
CKMT1	1561155_at	W76548	NM_020977 NM_020990	1159	-2,28	6,30E-03
CFC1	223753_s_at	AF312769	NM_032545	55997	-2,27	1,79E-03
BF111884	230491_at	BF111884	---	---	-2,27	8,21E-06
SEC31L1	1556416_s_at	AF086242	NM_014933	22872	-2,27	7,06E-05
SCN2A2	206381_at	NM_021007	NM_016211 NM_021007	6326	-2,26	6,33E-06
PLEKHA5	237483_at	AI990790	NM_019012	54477	-2,25	8,37E-03
EDG7	231192_at	AW274018	NM_012152	23566	-2,24	1,41E-03
DTNA	240125_at	AI697494	NM_001390	1837	-2,23	6,58E-03
AF085937	1558695_at	AF085937	NM_001391 NM_001392 NM_032975 NM_032978 NM_032979 NM_032980 NM_032981 ---	---	-2,22	8,05E-03
AI394334	232696_at	AI394334	---	---	-2,22	2,96E-03
UCN	206072_at	NM_003353	NM_003353	7349	-2,22	5,09E-07
DRD1IP	219896_at	NM_015722	NM_015722	50632	-2,22	1,17E-04
AA412686	244608_at	AA412686	---	---	-2,21	3,65E-03
TSAP6	218424_s_at	NM_018234	NM_00100841 0 NM_018234 NM_182915	55240	-2,21	8,31E-05

ES 2 689 703 T3

LOC201158	1560776_at	AU121725	NM_145301	201158	-2,21	7,37E-04
LAF4	244696_at	AI033582	NM_002285	3899	-2,21	6,82E-03
S100A6	217728_at	NM_014624	NM_014624	6277	-2,20	8,83E-05
BACH2	236307_at	AA085906	NM_021813	60468	-2,20	2,30E-03
KIAA1102	241459_at	AI494113	NM_014988	22998	-2,20	4,06E-03
COL5A1	212488_at	N30339	NM_000093	1289	-2,20	4,18E-06
ENOSF1	213645_at	AF305057	NM_017512	55556	-2,19	2,12E-04
LOC158863	232179_at	AL110203	---	158863	-2,19	1,08E-05
ECEL1	219914_at	NM_004826	NM_004826	9427	-2,19	1,99E-03
C21orf4	222907_x_at	BC000569	NM_006134	757	-2,18	3,97E-04
SMYD2	233713_at	AK022181	NM_020197	56950	-2,18	6,04E-04
PDZK6	228946_at	AW150229	NM_015693	27152	-2,18	3,60E-04
C21orf4	225182_at	AL355685	NM_006134	757	-2,17	1,19E-03
AA601031	228919_at	AA601031	---	---	-2,17	3,77E-03
N95363	213183_s_at	N95363	---	---	-2,17	3,77E-04
ARHGAP9	226906_s_at	AL548053	NM_032496	64333	-2,17	9,12E-04
ZNF395	222536_s_at	N36098	NM_018660	55893	-2,16	4,88E-03
FLJ12671	233728_at	AU148213	NM_030980	81875	-2,16	8,06E-04
AU146864	232659_at	AU146864	---	---	-2,16	2,93E-04
SERPINE1	202628_s_at	NM_000602	NM_000602	5054	-2,14	2,61E-05
TYRP1	242893_at	AW195492	NM_000550	7306	-2,14	1,35E-03
SLC33A1	1559232_a_at	BC029450	NM_004733	9197	-2,14	4,34E-03
AI695695	242051_at	AI695695	---	---	-2,13	1,12E-03
HRK	206864_s_at	NM_003806	NM_003806	8739	-2,12	4,70E-03
RLF	241438_at	AI742686	NM_012421	6018	-2,12	4,81E-03
CUL3	237376_at	BF115815	NM_003590	8452	-2,11	9,56E-06
BG704082	1556216_s_at	BG704082	---	---	-2,11	1,16E-03
AI968130	240327_at	AI968130	NM_015129	23157	-2,11	3,06E-04
			NM_145799			
			NM_145800			
			NM_145802			
CNGA3	207261_at	NM_001298	NM_001298	1261	-2,11	6,85E-

ES 2 689 703 T3

AI803010	239503_at	AI803010	---	---	-2,11	04 1,53E-03
N73550	244112_x_at	N73550	---	---	-2,10	2,68E-03
BF110426	243237_at	BF110426	XM_114222	200373	-2,10	4,35E-04
BM977131	1557478_at	BM977131	---	---	-2,10	2,99E-03
AV685992	241376_at	AV685992	---	---	-2,09	4,64E-03
PAN3	239393_at	AW510927	NM_175854	255967	-2,08	1,36E-04
VEGF	210513_s_at	AF091352	NM_003376	7422	-2,08	7,20E-03
BDKRB2	205870_at	NM_000623	NM_000623	624	-2,08	2,97E-03
ZNF395	218149_s_at	NM_017606	NM_018660	55893	-2,07	6,79E-04
DEPDC6	218858_at	NM_022783	NM_022783	64798	-2,06	5,34E-04
EVER1	214958_s_at	AK021738	NM_007267	11322	-2,06	2,91E-03
LUC7L2	242024_at	T90999	NM_016019	51631	-2,06	2,82E-03
KIAA0804	1559500_at	BC036005	NM_00100992 1	23355	-2,06	1,55E-05
FOXP4	229763_at	BE504097	NM_015303 NM_032204	116113	-2,05	6,69E-05
ASCC2 ATF5	204998_s_at	NM_012068	NM_138457 NM_012068	84164 22809	-2,05	1,57E-03
AA452540	232411_at	AA452540	---	---	-2,04	3,30E-03
FNBP1	230389_at	BE046511	NM_015033	23048	-2,04	1,05E-03
AU144437	232887_at	AU144437	---	---	-2,04	2,07E-03
IDS	1569315_s_at	BC032484	NM_000202	3423	-2,03	1,16E-03
CSTB	236449_at	AI885390	NM_006123 NM_000100	1476	-2,03	8,87E-05
IGF2	210881_s_at	M17863	NM_000612	3481	-2,03	1,78E-04
LOC51315	222585_x_at	BE326678	NM_016618	51315	-2,03	7,77E-03
TRIM66	213748_at	AW271713	XM_084529	9866	-2,02	8,91E-03
AA705933	239866_at	AA705933	---	---	-2,02	3,47E-04
AI691075	229728_at	AI691075	---	---	-2,02	7,84E-03
HIST1H2AE	214469_at	NM_021052	NM_021052	3012	-2,02	1,08E-06
LOC402617	241353_s_at	AW471181	XM_380151	402617	-2,02	4,90E-04
SERPINE1	202627_s_at	AL574210	NM_000602	5054	-2,01	9,89E-06

ES 2 689 703 T3

SND1	228271_at	AW001186	NM_014390	27044	-2,01	5,63E-03
MIG-6	224657_at	AL034417	NM_018948	54206	-2,01	2,57E-04
NM_015583	208015_at	NM_015583	---	---	-2,01	1,80E-04
SMYD2	212921_at	AF070592	NM_020197	56950	-2,01	1,62E-06
S100A4	203186_s_at	NM_002961	NM_002961	6275	-2,01	6,07E-04
HIST2H2AA	214290_s_at	AI313324	NM_019554 NM_003516	8337	-2,01	7,64E-04
LOC360030	236404_at	AW197320	---	360030	-2,01	7,91E-03
AL119491	244292_at	AL119491	---	---	-2,00	8,84E-03
FNBP1	230086_at	AA937109	NM_015033	23048	-2,00	6,01E-03
LGALS3	208949_s_at	BC001120	NM_002306	3958	-1,99	1,10E-03
GALIG CPEB4	242384_at	AI452469	NM_194327 NM_030627	81625 80315	-1,99	8,34E-03
AA278901	244055_at	AA278901	---	---	-1,99	1,31E-04
NSMAF	232148_at	BF056507	NM_003580	8439	-1,98	6,51E-03
HIST3H2A	221582_at	BC001193	NM_033445	92815	-1,98	3,01E-04
FLJ21657	1557828_a_at	BE675061	NM_022483	64417	-1,98	5,30E-03
EVER1	230526_at	BF515959	NM_007267	11322	-1,98	5,20E-08
SLITRK3	206732_at	NM_014926	NM_014926	22865	-1,97	7,66E-05
AW973410	244310_at	AW973410	XM_498613	440283	-1,97	3,35E-03
ZC3HDC1	218543_s_at	NM_022750	NM_022750	64761	-1,97	2,63E-03
GPR18	244791_at	AA835936	NM_005292	2841	-1,97	1,52E-03
LOC283666	226682_at	AW006185	---	283666	-1,96	1,61E-04
DUSP5	209457_at	U16996	NM_004419	1847	-1,96	3,92E-06
AL048861	1559148_at	AL048861	---	---	-1,96	2,90E-03
PKD2	240370_at	AI432451	NM_000297	5311	-1,96	3,38E-04
AI963079	236411_at	AI963079	---	---	-1,96	1,65E-03
AI758408	227235_at	AI758408	---	---	-1,96	1,28E-03
R63578	242818_x_at	R63578	---	---	-1,95	2,36E-03
AW189467	230183_at	AW189467	---	---	-1,95	3,15E-03
PNMA3	223621_at	AL136878	NM_013364	29944	-1,95	4,80E-07

ES 2 689 703 T3

LOC286411	1557133_at	AV753446	---	286411	-1,94	4,84E-04
RHOQ	1559582_at	BC033251	NM_012249	23433	-1,93	1,51E-03
AI817960	239649_at	AI817960	---	---	-1,93	8,93E-03
FLJ10359	232414_at	AA827672	XM_375853	55127	-1,92	2,24E-04
C16orf45	239971_at	AI298297	NM_033201	89927	-1,92	5,46E-03
MGC29875	220251_at	NM_024998	NM_014388	27042	-1,92	3,38E-03
FLJ10159	1563906_at	AK090879	---	55084	-1,92	4,66E-03
FLJ10159	236602_at	AA833813	---	55084	-1,92	2,30E-04
FAT4	219427_at	NM_024582	NM_024582	79633	-1,92	5,03E-03
MGC45477	1554250_s_at	BC033812	---	387277	-1,92	2,59E-03
ARMCX4	1552327_at	NM_152583	NM_152583	158947	-1,91	9,32E-07
IGF2	202410_x_at	NM_000612	NM_000612	3481	-1,91	1,38E-04
PRR3	244204_at	W87300	NM_025263	80742	-1,91	2,49E-03
FLJ20152	218510_x_at	AI816291	NM_019000	54463	-1,90	5,85E-04
PCBD2	240846_at	BF223271	NM_032151	84105	-1,90	3,18E-05
C6orf198	227834_at	AL589605	XM_371849	167838	-1,90	5,03E-03
MTX3	237681_at	AA699464	NM_001010891	345778	-1,89	3,91E-03
BF514509	239049_at	BF514509	---	---	-1,89	9,85E-04
C6orf148	237347_at	AL039379	NM_030568	80759	-1,89	9,86E-05
KIAA1904	1559072_a_at	BC032083	NM_052906	114794	-1,88	2,81E-04
C6orf154	235935_at	AI539370	XM_168060	221424	-1,88	2,76E-04
ATP2B3	242036_x_at	H09073	NM_001001344 NM_021949	492	-1,88	2,12E-05
BF433341	235977_at	BF433341	---	---	-1,88	2,48E-05
TMP21	239851_at	AW629289	NM_006827	10972	-1,88	5,43E-04
GFM1	232295_at	AK000780	NM_024996	85476	-1,88	3,27E-03
AAK1	214956_at	AF090101	NM_014911	22848	-1,87	3,23E-03
LOC283439	238636_at	BG430061	---	283439	-1,87	2,24E-03
FTHFSDC1	240552_at	AA811452	NM_015440	25902	-1,87	1,82E-03
AW296421	230064_at	AW296421	---	---	-1,87	6,51E-03
PAPPA	240295_at	AL045014	NM_002581	5069	-1,87	7,85E-

ES 2 689 703 T3

LOC55831	215250_at	AU147317	NM_018447	55831	-1,87	05 3,85E-03
LOC253982	238142_at	AW029203	NM_181718	253982	-1,86	8,13E-03
NKTR	243055_at	BF514072	NM_198907 NM_005385	4820	-1,86	2,53E-03
AW294722	240246_at	AW294722	---	---	-1,86	7,82E-03
AK023394	232107_at	AK023394	---	---	-1,86	4,70E-05
VPS13C	235023_at	AA828371	NM_017684	54832	-1,85	5,51E-03
RHBDL1	207383_s_at	NM_003961	NM_003961	9028	-1,85	1,70E-04
C21orf4	219600_s_at	NM_006134	NM_006134	757	-1,85	1,43E-03
TPM3	238079_at	AV713323	NM_152263	7170	-1,85	1,29E-03
BACE2	217867_x_at	NM_012105	NM_153649 NM_012105	25825	-1,85	1,57E-03
VEGF	212171_x_at	H95344	NM_138991 NM_138992 NM_003376	7422	-1,84	1,68E-03
ID2	213931_at	AI819238	NM_002166	3398	-1,84	3,39E-03
LOC51315	218303_x_at	NM_016618	NM_016618	51315	-1,84	5,97E-03
TMIE	1553601_a_at	NM_147196	NM_147196	259236	-1,83	8,89E-04
TM4SF2	234245_at	AL162055	NM_004615	7102	-1,83	7,61E-03
FADS3	216080_s_at	AC004770	NM_021727	3995	-1,83	1,05E-04
SNF1LK	208078_s_at	NM_030751	NM_173354	150094	-1,83	2,37E-03
FGD5	226985_at	AW269340	NM_152536	152273	-1,83	1,69E-03
ATP2B3	207026_s_at	NM_021949	NM_00100134 4	492	-1,83	1,63E-04
LOC51315	233329_s_at	AK025986	NM_021949 NM_016618	51315	-1,83	5,27E-03
FLJ00310	1569664_at	BC035915	XM_496691	375010	-1,82	5,02E-04
FNBP1	244286_at	AI017983	NM_015033	23048	-1,82	1,10E-03
ASAM	228082_at	BF056275	NM_024769	79827	-1,82	4,85E-03
VN1R1	221412_at	NM_020633	NM_020633	57191	-1,82	4,74E-05
LOC124220	228058_at	AI559190	NM_145252	124220	-1,82	5,52E-05
FLJ23754	1553248_at	NM_152675	NM_152675	201252	-1,81	6,36E-03
HSD17B1	205829_at	NM_000413	NM_000413	3292	-1,81	5,39E-05

ES 2 689 703 T3

ZNF407	233239_at	AK024882	NM_017757	55628	-1,81	4,86E-03
ARTS-1	209788_s_at	AF183569	NM_016442	51752	-1,81	5,75E-03
GBE1	203282_at	NM_000158	NM_000158	2632	-1,81	2,17E-03
LONP	221834_at	AV700132	NM_031490	83752	-1,81	7,26E-03
SFXN3	217226_s_at	M95929	NM_030971	81855	-1,80	4,81E-04
AK021973	234098_at	AK021973	---	---	-1,80	1,25E-03
AA682539	235575_at	AA682539	---	---	-1,80	5,79E-03
AI950023	244433_at	AI950023	---	---	-1,80	3,52E-03
C13orf22	1562238_at	AL832776	NM_005800	10208	-1,80	5,58E-04
AI828075	230795_at	AI828075	---	---	-1,79	7,39E-05
AW172407	240908_at	AW172407	XM_373053	391733	-1,79	1,54E-03
ARG2	203946_s_at	U75667	NM_001172	384	-1,79	8,38E-05
A1582773	214373_at	AI582773	XM_498956	440996	-1,79	6,73E-03
C1orf21	221272_s_at	NM_030806	NM_030806	81563	-1,79	1,58E-06
BF431902	228469_at	BF431902	---	---	-1,79	8,24E-03
AI732874	241314_at	AI732874	---	---	-1,79	6,26E-03
AI521273	241702_at	AI521273	---	---	-1,79	2,16E-03
SFXN3	220974_x_at	NM_030971	NM_030971	81855	-1,78	5,28E-05
AA394039	229720_at	AA394039	---	---	-1,78	3,12E-04
AI765607	244631_at	AI765607	XM_374318	389834	-1,78	7,00E-03
PHACTR1	238297_at	AI884781	NM_030948	221692	-1,78	6,75E-03
BF000047	235736_at	BF000047	---	---	-1,78	2,66E-03
PPP1R7	1559054_a_at	BC027905	NM_002712	5510	-1,78	8,88E-04
SRP54	1557504_at	AI076351	NM_003136	6729	-1,77	3,30E-03
MLLT2	237006_at	AA703523	NM_005935	4299	-1,77	1,07E-03
KIAA1276	235288_at	AI627532	XM_039169	27146	-1,77	3,48E-04
LOC360030	1565804_at	AK025161	---	360030	-1,77	7,53E-03
PAQR6	219236_at	NM_024897	NM_024897	79957	-1,77	1,41E-03
KIAA2024	1566166_at	AL833423	NM_198406 NM_172070	130507	-1,77	1,09E-03
FLJ20152	218532_s_at	NM_019000	NM_019000	54463	-1,77	2,47E-

ES 2 689 703 T3

ZAP128	202982_s_at	NM_006821	NM_006821	10965	-1,77	2,18E-03
AI150690	228466_at	AI150690	---	---	-1,76	1,91E-03
AK098781	1560814_a_at	AK098781	---	---	-1,76	9,35E-06
FLJ11267	220216_at	NM_019607	NM_019607	56260	-1,76	2,56E-03
CPEB1	219578_s_at	NM_030594	NM_030594	64506	-1,76	3,75E-03
NIT1	202891_at	NM_005600	NM_005600	4817	-1,76	4,55E-04
ZDHHC11	221646_s_at	AF267859	NM_024786	79844	-1,76	1,39E-04
LASS5	1556783_a_at	AF088003	NM_147190	91012	-1,76	4,78E-03
FLJ13231	1562387_at	BU189724	NM_023073	65250	-1,76	4,71E-03
GNRHR	1568661_at	BC039430	NM_000406	2798	-1,76	1,78E-03
MDH1B	1558077_s_at	BG202523	NM_206892	130752	-1,75	2,90E-03
HIST1H3E	214616_at	NM_003532	NM_003532	8353	-1,75	2,78E-05
PHLDA2	209803_s_at	AF001294	NM_003311	7262	-1,75	1,03E-03
GRM3	240004_at	BF436080	NM_000840	2913	-1,74	5,05E-03
ABI1	238563_at	AV762916	NM_005470	10006	-1,74	2,03E-03
RAB11FIP3	1563104_at	BC009036	NM_014700	9727	-1,74	2,52E-03
C6orf52	236504_x_at	BE670432	XM_371798	347744	-1,74	5,49E-03
AV658469	244699_at	AV658469	---	---	-1,74	6,93E-07
PLXNC1	206470_at	NM_005761	NM_005761	10154	-1,74	1,25E-03
NTNG2	233072_at	AI348745	NM_032536	84628	-1,74	2,30E-03
AMH	206516_at	NM_000479	NM_000479	268	-1,73	4,35E-04
AI814750	1565692_at	AI814750	---	---	-1,73	7,35E-03
NAG8	210109_at	AF191492	NM_014411	27099	-1,73	8,58E-04
PLXNC1	206471_s_at	NM_005761	NM_005761	10154	-1,73	1,82E-03
LOC283861	1554520_at	BC009880	---	283861	-1,73	1,36E-03
HNRPM	230392_at	AW298141	NM_005968	4670	-1,72	2,74E-04
AI802997	235211_at	AI802997	NM_031203 ---	---	-1,72	4,84E-03
APOC1	204416_x_at	NM_001645	NM_001645	341	-1,72	7,65E-05
ADCY1	213245_at	AL120173	NM_021116	107	-1,71	4,24E-03

ES 2 689 703 T3

AF131805	233581_at	AF131805	---	---	-1,71	2,73E-04
B3GNT5	225612_s_at	BE672260	NM_032047	84002	-1,71	9,32E-03
ANK2	202920_at	BF726212	NM_001148	287	-1,71	6,21E-03
TTC3	1569472_s_at	BC026260	NM_020977 NM_001001894	7267	-1,71	1,33E-03
HSPD1	241716_at	BF965447	NM_003316 NM_002156	3329	-1,71	1,25E-04
RHOU	223168_at	AL096776	NM_199440 NM_021205	58480	-1,71	1,77E-05
AI733281	239994_at	AI733281	---	---	-1,71	1,76E-03
BC015455	1569724_at	BC015455	---	---	-1,71	1,78E-04
RGS16	209324_s_at	BF304996	NM_002928	6004	-1,71	4,44E-03
LOC285535	229130_at	AU145323	---	285535	-1,71	3,49E-03
PDIP	206691_s_at	NM_006849	NM_006849	64714	-1,71	2,28E-08
BE221330	241624_at	BE221330	XM_374318	389834	-1,71	4,44E-03
BF434212	237942_at	BF434212	---	---	-1,71	2,50E-03
FLJ14966	243611_at	BG231646	NM_032867	84953	-1,71	4,23E-03
MGC10850	223707_at	BC004284	---	84736	-1,71	9,45E-04
H15900	239833_at	H15900	---	---	-1,71	4,92E-05
SPPL3	1566897_at	AL834399	NM_139015	121665	-1,71	1,54E-04
LOC256273	229466_at	AU144187	---	256273	-1,70	7,69E-03
AI288679	242969_at	AI288679	---	---	-1,70	1,70E-04
LOC400988	230941_at	AI651340	XM_379112	400988	-1,70	2,26E-05
MYO15B	227743_at	AI671062	XR_000222	80022	-1,70	5,37E-03
FLJ10159	229034_at	BF511724	---	55084	-1,70	1,89E-03
ZNF42	40569_at	M58297	NM_003422	7593	-1,70	8,99E-05
TMP21	238886_at	BF056141	NM_198055 NM_006827	10972	-1,70	3,75E-03
CAMK2B	209956_s_at	U23460	NM_001220	816	-1,69	2,99E-03
			NM_172078 NM_172079 NM_172080 NM_172081 NM_172082 NM_172083			

ES 2 689 703 T3

SCFD1	233229_at	AU147042	NM_172084 NM_016106	23256	-1,69	1,27E-04
ERMAP	219905_at	NM_018538	NM_182835 NM_018538	114625	-1,69	9,14E-06
AI190292	240190_at	AI190292	---	---	-1,69	6,34E-04
VEGF	210512_s_at	AF022375	NM_003376	7422	-1,69	7,38E-04
DNAJB11	223054_at	BC001144	NM_016306	51726	-1,69	6,40E-03
LOC401320	239313_at	AI803568	XM_379482 XM_380098	401320	-1,69	6,47E-03
AL359574	234588_at	AL359574	---	---	-1,68	5,27E-03
GOPC	236862_at	AA279958	NM_020399	57120	-1,68	4,91E-05
MAP3K5	203836_s_at	D84476	NM_005923	4217	-1,68	3,70E-04
AW118878	230736_at	AW118878	XM_373451	387647	-1,68	2,03E-04
SLC7A1	215401_at	AU147698	NM_003045	6541	-1,68	3,38E-03
PDE4DIP	244511_at	AV700591	NM_00100281 0 NM_00100281 1 NM_00100281 2 NM_014644 NM_022359 NM_006698	9659	-1,68	1,87E-04
BLCAP	1557521_a_at	AA653638	NM_006698	10904	-1,68	7,83E-03
PNCK	229411_at	AI986390	NM_198452	139728	-1,68	1,49E-08
TUSC3	232770_at	AK026149	NM_006765	7991	-1,67	3,31E-04
FBXW7	222729_at	BE551877	NM_178234 NM_018315	55294	-1,67	6,18E-06
DKFZP564O046	220843_s_at	NM_014156	NM_033632 NM_015420	25879	-1,67	4,38E-03
FYN	243006_at	BG222258	NM_002037	2534	-1,67	1,63E-03
PDGFA	205463_s_at	NM_002607	NM_153047 NM_153048 ---	5154	-1,67	1,01E-03
ST7L	216123_x_at	AK024158	NM_017744	54879	-1,67	2,23E-03
ZNF42	204138_s_at	AI762174	NM_138727 NM_138728 NM_138729 NM_198327 NM_198328 NM_003422 NM_198055	7593	-1,67	1,08E-03
FNBP1	239453_at	AA262084	NM_015033	23048	-1,67	5,15E-

ES 2 689 703 T3

GNAS	214157_at	AA401492	NM_000516	2778	-1,67	04 1,44E-03
			NM_016592 NM_080425 NM_080426			
BRD4	232551_at	AA521443	NM_014299	23476	-1,67	8,62E-04
			NM_058243			
FLJ10287	232489_at	AK001149	NM_019083	54482	-1,67	4,17E-03
TRIM2	214249_at	AK000179	NM_015271	23321	-1,66	3,49E-03
AK021423	232890_at	AK021423	---	---	-1,66	1,20E-03
FARSLB	223036_at	D84430	NM_005687	10056	-1,66	2,56E-03
BE891071	1569147_at	BE891071	XM_496749	441078	-1,66	2,82E-03
PRKACB	235780_at	BE622723	NM_002731	5567	-1,66	3,63E-04
			NM_182948 NM_207578			
SLC35D3	231341_at	BE670584	NM_001008783	340146	-1,66	8,93E-03
N92599	241421_at	N92599	---	---	-1,66	2,32E-03
DR1	227074_at	AA524669	NM_001938	1810	-1,66	1,72E-03
KIAA0657	227573_s_at	BF446688	XM_051017	23363	-1,66	3,36E-03
SLCO1A2	207308_at	NM_021094	NM_005075	6579	-1,65	5,88E-03
			NM_021094 NM_134431			
HNRPD	236000_s_at	AA863112	NM_001003810	3184	-1,65	1,29E-03
			NM_002138 NM_031369 NM_031370			
LOC54103	222150_s_at	AK026747	XM_379881	54103	-1,65	2,42E-03
			XM_499340			
RORA	1562529_s_at	BC040965	NM_002943	6095	-1,65	6,52E-04
			NM_134260 NM_134261 NM_134262			
HUMRGE/M100UMRGE/M1009-HUMRGE/M1009			---	---	-1,65	3,90E-03
FLJ44968	229961_x_at	AI871270	NM_198537	374887	-1,65	6,71E-04
ARIH1	1558710_at	BI791845	NM_005744	25820	-1,64	1,02E-03
GPX7	213170_at	AA406605	NM_015696	2882	-1,64	8,64E-04
ERBB4	206794_at	NM_005235	NM_005235	2066	-1,64	1,93E-05
LOC57228	209679_s_at	BC003379	NM_020467	57228	-1,64	4,85E-04

ES 2 689 703 T3

UBE2D3	233303_at	AL110175	NM_003340	7323	-1,64	3,36E-03
			NM_181886			
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NMJ81893			
AK000995	215349_at	AK000995	---	---	-1,64	4,56E-03
N70015	236510_at	N70015	---	---	-1,64	1,10E-03
BC031957	1565672_at	BC031957	XM_498823	440703	-1,63	8,75E-03
FLJ36674	228482_at	AV702789	NM_173622	284040	-1,63	1,14E-03
MGC43690	235576_at	AW474542	NM_182552	253769	-1,63	3,31E-12
AU153281	231937_at	AU153281	---	---	-1,63	1,84E-05
AI807627	239734_at	AI807627	---	---	-1,63	1,25E-03
SLC4A3	205918_at	NM_005070	NM_005070	6508	-1,63	6,65E-04
			NM_201574			
NME5	206197_at	NM_003551	NM_003551	8382	-1,63	2,24E-03
RGS16	209325_s_at	U94829	NM_002928	6004	-1,63	8,91E-03
H46176	237083_at	H46176	---	---	-1,62	2,84E-04
CDKN2A	207039_at	NM_000077	NM_000077	1029	-1,62	4,13E-03
			NM_058195			
			NM_058197			
GLT25D2	209883_at	AF288389	NM_015101	23127	-1,62	6,05E-05
BF002625	229530_at	BF002625	---	---	-1,62	1,45E-03
RIPK1	209941_at	U50062	NM_003804	8737	-1,62	6,97E-05
FLJ45880	228538_at	BE671164	NM_207404	389114	-1,62	5,47E-06
LOC286161	228615_at	AW291761	---	286161	-1,62	3,70E-03
FLJ32096	1555870_at	AK056658	NM_173795	148646	-1,62	9,30E-03
NUP54	215213_at	AU146949	NM_017426	53371	-1,61	3,52E-07
DKFZp313N062	1555906_s_at	AI147556	NM_173826	285343	-1,61	1,21E-04
GOLGIN-67	213650_at	AW006438	NM_015003	23015	-1,61	4,39E-03
			NM_181076			
			NM_181077			
AHI1	221569_at	AL136797	NM_017651	54806	-1,61	1,18E-03
PLXNC1	213241_at	AF035307	NM_005761	10154	-1,61	1,31E-

ES 2 689 703 T3

AMY2A	208498_s_at	NM_004038	NM_000699	279	-1,61	1,12E-03
C9orf41	1564690_at	BC022435	NM_152420	138199	-1,60	3,52E-05
MGC29898	235259_at	AA398590	NM_145048	133015	-1,60	1,34E-04
AV700050	228835_at	AV700050	---	---	-1,60	3,88E-05
LGALS3BP	200923_at	NM_005567	NM_005567	3959	-1,60	1,65E-06
CRYZL1	243091_at	BF435599	NM_005111	9946	-1,60	1,91E-03
			NM_145311			
			NM_145858			
ZDHHC11	1552283_s_at	NM_024786	NM_024786	79844	-1,60	2,31E-05
CENTG2	233225_at	AK000798	NM_014914	116987	-1,59	6,55E-03
CLCN3	240237_at	H23230	NM_001829	1182	-1,59	6,03E-03
			NM_173872			
WASL	216094_at	AK025323	NM_003941	8976	-1,59	7,27E-03
CDK3	229468_at	AI885421	NM_001258	1018	-1,59	7,50E-06
PRKWINK1	216022_at	AL049278	NM_018979	65125	-1,59	2,19E-03
CALR	214315_x_at	AI348935	NM_004343	811	-1,59	3,10E-03
NM_018289	219794_at	NM_018289	---	---	-1,59	2,26E-07
LOC392790	243171_at	AA570178	XM_374751	392790	-1,58	5,98E-03
AA166617	230198_at	AA166617	---	---	-1,58	3,03E-03
TP53BP1	1569098_s_at	BU508386	NM_005657	7158	-1,58	5,76E-04
C21orf66	240105_at	A1021902	NM_013329	94104	-1,58	4,09E-03
			NM_016631			
			NM_058191			
			NM_145328			
BC014200	1570061_at	BC014200	---	---	-1,58	7,06E-05
KIAA1045	213636_at	AB028968	XM_048592	23349	-1,57	2,94E-03
AK024175	222152_at	AK024175	XM_373053	391733	-1,57	8,76E-03
DDHD1	231165_at	BE857355	NM_030637	80821	-1,57	1,47E-03
DNAH5	243938_x_at	AI872645	NM_001369	1767	-1,57	4,06E-03
LSS	211018_at	D63807	NM_00100143	4047	-1,57	2,49E-03
			8			
			NM_002340			
BC026294	1569510_at	BC026294	---	---	-1,57	3,20E-06
FLJ32954	235349_at	AI261321	NM_144713	151393	-1,57	7,97E-05

ES 2 689 703 T3

ISG20	33304_at	U88964	NM_002201	3669	-1,56	1,82E-03
GPR89	1562412_at	BC020562	NM_016334	51463	-1,56	5,13E-05
AL122039	234260_at	AL122039	---	---	-1,56	3,46E-03
ARSD	225280_x_at	N51673	NM_001669	414	-1,56	3,54E-03
MKLN1	233219_at	AK023427	NM_009589 NM_013255	4289	-1,56	7,04E-03
LOC91526	228471_at	AA744636	NM_153697	91526	-1,56	1,49E-03
PKD1	216949_s_at	L39891	NM_000296	5310	-1,56	4,32E-05
FLJ12666	215029_at	AL117451	NM_00100994 4 NM_024595	79647	-1,56	2,57E-03
BF512871	240174_at	BF512871	XM_373962	388903	-1,55	2,49E-04
MGC13098	222208_s_at	W07700	XM_379817	84820	-1,55	3,85E-03
AI271434	243668_at	AI271434	XM_499280 ---	---	-1,55	7,05E-03
CCPG1	221511_x_at	AB033080	NM_004748	9236	-1,55	8,33E-03
ENOSF1	204143_s_at	NM_017512	NM_020739 NM_017512	55556	-1,55	5,87E-03
ARG2	203945_at	NM_001172	NM_001172	384	-1,55	3,00E-03
AA583038	238498_at	AA583038	---	---	-1,55	5,09E-04
BG548427	235547_at	BG548427	---	---	-1,55	1,16E-03
LOC338620	230930_at	AI435839	---	338620	-1,55	3,00E-03
LOC286208	1560089_at	AL833509	XM_379668	286208	-1,54	2,16E-03
AA504346	242170_at	AA504346	---	---	-1,54	7,12E-03
T77543	237530_at	T77543	---	---	-1,54	9,66E-04
MLSTD1	1557224_at	BM682057	NM_018099	55711	-1,54	4,35E-03
SIGIRR	52940_at	AA085764	NM_021805	59307	-1,54	4,74E-03
T91323	241093_at	T91323	NM_015129	23157	-1,54	8,22E-03
GRM8	1556800_a_at	BC041397	NM_145799 NM_145800 NM_145802 NM_000845	2918	-1,54	5,54E-05
ILK	235906_at	BE962235	NM_004517	3611	-1,54	5,88E-04
LOC284408	1558809_s_at	AK094324	---	284408	-1,53	2,05E-03

ES 2 689 703 T3

PTPN23	1569104_a_at	BE646227	NM_015466	25930	-1,53	9,23E-04
N36832	226396_at	N36832	---	---	-1,53	1,87E-03
CALR	212953_x_at	BE251303	NM_004343	811	-1,53	1,01E-03
HIST1H2BN	239041_at	AV747226	NM_003520	8341	-1,53	9,40E-03
KLF6	211610_at	U51869	NM_001008490	1316	-1,53	7,45E-04
TTC17	232323_s_at	AK026217	NM_001300 NM_018259	55761	-1,53	2,27E-05
HBS1L	209315_at	AW297143	NM_006620	10767	-1,53	3,94E-03
AK024879	216751_at	AK024879	---	---	-1,53	7,76E-03
WDFY3	238660_at	AI732512	NM_014991	23001	-1,53	4,22E-05
FLJ20719	230712_at	AI634549	NM_178583 NM_178585 XM_373827	55672	-1,52	3,20E-03
FLJ43663	243716_at	AI140617	XM_379520	378805	-1,52	8,90E-03
AKAP9	215483_at	AK000270	XM_380146 NM_005751	10142	-1,52	1,39E-03
AL572553	241395_at	AL572553	NM_147166 NM_147171 NM_147185 ---	---	-1,52	4,62E-03
ZNF24	242210_at	AA749167	NM_006965	7572	-1,52	5,33E-03
BE503598	1557658_at	BE503598	---	---	-1,52	5,96E-04
LOC440078	1570397_x_at	BC034777	XM_498534	440078	-1,52	1,46E-03
BLZF1	1558560_s_at	AI002966	NM_003666	8548	-1,51	3,05E-08
KCNK3	235108_at	BG105700	NM_002246	3777	-1,51	1,92E-03
EVER1	204328_at	NM_007267	NM_007267	11322	-1,51	7,60E-03
LOC285989	235231_at	AI355709	NM_213603	285989	-1,51	9,23E-03
AW665096	214188_at	AW665096	---	---	-1,51	1,36E-03
LTBP3	219922_s_at	NM_021070	NM_021070	4054	-1,51	8,21E-06
H2BFS	208579_x_at	NM_017445	NM_017445	54145	-1,51	3,28E-04
PGAP1	220576_at	NM_024989	NM_024989	80055	-1,51	4,78E-04
ACTN4	232058_at	AU158358	NM_004924	81	-1,51	6,69E-03
FGD5	226984_at	H09596	NM_152536	152273	-1,50	8,21E-03
HPCAL4	219671_at	AL136591	NM_016257	51440	-1,50	7,58E-

ES 2 689 703 T3

ZNF395	232694_at	AK021850	NM_018660	55893	-1,50	1,30E-05
RBM25	1557081_at	AA580691	NM_021239	58517	-1,50	1,01E-03
HPCAL1	205462_s_at	NM_002149	NM_002149	3241	-1,50	9,84E-04
KIAA0657	227574_at	BF446688	NM_134421 XM_051017	23363	-1,50	3,00E-03
LOC441168	229390_at	AV734646	XM_496823	441168	-1,49	9,36E-03
AW241864	214353_at	AW241864	---	---	-1,49	4,23E-03
PTPRN	204945_at	NM_002846	NM_002846	5798	-1,49	4,07E-04
N75937	240072_at	N75937	---	---	-1,49	2,94E-03
FLJ10404	243047_at	AV698751	NM_019057	54540	-1,48	2,74E-03
LOC400729	243021_at	AI344101	XM_378824	400729	-1,48	9,58E-03
LOC440745			XM_498840	440745		
AV709727	225996_at	AV709727	---	---	-1,48	1,09E-03
AU159412	216029_at	AU159412	---	---	-1,48	8,93E-03
AU146999	215986_at	AU146999	---	---	-1,48	7,62E-05
MAP3K5	203837_at	NM_005923	NM_005923	4217	-1,48	5,81E-04
AW300500	228907_at	AW300500	---	---	-1,48	3,51E-04
SORCS1	228194_s_at	AI675836	NM_052918	114815	-1,48	9,87E-06
UBE2D3	242403_at	AI459177	NM_003340	7323	-1,48	3,32E-04
			NM_181886 NM_181887 NM_181888 NM_181889 NM_181890 NM_181891 NM_181892 NM_181893			
CDK3	207188_at	NM_001258	NM_001258	1018	-1,48	1,93E-05
UBE2D3	240383_at	AI239832	NM_003340	7323	-1,48	1,55E-03
			NM_181886 NM_181887 NM_181888 NM_181889 NM_181890 NM_181891 NM_181892 NM_181893			
PRKACB	202741_at	AA130247	NM_002731	5567	-1,47	3,58E-03
			NM_182948			

ES 2 689 703 T3

AA868193	244031_at	AA868193	NM_207578 ---	---	-1,47	1,71E-03
RCN1	201063_at	NM_002901	NM_002901	5954	-1,47	7,39E-03
FLJ10378	242153_at	AW264125	NM_018078	55132	-1,47	7,26E-03
THRAP2	216109_at	AK025348	NM_032239 NM_178043 NM_015335	23389	-1,47	2,04E-04
HIAT1	242374_at	AA747563	NM_033055	64645	-1,47	2,87E-03
BE552011	230208_at	BE552011	---	---	-1,47	1,34E-04
BG396868	1559957_a_at	BG396868	---	---	-1,47	8,59E-04
SMURF2	241900_at	AW195928	NM_022739	64750	-1,47	3,53E-05
SERP1	235475_at	AI580135	NM_014445	27230	-1,47	1,72E-03
BF347758	240222_at	BF347758	---	---	-1,47	2,67E-04
CAMK2B	210404_x_at	AF078803	NM_001220	816	-1,47	1,61E-03
MYO9A	242512_at	AI382029	NM_172078 NM_172079 NM_172080 NM_172081 NM_172082 NM_172083 NM_172084 NM_006901	4649	-1,47	5,15E-03
AKNA	225701_at	AK024431	NM_030767	80709	-1,47	5,81E-03
GPM6B	240286_at	AL041745	NM_00100199 4 NM_00100199 5 NM_00100199 6 NM_005278 NM_006282	2824	-1,46	1,79E-03
STK4	223746_at	BC005231	NM_006282	6789	-1,46	1,31E-04
BG178274	214757_at	BG178274	---	---	-1,46	2,61E-04
AW015870	240352_at	AW015870	---	---	-1,46	3,79E-05
C21orf66	239407_at	AI793248	NM_013329	94104	-1,46	4,76E-03
KIN	236887_at	AA768850	NM_016631 NM_058191 NM_145328 NM_012311	22944	-1,46	5,23E-03
PCNXL2	229202_at	AI768826	NM_014801	80003	-1,46	6,03E-04
KCNQ2	205737_at	NM_004518	NM_024938 NM_004518	3785	-1,46	2,13E-

ES 2 689 703 T3

			NM_172106 NM_172107 NM_172108 NM_172109 NM_024293			04
C2orf17	222129_at	AK026155		79137	-1,46	1,21E-03
FBXW7	218751_s_at	NM_018315	NM_018315	55294	-1,46	1,23E-07
U20648	216677_at	U20648	NM_033632 ---	---	-1,46	7,32E-05
AGPAT3	223184_s_at	BC004219	NM_020132	56894	-1,46	2,96E-03
ACYP2	206833_s_at	NM_001108	NM_138448	98	-1,46	1,16E-04
TTC17	224852_at	BE964325	NM_018259	55761	-1,46	6,04E-05
FLJ10159	218974_at	NM_018013	---	55084	-1,46	5,54E-04
ZNF160	239954_at	AA701249	NM_033288	90338	-1,46	7,17E-03
SRP54	1557505_a_at	AI076351	NM_198893 NM_003136	6729	-1,45	1,01E-03
AK023798	216838_at	AK023798	---	---	-1,45	5,04E-04
HMGB2	243368_at	AI572938	NM_002129	3148	-1,45	8,71E-03
UBE2J1	236528_at	N64079	NM_016021	51465	-1,45	2,73E-03
DKFZp313N062	226688_at	AW003508	NM_173826	285343	-1,45	6,50E-03
GUCY1A3	221942_s_at	AI719730	NM_000856	2982	-1,45	5,82E-05
LISCH7	208190_s_at	NM_015925	NM_015925	51599	-1,45	2,12E-03
AI140531	1557812_a_at	AI140531	NM_205834 NM_205835 ---	---	-1,45	6,90E-03
KIAA1276	227505_at	N64630	XM_039169	27146	-1,45	1,75E-03
BC040287	1558605_at	BC040287	---	---	-1,44	4,22E-03
AI800713	235122_at	AI800713	---	---	-1,44	3,58E-04
BC033530	1560209_at	BC033530	---	---	-1,44	1,67E-03
HLCS	207833_s_at	NM_000411	NM_000411	3141	-1,44	7,21E-03
MCF2L	239636_at	W74618	NM_024979	23263	-1,44	1,41E-03
KIAA1276	233823_at	AB033102	XM_039169	27146	-1,44	3,24E-04
OR7D2	1562337_at	AK095468	NM_175883	162998	-1,44	7,48E-04
JAK2	1562031_at	BC043187	NM_004972	3717	-1,44	4,16E-04
PSMB7	244801_at	AI248671	NM_002799	5695	-1,44	4,98E-

ES 2 689 703 T3

KIAA1411	233730_at	AL078591	NM_020819	57579	-1,43	03 3,20E-05
AL530703	231882_at	AL530703	XM_498570	440156	-1,43	5,81E-04
FLJ32731	227564_at	BF433005	XM_372038	138050	-1,43	7,92E-05
DUSP16	1563505_at	AL833073	NM_030640	80824	-1,43	4,10E-05
MGC4171	219722_s_at	NM_024307	NM_024307	79153	-1,43	5,72E-03
RGAG4	227823_at	BE348679	XM_291322	340526	-1,43	3,08E-05
MGC15875	226783_at	AI762154	NM_032921	85007	-1,43	1,81E-03
FIP1L1	233405_at	AU155384	NM_153373 NM_030917	81608	-1,43	3,48E-03
PKD1	202328_s_at	NM_000296	NM_000296	5310	-1,43	1,82E-04
			NM_00100994 4			
CRYGS	223643_at	AI762135	NM_017541	1427	-1,43	5,80E-03
MGC42174	244304_at	AW129650	NM_152383	129563	-1,43	4,62E-03
OFD1	241751_at	AW292752	NM_003611	8481	-1,42	4,86E-03
PHC3	233431_x_at	AU148142	NM_024947	80012	-1,42	1,22E-03
AK022100	233406_at	AK022100	---	---	-1,42	1,03E-03
PPARG	208510_s_at	NM_015869	NM_005037	5468	-1,42	1,45E-03
			NM_015869 NM_138711 NM_138712			
CLCN3	201733_at	AA902971	NM_001829	1182	-1,42	1,12E-03
			NM_173872			
AW043836	239423_at	AW043836	---	---	-1,42	2,43E-03
AF086443	1560982_at	AF086443	---	---	-1,42	2,70E-04
R05895	239512_at	R05895	---	---	-1,42	2,11E-03
WDR45	209217_s_at	BC000464	NM_007075	11152	-1,42	3,54E-03
BF512190	235406_x_at	BF512190	---	---	-1,41	1,37E-03
BE738279	242546_at	BE738279	XM_498570	440156	-1,41	1,24E-03
AI929077	244818_at	AI929077	---	---	-1,41	2,46E-03
T96555	243818_at	T96555	---	---	-1,41	1,37E-03
DUSP16	1558739_at	R30807	NM_030640	80824	-1,41	3,84E-04
LOC389087	243647_at	AI808306	XM_374028	389087	-1,41	9,78E-03

ES 2 689 703 T3

HIST1H2BE	208527_x_at	NM_003523	NM_003523	8344	-1,41	3,37E-05
AU 155234	233289_at	AU 155234	---	---	-1,41	2,99E-03
AI698684	1558626_at	AI698684	---	---	-1,40	3,33E-04
KIAA1102	1569208_a_at	BC020895	NM_014988	22998	-1,40	4,93E-03
AW150212	1556038_at	AW150212	---	---	-1,40	1,33E-03
ABCC5	226363_at	BE550362	NM_005688	10057	-1,40	4,83E-05
FLJ13105	233083_at	AV706915	XM_496701	80068	-1,40	1,72E-03
AI963605	230269_at	AI963605	---	---	-1,40	1,31E-03
ACHE	205377_s_at	AI190022	NM_000665	43	-1,40	2,24E-04
WDR45	209216_at	BC000464	NM_015831 NM_007075	11152	-1,39	3,52E-03
KIAA0804	239917_at	R07848	NM_00100992 1	23355	-1,39	2,63E-03
SIAH1	232365_at	BE676461	NM_015303 NM_00100661 0 NM_00100661 1	6477	-1,39	1,23E-03
MUC20	226622_at	AW084511	NM_003031 NM_152673	200958	-1,39	3,06E-05
TGFB114	237673_at	BE465103	NM_006022	8848	-1,39	2,34E-03
ZNF596	240324_at	H50654	NM_183422 NM_173539	169270	-1,39	3,41E-04
NOL3	1558738_at	BU785956	NM_003946	8996	-1,39	1,03E-04
CRYGS	223644_s_at	AF161703	NM_017541	1427	-1,38	8,43E-03
TSGA10	1555932_at	AK094208	NM_025244	80705	-1,38	2,99E-03
MST1	216320_x_at	U37055	NM_182911 NM_020998	4485	-1,38	1,28E-03
LOC440722	238503_at	AI142850	XM_498831	440722	-1,38	8,92E-04
FLJ10707	239957_at	AW510793	XM_371614	55209	-1,38	8,78E-03
SLC37A1	218928_s_at	NM_018964	NM_018964	54020	-1,38	1,97E-03
SMG1	244766_at	BG180003	NM_014006	23049	-1,38	8,25E-03
KIAA0220 LOC440345 CENTG2	240758_at	AA706753	NM_015092 XM_496125 NM_014914	283846 440345 116987	-1,38	8,21E-03
VPS13C	232386_at	AV703288	NM_017684	54832	-1,38	1,41E-04
ZNF42	210336_x_at	AF055078	NM_003422	7593	-1,38	7,52E-

ES 2 689 703 T3

						05
MCCC2	1560033_at	AK090834	NM_198055 NM_022132	64087	-1,37	6,91E-05
USP40	225089_at	AA127740	NM_018218	55230	-1,37	9,95E-03
ZNF589	1569108_a_at	BC028160	NM_016089	51385	-1,37	3,43E-03
CITED2	207980_s_at	NM_006079	NM_006079	10370	-1,37	6,11E-03
GAL	214240_at	AL556409	NM_015973	51083	-1,37	2,81E-03
RAGE	205130_at	NM_014226	NM_014226	5891	-1,37	8,58E-03
AA516469	236375_at	AA516469	---	---	-1,37	2,01E-03
AI915861	1557348_at	AI915861	---	---	-1,37	7,72E-04
AI861893	242888_at	AI861893	---	---	-1,37	5,02E-03
EDNRA	243555_at	AA573452	NM_001957	1909	-1,37	2,53E-03
C14orf92	232097_at	AA657818	NM_014828	9878	-1,37	1,70E-03
LOC92482	232885_at	AK021501	XM_378250	92482	-1,37	7,03E-04
KIAA0999	242920_at	AW590838	NM_025164	23387	-1,37	7,90E-03
KCNK12	220448_at	NM_022055	NM_022055	56660	-1,37	2,31E-05
TGFB114	237745_at	BE670165	NM_006022	8848	-1,37	1,15E-03
CDC2L5	242693_at	AW664859	NM_183422 NM_003718	8621	-1,37	7,67E-03
ZNF42	204139_x_at	NM_003422	NM_031267 NM_003422	7593	-1,36	1,36E-04
BRUNOL5	232416_at	AL390161	NM_198055 NM_021938	60680	-1,36	9,03E-03
AKAP12	210517_s_at	AB003476	NM_005100 NM_144497	9590	-1,36	3,29E-03
RGS12	1555022_at	AF464736	NM_002926	6002	-1,36	1,77E-05
LOC401320	238540_at	AA933883	NM_198227 NM_198229 NM_198230 NM_198430 NM_198432 NM_198587 XM_379482	401320	-1,36	1,06E-04
CUL4A	232466_at	AU155661	XM_380098 NM_00100889 5	8451	-1,36	5,42E-03
SENP6	240016_at	AW273732	NM_003589 NM_015571	26054	-1,36	2,45E-03
NBR2	1553992_s_at	BC034248	NM_005821	10230	-1,36	5,37E-03

ES 2 689 703 T3

TBC1D8	221592_at	BC001663	NM_007063	11138	-1,36	4,54E-03
MBNL1	1556658_a_at	AA744622	NM_021038	4154	-1,35	6,66E-03
			NM_207292			
			NM_207293			
			NM_207294			
			NM_207295			
			NM_207296			
			NM_207297			
HIST2H2AA	218280_x_at	NM_003516	NM_003516	8337	-1,35	5,61E-04
HECTD1	242349_at	AW275658	NM_015382	25831	-1,35	3,14E-05
CSG1cA-T	221799_at	AB037823	NM_019015	54480	-1,35	9,13E-03
TD-60	243297_at	AI498610	NM_018715	55920	-1,35	3,64E-05
AW117322	239415_at	AW117322	XM_374094	389237	-1,35	5,46E-05
ERCC3	215545_at	AK024185	NM_000122	2071	-1,35	7,55E-03
AW148862	235217_at	AW148862	XM_380136	402582	-1,35	8,44E-03
NAP1L3	204749_at	NM_004538	NM_004538	4675	-1,35	1,79E-04
HIST1H2BD	222067_x_at	AL353759	NM_021063	3017	-1,34	1,71E-05
			NM_138720			
CITED2	209357_at	AF109161	NM_006079	10370	-1,34	3,87E-03
NM_024914	220450_at	NM_024914	---	---	-1,34	5,65E-04
USP36	220370_s_at	NM_025090	NM_025090	57602	-1,34	2,56E-03
ARMCX4	1564399_a_at	AK096955	NM_152583	158947	-1,34	8,99E-04
GOLGA4	215203_at	AW438464	NM_002078	2803	-1,34	1,95E-03
R92984	231088_at	R92984	---	---	-1,34	4,79E-04
LOC200030	242191_at	AI701905	NM_183372	200030	-1,34	1,70E-03
LOC400781 AG1			XM_371384 XM_378897 XM_496394	400781 440673		
USP40	225085_at	AA522888	NM_018218	55230	-1,34	5,51E-03
AK026429	233038_at	AK026429	---	---	-1,34	8,07E-03
AW977516	235172_at	AW977516	---	---	-1,33	1,91E-03
AK023334	232975_at	AK023334	---	---	-1,33	3,06E-03
CPSF6	238651_at	BF512491	NM_007007	11052	-1,33	2,21E-03
LOC158301	239193_at	BF060981	---	158301	-1,33	9,50E-03
TJP2	232017_at	AK025185	NM_004817	9414	-1,33	4,30E-04

ES 2 689 703 T3

AW591282	231374_at	AW591282	NM_201629 ---	---	-1,33	1,30E-04
C21orf2	203995_at	NM_004928	NM_004928	755	-1,33	2,28E-03
BF063821	230598_at	BF063821	---	---	-1,33	2,29E-03
AI743452	237031_at	AI743452	---	---	-1,33	6,25E-04
AI825068	239798_at	AI825068	---	---	-1,33	7,63E-03
SYVN1	225090_at	AA844682	NM_032431	84447	-1,32	5,82E-03
FLJ32731	1557064_s_at	AW328331	NM_172230 XM_372038	138050	-1,32	3,89E-06
SLC12A7	218066_at	NM_006598	NM_006598	10723	-1,32	7,75E-04
UBE2Q	231816_s_at	AI986085	NM_017582	55585	-1,32	6,59E-03
GOLGIN-67	208797_s_at	AI829170	NM_015003	23015	-1,32	1,73E-04
THRAP2	239561_at	AA780679	NM_181076 NM_181077 NM_015335	23389	-1,32	1,91E-03
PCDHB16	232099_at	AB046841	NM_020957	57717	-1,32	2,25E-03
GPR123	239221_at	AI884909	NM_032422	84435	-1,31	2,84E-03
C1orf21	223127_s_at	AW003850	NM_030806	81563	-1,31	8,71E-04
LOC54103	213142_x_at	AV700415	XM_379881	54103	-1,31	2,15E-03
LOC90408	1560081_at	AL702091	XM_499340 ---	90408	-1,31	3,47E-04
HEMK1	1556092_s_at	BQ025558	NM_016173	51409	-1,31	2,82E-03
AW294192	228040_at	AW294192	---	---	-1,31	1,56E-03
ZNF207	1556035_s_at	AI201248	NM_003457	7756	-1,31	6,92E-03
BU680365	1562497_at	BU680365	---	---	-1,31	9,25E-03
MGC24132	1557991_at	AK057791	NM_152396	131965	-1,31	9,13E-04
CLCN3	201734_at	AI760629	NM_001829	1182	-1,31	2,96E-03
PPIB	200968_s_at	NM_000942	NM_173872 NM_000942	5479	-1,31	5,05E-03
MYNN	1566108_at	AK056483	NM_018657	55892	-1,31	3,79E-03
MFN1	236417_at	BE644770	NM_017927	55669	-1,31	5,74E-03
TTC17	224849_at	AK023161	NM_033540 NM_018259	55761	-1,31	2,03E-04
HNRPD	229434_at	AA865357	NM_00100381	3184	-1,30	4,38E-

ES 2 689 703 T3

			0			03
			NM_002138			
			NM_031369			
			NM_031370			
BE217923	228686_at	BE217923	---	---	-1,30	1,31E-04
WDR11	229694_at	BF062828	NM_018117	55717	-1,30	5,51E-03
AA703326	241863_x_at	AA703326	---	---	-1,30	3,55E-03
ZNF117	235408_x_at	AW058673	NM_024498	7670	-1,30	8,70E-03
COL5A1	212489_at	AI983428	NM_000093	1289	-1,30	8,41E-03
AKAP12	241679_at	AI672553	NM_005100	9590	-1,30	1,14E-03
			NM_144497			
DKFZp762K222	226822_at	AL512713	NM_020225	56977	-1,30	1,52E-04
PTBP2	236962_at	AA521018	NM_021190	58155	-1,30	3,82E-03
C7orf28B	215024_at	AK000993	NM_198097	221960	-1,29	6,75E-04
EFHC1	225656_at	AI564473	NM_018100	114327	-1,29	8,52E-03
KIAA1970	1568858_at	BC013247	NM_133451	124454	-1,29	1,47E-05
CAMK2B	211483_x_at	AF081924	NM_001220	816	-1,29	6,21E-03
			NM_172078			
			NM_172079			
			NM_172080			
			NM_172081			
			NM_172082			
			NM_172083			
			NM_172084			
LOC142678	226644_at	BE222279	NM_080875	142678	-1,29	4,59E-04
IGBP1	242337_at	AI347128	NM_001551	3476	-1,29	4,53E-03
MAP7	202890_at	AW242297	NM_003980	9053	-1,29	9,83E-04
AK3	230630_at	AI566130	NM_00100535	205	-1,29	3,77E-03
			3			
			NM_013410			
			NM_203464			
AI434790	239070_at	AI434790	---	---	-1,29	2,24E-04
CD302	203799_at	NM_014880	NM_014880	9936	-1,29	1,51E-04
VPS13C	218396_at	NM_017684	NM_017684	54832	-1,29	1,69E-04
CUL3	242362_at	AI797788	NM_003590	8452	-1,29	3,18E-03
AW971123	236446_at	AW971123	---	---	-1,28	3,31E-03
FLJ13150	219504_s_at	NM_024813	NM_024813	79871	-1,28	6,46E-06
EPAS1	230711_at	AA777349	NM_001430	2034	-1,28	7,58E-03

ES 2 689 703 T3

LOC91526	226641_at	AU157224	NM_153697	91526	-1,28	3,21E-03
AW467480	236202_at	AW467480	---	---	-1,28	1,77E-03
MTHFR	226929_at	AA524272	NM_005957	4524	-1,28	1,48E-04
MKLN1	1560145_at	BQ942131	NM_013255	4289	-1,28	4,90E-03
ZNF207	231848_x_at	AW192569	NM_003457	7756	-1,28	7,40E-03
AI796536	229810_at	AI796536	---	---	-1,28	5,96E-04
BF724558	241722_x_at	BF724558	---	---	-1,28	4,48E-03
AI825987	235889_at	AI825987	---	---	-1,27	2,27E-04
TXNDC4	208958_at	AI827677	NM_015051	23071	-1,27	7,53E-04
ADORA2B	205891_at	NM_000676	NM_000676	136	-1,27	7,80E-03
FLJ21159	220145_at	NM_024826	NM_024826	79884	-1,27	1,45E-05
WSB1	201294_s_at	N24643	NM_015626	26118	-1,27	4,68E-03
AK3	225342_at	AK026966	NM_134264 NM_134265 NM_001005353 NM_013410 NM_203464	205	-1,27	9,13E-03
PLCB4	203896_s_at	NM_000933	NM_000933	5332	-1,27	1,40E-04
RAPGEF2	215992_s_at	AL117397	NM_182797 XM_376350	9693	-1,27	1,92E-05
PDXK	218019_s_at	NM_021941	NM_003681	8566	-1,27	9,30E-03
DUSP16	224336_s_at	AB052156	NM_030640	80824	-1,27	3,94E-03
BACE2	222446_s_at	AF178532	NM_012105	25825	-1,27	4,30E-04
PUM2	216121_at	AL080106	NM_138991 NM_138992 NM_015317	23369	-1,27	1,02E-05
AVEN	219366_at	NM_020371	NM_020371	57099	-1,27	5,67E-03
NMB	205204_at	NM_021077	NM_021077	4828	-1,26	3,26E-05
EPOR	396_f_at	X97671	NM_205858 NM_000121	2057	-1,26	8,71E-04
CSRP1	200621_at	NM_004078	NM_004078	1465	-1,26	9,64E-03
MYT1L	1554633_a_at	AF036943	NM_015025	23040	-1,26	4,55E-03
TAPBP	208829_at	AF029750	NM_003190	6892	-1,26	8,92E-06
			NM_172208 NM_172209			

ES 2 689 703 T3

AI741597	230302_at	AI741597	---	---	-1,26	3,47E-03
C10orf10	209183_s_at	AL136653	NM_007021	11067	-1,26	1,25E-03
FLJ31951	236322_at	AA830854	NM_144726	153830	-1,26	1,23E-03
HERC4	225989_at	AB046813	NM_015601	26091	-1,26	1,35E-04
PTGS1	238669_at	BE613133	NM_000962	5742	-1,26	7,68E-05
GTPBP2	221050_s_at	NM_019096	NM_080591 NM_019096	54676	-1,26	5,82E-03
CNOT4	1559347_at	BI599409	NM_00100822 5	4850	-1,26	4,86E-03
BM914560	1558220_at	BM914560	NM_013316 XM_496669	440993	-1,26	9,16E-03
C6orf111	230375_at	AI936531	NM_032870	25957	-1,26	1,30E-03
WBSCR19	232964_at	AL137266	NM_175064	285955	-1,26	4,75E-04
AW104619	229754_at	AW104619	---	---	-1,26	3,59E-03
DISC1	244642_at	AI761381	NM_018662	27185	-1,26	7,13E-03
FLJ32130	1554770_x_at	BC040642	NM_152458	146540	-1,26	1,11E-03
AW192718	1559437_at	AW192718	XM_373180	392084	-1,25	5,77E-03
BC014318	1558236_at	BC014318	---	---	-1,25	1,70E-04
EVC	219432_at	NM_014556	NM_014556	2121	-1,25	3,41E-03
PPAPDC1	236044_at	BF130943	NM_153717 XM_113641	196051	-1,25	1,93E-04
AI732885	214388_at	AI732885	---	---	-1,25	1,01E-03
AI588962	230477_at	AI588962	---	---	-1,25	1,64E-04
HIST1H2BI	208523_x_at	NM_003525	NM_003525	8346	-1,25	1,67E-03
HRMT1L1	216069_at	AL050065	NM_001535	3275	-1,25	6,45E-05
DKFZP434I0714	231954_at	AL137273	NM_206962 ---	54553	-1,25	1,77E-03
ZNF654	219239_s_at	NM_018293	NM_018293	55279	-1,25	8,76E-04
BC035105	1569482_at	BC035105	---	---	-1,25	1,09E-03
ZFYVE16	240859_at	N20928	NM_014733	9765	-1,25	8,54E-03
AW303371	242096_at	AW303371	---	---	-1,25	8,48E-03
AK025360	216173_at	AK025360	---	---	-1,25	7,46E-03
LOC440157	1558139_at	BE730158	XM_495969	440157	-1,25	8,53E-03

ES 2 689 703 T3

MGC15407	224968_at	AL518311	NM_080667	112942	-1,25	1,67E-04
W18186	239842_x_at	W18186	---	---	-1,25	3,42E-04
FLJ32130	1554769_at	BC040642	NM_152458	146540	-1,25	1,81E-04
PER2	205251_at	NM_022817	NM_003894	8864	-1,25	4,90E-03
NOL3	221567_at	AF064599	NM_022817 NM_003946	8996	-1,25	1,02E-04
ORMDL1	228801_at	AI809749	NM_016467	94101	-1,25	1,54E-07
FLJ23825	1555866_a_at	BM980844	NM_173620	284004	-1,25	2,44E-03
ACRV1	207969_x_at	NM_020109	NM_001612	56	-1,24	3,48E-04
			NM_020069 NM_020107 NM_020108 NM_020109 NM_020110 NM_020111 NM_020113 NM_020114 NM_020115			
CHD5	213965_s_at	AL035406	NM_015557	26038	-1,24	1,51E-04
C17orf27	1569078_at	AF318359	NM_020914	57674	-1,24	4,95E-03
RAPGEF2	238176_at	T86196	XM_376350	9693	-1,24	9,33E-03
JMJD2B	1558448_a_at	BC032415	NM_015015	23030	-1,24	7,07E-03
SIPA1L2	1559469_s_at	BC006013	NM_020808	57568	-1,24	5,27E-03
AI018235	240314_at	AI018235	---	---	-1,24	4,83E-03
BC007626	1562946_at	BC007626	---	---	-1,24	5,88E-05
TIP120A	239771_at	BG399629	NM_018448	55832	-1,24	1,29E-03
BF507816	240517_at	BF507816	---	---	-1,24	6,12E-03
T79942	228465_at	T79942	---	---	-1,23	1,38E-03
RPIP8	206196_s_at	NM_006695	NM_006695	10900	-1,23	2,25E-03
SFRS12	243361_at	N51597	NM_139168	140890	-1,23	4,89E-03
FBXW7	229419_at	BF222826	NM_018315	55294	-1,23	3,99E-04
PRKCA	213093_at	AI471375	NM_033632 NM_002737	5578	-1,23	4,72E-04
AI042344	240121_x_at	AI042344	---	---	-1,23	3,31E-05
ABCA2	210100_s_at	AF327657	NM_001606	20	-1,23	2,95E-04
			NM_212533			

ES 2 689 703 T3

CHST1	205567_at	NM_003654	NM_003654	8534	-1,23	4,23E-03
GRIK2	1563754_at	AJ252246	NM_021956	2898	-1,23	1,60E-03
AI887898	228423_at	AI887898	NM_175768 XM_374094	389237	-1,23	7,61E-04
FADS3	204257_at	NM_021727	NM_021727	3995	-1,23	4,30E-04
BE551142	241091_at	BE551142	XM_497668	388620	-1,23	4,14E-03
BC014318	1558237_x_at	BC014318	---	---	-1,23	7,31E-04
TCEA1	1566207_at	BQ286789	NM_006756	6917	-1,23	9,86E-06
PLCE1	205111_s_at	NM_016341	NM_201437 NM_016341	51196	-1,23	4,76E-07
KIAA0125	220377_at	NM_014151	NM_014792	9834	-1,23	3,84E-04
PIK3C2A	241905_at	AA579047	NM_002645	5286	-1,22	8,81E-03
USP15	233473_x_at	AU156202	NM_006313	9958	-1,22	5,44E-03
DHX36	1559039_at	AK096808	NM_020865	170506	-1,22	5,13E-03
KIAA0368	236368_at	BF059292	XM_036708	23392	-1,22	1,71E-04
AI971535	229626_at	AI971535	XM_370691	387856	-1,22	3,12E-04
NOL3	221566_s_at	AF043244	NM_003946	8996	-1,22	9,37E-04
ADAM8	205180_s_at	NM_001109	NM_001109	101	-1,22	7,63E-03
FGF7	230918_at	BE856598	NM_002009	2252	-1,22	1,18E-03
C21orf25	212875_s_at	AP001745	NM_199050	25966	-1,22	1,75E-03
C21orf57	227421_at	BF026326	NM_00100611 4	54059	-1,22	4,19E-04
BF061976	243499_at	BF061976	NM_058181 ---	---	-1,22	3,63E-03
RLF	204243_at	NM_012421	NM_012421	6018	-1,21	3,24E-05
MLLT2	201924_at	NM_005935	NM_005935	4299	-1,21	1,72E-03
BE467577	228251_at	BE467577	---	---	-1,21	2,37E-03
WSB1	201295_s_at	BF111821	NM_015626	26118	-1,21	2,55E-03
PR47	1560526_at	BQ880034	NM_134264 NM_134265 ---	266671	-1,21	4,02E-03
PRPH	213847_at	NM_006262	NM_006262	5630	-1,21	3,82E-03
H75391	1559515_at	H75391	---	---	-1,21	3,64E-04
AI740589	243515_at	AI740589	---	---	-1,21	7,40E-

ES 2 689 703 T3

OLFM3	1554526_at	BC022531	NM_058170	118427	-1,21	1,84E-04
C14orf135	1563259_at	AK024838	NM_022495	64430	-1,21	9,40E-04
U00954	232180_at	U00954	---	---	-1,21	4,24E-05
AI631888	235532_at	AI631888	---	---	-1,21	1,03E-03
EXOC7	214802_at	AK022397	NM_015219	23265	-1,21	8,35E-03
SIPA1L2	225056_at	AB037810	NM_020808	57568	-1,20	7,73E-03
HSPC065	222890_at	BG054922	NM_014157	29070	-1,20	4,19E-03
IER3	201631_s_at	NM_003897	NM_003897	8870	-1,20	3,48E-04
			NM_052815			
BF059537	240020_at	BF059537	---	---	-1,20	2,65E-04
BE503598	1557659_a_at	BE503598	---	---	-1,20	1,58E-03
FLJ13710	222835_at	BG163478	NM_024817	79875	-1,20	8,19E-03
C14orf120	216263_s_at	AK022215	XM_033371	25983	-1,20	5,96E-07
FNBP1	212288_at	AB011126	NM_015033	23048	-1,20	9,04E-06
TTC11	244082_at	BF507959	NM_016068	51024	-1,20	7,10E-03
ABR	214671_s_at	L19704	NM_001092	29	-1,20	5,25E-03
			NM_021962			
ABTB1	229164_s_at	AI337369	NM_032548	80325	-1,20	3,15E-03
			NM_172027			
			NM_172028			
TRIM50C	1554182_at	BC033871	NM_198853	378108	-1,19	6,94E-05
ADAMTS1	222162_s_at	AK023795	NM_006988	9510	-1,19	1,75E-03
TIGD4	232998_at	AK024235	NM_145720	201798	-1,19	1,23E-04
KIAA0220	231989_s_at	AC003007	---	283846	-1,19	6,25E-03
AI435590	237192_at	AI435590	---	---	-1,19	7,36E-04
NOL3	59625_at	AI912351	NM_003946	8996	-1,19	4,25E-05
FOXR2	1569669_at	BM550294	NM_198451	139628	-1,19	6,60E-03
AW628665	235555_at	AW628665	---	---	-1,19	7,01E-03
LOC285831	228857_at	AA775731	---	285831	-1,19	2,24E-04
C15orf28	220710_at	NM_024970	---	80035	-1,19	7,83E-03
KIAA1967	240721_at	BE672858	NM_021174	57805	-1,19	4,55E-04
			NM_199205			

ES 2 689 703 T3

BRPF3	225217_s_at	AB033112	NM_015695	27154	-1,19	3,39E-04
PPP3CA	236545_at	AA532718	NM_000944	5530	-1,18	1,89E-03
BF514509	239050_s_at	BF514509	---	---	-1,18	8,62E-03
AA639707	243837_x_at	AA639707	---	---	-1,18	1,88E-04
WSB1	210561_s_at	AL110243	NM_015626	26118	-1,18	7,42E-04
			NM_134264 NM_134265			
AA888777	242740_at	AA888777	---	---	-1,18	1,23E-03
BMP2	238393_at	AL047534	NM_001204	659	-1,18	5,95E-03
			NM_033346 NM_021813			
BACH2	1556451_at	AL833645	NM_015513	60468	-1,18	2,17E-04
CRELD1	203368_at	NM_015513	NM_015513	78987	-1,18	3,92E-03
RPL37	224766_at	AW008221	NM_000997	6167	-1,18	6,73E-06
CSTB	201201_at	NM_000100	NM_000100	1476	-1,18	2,39E-06
MGC12458	211200_s_at	BC002836	NM_032328	84288	-1,18	4,74E-03
C9orf111	228383_at	AK024443	NM_152286	375775	-1,18	4,27E-03
PLRG1	227246_at	BF438014	NM_002669	5356	-1,18	8,04E-04
ZFYVE9	208446_s_at	NM_007323	NM_004799	9372	-1,18	3,59E-03
			NM_007323 NM_007324 NM_015919			
ZNF226	224004_at	AF246126	NM_016444	7769	-1,17	2,52E-04
NM_015437	207799_x_at	NM_015437	---	---	-1,17	7,74E-04
AFTIPHILIN	244312_at	AW195572	NM_00100224 3 NM_017657 NM_203437	54812	-1,17	6,11E-03
			---	---		
AL137378	216144_at	AL137378	---	---	-1,17	1,87E-03
NUP153	239948_at	AA004800	NM_005124	9972	-1,17	4,63E-03
OLFM3	1554524_a_at	AF397394	NM_058170	118427	-1,17	4,35E-05
N30152	229850_at	N30152	---	---	-1,17	1,02E-03
AI934828	227116_at	AI934828	XM_375373	400547	-1,17	4,08E-03
LRRFIP2	230082_at	AW137053	NM_006309	9209	-1,17	1,78E-03
			NM_017724 NM_002149			
HPCAL1	212552_at	BE617588	NM_134421	3241	-1,17	1,73E-04

ES 2 689 703 T3

DRPLA	236961_at	AI539426	NM_001007026	1822	-1,17	2,23E-03
CLCN3	201732_s_at	AF029346	NM_001940 NM_001829	1182	-1,17	2,63E-03
RFX2	226872_at	AK024288	NM_173872 NM_000635	5990	-1,17	2,24E-03
HNRPD	235999_at	AA863112	NM_134433 NM_001003810	3184	-1,17	1,28E-04
WNK1	211993_at	AI768512	NM_002138 NM_031369 NM_031370 NM_018979	65125	-1,17	1,66E-03
LOC401320	1558459_s_at	BC041636	XM_379482	401320	-1,17	2,08E-03
NM_025033	208301_at	NM_025033	XM_380098 ---	---	-1,17	9,10E-05
KIAA1040	242225_at	AI569482	NM_015026	23041	-1,17	5,75E-03
C9orf68	220218_at	NM_017985	NM_017985	55064	-1,16	4,90E-03
C21orf66	1555125_at	BC030539	NM_013329	94104	-1,16	3,17E-05
GAD2	243265_at	AW444497	NM_016631 NM_058191 NM_145328 NM_000818	2572	-1,16	1,34E-04
ABTB1	226442_at	H06267	NM_032548	80325	-1,16	2,47E-05
ZNF644	1557751_at	AI537913	NM_172027 NM_172028 NM_016620	84146	-1,16	6,37E-03
CENTB2	240759_at	AW593931	NM_032186 NM_201269 NM_012287	23527	-1,16	5,67E-03
CAPN2	208683_at	M23254	NM_001748	824	-1,16	3,02E-04
TMEM5	204808_s_at	NM_014254	NM_014254	10329	-1,16	1,28E-04
HIST1H2BF	208490_x_at	NM_003522	NM_003522	8343	-1,16	7,03E-04
BCAP29	230150_at	N57499	NM_001008405 NM_001008406 NM_001008407	55973	-1,16	2,32E-03
PERLD1	55616_at	AI703342	NM_018844 NM_033419	93210	-1,16	4,41E-03
DTNA	227084_at	AW339310	NM_001390 NM_001391	1837	-1,16	3,40E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_001392 NM_032975 NM_032978 NM_032979 NM_032980 NM_032981 NM_025134			
CHD9	220586_at	NM_025134	NM_025134	80205	-1,16	3,15E-03
BF478226	241684_at	BF478226	---	---	-1,16	3,08E-04
SLC27A3	222217_s_at	BC003654	NM_024330	11000	-1,16	7,01E-04
PLOD1	200827_at	NM_000302	NM_000302	5351	-1,16	1,10E-03
AI216567	236754_at	AI216567	---	---	-1,15	1,78E-03
AI693178	228101_at	AI693178	---	---	-1,15	1,78E-06
ZNF587	242564_at	AI703142	NM_032828	84914	-1,15	8,15E-04
ZDHHC11	232417_x_at	AU150300	NM_024786	79844	-1,15	1,16E-03
AK3	204348_s_at	NM_013410	NM_00100535 3 NM_013410 NM_203464 NM_001406	205	-1,15	4,21E-03
EFNB3	205031_at	NM_001406	NM_001406	1949	-1,15	1,14E-04
NYREN18	1559732_at	AK056624	NM_016118	51667	-1,15	9,75E-05
SIPA1L2	233587_s_at	AK022852	NM_020808	57568	-1,15	1,97E-03
AI287817	240095_at	AI287817	---	---	-1,15	5,78E-04
IARS	239794_at	AI356405	NM_002161	3376	-1,15	5,87E-03
WSB1	201296_s_at	NM_015626	NM_013417 NM_015626	26118	-1,15	2,42E-03
AB037813	231969_at	AB037813	NM_134264 NM_134265 ---	---	-1,15	9,45E-05
AI022648	242972_at	AI022648	---	---	-1,15	6,12E-03
AA651954	236626_at	AA651954	---	---	-1,14	1,11E-04
TAGLN2	200916_at	NM_003564	NM_003564	8407	-1,14	7,20E-03
AI263044	214376_at	AI263044	---	---	-1,14	4,04E-03
ZNF333	1552375_at	NM_032433	NM_032433	84449	-1,14	4,08E-03
HSPB1	201841_s_at	NM_001540	NM_001540	3315	-1,14	8,01E-03
FLJ25778	238350_at	AW967956	XM_376679	254048	-1,14	8,71E-03
KIAA1731	1565830_at	AL833615	XM_379933 XM_374922	85459	-1,14	4,73E-05

ES 2 689 703 T3

FLJ32130	242272_at	AI375066	NM_152458	146540	-1,14	3,52E-04
FLJ39485	236728_at	AW070437	NM_175920	285603	-1,14	6,01E-03
AKAP14	228493_at	T87628	NM_001008534	158798	-1,14	3,57E-03
			NM_001008535			
			NM_178813			
NEDD5	232637_at	AK025163	NM_001008491	4735	-1,14	1,03E-04
			NM_001008492			
			NM_004404			
			NM_006155			
COH1	236254_at	BE048857	NM_015243	157680	-1,14	9,97E-04
			NM_017890			
			NM_152564			
			NM_181661			
			NM_184042			
COLEC11	219873_at	NM_024027	NM_024027	78989	-1,14	2,80E-04
			NM_199235			
TMPIT	234084_x_at	AU147104	NM_031925	83862	-1,14	4,48E-03
P4HA2	1568611_at	CA418310	NM_004199	8974	-1,14	5,99E-03
APOC1	213553_x_at	W79394	NM_001645	341	-1,14	2,08E-03
BI868311	1565651_at	BI868311	---	---	-1,14	1,59E-03
NRD1	242235_x_at	AW978721	NM_002525	4898	-1,13	6,03E-03
ABCA2	212772_s_at	AL162060	NM_001606	20	-1,13	2,55E-04
			NM_212533			
EGLN1	1561893_at	BC024172	NM_022051	54583	-1,13	2,07E-06
ATXN7L1	227732_at	AB033044	---	57485	-1,13	9,68E-04
SSR1	226712_at	BF206389	NM_003144	6745	-1,13	4,37E-03
KIAA1045	37566_at	AB028968	XM_048592	23349	-1,13	1,00E-03
COPA	1559862_at	BC037941	NM_004371	1314	-1,13	3,33E-04
ARGBP2	204288_s_at	NM_021069	NM_003603	8470	-1,13	5,18E-04
			NM_021069			
PLCE1	205112_at	NM_016341	NM_016341	51196	-1,13	2,45E-03
PDGFRB	202273_at	NM_002609	NM_002609	5159	-1,13	4,37E-03
METAP2	240769_at	AI733395	NM_006838	10988	-1,13	6,92E-06
GNPTG	224887_at	AF302786	NM_032520	84572	-1,13	7,70E-05
TAGLN2	210978_s_at	BC002616	NM_003564	8407	-1,13	6,34E-03

ES 2 689 703 T3

BDP1	231939_s_at	AJ238520	NM_018429	55814	-1,13	5,92E-04
AA524740	225249_at	AA524740	---	---	-1,13	5,63E-03
MCM3AP	212269_s_at	AJ010089	NM_003906	8888	-1,13	7,20E-04
HEL308	228736_at	AW084661	NM_133636	113510	-1,12	4,79E-04
BF540795	243043_at	BF540795	---	---	-1,12	1,49E-03
BF339133	213296_at	BF339133	---	---	-1,12	2,35E-03
BF940997	239857_at	BF940997	---	---	-1,12	2,17E-03
SFRS11	237746_at	AI168187	NM_004768	9295	-1,12	3,42E-03
ADAMTS1	222486_s_at	AF060152	NM_006988	9510	-1,12	1,60E-03
AI654130	241936_x_at	AI654130	---	---	-1,12	3,27E-03
NSUN4	1559848_at	BC016907	NM_199044	387338	-1,12	1,76E-03
AA830545	235730_at	AA830545	---	---	-1,12	9,65E-03
ABR	212895_s_at	AL527773	NM_001092	29	-1,12	2,02E-04
			NM_021962			
AW150212	1556039_s_at	AW150212	---	---	-1,12	2,68E-03
ADAMTS20	220717_at	NM_025003	NM_025003	80070	-1,12	3,36E-03
			NM_175851			
WDFY3	212602_at	AI806395	NM_014991	23001	-1,12	1,05E-05
			NM_178583			
			NM_178585			
C1orf8	241018_at	BF446758	NM_004872	9528	-1,12	3,93E-03
CLTC	220855_at	NM_014127	NM_004859	1213	-1,11	8,87E-04
BC035773	1569665_at	BC035773	---	---	-1,11	8,41E-03
KDELR2	242725_at	BG026159	NM_006854	11014	-1,11	8,62E-03
SMAD4	1565703_at	AL832789	NM_005359	4089	-1,11	6,90E-03
SIRT5	221010_s_at	NM_031244	NM_012241	23408	-1,11	4,63E-03
			NM_031244			
MAD	226275_at	AI188653	NM_002357	4084	-1,11	1,65E-03
ARSD	223695_s_at	BC003660	NM_001669	414	-1,11	8,01E-03
			NM_009589			
LOC284361	224727_at	AL045545	NM_175063	284361	-1,11	1,48E-03
			NM_206538			
DMPK	37996_s_at	L08835	NM_004409	1760	-1,11	9,75E-05
HCG8	215985_at	X92110	---	80869	-1,11	6,05E-

ES 2 689 703 T3

MGC15875	232488_at	AK023470	NM_032921	85007	-1,11	03 4,98E-04
PLD3	201050_at	NM_012268	NM_153373 NM_012268	23646	-1,11	9,93E-04
C20orf35	238470_at	BF129779	NM_018478	55861	-1,11	8,61E-04
AA573901	227783_at	AA573901	NM_033542 ---	---	-1,11	5,51E-04
PROX1	242119_at	AW451938	NM_002763	5629	-1,11	2,23E-03
AI862542	235696_at	AI862542	---	---	-1,11	2,47E-03
ZNF596	232641_at	AC004908	NM_173539	169270	-1,11	3,61E-03
GOLGIN-67	210424_s_at	AF163441	NM_015003	23015	-1,10	3,73E-04
JMY	226352_at	BF447037	NM_181076 NM_181077 NM_152405	133746	-1,10	1,15E-05
APXL2	239435_x_at	AA588854	NM_133456	134549	-1,10	2,97E-03
BC004287	223366_at	BC004287	---	---	-1,10	3,09E-03
NM_025120	220728_at	NM_025120	---	---	-1,10	4,73E-03
BF510762	230262_at	BF510762	---	---	-1,10	2,62E-04
AI741900	239140_at	AI741900	---	---	-1,10	7,72E-05
INADL	223681_s_at	AB044807	NM_005799	10207	-1,10	3,79E-04
PCDHB14	231726_at	NM_018934	NM_170605 NM_176877 NM_176878 NM_018934	56122	-1,10	7,91E-03
AI435590	237193_s_at	AI435590	---	---	-1,10	9,64E-03
NPIP	204538_x_at	NM_006985	NM_006985	9284	-1,10	2,65E-04
SR140	236696_at	BE464843	XM_031553	23350	-1,09	5,65E-03
CCNL2	221427_s_at	NM_030937	NM_030937	81669	-1,09	1,71E-03
GFRA3	214479_at	NM_001496	NM_001496	2676	-1,09	9,83E-03
AI161338	65472_at	AI161338	XM_371506	388969	-1,09	3,32E-03
AF164622	210425_x_at	AF164622	---	---	-1,09	5,81E-04
SLC36A1	213119_at	AW058600	NM_078483	206358	-1,09	1,68E-03
NOR1	227359_at	AI911248	NM_145047	127700	-1,09	2,57E-03
UBXD1	220757_s_at	NM_025241	NM_206837 NM_025241	80700	-1,09	1,00E-

ES 2 689 703 T3

C20orf103	219463_at	NM_012261	NM_012261	24141	-1,09	5,61E-03
HERC1	240703_s_at	AW591969	NM_003922	8925	-1,09	1,25E-03
FLJ25952	243786_at	AA454190	NM_153251	253832	-1,09	1,88E-03
AK023264	233068_at	AK023264	---	---	-1,08	5,48E-03
UBE2D3	230171_at	AW662789	NM_003340	7323	-1,08	3,01E-03
			NM_181886			
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NM_181893			
PRKCSH	200707_at	NM_002743	NM_001001329	5589	-1,08	1,56E-03
BRUNOL5	230497_at	BE503640	NM_002743			
			NM_021938	60680	-1,08	1,26E-03
FLJ35390	1558123_at	AK092709	---	255031	-1,08	6,65E-03
IPO9	225728_at	AI659533	NM_018085	55705	-1,08	2,88E-03
HNRPC	1568941_a_at	BC022884	NM_004500	3183	-1,08	3,18E-03
			NM_031314			
MCM3AP	215581_s_at	AK022303	NM_003906	8888	-1,08	1,75E-03
LOC399491	215921_at	AC002544	---	399491	-1,08	2,25E-04
SMU1	228180_at	AA805653	NM_018225	55234	-1,08	3,97E-03
AKT2	236664_at	AA448167	NM_001626	208	-1,08	1,96E-03
JAK1	234193_at	AK025218	NM_002227	3716	-1,08	2,70E-03
INADL	214705_at	AJ001306	NM_005799	10207	-1,08	9,90E-04
			NM_170605			
			NM_176877			
			NM_176878			
C9orf10OS	1558761_a_at	AK093641	NM_198841	158293	-1,08	2,09E-05
H2AFY	226840_at	AW291297	NM_004893	9555	-1,08	1,19E-03
			NM_138609			
			NM_138610			
DUSP16	224832_at	AB051487	NM_030640	80824	-1,08	1,39E-04
AL390216	234317_s_at	AL390216	---	---	-1,07	4,32E-05
PLA2G4B	219095_at	NM_005090	NM_005090	8681	-1,07	7,70E-05
AF131844	222184_at	AF131844	---	---	-1,07	1,01E-03

ES 2 689 703 T3

AI939452	240892_at	AI939452	---	---	-1,07	2,32E-03
ANKHD1	229457_at	AU148042	NM_017747	54882	-1,07	1,15E-03
			NM_017978			
			NM_024668			
AI916303	228207_at	AI916303	---	---	-1,07	4,41E-04
AA033699	229111_at	AA033699	---	---	-1,07	9,78E-03
GOLGIN-67	208798_x_at	AF204231	NM_015003	23015	-1,07	8,11E-04
			NM_181076			
			NM_181077			
SYNE1	209447_at	AF043290	NM_015293	23345	-1,07	2,21E-03
			NM_033071			
			NM_133650			
			NM_182961			
AL080112	216858_x_at	AL080112	---	---	-1,07	8,82E-03
MAP7	215471_s_at	AJ242502	NM_003980	9053	-1,07	7,77E-04
BC025319	1568974_at	BC025319	---	---	-1,06	9,12E-03
DJ328E19,C1, 1	214693_x_at	BE732345	NM_015383	200030	-1,06	3,98E-04
			NM_173638	25832		
LOC200030			NM_183372	284565		
MGC8902			XM_371384	401967		
LOC401967			XM_496394	440673		
AG1			XM_496406			
PIGF	239258_at	BE551407	NM_002643	5281	-1,06	3,15E-04
			NM_173074			
NPIP	214870_x_at	AC002045	NM_006985	339047	-1,06	2,19E-04
LOC339047			XM_290671	440341		
LOC440341			XM_352159	9284		
KIF5C	203129_s_at	BF059313	XM_377774	3800	-1,06	2,07E-03
KCTD13	45653_at	AW026481	NM_178863	253980	-1,06	5,88E-06
FLJ10287	219130_at	NM_019083	NM_019083	54482	-1,06	3,45E-03
PSMD7	244515_at	AI640348	NM_002811	5713	-1,06	5,80E-03
AK3	204347_at	AI653169	NM_00100292	205	-1,06	8,16E-03
			1			
				387851		
			NM_00100535			
			3			
			NM_013410			
BACE1	217904_s_at	NM_012104	NM_203464	23621	-1,06	1,51E-04
			NM_012104			
			NM_138971			
			NM_138972			
			NM_138973			
WDFY3	212598_at	BE348236	NM_014991	23001	-1,06	4,22E-

ES 2 689 703 T3

			NM_178583 NM_178585 NM_001829			03
CLCN3	201735_s_at	NM_001829		1182	-1,06	2,95E-03
PHACTR1	213638_at	AW054711	NM_173872 NM_030948	221692	-1,06	8,09E-03
PPIE	229375_at	AL526713	NM_006112	10450	-1,06	2,02E-06
C10orf57	218174_s_at	NM_025125	NM_203456 NM_203457 NM_025125	80195	-1,06	8,98E-04
PEX6	238672_at	AW953952	NM_000287	5190	-1,06	6,15E-04
BDH	211715_s_at	BC005844	NM_004051	622	-1,06	4,14E-04
BF110411	221878_at	BF110411	NM_203314 NM_203315 XM_371506	388969	-1,05	8,17E-03
R93413	236590_at	R93413		---	-1,05	6,60E-04
FLJ36674	244698_at	AW297656	NM_173622	284040	-1,05	4,58E-03
AA729232	241359_at	AA729232		---	-1,05	9,24E-03
FLJ21159	235550_at	AV751613	NM_024826	79884	-1,05	4,53E-03
SMPD1	209420_s_at	M59916	NM_000543	6609	-1,05	8,56E-04
AA281853	239505_at	AA281853	NM_00100759 3	---	-1,05	8,55E-04
KCNMA1	221584_s_at	U11058	NM_002247	3778	-1,05	7,34E-05
LOC439928	1569519_at	BC039454	XM_498427	439928	-1,05	2,09E-03
PAM	202336_s_at	NM_000919	NM_000919	5066	-1,05	1,27E-03
DCTD	201571_s_at	AI656493	NM_138766 NM_138821 NM_138822 NM_001921	1635	-1,05	9,35E-05
ZNF573	217627_at	BE515346	NM_152360	126231	-1,05	5,34E-04
WDR19	232163_at	AI982884	NM_025132	57728	-1,05	4,32E-04
ETFDH	33494_at	S69232	NM_004453	2110	-1,05	1,51E-03
RRAGC	222514_at	AK023373	NM_022157	64121	-1,05	7,18E-03
C14orf139	219563_at	NM_024633	NM_024633	79686	-1,05	7,66E-03
DNASE1	1560536_at	BC035759	NM_005223	1773	-1,05	1,80E-03
D17262	1567997_x_at	D17262		---	-1,04	5,43E-

ES 2 689 703 T3

BTG3	215425_at	AL049332	NM_006806	10950	-1,04	03 5,78E-04
ATE1	238252_at	AI040743	NM_00100197 6	11101	-1,04	5,92E-04
KCTD13	221889_at	AW026481	NM_007041 NM_178863	253980	-1,04	1,16E-05
RRAGC	218088_s_at	NM_022157	NM_022157	64121	-1,04	8,27E-04
ZZEF1	212601_at	AB007859	NM_015113	23140	-1,04	4,08E-03
BCL11B	222895_s_at	AA918317	NM_022898	64919	-1,04	6,07E-04
KIAA0999	1563455_at	AL832068	NM_138576 NM_025164	23387	-1,04	9,56E-03
ZFYVE26	37943_at	AB002319	NM_015346	23503	-1,04	9,36E-03
NSUN6	242239_at	AW970888	NM_182543	221078	-1,04	8,03E-03
BE674309	230913_at	BE674309	---	---	-1,04	1,59E-04
AA910371	212952_at	AA910371	---	---	-1,04	3,15E-03
C21orf51	228239_at	AA148789	NM_058182	54065	-1,04	6,43E-06
PPT1	200975_at	NM_000310	NM_000310	5538	-1,04	2,75E-05
TTC3	208663_s_at	AI652848	NM_00100189 4	7267	-1,04	9,53E-06
ZCSL3	1570048_at	BC036571	NM_003316 NM_181706	120526	-1,04	6,02E-03
ZNF3	232497_at	AF217988	NM_017715	7551	-1,04	7,84E-04
RRN3	230328_at	BF057656	NM_032924 NM_018427	54700	-1,04	1,78E-03
FTH1	214211_at	AA083483	NM_002032	2495	-1,03	2,78E-03
SERF2	226692_at	AI092931	NM_005770	10169	-1,03	3,64E-03
MTCP1	239236_at	BE465277	NM_014221	4515	-1,03	2,24E-03
PDCD2	228420_at	AW590850	NM_002598	5134	-1,03	8,82E-03
SPOCK2	202524_s_at	NM_014767	NM_144781 NM_014767	9806	-1,03	2,19E-06
CYLD	221905_at	BF516433	NM_015247	1540	-1,03	1,43E-04
IREB2	1563130_a_at	AL109710	NM_004136	3658	-1,03	3,66E-03
HRMT1L1	221564_at	AL570294	NM_001535	3275	-1,03	1,20E-06
DDOST	208674_x_at	BC002594	NM_206962 NM_005216	1650	-1,03	1,01E-03
LOC339047	214682_at	AK023376	XM_290671	339047	-1,02	4,06E-

ES 2 689 703 T3

MGC15875	226519_s_at	AL561859	NM_032921	85007	-1,02	03 1,51E-03
HNRPM	233605_x_at	AK022050	NM_153373 NM_005968	4670	-1,02	3,07E-03
LOC144363	225469_at	AA015609	NM_031203 NM_00100166C	144363	-1,02	6,55E-04
ZNF346	232753_at	AU147613	NM_012279	23567	-1,02	9,40E-04
C3orf6	228693_at	AI681307	NM_174908	152137	-1,02	2,49E-03
AK024681	231972_at	AK024681	NM_178335 ---	---	-1,02	1,17E-03
UBXD1	223012_at	AF272894	NM_025241	80700	-1,02	3,65E-04
HERC4	225988_at	AI819938	NM_015601	26091	-1,02	2,15E-03
MYO5A	227761_at	AW235548	NM_000259	4644	-1,02	8,53E-03
LTBP3	227308_x_at	AW515704	NM_021070	4054	-1,02	6,79E-07
C14orf118	229520_s_at	BF060678	NM_017926	55668	-1,02	4,18E-03
RHOU	223169_s_at	AB051826	NM_017972 NM_021205	58480	-1,02	9,28E-03
SH3BGR	204979_s_at	NM_007341	NM_00100171 3 NM_007341	6450	-1,02	1,78E-03
BC014481	1569368_at	BC014481	---	---	-1,02	3,54E-03
LOC158230	243595_at	AI589280	---	158230	-1,02	4,74E-04
BC031322	1555900_at	BC031322	---	---	-1,02	1,29E-03
SPG3A	223340_at	AF131801	NM_015915	51062	-1,02	7,49E-03
AA448858	238948_at	AA448858	NM_181598 ---	---	-1,02	3,09E-03
MGC33486	235614_at	AI215667	NM_153266	256472	-1,01	2,05E-05
M78162	217536_x_at	M78162	---	---	-1,01	4,51E-03
PHKA1	229876_at	BE503584	NM_002637	5255	-1,01	4,38E-04
STX6	244041_at	AI884934	NM_005819	10228	-1,01	8,65E-03
FLJ23518	233400_at	AU158247	NM_024725	79780	-1,01	3,50E-03
PPIE	210502_s_at	AF042386	NM_006112	10450	-1,01	4,24E-03
DDOST	208675_s_at	D29643	NM_203456 NM_203457 NM_005216	1650	-1,01	2,59E-03
OPTN	202073_at	AV757675	NM_00100821	10133	-1,01	2,57E-

ES 2 689 703 T3

			1			05
			NM_00100821			
			2			
			NM_00100821			
			3			
Cep164	1558953_s_at	BC000602	NM_021980	22897	-1,01	1,37E-03
SLC19A2	1556602_at	AW614839	NM_014956	10560	-1,00	2,90E-03
DMPK	217066_s_at	M87313	NM_006996	1760	-1,00	8,62E-03
SFRS15	222311_s_at	AA648521	NM_004409	57466	-1,00	2,57E-03
LYPLAL1	230174_at	AI953360	NM_020706	127018	-1,00	3,17E-03
AK000970	215512_at	AK000970	NM_138794	10299	-1,00	2,13E-03
LOC492304	202409_at	X07868	NM_005885	492304	-1,00	1,87E-03
PIGH	209625_at	BC004100	NM_001007139	5283	-1,00	6,00E-07
MEIS3	1569402_at	BC014430	NM_004569	56917	-1,00	8,61E-03
			3			
DDX52	1570415_at	BC012557	NM_020160	11056	-1,00	1,89E-03
			NM_007010			
DTNA	211493_x_at	U46744	NM_152300	1837	-1,00	7,35E-03
			NM_001390			
			NM_001391			
			NM_001392			
			NM_032975			
			NM_032978			
			NM_032979			
			NM_032980			
			NM_032981			
EIF5	208707_at	BE552334	NM_001969	1983	-1,00	8,81E-03
			NM_183004			
ADRBK2	FFX-hum_alu_i	AFFX-hum_alu	NM_000021	10001	-1,00	5,84E-04
ALDH3B1			NM_000051	10020		
ALDH3A2			NM_000136	10045		
ANXA2			NM_000141	10160		
BIRC4			NM_000144	10197		
APP			NM_000202	10198		
ATM			NM_000227	10206		
ATOX1			NM_000230	10207		
ATP1B3			NM_000294	1021		
ATP5D			NM_000297	10225		
BAD			NM_000314	10277		
BCAT2			NM_000356	10402		
BDNF			NM_000364	10457		
BMPR2			NM_000382	10513		
BRCA1			NM_000441	10524		
C11orf3			NM_000484	10606		
C21orf4			NM_000527	10609		
CACNB2			NM_000554	10611		
CCM1				10712		

ES 2 689 703 T3

CD47				10730		
CDK6				10801		
CHKA				10806		
CHRNA1				10848		
AP3S1				10921		
SLC31A1				11011		
CP				11019		
DJ462O23,2	225876_at	T84558	NM_020448	57185	-1,00	6,61E-04
BE467087	231075_x_at	BE467087	---	---	-1,00	8,51E-03
ITSN1	216472_at	AF003737	NM_001001132	6453	-1,00	2,41E-03
DMWD	213231_at	L19267	NM_003024 XM_496318	1762	-1,00	1,12E-03
RPL37	224767_at	AL044126	NM_000997	6167	-1,00	1,07E-03
LMO4	229537_at	AI694521	NM_006769	8543	-1,00	2,20E-03
ACE	227463_at	AW057540	NM_000789	1636	-1,00	1,34E-03
KIAA1345	234936_s_at	AK023876	NM_152830 NM_152831 XM_106386	57545	-0,99	1,60E-03
AG1	215434_x_at	AV684285	XM_371384	440673	-0,99	1,70E-03
BE645588	243429_at	BE645588	XM_496394 ---	---	-0,99	7,12E-03
PAM	214620_x_at	BF038548	NM_000919	5066	-0,99	4,07E-03
LRRFIP1	201861_s_at	BF965566	NM_138766 NM_138821 NM_138822 NM_004735	9208	-0,99	7,92E-06
RAD50	238656_at	AA877043	NM_005732	10111	-0,99	8,65E-03
LOC338758	238893_at	AI377324	NM_133482 ---	338758	-0,99	2,11E-03
BE856007	238676_at	BE856007	---	---	-0,99	5,32E-06
Lrp2bp	227337_at	AA886870	NM_181726	353322	-0,99	6,37E-04
SMURF2	227489_at	BE962027	NM_022739	64750	-0,99	4,11E-04
PGRMC2	213227_at	BE879873	NM_006320	10424	-0,99	1,98E-03
TMEM41B	212623_at	AU153138	---	23027	-0,99	8,63E-03
BE670056	226663_at	BE670056	---	---	-0,99	6,70E-03
MYO9B	242742_at	AI863135	NM_004145	4650	-0,99	3,16E-03
DKFZp313N062	241666_at	BG493222	NM_173826	285343	-0,99	1,70E-03
HK2	202934_at	AI761561	NM_000189	3099	-0,99	4,09E-

ES 2 689 703 T3

DKFZp547I014	207283_at	NM_020217	NM_020217	56969	-0,99	03 6,98E-04
MAP1LC3B	208786_s_at	AF183417	NM_022818	81631	-0,99	3,39E-03
AKAP12	227530_at	BF511276	NM_005100	9590	-0,99	7,30E-03
AB014532	222796_at	AB014532	NM_144497 ---	---	-0,98	6,13E-04
C1orf50	219406_at	NM_024097	NM_024097	79078	-0,98	2,14E-04
RPL13	1565759_at	BG396520	NM_000977	6137	-0,98	2,65E-04
MGC43690	235298_at	AW194823	NM_033251 NM_182552	253769	-0,98	3,94E-04
AF086554	1558504_at	AF086554	XM_373889	440721	-0,98	2,45E-03
FLJ11196	218651_s_at	NM_018357	NM_018357	55323	-0,98	1,86E-03
C17orf28	225981_at	AW139549	NM_197958 NM_030630	283987	-0,98	3,41E-04
SFXN3	1559993_at	AK091504	NM_030971	81855	-0,98	4,54E-03
C6orf111	226412_at	N66397	NM_032870	25957	-0,98	1,98E-03
RPL13	229590_at	AI369389	NM_000977	6137	-0,98	1,00E-03
LOC133308	1564746_at	BC009732	NM_033251 NM_178833	133308	-0,98	1,21E-04
AK027185	232102_at	AK027185	---	---	-0,98	1,28E-04
AW290940	226773_at	AW290940	---	---	-0,98	1,34E-04
AB040946	222564_at	AB040946	---	---	-0,98	1,34E-03
ILVBL	202993_at	NM_006844	NM_006844	10994	-0,97	1,11E-03
NPR2	204310_s_at	NM_003995	NM_176826 NM_000907	4882	-0,97	1,05E-03
PAM	212958_x_at	AI022882	NM_003995 NM_000919	5066	-0,97	2,87E-03
F11066	242973_at	F11066	NM_138766 NM_138821 NM_138822 ---	---	-0,97	5,82E-03
SPIN3	1554099_a_at	BC032490	NM_001010862	169981	-0,97	4,95E-05
AA167167	243684_at	AA167167	---	---	-0,97	1,78E-03
LANCL2	218219_s_at	NM_018697	NM_018697	55915	-0,97	9,88E-03
AFFX-BioB-3	AFFX-BioB-3_a	AFFX-BioB-3	---	---	-0,97	1,52E-04

ES 2 689 703 T3

AHI1	220841_s_at	NM_017651	NM_017651	54806	-0,97	4,15E-04
AI675308	1569154_a_at	AI675308	---	---	-0,97	2,61E-03
AI339837	241741_at	AI339837	---	---	-0,97	9,92E-03
HNLF	238525_at	BF987157	NM_182547	222068	-0,97	3,73E-05
NM_024658	218305_at	NM_024658	---	---	-0,97	8,21E-03
FLJ30294	238867_at	AI298041	NM_144632	130827	-0,97	9,74E-03
FBXO9	1559096_x_at	AK095307	NM_012347	26268	-0,97	6,38E-05
PLP2	201136_at	NM_002668	NM_033480 NM_033481 NM_002668	5355	-0,97	1,29E-04
ZNF542	229187_at	AI026708	NM_194319	147947	-0,97	7,05E-03
TTLL3	210129_s_at	AF078842	NM_015644	26140	-0,97	6,31E-03
D4S234E	213533_at	M98528	NM_014392	27065	-0,97	1,57E-04
SHC2	213464_at	AV705938	XM_375550	25759	-0,97	4,07E-06
GCC1	243306_s_at	BE276093	NM_024523	79571	-0,97	2,70E-07
TSGA2	230093_at	AI683428	NM_080860	89765	-0,97	4,32E-03
HDLBP	222916_s_at	AF116718	NM_005336	3069	-0,97	5,58E-03
C9orf91	221865_at	BF969986	NM_203346 NM_153045	203197	-0,96	6,15E-03
CYorf15B	223646_s_at	AF332225	NM_032576	84663	-0,96	4,37E-03
LTB4R	236172_at	AW206817	NM_181657	1241	-0,96	5,00E-03
MGC11332	213403_at	BF223370	NM_032718	84804	-0,96	5,81E-03
SPIRE2	227706_at	AI215798	NM_032451	84501	-0,96	7,98E-05
AU146901	233264_at	AU146901	---	---	-0,96	1,84E-03
BG000693	1559932_at	BG000693	---	---	-0,96	1,63E-04
FLJ20758	228512_at	AW138833	NM_017952	55037	-0,96	1,99E-03
UNC5D	231325_at	AI802048	NM_080872	137970	-0,96	4,13E-05
THRAP2	242911_at	AW999644	NM_015335	23389	-0,96	5,60E-03
CLDN15	219640_at	NM_014343	NM_014343	24146	-0,96	1,04E-03
DUSP16	1558740_s_at	R30807	NM_138429 NM_030640	80824	-0,96	9,85E-03
TMEM1	209412_at	U61500	NM_00100172 3	7109	-0,96	5,34E-03

ES 2 689 703 T3

DDX26	222239_s_at	AL117626	NM_003274 NM_012141	26512	-0,95	1,60E-03
LOC388526	235322_at	BF038869	XM_371157	388526	-0,95	1,09E-04
OS-9	215399_s_at	AI683900	NM_006812	10956	-0,95	7,81E-03
PRKCSH	214080_x_at	AI815793	NM_001001329	5589	-0,95	2,14E-04
BF976290	238768_at	BF976290	NM_002743 XM_371506	388969	-0,95	9,91E-04
FLJ14107	207287_at	NM_025026	NM_025026	80094	-0,95	1,43E-05
ARHGAP23	226638_at	AV701292	XM_290799	57636	-0,95	3,20E-04
AI252004	242696_at	AI252004	---	---	-0,95	2,67E-03
TGFB111	209651_at	BC001830	NM_015927	7041	-0,95	7,45E-03
AI598222	235679_at	AI598222	---	---	-0,95	1,26E-03
AA131302	236032_at	AA131302	---	---	-0,95	5,35E-04
AI929792	236081_at	AI929792	---	---	-0,95	6,74E-05
N45312	228159_at	N45312	---	---	-0,95	5,76E-04
MONDOA	202519_at	NM_014938	NM_014938	22877	-0,95	6,48E-04
PLCB4	203895_at	AL535113	NM_000933	5332	-0,95	8,09E-05
RNF149	225414_at	AL558987	NM_182797 NM_173647	284996	-0,95	9,45E-03
DNASE1	1557189_at	AW468509	NM_005223	1773	-0,95	4,38E-04
OS-9	200714_x_at	NM_006812	NM_006812	10956	-0,95	4,30E-03
CCNL2	222999_s_at	AF251294	NM_030937	81669	-0,95	5,76E-03
NPD014	209006_s_at	AF247168	NM_020317	57035	-0,95	1,08E-03
LOC154822	243261_at	BF530486	NM_207035 ---	154822	-0,94	6,74E-03
TARSL2	227611_at	AA442856	NM_152334	123283	-0,94	4,59E-03
AA827805	241364_at	AA827805	---	---	-0,94	9,38E-03
KRT18	201596_x_at	NM_000224	NM_000224	3875	-0,94	2,40E-03
CYLD	213295_at	AA555096	NM_199187 NM_015247	1540	-0,94	2,37E-04
BC011119	1569723_a_at	BC011119	---	---	-0,94	7,41E-03
PHF17	225820_at	AV646599	NM_024900	79960	-0,94	3,79E-03
			NM_199320			

ES 2 689 703 T3

C10orf104	229145_at	AA541762	NM_173473	119504	-0,94	1,46E-03
BF062399	240141_at	BF062399	---	---	-0,94	1,03E-03
LOC286437	239762_at	AI080505	---	286437	-0,94	1,26E-04
AA714835	1556646_at	AA714835	---	---	-0,94	6,42E-04
MGC3222	233480_at	AK026869	NM_024334	79188	-0,94	1,32E-03
NEDD4	213012_at	D42055	NM_006154	4734	-0,94	3,31E-03
MGC26979	232023_at	AL575584	NM_198400 NM_153704	91147	-0,94	2,50E-03
BE669703	229541_at	BE669703	---	---	-0,94	5,09E-04
AW665287	243725_at	AW665287	---	---	-0,94	8,33E-04
SPG7	202104_s_at	NM_003119	NM_003119	6687	-0,94	4,93E-03
FFX-r2-Ec-bioB=X-r2-Ec-bioB-5AFFX-r2-Ec-bioB-5			NM_199367 -	-	-0,94	1,31E-04
AG1	212854_x_at	AB051480	XM_371384	440673	-0,94	2,84E-03
BF478154	242620_at	BF478154	XM_496394 ---	---	-0,94	2,31E-03
PPM1K	235061_at	AV706522	NM_152542	152926	-0,94	2,87E-04
MDS010	218587_s_at	NM_020231	NM_020231	56983	-0,94	7,79E-03
RNF13	201779_s_at	AF070558	NM_152305 NM_007282	11342	-0,93	1,21E-06
ATP8B2	226771_at	AB032963	NM_183381 NM_183382 NM_183383 NM_183384 NM_001005855	57198	-0,93	1,31E-06
DCTD	210137_s_at	BC001286	NM_020452 NM_001921	1635	-0,93	4,45E-04
LOC286260	232420_x_at	AA706480	---	286260	-0,93	3,00E-04
IDS	217432_s_at	AF179281	NM_000202	3423	-0,93	1,24E-03
ANKRD10	223251_s_at	BC001727	NM_006123 NM_017664	55608	-0,93	6,05E-05
AK098354	1555824_a_at	AK098354	---	---	-0,93	2,66E-04
DOCK9	212538_at	AL576253	NM_015296	23348	-0,93	3,70E-03
DRE1	206551_x_at	NM_017644	NM_017644	54800	-0,93	7,84E-04
SNF1LK2	213221_s_at	AB018324	NM_015191	23235	-0,93	7,54E-03

ES 2 689 703 T3

KIAA1546	227624_at	AB046766	XM_042301	57667	-0,93	7,15E-03
AI417992	240513_at	AI417992	---	---	-0,93	7,71E-03
U2AF1	231904_at	AU122448	NM_006758	7307	-0,92	7,45E-04
KIAA0492	215109_at	R02172	XM_378914	57238	-0,92	3,40E-03
LOC158563	226273_at	AA218974	---	158563	-0,92	1,79E-04
AF130054	211452_x_at	AF130054	---	---	-0,92	4,58E-03
NCOA7	225344_at	AL035689	NM_181782	135112	-0,92	1,11E-03
LOC284356	1555842_at	BM978026	---	284356	-0,92	8,07E-03
EXOSC3	242590_at	BE464643	NM_001002269	51010	-0,92	4,59E-03
MALAT1	224558_s_at	AI446756	NM_016042	---	-0,92	8,89E-03
C20orf44	229672_at	AA707125	NM_018244	55245	-0,92	1,02E-03
N64760	212622_at	N64760	NM_199487 NM_199513	---	-0,92	3,14E-04
HRMT1L1	202098_s_at	NM_001535	NM_001535	3275	-0,92	5,36E-05
NEU1	208926_at	U84246	NM_206962 NM_000434	4758	-0,92	6,42E-03
AF131777	215504_x_at	AF131777	---	---	-0,92	7,86E-03
PS1TP4	226381_at	AW450329	---	414327	-0,92	9,25E-03
C3orf6	235051_at	BF696931	NM_174908	152137	-0,92	9,12E-03
MAP1LC3B	208785_s_at	BE893893	NM_178335 NM_022818	81631	-0,91	1,87E-03
NM_024900	218517_at	NM_024900	---	---	-0,91	8,37E-03
P4HA2	202733_at	NM_004199	NM_004199	8974	-0,91	4,34E-03
MBTD1	207115_x_at	NM_017643	NM_017643	54799	-0,91	1,43E-03
BF476403	230218_at	BF476403	---	---	-0,91	2,19E-03
AL080160	217446_x_at	AL080160	---	---	-0,91	1,65E-03
C19orf4	219005_at	NM_012109	NM_012109	25789	-0,91	5,96E-04
LOC399491	214035_x_at	AA308853	---	399491	-0,91	6,27E-04
CHPT1	1559739_at	AK025141	NM_020244	56994	-0,91	6,26E-03
U2AF1L1	206512_at	NM_005083	---	7310	-0,91	8,01E-03
C20orf44	244795_at	AV693986	NM_018244	55245	-0,91	4,26E-

ES 2 689 703 T3

			NM_199487 NM_199513 XM_290671			04
LOC339047	221501_x_at	AF229069		339047	-0,91	2,33E-04
FLJ35093	235125_x_at	AI078279	NM_198549	374986	-0,91	2,80E-03
SLC22A17	218675_at	NM_020372	NM_016609	51310	-0,91	2,67E-06
EIF4A1	214805_at	U79273	NM_020372 NM_001416	1973	-0,91	7,74E-03
Cep164	204251_s_at	NM_014956	NM_014956	22897	-0,91	4,21E-03
AK2	212172_at	AW277253	NM_001625	204	-0,91	1,68E-04
			NM_013411 NM_172199 NM_003998			
NFKB1	209239_at	M55643		4790	-0,91	2,66E-03
AL833666	1566854_at	AL833666	---	---	-0,91	3,74E-03
BE857570	235677_at	BE857570	---	---	-0,91	6,67E-04
KIAA1276	227504_s_at	N64630	XM_039169	27146	-0,91	9,00E-05
KIAA0590	204792_s_at	NM_014714	NM_014714	9742	-0,91	2,73E-03
AV733292	225444_at	AV733292	---	---	-0,91	9,09E-04
BF057855	236829_at	BF057855	---	---	-0,91	4,03E-03
BC020820	1562962_at	BC020820	---	---	-0,91	1,89E-04
FFX-r2-Ec-bioB=X-r2-Ec-bioB-3AFFX-r2-Ec-bioB-3			---	---	-0,91	4,89E-04
AF086478	1558948_a_at	AF086478	---	---	-0,91	5,21E-03
PHF20L1	222133_s_at	AK022280	NM_016018	51105	-0,90	9,98E-03
			NM_024878 NM_032205 NM_198513 NM_015601			
HERC4	208055_s_at	NM_015601		26091	-0,90	1,92E-03
R42552	239718_at	R42552	---	---	-0,90	1,67E-03
FBXO9	1559094_at	AK095307	NM_012347	26268	-0,90	1,55E-04
			NM_033480 NM_033481 NM_002556			
OSBP	1563051_at	BC017975		5007	-0,90	8,83E-03
GPR27	227769_at	AI703476	NM_018971	2850	-0,90	3,33E-03
C21orf33	202217_at	NM_004649	NM_004649	8209	-0,90	2,00E-03
			NM_198155 NM_033345			
RGS8	234297_at	AL359941		85397	-0,90	4,04E-03

ES 2 689 703 T3

AFFX-BioB-M AFFX-BioB-M_a AFFX-BioB-M			---	---	-0,90	9,42E-05
POLR3E	233458_at	AB040885	NM_018119	55718	-0,90	1,75E-03
DKFZp761B107	226139_at	BE670598	NM_173463	91050	-0,90	4,14E-03
AA923289	236666_s_at	AA923289	XM_372416	390205	-0,90	1,19E-03
BE247450	244443_at	BE247450	XM_498623	440309	-0,90	3,66E-03
SEMA4B	234725_s_at	AK026133	NM_020210	10509	-0,90	1,81E-03
WDFY3	212606_at	AL536319	NM_198925 NM_014991	23001	-0,90	3,35E-04
NM_018336	205955_at	NM_018336	NM_178583 NM_178585 ---	---	-0,90	5,74E-04
SELS	223209_s_at	AF328864	NM_018445	55829	-0,90	2,33E-03
CDH20	243657_at	AW593060	NM_203472 NM_031891	28316	-0,90	7,78E-03
KIAA1223	225735_at	AL110131	XM_048747	57182	-0,90	7,05E-04
BE502826	231550_at	BE502826	---	---	-0,90	5,25E-03
DDX26	218819_at	NM_012141	NM_012141	26512	-0,90	1,74E-03
FLJ32731	218017_s_at	NM_025070	XM_372038	138050	-0,90	3,84E-07
FLJ32499	1552711_a_at	NM_144607	NM_144607	124637	-0,90	6,17E-05
AFFX-BioB-5	AFFX-BioB-5_a	AFFX-BioB-5	---	---	-0,89	2,50E-05
TMEM17	1557137_at	AA084725	NM_198276	200728	-0,89	9,22E-04
R26456	243135_x_at	R26456	---	---	-0,89	2,43E-03
FFX-r2-Ec-bioC=X-r2-Ec-bioC-3AFFX-r2-Ec-bioC-3			---	---	-0,89	1,35E-04
RAB5A	215956_at	AK022065	NM_004162	5868	-0,89	3,52E-03
FFX-r2-Ec-bioB=X-r2-Ec-bioB-NAFFX-r2-Ec-bioB-N			---	---	-0,89	3,74E-05
NXPH4	221967_at	AI933199	NM_007224	11247	-0,89	1,39E-05
PERLD1	221811_at	BF033007	NM_033419	93210	-0,89	3,44E-04
WDR21	214758_at	AL080157	NM_015604	26094	-0,89	2,29E-04
MDS009	236649_at	AA907927	NM_181340 NM_181341 NM_020234	56986	-0,89	1,30E-03
DISP1	228184_at	AK023679	NM_032890	84976	-0,89	6,47E-05
HIST1H2BH	208546_x_at	NM_003524	NM_003524	8345	-0,89	5,00E-03

ES 2 689 703 T3

MLR1	240592_at	AI939336	NM_153686	254251	-0,89	2,34E-03
AF088033	1556228_a_at	AF088033	---	---	-0,89	7,95E-05
FLJ10815	228951_at	AI631572	NM_018231	55238	-0,89	1,85E-03
UTP14A	221514_at	BC001149	NM_006649	10813	-0,89	9,63E-03
BBP	213882_at	AA012917	NM_032027	83941	-0,89	3,54E-05
NCSTN	208759_at	AF240468	NM_015331	23385	-0,89	6,91E-06
LOC283922	228688_at	AA843726	XM_208908	283922	-0,88	3,60E-03
Cep164	204250_s_at	AI655714	NM_014956	22897	-0,88	2,74E-03
ZFYVE26	213073_at	AB002319	NM_015346	23503	-0,88	1,02E-03
AI525856	239016_at	AI525856	---	---	-0,88	4,67E-05
IREB2	1555476_at	BC017880	NM_004136	3658	-0,88	1,40E-03
W80462	242194_at	W80462	---	---	-0,88	2,61E-03
C13orf21	228044_at	AI420319	NM_001010897	387923	-0,88	1,82E-03
WTAP	1560274_at	BF679507	NM_004906	9589	-0,88	2,07E-04
MGC4278	220352_x_at	NM_024305	NM_152857 NM_152858 ---	79151	-0,88	6,74E-03
PHF17	225816_at	AW138134	NM_024900	79960	-0,88	3,82E-03
LOC401551	243900_at	AI190548	NM_199320 XM_376909	401551	-0,88	6,97E-03
FLJ35630	229603_at	AA971753	NM_152618	166379	-0,88	2,21E-03
KIAA1008	218362_s_at	NM_014953	NM_014953	22894	-0,88	7,57E-04
SON	201085_s_at	AA664291	NM_003103	6651	-0,88	5,49E-03
AK021474	215892_at	AK021474	NM_032195 NM_058183 NM_138925 NM_138926 NM_138927 ---	---	-0,88	5,75E-03
DCTD	201572_x_at	NM_001921	NM_001921	1635	-0,88	1,87E-04
H73101	1556984_at	H73101	---	---	-0,87	3,73E-03
USP34	230148_at	AI831431	NM_014709	9736	-0,87	8,65E-03
Ufc1	217797_at	NM_016406	NM_016406	51506	-0,87	7,99E-05
BE044193	229384_at	BE044193	---	---	-0,87	8,85E-03

ES 2 689 703 T3

VMP1	224917_at	BF674052	NM_030938	81671	-0,87	8,73E-03
KIAA0711	204301_at	NM_014867	NM_014867	9920	-0,87	4,26E-05
C21orf66	218515_at	NM_016631	NM_013329	94104	-0,87	2,26E-04
			NM_016631			
			NM_058191			
			NM_145328			
D4S234E	209569_x_at	NM_014392	NM_014392	27065	-0,87	6,40E-03
TJP2	202085_at	NM_004817	NM_004817	9414	-0,87	5,83E-04
			NM_201629			
MAN1A2	217282_at	AK001970	NM_006699	10905	-0,87	5,09E-03
C15orf17	224798_s_at	AI079857	NM_020447	57184	-0,87	5,80E-03
SLC20A2	231818_x_at	AK023965	NM_006749	6575	-0,87	8,22E-03
C14orf103	222840_at	H96715	NM_018036	55102	-0,87	2,43E-03
AFFX-BioC-3	AFFX-BioC-3_a	AFFX-BioC-3	---	---	-0,87	3,17E-05
MGLL	211026_s_at	BC006230	NM_001003794	11343	-0,87	3,12E-03
			NM_007283			
FZD6	203987_at	NM_003506	NM_003506	8323	-0,87	9,59E-03
AFFX-BioC-5	AFFX-BioC-5_a	AFFX-BioC-5	---	---	-0,87	1,11E-04
ENPP2	210839_s_at	D45421	NM_006209	5168	-0,87	1,49E-04
DKFZP564D166	231799_at	AK021886	XM_371074	26115	-0,87	1,88E-04
ANKRD20A	1569608_x_at	BC016022	NM_032250	440841	-0,87	2,10E-03
LOC440841			XM_496541	84210		
AW341304	237332_at	AW341304	---	---	-0,87	1,73E-03
USP36	224979_s_at	AU154368	NM_025090	57602	-0,87	8,89E-04
FLJ10980	225327_at	AB037791	NM_019600	56204	-0,87	3,59E-05
AI768374	228661_s_at	AI768374	---	---	-0,87	3,95E-04
CANX	200068_s_at	M94859	NM_001746	821	-0,87	7,71E-03
MED6	207078_at	NM_005466	NM_005466	10001	-0,87	9,36E-03
C3orf6	226713_at	AI247881	NM_174908	152137	-0,87	4,87E-03
			NM_178335			
DJ328E19,C1, 1	201104_x_at	NM_015383	NM_015383	200030	-0,87	9,45E-04
			NM_173638	25832		
LOC200030			NM_183372	284565		
MGC8902			XM_371384	440673		
AG1			XM_496394			
CARD14	240392_at	BF752351	NM_024110	79092	-0,87	6,29E-

ES 2 689 703 T3

			NM_052819			03
FKBP2	203391_at	NM_004470	NM_004470	2286	-0,86	6,91E-03
CBS	212816_s_at	BE613178	NM_057092 NM_000071	875	-0,86	6,44E-03
AI695743	244534_at	AI695743	---	---	-0,86	1,23E-04
NGLY1	220742_s_at	NM_018297	NM_018297	55768	-0,86	4,72E-04
H19	224997_x_at	AL575306	---	283120	-0,86	2,98E-03
DYRK1B	204954_s_at	NM_004714	NM_004714	9149	-0,86	6,27E-03
IDS	202439_s_at	NM_000202	NM_006483 NM_006484 NM_000202	3423	-0,86	1,14E-03
LOC284267	228453_at	AW004076	NM_006123 ---	284267	-0,86	6,01E-03
JUN	201466_s_at	NM_002228	NM_002228	3725	-0,86	6,35E-03
TRAP1	228929_at	AI341246	NM_016292	10131	-0,86	7,28E-03
TSC1	209390_at	AF013168	NM_000368	7248	-0,86	1,82E-03
MLR1	235970_at	AI807408	NM_00100856 7 NM_153686	254251	-0,86	7,89E-04
AI086530	217604_at	AI086530	---	---	-0,86	1,82E-03
DVL3	201908_at	NM_004423	NM_004423	1857	-0,86	2,67E-04
HIST1H3D	214522_x_at	NM_021065	NM_003530	8351	-0,86	4,36E-05
-HUMRGE/M10IUMRGE/M100K-HUMRGE/M100			---	---	-0,86	2,30E-03
TPP1	200742_s_at	BG231932	NM_000391	1200	-0,86	7,91E-03
TTC3	208664_s_at	AU131711	NM_00100189 4 NM_003316 NM_006605	7267	-0,86	7,07E-03
RFPL2	207227_x_at	NM_006605	NM_006605	10739	-0,86	3,03E-03
D4S234E	209570_s_at	BC001745	NM_014392	27065	-0,86	1,12E-04
LOC146174	230721_at	BF436957	NM_173501	146174	-0,86	5,19E-04
C9orf68	1554708_s_at	BC034293	NM_017985	55064	-0,86	1,35E-03
R3HDM	240503_at	AW274946	NM_015361	23518	-0,86	6,04E-03
SNCA	204467_s_at	NM_000345	NM_000345	6622	-0,85	9,17E-05
AK094546	1556205_at	AK094546	NM_007308 ---	---	-0,85	6,76E-04

ES 2 689 703 T3

KIAA1450	225924_at	AI478634	---	57600	-0,85	6,97E-03
SKP1A	200719_at	BE964043	NM_006930	6500	-0,85	3,06E-03
PGK1	228483_s_at	BE856250	NM_170679 NM_000291	5230	-0,85	2,17E-03
LOC200030	229447_x_at	N32025	NM_183372	200030	-0,85	8,99E-04
PRKCA	1560074_at	AL119889	NM_002737	5578	-0,85	1,54E-03
AI332346	225445_at	AI332346	---	---	-0,85	1,78E-03
COG1	231813_s_at	AV746580	NM_018714	9382	-0,85	1,02E-03
FLJ20203	219846_at	NM_025174	NM_032292	54856	-0,85	1,98E-03
GALNS	206335_at	NM_000512	NM_000512	2588	-0,85	9,33E-03
CASP9	203984_s_at	U60521	NM_001229	842	-0,85	1,05E-03
AU147777	232145_at	AU147777	NM_032996 XM_371506	388969	-0,85	7,96E-03
MGC52110	226039_at	AW006441	NM_001008215	493753	-0,85	9,51E-06
MACF1	208634_s_at	AB029290	NM_012090	23499	-0,85	2,09E-03
FLJ41603	227717_at	BF939317	NM_033044 NM_001001669	389337	-0,84	5,48E-03
FLJ12716	233558_s_at	AK023390	NM_021942	60684	-0,84	1,27E-03
BE676062	231249_at	BE676062	NM_199053 ---	---	-0,84	2,18E-03
KIAA0415	209913_x_at	AB007875	XM_166527	9907	-0,84	3,69E-03
PCAF	203845_at	AV727449	XM_379771 XM_499251 XM_499396 NM_003884	8850	-0,84	4,85E-03
MONDOA	211789_s_at	AF312918	NM_014938	22877	-0,84	4,65E-03
C6orf70	227656_at	AW968493	XM_376556	55780	-0,84	1,48E-03
PTPN21	226380_at	N21442	NM_007039	11099	-0,84	1,06E-03
PNMT	206793_at	NM_002686	NM_002686	5409	-0,84	2,71E-03
ALG5	218203_at	NM_013338	NM_013338	29880	-0,84	8,89E-03
LOC90110	226842_at	AV694039	---	90110	-0,84	5,28E-03
CYLD	39582_at	AL050166	NM_015247	1540	-0,84	4,04E-03
LOC150271	228658_at	R54042	---	150271	-0,84	6,95E-03
FER1L4	222245_s_at	AF218012	---	80307	-0,84	5,44E-

ES 2 689 703 T3

MECT1	213091_at	AB014516	NM_015321	23373	-0,84	05 2,37E-04
AL359605	227318_at	AL359605	NM_025021 ---	---	-0,84	4,99E-06
SH3GL2	205751_at	NM_003026	NM_003026	6456	-0,84	3,31E-04
MUC1	213693_s_at	AI610869	NM_002456	4582	-0,84	6,09E-04
RSHL2	223713_at	AF353618	NM_182741 NM_031924	83861	-0,84	3,80E-03
MRPS33	218654_s_at	NM_016071	NM_016071	51650	-0,83	2,36E-03
FBLP-1	1554795_a_at	BC019895	NM_053035 NM_017556	54751	-0,83	5,75E-03
XPOT	227117_at	AW242820	NM_007235	11260	-0,83	5,63E-03
ACRV1	206776_x_at	NM_001612	NM_001612	56	-0,83	7,51E-03
AI334297	225961_at	AI334297	NM_020069 NM_020107 NM_020108 NM_020109 NM_020110 NM_020111 NM_020113 NM_020114 NM_020115 ---	---	-0,83	5,29E-04
TMEM34	219074_at	NM_018241	NM_018241	55751	-0,83	1,81E-03
AI494500	241448_at	AI494500	---	---	-0,83	9,31E-04
LOC440160	239010_at	AI744280	XM_498571	440160	-0,83	6,65E-03
PPID	204186_s_at	AI014573	NM_005038	5481	-0,83	2,63E-04
PAK3	236277_at	H23551	NM_002578	5063	-0,83	1,34E-04
NPM1	221923_s_at	AA191576	NM_002520	4869	-0,83	5,74E-03
ProSAPiP1	204447_at	NM_014731	NM_199185 NM_014731	9762	-0,83	4,47E-04
NSMAF	232149_s_at	BF056507	NM_003580	8439	-0,83	6,67E-03
MGC21881	1555874_x_at	BC019880	NM_203448	389741	-0,83	1,97E-03
FLJ37953	241825_at	AI265967	NM_152382	129450	-0,83	2,38E-03
INPP5A	203006_at	NM_005539	NM_005539	3632	-0,83	5,00E-04
SLC25A16	210686_x_at	BC001407	NM_152707	8034	-0,83	2,87E-03
CBS	1553972_a_at	BC007257	NM_000071	875	-0,83	5,27E-03

ES 2 689 703 T3

KIAA0804	209553_at	BC001001	NM_00100992 1 NM_015303	23355	-0,83	9,90E-04
AW945538	239208_s_at	AW945538	---	---	-0,83	3,44E-04
AK021583	232931_at	AK021583	---	---	-0,82	4,13E-03
BDP1	224227_s_at	AF298152	NM_018429	55814	-0,82	4,88E-03
SPG7	214494_s_at	NM_005200	NM_003119	6687	-0,82	9,51E-03
ZNF599	1558390_at	BC033354	NM_199367 NM_00100724 7 NM_00100724 8	148103	-0,82	1,18E-03
FFX-r2-Ec-bioCFX-r2-Ec-bioC-5AFFX-r2-Ec-bioC-5			---	---	-0,82	2,81E-04
KIAA0690	1559127_x_at	BC042908	NM_015179	23223	-0,82	1,09E-04
KIAA1546	1569385_s_at	BC019007	XM_042301	57667	-0,82	3,51E-04
SSR4	201004_at	NM_006280	NM_006280	6748	-0,82	1,83E-03
TRIT1	218617_at	NM_017646	NM_017646	54802	-0,82	5,10E-05
MAPK10	204813_at	NM_002753	NM_002753	5602	-0,82	2,98E-03
CGI-119	219206_x_at	NM_016056	NM_138980 NM_138981 NM_138982 NM_016056	51643	-0,82	3,02E-03
GPRASP1	204793_at	NM_014710	NM_014710	9737	-0,82	2,03E-04
ARHGAP1	241419_at	AA709154	NM_004308	392	-0,82	2,43E-03
KIAA0934	212504_at	N31807	NM_014974	22982	-0,82	2,71E-04
LOC51619	240014_at	AI821720	NM_015983	51619	-0,82	7,64E-03
MEF2A	212535_at	AA142929	NM_005587	4205	-0,81	8,41E-04
AI859463	242111_at	AI859463	---	---	-0,81	3,79E-03
KLF15	231015_at	AW014734	NM_014079	28999	-0,81	3,05E-03
MGC8902	213612_x_at	AI800419	NM_173638	284565	-0,81	1,93E-03
AG1			XM_371384 XM_496394	440673		
FLJ10038	205511_at	NM_017976	---	55056	-0,81	1,24E-03
PCDHA2	210572_at	BC003126	NM_018905	56146	-0,81	3,16E-04
EYA1	214608_s_at	AJ000098	NM_031495 NM_031496 NM_000503 NM_172058	2138	-0,81	3,74E-03

ES 2 689 703 T3

CENTG1	229917_at	BE551002	NM_172059 NM_172060 NM_014770	116986	-0,81	1,70E-03
PLRG1	225194_at	NM_002669	NM_002669	5356	-0,81	2,39E-03
DUSP16	236511_at	AI798976	NM_030640	80824	-0,81	8,12E-03
LRRFIP1	201862_s_at	NM_004735	NM_004735	9208	-0,81	2,88E-04
AI393706	238944_at	AI393706	---	---	-0,81	3,70E-03
TNIP1	207196_s_at	NM_006058	NM_006058	10318	-0,81	3,18E-03
SYNCRIP	236146_at	BF593158	NM_006372	10492	-0,81	3,42E-03
TAS2R5	231757_at	NM_018980	NM_018980	54429	-0,81	1,10E-03
PABPC4	201064_s_at	NM_003819	NM_003819	8761	-0,81	1,63E-03
AW367380	236408_at	AW367380	---	---	-0,81	6,92E-03
C21orf127	234676_s_at	AK021678	NM_013240	29104	-0,81	6,83E-03
NM_018678	220494_s_at	NM_018678	NM_182749 ---	---	-0,81	9,98E-03
AF5Q31	232864_s_at	N59653	NM_014423	27125	-0,81	5,40E-03
LTB4R	216388_s_at	U33448	NM_181657	1241	-0,80	3,43E-03
ENPP2	209392_at	L35594	NM_006209	5168	-0,80	1,95E-05
SMURF2	205596_s_at	AY014180	NM_022739	64750	-0,80	2,21E-04
STS	243858_at	AA699970	NM_000351	412	-0,80	1,20E-03
KLHDC1	1552733_at	NM_172193	NM_172193	122773	-0,80	1,05E-03
ASTN2	215407_s_at	AK024064	NM_014010	23245	-0,80	2,08E-03
BQ008117	1556659_at	BQ008117	NM_198186 NM_198187 NM_198188 ---	---	-0,80	5,03E-03
FLJ10534	239042_at	AI282511	NM_018128	55720	-0,80	2,54E-03
RABL5	218785_s_at	NM_022777	NM_022777	64792	-0,80	2,32E-03
RNASET2	217983_s_at	NM_003730	NM_003730	8635	-0,80	7,39E-04
BTBD14B	215587_x_at	AK023891	NM_052876	112939	-0,80	3,30E-03
FALZ	232909_s_at	AU146870	NM_004459	2186	-0,80	7,77E-03
NEUGRIN	228541_x_at	AI049608	NM_182641 NM_016645	51335	-0,80	2,24E-03
UNC5B	213100_at	AA127885	NM_170744	219699	-0,80	6,29E-

ES 2 689 703 T3

LOC439987	229609_at	BF224281	XM_495841	439987	-0,80	03 7,79E-04
LOC439993 RPIP8	213439_x_at	AI197870	XM_498488 NM_006695	439993 10900	-0,80	3,47E-05
LOC285949	1563781_at	AK096687	---	285949	-0,80	3,61E-03
FLJ22313	236170_x_at	AI377423	NM_022373	64224	-0,80	5,62E-04
AQP3	39248_at	N74607	NM_004925	360	-0,80	4,75E-03
FALZ	209271_at	AB032251	NM_004459	2186	-0,80	9,58E-03
LOC440118	FX-M27830_M_AFFX-M27830_M		NM_182641 XM_498554	440118	-0,80	9,04E-04
ARF1	232175_at	AI972094	NM_001658	375	-0,80	1,30E-04
ERBB2	216836_s_at	X03363	NM_00100586 2	2064	-0,80	1,70E-04
LOC440823	227168_at	BF475488	NM_004448 XM_498878	440823	-0,80	8,41E-03
DUSP8	206374_at	NM_004420	NM_004420	1850	-0,80	9,45E-04
ARHGAP1	202117_at	BG468434	NM_004308	392	-0,79	5,77E-04
CYLD	221903_s_at	BE046443	NM_015247	1540	-0,79	4,50E-05
AFFX-BioDn-5	AFFX-BioDn-5_a	AFFX-BioDn-5	---	---	-0,79	2,95E-05
CARS	202402_s_at	NM_001751	NM_001751	833	-0,79	7,28E-03
ASTN2	209693_at	AF116574	NM_139273 NM_014010	23245	-0,79	9,79E-04
AK025546	232161_x_at	AK025546	NM_198186 NM_198187 NM_198188 ---	---	-0,79	4,20E-03
PTPRD	214043_at	BF062299	NM_002839	5789	-0,79	8,45E-03
ATP6V0A1	212383_at	AL096733	NM_130391 NM_130392 NM_130393 NM_005177	535	-0,79	9,12E-04
AIG1	223136_at	AF151861	NM_016108	51390	-0,79	8,00E-03
ANXA7	242027_at	AI732079	NM_001156	310	-0,79	8,52E-04
HDLBP	225012_at	BE378479	NM_004034 NM_005336	3069	-0,79	4,04E-04
C10orf51	231196_x_at	AI333226	NM_203346 ---	387644	-0,79	1,33E-05
WASL	227010_at	BF438330	NM_003941	8976	-0,79	1,01E-

ES 2 689 703 T3

RSNL2	226425_at	AU144247	NM_024692	79745	-0,79	4,96E-05
ATP9A	216129_at	AL117659	XM_030577	10079	-0,79	2,42E-04
AA888098	244426_at	AA888098	---	---	-0,79	7,13E-04
DYM	220774_at	NM_017653	NM_017653	54808	-0,79	1,83E-03
C2orf17	221983_at	AL040896	NM_024293	79137	-0,79	6,51E-03
MGC4618	223462_at	BC005158	NM_032326	84286	-0,78	2,33E-03
RSL1D1	212019_at	AK025446	NM_015659	26156	-0,78	3,44E-03
LOC200030	201103_x_at	BE299495	NM_173638	200030	-0,78	1,09E-03
MGC8902 AG1			NM_183372 XM_371384 XM_496394 NM_017883	284565 440673		
WDR13	222138_s_at	AF158978	NM_017883	64743	-0,78	1,22E-03
SERP1	200971_s_at	NM_014445	NM_014445	27230	-0,78	1,90E-03
KIAA1049	213311_s_at	BF000251	NM_014972	22980	-0,78	2,49E-03
BG502771	226397_s_at	BG502771	---	---	-0,78	2,83E-03
AI652868	225811_at	AI652868	---	---	-0,78	5,96E-03
AL559202	226458_at	AL559202	---	---	-0,78	8,12E-03
R15431	236440_at	R15431	---	---	-0,78	1,66E-05
SLC43A1	204394_at	NM_003627	NM_003627	8501	-0,78	3,44E-03
C18orf17	238480_at	AI871745	NM_153211	125488	-0,78	7,85E-04
C11orf31	228331_at	AA526939	NM_170746	280636	-0,78	1,80E-03
SLC9A3	226125_at	BF346665	NM_004174	6550	-0,78	1,02E-03
EPC2	225838_at	AK002010	NM_015630	26122	-0,78	1,65E-04
KIAA0934	212503_s_at	N22859	NM_014974	22982	-0,78	2,51E-04
EFHC1	231026_at	AW451135	NM_018100	114327	-0,78	9,28E-03
AA883831	244042_x_at	AA883831	---	---	-0,78	9,44E-03
NIN	225921_at	AL359571	NM_016350	51199	-0,78	1,33E-04
			NM_020921 NM_182944 NM_182945 NM_182946			
AW502656	240800_x_at	AW502656	---	---	-0,77	2,82E-05
SMYD2	212922_s_at	AI809870	NM_020197	56950	-0,77	4,17E-03

ES 2 689 703 T3

NDUFV3	226616_s_at	NM_021075	NM_001001503	4731	-0,77	3,48E-03
LSS	202245_at	AW084510	NM_021075 NM_001001438	4047	-0,77	1,95E-04
TTC3	208662_s_at	AI885338	NM_002340 NM_001001894	7267	-0,77	1,75E-04
IL10RB	209575_at	BC001903	NM_003316 NM_000628	3588	-0,77	1,78E-05
PLTP	202075_s_at	NM_006227	NM_006227	5360	-0,77	6,25E-03
ANKRD17	225852_at	BE463523	NM_182676 NM_032217	26057	-0,77	1,79E-05
LOC283981	232463_at	T77995	NM_198889 ---	283981	-0,77	9,63E-03
AI146751	242565_x_at	AI146751	---	---	-0,77	1,83E-03
GDF1	206397_x_at	NM_001492	NM_001492	10715	-0,77	1,04E-04
LASS1			NM_021267 NM_198207	2657		
FLJ10276	218004_at	NM_018045	NM_018045	55108	-0,77	1,60E-03
BF223556	229376_at	BF223556	---	---	-0,77	3,00E-03
KIAA1109	212779_at	AB029032	XM_371706	84162	-0,77	8,29E-04
AI983303	237877_at	AI983303	---	---	-0,77	2,54E-05
JMJD2A	203204_s_at	BC002558	NM_014663	9682	-0,77	5,29E-03
RBM8A	217856_at	AF182415	NM_005105	9939	-0,77	1,77E-03
FLJ12716	218179_s_at	NM_021942	NM_021942	60684	-0,77	4,05E-04
CGI-119	222845_x_at	AF161526	NM_199053 NM_016056	51643	-0,77	4,64E-05
BI520422	1559467_at	BI520422	---	---	-0,77	6,79E-03
AA134418	232150_at	AA134418	---	---	-0,77	3,88E-03
ZNF323	222016_s_at	AW086021	NM_030899	64288	-0,77	3,58E-03
GLG1	214730_s_at	AK025457	NM_145909 NM_012201	2734	-0,77	8,94E-05
AK024602	222207_x_at	AK024602	---	---	-0,76	4,03E-03
BE964222	226589_at	BE964222	---	---	-0,76	2,53E-04
GNAS	228173_at	AA810695	NM_000516	2778	-0,76	5,49E-03
			NM_016592 NM_080425 NM_080426			

ES 2 689 703 T3

MONDOA	225157_at	AW245631	NM_014938	22877	-0,76	3,06E-04
KIAA2010	215607_x_at	AU144530	NM_017936	55671	-0,76	3,17E-03
DJ328E19,C1,	226740_x_at	BF740216	NM_032560 NM_015383	200030	-0,76	1,09E-03
1			NM_173638	25832		
LOC200030			NM_183372	284565		
MGC8902			XM_371384	439928		
LOC439928			XM_496394	440673		
AG1			XM_498427			
LEAP-2	1552362_a_at	NM_052971	NM_052971	116842	-0,76	5,61E-03
BRUNOL4	238966_at	AA678985	NM_020180	56853	-0,76	8,60E-03
AA827878	223577_x_at	AA827878	---	---	-0,76	5,84E-03
CDKL1	244670_at	AI767697	NM_004196	8814	-0,76	4,97E-03
NALP1	218380_at	NM_021730	NM_014922	22861	-0,76	2,51E-03
			NM_033004 NM_033006 NM_033007			
MAN1B1	65884_at	AA631254	NM_016219	11253	-0,76	3,92E-04
GOSR2	235041_at	AW005457	NM_004287	9570	-0,76	9,63E-04
			NM_054022			
BI496583	1557675_at	BI496583	---	---	-0,76	7,35E-03
AA194266	238728_at	AA194266	---	---	-0,76	2,48E-03
EFEMP2	209356_x_at	AB030655	NM_016938	30008	-0,76	5,52E-03
NM_018705	220572_at	NM_018705	---	---	-0,76	3,25E-03
MGC2747	224712_x_at	AI656658	NM_024104	79086	-0,76	2,38E-04
PIK3R1	212239_at	AI680192	NM_181504	5295	-0,76	7,57E-03
			NM_181523 NM_181524			
RAB11B	34478_at	X79780	NM_004218	9230	-0,76	5,20E-04
FLJ23867	226706_at	BE301252	---	200058	-0,76	2,32E-03
NELF	221214_s_at	NM_015537	NM_015537	26012	-0,76	9,78E-05
MAP2K7	216206_x_at	BC005365	NM_145185	5609	-0,75	1,08E-03
FLJ43806	213752_at	BF111846	NM_201628	399563	-0,75	3,92E-03
CHMP1,5	218177_at	AA293502	NM_020412	57132	-0,75	3,04E-04
KNDC1	230359_at	N45097	NM_033404	85442	-0,75	6,69E-04
			NM_152643			
HNRPU	236244_at	AI458297	NM_004501	3192	-0,75	7,10E-

ES 2 689 703 T3

						03
C1orf50	62212_at	W37846	NM_031844 NM_024097	79078	-0,75	7,56E-04
KIAA0913	212359_s_at	W89120	NM_015037	23053	-0,75	2,87E-05
PPP2CA	215628_x_at	AL049285	NM_002715	5515	-0,75	2,81E-04
C6orf160	225155_at	BG339050	XM_499041	441164	-0,75	3,83E-03
CD151	204306_s_at	NM_004357	NM_004357	977	-0,75	1,69E-06
HLCS	209399_at	D87328	NM_139030 NM_000411	3141	-0,75	2,42E-04
AA017536	242270_at	AA017536	---	---	-0,75	2,11E-05
FLJ43663	215330_at	AL049991	XM_379520	378805	-0,75	1,78E-05
MRRF	225126_at	BF438352	XM_380146 NM_138777	92399	-0,75	5,23E-03
WNK1	211992_at	AI445745	NM_199176 NM_199177 NM_018979	65125	-0,75	3,85E-03
AI870959	244877_at	AI870959	---	---	-0,75	1,78E-03
LOC94431	216908_x_at	AF001549	NM_145237	94431	-0,75	2,16E-03
BG527339	226457_at	BG527339	---	---	-0,75	3,79E-03
AA928506	213750_at	AA928506	---	---	-0,74	4,38E-04
GP1BB	206655_s_at	NM_000407	NM_000407	2812	-0,74	4,60E-04
AA629075	236653_at	AA629075	---	---	-0,74	1,35E-04
TTC3	208661_s_at	AW510696	NM_00100189 4	7267	-0,74	1,79E-05
TNRC6C	227149_at	AB046802	NM_003316 NM_018996	57690	-0,74	5,66E-03
POFUT2	209578_s_at	BC000626	NM_015227	23275	-0,74	1,92E-03
CLDN12	223249_at	AL136770	NM_133634 NM_133635 NM_012129	9069	-0,74	2,31E-03
PICALM	239102_s_at	AW293296	NM_00100866 0	8301	-0,74	3,04E-03
SKIV2L	203727_at	NM_006929	NM_007166 NM_006929	6499	-0,74	4,08E-04
LOC125150	228719_at	BE645222	---	125150	-0,74	7,64E-03
AA026666	235611_at	AA026666	---	---	-0,74	3,78E-03
KIAA0323	212356_at	AB002321	NM_015299	23351	-0,74	1,24E-03

ES 2 689 703 T3

BC031035	1569503_at	BC031035	---	---	-0,74	1,39E-05
UNC5B	226899_at	AK022859	NM_170744	219699	-0,74	6,84E-03
KCNRG	239098_at	W68737	NM_173605	283518	-0,74	5,28E-03
DPCD	226009_at	AI129328	NM_199464 NM_015448	25911	-0,74	8,18E-03
LEPREL2	204854_at	NM_014262	NM_014262	10536	-0,74	3,69E-03
AW341225	1556690_s_at	AW341225	---	---	-0,74	1,25E-06
DPP7	224814_at	NM_013379	NM_013379	29952	-0,74	2,41E-04
GAS5	224841_x_at	BF316352	---	60674	-0,74	1,39E-03
TRIM8	223132_s_at	AF220034	NM_030912	81603	-0,73	1,24E-05
BF056548	232140_at	BF056548	XM_499148	441443	-0,73	8,09E-03
PPT2	208469_s_at	NM_030652	NM_005155	80864	-0,73	3,43E-03
EGFL8			NM_030652 NM_138717 NM_138934	9374		
SH3YL1	204019_s_at	NM_015677	NM_015677	26751	-0,73	4,63E-04
EXOSC6	227696_at	AI701408	NM_058219	118460	-0,73	1,43E-03
SNIP	232547_at	BF062187	NM_025248	80725	-0,73	8,20E-06
AL833564	1563638_at	AL833564	---	---	-0,73	4,87E-05
MACF1	208633_s_at	W61052	NM_012090	23499	-0,73	9,23E-04
CIB1	201953_at	NM_006384	NM_033044 NM_006384	10519	-0,73	5,74E-04
RAMP1	204916_at	NM_005855	NM_005855	10267	-0,73	1,63E-03
AA694209	229066_at	AA694209	---	---	-0,73	9,44E-03
NOTCH4	205247_at	AI743713	NM_004557	4855	-0,73	5,43E-03
BF000009	243952_at	BF000009	---	---	-0,73	9,42E-03
NR2F1	209506_s_at	BC004154	NM_005654	7025	-0,73	4,54E-03
LOC92154	1555894_s_at	AA829283	NM_138383	92154	-0,73	9,70E-03
C9orf94	229585_at	AI803088	NM_152702	206938	-0,73	2,44E-03
MAN1A2	217922_at	AL157902	NM_006699	10905	-0,73	1,21E-03
CGI-119	223892_s_at	AF182414	NM_016056	51643	-0,73	1,67E-03
STAF65(gamma	201836_s_at	AU154740	NM_014860	9913	-0,73	6,03E-03
PLXNA3	203623_at	AI675453	NM_017514	55558	-0,73	4,76E-

ES 2 689 703 T3

SPATA11	223318_s_at	BC004393	NM_032306	84266	-0,73	9,26E-04
BE674055	236109_at	BE674055	---	---	-0,73	8,42E-03
KIAA2026	228446_at	BF062203	XM_088551	158358	-0,73	2,23E-03
CLN3	210859_x_at	AF077973	NM_000086	1201	-0,72	4,13E-03
AW129145	238992_at	AW129145	---	---	-0,72	3,88E-03
LOC201158	1552377_s_at	NM_145301	NM_145301	201158	-0,72	2,76E-03
FLJ31265	228341_at	AI809108	NM_152395	131870	-0,72	1,87E-03
BF111169	230820_at	BF111169	---	---	-0,72	1,14E-04
D8S2298E	215983_s_at	D83768	NM_005671	7993	-0,72	6,50E-03
AI424847	243218_at	AI424847	---	---	-0,72	4,14E-03
PCDHA9	224212_s_at	AF169689	NM_014005	56134	-0,72	5,55E-04
PCDHAC2			NM_018898	56135		
PCDHAC1			NM_018899	56136		
PCDHA13			NM_018900	56137		
PCDHA12			NM_018901	56138		
PCDHA11			NM_018902	56139		
PCDHA10			NM_018903	56140		
PCDHA8			NM_018904	56141		
PCDHA7			NM_018905	56142		
PCDHA6			NM_018906	56143		
PCDHA5			NM_018907	56144		
PCDHA4			NM_018908	56145		
PCDHA3			NM_018909	56146		
PCDHA2			NM_018910	56147		
PCDHA1			NM_018911	9752		
			NM_031410			
			NM_031411			
			NM_031495			
RBM5	201394_s_at	U23946	NM_005778	10181	-0,72	2,11E-03
4FFX-BioDn-3	AFFX-BioDn-3_a	AFFX-BioDn-3	---	---	-0,72	1,31E-04
WBSCR16	1554409_at	BC040695	NM_030798	81554	-0,72	5,09E-04
			NM_148842			
SYNJ1	212990_at	AB020717	NM_003895	8867	-0,72	6,07E-05
			NM_203446			
C19orf2	222266_at	BF796940	NM_003796	8725	-0,72	1,36E-03
			NM_134447			
RAPGEF2	203097_s_at	NM_014247	XM_376350	9693	-0,72	7,01E-03
PQBP1	207769_s_at	NM_005710	NM_005710	10084	-0,72	2,58E-03
			NM_144494			
			NM_144495			
LOC162967	1555790_a_at	BC036301	NM_152681	162967	-0,72	3,31E-

ES 2 689 703 T3

						03
FLJ38482				201931		
EGFL4	214778_at	AB011541	NM_001410	1954	-0,72	3,38E-05
FLJ21148	219751_at	NM_024860	NM_024860	79918	-0,72	3,93E-04
KIAA0773	205368_at	NM_014690	NM_014690	9715	-0,72	3,08E-03
FBLP-1	1555480_a_at	AF459643	NM_017556	54751	-0,71	6,08E-03
PCDHA3	211870_s_at	AF152481	NM_018906	56145	-0,71	8,36E-04
			NM_031497			
ULK3	225067_at	AL117482	NM_015518	25989	-0,71	5,76E-04
ALS4	201965_s_at	NM_015046	NM_015046	23064	-0,71	1,86E-03
RASEF	243862_at	AW205358	NM_152573	158158	-0,71	2,57E-03
C16orf45	212736_at	BE299456	NM_033201	89927	-0,71	9,07E-06
PAK7	213990_s_at	BF056517	NM_020341	57144	-0,71	5,12E-03
			NM_177990			
SF3B3	200688_at	D13642	NM_012426	23450	-0,71	6,09E-04
BRSK1	1552504_a_at	NM_032430	NM_032430	84446	-0,71	8,13E-04
C14orf103	226684_at	AI217906	NM_018036	55102	-0,71	3,88E-03
SLC35E1	229410_at	AI659219	NM_024881	79939	-0,71	9,27E-04
NFYC	202215_s_at	NM_014223	NM_014223	4802	-0,71	1,98E-03
MRPL53	225523_at	AV726817	NM_053050	116540	-0,71	8,44E-04
C5orf14	220495_s_at	NM_024715	NM_024715	79770	-0,71	8,19E-03
RUFY1	218243_at	NM_025158	NM_025158	80230	-0,71	4,37E-04
C11orf11	214128_at	AB014559	NM_006133	747	-0,71	6,28E-03
ZNF404	239043_at	AA084273	XM_292765	342908	-0,71	6,01E-03
TTC3	208073_x_at	NM_003316	NM_001001894	7267	-0,71	3,39E-04
			NM_003316			
RNASET2	217984_at	NM_003730	NM_003730	8635	-0,71	8,81E-04
AI200555	228275_at	AI200555	---	---	-0,71	1,65E-03
NM_021031	220452_x_at	NM_021031	---	---	-0,71	1,15E-03
MGC16169	240269_at	BF590274	NM_033115	93627	-0,71	5,80E-03
BF590958	226243_at	BF590958	XM_372919	391356	-0,71	5,37E-05
RNF139	209510_at	AF064801	NM_007218	11236	-0,71	5,26E-04
CNOT4	210203_at	R64001	NM_001008225	4850	-0,71	8,35E-

ES 2 689 703 T3

			NM_013316			05
MCM3APAS	220459_at	NM_018118	---	114044	-0,70	3,02E-03
MGC42090	236705_at	AA017245	NM_152774	256130	-0,70	8,57E-03
KIAA2026	238490_at	BG109896	XM_088551	158358	-0,70	5,75E-03
SLC35E1	235035_at	BF342223	NM_024881	79939	-0,70	2,86E-03
KIAA0690	1559126_at	BC042908	NM_015179	23223	-0,70	2,78E-04
TIM14	225359_at	BF666961	NM_145261	131118	-0,70	5,32E-04
			NM_201259 NM_201260 NM_201261			
PHKA1	205450_at	NM_002637	NM_002637	5255	-0,70	2,40E-03
RNF13	201780_s_at	NM_007282	NM_007282	11342	-0,70	6,65E-03
			NM_183381 NM_183382 NM_183383 NM_183384			
CLASP2	212309_at	AV725315	NM_015097	23122	-0,70	9,41E-03
VPS11	203292_s_at	NM_021729	NM_021729	55823	-0,70	2,21E-03
AI791187	241724_x_at	AI791187	---	---	-0,70	4,52E-03
DCTN4	233490_at	AI985890	NM_016221	51164	-0,70	4,12E-03
LASS5	224951_at	BE348305	NM_147190	91012	-0,70	5,49E-04
SLC35E1	227518_at	AW051365	NM_024881	79939	-0,70	4,70E-03
SPPL3	224638_at	AI338356	NM_139015	121665	-0,70	2,98E-03
C11orf1	231530_s_at	BG150085	NM_022761	64776	-0,70	2,09E-04
RNF103	202636_at	NM_005667	NM_005667	7844	-0,69	5,99E-04
LOC134218	230893_at	AI223870	NM_194283	134218	-0,69	5,69E-03
C21orf59	218123_at	NM_017835	NM_017835	56683	-0,69	2,83E-04
			NM_021254 NM_031448			
C19orf12	227704_at	N21279	NM_031448	83636	-0,69	4,72E-03
ZF	213584_s_at	AI432137	NM_021212	58487	-0,69	2,28E-04
MGC4796	223852_s_at	BC005169	NM_032017	83931	-0,69	5,00E-03
C9orf112	225586_at	BF222775	NM_138778	92715	-0,69	2,74E-06
AK023354	222252_x_at	AK023354	---	---	-0,69	9,83E-04
AW873330	225674_at	AW873330	---	---	-0,69	9,10E-04

ES 2 689 703 T3

INSR	213792_s_at	AA485908	NM_000208	3643	-0,69	6,19E-03
C6orf111	212179_at	AW157501	NM_032870	25957	-0,69	2,41E-03
AY094612	1566887_x_at	AY094612	XM_499198	441699	-0,69	9,34E-03
ZNF275	225383_at	BF793625	XM_372267	10838	-0,68	4,76E-03
AA811371	238098_at	AA811371	---	---	-0,68	6,60E-03
RABGAP1L	203020_at	NM_014857	NM_014857	9910	-0,68	1,28E-04
ARHGEF2	235595_at	AW299534	NM_004723	9181	-0,68	2,77E-03
C6orf52	239417_x_at	AW103116	XM_371798	347744	-0,68	7,21E-05
DCL-1	232371_at	AU155401	NM_014880	9936	-0,68	4,13E-03
PPID	204185_x_at	NM_005038	NM_005038	5481	-0,68	1,13E-03
TP53	201746_at	NM_000546	NM_000546	7157	-0,68	6,97E-03
DHRX	225503_at	AL547782	NM_145177	207063	-0,68	8,56E-05
ATF6	226941_at	BF439325	NM_007348	22926	-0,68	1,77E-03
PIK3R1	212240_s_at	AI679268	NM_181504	5295	-0,68	2,27E-03
FFX-r2-Ec-bioDFX-r2-Ec-bioD-5AFFX-r2-Ec-bioD-5			NM_181523 NM_181524 ---	---	-0,68	7,51E-04
CCNL1	220046_s_at	NM_020307	NM_020307	57018	-0,68	5,67E-04
BC017431	1570087_at	BC017431	---	---	-0,68	5,92E-03
P29	202553_s_at	NM_015484	NM_015484	25949	-0,68	7,53E-03
KIAA0256	212451_at	N52532	NM_207170 NM_014701	9728	-0,68	2,25E-03
PPP3CA	202425_x_at	NM_000944	NM_000944	5530	-0,68	4,15E-03
QTRT1	221270_s_at	NM_031209	NM_031209	81890	-0,68	7,11E-04
C21orf2	203994_s_at	U84569	NM_004928	755	-0,67	4,72E-06
KCNAB1	210471_s_at	U33428	NM_003471	7881	-0,67	3,93E-03
ASB6	222524_s_at	AF151697	NM_172159 NM_172160 NM_017873	140459	-0,67	1,52E-04
BF438106	228045_at	BF438106	NM_177999 ---	---	-0,67	9,75E-03
NFYC	211797_s_at	U62296	NM_014223	4802	-0,67	5,31E-04
AI344253	238412_at	AI344253	---	---	-0,67	1,27E-03

ES 2 689 703 T3

ZNF551	211721_s_at	BC005868	NM_138347	90233	-0,67	3,58E-03
TETTRAN	209215_at	L11669	NM_001120	10227	-0,67	2,16E-05
C9orf60	202452_at	AI991574	NM_006336	10444	-0,67	7,13E-04
IGF2AS	220561_at	NM_016412	NM_016412	51214	-0,67	8,13E-03
ERO1L	225750_at	BE966748	NM_014584	30001	-0,67	2,29E-06
MGC16028	226196_s_at	AW827281	NM_052873	112752	-0,67	6,84E-03
KIF1A	225482_at	AL533416	NM_004321	547	-0,67	2,15E-03
CAMTA1	213268_at	Z98884	NM_015215	23261	-0,67	4,84E-03
MAPT	203930_s_at	NM_016835	NM_005910	4137	-0,67	2,43E-03
			NM_016834			
			NM_016835			
			NM_016841			
MGC8721	200847_s_at	NM_016127	NM_016127	51669	-0,67	2,91E-03
LOC158563	226274_at	AK025562	---	158563	-0,67	3,76E-04
MAN1B1	218636_s_at	NM_016219	NM_016219	11253	-0,67	1,77E-05
SFRS7	213649_at	AA524053	NM_006276	6432	-0,67	7,31E-05
AK024117	234969_s_at	AK024117	---	---	-0,67	8,03E-04
AF336878	211454_x_at	AF336878	---	---	-0,67	4,04E-03
SPTBN1	212071_s_at	BE968833	NM_003128	6711	-0,67	1,01E-04
			NM_178313			
PCBD1	203557_s_at	NM_000281	NM_000281	5092	-0,67	1,83E-04
			NM_00100193			
			9			
CNOT6L	227119_at	BF103856	NM_144571	246175	-0,67	7,28E-04
SLC19A1	229489_at	AI681043	NM_003056	6573	-0,67	1,83E-03
			NM_194255			
C11orf1	222785_x_at	AJ250229	NM_022761	64776	-0,67	1,97E-04
ACOX1	227962_at	BF435852	NM_004035	51	-0,67	9,83E-03
			NM_007292			
VGLL4	214004_s_at	AI806207	NM_014667	9686	-0,67	1,59E-04
FBXL6	219189_at	NM_024555	NM_012162	26233	-0,67	5,47E-04
			NM_024555			
EIF3S9	242550_at	AA628539	NM_003751	8662	-0,67	2,25E-03
			NM_182712			
CYHR1	223421_at	BC005073	NM_032687	50626	-0,67	2,86E-03

ES 2 689 703 T3

PQBP1	214527_s_at	AB041836	NM_005710	10084	-0,67	7,86E-03
			NM_144494 NM_144495			
AA813998	235837_at	AA813998	---	---	-0,67	9,41E-03
MYST4	211874_s_at	AF119230	NM_012330	23522	-0,66	1,12E-03
CXXC5	233955_x_at	AK001782	NM_016463	51523	-0,66	8,92E-03
LOC54499	208715_at	BF002031	NM_019026	54499	-0,66	3,49E-04
LOC286437	229531_at	AW182938	---	286437	-0,66	9,60E-03
LOC283970	221992_at	AI925734	XM_498469	283970	-0,66	7,97E-05
PPT2	209826_at	AF020544	NM_005155	9374	-0,66	6,89E-03
			NM_138717 NM_138934 NM_018970			
GPR85	234303_s_at	AL161959		54329	-0,66	2,74E-03
KIAA0350	242728_at	AA705118	NM_015226	23274	-0,66	8,55E-03
C18orf23	230143_at	BF433220	NM_152470	147341	-0,66	6,22E-03
LOC493856	226689_at	AI749451	NM_001008388	493856	-0,66	3,86E-04
L1CAM	204584_at	AI653981	NM_000425	3897	-0,66	3,46E-03
			NM_024003 NM_001456			
FLNA	214752_x_at	AI625550		2316	-0,66	5,06E-03
CSNK1G1	220640_at	NM_022048	NM_001011664	53944	-0,66	7,24E-03
			NM_022048 NM_017914			
C19orf24	221587_s_at	BC000890		55009	-0,66	1,58E-03
KIF5C	203130_s_at	NM_004522	XM_377774	3800	-0,66	3,64E-03
CNOT4	210867_at	AF180475	NM_001008225	4850	-0,66	2,10E-03
			NM_013316 NM_033210			
ZNF502	229532_at	AI056364		91392	-0,66	4,74E-03
PCDHA9	210674_s_at	AF152308	NM_014005	56134	-0,66	1,36E-03
PCDHAC2			NM_018898	56135		
PCDHAC1			NM_018899	56136		
PCDHA13			NM_018900	56137		
PCDHA12			NM_018901	56138		
PCDHA11			NM_018902	56139		
PCDHA10			NM_018903	56140		
PCDHA8			NM_018904	56141		
PCDHA7			NM_018905	56142		
PCDHA6			NM_018906	56143		
PCDHA5			NM_018907	56144		
PCDHA4			NM_018908	56145		
PCDHA3			NM_018909	56146		
PCDHA2			NM_018910	56147		

ES 2 689 703 T3

PCDHA1			NM_018911 NM_031410 NM_031411 NM_031495 NM_005540	9752		
INPP5B	213804_at	AI039084		3633	-0,66	6,73E-03
RNF41	201962_s_at	NM_005785	NM_005785	10193	-0,66	3,92E-04
MLL2	227528_s_at	AI394529	NM_194358 NM_194359 NM_003482	8085	-0,66	1,08E-03
EPC1	223875_s_at	AF277374	NM_025209	80314	-0,66	6,07E-03
CLCN5	232127_at	AK021494	NM_000084	1184	-0,66	4,77E-03
BE549909	228172_at	BE549909	---	---	-0,66	4,49E-03
DTX3	49049_at	N92708	NM_178502	196403	-0,66	9,76E-03
AA491228	242176_at	AA491228	---	---	-0,66	3,24E-03
USP16	222616_s_at	AI806796	NM_00100199 2	10600	-0,66	3,36E-03
FLJ10824	212370_x_at	AL080183	NM_006447 NM_001005751	387680	-0,66	2,44E-04
LOC387680				55747		
NFX1	1553103_at	NM_147134	XM_290482 NM_002504	4799	-0,66	5,66E-04
MAPRE3	203841_x_at	BG222594	NM_147133 NM_147134 NM_012326	22924	-0,66	1,69E-04
AW025023	228503_at	AW025023	---	---	-0,66	6,46E-03
EIF4G3	201935_s_at	AI768122	NM_003760	8672	-0,65	2,11E-03
KIAA1223	225731_at	BF196876	XM_048747	57182	-0,65	2,55E-03
RUFY1	233380_s_at	AA429145	NM_025158	80230	-0,65	2,87E-03
TMEM43	222418_s_at	AA115485	NM_024334	79188	-0,65	6,70E-03
SCMH1	221216_s_at	NM_012236	NM_012236	22955	-0,65	1,81E-06
NSMAF	203269_at	NM_003580	NM_003580	8439	-0,65	4,56E-03
TPP1	200743_s_at	NM_000391	NM_000391	1200	-0,65	7,89E-04
BSCL2	208906_at	BC004911	NM_032667	26580	-0,65	1,19E-03
SNCA	204466_s_at	BG260394	NM_000345	6622	-0,65	3,00E-06
AW452971	231152_at	AW452971	NM_007308 ---	---	-0,65	2,61E-03
YWHAZ	214848_at	U79277	NM_003406	7534	-0,65	2,64E-04

ES 2 689 703 T3

MANSC1	220945_x_at	NM_018050	NM_145690 NM_018050	54682	-0,65	8,05E-04
SELT	225561_at	BF692332	NM_016275	51714	-0,65	1,05E-03
CHD2	228999_at	AW514564	NM_001271	1106	-0,65	1,05E-04
AI458020	238026_at	AI458020	---	---	-0,65	6,28E-04
MGC35048	216135_at	AK000122	NM_153208	124152	-0,65	3,59E-03
AI937687	232218_at	AI937687	---	---	-0,65	1,85E-03
PSENN	218302_at	NM_018468	NM_172341	55851	-0,65	3,74E-03
LEMD3	218604_at	NM_014319	NM_014319	23592	-0,65	8,61E-05
KIAA0368	212427_at	AB002366	XM_036708	23392	-0,65	3,72E-04
CTSB	213275_x_at	W47179	NM_001908	1508	-0,65	8,91E-03
USP32	244871_s_at	AW268357	NM_147780 NM_147781 NM_147782 NM_147783 NM_032582	84669	-0,65	2,06E-03
GAS5	224741_x_at	BG329175	---	60674	-0,65	2,74E-03
ATP13A1	218052_s_at	NM_020410	NM_020410	57130	-0,65	1,62E-03
AA973100	230725_at	AA973100	---	---	-0,65	1,61E-03
MBD3	222183_x_at	AL390153	NM_003926	283579	-0,64	1,72E-03
FLJ25976 CD248	219025_at	NM_020404	NM_174943 NM_020404	53615 57124	-0,64	8,85E-04
PERQ1	228755_at	NM_022574	NM_022574	64599	-0,64	4,85E-03
FLJ10618	237741_at	AW514168	NM_018155	55186	-0,64	7,33E-03
TGFBRAP1	205210_at	NM_004257	NM_004257	9392	-0,64	3,31E-03
SNAP91	204953_at	NM_014841	NM_014841	9892	-0,64	7,24E-03
AI631833	227396_at	AI631833	---	---	-0,64	8,39E-03
MICAL2	212472_at	BE965029	NM_014632	9645	-0,64	2,60E-04
KIAA0592	211068_x_at	BC006456	NM_015262	253725	-0,64	1,32E-03
RBM8A	213852_at	BG289199	NM_005105	9939	-0,64	9,90E-03
TMAP1	227326_at	BE966768	NM_00100852 8 NM_00100852 9	439921	-0,64	8,06E-03
MRPL1	223154_at	AF212225	NM_198530 NM_020236	65008	-0,64	1,18E-

ES 2 689 703 T3

IDS	1559136_s_at	AU140213	NM_000202	3423	-0,64	1,45E-03
TRIM8	221012_s_at	NM_030912	NM_006123 NM_030912	81603	-0,64	3,17E-04
C1orf27	222720_x_at	W72877	NM_017847	54953	-0,64	2,02E-04
TPP1	214196_s_at	AA602532	NM_000391	1200	-0,64	2,31E-03
PMS2L2	215412_x_at	AB017007	NM_002679	5380	-0,64	9,44E-03
PTEN	225363_at	AK024986	NM_000314	5728	-0,64	4,41E-03
C15orf24	217898_at	NM_020154	NM_020154	56851	-0,64	1,32E-03
SELT	217811_at	NM_016275	NM_016275	51714	-0,64	1,82E-04
URB	225242_s_at	AW303375	NM_199511	151887	-0,64	6,81E-03
EFHC1	219833_s_at	NM_018100	NM_199512 NM_018100	114327	-0,64	1,22E-03
AW970002	235660_at	AW970002	---	---	-0,64	4,41E-03
C14orf43	225980_at	AV740879	NM_194278	91748	-0,64	1,54E-03
DKFZP564J102	214890_s_at	AL080065	NM_00100665 5	25854	-0,63	7,10E-03
STARD7	236484_at	AW850611	NM_015398 NM_020151	56910	-0,63	1,49E-04
AW519141	227444_at	AW519141	NM_139267 ---	---	-0,63	1,87E-03
TTC3	210645_s_at	D83077	NM_00100189 4	7267	-0,63	2,39E-03
SCN3B	204722_at	AW007335	NM_003316 NM_018400	55800	-0,63	5,01E-05
ATF6	217550_at	AA576497	NM_007348	22926	-0,63	5,13E-03
OFD1	203569_s_at	NM_003611	NM_003611	8481	-0,63	4,46E-04
ITPK1	210740_s_at	AF279372	NM_014216	3705	-0,63	7,31E-04
CCNDBP1	223084_s_at	AF246144	NM_012142	23582	-0,63	1,14E-04
BEX2	224367_at	AF251053	NM_037370 NM_032621	84707	-0,63	5,01E-03
KIAA1387	226230_at	AA541716	NM_020463	57223	-0,63	8,30E-03
DND1	222070_at	AW090043	NM_194249	373863	-0,63	9,36E-03
MLL2	227527_at	AI394529	NM_003482	8085	-0,63	6,88E-03
C5orf14	227873_at	BE547587	NM_024715	79770	-0,63	3,10E-03
TMED4	224680_at	AL539253	NM_182547	222068	-0,63	6,32E-

ES 2 689 703 T3

MTMR1	216095_x_at	AF057354	NM_003828	8776	-0,63	04 7,62E-03
MAP3K12	205448_s_at	NM_006301	NM_176789 NM_006301	7786	-0,63	1,84E-03
KIAA0276	243691_at	AA150455	NM_015115	23142	-0,63	1,60E-03
AV736334	237561_x_at	AV736334	---	---	-0,63	5,35E-03
LOC148189	235191_at	BE780373	---	148189	-0,63	7,40E-03
FBXL2	214436_at	AF176518	NM_012157	25827	-0,63	6,41E-03
HT036	223769_x_at	AF284750	NM_031207	81888	-0,63	1,42E-04
MLX	217910_x_at	NM_013383	NM_170607	6945	-0,62	8,02E-03
C5orf5	218518_at	NM_016603	NM_198204 NM_198205 NM_016603	51306	-0,62	3,54E-03
AI652919	230581_at	AI652919	---	---	-0,62	3,52E-03
BF196255	229921_at	BF196255	---	---	-0,62	4,55E-03
KCNF1	210263_at	AF029780	NM_002236	3754	-0,62	7,86E-03
LKAP	202386_s_at	NM_019081	NM_014647	9665	-0,62	2,93E-05
AU151222	227526_at	AU151222	NM_019081 ---	---	-0,62	1,49E-04
ZNF266	214686_at	AA868898	NM_006631	10781	-0,62	3,90E-03
MAGI-3	226770_at	AI692181	NM_198058 NM_020965	260425	-0,62	8,14E-04
HNRPR	208765_s_at	NM_005826	NM_152900 NM_005826	10236	-0,62	1,26E-03
TSTA3	36936_at	U58766	NM_003313	7264	-0,62	6,42E-03
AK001513	233642_s_at	AK001513	---	---	-0,62	2,84E-04
OGT	212307_s_at	BF001665	NM_003605	8473	-0,62	2,58E-03
POMT2	225560_at	AK023804	NM_181672 NM_181673 NM_013382	29954	-0,62	4,78E-03
KIAA1340	225732_at	AU146850	NM_020782	57542	-0,62	5,78E-03
FLJ21148	1554555_a_at	BC022451	NM_024860	79918	-0,61	3,94E-04
ZFX	229022_at	AI745209	NM_003410	7543	-0,61	5,57E-03
GPR56	212070_at	AL554008	NM_005682	9289	-0,61	6,44E-03
			NM_201524			

ES 2 689 703 T3

BBS7	235007_at	AI683802	NM_201525 NM_018190	55212	-0,61	9,30E-03
EIF2C4	227930_at	AI669957	NM_176824 NM_017629	192670	-0,61	7,32E-03
FLJ13868	222190_s_at	BC000822	NM_022744	64755	-0,61	6,09E-03
AI524240	238863_x_at	AI524240	---	---	-0,61	5,90E-03
AI140364	221740_x_at	AI140364	XM_373737	388397	-0,61	5,62E-03
PR01853	220943_s_at	NM_018607	NM_018607	55471	-0,61	4,64E-04
FLJ20850	51200_at	AI744084	NM_144736 NM_017967	55049	-0,61	7,02E-05
TGDS	237346_at	AA976208	NM_014305	23483	-0,61	7,82E-03
COMMD10	240595_at	AA928078	NM_016144	51397	-0,61	3,63E-04
FLJ31340	235301_at	AI797353	NM_152748	222223	-0,61	4,73E-04
C2orf17	221984_s_at	AL040896	NM_024293	79137	-0,61	7,61E-03
VPS54	222627_at	AK002205	NM_00100573 9	51542	-0,61	8,85E-03
WDR9	225446_at	AI638279	NM_016516 NM_00100724 6	54014	-0,61	6,06E-03
LOC157697	227016_at	AA767385	NM_018963 NM_033656 NM_207332	157697	-0,61	8,34E-03
SLC35E1	79005_at	AA504646	NM_024881	79939	-0,61	2,09E-03
RFX1	226786_at	BF507952	NM_002918	5989	-0,61	1,11E-03
MDS028	220589_s_at	NM_018463	NM_018463	55846	-0,61	4,18E-04
RNF111	241413_at	W80457	NM_017610	54778	-0,61	4,93E-03
RPL10	221989_at	AW057781	NM_006013	6134	-0,61	8,66E-03
NR1H2	218215_s_at	NM_007121	NM_007121	7376	-0,61	3,22E-05
TSPYL2	218012_at	NM_022117	NM_022117	64061	-0,61	4,00E-03
COG7	213190_at	R61519	NM_153603	91949	-0,60	1,96E-03
NM_018507	219599_at	NM_018507	---	---	-0,60	7,03E-03
ZNF638	213775_x_at	AI357871	NM_014497	27332	-0,60	9,27E-03
ABCD4	203981_s_at	AL574660	NM_005050	5826	-0,60	1,48E-04
			NM_020323 NM_020324 NM_020325 NM_020326			

ES 2 689 703 T3

MKLN1	243959_at	N35099	NM_013255	4289	-0,60	8,87E-04
FFX-r2-Ec-bioDFX-r2-Ec-bioD-3AFFX-r2-Ec-bioD-5			---	-	-0,60	1,47E-03
KIAA1277	53991_at	AA127623	NM_015689	27147	-0,60	1,38E-03
RAB11B	217793_at	AL575337	NM_004218	9230	-0,60	8,56E-04
KRTCAP3	235148_at	BF680458	NM_173853	200634	-0,60	6,87E-03
ILVBL	210624_s_at	BC000109	NM_006844	10994	-0,60	9,87E-03
CACNB1	210185_at	AB054985	NM_176826 NM_000723	782	-0,60	3,90E-04
ZFYVE28	1569369_at	BC035793	NM_199247 NM_199248 NM_020972	57732	-0,60	2,58E-05
C21orf127	220311_at	NM_013240	NM_013240	29104	-0,60	3,00E-03
SNAPC3	229712_at	AI066599	NM_182749 NM_003084	6619	-0,60	8,08E-04
JAM3	212813_at	AA149644	NM_032801	83700	-0,60	2,27E-05
KPNA1	202057_at	BC002374	NM_002264	3836	-0,60	8,33E-03
HEL308	1554342_s_at	BC011863	NM_133636	113510	-0,60	9,43E-03
ET	221192_x_at	NM_024311	NM_024311	79157	-0,60	2,02E-03
SNRPB2	1561965_at	BE466925	NM_003092	6629	-0,60	2,74E-03
MLL	212080_at	AV714029	NM_198220 NM_005933	4297	-0,60	4,11E-03
FAIM2	203618_at	AB023167	NM_012306	23017	-0,60	3,14E-03
RASA2	230669_at	W38444	NM_006506	5922	-0,59	4,05E-03
GRIK5	214966_at	S40369	NM_002088	2901	-0,59	4,00E-03
PARP6	234710_s_at	AK021790	NM_020213	56965	-0,59	2,29E-04
DXYS155E	203624_at	NM_005088	NM_020214 NM_005088	8227	-0,59	9,05E-03
DUSP3	201536_at	AL048503	NM_004090	1845	-0,59	5,91E-03
FLJ10324	223693_s_at	AL136731	NM_018059	55698	-0,59	4,22E-04
KATNB1	203163_at	NM_005886	NM_005886	10300	-0,59	1,72E-03
C12orf10	218220_at	NM_021640	NM_021640	60314	-0,59	4,83E-03
SCN3B	204723_at	AB032984	NM_018400	55800	-0,59	5,81E-04
IL17D	227401_at	BE856748	NM_138284	53342	-0,59	5,23E-04

ES 2 689 703 T3

TUSC3	209228_x_at	U42349	NM_006765	7991	-0,59	8,59E-05
ATP6AP1	207809_s_at	NM_001183	NM_178234 NM_001183	537	-0,59	3,60E-03
DKFZP564D166	224952_at	BF115054	XM_371074	26115	-0,59	7,36E-06
SFRS5	203380_x_at	NM_006925	NM_006925	6430	-0,59	3,73E-03
MRX85	225867_at	BE741869	NM_138440	114990	-0,59	2,02E-03
SBF2	226169_at	AW276572	NM_030962	81846	-0,59	9,95E-04
CDC16	209658_at	AF164598	NM_003903	8881	-0,59	7,37E-03
LOC493856	226686_at	AI188518	NM_001008388	493856	-0,59	3,94E-03
LAMB2	216264_s_at	X79683	NM_002292	3913	-0,59	5,67E-03
FLJ10826	225110_at	AK024314	NM_018233	55239	-0,59	4,75E-03
TLOC1	208942_s_at	BE866511	NM_003262	7095	-0,59	2,74E-03
VPS24	222436_s_at	AF219226	NM_00100575 3	51652	-0,59	9,34E-04
ECE2	230706_s_at	AI084921	NM_016079 NM_014693	9718	-0,59	5,56E-04
ZNF292	212368_at	AA972711	XM_048070	23036	-0,59	8,05E-04
AK022413	233658_at	AK022413	---	---	-0,59	7,17E-03
FLNA	200859_x_at	NM_001456	NM_001456	2316	-0,59	6,02E-03
TIGD1	1553099_at	NM_145702	NM_145702	200765	-0,59	5,58E-03
HUMPPA	213230_at	AI422335	NM_014603	30850	-0,59	2,36E-04
NUDT13	214136_at	W80642	NM_015901	25961	-0,58	8,37E-03
NMT2	215069_at	AK025065	NM_004808	9397	-0,58	5,28E-03
LOC51255	223064_at	AF151072	NM_016494	51255	-0,58	8,47E-04
NPD014	209007_s_at	AF267856	NM_020317	57035	-0,58	6,29E-03
DGKD	208072_s_at	NM_003648	NM_207035 NM_003648	8527	-0,58	5,37E-04
FLJ10824	212929_s_at	W68158	NM_152879 NM_00100575 1	387680	-0,58	9,32E-03
LOC387680			XM_290482	55747		
AL049985	215507_x_at	AL049985	---	---	-0,58	4,06E-03
PCNXL2	1554256_a_at	BC008300	NM_014801	80003	-0,58	9,20E-03
MGC54289	225228_at	AI474054	NM_024938 NM_178454	128338	-0,58	2,51E-

ES 2 689 703 T3

FBXL14	213145_at	BF001666	NM_152441	144699	-0,58	04 2,17E-03
TFG	239385_at	AI150613	NM_00100756 5	10342	-0,58	1,31E-03
MACF1	215222_x_at	AK023406	NM_006070 NM_012090	23499	-0,58	6,16E-03
AW268719	236798_at	AW268719	NM_033044 ---	---	-0,58	1,80E-04
BRUNOL6	227775_at	BE467313	NM_052840	60677	-0,58	7,34E-03
CLN3	209275_s_at	AF015593	NM_000086	1201	-0,58	5,20E-04
CKLFSF3	224733_at	AL574900	NM_144601	123920	-0,58	6,40E-04
DSCR1	208370_s_at	NM_004414	NM_181553 NM_181554 NM_181555 NM_004414	1827	-0,58	2,94E-03
PFDN5	210908_s_at	AB055804	NM_203417 NM_203418 NM_002624	5204	-0,58	9,12E-04
AA206016	228191_at	AA206016	NM_145896 NM_145897 ---	---	-0,58	2,94E-03
IDS	212221_x_at	AV703259	NM_000202	3423	-0,58	7,55E-06
ZNF295	225539_at	AP001745	NM_006123 NM_020727	49854	-0,58	4,67E-03
AW292996	236330_at	AW292996	---	---	-0,58	3,90E-03
LOC253982	214993_at	AF070642	NM_181718	253982	-0,58	6,71E-04
USP24	212388_at	AB028980	NM_198907 XM_371254	23358	-0,58	1,07E-03
AW237752	229699_at	AW237752	---	---	-0,58	7,54E-03
UNQ1912	226752_at	AI816071	NM_198507	345757	-0,58	1,56E-03
PHC1	225958_at	AI554106	NM_004426	1911	-0,58	2,64E-03
PAN3	225563_at	AI970788	NM_175854	255967	-0,58	1,42E-04

Tabla 9. Expresión génica incrementada en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular SiMa en estado no diferenciado utilizando análisis de micromatrices

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
DAZ1	208282_x_at	NM_020363	NM_00100537 5	1617	6,15	6,22E-05
DAZ3			NM_00100578 5	57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
BF476109	1556300_s_at	BF476109	---	---	6,07	4,58E-08
DAZ1	207909_x_at	U21663	NM_00100537 5	1617	6,03	3,64E-05
DAZ3			NM_00100578 5	57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
TIMP3	201147_s_at	BF347089	NM_000362	7078	5,78	9,00E-07
LUM	201744_s_at	NM_002345	NM_002345	4060	5,28	9,11E-07
SIM1	206876_at	AL121948	NM_005068	6492	5,13	3,40E-06
TIMP3	201149_s_at	U67195	NM_000362	7078	5,09	4,07E-05
CXCR4	209201_x_at	L01639	NM_00100854 0	7852	4,91	1,18E-03
			NM_003467			
GRP	206326_at	NM_002091	NM_002091	2922	4,77	1,84E-06
MGC24103	232568_at	AU145658	---	158295	4,71	1,34E-05
CXCR4	211919_s_at	AF348491	NM_00100854 0	7852	4,65	1,78E-03
			NM_003467			
KCTD12	212192_at	AI718937	NM_138444	115207	4,61	1,59E-05
DAZ1	207912_s_at	NM_004081	NM_00100537 5	1617	4,39	5,11E-04
DAZ3			NM_00100578 5	57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
DAZ1	216922_x_at	AF271088	NM_00100537 5	1617		4,72E-05

ES 2 689 703 T3

DAZ3	x_at			57054		04
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4				57135		
			NM_00100578 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
DAZ1	208281_x_at	NM_020364		1617	4,30	3,22E-04
DAZ3			NM_00100537 5	57054		
DAZ2				57055		
DAZ4			NM_00100578 5	57135		
			NM_00100578 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
PTPRE	221840_at	AA775177	NM_006504	5791	4,28	4,00E-07
			NM_130435			
AF086027	1559697_a_at	AF086027	---	---	4,28	1,11E-04
BNC2	233036_at	AU146418	NM_017637	54796	4,20	2,05E-04
H99792	225710_at	H99792	---	---	4,20	1,70E-06
DKFZp667G211	214030_at	BE501352	XM_376254	131544	4,19	1,81E-09
AL049260	216518_at	AL049260	---	---	4,16	8,81E-04
AU144918	233858_at	AU144918	---	---	4,15	1,87E-05
GPC6	233090_at	AU144140	NM_005708	10082	4,08	1,76E-03
TIMP3	201150_s_at	NM_000362	NM_000362	7078	4,04	7,75E-05
ALCAM	240655_at	BE502785	NM_001627	214	3,98	1,71E-04
SSBP2	1557813_at	BF724621	NM_012446	23635	3,98	1,18E-03
C1orf1	233306_at	AK021509	---	711	3,97	8,32E-06
ARHGAP6	206167_s_at	NM_001174	NM_001174	395	3,91	9,85E-05
			NM_006125			
			NM_013422			
			NM_013423			
			NM_013427			
TFPI2	209278_s_at	L27624	NM_006528	7980	3,87	1,53E-06
AL049337	215768_at	AL049337	---	---	3,87	3,23E-03
FLJ39639	243547_at	BE176531	XM_370932	283876	3,83	3,19E-04
KIAA1944	236377_at	AW166133	NM_133448	121256	3,80	2,79E-03
AF086027	1559696_at	AF086027	---	---	3,77	3,26E-05

ES 2 689 703 T3

VIP	206577_ at	NM_003381	NM_003381	7432	3,72	1,05E-03
CCDC3	223316_ at	AL136562	NM_194435 NM_031455	83643	3,72	8,39E-06
POLQ	207746_ at	NM_014125	NM_006596	10721	3,54	1,20E-04
SLAC2-B	214734_ at	AB014524	NM_199420 NM_015065	23086	3,53	2,59E-03
GPC6	232453_ at	AF339813	NM_005708	10082	3,52	8,95E-04
MBNL1	241681_ at	AW296451	NM_021038	4154	3,50	2,40E-03
			NM_207292 NM_207293 NM_207294 NM_207295 NM_207296 NM_207297			
EML4	233940_ at	AK022801	NM_019063	27436	3,49	4,67E-03
AW974642	1558410 s_at	AW974642	XM_499534	442612	3,49	1,47E-03
RGS5	1555725 a_at	AF493929	NM_003617	8490	3,47	3,83E-03
TIMP3	201148_ s_at	AW338933	NM_000362	7078	3,46	9,21E-03
AI939547	243004_ at	AI939547	---	---	3,45	6,37E-03
SLITRK5	214930_ at	AW449813	NM_015567	26050	3,42	1,80E-05
GFRA2	205722_ s_at	NM_001495	NM_001495	2675	3,38	1,70E-03
RGS5	209070_ s_at	AI183997	NM_003617	8490	3,32	3,17E-03
EML1	204797_ s_at	NM_004434	NM_00100870 7	2009	3,29	2,09E-04
			NM_004434 NM_012304			
FBXL7	241457_ at	AI821935	NM_012304	23194	3,27	1,14E-03
PLK2	201939_ at	NM_006622	NM_006622	10769	3,27	1,65E-06
NEGR1	243357_ at	AA115106	NM_173808	257194	3,26	2,19E-06
ELOVL7	227180_ at	AW138767	XM_371740	79993	3,26	3,23E-03
SPAG6	210033_ s_at	AF079363	NM_012443	9576	3,23	3,60E-05
			NM_172242 NM_173646			
FLJ39660	1553459 at	NM_173646	NM_173646	284992	3,22	5,48E-03
NEDD9	202150_ s_at	U64317	NM_006403	4739	3,22	1,70E-04
			NM_182966 NM_015009			
PDZRN3	233442_ at	AU147500	NM_015009	23024	3,21	2,82E-05
TRIM29	211002_ s_at	AF230389	NM_012101	23650	3,18	3,79E-05
			NM_058193			

ES 2 689 703 T3

PCDH9	219737_ s_at	AI524125	NM_020403	5101	3,13	7,67E-06
FAT	201579_ at	NM_005245	NM_203487 NM_005245	2195	3,11	4,81E-03
NEDD9	202149_ at	AL136139	NM_006403	4739	3,08	2,64E-04
ITGA6	201656_ at	NM_000210	NM_182966 NM_000210	3655	3,07	8,91E-05
DAZ1	216351_ x_at	AF248483	NM_00100537 5	1617	3,06	3,84E-04
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4			NM_00100578 6	57135		
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
FLJ37266	1566948_ at	AL831894	NM_175892	283225	3,06	3,09E-03
EFNA5	1559360_ at	AL833045	NM_001962	1946	3,03	1,65E-05
RPL10A	242188_ at	AI743332	NM_007104	4736	3,03	2,49E-03
BE466926	217671_ at	BE466926	---	---	3,02	9,00E-03
PTPRG	1569323_ at	BU853579	NM_002841	5793	3,01	1,51E-05
CUGBP2	202158_ s_at	NM_006561	NM_006561	10659	3,01	8,47E-05
TULP4	232372_ at	AL157491	NM_00100746 6	56995	3,01	6,44E-03
			NM_020245			
BC043430	1558714_ at	BC043430	---	---	2,99	6,39E-03
LOC340109	1557765_ at	BC039509	XM_379322	340109	2,99	6,58E-05
DKFZp7610201	232313_ at	AL122107	XM_044062	92293	2,98	3,82E-05
RGS5	218353_ at	NM_025226	NM_003617	8490	2,96	3,43E-03
CHRNA7	210123_ s_at	U62436	NM_000746	1139	2,96	5,22E-06
CHRFAM7A			NM_139320 NM_148911	89832		
LOC440265	1569476_ at	BC033224	XM_378506	440265	2,90	2,51E-03
ARHGEF6	209539_ at	D25304	NM_004840	9459	2,90	7,95E-05
AL049277	234839_ at	AL049277	---	---	2,89	4,82E-03
KIAA0265	238000_ at	BF195340	NM_014997	23008	2,85	2,90E-04
DACT1	219179_ at	NM_016651	NM_016651	51339	2,85	4,31E-04
KCTD12	212188_ at	AA551075	NM_138444	115207	2,84	1,79E-04
RGS5	209071_ at	AF159570	NM_003617	8490	2,84	3,29E-04

ES 2 689 703 T3

AL832561	s_at 1561689	AL832561	---	---	2,84	03 3,60E-
AA872187	_at 230332	AA872187	---	---	2,82	05 1,50E-
BG542611	at 1556277	BG542611	---	---	2,81	03 2,09E-
PIAS2	_a_at 244633	AA404996	NM_004671	9063	2,80	03 3,93E-
	at		NM_173206			05
AI630830	243150_	AI630830	---	---	2,79	2,12E-
	at					03
UCHL1	1555834	AW974143	NM_004181	7345	2,77	3,11E-
	_at					03
TRIO	235705_	BF676361	NM_007118	7204	2,76	4,51E-
	at					04
AK022040	233445_	AK022040	---	---	2,76	7,74E-
	at					04
CBLN2	242301_	R60224	NM_182511	147381	2,76	3,83E-
	at					03
MID1	242671_	BF055144	NM_000381	4281	2,74	4,62E-
	at					04
			NM_033290			
			NM_033291			
BC041991	1561690	BC041991	---	---	2,73	2,25E-
	_at					03
EML4	232587_	AI208611	NM_019063	27436	2,72	8,16E-
	at					03
TRIM29	202504_	NM_012101	NM_012101	23650	2,70	1,08E-
	at					03
			NM_058193			
AW139261	243934_	AW139261	---	---	2,69	5,92E-
	at					03
ROBO2	226709_	BE858548	XM_031246	6092	2,69	1,07E-
	at					04
MEF2A	239571_	AI123399	NM_005587	4205	2,68	1,53E-
	at					04
KIAA1128	240499_	AA482221	NM_018999	54462	2,68	8,42E-
	at					03
KLF7	239809_	BF197708	NM_003709	8609	2,65	5,01E-
	at					03
CALCA	217561_	BF447272	NM_001741	796	2,62	2,08E-
	at					03
LOC51760	205613_	NM_016524	NM_016524	51760	2,61	5,89E-
	at					03
EDD	232264_	AK022204	NM_015902	51366	2,61	7,50E-
	at					04
LOC440161	243241_	AW341473	XM_498572	440161	2,61	2,72E-
	at					04
SCHIP1	1566772	AL832567	NM_014575	29970	2,61	1,17E-
	_at					03
TFPI2	209277_	AL574096	NM_006528	7980	2,61	6,75E-
	at					04
EML4	1556732	BC039354	NM_019063	27436	2,59	2,34E-
	_at					03
AA808231	242025_	AA808231	---	---	2,59	1,52E-
	at					04
CUGBP2	202157_	U69546	NM_006561	10659	2,59	6,58E-
	s_at					06
PAPD4	222282_	AV761453	NM_173797	167153	2,57	4,37E-

ES 2 689 703 T3

MGC14161	at 240502_	AW015920	NM_032892	84978	2,55	03 2,58E-
UBE3A	at 1560741_	AL832250		7337	2,54	03 5,57E-
			NM_000462 NM_130838 NM_130839 NM_018103			03
LRR5	234148_	AK025238		55144	2,54	8,12E-
PEX5L	at 1562473_	BC037943	NM_016559	51555	2,54	04 7,14E-
IMP-2	at 218847_	NM_006548	NM_00100722 5	10644	2,54	04 9,50E-
			NM_006548			05
C2orf31	221245_	NM_030804	---	81561	2,51	8,63E-
	s_at					05
AK024882	233228_	AK024882	---	---	2,50	4,73E-
	at					04
TAS2R45	234042_	AF264628	NM_176886	259291	2,50	4,78E-
	at					04
KIAA1102	241459_	AI494113	NM_014988	22998	2,48	4,62E-
	at					05
BC041965	1560411_	BC041965	---	---	2,47	7,60E-
	at					03
USP31	239348_	AI285970	NM_020718	57478	2,47	5,27E-
	at					03
AU144294	215574_	AU144294	---	---	2,47	3,25E-
	at					03
RNF152	233180_	AU147152	NM_173557	220441	2,46	7,81E-
	at					03
LOC440738	221697_	AF276659	NM_001004343	440738	2,45	2,37E-
	at					03
KATNAL1	243828_	AA758906	NM_032116	84056	2,44	1,32E-
	at					03
MGC39558	1562391_	AK091497	NM_152490	148789	2,44	7,21E-
	at					03
GNG11	204115_	NM_004126	NM_004126	2791	2,43	1,79E-
	at					04
AI076172	236355_	AI076172	XM_495841	439993	2,42	3,12E-
	s_at					03
ITPR1	240052_	AA648993	NM_002222	3708	2,42	1,52E-
	at					04
IARS	239794_	AI356405	NM_002161	3376	2,42	2,89E-
	at					04
PLXNA4	232317_	AB046770	NM_013417 XM_039393	57671	2,41	8,26E-
	at					05
AURKB	239219_	N55457	XM_379927 NM_004217	9212	2,41	5,13E-
	at					04
FBXL7	233276_	AU146390	NM_012304	23194	2,41	3,40E-
	at					04
CDH2	237305_	AW450381	NM_001792	1000	2,40	2,95E-
	at					03
SPRY4	1566968_	AK024556	NM_030964	81848	2,40	1,67E-
	at					05
SYT4	223529_	AB037763	NM_020783	6860	2,40	4,26E-
	at					04
PPP4R2	1560926	AF085924	NM_174907	151987	2,38	6,45E-

ES 2 689 703 T3

BE674460	237849_ _at	BE674460	---	---	2,38	03 7,15E-04
AK024956	232726_ _at	AK024956	---	---	2,37	2,24E-03
PITPNB	242074_ _at	AA833902	NM_012399	23760	2,37	2,45E-04
KIAA0485	214295_ _at	AW129056	---	57235	2,36	6,51E-04
BF000203	236385_ _at	BF000203	---	---	2,33	1,55E-03
BNC2	220272_ _at	NM_017637	NM_017637	54796	2,33	3,96E-04
SDFR1	242865_ _at	AI332638	NM_012428	27020	2,31	1,45E-04
DTNA	1557803_ _at	AF086074	NM_017455 NM_001390	1837	2,31	3,61E-04
			NM_001391 NM_001392 NM_032975 NM_032978 NM_032979 NM_032980 NM_032981			
NRCAM	233401_ _at	BF723605	NM_005010	4897	2,31	1,07E-03
FOXO3A	1569477_ _at	BC025999	NM_001455	2309	2,31	5,92E-03
MSN	200600_ _at	NM_002444	NM_201559 NM_002444	4478	2,30	1,14E-05
AL832142	1561195_ _at	AL832142	---	---	2,30	2,10E-03
EDG3	228176_ _at	AA534817	NM_005226	1903	2,29	2,67E-03
ASCL1	209985_ s_at	BE797438	NM_004316	429	2,28	9,42E-05
LOC146174	233832_ _at	AK021824	NM_173501	146174	2,27	3,37E-04
PLXNA4	228104_ _at	AL117427	XM_039393	57671	2,26	7,59E-04
KIDINS220	1557246_ _at	AA992480	XM_379927 NM_020738	57498	2,26	5,87E-03
GFRA2	205721_ _at	U97145	NM_001495	2675	2,25	3,08E-03
LOC440092	1570571_ _at	BC035168	XM_498540	440092	2,25	3,18E-05
ROBO2	226766_ _at	AB046788	XM_031246	6092	2,25	3,58E-05
GAB2	1566959_ _at	AL049273	NM_012296	9846	2,24	9,27E-03
ARHGAP6	1563386_ _at	AL079282	NM_080491 NM_001174	395	2,24	2,24E-03
			NM_006125 NM_013422 NM_013423 NM_013427			

ES 2 689 703 T3

PCNX	215175_	AB023212	NM_014982	22990	2,24	3,95E-03
C10orf18	216211_	AL049233	XM_374765	54906	2,23	1,64E-03
AI678013	240165_	AI678013	---	---	2,22	1,17E-03
AI653240	240247_	AI653240	XM_496059	440261	2,21	1,90E-04
GFM1	232295_	AK000780	NM_024996	85476	2,20	4,88E-03
AF116659	210717_	AF116659	---	---	2,20	2,72E-03
NM_018611	220666_	NM_018611	---	---	2,20	3,83E-03
PFKFB3	202464_	NM_004566	NM_004566	5209	2,20	1,42E-03
AI671885	230494_	AI671885	XM_379123	400999	2,20	4,83E-04
TPBG	203476_	NM_006670	NM_006670	7162	2,20	1,21E-07
ITGA6	215177_	AV733308	NM_000210	3655	2,19	2,48E-03
AW008791	240315_	AW008791	XM_294019	345930	2,19	7,20E-03
C10orf18	244165_	AI809511	XM_374765	54906	2,18	1,55E-03
FLJ21148	231005_	T91195	NM_024860	79918	2,18	3,18E-04
DEFB32	243311_	BE044548	NM_207469	400830	2,18	1,71E-03
THRAP2	232307_	AK021554	NM_015335	23389	2,18	7,79E-04
BF057073	231310_	BF057073	---	---	2,16	3,16E-05
CFDP1	210701_	D85939	NM_006324	10428	2,16	1,15E-03
SYNE2	242774_	AI684761	NM_015180	23224	2,16	3,57E-03
			NM_182910			
			NM_182912			
			NM_182913			
			NM_182914			
RNF182	230720_	AI884906	NM_152737	221687	2,15	1,49E-04
PAPD4	242144_	AW104325	NM_173797	167153	2,15	8,28E-03
DKFZp761D2	241872_	AI149963	NM_032291	84251	2,15	7,56E-03
NFIB	230791_	AU146924	NM_005596	4781	2,14	1,39E-03
PTGFRN	224937_	BF311866	NM_020440	5738	2,14	1,95E-03
FOXO3A	242320_	AI435586	NM_001455	2309	2,13	1,69E-03
			NM_201559			
SSBP2	1557814	BF724621	NM_012446	23635	2,13	6,51E-03
KLF12	243089_	AA551114	NM_007249	11278	2,13	1,78E-03
			NM_016285			

ES 2 689 703 T3

EXT1	232174_ at	AA480392	NM_000127	2131	2,13	2,01E-04
MGC4504	219270_ at	NM_024111	NM_024111	79094	2,13	2,30E-03
TTL	244078_ at	AI438957	NM_153712	150465	2,12	1,97E-04
ODZ3	233291_ at	AU145618	XM_371717	55714	2,11	2,81E-04
MSI2	239232_ at	AA521410	NM_138962	124540	2,11	7,13E-04
ZNF403	233937_ at	AK024883	NM_170721 NM_024835	79893	2,11	2,80E-04
FRZB	203698_ s_at	NM_001463	NM_001463	2487	2,10	6,12E-03
ATP1B4	243737_ at	AI082610	NM_012069	23439	2,10	3,38E-03
AI077566	243994_ at	AI077566	---	---	2,09	3,50E-03
GATA4	243692_ at	AW181962	NM_002052	2626	2,09	2,75E-03
ID2	213931_ at	AI819238	NM_002166	3398	2,09	3,49E-04
N21631	231329_ at	N21631	---	---	2,08	3,60E-03
GNAI1	209576_ at	AL049933	NM_002069	2770	2,08	4,56E-05
ZNF292	236435_ at	BE219036	XM_048070	23036	2,08	7,00E-03
NEDD9	233223_ at	AK000850	NM_006403	4739	2,07	4,93E-04
UBE2E3	232528_ at	AI338705	NM_182966 NM_006357	10477	2,06	7,31E-03
PAN3	239393_ at	AW510927	NM_182678 NM_175854	255967	2,05	4,66E-03
SMARCC1	239238_ at	AI208857	NM_003074	6599	2,04	7,80E-04
MTMR2	231057_ at	AU144266	NM_016156	8898	2,04	8,90E-05
MGC33926	229302_ at	AA058832	NM_201278 NM_201281 NM_152390	130733	2,04	4,33E-05
DREV1	230395_ at	AI536637	NM_016025	51108	2,04	3,23E-03
AF238870	215811_ at	AF238870	---	---	2,04	1,97E-03
DMXL2	215761_ at	AK000156	NM_015263	23312	2,04	2,78E-04
MAOA	204388_ s_at	NM_000240	NM_000240	4128	2,04	7,48E-04
OSBPL3	209626_ s_at	AI202969	NM_015550	26031	2,04	1,76E-03
			NM_145320 NM_145321 NM_145322 NM_145323 NM_145324			

ES 2 689 703 T3

AL161982	1563494_at	AL161982	---	---	2,03	1,29E-03
SALL4	229661_at	NM_020436	NM_020436	57167	2,03	2,39E-03
DJ971N18,2	240094_at	AL042660	NM_021156	56255	2,03	1,10E-03
GOLPH4	233877_at	AK000777	NM_014498	27333	2,02	1,37E-03
MSX2	205555_s_at	D31771	NM_002449	4488	2,02	2,73E-03
SR140	236696_at	BE464843	XM_031553	23350	2,02	1,40E-03
PSCD3	243752_s_at	AI870144	NM_004227	9265	2,02	5,25E-05
JMJD2C	239285_at	AI341227	NM_015061	23081	2,02	1,02E-03
THRAP2	238883_at	AW975051	NM_015335	23389	2,01	3,31E-03
BF508839	239907_at	BF508839	---	---	2,01	1,50E-03
VRK1	241737_x_at	T89693	NM_003384	7443	2,01	4,67E-05
AA417878	243463_s_at	AA417878	---	---	2,01	4,39E-03
RAP1GDS1	237856_at	AI052055	NM_021159	5910	1,99	6,70E-03
BF724206	244457_at	BF724206	---	---	1,99	5,28E-03
MAOA	212741_at	AA923354	NM_000240	4128	1,98	7,12E-04
TPTE	233879_at	AL137389	NM_013315	7179	1,97	6,72E-03
SPAG6	210032_s_at	AI651156	NM_199259 NM_199260 NM_199261 NM_012443	9576	1,97	2,71E-04
VDP	222316_at	AW973253	NM_172242 NM_003715	8615	1,97	8,98E-03
FLJ35740	244297_at	AI806762	NM_147195	253650	1,97	7,86E-03
SPPL3	1554565_x_at	BC011943	NM_139015	121665	1,96	5,95E-04
BC028185	1569609_at	BC028185	XM_496328	440546	1,96	4,09E-05
MYH10	237491_at	AA700633	NM_005964	4628	1,96	3,02E-03
TMP21	238886_at	BF056141	NM_006827	10972	1,96	1,48E-03
TFCP2	242859_at	BE156563	NM_005653	7024	1,95	8,85E-03
BE856929	239349_at	BE856929	---	---	1,95	4,12E-03
LOC151878	222372_at	AW971248	---	151878	1,95	1,02E-03
SEC15L2	1569202_x_at	BF847120	XM_039570	23233	1,94	2,05E-05
SCFD1	243525_at	AA808051	NM_016106	23256	1,94	1,42E-03

ES 2 689 703 T3

RTN4	243031_ at	N90377	NM_182835 NM_007008	57142	1,94	3,06E- 03
TRA1	239451_ at	AI684643	NM_020532 NM_153828 NM_207520 NM_207521 NM_003299	7184	1,93	2,01E- 03
CSE1L	210765_ at	AF053640	NM_001316	1434	1,93	2,75E- 04
ATXN2	238589_ s_at	AW601184	NM_177436 NM_002973	6311	1,93	1,04E- 03
GNAI1	227692_ at	AU153866	NM_002069	2770	1,93	7,06E- 05
TCF12	235925_ at	AW057520	NM_003205	6938	1,93	2,43E- 03
LASS5	238299_ at	AW005866	NM_207036 NM_207037 NM_207038 NM_207040 NM_147190	91012	1,93	1,53E- 04
AA766886	239171_ at	AA766886	---	---	1,92	7,67E- 03
KIAA1102	1569208 _a_at	BC020895	NM_014988	22998	1,92	1,80E- 03
SARS	237689_ at	BF111108	NM_006513	6301	1,92	5,62E- 03
VTI1A	233323_ at	AK024973	NM_145206	143187	1,91	6,85E- 04
B4GALT5	1559391 _s_at	AI084451	NM_004776	9334	1,91	9,95E- 03
AA804267	243185_ at	AA804267	---	---	1,91	1,67E- 03
MGC34032	1569112 _at	AW020413	NM_152697	204962	1,90	1,85E- 03
AL050204	213929_ at	AL050204	---	---	1,90	5,32E- 03
FLJ31951	236322_ at	AA830854	NM_144726	153830	1,89	9,55E- 03
ASCL1	209987_ s_at	BC002341	NM_004316	429	1,89	1,70E- 06
LOC441157	1558795 _at	AL833240	XM_499037	441157	1,89	7,22E- 05
NOL7	242143_ at	BE674964	NM_016167	51406	1,89	1,62E- 03
XPO1	235927_ at	BE350122	NM_003400	7514	1,88	1,14E- 04
FOXP1	240666_ at	AI732568	NM_032682	27086	1,88	6,71E- 03
CD9	201005_ at	NM_001769	NM_001769	928	1,87	3,75E- 03
TNKS	238108_ at	AI401627	NM_003747	8658	1,87	8,80E- 03
NID	202007_ at	BF940043	NM_002508	4811	1,87	3,81E- 03
MARS	213672_ at	AA621558	NM_004990	4141	1,86	2,54E- 04

ES 2 689 703 T3

C20orf23	232083_ at	AB046810	NM_024704	55614	1,86	1,17E-04
KIAA1713	233536_ at	AI202664	XM_290811	80816	1,86	3,15E-05
U80755	243820_ at	U80755	---	---	1,85	8,97E-05
AA700817	241997_ at	AA700817	---	---	1,85	4,70E-03
UBE2E1	215577_ at	AU146791	NM_003341	7324	1,85	2,95E-03
AP2B1	233800_ at	AA805082	NM_182666 NM_001282	163	1,84	4,55E-05
AGTPBP1	242008_ at	BE350312	NM_015239	23287	1,83	9,60E-03
RPL4	1562440_ at	BC026249	NM_000968	6124	1,83	1,24E-03
LOC441157	1558796_ a_at	AL833240	XM_499037	441157	1,83	3,63E-06
EIF3S8	236700_ at	AI377875	NM_003752	8663	1,82	1,24E-07
ZDHHC2	243528_ at	AW014108	NM_016353	51201	1,82	8,62E-05
WSB1	227501_ at	AI377135	NM_015626	26118	1,82	2,98E-03
PTPN12	244356_ at	AL079909	NM_134264 NM_134265 NM_002835	5782	1,81	5,18E-03
RB1CC1	237626_ at	AI801666	NM_014781	9821	1,81	2,19E-03
PCTK2	243993_ at	AA436887	NM_002595	5128	1,80	9,68E-03
PIP5K1A	235646_ at	BF515595	NM_003557	8394	1,80	5,13E-03
AU146318	232355_ at	AU146318	---	---	1,80	7,55E-03
N59650	244265_ at	N59650	---	---	1,80	8,30E-03
YARS	238760_ at	AW452122	NM_003680	8565	1,80	4,51E-03
RNF159	241956_ at	AI521883	NM_032373	84333	1,80	5,20E-05
AI820961	240331_ at	AI820961	---	---	1,79	7,22E-03
FLJ30058	238047_ at	AA405456	NM_144967	158763	1,79	5,67E-03
GULP1	223837_ at	BC001103	NM_016315	51454	1,79	6,85E-04
CGI-26	230892_ at	AI912194	NM_015954	51071	1,79	1,73E-03
LRCH3	1559490_ at	AL832278	NM_032773	84859	1,79	6,87E-03
HIRA	240451_ at	AA004844	NM_003325	7290	1,79	2,21E-05
SRPK2	239811_ at	BF954306	NM_182691	6733	1,78	5,28E-03
C9orf33	217130_ at	AF072164	NM_182692 ---	90477	1,78	1,23E-04

ES 2 689 703 T3

AI916641	242471_ at	AI916641	---	---	1,78	4,35E-04
SCC-112	241798_ at	AI339930	NM_015200	23244	1,78	1,62E-03
SLC33A1	1559232 _a_at	BC029450	NM_004733	9197	1,78	1,37E-04
ATRX	236778_ at	AA826176	NM_000489	546	1,78	2,50E-03
			NM_138270 NM_138271 NM_014733	9765	1,78	1,30E-03
ZFYVE16	1554638 _at	BC032227	NM_024953	80018	1,78	9,12E-03
FLJ13089	236816_ at	BF110370	NM_001008539	6542	1,78	2,48E-06
SLC7A2	225516_ at	AA876372	NM_003046 NM_000787	1621	1,77	5,25E-04
DBH	206450_ at	NM_000787	---	---	1,77	1,63E-04
H15073	236685_ at	H15073	---	---	1,77	4,97E-03
R45137	238304_ at	R45137	---	---	1,77	4,78E-03
FBXW8	237317_ at	AW136338	NM_012174	26259	1,76	5,04E-05
MLL3	244010_ at	AI057455	NM_153348 NM_021230	58508	1,76	1,21E-05
SLC37A3	1569666 _s_at	BC035773	NM_170606 NM_032295	84255	1,76	1,85E-04
CNOT2	222313_ at	AW972359	NM_207113 NM_014515	4848	1,75	7,91E-04
NS5ATP13TP 2	1558613 _at	BC040647	NM_178507	220323	1,74	1,02E-04
MBNL1	1556657 _at	AA744622	NM_021038	4154	1,74	2,69E-03
			NM_207292 NM_207293 NM_207294 NM_207295 NM_207296 NM_207297	---	---	1,97E-03
AU152272	1556650 _at	AU152272	---	---	1,72	6,11E-03
AI372879	237134_ at	AI372879	---	---	1,72	6,95E-03
N23846	1557804 _at	N23846	---	---	1,72	2,85E-05
C10orf47	229801_ at	AI640157	NM_153256	254427	1,72	1,15E-03
W72466	231467_ at	W72466	---	---	1,72	2,69E-03
MAPRE2	1564733 _at	BC013931	NM_014268	10982	1,72	3,50E-04
R38403	240425_ x_at	R38403	---	---	1,72	
AF090944	233995_ at	AF090944	---	---	1,72	

ES 2 689 703 T3

RANBP17	234137_ s_at	AK022022	NM_022897	64901	1,71	3,68E-03
OAZIN	240231_ at	AI742383	NM_015878	51582	1,71	1,34E-07
L3MBTL	242637_ at	C14069	NM_148174 NM_015478	26013	1,71	6,68E-03
AB062477	1555303_ at	AB062477	NM_032107 ---	---	1,71	6,75E-03
AA682539	235575_ at	AA682539	---	---	1,70	8,28E-03
AL353942	216147_ at	AL353942	NM_018243	55752	1,70	3,06E-04
VPS26	243316_ x_at	AA004710	NM_004896	9559	1,70	1,14E-04
LAF4	243967_ at	AI424899	NM_002285	3899	1,70	8,24E-03
SEZ6L	240709_ at	AW204757	NM_021115	23544	1,70	9,27E-04
AVO3	237330_ at	AA603494	XM_380173	253260	1,70	6,44E-04
TPARL	1560622_ at	AK000203	NM_018475	55858	1,69	1,26E-03
PDLIM5	213684_ s_at	BF671400	NM_00101151 3 NM_00101151 4 NM_00101151 5 NM_00101151 6 NM_006457 NM_006939	10611	1,69	6,08E-03
SOS2	233369_ at	AU146027	NM_004136	6655	1,69	9,57E-03
IREB2	1563130_ a_at	AL109710	NM_003953	3658	1,68	7,14E-06
MPZL1	210210_ at	AF181660	NM_024569 ---	9019	1,68	5,09E-05
AW206536	243470_ at	AW206536	NM_003286	---	1,68	4,56E-03
TOP1	239404_ at	BF840360	---	7150	1,67	5,17E-04
AA936428	244674_ at	AA936428	NM_015317	---	1,67	1,91E-03
PUM2	235138_ at	AA565051	NM_032778	23369	1,67	8,24E-04
MINA	213189_ at	BE966695	NM_153182 NM_144718	84864	1,67	9,49E-05
LOC152185	239091_ at	AA497043	NM_014933	152185	1,67	4,23E-04
SEC31L1	1556416_ s_at	AF086242	NM_016211 NM_000240	22872	1,67	6,36E-04
MAOA	204389_ at	NM_000240	NM_001627	4128	1,66	2,78E-04
ALCAM	1569362_ at	BC041127	NM_000224	214	1,66	8,23E-03
KRT18	201596_ x_at	NM_000224	NM_199187	3875	1,66	1,32E-03

ES 2 689 703 T3

N73550	244112_ x_at	N73550	---	---	1,66	5,23E-03
MKLN1	1560145_ _at	BQ942131	NM_013255	4289	1,65	4,78E-03
ARHGAP5	242110_ at	AV735587	NM_001173	394	1,65	8,85E-03
GPI	232002_ at	AW843302	NM_000175	2821	1,65	6,38E-04
STAU	1569527_ _at	BC017275	NM_004602	6780	1,65	2,32E-04
			NM_017452 NM_017453 NM_017454			
BF512254	242695_ at	BF512254	---	---	1,65	2,52E-03
EIF4ENIF1	242983_ at	AI806626	NM_019843	56478	1,65	4,13E-03
AU144781	233300_ at	AU144781	---	---	1,65	2,25E-03
DKFZp547A023	214731_ at	AB037854	NM_018704	55917	1,65	8,41E-03
LBH	221011_ s_at	NM_030915	NM_030915	81606	1,64	3,86E-05
KIAA0217	241965_ at	BF589232	NM_015155	23185	1,64	3,53E-04
MED31	243319_ at	AI274981	NM_016060	51003	1,64	2,26E-04
DLEU2	1556821_ x_at	H48516	NM_006021	8847	1,64	8,43E-03
AA195014	243769_ at	AA195014	---	---	1,63	9,11E-03
N50083	229110_ at	N50083	---	---	1,63	1,73E-03
N46436	1556568_ a_at	N46436	---	---	1,63	4,33E-04
RAPGEF5	204680_ s_at	AI263837	XM_499059	9771	1,62	1,84E-03
AW003140	227576_ at	AW003140	---	---	1,62	5,17E-03
AL119001	233440_ at	AL119001	---	---	1,62	5,61E-03
CPSF6	238651_ at	BF512491	NM_007007	11052	1,62	4,97E-03
RBM5	230742_ at	AA742596	NM_005778	10181	1,62	6,51E-03
CADPS	233950_ at	AK000873	NM_003716	8618	1,62	3,44E-04
			NM_183393 NM_183394 NM_006108			
SPON1	209437_ s_at	AB051390	NM_016106	10418	1,62	1,60E-03
SCFD1	241775_ at	AW298119	NM_182835 NM_003672	23256	1,61	2,89E-03
CDC14A	210742_ at	AF064103	NM_033312 NM_033313 NM_003468	8556	1,61	4,92E-03
FZD5	206136_ at	NM_003468		7855	1,61	1,56E-03

ES 2 689 703 T3

ZNF451	215012_ at	AU144775	NM_015555	26036	1,61	9,28E-03
PCGF5	226326_ at	AI798098	NM_032373	84333	1,61	2,79E-05
PTGFRN	224950_ at	BF476250	NM_020440	5738	1,61	8,83E-03
TSC	218872_ at	NM_017899	NM_017899	54997	1,61	5,32E-04
GRM8	216255_ s_at	AC000099	NM_000845	2918	1,60	3,03E-05
MGC47869	243056_ at	AI301111	NM_175874	144608	1,60	1,26E-03
DNAPTP6	244597_ at	AA701247	NM_015535	26010	1,60	2,38E-03
BC028606	1555485_ s_at	BC028606	---	---	1,60	5,40E-03
ARID1B	1558822_ at	AF147412	NM_017519	57492	1,60	2,93E-03
			NM_020732 NM_175863			
BF841212	232096_ x_at	BF841212	---	---	1,60	1,12E-03
AU144005	232797_ at	AU144005	---	---	1,60	2,27E-03
LOC158160	244075_ at	BF224218	NM_182829	158160	1,60	3,37E-03
MYO6	210480_ s_at	U90236	NM_004999	4646	1,59	6,83E-04
MBNL2	236699_ at	AL566294	NM_144778	10150	1,59	3,46E-03
			NM_207304			
BI868311	1565651_ at	BI868311	---	---	1,59	4,00E-03
LETMD1	242424_ at	AA345855	NM_015416	25875	1,59	5,03E-04
N75937	240072_ at	N75937	---	---	1,59	6,26E-03
H04482	243287_ s_at	H04482	---	---	1,59	3,04E-03
NFIB	233304_ at	AU145782	NM_005596	4781	1,59	6,80E-03
PPP3R1	1565811_ at	BC033945	NM_000945	5534	1,59	6,08E-05
DLEU2	216870_ x_at	AF264787	NM_006021	8847	1,59	2,46E-04
COBRA1	1556434_ at	BQ777552	NM_015456	25920	1,59	2,75E-04
C6orf60	1558523_ at	AJ420563	NM_024581	79632	1,58	6,89E-03
MAK3	231199_ at	AA701676	NM_025146	80218	1,58	3,34E-03
KIAA0485	242824_ at	AW191647	---	57235	1,57	3,46E-05
CTBP2	233315_ at	AK024947	NM_001329	1488	1,57	2,17E-05
			NM_022802			
AA935659	240321_ at	AA935659	---	---	1,57	9,78E-03
TAF15	227884_ at	AW296067	NM_003487	8148	1,56	6,85E-03

ES 2 689 703 T3

KIF5C	1557089_at	CA449408	NM_139215 XM_377774	3800	1,56	2,83E-04
KIAA0143	232356_at	AW003230	NM_015137	23167	1,56	7,00E-03
CPVL	208146_s_at	NM_031311	NM_019029	54504	1,56	4,48E-03
DMXL1	241472_at	N74444	NM_031311 NM_005509	1657	1,55	8,84E-04
SNX5	229981_at	AA131508	NM_014426	27131	1,55	1,33E-05
ALCAM	201951_at	BF242905	NM_152227 NM_001627	214	1,55	2,09E-06
ANKRD11	228866_at	BF514864	NM_013275	29123	1,55	2,95E-04
ID2	201565_s_at	NM_002166	NM_002166	3398	1,55	9,49E-04
PFAAP5	214753_at	AW084068	NM_014887	10443	1,55	8,30E-04
KIAA0318	238817_at	BF063412	NM_015347	23504	1,55	8,89E-05
SR140	236431_at	AI674977	XM_031553	23350	1,54	8,08E-03
API5	229692_at	AW135003	NM_006595	8539	1,54	1,07E-03
AA516469	236375_at	AA516469	---	---	1,54	6,79E-03
NUPL1	241425_at	AA769986	NM_00100856 4	9818	1,54	4,72E-05
			NM_00100856 5 NM_014089			
AI791138	242968_at	AI791138	---	---	1,54	8,93E-03
JAK1	234193_at	AK025218	NM_002227	3716	1,54	3,33E-04
AW052186	239942_at	AW052186	---	---	1,53	6,32E-03
KIF23	244427_at	AW192521	NM_004856	9493	1,53	7,98E-03
			NM_138555			
AI800470	242836_at	AI800470	---	---	1,53	5,90E-04
BF509125	232198_at	BF509125	---	---	1,52	1,16E-04
SPON1	209436_at	AB018305	NM_006108	10418	1,52	2,06E-04
DLEU2	1556820_a_at	H48516	NM_006021	8847	1,52	1,57E-03
AK025105	232476_at	AK025105	---	---	1,52	2,32E-03
AA228366	236251_at	AA228366	---	---	1,52	4,86E-03
H37807	241060_x_at	H37807	---	---	1,52	4,23E-03
BNC2	238478_at	H97386	NM_017637	54796	1,52	2,14E-05
CADPS	1568604_a_at	AI912173	NM_003716	8618	1,51	7,84E-07

ES 2 689 703 T3

SCARB2	215754_ at	AU148040	NM_183393 NM_183394 NM_005506	950	1,51	1,21E-03
MBNL1	238558_ at	AI445833	NM_021038	4154	1,51	1,09E-03
BC003528	210920_ x_at	BC003528	NM_207292 NM_207293 NM_207294 NM_207295 NM_207296 NM_207297 ---	---	1,51	2,78E-03
GPR18	233554_ at	AF339764	NM_005292	2841	1,51	8,61E-03
UBE3B	213822_ s_at	BE856776	NM_130466	89910	1,51	8,72E-03
WVOX	1556595_ at	BQ025203	NM_183414 NM_183415 NM_016373	51741	1,51	1,78E-03
AI740589	243515_ at	AI740589	NM_018560 NM_130788 NM_130790 NM_130791 NM_130792 NM_130844 ---	---	1,51	4,92E-04
N26620	227503_ at	N26620	---	---	1,51	2,93E-03
C18965	242853_ at	C18965	XM_379243	401106	1,51	5,39E-03
CPNE4	239990_ at	AI821426	NM_130808	131034	1,50	1,95E-03
FBXL11	215191_ at	AW836210	NM_012308	22992	1,50	3,06E-03
CHD1L	238070_ at	AA573217	NM_004284	9557	1,50	8,83E-03
JARID2	232835_ at	AA533080	NM_004973	3720	1,50	3,50E-04
MIB1	240446_ at	AI798164	NM_020774	57534	1,50	4,01E-04
Z39232	1560924_ at	Z39232	---	---	1,49	6,88E-04
PLEKHE1	212719_ at	AB011178	NM_194449	23239	1,49	2,28E-04
UBE1C	1556339_ a_at	BM353142	NM_003968	9039	1,49	7,82E-04
NM_030892	220969_ s_at	NM_030892	NM_198195 NM_198197 ---	---	1,49	4,83E-04
TBX3	219682_ s_at	NM_016569	NM_005996	6926	1,48	2,65E-03
PHGDHL1	241932_ at	AI073803	NM_016569 NM_177967	337867	1,48	5,92E-03
LOC158301	239193_ at	BF060981	---	158301	1,48	1,36E-03

ES 2 689 703 T3

FLJ10579	at 230843_	AA482037	NM_018145	55177	1,48	03 6,04E-
RPL10A	at 234224_	AL137541	NM_007104	4736	1,48	04 5,43E-
C10orf119	at 242167_	AA703310	NM_024834	79892	1,48	03 9,08E-
CORO6	at 1552301	NM_032854	NM_032854	84940	1,48	06 5,48E-
MGC15912	a_at 239635_	BF510708	NM_032886	84972	1,47	03 4,46E-
DTNB	at 233727_	AL157472	NM_021907	1838	1,47	03 4,45E-
			NM_033147			
			NM_033148			
			NM_183360			
			NM_183361			
FLJ22955	232447_	AU147405	NM_024819	79877	1,46	3,56E-
	at					03
LOC151194	236607_	AI921882	NM_145280	151194	1,46	8,35E-
	at					04
BC035170	1561079	BC035170	---	---	1,46	5,42E-
	at					03
XPO7	240168_	AA679589	NM_015024	23039	1,46	3,12E-
	at					03
EZH2	215006_	AK023816	NM_004456	2146	1,46	2,64E-
	at					03
			NM_152998			
LTB4DH	228825_	BE566894	NM_012212	22949	1,46	1,02E-
	at					03
BBX	1557240	BU689085	NM_020235	56987	1,46	5,33E-
	a_at					03
ARIH2	1559121	AI767566	NM_006321	10425	1,46	8,11E-
	s_at					04
ANKRD28	229307_	N32051	NM_015199	23243	1,45	2,51E-
	at					03
LRRFIP2	232704_	AK025207	NM_006309	9209	1,45	2,05E-
	s_at					03
			NM_017724			
PHLDA1	218000_	NM_007350	NM_007350	22822	1,45	5,61E-
	s_at					03
AF070602	216214_	AF070602	---	---	1,44	3,75E-
	at					03
C6orf133	215558_	AK001118	NM_015255	23304	1,44	1,76E-
	at					04
AW083060	243274_	AW083060	---	---	1,44	6,61E-
	x_at					03
ATOH8	228890_	BF434995	NM_032827	84913	1,43	9,99E-
	at					03
CHC1L	230292_	AA868809	NM_001268	1102	1,43	2,15E-
	at					03
SMG1	244766_	BG180003	NM_014006	23049	1,43	1,93E-
	at					03
KIAA0220			NM_015092	283846		
LOC440345			XM_496125	440345		
T98846	239654_	T98846	---	---	1,43	7,51E-
	at					05
ZA20D3	222186_	AL109684	NM_019006	54469	1,43	2,35E-
	at					03
SMC5L1	1562948	BC035661	NM_015110	23137	1,43	7,05E-

ES 2 689 703 T3

SMC4L1	237246_ _at	AI797163	NM_00100279 9	10051	1,43	03 7,94E-03
			NM_00100280 0			
SLD5	1554356	BC027454	NM_005496 NM_032336	84296	1,43	1,24E-03
AW451426	244480_ _at	AW451426	---	---	1,42	1,53E-04
ZSWIM6	1560199 _x_at	AU120130	XM_035299	57688	1,42	2,96E-04
H06497	243211_ _at	H06497	---	---	1,42	1,88E-03
ENC1	201340_ _s_at	AF010314	NM_003633	8507	1,42	8,83E-03
AW963544	238580_ _at	AW963544	---	---	1,42	1,14E-04
IGSF4	232793_ _at	AL359567	NM_014333	23705	1,42	6,90E-04
AK022100	233406_ _at	AK022100	---	---	1,41	8,65E-03
CENTB2	240759_ _at	AW593931	NM_012287	23527	1,41	8,75E-04
PTPRK	203038_ _at	NM_002844	NM_002844	5796	1,41	2,80E-04
LOC286109	243304_ _at	AI733824	---	286109	1,41	8,07E-03
ASCL1	213768_ _s_at	AW950513	NM_004316	429	1,40	2,65E-05
AW293174	244290_ _at	AW293174	XM_499534	442612	1,40	2,89E-05
MGC15937	227794_ _at	BF432254	NM_080661	92292	1,40	2,78E-03
PTK2	1559529 _at	BC043202	NM_005607	5747	1,40	3,63E-03
MAN2A1	205105_ _at	NM_002372	NM_153831 NM_002372	4124	1,39	3,32E-04
CBLB	233614_ _at	AU145361	NM_170662	868	1,39	9,21E-04
KIAA0998	215898_ _at	AK021879	NM_015072	23093	1,39	5,01E-03
PMAIP1	204285_ _s_at	AI857639	NM_021127	5366	1,39	3,88E-06
FNBP1L	242310_ _at	AA665058	NM_017737	54874	1,38	4,27E-03
AI755057	233055_ _at	AI755057	---	---	1,38	1,05E-03
RAB3- GAP150	240234_ _at	AI216539	NM_012414	25782	1,38	7,73E-03
ACSL4	1557418 _at	W95007	NM_004458	2182	1,38	5,61E-04
FAM13A1	232628_ _at	AI740629	NM_022977 NM_014883	10144	1,37	4,61E-03
FLJ23451	1569601 _at	BF106979	NM_024766	79823	1,37	4,24E-05
ZNF217	203739_ _at	NM_006526	NM_006526	7764	1,37	5,73E-03
BF197705	230401_ _at	BF197705	---	---	1,37	9,92E-03

ES 2 689 703 T3

HEG	at 212822_	AA121502	XM_087386	57493	1,37	04 2,43E-
MGC15523	at 1563226	BC020925	NM_138570	124565	1,37	04 7,40E-
AA156721	at 201952_	AA156721	---	---	1,37	03 1,55E-
AL110237	at 232959_	AL110237	---	---	1,37	04 7,09E-
PSME4	at 237180_	T97717	NM_014614	23198	1,37	03 1,78E-
IGSF4	at 244345_	AI627453	NM_014333	23705	1,36	03 7,17E-
MRPS25	at 244019_	T89845	NM_022497	64432	1,36	03 2,01E-
BF801735	at 238712_	BF801735	---	---	1,36	03 2,63E-
SPRY4	at 221489_	W48843	NM_030964	81848	1,35	04 7,35E-
SCN7A	s_at 239984_	AI333640	NM_002976	6332	1,35	04 8,33E-
HIVEP2	at 243254_	T08739	NM_006734	3097	1,35	03 5,09E-
PTPN11	at 241930_	AA223204	NM_002834	5781	1,35	04 9,28E-
AW235215	x_at 238913_	AW235215	---	---	1,35	03 9,92E-
C10orf6	at 1553909	NM_144592	NM_018121	55719	1,35	04 2,80E-
ZFHX4	x_at 219779_	NM_024721	NM_024721	79776	1,35	05 1,82E-
MEST	at 202016_	NM_002402	NM_002402	4232	1,34	04 2,65E-
TRIO	at 231403_	N21108	NM_177524 NM_177525 NM_007118	7204	1,34	03 9,69E-
UBE3C	at 242673_	AA931284	NM_014671	9690	1,34	04 3,34E-
PPP2R2A	at 236492_	AI934447	NM_002717	5520	1,34	03 4,98E-
HIAT1	at 230868_	BF433103	NM_033055	64645	1,34	04 7,24E-
LOC440971	at 1556744	AI732587	XM_496651	440971	1,33	03 3,92E-
CUGBP2	a_at 202156_	N36839	NM_006561	10659	1,33	03 2,42E-
CNTN4	s_at 229084_	R42166	NM_175607	152330	1,33	03 8,25E-
FLJ11259	at 218627_	NM_018370	NM-175612 NM_175613 NM_018370	55332	1,32	03 4,63E-
CEPT1	at 1561884	AL833102	NM_00100779 4	10390	1,32	04 1,40E-
AL049988	at 216614_	AL049988	NM_006090 ---	---	1,31	03 9,72E-
CSPG6	at 1556925	AL360194	NM_005445	9126	1,31	03 8,99E-

ES 2 689 703 T3

ASXL1	242439_s_at	AI819150	NM_015338	171023	1,31	1,22E-05
PVT1	1558290_a_at	BG200951	XM_372058	441378	1,31	1,11E-04
LOC441378			XM_499128	5820		
TUBB6	209191_at	BC002654	NM_032525	84617	1,31	5,17E-04
IRAK1 BP1	233290_at	AU145280	NM_001010844	134728	1,31	2,71E-03
AL137730	226999_at	AL137730	---	---	1,31	6,07E-03
PTEN	233314_at	AK021487	NM_000314	5728	1,31	7,60E-03
ZNF215	220214_at	NM_013250	NM_013250	7762	1,31	5,81E-03
LRPPRC	1557360_at	CA430402	NM_133259	10128	1,30	1,55E-03
DKFZP434C212	231552_at	AW451785	NM_015635	26130	1,30	5,13E-04
AI651786	237945_at	AI651786	---	---	1,30	4,28E-03
AU155234	233289_at	AU155234	---	---	1,30	9,43E-03
AA648983	240478_at	AA648983	---	---	1,30	9,77E-05
AA412686	244608_at	AA412686	---	---	1,30	4,76E-03
RBMS3	240245_at	AW237264	NM_00100379 2	27303	1,30	6,53E-03
			NM_00100379 3			
AK021457	216682_s_at	AK021457	NM_014483	---	1,30	2,30E-04
SHPRH	243964_at	AI631201	NM_173082	257218	1,29	9,11E-03
METAP2	244185_at	AA921841	NM_006838	10988	1,29	5,27E-05
MAB21L2	210302_s_at	AF262032	NM_006439	10586	1,29	1,50E-04
AA543084	236480_at	AA543084	---	---	1,29	3,14E-04
AW271626	237441_at	AW271626	---	---	1,29	2,95E-05
SF3B14	1561923_a_at	AF147425	NM_016047	51639	1,29	7,66E-03
PRDX6	242751_at	N55072	NM_004905	9588	1,28	1,80E-03
SMU1	228180_at	AA805653	NM_018225	55234	1,28	6,63E-04
BF001773	241906_at	BF001773	---	---	1,28	9,10E-03
PFAAP5	221899_at	AI809961	NM_014887	10443	1,28	8,55E-03
FLJ13273	220063_at	NM_024751	NM_024751	79807	1,28	4,70E-04
HM13	1560297_at	BG928538	NM_030789	81502	1,28	3,78E-03
			NM_178580			
			NM_178581			
			NM_178582			

ES 2 689 703 T3

DRF1	206661_ at	NM_025104	NM_025104	80174	1,28	5,80E-04
LOC284219	1556425 _a_at	BF509747	NM_145663 ---	284219	1,27	2,33E-03
ANXA2	213503_ x_at	BE908217	NM_00100285 7	302	1,27	2,58E-03
SPON1	213994_ s_at	AI885290	NM_00100285 8 NM_004039 NM_006108	10418	1,27	2,99E-03
M11S1	244778_ x_at	N63691	NM_005898	4076	1,27	1,16E-03
LOC253981	226430_ at	AI394438	NM_203364 ---	253981	1,26	6,58E-04
FUBP1	240307_ at	N54783	NM_003902	8880	1,26	5,57E-04
NKTR	231235_ at	AA732581	NM_005385	4820	1,26	6,07E-03
ARHGAP24	223422_ s_at	AI743534	NM_031305	83478	1,26	2,57E-03
KIAA1838	241152_ at	BE466903	NM_032448	84498	1,26	4,94E-03
USP34	207365_ x_at	NM_014709	NM_014709	9736	1,25	1,35E-04
DHX57	239311_ at	AI367034	NM_144995	90957	1,25	7,92E-03
UBE2H	239721_ at	AI280328	NM_145646 NM_198963 NM_003344	7328	1,25	7,22E-03
ID1	208937_ s_at	D13889	NM_182697 NM_002165 NM_181353	3397	1,25	1,45E-03
MARK3	239166_ at	R98192	NM_002376	4140	1,24	8,08E-04
APBB2	213419_ at	U62325	NM_173075	323	1,24	5,44E-04
SVH	1558748 _at	AL832759	NM_031905	83787	1,24	2,00E-03
ASXL1	242438_ at	AI819150	NM_015338	171023	1,24	6,76E-05
P15RS	228566_ at	AA778694	NM_018170	55197	1,24	2,39E-04
LOC115648	1558486 _at	BC022394	NM_145326	115648	1,24	3,07E-04
CADPS	1568603 _at	AI912173	NM_003716	8618	1,24	3,75E-03
AI291804	242856_ at	AI291804	NM_183393 NM_183394 ---	---	1,24	8,05E-05
TCTEL1	242109_ at	A1038577	NM_006519	6993	1,23	3,41E-03
QKI	241938_ at	AA935633	NM_006775	9444	1,23	1,41E-04
			NM_206853 NM_206854 NM_206855			

ES 2 689 703 T3

SCARA3	223842_ s_at	AB007830	NM_016240	51435	1,22	3,50E-04
MRPS5	236779_ at	BG539414	NM_182826 NM_031902	64969	1,22	1,33E-03
BE670307	227955_ s_at	BE670307	---	---	1,22	9,05E-06
DNAPTP6	241812_ at	AV648669	NM_015535	26010	1,22	8,50E-03
PCGF5	229194_ at	AL045882	NM_032373	84333	1,22	2,28E-04
AU145679	233607_ at	AU145679	---	---	1,21	4,54E-03
BE464799	214036_ at	BE464799	---	---	1,21	5,03E-05
SLCO3A1	219229_ at	NM_013272	NM_013272	28232	1,21	2,66E-03
BF433200	242467_ at	BF433200	---	---	1,21	7,14E-03
PPARG	232331_ at	AK027107	NM_005037	5468	1,21	6,85E-03
FNTA	240527_ at	AI953011	NM_015869 NM-138711 NM_138712 NM_002027	2339	1,21	1,22E-03
TCF7L2	216035_ x_at	AV721430	NM_030756	6934	1,21	2,15E-05
POLE	216026_ s_at	AL080203	NM_006231	5426	1,21	2,59E-03
ZA20D3	238812_ at	AA741296	NM_019006	54469	1,21	9,92E-03
SFRS2IP	232597_ x_at	AK025132	NM_004719	9169	1,21	1,99E-03
TH	208291_ s_at	NM_000360	NM_000360	7054	1,21	8,60E-04
NKTR	202380_ s_at	NM_005385	NM_199292 NM_199293 NM_005385	4820	1,21	1,31E-03
PTPN13	243792_ x_at	AI281371	NM_006264	5783	1,20	9,38E-03
UBE3B	232301_ at	AK022019	NM_080683 NM_080684 NM_080685 NM_130466	89910	1,20	1,77E-04
RAB12	238714_ at	AA504249	NM_183414 NM_183415 XM_113967	201475	1,20	7,92E-04
AW299775	235008_ at	AW299775	---	---	1,20	1,71E-03
HSD17B12	242616_ at	W80359	NM_016142	51144	1,19	8,50E-03
R16900	242514_ at	R16900	---	---	1,19	2,39E-03
DST	232098_ at	AK025142	NM_001723	667	1,19	4,65E-03
			NM_015548			

ES 2 689 703 T3

DKFZP564C1	1559139	BC009786	NM_020388 NM_183380 NM_015658	26155	1,19	3,03E-03
86	_at					
C9orf3	233599_	AK025151	NM_032823	84909	1,19	1,52E-03
	at					
AI859990	244197_	AI859990	---	---	1,18	1,42E-03
	x_at					
SPON1	213993_	AI885290	NM_006108	10418	1,18	8,98E-03
	at					
CENPF	207331_	NM_016343	NM_016343	1063	1,18	6,92E-03
	at					
CDC2L5	232266_	AK024379	NM_003718	8621	1,18	2,93E-03
	x_at					
			NM_031267 NM_000127			
EXT1	237310_	AI743607		2131	1,18	4,88E-03
	at					
C1QDC1	218456_	NM_023925	NM_00100225 9	65981	1,18	2,52E-06
	at					
			NM_023925 NM_032156 NM_198557			
FLJ45645	243038_	AW292769		375287	1,18	6,22E-03
	at					
H43040	231108_	H43040	---	---	1,18	2,07E-04
	at					
SEC63	242749_	AI022173	NM_007214	11231	1,18	3,85E-03
	at					
KLF7	238482_	AL120562	NM_003709	8609	1,17	4,23E-04
	at					
API5	214960_	AF229253	NM_006595	8539	1,17	1,28E-04
	at					
ENC1	201341_	NM_003633	NM_003633	8507	1,17	9,25E-04
	at					
SLC16A4	228455_	AI092824	NM_004696	9122	1,17	3,54E-03
	at					
ANP32A	235954_	AA972597	NM_006305	8125	1,17	4,73E-03
	at					
UBE2E1	236062_	AI742722	NM_003341	7324	1,17	2,49E-03
	at					
			NM_182666 NM_016337			
EVL	227232_	T58044		51466	1,17	1,12E-03
	at					
SLC6A2	210353_	M65105	NM_001043	6530	1,17	3,19E-03
	s_at					
Cep63	238170_	BE327727	NM_025180	80254	1,17	6,06E-05
	at					
AU147479	233359_	AU147479	---	---	1,16	1,44E-03
	at					
AF010144	207953_	AF010144	---	---	1,16	6,11E-05
	at					
TLE3	228340_	BE967118	NM_005078	7090	1,16	2,16E-03
	at					
LOC338692	238642_	AW367571	NM_207354	338692	1,16	6,72E-03
	at					
BF981643	214720_	BF981643	NM_144710	151011	1,16	3,74E-03
	x_at					
			NM_178584 ---			
AU152763	232939_	AU152763		---	1,16	1,12E-03
	at					
COMMD10	1560349	BC036897	NM_016144	51397	1,16	7,89E-

ES 2 689 703 T3

MDN1	1569484_at	AL603301	NM_014611	23195	1,16	1,37E-03
FLJ10213	219906_s_at	NM_018029	NM_018029	55096	1,16	2,68E-03
AF5Q31	1555436_at	BC025700	NM_014423	27125	1,16	4,10E-04
BE467787	243835_a_at	BE467787	---	---	1,16	3,16E-03
NOSTRIN	235506_at	AI076788	NM_052946	115677	1,16	5,52E-03
WVOX	242099_at	T83938	NM_016373	51741	1,16	1,72E-03
			NM_018560			
			NM_130788			
			NM_130790			
			NM_130791			
			NM_130792			
			NM_130844			
NKTR	202379_s_at	AI361805	NM_005385	4820	1,16	2,17E-03
TXNRD1	201266_at	NM_003330	NM_003330	7296	1,15	1,40E-04
			NM_182729			
			NM_182742			
			NM_182743			
STRA6	1569334_at	BC015881	NM_022369	64220	1,15	2,00E-03
DLEU2	215629_s_at	AA905286	NM_006021	8847	1,15	8,95E-03
MSH3	233263_at	AU147635	NM_002439	4437	1,15	3,30E-04
YAP	244803_at	AI335191	NM_018253	55249	1,14	3,17E-03
			NM_139118			
			NM_139119			
			NM_139120			
			NM_139121			
ANAPC5	235926_at	AI312527	NM_016237	51433	1,14	3,93E-03
LOC152573	229485_x_at	AI735586	XM_496688	152573	1,14	9,91E-03
VPS16	233313_at	AU158316	NM_022575	64601	1,14	1,33E-03
			NM_080413			
			NM_080414			
TNRC6	233836_at	AK025277	NM_014494	27327	1,14	4,69E-03
			NM_020847			
PCGF5	227935_s_at	AA522681	NM_032373	84333	1,13	1,23E-03
LOC255326	233271_at	AU145563	XM_497224	255326	1,13	9,42E-03
KIAA1881	207730_x_at	NM_017932	XM_375558	114782	1,13	8,71E-04
NAPE-PLD	233539_at	AK000801	NM_198990	222236	1,13	6,74E-03
PGAP1	220576_at	NM_024989	NM_024989	80055	1,13	4,35E-04
FLJ10707	239957	AW510793	XM_371614	55209	1,13	3,10E-03

ES 2 689 703 T3

SIVA	222030_ at	AW024335	NM_006427	10572	1,13	03 8,59E-03
MGC34032	1552782	AK091400	NM_021709 NM_152697	204962	1,13	6,36E-03
TP53I3	210609_ s_at	BC000474	NM_004881	9540	1,13	6,61E-03
SYT11	232677_ at	AU146128	NM_147184 NM_152280	23208	1,13	3,78E-05
ZAK	1555259_ at	AF465843	NM_016653	51776	1,13	4,30E-04
MTBP	233436_ at	AK022122	NM_133646 NM_022045	27085	1,12	2,65E-03
SDHA	230077_ at	W90764	NM_004168	255812	1,12	7,47E-04
SDHAL2 EIF4A1	214805_ at	U79273	XM_171032 NM_001416	6389 1973	1,12	7,09E-03
ZNF131	1557384_ at	AL832081	---	7690	1,12	3,31E-03
TJP1	244476_ at	R39769	NM_003257	7082	1,12	1,55E-03
NM_000575	208200_ at	NM_000575	NM_175610 ---	---	1,12	9,29E-03
SFI1	36545_s_ at	AB011114	NM_00100746 7	9814	1,12	1,54E-03
GALNT7	222587_ s_at	BF699855	NM_014775 NM_017423	51809	1,12	1,21E-03
AA176313	1566113_ at	AA176313	---	---	1,12	7,32E-03
RABGAP1L	1565762_ at	AK074233	NM_014857	9910	1,12	4,63E-03
MED6	207078_ at	NM_005466	NM_005466	10001	1,12	8,69E-03
NDUFS1	1559691_ at	BC032767	NM_005006	4719	1,11	7,49E-03
SYNCRIP	1555427_ s_at	AY034482	NM_006372	10492	1,11	3,11E-03
TH1L	220607_ x_at	NM_016397	NM_016397	51497	1,11	1,11E-03
SMURF2	230099_ at	AI139993	NM_198976 NM_022739	64750	1,11	9,53E-03
KHDRBS3	209781_ s_at	AF069681	NM_006558	10656	1,11	6,19E-04
LOC90799	223815_ at	AF130069	NM_138363	90799	1,10	9,64E-03
ASCL1	209988_ s_at	BC001638	NM_004316	429	1,10	6,04E-04
AA192765	238172_ at	AA192765	---	---	1,10	7,54E-04
C7orf28B	215024_ at	AK000993	NM_198097	221960	1,10	8,32E-03
SURF5	206593_ s_at	NM_006752	NM_006752	6837	1,10	8,66E-03

ES 2 689 703 T3

SNTB2	232784_ at	R42604	NM_13364 NM_181491 NM_006750	6645	1,10	1,54E-05
TD-60	243297_ at	AI498610	NM_130845 NM_018715	55920	1,10	6,95E-03
HES1	203394_ s_at	BE973687	NM_005524	3280	1,10	9,57E-05
CAS1	239545_ at	AI335004	NM_022900	64921	1,10	4,20E-03
PSMB7	244801_ at	AI248671	NM_002799	5695	1,10	1,35E-04
MBNL2	232138_ at	AW276914	NM_144778	10150	1,10	6,31E-04
hSyn	231087_ at	AL046412	NM_207304 NM_018157	55188	1,09	8,23E-03
LRRFIP1	238840_ at	AW082668	NM_004735	9208	1,09	3,75E-03
SLC7A5	201195_ s_at	AB018009	NM_003486	8140	1,09	1,06E-04
RDH11	217042_ at	AL096716	NM_016026	51109	1,09	1,95E-03
LUC7L2	243852_ at	AI963460	NM_016019	51631	1,09	4,04E-03
SEC8L1	216538_ at	AL049351	NM_021807	60412	1,09	2,92E-04
NM_006896	206848_ at	NM_006896	---	---	1,09	2,52E-04
PSMD7	244515_ at	AI640348	NM_002811	5713	1,08	1,31E-05
SYMPK	1554595_ at	BC030214	NM_004819	8189	1,08	6,40E-03
ELOVL5	1566079_ at	AL833001	NM_021814	60481	1,08	7,71E-03
FLJ10357	241627_ x_at	AI640434	NM_018071	55701	1,08	1,28E-03
PASK	213534_ s_at	D50925	NM_015148	23178	1,08	6,82E-03
CALM2	235190_ at	BF591288	NM_001743	805	1,08	1,73E-04
SEMA5A	205405_ at	NM_003966	NM_003966	9037	1,08	7,59E-05
ITSN1	215791_ at	AF003738	NM_00100113 2	6453	1,08	1,59E-03
PBX4	230536_ at	AJ300182	NM_003024 NM_025245	80714	1,07	9,77E-04
MAN2A1	226538_ at	AV700323	NM_002372	4124	1,07	2,26E-04
MGC2803	230213_ at	BE220399	NM_024038	79002	1,07	9,35E-05
ABCD1	205142_ x_at	NM_000033	NM_000033	215	1,07	8,99E-03
ZNF537	223392_ s_at	BF510588	NM_020856	57616	1,07	1,32E-04
AI733583	243235_ at	AI733583	---	---	1,07	3,45E-03
CROP	242389_ at	BE887449	NM_006107	51747	1,07	1,26E-04

ES 2 689 703 T3

	at		NM_016424			03
SSH2	230590_	BE675486	NM_033389	85464	1,07	5,70E-04
NDUFS8	232169_	AK002110	NM_002496	4728	1,06	6,64E-04
VAPA	242780_	AI332536	NM_003574	9218	1,06	7,88E-03
	at		NM_194434			
FDFT1	238666_	BF438300	NM_004462	2222	1,06	1,67E-03
	at					
NQO1	210519_	BC000906	NM_000903	1728	1,06	4,23E-03
	s_at					
KLHL5	233866_	AK001836	NM_00100707 5	51088	1,06	5,76E-03
	at					
SLC8A3	152403_	AK096553	NM_199039			
	a_at		NM_033262	6547	1,06	2,76E-05
			NM_058240			
			NM_182932			
			NM_182933			
			NM_182936			
			NM_183002			
DPF1	206531_	NM_004647	NM_004647	8193	1,06	4,01E-03
	at					
MCCC2	1556345	AF086534	NM_022132	64087	1,06	2,60E-03
	s_at					
NOS1	239132_	BE299830	NM_000620	4842	1,05	1,68E-03
	at					
DOK4	209691_	BC003541	NM_018110	55715	1,05	9,53E-03
	s_at					
SESN2	223195_	BF131886	NM_031459	83667	1,05	7,34E-03
	s_at					
AK025909	233814_	AK025909	---	---	1,05	2,17E-06
	at					
FBN1	202766_	NM_000138	NM_000138	2200	1,05	4,10E-03
	s_at					
UCHL1	201387_	NM_004181	NM_004181	7345	1,05	2,84E-03
	s_at					
DIAPH1	209190_	AF051782	NM_005219	1729	1,05	3,26E-04
	s_at					
KIAA0152	200616_	BC000371	NM_014730	9761	1,04	2,72E-06
	s_at					
GAP43	204471_	NM_002045	NM_002045	2596	1,04	4,27E-04
	at					
KIAA0528	240205_	AW188170	NM_014802	9847	1,04	5,35E-03
	x_at					
AK025343	216176_	AK025343	---	---	1,04	4,13E-04
	at					
WDR45	215553_	AK024315	NM_007075	11152	1,04	3,37E-03
	x_at					
NLN	234762_	AK026655	NM_020726	57486	1,03	6,21E-03
	x_at					
AI589594	238694_	AI589594	---	---	1,03	1,36E-04
	at					
CTSL2	210074_	AF070448	NM_001333	1515	1,03	7,07E-03
	at					
COBLL1	203642_	NM_014900	NM_014900	22837	1,03	7,47E-03
	s_at					
MGC15407	235662_	AI125867	NM_080667	112942	1,03	8,10E-03

ES 2 689 703 T3

TRNT1	at 223814_ at	BC005184	NM_016000	51095	1,03	03 8,10E- 04
AI377043	230722_ at	AI377043	NM_182916 ---	---	1,03	2,26E- 03
MGC45866	232475_ at	BC002881	NM_152259	90381	1,03	4,71E- 03
KIAA2024	1566166 _at	AL833423	NM_172070	130507	1,03	3,17E- 04
SRGAP2	1556203 _a_at	AI263819	XM_059095	23380	1,03	1,13E- 03
CHTF18	226569_ s_at	AK024476	NM_022092	63922	1,02	1,51E- 03
TCF7L2	216511_ s_at	AJ270770	NM_030756	6934	1,02	1,84E- 07
SDFR1	228723_ at	AL360198	NM_012428	27020	1,02	2,35E- 04
CDCA7	230060_ at	AI277642	NM_017455 NM_031942	83879	1,02	6,93E- 03
CIAPIN1	230838_ s_at	AW771492	NM_145810 NM_020313	57019	1,02	6,62E- 03
SDC4	202071_ at	NM_002999	NM_002999	6385	1,02	4,53E- 03
STK36	234005_ x_at	AK022692	NM_015690	27148	1,02	9,55E- 05
DLGAP4	233056_ x_at	AK024674	NM_014902	22839	1,02	5,12E- 03
CNOT7	233019_ at	AU145061	NM_183006 NM_013354	29883	1,02	3,38E- 03
SKIL	217591_ at	BF725121	NM_054026 NM_005414	6498	1,01	8,82E- 06
GARNL1	215162_ at	AB020691	NM_014990	253959	1,01	3,09E- 04
RFC5	203210_ s_at	NM_007370	NM_194301 NM_007370	5985	1,01	1,06E- 03
AK024136	217152_ at	AK024136	NM_181578 ---	---	1,01	3,14E- 03
ATP8B1	214594_ x_at	BG252666	NM_005603	5205	1,01	6,15E- 03
AL050032	216621_ at	AL050032	---	---	1,01	1,08E- 05
CKLFSF7	1560754 _at	AL832450	NM_138410	112616	1,01	1,86E- 03
KIAA1212	1562648 _at	BC035848	NM_181472 NM_018084	55704	1,01	4,98E- 03
CAPN1	232012_ at	AV691296	NM_005186	823	1,01	1,96E- 03
ZNF207	231848_ x_at	AW192569	NM_003457	7756	1,01	7,04E- 03
TRA2A	229574_ at	AI268231	NM_013293	29896	1,01	7,43E- 03
AU146021	232478_ at	AU146021	---	---	1,01	7,34E-

ES 2 689 703 T3

KNTC1	at 206316_ s_at	NM_014708	NM_014708	9735	1,00	03 8,69E-06
DENR	238982_ at	AW665791	NM_003677	8562	1,00	03 3,31E-03
DNCH2	1565149_ at	AF288405	XM_370652	79659	1,00	06 2,59E-06
PRDX2	215067_ x_at	AU147942	NM_005809	7001	1,00	03 5,62E-03
PRDX6	238951_ at	BF843343	NM_181737 NM_181738 NM_004905	9588	1,00	04 2,00E-04
RIOK3	215588_ x_at	AK024958	NM_003831	8780	1,00	04 5,41E-04
MID1	203636_ at	BE967532	NM_145906 NM_000381	4281	1,00	03 2,42E-03
E2-230K	1554814_ at	BC007822	NM_033290 NM_033291 NM_022066	63893	1,00	03 2,86E-03
ZFOC1	1558816_ at	BC037793	NM_152437	144348	1,00	04 1,23E-04
EFHC1	225656_ at	AI564473	NM_018100	114327	1,00	03 7,26E-03
KIAA0999	242920_ at	AW590838	NM_025164	23387	1,00	03 6,83E-03
GRK6	202848_ s_at	BG423052	NM_00100410 5 NM_00100410 6	2870	0,99	03 2,95E-03
STS	243858_ at	AA699970	NM_002082 NM_000351	412	0,99	03 1,31E-03
AZI2	223846_ at	BC001139	NM_022461	64343	0,99	05 9,97E-05
AW069499	230886_ at	AW069499	NM_203326 ---	---	0,99	04 5,25E-04
NKTR	215338_ s_at	AI688640	NM_005385	4820	0,99	03 6,23E-03
FLJ10408	220535_ at	NM_018088	NM_018088	55138	0,99	03 2,76E-03
PDZRN3	232776_ at	AU145289	NM_015009	23024	0,99	03 5,32E-03
ACVR2	244332_ at	AW974077	NM_001616	92	0,99	06 5,39E-06
GLS	223080_ at	AK025021	NM_014905	2744	0,99	03 2,09E-03
RAB35	205461_ at	NM_006861	NM_006861	11021	0,99	03 8,15E-03
FLJ21415	218867_ s_at	NM_024738	NM_024738	79794	0,99	03 4,67E-03
MTMR9	233101_ at	AK022071	NM_015458	66036	0,98	04 3,57E-04
TDG	203742_ s_at	BF674842	NM_00100841 1	6996	0,98	04 2,79E-04
DKFZP434K046	1570227_ at	BC016065	NM_003211 NM_020312	57017	0,98	03 7,84E-03

ES 2 689 703 T3

RBL1	1555004_a_at	BC032247	NM_002895	5933	0,98	3,12E-03
MYST3	242480_at	AA868356	NM_183404 NM_006766	7994	0,98	3,48E-03
TXNDC5	243405_at	AI097337	NM_022085	81567	0,98	1,17E-03
C14orf153	232814_x_at	AK024310	NM_030810 NM_032374	84334	0,98	2,05E-03
FLJ10569	237504_at	AW002398	NM_018142	55174	0,98	5,78E-05
AW451634	229470_at	AW451634	---	---	0,98	2,25E-03
ATP2B1	209281_s_at	M95541	NM_00100132 3	490	0,98	7,26E-05
CHPT1	1559739_at	AK025141	NM_001682 NM_020244	56994	0,98	1,14E-03
PFKFB4	228499_at	AL038787	NM_004567	5210	0,98	1,03E-04
AI435248	242837_at	AI435248	---	---	0,98	3,31E-03
AL567118	241388_at	AL567118	---	---	0,97	9,39E-03
ZNF274	232436_at	AI057616	NM_016324	10782	0,97	8,11E-03
SLCO3A1	229776_at	AW138118	NM_016325 NM_133502 NM_013272	28232	0,97	3,95E-03
DRIM	209725_at	AF072718	NM_014503	27340	0,97	6,32E-03
AARS	201000_at	NM_001605	NM_001605	16	0,97	3,59E-03
BE857972	243781_at	BE857972	---	---	0,97	2,71E-04
AU146017	234082_at	AU146017	---	---	0,97	1,73E-03
MGC20481	243513_at	AA971848	NM_052849	90416	0,96	3,69E-03
CPEB4	242384_at	AI452469	NM_030627	80315	0,96	8,12E-03
KDELC2	225128_at	AL548941	NM_153705	143888	0,96	3,31E-03
R84398	241993_x_at	R84398	---	---	0,96	3,54E-03
PR47	1560526_at	BQ880034	---	266671	0,96	4,91E-03
GTSE1	204315_s_at	AI340239	NM_016426	51512	0,96	1,04E-03
WDR11	229694_at	BF062828	NM_018117	55717	0,96	6,59E-03
CTNNB1	242558_at	AW362945	NM_001904	1499	0,96	4,14E-03
AI760298	244054_at	AI760298	---	---	0,96	2,18E-05
IQWD1	235613_at	BF476152	NM_018442	55827	0,96	6,64E-03
AW024890	229942_at	AW024890	---	---	0,96	6,64E-03

ES 2 689 703 T3

DDHD1	at 231165_	BE857355	NM_030637	80821	0,96	03 8,45E-
CDYL	at 240594_	W86659	NM_004824	9425	0,96	03 4,83E-
	at		NM_170751 NM_170752 NM_006758			03
U2AF1	232141_	AU144161		7307	0,96	2,17E-
	at					05
RAPGEF2	238176_	T86196	XM_376350	9693	0,96	9,65E-
	at					03
C14orf135	1563259	AK024838	NM_022495	64430	0,95	1,91E-
	at					04
GPX3	214091_	AW149846	NM_002084	2878	0,95	6,75E-
	s_at					03
DKFZp434P055	232398_	AK001064	NM_173466	91531	0,95	1,46E-
	at					03
MATR3	242260_	BG283790	NM_018834	9782	0,95	4,52E-
	at					04
STK36	231806_	AL133630	NM_015690	27148	0,95	3,18E-
	s_at					03
DTX1	1559618	BQ188678	NM_004416	1840	0,95	2,32E-
	at					03
AL832061	1559436	AL832061	---	---	0,95	1,65E-
	x_at					03
VPS29	223026_	AF201946	NM_016226	51699	0,95	6,16E-
	s_at					04
			NM_057180 NM_018144			
SEC61A2	228747_	AI694646		55176	0,95	9,12E-
	at					03
USP7	230761_	AI972599	NM_003470	7874	0,95	4,14E-
	at					06
STK32B	219686_	NM_018401	NM_018401	55351	0,95	7,68E-
	at					03
SMO	218629_	NM_005631	NM_005631	6608	0,95	6,28E-
	at					03
TCF7L2	212761_	AI949687	NM_030756	6934	0,95	3,71E-
	at					03
PDK1	226452_	AU146532	NM_002610	5163	0,94	7,99E-
	at					04
MAP3K1	225927_	AA541479	XM_042066	4214	0,94	1,85E-
	at					03
PMAIP1	204286_	NM_021127	NM_021127	5366	0,94	9,09E-
	s_at					04
AL049260	216524_	AL049260	---	---	0,94	1,42E-
	x_at					03
GTF2H3	222104_	AI569458	NM_001516	2967	0,94	2,18E-
	x_at					03
MGC13098	214740_	BE676209	NM_032958	246721	0,94	6,48E-
	at					03
POLR2J2			NM_032959 NM_145325 XM_379817 XM_499280 NM_144609	84820		
FLJ31795	1566480	AK096357		124808	0,94	1,19E-
	x_at					03
MID1	203637_	NM_000381	NM_000381	4281	0,94	8,91E-
	s_at					03
			NM_033290 NM_033291			

ES 2 689 703 T3

AI692624	1556352_at	AI692624	---	---	0,94	3,86E-03
AL035461	231827_at	AL035461	---	---	0,94	8,02E-03
NFKBIZ	223218_s_at	AB037925	NM_00100547 4	64332	0,93	9,02E-03
R78413	240538_at	R78413	NM_031419	---	0,93	5,24E-03
UBXD4	235327_x_at	BG111015	NM_181713	165324	0,93	2,26E-06
PABPC1	236907_at	AI760366	NM_002568	26986	0,93	9,37E-03
RNF34	219035_s_at	NM_025126	NM_025126	80196	0,93	1,26E-05
FLJ11539	219791_s_at	NM_024748	NM_194271 XM_496724	79804	0,93	1,41E-03
FLJ10156	221591_s_at	BC005004	NM_019013	54478	0,93	4,68E-04
CREBL1	1554487_a_at	BC008394		1388	0,93	4,64E-05
RBBP4	239071_at	AI972451	NM_004381 NM_005610	5928	0,93	3,91E-03
SNRPA1	242146_at	AA872471	NM_003090	6627	0,93	4,37E-03
DERL3	231324_at	AW452134	NM_00100286 2	91319	0,93	9,94E-05
DDX50	1568815_a_at	AA903184	NM_198440 NM_024045	79009	0,93	3,15E-03
KCTD3	241903_at	AI688631	NM_016121	51133	0,93	1,35E-03
TBX3	225544_at	AI806338	NM_005996	6926	0,93	2,95E-03
EXOC7	214802_at	AK022397	NM_016569 NM_015219	23265	0,93	6,60E-03
ZDHHC13	243250_at	AI922173	NM_00100148 3	54503	0,93	7,75E-03
NSF	1566785_x_at	AK025172	NM_019028 NM_006178	4905	0,92	1,01E-03
C9orf3	237716_at	AA699673	NM_032823	84909	0,92	2,56E-03
GPR125	210473_s_at	M37712	NM_145290	166647	0,92	5,29E-07
ZNF160	214715_x_at	AK024789	NM_033288	90338	0,92	1,07E-03
CALU	238908_at	BG392414	NM_198893 NM_001219	813	0,92	2,85E-05
TCF7L2	216037_x_at	AA664011	NM_030756	6934	0,92	1,59E-04
MBNL2	232369_at	AF339768	NM_144778	10150	0,92	6,38E-03
DHX36	1559039_at	AK096808	NM_207304 NM_020865	170506	0,92	4,13E-03

ES 2 689 703 T3

BE563152	224806_at	BE563152	XM_498674	440448	0,92	7,47E-03
TM4SF8	232632_at	AU145719	NM_005724	10099	0,92	1,10E-05
BTBD14B	215587_x_at	AK023891	NM_198902 NM_052876	112939	0,92	2,11E-03
AI821721	241223_x_at	AI821721	---	---	0,91	3,84E-03
SREBF1	235862_at	AA954908	NM_00100529 1	6720	0,91	1,46E-03
AI570571	236092_at	AI570571	NM_004176 ---	---	0,91	2,41E-03
FLJ13491	219245_s_at	AI309636	NM_024623	79676	0,91	9,68E-06
MDH1	235374_at	AW952547	NM_005917	4190	0,91	1,14E-03
PASK	216945_x_at	U79240	NM_015148	23178	0,91	3,14E-03
DTYMK	1553983_at	AF258562	NM_012145	1841	0,90	9,36E-03
CLU	208792_s_at	M25915	NM_001831	1191	0,90	3,22E-05
C20orf172	219512_at	NM_024918	NM_203339 NM_024918	79980	0,90	1,35E-03
PTPN1	202716_at	NM_002827	NM_002827	5770	0,90	4,52E-04
ENTPD6	201704_at	NM_001247	NM_001247	955	0,90	9,65E-03
DKFZP564C196	236367_at	N33174	XM_498825	284649	0,90	3,20E-03
GPT2	224839_s_at	BG328998	NM_133443	84706	0,89	2,50E-03
TH1L	225006_x_at	AJ238379	NM_016397	51497	0,89	1,75E-05
AW975183	244340_x_at	AW975183	NM_198976 ---	---	0,89	1,08E-03
AW131450	235513_at	AW131450	---	---	0,89	1,09E-05
AK023783	215604_x_at	AK023783	---	---	0,89	6,48E-03
KIAA0582	239442_at	BF589179	NM_015147	23177	0,89	1,66E-03
BTBD7	217141_at	AL049394	NM_00100286 0	55727	0,89	2,17E-03
DNAPTP6	222154_s_at	AK002064	NM_018167 NM_015535	26010	0,89	1,33E-03
RNPEP	208270_s_at	NM_020216	NM_020216	6051	0,89	9,93E-04
KIAA0232	232595_at	AK023294	NM_014743	9778	0,89	2,09E-03
ZNF503	227195_at	AA603467	NM_032772	84858	0,88	1,25E-04
RABL4	213784_at	AL037167	NM_006860	11020	0,88	4,07E-03
KLF7	204334_at	AA488672	NM_003709	8609	0,88	5,59E-03

ES 2 689 703 T3

FLJ13611	at 234788_ x_at	AK024819	NM_024941	80006	0,88	04 4,20E-03
TFF3	204623_ at	NM_003226	NM_003226	7033	0,88	1,84E-03
C7orf24	239841_ at	AA137038	NM_024051	79017	0,88	5,49E-05
FLJ14346	220720_ x_at	NM_025029	NM_025029	80097	0,88	2,42E-03
PGF	215179_ x_at	AK023843	NM_002632	5228	0,88	6,50E-04
BTBD9	233041_ x_at	AK025009	NM_152733	114781	0,87	5,26E-03
ZFP64	242759_ at	AI821726	NM_018197	55734	0,87	1,39E-03
			NM_022088 NM_199426 NM_199427			
AW139789	232134_ at	AW139789	---	---	0,87	2,61E-05
KIAA1706	1563621_ at	AL713724	NM_030636	80820	0,87	9,21E-03
GNAS	228173_ at	AA810695	NM_000516	2778	0,87	1,14E-03
			NM_016592 NM_080425 NM_080426			
ESPL1	204817_ at	NM_012291	NM_012291	9700	0,87	4,80E-03
AI791828	237868_ x_at	AI791828	---	---	0,87	3,13E-05
RBM6	1556672_ a_at	AI190489	NM_005777	10180	0,87	7,88E-04
SBNO1	216161_ at	AK024128	NM_018183	55206	0,87	2,11E-03
BF056892	229024_ at	BF056892	---	---	0,87	7,14E-06
CDC42BPA	215296_ at	AK027000	NM_003607	8476	0,87	5,58E-03
			NM_014826			
BE727883	226495_ at	BE727883	XM_498844	440752	0,87	7,67E-03
ANK2	216195_ at	AF131823	NM_001148	287	0,86	2,02E-04
			NM_020977			
SFI1	215699_ x_at	AL096768	NM_00100746 7	9814	0,86	4,61E-04
			NM_014775			
TH1L	225261_ x_at	AJ238376	NM_016397	51497	0,86	4,08E-05
			NM_198976			
SEMA6A	215028_ at	AB002438	NM_020796	57556	0,86	1,40E-04
LOC91431	228859_ at	BF056790	NM_138698	91431	0,86	3,09E-03
FTHFSDC1	240552_ at	AA811452	NM_015440	25902	0,86	8,65E-04
TRIM36	219736_ at	NM_018700	NM_018700	55521	0,86	8,76E-03
DDX11	208159_ at	NM_004399	NM_004399	1663	0,86	1,06E-03

ES 2 689 703 T3

	x_at					03
			NM_030653			
NFATC2IP	212809_	AA152202	NM_030655	84901	0,86	5,06E-
	at		NM_032815			04
M-RIP	231255_	AI970090	NM_015134	23164	0,86	6,68E-
	at					04
PCNT1	218014_	NM_024844	NM_201274	79902	0,86	7,48E-
	at		NM_024844			05
ADAM33	233868_	AL117415	NM_025220	80332	0,85	1,87E-
	x_at					04
FLJ10569	229633_	AA115512	NM_153202	55174	0,85	3,01E-
	at		NM_018142			04
AI734111	222284_	AI734111	---	---	0,85	2,27E-
	at					03
RPL35A	215208_	AK021571	NM_000996	6165	0,85	1,22E-
	x_at					03
SNCAIP	219511_	NM_005460	NM_005460	9627	0,85	1,37E-
	s_at					03
GRIK2	1560265_	BQ434382	NM_021956	2898	0,85	8,83E-
	at					04
CCND1	208711_	BC000076	NM_175768	595	0,85	5,90E-
	s_at		NM_053056			05
NM_003349	201003_	NM_003349	---	---	0,85	1,49E-
	x_at					04
FLJ13089	225888_	N62802	NM_024953	80018	0,84	3,59E-
	at					04
SLB	226324_	AB033005	NM_015662	26160	0,84	6,60E-
	s_at					03
SFRS15	222310_	AA648521	NM_020706	57466	0,84	2,91E-
	at					03
AP3M2	1569053_	BG110196	NM_006803	10947	0,84	9,81E-
	at					04
STRA6	1569335_	BC015881	NM_022369	64220	0,83	1,47E-
	a_at					03
TH1L	225865_	AJ238374	NM_016397	51497	0,83	3,21E-
	x_at					04
SLC2A4RG	218494_	NM_020062	NM_198976	56731	0,83	8,97E-
	s_at		NM_020062			05
NCOA5	239815_	R16784	NM_020967	57727	0,83	7,12E-
	at					03
AARSL	231845_	AI721172	NM_020745	57505	0,83	4,13E-
	at					04
AA767373	236327_	AA767373	---	---	0,83	1,12E-
	at					03
KIAA1434	230492_	BE328402	NM_019593	56261	0,83	8,78E-
	s_at					04
RGMA	223468_	AL136826	NM_020211	56963	0,83	2,26E-
	s_at					03
T86613	235804_	T86613	---	---	0,83	9,52E-
	at					05
LMO4	209205_	BC003600	NM_006769	8543	0,83	5,83E-
	s_at					04
AL044078	221860_	AL044078	---	---	0,83	2,22E-
	at					04
AA824321	227547_	AA824321	---	---	0,82	1,63E-

ES 2 689 703 T3

C9orf64	at 223697_ x_at	BC004407	NM_032307	84267	0,82	03 8,80E- 05
EIF3S9	242550_ at	AA628539	NM_003751	8662	0,82	2,91E- 04
LOC144766	243986_ at	BE409452	NM_182712 XM_378419	144766	0,82	2,37E- 03
C14orf145	1557755_ at	AW028337	XM_496002	145508	0,82	3,02E- 03
FAM19A5	237094_ at	AI953086	NM_015381	25817	0,82	1,93E- 05
CDKN2C	211792_ s_at	U17074	NM_001262	1031	0,82	7,21E- 03
STMN3	222557_ at	AL353715	NM_078626 NM_015894	50861	0,82	3,09E- 03
C6orf111	230375_ at	AI936531	NM_032870	25957	0,82	6,14E- 04
CBWD1	226193_ x_at	AV709992	NM_018491	150472	0,82	7,60E- 03
CBWD2 LOC220869 DC36 ATF3	202672_ s_at	NM_001674	NM_172003 NM_201453 NM_001674	220869 389760 55871 467	0,82	4,70E- 03
AW629478	244625_ at	AW629478	NM_004024 ---	---	0,82	1,02E- 03
RAD51C	206066_ s_at	NM_002876	NM_002876	5889	0,82	1,65E- 03
C15orf25	220071_ x_at	NM_018097	NM_058216 NM_058217 NM_018097	55142	0,82	5,19E- 04
C22orf18	218741_ at	NM_024053	NM_00100287 6	79019	0,81	7,04E- 03
GSS	211630_ s_at	L42531	NM_024053 NM_000178	2937	0,81	4,31E- 03
IREB2	1563129_ at	AL109710	NM_004136	3658	0,81	5,38E- 03
EPIM	213434_ at	H95263	NM_001980	2054	0,81	1,48E- 05
DZIP1L	239785_ at	BF340245	NM_194356 NM_173543	199221	0,81	7,64E- 03
DHX37	223364_ s_at	BC004463	NM_032656	57647	0,81	4,75E- 03
BC041029	1569025_ s_at	BC041029	XM_371697	389211	0,81	2,66E- 03
NY-REN-7	214945_ at	AW514267	NM_173663	285596	0,81	9,82E- 03
LOC389347 AA778747	241941_ at	AA778747	XM_371783 ---	389347 ---	0,81	3,29E- 04
\$PDE4C	206792_ x_at	NM_000923	NM_000923	5143	0,81	3,77E- 04
SYNCRIP	209025_ s_at	AF037448	NM_006372	10492	0,81	1,94E- 03

ES 2 689 703 T3

DRPLA	236961_ at	AI539426	NM_00100702 6	1822	0,80	7,80E-03
ZNF611	208137_ x_at	NM_030972	NM_001940 NM_030972	81856	0,80	1,06E-03
BACH2	215907_ at	AK027193	NM_021813	60468	0,80	1,49E-03
AL038191	240271_ at	AL038191	---	---	0,80	4,41E-04
FANCC	205189_ s_at	NM_000136	NM_000136	2176	0,80	6,32E-04
RPL10A	232592_ at	AU146731	NM_007104	4736	0,80	4,23E-03
GALNT7	218313_ s_at	NM_017423	NM_017423	51809	0,80	5,54E-03
SCML1	222747_ s_at	BF001786	NM_006746	6322	0,79	2,71E-03
DERA	218102_ at	NM_015954	NM_015954	51071	0,79	1,87E-03
AF131796	231916_ at	AF131796	---	---	0,79	4,14E-03
CCNE1	213523_ at	AI671049	NM_001238	898	0,79	8,53E-03
WVOX	233161_ at	AK022464	NM_057182 NM_016373	51741	0,79	2,29E-03
SRP54	1557504_ at	AI076351	NM_018560 NM_130788 NM_130790 NM_130791 NM_130792 NM_130844 NM_003136	6729	0,79	7,25E-03
BG149337	229814_ at	BG149337	---	---	0,79	7,38E-03
BE676171	237156_ at	BE676171	---	---	0,79	4,22E-03
NR2C1	210530_ s_at	M21985	NM_003297	7181	0,79	4,35E-03
NKTR	243055_ at	BF514072	NM_005385	4820	0,78	9,55E-03
KIAA0152	200617_ at	NM_014730	NM_014730	9761	0,78	6,41E-03
EMILIN3	228307_ at	AL137580	NM_052846	90187	0,78	3,72E-03
TM4SF14	221002_ s_at	NM_030927	NM_030927	81619	0,78	3,35E-03
AI151104	237475_ x_at	AI151104	---	---	0,78	1,69E-03
NUP153	239948_ at	AA004800	NM_005124	9972	0,78	1,85E-03
PELI2	219132_ at	NM_021255	NM_021255	57161	0,78	9,97E-04
THOC4	226319_ s_at	AF047002	NM_005782	10189	0,78	3,97E-03
HOXD4	1552337_ s_at	NM_014621	NM_014621	3233	0,78	4,73E-03
PPM1B	232580_ x_at	AL117553	NM_002706	5495	0,78	2,42E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_177968 NM_177969			
AK000864	216290_x_at	AK000864	---	---	0,78	9,80E-03
KIFC1	209680_s_at	BC000712	XM_371813	3833	0,78	2,91E-03
GSS	201415_at	NM_000178	NM_000178	2937	0,78	7,64E-03
ACPL2	236908_at	BE550429	NM_152282	92370	0,78	2,99E-03
AA348683	240198_at	AA348683	---	---	0,77	1,02E-05
ORF1-FL49	224707_at	AL522667	NM_032412	84418	0,77	3,79E-04
LOC340085	232455_x_at	AU145408	---	340085	0,77	4,32E-04
CNP	1556053_at	AL556987	NM_033133	1267	0,77	2,24E-04
AK098337	1566144_at	AK098337	XM_496690	401131	0,77	1,47E-03
HEG	213069_at	AI148659	XM_087386	57493	0,77	1,93E-03
AI833186	242593_at	AI833186	---	---	0,77	9,83E-04
GPR51	217077_s_at	AF095723	NM_005458	9568	0,77	7,45E-03
KIAA1434	224826_at	AK001947	NM_019593	56261	0,77	3,37E-04
TYRO3	211432_s_at	U05682	NM_006293	7301	0,77	1,71E-03
GNB4	223488_s_at	BC000873	NM_021629	59345	0,77	9,63E-03
MPHOSPH9	237158_s_at	AW449069	NM_022782	10198	0,77	6,87E-03
FBXW12	215600_x_at	AK022174	NM_207102	285231	0,77	4,32E-03
PTK7	1555324_at	BC046109	NM_002821	5754	0,77	9,93E-03
			NM_152880 NM_152881 NM_152882 NM_152883			
KLHL5	226001_at	AK002174	NM_00100707 5	51088	0,77	7,30E-03
			NM_199039 NM_018058			
CRTAC1	221204_s_at	NM_018058	NM_018058	55118	0,76	5,35E-03
AK021514	215978_x_at	AK021514	---	---	0,76	7,15E-03
N53564	242280_x_at	N53564	---	---	0,76	1,02E-04
OLFML3	218162_at	NM_020190	NM_020190	56944	0,76	3,61E-04
PDCD2	243773_at	H65902	NM_002598	5134	0,76	9,35E-03
			NM_144781			
H09533	239748_x_at	H09533	---	---	0,76	6,06E-04
SH3MD1	224817_at	W93554	NM_014631	9644	0,76	1,12E-05

ES 2 689 703 T3

C9orf86	219828_at	NM_024718	NM_024718	55684	0,76	2,56E-03
TBX3	243234_at	BG055137	NM_005996	6926	0,76	4,38E-03
PHF20L1	1554472_a_at	BC015211	NM_016569 NM_016018	51105	0,76	3,06E-03
FLJ10404	243047_at	AV698751	NM_024878 NM_032205 NM_198513 NM_019057	54540	0,76	6,86E-03
SIRT2	1558331_at	BG722779	NM_012237	22933	0,76	6,78E-03
BRI3BP	231810_at	BG106919	NM_030593 NM_080626	140707	0,76	1,27E-03
C19orf14	215218_s_at	AC004144	NM_173636	284403	0,76	9,95E-03
AFG3L1	1552287_s_at	NM_001132	NM_001132	172	0,76	4,38E-03
MUM1	229033_s_at	AA143060	NM_032853	84939	0,76	1,74E-04
DHX35	218579_s_at	NM_021931	NM_021931	60625	0,76	1,36E-03
ESPL1	38158_at	D79987	NM_012291	9700	0,75	5,71E-03
WBSCR20C	213460_x_at	N29665	NM_032158	260294	0,75	3,30E-04
SFI1	213431_x_at	AB011114	NM_148936 NM_148980 NM_149379 NM_00100746 7 NM_014775	9814	0,75	3,65E-05
AI252004	242696_at	AI252004	---	---	0,75	1,12E-03
SLC15A4	225043_at	AW304786	NM_145648	121260	0,75	9,55E-03
PME-1	243443_at	AI076511	NM_016147	51400	0,75	4,15E-03
TUBGCP2	244842_x_at	AA235663	NM_006659	10844	0,75	5,81E-03
AI041522	228030_at	AI041522	---	---	0,75	8,68E-03
KIAA0992	234135_x_at	AK021652	NM_016081	23022	0,75	3,75E-04
NQO1	201467_s_at	AI039874	NM_000903	1728	0,75	9,53E-03
TJP2	243148_at	AA007423	NM_004817	9414	0,75	2,81E-03
IQGAP1	213446_s_at	AI679073	NM_201629 NM_003870	8826	0,75	1,44E-03
SEC11L3	223299_at	AF212233	NM_033280	90701	0,75	7,34E-04
LOC283871	222622_at	BG284709	XM_208887	283871	0,75	4,92E-03
T96555	243818_at	T96555	---	---	0,75	3,01E-03

ES 2 689 703 T3

TCEA1	1566207_at	BQ286789	NM_006756	6917	0,74	1,85E-03
ZNF44	233775_x_at	AK023304	NM_201437 NM_016264	51710	0,74	1,98E-04
AK024599	233702_x_at	AK024599	---	---	0,74	2,99E-03
C20orf44	244795_at	AV693986	NM_018244	55245	0,74	9,01E-03
N4BP2	231996_at	AB037834	NM_199487 NM_199513 NM_018177	55728	0,74	6,20E-06
CLIC4	201559_s_at	AF109196	NM_013943	25932	0,74	9,19E-03
SEC15L1	232599_at	AF220217	NM_019053	54536	0,74	7,90E-03
AU145662	233399_x_at	AU145662	XM_499131	441383	0,74	1,87E-03
RAD54L	204558_at	NM_003579	NM_003579	8438	0,74	1,24E-03
SLC4A8	207056_s_at	NM_004858	NM_004858	9498	0,74	5,18E-03
PLS3	201215_at	NM_005032	NM_005032	5358	0,74	9,88E-03
C10orf6	203482_at	AL133215	NM_018121	55719	0,74	9,76E-03
PDLIM7	1569150_x_at	BC023629	NM_005451	9260	0,73	1,56E-03
AI939447	241268_x_at	AI939447	NM_203352 NM_203353 NM_213636 ---	---	0,73	2,79E-04
FLJ12649	219626_at	NM_024597	XM_291344	79649	0,73	8,01E-04
PPHLN1	234459_at	AK000186	NM_016488	51535	0,73	6,98E-03
DBT	205370_x_at	NM_001918	NM_201438 NM_201439 NM_201440 NM_201515 NM_001918	1629	0,73	4,67E-03
CBX3	230998_at	AV702506	NM_007276	11335	0,73	8,36E-03
ASAH1	214765_s_at	AK024677	NM_016587 NM_014435	27163	0,73	1,72E-05
AF130054	211452_x_at	AF130054	---	---	0,73	5,36E-04
CHKB	204193_at	NM_005198	NM_005198	1120	0,72	3,15E-04
IQGAP1	210840_s_at	D29640	NM_152253 NM_003870	8826	0,72	7,05E-05
ASAH1	232072_at	AK025371	NM_014435	27163	0,72	1,08E-03
MDS028	220590_at	NM_018463	NM_018463	55846	0,72	2,33E-04

ES 2 689 703 T3

SPCS3	222753_s_at	AL136660	NM_021928	60559	0,72	6,00E-03
TERT	207199_at	NM_003219	NM_003219	7015	0,72	3,23E-05
			NM_198253 NM_198254 NM_198255			
BI496583	1557675_at	BI496583	---	---	0,72	4,63E-03
KIAA1731	1565829_at	BU619319	XM_374922	85459	0,72	6,04E-03
UPF3A	206958_s_at	AF318575	NM_023011	65110	0,72	6,99E-04
			NM_080687 NM_145290			
GPR125	1555122_at	BC026009	NM_145290	166647	0,72	4,13E-03
FMNL2	1556656_at	BF477401	NM_00100441 7	114793	0,72	1,56E-03
			NM_00100442 1 NM_00100442 2 NM_052905 NM_016021			
UBE2J1	236528_at	N64079	NM_016021	51465	0,72	2,03E-03
AF15Q14	1552680_a_at	NM_020380	NM_020380	57082	0,71	8,46E-03
			NM_144508 NM_170589 NM_014700			
RAB11FIP3	228613_at	BF183535	NM_014700	9727	0,71	5,28E-03
GARNL1	234923_at	AK022988	NM_014990	253959	0,71	7,34E-03
			NM_194301 NM_003258			
TK1	1554408_a_at	BC007986	NM_003258	7083	0,71	4,05E-03
BE503981	229593_at	BE503981	---	---	0,71	2,45E-05
MARS	201475_x_at	NM_004990	NM_004990	4141	0,71	6,05E-03
IDH3B	210014_x_at	AF023266	NM_006899	3420	0,71	6,81E-03
			NM_174855 NM_174856 NM_004956			
ETV1	217061_s_at	AC004857	NM_004956	2115	0,71	4,82E-03
AI829569	236671_at	AI829569	---	---	0,71	5,08E-04
MCM4	212141_at	AA604621	NM_005914	4173	0,71	2,19E-03
			NM_182746 NM_024529			
HRPT2	215398_at	AF038194	NM_024529	79577	0,70	2,72E-03
SFRS14	212001_at	AV738039	NM_014884	10147	0,70	1,89E-04
GEMIN4	217099_s_at	AF258545	NM_015721	50628	0,70	2,89E-03
RRAGD	221524_s_at	AF272036	NM_021244	58528	0,70	4,52E-03
PSAT1	220892_s_at	NM_021154	NM_021154	29968	0,70	4,14E-03
			NM_058179			

ES 2 689 703 T3

NSUN5	213670_x_at	AI768378	NM_018044	155400	0,70	3,58E-05
WBSCR20B			NM_032158	260294		
WBSCR20C			NM_145645	55695		
			NM_148936			
			NM_148956			
			NM_148980			
			NM_149379			
KIAA0286	212621_at	AB006624	NM_015257	23306	0,70	5,42E-03
AFG3L1	236250_at	AI859065	NM_001132	172	0,70	4,29E-03
MAD2L2	223234_at	AF080398	NM_006341	10459	0,70	6,48E-03
BF062155	238279_x_at	BF062155	---	---	0,70	1,33E-03
PSMD7	238738_at	AW361702	NM_002811	5713	0,70	1,94E-03
TUBG1	201714_at	NM_001070	NM_001070	7283	0,69	9,09E-03
CSTF1	202190_at	NM_001324	NM_001324	1477	0,69	3,88E-03
T71269	234033_at	T71269	---	---	0,69	3,53E-03
CROP	241792_x_at	N36160	NM_006107	51747	0,69	2,36E-03
			NM_016424			
SLIT3	203813_s_at	NM_003062	NM_003062	6586	0,69	8,85E-03
AI857788	227126_at	AI857788	---	---	0,69	3,64E-04
FLJ12700	219627_at	NM_024910	NM_024910	79970	0,69	5,30E-04
FLJ40432	228810_at	AW135279	NM_152523	151195	0,69	9,81E-04
DGCR8	219811_at	NM_022720	NM_022720	54487	0,69	3,02E-03
SHMT1	209980_s_at	L23928	NM_004169	6470	0,68	2,17E-03
			NM_148918			
UPF3A	217596_at	AA649851	NM_023011	65110	0,68	3,51E-03
			NM_080687			
PPT2	209826_at	AF020544	NM_005155	9374	0,68	3,49E-04
			NM_138717			
			NM_138934			
THOC4	226320_at	AF047002	NM_005782	10189	0,68	4,54E-03
NDUFA5	215850_s_at	AK022209	NM_005000	4698	0,68	8,18E-03
DTYMK	203270_at	NM_012145	NM_012145	1841	0,68	7,28E-03
FLJ10199	218815_s_at	NM_018022	NM_018022	55092	0,68	3,91E-03
CRSP6	232483_at	AK022156	NM_004268	9440	0,68	5,79E-04
PTPRF	215066_at	AU158443	NM_002840	5792	0,68	3,31E-03
			NM_130440			

ES 2 689 703 T3

ADD1	214736_s_at	BE898639	NM_001119	118	0,68	1,78E-03
			NM_014189			
			NM_014190			
			NM_176801			
C9orf88	223019_at	BC001979	NM_022833	64855	0,68	9,03E-04
FLJ34443	241408_at	AA531337	NM_175918	285464	0,68	9,11E-03
TK2	208246_x_at	NM_017618	NM_004614	7084	0,67	5,00E-03
C10orf79	243896_at	AI809779	NM_025145	80217	0,67	4,78E-03
SRGAP2	1556202_at	AI263819	XM_059095	23380	0,67	9,56E-03
PANK2	218809_at	NM_024960	NM_024960	80025	0,67	2,17E-06
			NM_153637			
			NM_153638			
			NM_153639			
			NM_153640			
			NM_153641			
HOXD4	205522_at	NM_014621	NM_014621	3233	0,67	5,20E-03
NES	218678_at	NM_024609	NM_006617	10763	0,67	1,78E-03
MICAL3	229474_at	BF055090	XM_032996	57553	0,67	3,47E-03
			XM_032997			
TCF7L2	212762_s_at	AI375916	NM_030756	6934	0,67	3,83E-03
TPD52L2	201379_s_at	NM_003288	NM_003288	7165	0,66	4,00E-03
			NM_199359			
			NM_199360			
			NM_199361			
			NM_199362			
			NM_199363			
PVRL3	213325_at	AA129716	NM_015480	25945	0,66	2,59E-04
ASAH1	227135_at	AI436803	NM_014435	27163	0,66	2,36E-03
AI197932	229498_at	AI197932	---	---	0,66	6,38E-03
KIAA0931	213407_at	AB023148	NM_015020	23035	0,66	4,47E-03
AK057923	1556364_at	AK057923	XM_498935	440960	0,66	9,42E-03
ADRBK2	204183_s_at	AI478542	NM_005160	157	0,66	2,10E-04
SNX5	223666_at	BC002724	NM_014426	27131	0,66	5,32E-03
			NM_152227			
WBSCR23	221176_x_at	NM_025042	NM_025042	80112	0,66	5,53E-06
AK024901	234326_at	AK024901	---	---	0,65	1,50E-04
ZNF500	41113_at	AI871396	NM_021646	26048	0,65	1,77E-03
DMN	212730_at	AK026420	NM_015286	23336	0,65	3,64E-03

ES 2 689 703 T3

	at					03
ANKH	239449_	AV693734	NM_145728			
	at		NM_054027	56172	0,65	2,03E-03
C14orf120	216263_	AK022215	XM_033371	25983	0,65	1,76E-03
	s_at					
ZNF291	215848_	AW139369	NM_020843	49855	0,65	3,43E-03
	at					
RFC1	209085_	L14922	NM_002913	5981	0,65	2,64E-04
	x_at					
SLIT2	209897_	AF055585	NM_004787	9353	0,65	2,23E-03
	s_at					
LOC134147	234981_	BE537881	NM_138809	134147	0,65	2,57E-03
	x_at					
GPR51	209991_	AF069755	NM_005458	9568	0,65	6,51E-04
	x_at					
AL037473	1557780	AL037473	---	---	0,64	9,19E-03
	at					
C14orf111	215567_	AU144919	NM_015962	51077	0,64	2,31E-03
	at					
CBX5	241875_	AA204654	NM_012117	23468	0,64	8,07E-04
	at					
UCKL1	218533_	NM_017859	NM_017859	54963	0,64	7,28E-03
	s_at					
BG231554	243179_	BG231554	---	---	0,64	5,62E-04
	at					
PLK4	204887_	NM_014264	NM_014264	10733	0,64	7,56E-04
	s_at					
OGG1	205760_	NM_016821	NM_002542	4968	0,64	4,62E-04
	s_at					
			NM_016819			
			NM_016820			
			NM_016821			
			NM_016826			
			NM_016827			
			NM_016828			
			NM_016829			
PAICS	201014_	NM_006452	NM_006452	10606	0,64	8,63E-05
	s_at					
RNF150	227657_	AA722069	NM_020724	57484	0,64	2,38E-03
	at					
ETV1	217053_	X87175	NM_004956	2115	0,64	6,17E-03
	x_at					
HRB2	232441_	AU147079	NM_007043	11103	0,64	8,66E-03
	at					
CTNBL1	221021_	NM_030877	NM_030877	56259	0,64	2,56E-04
	s_at					
FLJ33915	229892_	AW628843	NM_182613	347918	0,64	7,04E-03
	at					
TORC3	232879_	AK024981	NM_022769	64784	0,64	5,57E-03
	at					
IPW	213447_	AI672541	---	3653	0,64	3,46E-03
	at					
ZNF337	214760_	AL049942	NM_015655	26152	0,64	6,30E-03
	at					
SNTA1	203516_	NM_003098	NM_003098	6640	0,64	5,62E-03
	at					
STX1A	204729_	NM_004603	NM_004603	6804	0,64	4,16E-04
	s_at					
RAN	200750_	AF054183	NM_006325	5901	0,64	4,86E-04

ES 2 689 703 T3

FLJ11029	s_at 232215_	AK000296	NM_018304	55771	0,63	04 8,93E-
H2AFX	x_at 205436_	NM_002105	NM_002105	3014	0,63	04 1,85E-
LOC338799	s_at 1556042	BI912454	---	338799	0,63	03 2,22E-
BC022346	s_at 1570210	BC022346	---	---	0,63	03 5,53E-
C10orf58	x_at 224435_	BC005871	NM_032333	84293	0,63	03 3,19E-
LOC338799	at 226369_	AW138760	---	338799	0,62	06 4,89E-
C9orf81	at 1557985	AA248753	XM_095991	84131	0,62	03 4,31E-
AK023870	s_at 233427_	AK023870	---	---	0,62	03 7,36E-
FLJ10504	x_at 218296_	NM_018116	NM_018116	55154	0,62	04 1,11E-
LOC155435	x_at 225839_	AW290882	NM_001008408	155435	0,62	03 7,67E-
GNG12	at 212294_	BG111761	NM_018841	55970	0,62	03 4,81E-
FLJ23342	at 236059_	AW168168	NM_024631	79684	0,62	04 8,20E-
LM07	at 233646_	AK027238	NM_005358	4008	0,62	03 7,32E-
PHF20L1	at 222133_	AK022280	NM_016018	51105	0,62	03 1,32E-
	s_at		NM_024878 NM_032205 NM_198513 NM_145231			
C14orf143	214264_	AI656610		90141	0,62	5,71E-
LOC157627	s_at 1556046	AL832535	---	157627	0,62	03 4,24E-
MAP3K13	a_at 206249_	NM_004721	NM_004721	9175	0,62	03 4,38E-
VGF	at 205586_	NM_003378	NM_003378	7425	0,62	03 1,70E-
BLCAP	x_at 201032_	NM_006698	NM_006698	10904	0,62	03 1,91E-
POLE2	at 205909_	NM_002692	NM_002692	5427	0,62	04 9,76E-
ZGPAT	at 221848_	AL121845	NM_032527	84619	0,61	03 1,83E-
	at		NM_181484 NM_181485 NM_033104			
STN2	227461_	AA632295		85439	0,61	03 5,56E-
SFRS11	at 213742_	AW241752	NM_004768	9295	0,61	03 8,24E-
GPR51	at 209990_	AF056085	NM_005458	9568	0,61	03 8,69E-
TGDS	s_at 237346_	AA976208	NM_014305	23483	0,61	04 2,60E-
PANK2	at 235130_	AV703394	NM_024960	80025	0,61	03 2,05E-
	at		NM_153637 NM_153638			

ES 2 689 703 T3

			NM_153639 NM_153640 NM_153641 NM_004324	581	0,61	2,28E-03
BAX	208478_s_at	NM_004324				
			NM_138761 NM_138762 NM_138763 NM_138764 NM_138765 NM_014868			
RNF10	207801_s_at	NM_014868	NM_014868	9921	0,61	9,50E-03
SPAG5	203145_at	NM_006461	NM_006461	10615	0,61	3,43E-03
TOP3A	204946_s_at	NM_004618	NM_004618	7156	0,61	4,78E-04
REC14	215156_at	AL109709	NM_025234	80349	0,61	9,61E-04
MGC4308	220612_at	NM_014135	NM_032359	84319	0,61	7,73E-03
AI144156	238670_at	AI144156	---	---	0,61	2,33E-03
TBPIP	205956_x_at	NM_013290	NM_013290	29893	0,61	9,34E-05
			NM_016556			
AW517479	242608_x_at	AW517479	---	---	0,60	4,70E-03
DXS9879E	219061_s_at	NM_006014	NM_00601	8270	0,60	7,83E-03
384D8-2	205086_s_at	NM_014551	NM_014551	29781	0,60	3,91E-03
			NM_152299 NM_015544			
DKFZP564K196	223170_at	AF132000	NM_015544	26022	0,60	2,90E-03
SOX2	213722_at	AW007161	NM_003106	6657	0,60	2,03E-03
CGI-96	33307_at	AL022316	NM_015703	27341	0,60	7,39E-03
BE464132	236841_at	BE464132	XM_496585	440897	0,60	1,92E-03
AK025048	1565705_x_at	AK025048	---	---	0,60	7,42E-03
HEXA	215155_at	J04178	NM_000520	3073	0,60	8,59E-03
NY-REN-41	226287_at	AI458313	NM_080654	91057	0,60	6,85E-03
AK023354	222252_x_at	AK023354	---	---	0,60	7,20E-03
KIAA0582	1559159_at	AK094069	NM_015147	23177	0,59	2,73E-03
PDE8A	212521_s_at	BE568219	NM_002605	5151	0,59	7,81E-03
			NM_173454 NM_173455 NM_173456 NM_173457			
BE671060	235901_at	BE671060	---	---	0,59	7,80E-03
KIAA1423	225127_at	BF217531	XM_376550	57583	0,59	2,86E-03

ES 2 689 703 T3

DDX54	219111_s_at	NM_024072	NM_024072	79039	0,59	5,24E-03
ADCYAP1	230237_at	BE220888	NM_001117	116	0,59	4,24E-03
CDKN1A	202284_s_at	NM_000389	NM_000389	1026	0,59	1,54E-03
PWP1	201606_s_at	BE796924	NM_078467 NM_007062	11137	0,59	3,48E-04
ZNF505	215758_x_at	AC007204	NM_00100412 6	81931	0,59	1,44E-03
FLJ00312	221971_x_at	BE672818	NM_031218 XM_374801	399761	0,59	7,23E-03
IGBP1	242337_at	AI347128	NM_001551	3476	0,59	9,36E-03
ANKRD11	219437_s_at	NM_013275	NM_013275	29123	0,59	5,45E-03
TRAF4	202871_at	NM_004295	NM_004295	9618	0,59	3,31E-03
FLJ10404	218920_at	NM_019057	NM_145751 NM_019057	54540	0,59	1,51E-03
SS18L1	213140_s_at	AB014593	NM_015558	26039	0,59	7,09E-05
C20orf161	236514_at	AI885067	NM_198935 NM_033421	90203	0,58	6,89E-03
CTNNB1	223679_at	AF130085	NM_152897 NM_001904	1499	0,58	7,83E-04
NSFL1C	220248_x_at	NM_018839	NM_016143	55968	0,58	4,26E-03
MGC15606	215968_at	AF055018	NM_018839 NM_182483 NM_145037	91775	0,58	2,12E-03
VTN	204534_at	NM_000638	NM_000638	7448	0,58	1,72E-03
SNX5	217792_at	NM_014426	NM_014426	27131	0,58	4,70E-03
LOC157627	214839_at	AF052108	NM_152227 ---	157627	0,58	4,90E-03
NSFL1C	232520_s_at	AK023585	NM_016143	55968	0,58	7,68E-03
E2IGS	223193_x_at	AF201944	NM_018839 NM_182483 NM_014367	26355	0,58	3,89E-04
ANKFY1	224900_at	AK025960	NM_016376	51479	0,58	6,56E-03
HNRPA3	211931_s_at	BG505670	NM_020740 NM_194247	220988	0,58	1,97E-03
COH1	1553852_at	NM_152564	NM_015243	157680	0,58	8,57E-03
			NM_017890 NM_152564 NM_181661			

ZNF305	240181_at	AI939511	NM_184042 NM_014724	9753	0,58	6,71E-03
RFC5	203209_at	BC001866	NM_007370 NM_181578	5985	0,58	7,00E-03

Tabla 10. Expresión génica disminuida en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular SiMa en estado no diferenciado utilizando análisis de micromatrices

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
HSPA1A	200799_at	NM_005345	NM_005345	3303	-6,50	8,44E-07
CYTL1	219837_s_at	NM_018659	NM_018659	54360	-5,69	4,29E-10
CYGB	226632_at	AL513673	NM_134268	114757	-5,62	1,77E-03
SYT13	226086_at	AB037848	NM_020826	57586	-5,23	2,54E-09
H39185	240433_x_at	H39185	---	---	-5,19	1,50E-07
AV724769	235118_at	AV724769	---	---	-5,15	5,31E-08
AW188087	226809_at	AW188087	---	---	-5,07	1,50E-07
IGFBP7	201162_at	NM_001553	NM_001553	3490	-4,97	1,64E-07
MEOX2	206201_s_at	NM_005924	NM_005924	4223	-4,95	5,73E-08
NNAT	204239_s_at	NM_005386	NM_005386	4826	-4,84	3,41E-07
			NM_181689			
CYGB	1553572_a_at	NM_134268	NM_134268	114757	-4,74	1,06E-03
IGSF4D	1552754_a_at	AA640422	NM_153184	253559	-4,44	9,24E-10
IGFBP7	201163_s_at	NM_001553	NM_001553	3490	-4,43	2,10E-04
CAP2	212554_at	N90755	NM_006366	10486	-4,40	7,38E-04
AF150317	243111_at	AF150317	---	---	-4,32	6,95E-07
FGF1	1552721_a_at	NM_033136	NM_000800	2246	-4,30	3,01E-04
			NM_033136			
			NM_033137			
LMCD1	218574_s_at	NM_014583	NM_014583	29995	-4,23	1,05E-04
TNFRSF10D	227345_at	AI738556	NM_003840	8793	-4,09	1,08E-04
IGFBP5	211959_at	AW007532	NM_000599	3488	-4,02	3,56E-04
CART	206339_at	NM_004291	NM_004291	9607	-4,01	4,51E-06
ASAM	226834_at	BG112263	NM_024769	79827	-3,99	9,02E-04
AI093492	237435_at	AI093492	---	---	-3,95	2,11E-04
FUCA2	223120_at	BC003060	NM_032020	2519	-3,94	2,55E-03
PAPPA	224942_at	BG434272	NM_002581	5069	-3,81	5,43E-06
PRAME	204086_at	NM_006115	NM_006115	23532	-3,67	4,15E-07
			NM_206953			
			NM_206954			
			NM_206955			
			NM_206956			
DHRS3	202481_at	NM_004753	NM_004753	9249	-3,66	8,82E-07
TRHDE	219937_at	NM_013381	NM_013381	29953	-3,59	4,97E-05
C9orf94	229585_at	AI803088	NM_152702	206938	-3,59	2,72E-04
DSCAM	237268_at	BE503065	NM_001389	1826	-3,57	1,08E-07
			NM_206887			
FGF13	205110_s_at	NM_004114	NM_004114	2258	-3,51	5,78E-05
			NM_033642			
FGF1	205117_at	X59065	NM_000800	2246	-3,50	1,90E-03
			NM_033136			
			NM_033137			
PTN	211737_x_at	BC005916	NM_002825	5764	-3,44	5,00E-04
GNAS	217057_s_at	AF107846	NM_000516	2778	-3,42	1,41E-03
			NM_016592			
			NM_080425			
			NM_080426			

ES 2 689 703 T3

FLJ45880	228538_at	BE671164	NM_207404	389114	-3,42	1,47E-04
ADAMTS3	214913_at	AB002364	NM_014243	9508	-3,41	2,23E-04
CYP2E1	1431_at	J02843	NM_000773	1571	-3,38	7,97E-04
AL353759	215071_s_at	AL353759	---	---	-3,37	9,25E-05
PAPPA	224940_s_at	BF107618	NM_002581	5069	-3,36	7,36E-06
BF941609	240218_at	BF941609	---	---	-3,35	3,21E-05
FGF1	208240_s_at	NM_013394	NM_000800	2246	-3,35	4,91E-04
			NM_033137			
TCEAL2	211276_at	AF063606	NM_080390	140597	-3,35	4,16E-05
TncRNA	224565_at	BE675516	---	283131	-3,34	1,99E-04
IGSF4D	1555544_a_at	AF538973	NM_153184	253559	-3,30	7,37E-07
MGC45474	228221_at	AA809640	NM_152369	126969	-3,27	7,37E-04
KIAA1598	221802_s_at	AU157109	NM_018330	57698	-3,25	5,86E-06
FGL1	205305_at	NM_004467	NM_004467	2267	-3,25	2,90E-06
			NM_147203			
			NM_201552			
			NM_201553			
AU157716	227051_at	AU157716	---	---	-3,23	7,84E-06
TMIE	1553601_a_at	NM_147196	NM_147196	259236	-3,22	3,71E-05
IGSF4D	1552752_a_at	NM_153184	NM_153184	253559	-3,21	2,78E-04
PAPPA	224941_at	BF107618	NM_002581	5069	-3,15	3,66E-05
CFC1	223753_s_at	AF312769	NM_032545	55997	-3,15	1,39E-05
PAPPA	228128_x_at	AI110886	NM_002581	5069	-3,07	9,98E-07
AA452540	232411_at	AA452540	---	---	-3,05	1,28E-04
AW003173	230746_s_at	AW003173	---	---	-3,03	3,62E-03
PAPPA	201981_at	AA148534	NM_002581	5069	-3,03	2,64E-07
BF432956	229057_at	BF432956	---	---	-3,01	5,34E-06
IL7	206693_at	NM_000880	NM_000880	3574	-3,01	6,79E-05
N92599	241421_at	N92599	---	---	-3,01	2,03E-05
SAMD4	212845_at	AB028976	NM_015589	23034	-2,94	1,71E-04
N95363	213183_s_at	N95363	---	---	-2,94	7,60E-03
PPAPDC1	236044_at	BF130943	XM_113641	196051	-2,94	8,60E-08
DKFZP564I	223588_at	AL136607	NM_031435	83591	-2,93	1,23E-03
0422						
KCNMA1	221584_s_at	U11058	NM_002247	3778	-2,92	4,15E-06
AI685824	244565_at	AI685824	XM_370580	387716	-2,91	4,49E-04
LOC56901	218484_at	NM_020142	NM_020142	56901	-2,88	8,77E-04
BACE2	217867_x_at	NM_012105	NM_012105	25825	-2,87	7,40E-04
			NM_138992			
BF110050	241100_at	BF110050	---	---	-2,81	1,52E-03
AU144437	232887_at	AU144437	---	---	-2,81	4,16E-03
GABRA5	206456_at	NM_000810	NM_000810	2558	-2,79	1,41E-03
SYNPR	230303_at	H11380	NM_144642	132204	-2,77	1,02E-03
CYP2E1	209975_at	AF182276	NM_000773	1571	-2,76	3,21E-03
GAL	214240_at	AL556409	NM_015973	51083	-2,75	1,20E-03
LOC51315	222585_x_at	BE326678	NM_016618	51315	-2,72	1,70E-05
CDH12	207149_at	L33477	NM_004061	1010	-2,72	1,51E-05
N39597	1555993_at	N39597	---	---	-2,70	1,39E-03
SYNPO2	227662_at	AA541622	NM_133477	171024	-2,69	4,62E-05
NPY	206001_at	NM_000905	NM_000905	4852	-2,68	9,89E-05
FGF19	223761_at	AF110400	NM_005117	9965	-2,65	8,85E-06
SLC35F3	229065_at	BF968270	NM_173508	148641	-2,64	8,85E-06
SSPN	204963_at	AL_136756	NM_005086	8082	-2,63	1,78E-03
CYP2E1	209976_s_at	AF182276	NM_000773	1571	-2,63	7,81E-04
MGC13040	224463_s_at	BC006128	NM_032930	85016	-2,62	4,90E-03
ADCY1	213245_at	AL120173	NM_021116	107	-2,61	5,07E-04
PAPPA	201982_s_at	NM_002581	NM_002581	5069	-2,60	4,39E-03
ERBB4	206794_at	NM_005235	NM_005235	2066	-2,60	3,50E-03

ES 2 689 703 T3

AI826125	229866_at	AI826125	---	---	-2,60	1,64E-04
DKK1	204602_at	NM_012242	NM_012242	22943	-2,56	1,78E-04
BC020585	1568817_at	BC020585	---	---	-2,56	2,42E-05
COL5A1	212488_at	N30339	NM_000093	1289	-2,55	6,89E-04
PTPRR	206084_at	NM_002849	NM_002849	5801	-2,54	2,83E-04
			NM_130846			
BACE2	222446_s_at	AF178532	NM_012105	25825	-2,54	8,21E-05
			NM_138991			
			NM_138992			
P2RX5	210448_s_at	U49396	NM_002561	5026	-2,50	4,92E-03
			NM_175080			
			NM_175081			
MBD5	227839_at	AI911379	NM_018328	55777	-2,49	1,78E-03
AA243659	209683_at	AA243659	---	---	-2,44	6,66E-07
LOC51315	233329_s_at	AK025986	NM_016618	51315	-2,44	4,58E-05
KIAA0774	214961_at	AI818409	XM_166270	23281	-2,43	3,12E-05
DDAH1	209094_at	AL078459	NM_012137	23576	-2,43	1,54E-04
FLJ20701	219093_at	NM_017933	NM_017933	55022	-2,43	3,02E-03
ICAM2	204683_at	NM_000873	NM_000873	3384	-2,41	3,71E-04
A1051127	231478_at	A1051127	---	---	-2,41	3,13E-03
LOC134466	244289_at	AI242408	XM_376436	134466	-2,40	8,79E-03
AI767727	229815_at	AI767727	---	---	-2,40	5,54E-04
BF591692	231532_at	BF591692	---	---	-2,39	6,45E-04
GRM5	214217_at	D60132	NM_000842	2915	-2,39	1,63E-06
ERBB4	214053_at	AW772192	NM_005235	2066	-2,39	1,44E-04
AA854843	236777_at	AA854843	---	---	-2,38	3,59E-03
DKFZp313N062	1555905_a_at	AI147556	NM_173826	285343	-2,38	1,45E-03
LOC128153	230763_at	AA905508	NM_138796	128153	-2,38	2,95E-03
ANK3	206385_s_at	NM_020987	NM_001149	288	-2,37	4,86E-04
			NM_020987			
AI810266	235456_at	AI810266	---	---	-2,36	7,31E-07
LOC390916	235384_at	AW963217	XM_372723	390916	-2,36	8,86E-07
AV719355	217554_at	AV719355	---	---	-2,36	2,61E-03
KIAA0774	1554755_a_at	BC032481	XM_166270	23281	-2,36	1,10E-03
HHLA3	220387_s_at	NM_007071	NM_007071	11147	-2,36	2,06E-03
SMARCA2	206542_s_at	AV725365	NM_003070	6595	-2,35	7,68E-04
			NM_139045			
CNGA3	207261_at	NM_001298	NM_001298	1261	-2,32	3,40E-05
FAM49A	230276_at	AI934342	NM_030797	81553	-2,30	9,19E-08
LOC339290	217506_at	H49382	XM_375527	339290	-2,30	8,85E-05
HTATIP2	209448_at	BC002439	NM_006410	10553	-2,30	6,50E-03
FLJ31659	1553710_at	NM_153027	NM_153027	152756	-2,30	6,35E-06
LOC51315	218303_x_at	NM_016618	NM_016618	51315	-2,30	8,49E-07
ATRNL1	213744_at	AI817331	NM_207303	26033	-2,29	8,46E-08
SMARCA2	206544_x_at	NM_003070	NM_003070	6595	-2,27	4,88E-04
			NM_139045			
GAL	207466_at	NM_015973	NM_015973	51083	-2,25	6,61E-13
PTGER2	206631_at	NM_000956	NM_000956	5732	-2,25	2,22E-05
PTPRR	210675_s_at	U77917	NM_002849	5801	-2,23	8,91E-04
			NM_130846			
BF000047	235736_at	BF000047	---	---	-2,22	1,49E-04
TICAM2	228234_at	AI423165	NM_021649	353376	-2,22	4,67E-04
NCAM2	205669_at	NM_004540	NM_004540	4685	-2,22	2,95E-06
IRS1	204686_at	NM_005544	NM_005544	3667	-2,22	2,74E-03
TRIM61	238990_x_at	AI763262	XM_373038	391712	-2,21	1,88E-04
AF085995	1561759_at	AF085995	---	---	-2,21	9,13E-03
AI732969	240173_at	AI732969	---	---	-2,20	1,87E-05
AI819043	229228_at	AI819043	---	---	-2,20	4,58E-04
BF432875	235782_at	BF432875	XM_497668	388620	-2,20	1,92E-05

ES 2 689 703 T3

GPX7	213170_at	AA406605	NM_015696	2882	-2,19	2,99E-04
NLF1	241031_at	BE218239	NM_207322	145741	-2,18	8,81E-05
BE674309	230913_at	BE674309	---	---	-2,18	1,83E-04
CAP2	212551_at	NM_006366	NM_006366	10486	-2,17	5,50E-04
PRO1580	213550_s_at	AA993683	NM_018502	55374	-2,17	4,95E-03
CYB5R2	220230_s_at	NM_016229	NM_00100133 6	51700	-2,15	7,15E-04
			NM_016229			
ZAP128	202982_s_at	NM_006821	NM_006821	10965	-2,14	1,68E-03
RAC2	207419_s_at	NM_002872	NM_002872	5880	-2,14	2,67E-03
LOC153682	232794_at	AL137383	---	153682	-2,13	5,45E-03
GRIA2	236538_at	BE219628	NM_000826	2891	-2,13	1,05E-03
IL20RA	219115_s_at	NM_014432	NM_014432	53832	-2,12	6,78E-03
SCN5A	207413_s_at	NM_000335	NM_000335	6331	-2,12	2,22E-04
			NM_198056			
TSAP6	218424_s_at	NM_018234	NM_00100841 0	55240	-2,12	1,68E-04
			NM_018234			
			NM_182915			
FAM49A	208092_s_at	NM_030797	NM_030797	81553	-2,11	4,87E-05
HIST2H2BE	202708_s_at	NM_003528	NM_003528	8349	-2,10	5,97E-05
GLI2	207034_s_at	NM_030379	NM_005270	2736	-2,09	5,75E-03
			NM_030379			
			NM_030380			
			NM_030381			
LOC441422	236453_at	AW243154	XR_000264	441422	-2,09	2,02E-04
SYNPO2	225720_at	AW009747	NM_133477	171024	-2,09	6,04E-03
LEPR	209894_at	U50748	NM_00100367 9	3953	-2,09	3,79E-04
			NM_00100368 0			
			NM_002303			
HNRPR	232004_at	AK001846	NM_005826	10236	-2,09	1,55E-05
AI222435	230319_at	AI222435	---	---	-2,09	7,23E-05
MGC15668	229332_at	AI653050	NM_032756	84842	-2,08	1,02E-03
SCAP1	1560861_at	BG210619	NM_003726	8631	-2,08	5,32E-04
LRIG1	211596_s_at	AB050468	NM_015541	26018	-2,08	7,64E-03
SCN3A	210432_s_at	AF225986	NM_006922	6328	-2,07	3,67E-03
ADARB1	203865_s_at	NM_015833	NM_001112	104	-2,07	4,67E-06
			NM_015833			
			NM_015834			
AB051467	232738_at	AB051467	---	---	-2,06	1,71E-05
CREB5	205931_s_at	NM_004904	NM_004904	9586	-2,06	8,68E-04
			NM_182898			
			NM_182899			
ECHDC3	219298_at	NM_024693	NM_024693	79746	-2,05	6,42E-03
CRYGD	207532_at	NM_006891	NM_006891	1421	-2,05	2,10E-03
ICAM2	213620_s_at	AA126728	NM_000873	3384	-2,05	3,74E-04
CIP29	217498_at	BG389073	NM_033082	84324	-2,04	3,37E-04
AA700440	228329_at	AA700440	---	---	-2,04	4,62E-07
ATRNL1	213745_at	AW151108	NM_207303	26033	-2,04	9,28E-06
SLC6A15	239352_at	AI368909	NM_018057	55117	-2,03	1,76E-04
			NM_182767			
RGAG4	227823_at	BE348679	XM_291322	340526	-2,03	2,13E-04
AW136654	240802_at	AW136654	---	---	-2,02	2,07E-03
MTL5	219786_at	NM_004923	NM_004923	9633	-2,02	3,30E-04
FBI4	1562953_s_at	BC019264	NM_205857	404201	-2,02	4,82E-03
ZNF91	238466_at	R43486	NM_003430	7644	-2,01	8,53E-04
LOC441168	229390_at	AV734646	XM_496823	441168	-2,01	1,83E-04
BF343672	227925_at	BF343672	XM_378321	399972	-2,01	1,32E-04

ES 2 689 703 T3

BC014056	1561906_at	BC014056	---	---	-2,01	8,02E-04
FGF18	206987_x_at	NM_003862	NM_003862	8817	-2,01	6,16E-03
			NM_033649			
CHST7	206756_at	NM_019886	NM_019886	56548	-2,00	1,29E-04
RAC2	213603_s_at	BE138888	NM_002872	5880	-2,00	2,89E-05
MCTP1	235740_at	BG250585	NM_00100279	79772	-2,00	2,38E-08
			6			
			NM_024717			
C6orf198	227834_at	AL589605	XM_371849	167838	-2,00	1,53E-03
SYNPO2	225894_at	AL589603	NM_133477	171024	-1,99	3,38E-04
FBI4	238081_at	AI694300	NM_205857	404201	-1,99	1,05E-03
GABRA5	215531_s_at	BF966183	NM_000810	2558	-1,98	6,28E-06
SORCS2	228720_at	AB037750	NM_020777	57537	-1,98	7,96E-05
MRAS	225185_at	BF343625	NM_012219	22808	-1,97	6,31E-04
BE962770	229032_at	BE962770	---	---	-1,97	6,94E-03
ATP2B3	242036_x_at	H09073	NM_00100134	492	-1,96	1,23E-03
			4			
			NM_021949			
SSPN	226932_at	AW467136	NM_005086	8082	-1,95	4,20E-05
AA976778	230679_at	AA976778	---	---	-1,95	3,35E-04
LOC285878	1560692_at	BC037834	---	285878	-1,94	3,90E-04
BF114967	231067_s_at	BF114967	---	---	-1,93	1,31E-04
C10orf59	223824_at	BC005364	NM_018363	55328	-1,93	8,06E-03
ASAM	228082_at	BF056275	NM_024769	79827	-1,93	2,50E-04
OXTR	206825_at	NM_000916	NM_000916	5021	-1,93	2,27E-04
CNNM1	220166_at	NM_020348	NM_020348	26507	-1,92	1,23E-04
PLCD4	224505_s_at	BC006355	NM_032726	84812	-1,92	2,15E-05
NEFH	33767_at	X15306	NM_021076	4744	-1,92	2,20E-03
LOC339290	228160_at	AI433706	XM_375527	339290	-1,92	5,10E-03
EDG7	231192_at	AW274018	NM_012152	23566	-1,91	7,48E-04
BF002625	229530_at	BF002625	---	---	-1,90	4,09E-04
COL13A1	211343_s_at	M33653	NM_005203	1305	-1,90	5,01E-06
			NM_080798			
			NM_080799			
			NM_080800			
			NM_080801			
			NM_080802			
			NM_080803			
			NM_080804			
			NM_080805			
			NM_080806			
			NM_080807			
			NM_080808			
			NM_080809			
			NM_080810			
			NM_080811			
			NM_080812			
			NM_080813			
			NM_080814			
			NM_080815			
A1015847	1568838_at	AI015847	---	---	-1,90	6,44E-04
AA705933	239866_at	AA705933	---	---	-1,89	7,57E-04
NDFIP2	1568807_a_at	AI301081	NM_019080	54602	-1,89	6,50E-05
PRKACB	202742_s_at	NM_002731	NM_002731	5567	-1,88	2,83E-04
			NM_182948			
			NM_207578			
FLJ20449	1570153_at	BC013944	NM_017826	54937	-1,88	1,81E-03
FSTL1	208782_at	BC000055	NM_007085	11167	-1,88	4,35E-03
PRSS11	201185_at	NM_002775	NM_002775	5654	-1,87	2,45E-04
EBF	229487_at	W73890	NM_024007	1879	-1,86	2,25E-05

ES 2 689 703 T3

SLC16A14	238029_s_at	R15072	NM_152527	151473	-1,86	2,63E-05
LEPR	211356_x_at	U66495	NM_001003679	3953	-1,86	9,14E-08
			NM_001003680			
			NM_002303			
LOC339290	215283_at	U79248	XM_375527	339290	-1,85	3,14E-04
BE672499	230962_at	BE672499	---	---	-1,85	3,97E-04
AI435590	237193_s_at	AI435590	---	---	-1,84	4,11E-05
C10orf10	209183_s_at	AL136653	NM_007021	11067	-1,84	9,62E-05
ARTS-1	214012_at	BE551138	NM_016442	51752	-1,84	7,70E-04
M160	223655_at	AF264014	NM_174941	283316	-1,83	4,27E-03
AI803010	239503_at	AI803010	---	---	-1,83	6,21E-03
GLI2	228537_at	AI797248	NM_005270	2736	-1,83	6,30E-04
			NM_030379			
			NM_030380			
			NM_030381			
AI935541	236220_at	AI935541	---	---	-1,83	8,96E-04
HEBP2	203430_at	NM_014320	NM_014320	23593	-1,82	6,64E-03
DKFZp313N062	226688_at	AW003508	NM_173826	285343	-1,82	8,96E-06
EBF	232204_at	AF208502	NM_024007	1879	-1,81	6,25E-06
NT5E	203939_at	NM_002526	NM_002526	4907	-1,81	2,34E-05
D4S234E	209570_s_at	BC001745	NM_014392	27065	-1,80	1,14E-04
LOC133308	229491_at	BF433180	NM_178833	133308	-1,79	1,59E-03
BHLHB2	201170_s_at	NM_003670	NM_003670	8553	-1,79	7,17E-03
AI768374	228661_s_at	AI768374	---	---	-1,79	9,50E-04
AL355688	232081_at	AL355688	---	---	-1,79	5,36E-03
RPL39L	210115_at	L05096	NM_052969	116832	-1,79	6,47E-03
BCL2	203685_at	NM_000633	NM_000633	596	-1,78	4,07E-05
			NM_000657			
LRBA	214109_at	AI659561	NM_006726	987	-1,78	1,89E-03
C9orf150	227443_at	AI972386	NM_203403	286343	-1,78	2,50E-04
KCNAB1	210078_s_at	L39833	NM_003471	7881	-1,78	2,11E-03
			NM_172159			
			NM_172160			
PCDHB16	232099_at	AB046841		57717	-1,77	1,97E-03
			NM_020957			
SYNPO2	225895_at	AI634580	NM_133477	171024	-1,77	6,20E-04
AK000776	232060_at	AK000776	---	---	-1,75	1,44E-04
COL6A1	213428_s_at	AA292373	NM_001848	1291	-1,75	5,72E-04
LEPR	211355_x_at	U52914	NM_001003679	3953	-1,74	2,06E-06
			NM_001003680			
			NM_002303			
PABPC5	233136_at	AL122118	NM_080832	140886	-1,74	7,51E-04
PROM1	204304_s_at	NM_006017	NM_006017	8842	-1,74	6,03E-04
AGPAT3	223182_s_at	AI337300	NM_020132	56894	-1,73	3,62E-04
ANK3	209442_x_at	AL136710	NM_001149	288	-1,73	1,10E-03
			NM_020987			
CACNA1D	210108_at	BE550599	NM_000720	776	-1,72	3,20E-04
H2AFJ	220936_s_at	NM_018267	NM_018267	55766	-1,71	9,12E-04
			NM_177925			
LOC285878	230117_at	AI420977	---	285878	-1,71	1,65E-04
MGC70870	244125_at	AA837131	NM_203481	403340	-1,70	1,71E-03
LDB2	206481_s_at	NM_001290	NM_001290	9079	-1,70	9,86E-03
AI004009	222288_at	AI004009	XM_371647	389129	-1,70	6,64E-04
OPRM1	207989_at	NM_000914	NM_000914	4988	-1,69	1,26E-05
			NM_00100850			

ES 2 689 703 T3

			3			
			NM_00100850			
			4			
			NM_00100850			
			5			
OPN3	224392_s_at	AF303588	NM_014322	23596	-1,69	6,03E-04
FGD5	226985_at	AW269340	NM_152536	152273	-1,68	4,08E-06
EBF	227646_at	BG435302	NM_024007	1879	-1,68	1,59E-04
KIAA0500	213839_at	AW028110	---	57237	-1,68	4,44E-03
BF342356	238934_at	BF342356	---	---	-1,68	6,92E-03
PRKCH	218764_at	NM_024064	NM_006255	5583	-1,67	7,79E-05
ARSD	223696_at	BC003660	NM_001669	414	-1,66	9,99E-03
			NM_009589			
C9orf94	239909_at	AI937348	NM_152702	206938	-1,66	7,20E-03
C6orf155	226810_at	BE500942	NM_024882	79940	-1,65	2,05E-03
LOC151194	1553743_at	NM_145280	NM_145280	151194	-1,65	6,80E-03
SYNPO2	225721_at	AI658662	NM_133477	171024	-1,64	9,76E-03
AL037414	230055_at	AL037414	---	---	-1,64	3,29E-04
AW572379	229569_at	AW572379	---	---	-1,63	2,80E-04
FRMD4B	213056_at	AU145019	XM_114303	23150	-1,63	2,55E-03
D4S234E	213533_at	M98528	NM_014392	27065	-1,63	1,82E-06
PTP4A3	209695_at	BC003105	NM_007079	11156	-1,62	4,14E-06
			NM_032611			
ACYP2	206833_s_at	NM_001108	NM_138448	98	-1,62	7,71E-04
MCTP1	220122_at	NM_024717	NM_00100279	79772	-1,62	6,95E-05
			6			
			NM_024717			
ALDH1A2	207016_s_at	AB015228	NM_003888	8854	-1,61	4,22E-04
			NM_170696			
			NM_170697			
CD302	203799_at	NM_014880	NM_014880	9936	-1,61	1,17E-05
F10269	1557746_at	F10269	---	---	-1,61	1,03E-03
FLJ20152	218532_s_at	NM_019000	NM_019000	54463	-1,61	2,67E-03
FBI4	241401_at	BG496631	NM_205857	404201	-1,60	1,55E-03
BC031271	1569785_at	BC031271	---	---	-1,60	4,07E-04
BE046461	215303_at	BE046461	---	---	-1,60	5,17E-04
FLJ10970	219230_at	NM_018286	NM_018286	55273	-1,59	1,10E-04
CA336272	1558512_at	CA336272	---	---	-1,59	1,57E-04
PRKACB	202741_at	AA130247	NM_002731	5567	-1,59	1,12E-03
			NM_182948			
			NM_207578			
PDE4DIP	213388_at	H15535	NM_00100281	9659	-1,59	6,05E-04
			0			
			NM_00100281			
			1			
			NM_00100281			
			2			
			NM_014644			
			NM_022359			
DKFZp762H185	226657_at	H27948	---	256306	-1,59	9,18E-03
ST18	206135_at	NM_014682	NM_014682	9705	-1,58	4,56E-07
DBT	231919_at	AK024946	NM_001918	1629	-1,58	1,11E-03
STMN2	203001_s_at	NM_007029	NM_007029	11075	-1,58	5,47E-03
SIX2	206510_at	AF332197	NM_016932	10736	-1,56	2,79E-05
NEBL	203961_at	AL157398	NM_006393	10529	-1,56	7,89E-03
			NM_213569			
PCTK3	214797_s_at	BC000281	NM_002596	5129	-1,56	8,81E-03
			NM_212502			
			NM_212503			

ES 2 689 703 T3

DOC1	1554966_a_at	AF329092	NM_014890 NM_182909	11259	-1,56	5,32E-04
AI800713	235122_at	AI800713	---	---	-1,56	7,94E-04
NEFH	204412_s_at	NM_021076	NM_021076	4744	-1,55	3,87E-03
MEGF11	1552439_s_at	NM_032445	NM_032445	84465	-1,55	7,12E-04
AI796536	229810_at	AI796536	---	---	-1,55	6,60E-04
MGC11332	213393_at	AI767210	NM_032718	84804	-1,54	1,06E-04
RBMS3	237860_at	AI821998	NM_00100379 2 NM_00100379 3 NM_014483	27303	-1,54	9,15E-03
LOC285878	236308_at	D60436	---	285878	-1,53	2,60E-04
LRRN6A	227933_at	AI193252	NM_032808	84894	-1,53	5,09E-06
NHS	228933_at	BF111819	NM_198270	4810	-1,53	3,83E-03
EYA1	214608_s_at	AJ000098	NM_000503 NM_172058 NM_172059 NM_172060	2138	-1,53	5,85E-05
AI263044	214376_at	AI263044	---	---	-1,53	1,69E-04
ANKH	220076_at	NM_019847	NM_054027	56172	-1,52	2,18E-03
FAM38B	219602_s_at	NM_022068	NM_022068	63895	-1,52	3,24E-04
LOC133308	1564746_at	BC009732	NM_178833	133308	-1,52	3,24E-03
AA747287	242273_at	AA747287	---	---	-1,52	3,10E-04
IL10RB	209575_at	BC001903	NM_000628	3588	-1,52	4,38E-05
BACE1	217904_s_at	NM_012104	NM_012104 NM_138971 NM_138972 NM_138973	23621	-1,51	1,09E-04
DISP1	228184_at	AK023679	NM_032890	84976	-1,51	7,96E-03
KIAA1277	221886_at	AL037701	NM_015689	27147	-1,51	1,64E-03
AI276956	230766_at	AI276956	---	---	-1,51	4,00E-04
FAM13C1	1554547_at	BC036453	NM_00100197 1 NM_198215	220965	-1,51	4,02E-03
AKAP12	227529_s_at	BF511276	NM_005100 NM_144497	9590	-1,50	2,52E-04
POSTN	1555778_a_at	AY140646	NM_006475	10631	-1,50	1,94E-04
BF114745	235459_at	BF114745	---	---	-1,50	2,88E-03
TNFSF4	207426_s_at	NM_003326	NM_003326	7292	-1,49	1,01E-03
STMN2	203000_at	BF967657	NM_007029	11075	-1,49	4,14E-03
NR2F1	209505_at	AI951185	NM_005654	7025	-1,49	3,03E-04
PTN	209466_x_at	M57399	NM_002825	5764	-1,49	6,92E-06
AI821995	240201_at	AI821995	---	---	-1,49	2,74E-03
MGC11332	213403_at	BF223370	NM_032718	84804	-1,49	1,36E-03
KCNJ6	210454_s_at	U24660	NM_002240	3763	-1,49	5,76E-03
MGC15730	227154_at	AL566367	NM_032880	84966	-1,48	5,19E-03
T87730	242500_at	T87730	---	---	-1,48	1,37E-05
LAF4	227198_at	AW085505	NM_002285	3899	-1,48	1,11E-04
AL137538	232679_at	AL137538	---	---	-1,48	6,18E-03
TOX	204530_s_at	NM_014729	NM_014729	9760	-1,48	2,48E-03
SB145	232283_at	AL122088	NM_212551	388695	-1,48	8,90E-03
PPP1R14A	227006_at	AA156998	NM_033256	94274	-1,47	1,25E-04
CRABP2	202575_at	NM_001878	NM_001878	1382	-1,47	1,13E-03
AV723260	1560425_s_at	AV723260	---	---	-1,47	8,62E-03
D4S234E	209569_x_at	NM_014392	NM_014392	27065	-1,47	3,74E-05
CDKN1C	213348_at	N33167	NM_000076	1028	-1,47	5,81E-05
LOC148418	229402_at	AI631824	NM_001010971	148418	-1,46	5,19E-04
DKFZP434H	204494_s_at	AW516789	NM_015492	56905	-1,46	5,88E-04

ES 2 689 703 T3

ZNF528	215019_x_at	AW474158	NM_032423	84436	-1,46	4,79E-07
GCH1	204224_s_at	NM_000161	NM_000161	2643	-1,46	8,78E-04
PCSK1	205825_at	NM_000439	NM_000439	5122	-1,46	1,15E-03
WDR9	225446_at	AI638279	NM_00100724	54014	-1,44	6,32E-05
			6			
			NM_018963			
			NM_033656			
DOC1	204135_at	NM_014890	NM_014890	11259	-1,44	6,57E-03
			NM_182909			
NDRG1	200632_s_at	NM_006096	NM_006096	10397	-1,44	6,23E-06
AI028528	241804_at	AI028528	---	---	-1,43	8,22E-04
LOC253012	242601_at	AA600175	NM_198151	253012	-1,43	1,56E-03
DMD	203881_s_at	NM_004010	NM_000109	1756	-1,43	1,85E-03
			NM_004006			
			NM_004007			
			NM_004009			
			NM_004010			
			NM_004011			
			NM_004012			
			NM_004013			
			NM_004014			
			NM_004015			
			NM_004016			
			NM_004017			
			NM_004018			
			NM_004019			
			NM_004020			
			NM_004021			
			NM_004022			
			NM_004023			
ZFH1B	203603_s_at	NM_014795	NM_014795	9839	-1,42	9,52E-03
C21orf86	228908_s_at	AW131553	NM_153454	257103	-1,42	1,26E-03
MYT1L	210016_at	BF223003	NM_015025	23040	-1,42	2,69E-04
C1GALT1C	238989_at	BF749723	NM_00101155	29071	-1,42	2,08E-03
1			1			
			NM_152692			
LOC402524	242206_at	AW590588	XM_379850	402524	-1,42	6,10E-04
CAMK2B	209956_s_at	U23460	NM_001220	816	-1,42	1,44E-03
			NM_172078			
			NM_172079			
			NM_172080			
			NM_172081			
			NM_172082			
			NM_172083			
			NM_172084			
ST6GALNA	220979_s_at	NM_030965	NM_030965	81849	-1,41	5,22E-04
C5						
AI341823	239657_x_at	AI341823	---	---	-1,41	2,83E-03
AI733281	239994_at	AI733281	---	---	-1,41	8,41E-03
SH3GL2	205751_at	NM_003026	NM_003026	6456	-1,41	6,60E-04
AW450420	236373_at	AW450420	---	---	-1,41	5,40E-03
PH-4	222125_s_at	BC000580	NM_017732	54681	-1,41	2,61E-03
			NM_177938			
			NM_177939			
CDKN2A	209644_x_at	U38945	NM_000077	1029	-1,40	1,98E-05
			NM_058195			
			NM_058197			
AI912571	228333_at	AI912571	---	---	-1,40	5,33E-03
BF059209	240214_at	BF059209	---	---	-1,40	2,18E-03
ARSD	232423_at	AU144083	NM_001669	414	-1,39	1,43E-03

ES 2 689 703 T3

NEDL1	243743_at	AI373512	NM_009589			
FRAS1	226145_s_at	AL157471	NM_015052	23072	-1,39	2,52E-03
			NM_020875	80144	-1,39	8,77E-06
			NM_025074			
			NM_032863			
			NM_206841			
UNC5A	236448_at	R37358	XM_030300	90249	-1,38	1,31E-05
FLJ35808	230924_at	AI698574	NM_173623	284076	-1,38	5,69E-04
LOC222070	51774_s_at	AW014299	---	222070	-1,38	4,64E-03
C6orf199	1552299_at	NM_145025	NM_145025	221264	-1,38	8,50E-03
CAPN2	208683_at	M23254	NM_001748	824	-1,38	1,58E-03
BE503598	1557658_at	BE503598	---	---	-1,38	5,77E-03
HOXD10	229400_at	AW299531	NM_002148	3236	-1,37	2,17E-03
GLIS3	229435_at	AW025602	NM_152629	169792	-1,37	1,72E-05
NAP1L3	204749_at	NM_004538	NM_004538	4675	-1,37	5,99E-03
FLJ45244	229227_at	BF511219	NM_207443	400242	-1,37	6,16E-03
D59759	231560_at	D59759	---	---	-1,37	1,31E-06
ANK2	202920_at	BF726212	NM_001148	287	-1,35	3,09E-05
			NM_020977			
FLJ30655	236487_at	AW513286	NM_144643	132320	-1,35	3,30E-03
GLIS3	230258_at	AI277316	NM_152629	169792	-1,35	1,33E-03
SH3BGR	204979_s_at	NM_007341	NM_00100171	6450	-1,34	1,12E-04
			3			
			NM_007341			
RAI2	219440_at	NM_021785	NM_021785	10742	-1,34	2,50E-04
ATXN1	203232_s_at	NM_000332	NM_000332	6310	-1,34	8,99E-05
CRSP2	215167_at	BE567032	NM_004229	9282	-1,34	6,26E-03
AI740460	236856_x_at	AI740460	---	---	-1,34	3,19E-03
MGC42090	236705_at	AA017245	NM_152774	256130	-1,34	3,46E-04
SNF1LK	208078_s_at	NM_030751	NM_173354	150094	-1,33	4,49E-03
N4BP3	214775_at	AW139448	XM_038920	23138	-1,33	8,59E-05
AL117598	231964_at	AL117598	---	---	-1,33	5,64E-06
NT5E	227486_at	AI086864	NM_002526	4907	-1,33	9,12E-04
AL390170	213904_at	AL390170	---	---	-1,33	7,47E-04
N50117	240236_at	N50117	---	---	-1,33	1,78E-03
AK095719	1556696_s_at	AK095719	XM_499008	441094	-1,32	6,81E-03
W80446	231013_at	W80446	---	---	-1,32	9,26E-04
C21orf66	239407_at	AI793248	NM_013329	94104	-1,32	1,06E-03
			NM_016631			
			NM_058191			
			NM_145328			
RASGEF1B	230233_at	BF110534	NM_152545	153020	-1,32	5,98E-03
DCAMKL1	205399_at	NM_004734	NM_004734	9201	-1,32	8,09E-04
SCOTIN	222986_s_at	BC001463	NM_016479	51246	-1,32	7,27E-03
C21orf5	205248_at	NM_005128	NM_005128	9980	-1,32	2,95E-04
HEL308	228736_at	AW084661	NM_133636	113510	-1,32	6,40E-04
HDAC4	228813_at	AW206037	NM_006037	9759	-1,31	4,97E-04
ST7L	1552739_s_at	NM_138729	NM_017744	54879	-1,31	2,31E-03
			NM_138727			
			NM_138728			
			NM_138729			
			NM_198327			
			NM_198328			
DACH2	239738_at	AW780006	NM_053281	117154	-1,30	1,49E-03
RAB3-	243851_at	AI860647	NM_012414	25782	-1,29	9,51E-03
GAP150						
C9orf40	218904_s_at	NM_017998	NM_017998	55071	-1,29	9,53E-03
AK027226	232538_at	AK027226	---	---	-1,29	5,59E-03
ZSWIM5	232336_at	AI479419	XM_046581	57643	-1,28	1,68E-03
CEBPD	203973_s_at	NM_005195	NM_005195	1052	-1,28	2,94E-03

ES 2 689 703 T3

AA687479	242826_at	AA687479	---	---	-1,28	1,21E-04
SIAT7E	230482_at	AF131837	NM_030965	81849	-1,28	1,28E-03
AI694767	229768_at	AI694767	---	---	-1,28	5,06E-03
FLJ20753	229918_at	AB046860	XM_371082	55036	-1,28	9,34E-04
GUCY1A3	221942_s_at	AI719730	NM_000856	2982	-1,28	2,15E-03
PTP4A3	206574_s_at	NM_007079	NM_007079	11156	-1,27	9,96E-03
			NM_032611			
AI354636	235171_at	AI354636	---	---	-1,27	2,80E-03
STARD13	213103_at	AA128023	NM_052851	90627	-1,27	1,35E-05
			NM_178006			
			NM_178007			
			NM_178008			
AKAP12	227530_at	BF511276	NM_005100	9590	-1,27	1,01E-04
			NM_144497			
AI825987	235889_at	AI825987	---	---	-1,27	9,63E-04
KLF9	203543_s_at	NM_001206	NM_001206	687	-1,27	1,17E-03
RAB6B	221792_at	AW118072	NM_016577	51560	-1,27	2,69E-03
HR	241355_at	BF528433	NM_005144	55806	-1,27	2,35E-03
			NM_018411			
BBS7	219688_at	NM_018190	NM_018190	55212	-1,27	4,54E-05
			NM_176824			
BE467383	228932_at	BE467383	XM_497668	388620	-1,27	3,12E-03
HPCA	205454_at	BC001777	NM_002143	3208	-1,26	1,22E-03
KIAA1223	225735_at	AL110131	XM_048747	57182	-1,26	2,58E-04
AK021551	232589_at	AK021551	---	---	-1,26	7,56E-05
BE894882	235681_at	BE894882	---	---	-1,26	2,96E-05
TOX	204529_s_at	AI961231	NM_014729	9760	-1,25	8,61E-05
STAR	204548_at	NM_000349	NM_000349	6770	-1,25	2,94E-05
			NM_00100724			
			3			
AL833383	1563776_at	AL833383	---	---	-1,25	1,41E-03
PPP3CA	202429_s_at	AL353950	NM_000944	5530	-1,25	1,86E-05
SUCLG2	215772_x_at	AL050226	NM_003848	8801	-1,25	6,75E-04
RAB26	219562_at	NM_014353	NM_014353	25837	-1,25	6,02E-04
GRIP2	216481_at	AF052177	XM_042936	80852	-1,25	7,55E-03
AA135722	237419_at	AA135722	---	---	-1,25	3,44E-04
PTPRD	214043_at	BF062299	NM_002839	5789	-1,25	5,77E-06
			NM_130391			
			NM_130392			
			NM_130393			
CDS1	226185_at	AK026697	NM_001263	1040	-1,24	5,63E-04
CXorf32	229234_at	AW007160	NM_001010888	340554	-1,24	3,78E-03
ACAD8	238175_at	AI806909	NM_014384	27034	-1,24	8,68E-03
R71596	229580_at	R71596	---	---	-1,24	6,01E-03
H46176	237083_at	H46176	---	---	-1,24	1,64E-03
HPS3	227139_s_at	AA219354	NM_032383	84343	-1,24	1,38E-04
PTPRD	213362_at	N73931	NM_002839	5789	-1,23	1,49E-04
			NM_130391			
			NM_130392			
			NM_130393			
FLJ23861	230561_s_at	AA252512	NM_152519	151050	-1,23	2,64E-04
CD200	209582_s_at	H23979	NM_00100419	4345	-1,23	2,09E-03
			6			
			NM_00100419			
			7			
			NM_005944			
SDK2	242064_at	N23651	NM_019064	54549	-1,23	5,82E-04
AI051572	243310_at	AI051572	---	---	-1,23	7,64E-03
GFRA3	229936_at	AA694259	NM_001496	2676	-1,22	3,88E-03
SUCLG2	212459_x_at	BF593940	NM_003848	8801	-1,22	2,39E-04

ES 2 689 703 T3

POU6F1	205878_at	NM_002702	NM_002702	5463	-1,22	2,77E-03
NRP2	229225_at	N90777	NM_003872	8828	-1,22	2,35E-03
			NM_018534			
			NM_201264			
			NM_201266			
			NM_201267			
			NM_201279			
H2AFJ	228213_at	AW241813	NM_018267	55766	-1,22	1,63E-03
			NM_177925			
BE220828	237052_x_at	BE220828	---	---	-1,21	3,13E-05
SLC6A15	206376_at	NM_018057	NM_018057	55117	-1,21	3,32E-03
			NM_182767			
LGALS3BP	200923_at	NM_005567	NM_005567	3959	-1,21	2,42E-05
AI949265	229156_s_at	AI949265	XM_499089	441301	-1,21	9,17E-05
ANXA4	201302_at	NM_001153	NM_001153	307	-1,21	7,33E-03
HIST1H2BD	209911_x_at	BC002842		3017	-1,21	8,46E-04
			NM_021063			
			NM_138720			
PTPRN2	203029_s_at	NM_002847	NM_002847	5799	-1,20	5,18E-04
			NM_130842			
			NM_130843			
RFPL1S	214120_at	AW157535	---	10740	-1,20	2,59E-05
IFNAR1	225661_at	AA811138	NM_000629	3454	-1,20	4,10E-04
GLIS1	244128_x_at	AA872588	NM_147193	148979	-1,20	6,88E-03
AGPAT3	223183_at	AI928403	NM_020132	56894	-1,20	5,35E-03
PPEF1	206547_s_at	NM_006240	NM_006240	5475	-1,20	2,16E-03
			NM_152223			
			NM_152224			
			NM_152225			
			NM_152226			
BCL6B	243825_at	T79768	NM_181844	255877	-1,20	2,18E-03
ABCG1	204567_s_at	NM_004915	NM_004915	9619	-1,19	4,03E-05
			NM_016818			
			NM_207174			
			NM_207627			
			NM_207628			
			NM_207629			
			NM_207630			
DJ462O23,2	225876_at	T84558	NM_020448	57185	-1,19	3,26E-03
CD200	209583_s_at	AF063591	NM_00100419	4345	-1,19	1,77E-04
			6			
			NM_00100419			
			7			
			NM_005944			
C10orf89	230129_at	BF589448	NM_153336	118672	-1,19	2,60E-03
MCPH1	219592_at	NM_024596	NM_024596	79648	-1,19	2,64E-03
LOC285705	226989_at	BE855765	---	285705	-1,19	2,15E-04
MANSC1	220945_x_at	NM_018050	NM_018050	54682	-1,19	1,43E-03
BF057799	236325_at	BF057799	---	---	-1,19	5,51E-03
OIP106	226013_at	AW451452	NM_014965	22906	-1,18	4,67E-03
RPL37	224763_at	BF724210	NM_000997	6167	-1,18	3,75E-03
N30152	229850_at	N30152	---	---	-1,18	6,56E-03
DTX3L	225415_at	AA577672	NM_138287	151636	-1,18	8,51E-04
RAB6B	225259_at	AI805050	NM_016577	51560	-1,18	4,83E-03
ROR1	205805_s_at	NM_005012	NM_005012	4919	-1,18	2,35E-05
DKFZp762K	226822_at	AL512713	NM_020225	56977	-1,18	8,30E-04
222						
AI631888	235532_at	AI631888	---	---	-1,17	3,83E-08
PDGFRB	202273_at	NM_002609	NM_002609	5159	-1,17	6,86E-03
TLE1	228284_at	BE302305	NM_005077	7088	-1,17	1,65E-03

ES 2 689 703 T3

APG5L	202512_s_at	NM_004849	NM_004849	9474	-1,17	3,29E-03
FLJ12572	219838_at	NM_022905	NM_022905	64927	-1,17	4,22E-04
BACH2	221234_s_at	NM_021813	NM_021813	60468	-1,17	1,76E-04
FLJ38964	235699_at	H19232	NM_173527	161253	-1,17	4,21E-03
BE670797	230958_s_at	BE670797	---	---	-1,17	5,70E-04
AW665538	244532_x_at	AW665538	XM_496692	441014	-1,16	3,31E-03
AI828075	230795_at	AI828075	---	---	-1,16	1,67E-03
NFATC4	236270_at	AI806528	NM_004554	4776	-1,16	6,47E-05
SERTAD4	230660_at	AU146709	NM_019605	56256	-1,16	3,68E-03
AL833609	1561660_at	AL833609	XM_377034	401612	-1,16	6,14E-03
AI097640	213484_at	AI097640	---	---	-1,16	6,41E-03
CDKN1C	213182_x_at	R78668	NM_000076	1028	-1,16	2,89E-03
BC040901	1559534_at	BC040901	---	---	-1,15	6,40E-03
SLC25A12	203339_at	AI887457	NM_003705	8604	-1,15	3,28E-05
TUBA1	212242_at	AL565074	NM_006000	7277	-1,15	4,37E-03
RUNX1	209360_s_at	D43968	NM_00100189	861	-1,15	9,21E-03
			0			
			NM_001754			
FLJ35093	243042_at	BE645144	NM_198549	374986	-1,15	8,16E-03
BE552011	230208_at	BE552011	---	---	-1,15	8,27E-03
MGC9850	224874_at	N32181	NM_152705	219404	-1,14	5,37E-04
DKFZP4341	231954_at	AL137273	---	54553	-1,14	3,90E-03
0714						
AF130089	221590_s_at	AF130089	---	---	-1,14	3,07E-03
OMA1	226019_at	AI927931	NM_145243	115209	-1,14	7,48E-03
SH3YL1	204019_s_at	NM_015677	NM_015677	26751	-1,14	4,21E-03
PBX1	212148_at	AL049381	NM_002585	5087	-1,14	4,16E-04
BID	229321_s_at	AK026026	NM_001196	637	-1,14	6,39E-03
			NM_197966			
			NM_197967			
MLSTD1	239108_at	H16791	NM_018099	55711	-1,14	8,13E-03
RIS1	213338_at	BF062629	NM_015444	25907	-1,14	7,59E-03
CDKN1C	216894_x_at	D64137	NM_000076	1028	-1,13	1,04E-03
LOC283824	213725_x_at	AI693140	---	283824	-1,13	9,96E-05
BBP	213882_at	AA012917	NM_032027	83941	-1,13	2,41E-03
MLSTD1	220615_s_at	NM_018099	NM_018099	55711	-1,13	4,02E-03
AA045174	213158_at	AA045174	---	---	-1,13	1,45E-03
AKAP12	210517_s_at	AB003476	NM_005100	9590	-1,13	3,33E-04
			NM_144497			
ZNF585A	229794_at	BE550717	NM_152655	199704	-1,13	3,01E-03
			NM_199126			
NUDT6	230329_s_at	AI580268	NM_007083	11162	-1,13	7,27E-05
			NM_198041			
AU157441	226511_at	AU157441	---	---	-1,13	2,71E-03
AI056683	228171_s_at	AI056683	---	---	-1,12	4,23E-03
OLFM3	1554526_at	BC022531	NM_058170	118427	-1,12	3,96E-04
MARCH-I	229383_at	AI707896	NM_017923	55016	-1,12	2,06E-03
KCNQ2	205737_at	NM_004518	NM_004518	3785	-1,12	1,40E-04
			NM_172106			
			NM_172107			
			NM_172108			
			NM_172109			
SLC4A3	205918_at	NM_005070	NM_005070	6508	-1,12	4,66E-03
			NM_201574			
ARC	210090_at	AF193421	NM_015193	23237	-1,12	8,17E-03
TRAM1L1	244334_at	AA169554	NM_152402	133022	-1,12	5,89E-03
EDG4	206723_s_at	AF011466	NM_004720	9170	-1,12	2,48E-05
BE552208	229359_at	BE552208	---	---	-1,12	7,11E-03
PLXNC1	206471_s_at	NM_005761	NM_005761	10154	-1,12	3,43E-05
SUHW4	221213_s_at	NM_017661	NM_00100284	54816	-1,12	2,43E-03

ES 2 689 703 T3

			3			
			NM_00100284			
			4			
			NM_017661			
PALM2-AKAP2	226694_at	BG540494	NM_007203	445815	-1,12	1,75E-04
			NM_147150			
BF058422	226311_at	BF058422	---	---	-1,12	6,35E-03
CDKN1C	219534_x_at	NM_000076	NM_000076	1028	-1,11	7,81E-05
MGC9850	224857_s_at	BE378670	NM_152705	219404	-1,11	3,87E-03
LOC157378	238045_at	BG167675	NM_194291	157378	-1,11	2,92E-03
FBXO3	238686_at	AA130258	NM_012175	26273	-1,11	1,55E-03
			NM_033406			
EFEMP2	209356_x_at	AB030655	NM_016938	30008	-1,11	2,18E-03
DKFZp434O052	1557879_at	BF110506	NM_194302	255101	-1,10	3,12E-03
AK097571	1556261_a_at	AK097571	---	---	-1,10	2,59E-03
C6orf189	228875_at	AI540210	---	221303	-1,10	1,14E-04
SLC1A2	225491_at	AL157452	NM_004171	6506	-1,10	9,00E-03
NFIB	243933_at	AI096634	NM_005596	4781	-1,10	5,38E-03
FLJ32954	235349_at	AI261321	NM_144713	151393	-1,10	6,76E-03
KCNK10	220727_at	NM_021161	NM_021161	54207	-1,10	5,91E-04
			NM_138317			
			NM_138318			
SORL1	212560_at	AV728268	NM_003105	6653	-1,10	4,61E-03
AIP1	209737_at	AB014605	NM_012301	9863	-1,10	3,84E-03
AI827550	229606_at	AI827550	---	---	-1,10	6,71E-07
SH3KBP1	1554168_a_at	AF542051	NM_031892	30011	-1,10	5,41E-04
OPTN	202073_at	AV757675	NM_00100821	10133	-1,09	5,67E-03
			1			
			NM_00100821			
			2			
			NM_00100821			
			3			
			NM_021980			
ATF5	204998_s_at	NM_012068	NM_012068	22809	-1,09	5,15E-03
LOC401264	227298_at	AI806330	XM_379417	401264	-1,09	6,06E-03
NSE1	229546_at	AI378035	NM_145175	151354	-1,09	5,14E-03
LOC91526	228471_at	AA744636	NM_153697	91526	-1,09	4,63E-03
IL17D	228977_at	AI669535	NM_138284	53342	-1,09	2,53E-03
RG9MTD2	230243_at	BE671949	NM_152292	93587	-1,09	7,55E-03
PLXNC1	213241_at	AF035307	NM_005761	10154	-1,09	3,36E-03
PCDHB10	223854_at	AF131761		56126	-1,09	4,88E-04
			NM_018930			
PITPNC1	229414_at	AI676095	NM_012417	26207	-1,08	3,16E-04
			NM_181671			
DKFZp761D221	223672_at	AL136561	NM_032291	84251	-1,08	6,25E-03
FKBP7	231130_at	AA683602	NM_016105	51661	-1,08	3,66E-03
			NM_181342			
CSPG3	205143_at	NM_004386	NM_004386	1463	-1,08	3,42E-03
INSL3	214572_s_at	NM_005543	NM_005543	3640	-1,08	9,70E-03
SLC12A7	218066_at	NM_006598	NM_006598	10723	-1,08	2,00E-03
AI695743	244534_at	AI695743	---	---	-1,08	4,40E-04
DNAJC12	218976_at	NM_021800	NM_021800	56521	-1,08	9,46E-05
			NM_201262			
LOC285550	236321_at	AW439843	XM_209656	285550	-1,08	4,80E-03
BF476403	230218_at	BF476403	---	---	-1,08	8,15E-04
AI798680	227943_at	AI798680	---	---	-1,08	2,18E-03
LOC196394	226258_at	BG031897	NM_207337	196394	-1,08	7,97E-03

ES 2 689 703 T3

AB037765	226747_at	AB037765	---	---	-1,08	2,32E-03
SIX3	242054_s_at	AW473656	NM_005413	6496	-1,07	3,51E-04
AI741900	239140_at	AI741900	---	---	-1,07	1,53E-03
FLJ33996	235969_at	R40373	---	283401	-1,07	5,06E-03
SLC24A1	206081_at	NM_004727	NM_004727	9187	-1,07	7,02E-03
BID	227143_s_at	AA706658	NM_001196	637	-1,07	1,25E-03
			NM_197966			
			NM_197967			
LRRC14	32062_at	D25216	NM_014665	9684	-1,07	1,47E-03
LOC442647	229157_at	AI949265	XM_499544	442647	-1,07	1,43E-03
FBXW7	229419_at	BF222826	NM_018315	55294	-1,07	8,90E-07
			NM_033632			
AI003508	244114_x_at	AI003508	XM_496690	401131	-1,07	2,92E-03
ZNF651	226484_at	AA532640	NM_145166	92999	-1,07	1,09E-03
MMS19L	229226_at	BE465026	NM_022362	64210	-1,07	9,65E-05
MAP6	228943_at	AW003666	NM_033063	4135	-1,07	6,70E-03
			NM_207577			
AA928506	213750_at	AA928506	---	---	-1,06	2,13E-03
H16409	227623_at	H16409	---	---	-1,06	9,62E-05
H28915	244359_s_at	H28915	XM_496692	441014	-1,06	5,58E-03
USP53	230083_at	AW188464	NM_019050	54532	-1,06	3,73E-03
LOC90693	228087_at	AK026684	NM_138771	90693	-1,06	8,05E-03
AA194266	238728_at	AA194266	---	---	-1,06	5,18E-03
KIAA1324	221874_at	AB037745	NM_020775	57535	-1,06	6,36E-04
HNRPR	208766_s_at	BC001449	NM_005826	10236	-1,06	6,35E-05
EGFR	224999_at	BE878463	NM_005228	1956	-1,06	8,72E-03
			NM_201282			
			NM_201283			
			NM_201284			
HSPC065	222890_at	BG054922	NM_014157	29070	-1,06	6,01E-03
FLJ30655	1569495_at	BC040258	NM_144643	132320	-1,06	6,57E-04
PALM2-AKAP2	202760_s_at	NM_007203	NM_007203	445815	-1,05	1,16E-05
			NM_147150			
MCF2L	35147_at	AB002360	NM_024979	23263	-1,05	1,55E-04
DACH1	228915_at	AI650353	NM_004392	1602	-1,05	1,79E-03
			NM_080759			
			NM_080760			
OLFM3	1554524_a_at	AF397394	NM_058170	118427	-1,05	2,90E-05
LTBP3	219922_s_at	NM_021070	NM_021070	4054	-1,05	5,30E-03
RPH3AL	221614_s_at	BC005153	NM_006987	9501	-1,05	1,97E-03
FLJ20160	225325_at	AA133311	NM_017694	54842	-1,05	8,44E-05
PITPNC1	238649_at	AA815089	NM_012417	26207	-1,05	5,05E-03
			NM_181671			
AW959771	236350_at	AW959771	---	---	-1,05	4,54E-03
BU689502	1557302_at	BU689502	---	---	-1,05	1,32E-04
TXNDC4	208958_at	AI827677	NM_015051	23071	-1,04	4,97E-03
SVH	1554480_a_at	AY150851	NM_031905	83787	-1,04	4,17E-03
KIAA1731	1565830_at	AL833615	XM_374922	85459	-1,04	8,88E-03
AGPAT3	223184_s_at	BC004219	NM_020132	56894	-1,04	1,18E-03
R53065	240430_at	R53065	---	---	-1,04	1,68E-04
LOC339290	226235_at	A1051299	XM_375527	339290	-1,04	3,78E-03
GAB1	229114_at	AW237741	NM_002039	2549	-1,04	3,32E-04
			NM_207123			
LOC286052	241370_at	AA278233	---	286052	-1,04	1,43E-03
LRP16	219188_s_at	NM_014067	NM_014067	28992	-1,04	8,11E-03
ZNF505	1568720_at	BC018100	NM_00100412	81931	-1,04	3,98E-03
			6			
			NM_031218			
WBP11	244647_at	AA233885	NM_016312	51729	-1,04	6,62E-03

ES 2 689 703 T3

AW590679	229300_at	AW590679	---	---	-1,04	6,25E-06
BBS7	235007_at	AI683802	NM_018190	55212	-1,03	2,92E-03
			NM_176824			
FMNL3	238823_at	AA481044	NM_175736	91010	-1,03	1,64E-04
			NM_198900			
PAK1	230100_x_at	AU147145	NM_002576	5058	-1,03	4,89E-03
HPCAL1	212552_at	BE617588	NM_002149	3241	-1,03	6,95E-10
			NM_134421			
PHKB	238601_at	AI798207	NM_000293	5257	-1,03	3,11E-03
NF2	211017_s_at	AF123570	NM_000268	4771	-1,02	2,45E-03
			NM_016418			
			NM_181825			
			NM_181826			
			NM_181827			
			NM_181828			
			NM_181829			
			NM_181830			
			NM_181831			
			NM_181832			
			NM_181833			
			NM_181834			
			NM_181835			
NFASC	213438_at	AA995925	NM_00100538	23114	-1,02	2,89E-05
			7			
			NM_00100538			
			8			
			NM_00100538			
			9			
			NM_015090			
RBBP6	1552329_at	BC029352	NM_006910	5930	-1,02	4,18E-03
			NM_018703			
			NM_032626			
BE669703	229541_at	BE669703	---	---	-1,02	1,41E-04
CTSC	225646_at	AI246687	NM_001814	1075	-1,02	7,92E-03
			NM_148170			
TBC1D12	221858_at	N34407	XM_051081	23232	-1,02	1,15E-04
C21orf86	228909_at	AW131553	NM_153454	257103	-1,02	1,26E-03
AI991451	228412_at	AI991451	---	---	-1,01	8,75E-03
FLJ25168	1553400_a_at	NM_152466	NM_152466	147081	-1,01	1,66E-03
LOC157378	241342_at	BG288115	NM_194291	157378	-1,01	3,97E-06
BG150485	228754_at	BG150485	---	---	-1,01	3,89E-04
W56760	230683_at	W56760	---	---	-1,01	1,42E-03
BF512183	229885_at	BF512183	---	---	-1,01	4,33E-04
KIAA1573	225627_s_at	AK024256	NM_020925	57685	-1,01	1,13E-03
GPR123	239221_at	AI884909	NM_032422	84435	-1,01	2,88E-03
IPP	241393_at	R78604	NM_005897	3652	-1,01	4,60E-03
ZNF626	1552643_at	NM_145297	NM_145297	199777	-1,01	2,86E-03
AV723984	230403_at	AV723984	---	---	-1,01	9,06E-04
AI672159	226550_at	AI672159	---	---	-1,00	3,25E-03
TMEM28	206299_at	NM_015686	NM_015686	27112	-1,00	3,66E-04
AI627858	236105_at	AI627858	---	---	-1,00	9,19E-03
ZNF452	244758_at	AA480069	NM_052923	114821	-1,00	6,80E-05
NME7	227556_at	A1094580	NM_013330	29922	-1,00	7,25E-03
			NM_197972			
PLRG1	227246_at	BF438014	NM_002669	5356	-1,00	1,86E-03
SLIT1	213601_at	AB011537	NM_003061	6585	-1,00	3,09E-04
CTMP	229253_at	AI184512	NM_053055	117145	-1,00	9,64E-03
			NM_176853			
AK056973	1557135_at	AK056973	---	---	-1,00	3,03E-04
LOC169834	230876_at	AI827906	XM_095965	169834	-1,00	1,27E-03

ES 2 689 703 T3

FLJ22624	236560_at	BE218020	NM_024808	79866	-1,00	4,76E-03
VPS41	235625_at	AW963328	NM_014396	27072	-1,00	3,16E-03
			NM_080631			
CDC42EP3	225685_at	A1801777	NM_006449	10602	-1,00	1,49E-04
LRRTM2	206408_at	NM_015564	NM_015564	26045	-1,00	5,75E-03
PHF10	221787_at	BF431618	NM_018288	55274	-1,00	3,14E-06
			NM_133325			
PHKA2	1560358_at	BC038597	NM_000292	5256	-0,99	4,51E-03
NM_015492	204495_s_at	NM_015492	---	---	-0,99	2,51E-03
AU151107	230650_at	AU151107	---	---	-0,99	3,88E-03
SLICK	244455_at	AI732637	NM_198503	343450	-0,99	1,51E-03
FLJ30294	238867_at	AI298041	NM_144632	130827	-0,99	9,15E-04
LOC340281	240194_at	AA406397	---	340281	-0,99	3,47E-03
LIPT1	205571_at	NM_015929	NM_015929	51601	-0,99	6,75E-03
			NM_145196			
			NM_145197			
			NM_145198			
			NM_145199			
DKFZP434H	215087_at	AL109730	NM_015492	56905	-0,99	7,16E-06
132						
RAPGEF3	210051_at	U78168	NM_006105	10411	-0,98	7,80E-03
BTD	214116_at	AI767414	NM_000060	686	-0,98	4,23E-03
ZCCHC7	226496_at	BG291039	NM_032226	84186	-0,98	5,34E-03
C10orf104	229145_at	AA541762	NM_173473	119504	-0,98	9,01E-04
LOC222070	58900_at	AW025284	---	222070	-0,98	4,22E-04
ESRRG	207981_s_at	NM_001438	NM_001438	2104	-0,98	6,26E-03
			NM_206594			
			NM_206595			
PRPS2	203401_at	NM_002765	NM_002765	5634	-0,98	9,17E-04
TM4SF2	202242_at	NM_004615	NM_004615	7102	-0,98	4,04E-05
PCAF	203845_at	AV727449	NM_003884	8850	-0,98	3,42E-06
LOC284669	1559483_at	AK092251	---	284669	-0,98	1,08E-03
ARMCX5	1555902_at	BC022066	NM_022838	64860	-0,98	6,50E-03
AI862542	235696_at	AI862542	---	---	-0,98	7,90E-04
PLEKHA2	225136_at	BF968578	XM_496973	59339	-0,98	1,31E-03
ACSL4	202422_s_at	NM_022977	NM_004458	2182	-0,98	1,83E-03
			NM_022977			
PIN4	243226_at	N53548	NM_006223	5303	-0,97	9,48E-04
BF510890	243406_at	BF510890	---	---	-0,97	2,52E-03
FLJ11000	235159_at	AW296028	NM_018295	55281	-0,97	8,58E-03
TPMT	203672_x_at	U12387	NM_000367	7172	-0,97	3,95E-03
NCOA7	225344_at	AL035689	NM_181782	135112	-0,97	1,02E-03
NUDT6	220183_s_at	NM_007083	NM_007083	11162	-0,97	1,63E-05
			NM_198041			
CACNA1B	235781_at	AA448208	NM_000718	774	-0,97	2,17E-03
LOC253982	214993_at	AF070642	NM_181718	253982	-0,97	5,64E-03
			NM_198907			
NOTCH4	205247_at	AI743713	NM_004557	4855	-0,96	5,91E-03
DACH1	205472_s_at	NM_004392	NM_004392	1602	-0,96	6,40E-04
			NM_080759			
			NM_080760			
C21orf25	212875_s_at	AP001745	NM_199050	25966	-0,96	1,81E-04
KIAA1377	235956_at	AI797063	NM_020802	57562	-0,96	2,43E-03
KIAA1729	230715_at	AI138969	NM_053042	85460	-0,96	2,87E-03
TMEM18	225487_at	AI074464	NM_152834	129787	-0,96	3,04E-04
CITED2	209357_at	AF109161	NM_006079	10370	-0,96	4,57E-03
AI768895	231069_at	AI768895	---	---	-0,96	4,30E-03
DKFZp451M	239240_at	AI814116	NM_182585	285023	-0,96	8,59E-03
211						
N50119	235635_at	N50119	---	---	-0,96	3,56E-03

ES 2 689 703 T3

AI802997	235211_at	AI802997	---	---	-0,96	4,66E-05
PRPH	213847_at	NM_006262	NM_006262	5630	-0,95	1,14E-03
C14orf167	227446_s_at	BF445127	---	55449	-0,95	4,86E-03
NEIL2	226585_at	BE466620	NM_145043	252969	-0,95	3,33E-04
LOC401020	1560475_at	AK092134	XM_379145	401020	-0,95	4,55E-03
CXorf45	205583_s_at	NM_024810	NM_024810	79868	-0,95	2,74E-03
MLLT4	238871_at	AI086124	NM_005936	4301	-0,95	6,94E-03
PPP3CA	202457_s_at	AA911231	NM_000944	5530	-0,95	7,65E-04
MTUS1	212095_s_at	BE552421	NM_00100192	57509	-0,95	1,54E-03
			4			
			NM_00100192			
			5			
			NM_00100192			
			7			
			NM_00100193			
			1			
			NM_020749			
CARD8	1554479_a_at	AF511652	NM_014959	22900	-0,95	1,49E-03
HS3ST5	240479_at	AW449310	NM_153612	222537	-0,95	4,10E-03
CDC42EP3	209286_at	AI754416	NM_006449	10602	-0,94	2,27E-05
CLDN12	223249_at	AL136770	NM_012129	9069	-0,94	7,31E-04
MGC70870	242136_x_at	T66145	NM_203481	403340	-0,94	4,23E-04
LIFR	225575_at	AI680541	NM_002310	3977	-0,94	2,42E-03
AA002140	241365_at	AA002140	---	---	-0,94	3,00E-03
LOC153364	230298_at	AI692906	NM_203406	153364	-0,94	5,23E-03
BRUNOL4	238966_at	AA678985	NM_020180	56853	-0,94	6,55E-04
AV700050	228835_at	AV700050	---	---	-0,94	3,53E-03
TRIM4	223384_s_at	BE501464		89122	-0,94	6,97E-03
			NM_033017			
			NM_033091			
FLJ23560	219487_at	NM_024685	NM_024685	79738	-0,94	1,67E-03
PDGFRL	205226_at	NM_006207	NM_006207	5157	-0,94	3,47E-03
BG502771	226397_s_at	BG502771	---	---	-0,94	6,49E-05
AI392908	230352_at	AI392908	---	---	-0,94	3,46E-03
LOC93622	225391_at	AL562398	NM_138699	93622	-0,94	5,23E-05
IMMP2L	227153_at	AI784580	NM_032549	83943	-0,94	1,01E-03
DACH1	205471_s_at	AW772082	NM_004392	1602	-0,94	4,97E-05
			NM_080759			
			NM_080760			
AI963605	230269_at	AI963605	---	---	-0,94	1,40E-03
R45950	229994_at	R45950	---	---	-0,93	1,97E-03
RGMB	227339_at	BE206621	NM_173670	285704	-0,93	3,25E-06
LOC285705				285705		
NIN	223981_at	AF223937	NM_016350	51199	-0,93	8,04E-03
			NM_020921			
			NM_182944			
			NM_182945			
			NM_182946			
DKFZp313N062	241666_at	BG493222	NM_173826	285343	-0,93	6,42E-03
DKFZP564D172	212936_at	AI927701	NM_032042	83989	-0,93	2,49E-05
CaMKIINalp	218309_at	NM_018584	NM_018584	55450	-0,93	3,41E-05
ha						
MAPK10	237413_at	AI568447	NM_002753	5602	-0,93	2,01E-04
			NM_138980			
			NM_138981			
			NM_138982			
CXXC4	220277_at	NM_025212	NM_025212	80319	-0,93	1,90E-04
HEL308	1554341_a_at	BC011863	NM_133636	113510	-0,93	1,26E-04

ES 2 689 703 T3

SIGIRR	218921_at	NM_021805	NM_021805	59307	-0,92	3,82E-03
FBXL17	227203_at	AA115629	NM_022824	64839	-0,92	1,44E-03
ATXN1	203231_s_at	AW235612	NM_000332	6310	-0,92	5,79E-05
USP46	203869_at	AK024318	NM_022832	64854	-0,92	3,21E-04
CSE-C	224391_s_at	AF303378	NM_170601	54414	-0,92	2,82E-03
GGPS1	220321_at	AW299507	NM_004837	9453	-0,92	2,16E-03
MUTED	226543_at	AI768114	NM_201280	63915	-0,92	3,41E-03
KIAA0564	212946_at	AK025432	NM_00100981	23078	-0,92	4,42E-03
			4			
JMY	226352_at	BF447037	NM_015058			
PALM2-	202759_s_at	BE879367	NM_152405	133746	-0,92	2,68E-04
AKAP2			NM_007203	445815	-0,92	1,79E-04
			NM_147150			
AI631072	228638_at	AI631072	---	---	-0,92	9,69E-03
MCAM	209087_x_at	AF089868	NM_006500	4162	-0,92	2,51E-03
PSD3	203355_s_at	NM_015310	NM_015310	23362	-0,92	4,84E-03
			NM_206909			
PTEN	228006_at	BG403361	NM_000314	5728	-0,92	3,02E-03
ABAT	209459_s_at	AF237813	NM_000663	18	-0,92	5,61E-03
			NM_020686			
AI887898	228423_at	AI887898	XM_374094	389237	-0,92	5,43E-04
MGC14595	238562_at	BE542779	NM_032334	84294	-0,92	1,59E-05
AA757630	236724_at	AA757630	---	---	-0,91	2,99E-04
BF510563	228561_at	BF510563	---	---	-0,91	1,65E-05
ETS2	201328_at	AL575509	NM_005239	2114	-0,91	6,50E-05
TRIM32	236233_at	AI768810	NM_012210	22954	-0,91	7,51E-03
CDC42EP3	209288_s_at	AL136842	NM_006449	10602	-0,91	1,33E-04
CNOT6L	227119_at	BF103856	NM_144571	246175	-0,91	2,60E-06
AI754871	229075_at	AI754871	---	---	-0,91	2,23E-03
PSD3	218613_at	NM_018422	NM_015310	23362	-0,91	2,81E-05
			NM_206909			
SLC20A2	229371_at	BF940010	NM_006749	6575	-0,91	2,66E-04
SNX10	218404_at	NM_013322	NM_013322	29887	-0,90	3,48E-03
KCTD18	226493_at	AI627249	NM_152387	130535	-0,90	7,20E-03
MGC31963	1558692_at	AW090182	NM_144580	112770	-0,90	9,19E-03
C21orf51	228239_at	AA148789	NM_058182	54065	-0,90	3,56E-03
T79639	243466_at	T79639	---	---	-0,90	3,38E-03
BE671727	244177_at	BE671727	---	---	-0,90	7,50E-03
WDR32	219001_s_at	NM_024345	NM_024345	79269	-0,90	1,46E-03
AW770320	242523_at	AW770320	---	---	-0,90	5,17E-03
FLJ31265	228341_at	AI809108	NM_152395	131870	-0,90	9,74E-03
TENS1	217853_at	NM_022748	NM_022748	64759	-0,90	3,93E-03
AFFX-BioB-3	AFFX-BioB-3_a	AFFX-BioB-3	---	---	-0,90	4,10E-03
AL359605	227318_at	AL359605	---	---	-0,90	4,75E-04
FIP1L1	1554424_at	BC017724	NM_030917	81608	-0,90	2,24E-05
MGC22773	235498_at	AI269596	NM_145258	127255	-0,89	3,93E-07
A1765014	224649_x_at	A1765014	---	---	-0,89	3,50E-03
ACSL6	229725_at	AV705292	NM_00100918	23305	-0,89	6,40E-03
			5			
			NM_015256			
HNRPR	208765_s_at	NM_005826	NM_005826	10236	-0,89	9,23E-05
GATM	216733_s_at	X86401	NM_001482	2628	-0,89	6,06E-03
SAT	213988_s_at	BE971383	NM_002970	6303	-0,89	6,15E-03
MGC16275	1558167_a_at	BM824870	---	85001	-0,89	3,24E-03
AI743452	237031_at	A1743452	---	---	-0,89	2,69E-03
FLJ11011	222656_at	AI625741	NM_00100148	55284	-0,89	2,46E-03
			1			
			NM_00100148			

ES 2 689 703 T3

2						
BF510762	230262_at	BF510762	NM_018299			
SOCS5	208127_s_at	NM_014011	---	9655	-0,89	7,78E-05
			NM_144949		-0,89	2,64E-03
LTBP3	227308_x_at	AW515704	NM_021070	4054	-0,89	1,44E-04
AI826437	229975_at	AI826437	---	---	-0,89	3,65E-04
BRAF	236402_at	AW184034	NM_004333	673	-0,89	8,26E-03
LNK	227293_at	AI264003	NM_032622	84708	-0,88	1,56E-03
F3	204363_at	NM_001993	NM_001993	2152	-0,88	2,35E-03
COVA1	204643_s_at	NM_006375	NM_006375	10495	-0,88	9,34E-03
			NM_182314			
TPD52	201691_s_at	NM_005079	NM_005079	7163	-0,88	6,44E-04
GRIK2	1560142_at	AJ301610	NM_021956	2898	-0,88	5,49E-03
			NM_175768			
A1025829	235227_at	A1025829	---	---	-0,88	2,45E-03
AI761584	229654_at	A1761584	---	---	-0,88	9,83E-03
MAP3K5	203836_s_at	D84476	NM_005923	4217	-0,88	7,19E-03
NOX4	219773_at	NM_016931	NM_016931	50507	-0,88	6,53E-03
FBXL17	238174_at	AI694129	NM_022824	64839	-0,88	4,28E-04
ERCC6	207347_at	NM_000124	NM_000124	2074	-0,88	1,34E-03
TMEM34	219074_at	NM_018241	NM_018241	55751	-0,88	2,71E-03
MGC52110	226039_at	AW006441	NM_001008215	493753	-0,87	3,18E-05
SPHAR	206272_at	NM_006542	NM_006542	10638	-0,87	3,60E-03
FCMD	205283_at	NM_006731	NM_006731	2218	-0,87	3,96E-03
BAI3	205638_at	NM_001704	NM_001704	577	-0,87	8,83E-03
N29877	231169_at	N29877	---	---	-0,87	2,33E-03
MBNL1	201153_s_at	NM_021038	NM_021038	4154	-0,87	2,24E-05
			NM_207292			
			NM_207293			
			NM_207294			
			NM_207295			
			NM_207296			
			NM_207297			
CLCN3	201734_at	AI760629	NM_001829	1182	-0,87	7,31E-03
			NM_173872			
MGC13024	221864_at	AW517464	NM_152288	93129	-0,87	9,69E-03
XPR1	226615_at	BE439489	NM_004736	9213	-0,87	2,22E-04
CAMK2B	210404_x_at	AF078803	NM_001220	816	-0,87	1,66E-03
			NM_172078			
			NM_172079			
			NM_172080			
			NM_172081			
			NM_172082			
			NM_172083			
			NM_172084			
CHD2	228999_at	AW514564	NM_001271	1106	-0,86	2,91E-03
TMEM1	209412_at	U61500	NM_00100172	7109	-0,86	2,68E-03
3						
			NM_003274			
FLJ32130	1554769_at	BC040642	NM_152458	146540	-0,86	3,30E-03
MCF2L	212935_at	AB002360	NM_024979	23263	-0,86	3,60E-04
PGRMC2	213227_at	BE879873	NM_006320	10424	-0,86	1,58E-03
BF434383	235473_at	BF434383	---	---	-0,86	5,25E-03
WARS2	222734_at	BF515963	NM_015836	10352	-0,86	9,52E-03
			NM_201263			
ASB13	218862_at	NM_024701	NM_024701	79754	-0,86	5,98E-03
ARSD	225280_x_at	N51673	NM_001669	414	-0,86	4,80E-03
			NM_009589			
HEL308	1554342_s_at	BC011863	NM_133636	113510	-0,86	8,97E-03

ES 2 689 703 T3

GLCE	213552_at	W87398	NM_015554	26035	-0,86	3,64E-03
ZNF25	235164_at	BG433539	NM_145011	219749	-0,86	8,82E-03
N56912	221944_at	N56912	XM_496112	440332	-0,86	2,61E-03
BMPR2	225144_at	AI457436	NM_001204	659	-0,86	9,23E-05
			NM_033346			
A1796858	236164_at	AI796858	---	---	-0,86	6,19E-05
HPS1	210112_at	U96721	NM_000195	3257	-0,86	9,98E-03
			NM_182637			
			NM_182638			
			NM_182639			
SCRN3	219234_x_at	NM_024583	NM_024583	79634	-0,86	1,04E-03
EFNB3	205031_at	NM_001406	NM_001406	1949	-0,86	4,69E-03
ZNF25	228185_at	N32599	NM_145011	219749	-0,85	9,68E-03
AW274846	228108_at	AW274846	---	---	-0,85	3,72E-03
STC1	204595_s_at	AI300520	NM_003155	6781	-0,85	1,72E-03
AW044658	229201_at	AW044658	---	---	-0,85	7,58E-05
CA442342	1556097_at	CA442342	---	---	-0,85	6,36E-03
FLJ21159	235550_at	AV751613	NM_024826	79884	-0,85	6,98E-04
PKNOX1	54051_at	H59033	NM_004571	5316	-0,85	1,84E-03
			NM_197976			
PDE2A	204134_at	NM_002599	NM_002599	5138	-0,85	1,09E-04
DHRX	225503_at	AL547782	NM_145177	207063	-0,85	2,79E-03
SLC19A1	229489_at	AI681043	NM_003056	6573	-0,85	2,68E-03
			NM_194255			
C13orf24	213239_at	NM_006346	NM_006346	10464	-0,85	2,61E-04
SRGAP3	209794_at	AB007871	NM_014850	9901	-0,85	7,85E-03
C21orf127	234676_s_at	AK021678	NM_013240	29104	-0,85	8,73E-03
			NM_182749			
PARP11	229138_at	AV747166	NM_020367	57097	-0,84	1,23E-03
ELAC1	219325_s_at	NM_018696	NM_018696	55520	-0,84	9,17E-03
AV702357	229823_at	AV702357	---	---	-0,84	2,59E-04
FLRT1	210414_at	AF169675	NM_013280	23769	-0,84	8,98E-03
C2orf17	222129_at	AK026155	NM_024293	79137	-0,84	2,37E-03
PF6	1557593_at	AA250798	NM_206996	200162	-0,84	1,52E-03
BC040191	1568623_a_at	BC040191	---	---	-0,84	5,28E-03
H99038	227338_at	H99038	XM_498946	440983	-0,84	9,90E-03
MANBA	203778_at	NM_005908	NM_005908	4126	-0,84	4,77E-03
DELGEF	232983_s_at	AJ243951	NM_012139	26297	-0,84	7,32E-03
ATP2C1	209934_s_at	AF225981	NM_00100148	27032	-0,84	5,96E-03
			5			
			NM_00100148			
			6			
			NM_00100148			
			7			
			NM_014382			
LOC92249	212957_s_at	AU154785	XM_499179	92249	-0,83	7,94E-04
SPATA7	234929_s_at	AF144488	NM_018418	55812	-0,83	9,12E-03
AW269338	235691_at	AW269338	XM_378880	400764	-0,83	1,62E-03
ZNF295	225539_at	AP001745	NM_020727	49854	-0,83	1,11E-03
KIAA1223	225731_at	BF196876	XM_048747	57182	-0,83	1,79E-06
BF207861	239768_x_at	BF207861	---	---	-0,83	3,46E-03
BG236351	217598_at	BG236351	---	---	-0,83	1,23E-03
B3GTL	227083_at	N51325	NM_194318	145173	-0,83	2,95E-05
QPCT	205174_s_at	NM_012413	NM_012413	25797	-0,83	8,28E-03
AL045516	232166_at	AL045516	---	---	-0,83	2,57E-03
ZNF148	230821_at	AW594167	NM_021964	7707	-0,83	3,02E-03
GNG2	224964_s_at	AK026424	NM_053064	54331	-0,83	6,30E-03
CTPS2	219080_s_at	NM_019857	NM_019857	56474	-0,83	3,00E-04
			NM_175859			
CAMK2D	225019_at	BF797381	NM_001221	817	-0,83	8,53E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_172115			
			NM_172127			
			NM_172128			
CYLD	213295_at	AA555096	NM_015247	1540	-0,83	7,35E-04
TMEM5	204808_s_at	NM_014254	NM_014254	10329	-0,83	2,63E-03
FLJ35036	225512_at	A1005245	XM_172341	253461	-0,83	6,24E-04
LOC51334	220014_at	NM_016644	NM_016644	51334	-0,82	521E-04
MGC34646	224996_at	N30209	NM_173519	157807	-0,82	6,97E-05
NDP52	235076_at	AA149539	NM_005831	10241	-0,82	2,69E-03
FLJ38991	227442_at	BG283902	NM_173827	285521	-0,82	2,38E-03
LOC144363	225469_at	AA015609	NM_00100166C	144363	-0,82	6,00E-03
AI627803	236194_at	AI627803	---	---	-0,82	8,90E-03
EIF4E3	238461_at	AA228031	---	317649	-0,82	8,67E-03
LOC284262	227478_at	BF739885	---	284262	-0,82	1,50E-05
LRCH2	227688_at	AK022128	NM_020871	57631	-0,82	4,46E-04
AI635131	1557192_at	AI635131	XM_375410	400574	-0,82	2,14E-03
AA935515	242790_at	AA935515	---	---	-0,82	4,73E-04
ZNF423	214761_at	AW149417	NM_015069	23090	-0,82	6,45E-03
FBXO4	223493_at	AF129534	NM_012176	26272	-0,82	2,52E-03
			NM_033484			
AI417268	225028_at	AI417268	---	---	-0,82	8,20E-03
EIF2C1	228120_at	AW136032	NM_012199	26523	-0,81	1,09E-05
FLJ22313	236170_x_at	AI377423	NM_022373	64224	-0,81	4,47E-03
LOC401500	233946_at	AL512690	XM_379629	401500	-0,81	2,52E-03
AFFX-BioB-M	AFFX-BioB-M_a	AFFX-BioB-M	---	---	-0,81	3,21E-03
AI149508	228416_at	AI149508	---	---	-0,81	1,26E-04
ZNF287	220055_at	NM_020653	NM_020653	57336	-0,81	1,85E-04
FLJ30851	230435_at	BF108666	NM_198553	375190	-0,81	5,13E-03
BC042959	1556194_a_at	BC042959	---	---	-0,81	2,89E-03
CA5BL	238435_at	AA521288	XM_291346	340591	-0,81	4,85E-03
WIZ	221784_at	AI089655	XM_372716	58525	-0,81	1,35E-03
AW086077	232800_at	AW086077	---	---	-0,81	3,68E-03
FLJ22795	223327_x_at	AF316855	NM_025084	80154	-0,81	4,57E-03
AI075662	238038_at	AI075662	---	---	-0,81	4,28E-03
PCDHB14	231726_at	NM_018934		56122	-0,81	5,56E-03
			NM_018934			
LOC130355	227840_at	AA738440	XM_496588	130355	-0,81	2,33E-05
FLJ10378	231824_at	AK027164	NM_018078	55132	-0,81	7,52E-03
			NM_032239			
			NM_178043			
CAMK2B	211483_x_at	AF081924	NM_001220	816	-0,81	2,75E-04
			NM_172078			
			NM_172079			
			NM_172080			
			NM_172081			
			NM_172082			
			NM_172083			
			NM_172084			
RPL4	226556_at	BF431260	NM_000968	6124	-0,81	2,30E-07
C21orf108	212996_s_at	AI803485	---	9875	-0,81	4,93E-03
CYLD	39582_at	AL050166	NM_015247	1540	-0,81	8,02E-04
MBNL1	201151_s_at	BF512200	NM_021038	4154	-0,80	1,13E-03
			NM_207292			
			NM_207293			
			NM_207294			
			NM_207295			
			NM_207296			
			NM_207297			
HERC4	208055_s_at	NM_015601	NM_015601	26091	-0,80	1,46E-03

ES 2 689 703 T3

AI929792	236081_at	AI929792	---	---	-0,80	2,95E-03
SYNJ1	212990_at	AB020717	NM_003895	8867	-0,80	1,01E-03
			NM_203446			
C9orf123	224860_at	AL137489	XM_372075	90871	-0,80	8,84E-04
C21orf66	1556789_a_at	AK056384	NM_013329	94104	-0,80	4,85E-03
			NM_016631			
			NM_058191			
			NM_145328			
BMPR2	231873_at	AL046696	NM_001204	659	-0,80	1,31E-04
			NM_033346			
PCBP3	230486_at	BG025371	NM_020528	54039	-0,80	5,61E-04
JAM2	229127_at	BF195118	NM_021219	58494	-0,80	4,44E-03
COG6	225769_at	AF116827	NM_020751	57511	-0,80	4,32E-03
FLJ21159	220145_at	NM_024826	NM_024826	79884	-0,80	5,05E-03
HSD17B12	217869_at	NM_016142	NM_016142	51144	-0,80	5,67E-03
SMAP-5	224953_at	AW001618	NM_030799	81555	-0,80	5,29E-03
SAV1	218276_s_at	NM_021818	NM_021818	60485	-0,80	1,52E-03
PPID	204186_s_at	A1014573	NM_005038	5481	-0,80	5,72E-04
AZI2	227905_s_at	BF000175	NM_022461	64343	-0,79	9,88E-05
			NM_203326			
BE219874	236111_at	BE219874	---	---	-0,79	6,26E-03
KPNA1	202057_at	BC002374	NM_002264	3836	-0,79	5,21E-03
LOC339803	227940_at	N90774	---	339803	-0,79	1,13E-04
ALKBH	236721_at	AI922200	NM_006020	8846	-0,79	2,25E-03
AW237752	229699_at	AW237752	---	---	-0,79	8,75E-03
SLC22A17	218675_at	NM_020372	NM_016609	51310	-0,79	1,71E-04
			NM_020372			
TOB1	228834_at	BF240286	NM_005749	10140	-0,79	7,87E-04
MED28	224416_s_at	AF358829	NM_025205	80306	-0,79	1,39E-04
ZNF277	1555193_a_at	BC020626	NM_021994	11179	-0,79	9,56E-03
WDFY3	212598_at	BE348236	NM_014991	23001	-0,79	6,62E-03
			NM_178583			
			NM_178585			
SGNE1	203889_at	NM_003020	NM_003020	6447	-0,78	3,31E-04
ANKRD32	223542_at	AL136560	NM_032290	84250	-0,78	2,09E-04
CLCN3	201733_at	AA902971	NM_001829	1182	-0,78	1,25E-06
			NM_173872			
EIF4E3	225939_at	AL161983	---	317649	-0,78	2,79E-03
CARF	218929_at	NM_017632	NM_017632	55602	-0,78	2,99E-03
DCX	204851_s_at	AF040254	NM_000555	1641	-0,78	7,79E-03
			NM_178151			
			NM_178152			
			NM_178153			
C1orf25	220992_s_at	NM_030934	NM_030934	81627	-0,78	2,30E-03
TNFRSF25	219423_x_at	NM_003790	NM_003790	8718	-0,78	8,35E-03
			NM_14896S			
			NM_148966			
			NM_148967			
			NM_148968			
			NM_148969			
			NM_148970			
			NM_148971			
			NM_148972			
			NM_148973			
			NM_148974			
AOF2	212348_s_at	AB011173	NM_00100999	23028	-0,78	3,47E-03
			9			
			NM_015013			
AW025980	241864_x_at	AW025980	XM_371647	389129	-0,78	5,72E-04
ACBD5	225663_at	AL047650	NM_145698	91452	-0,78	1,80E-03

ES 2 689 703 T3

FRS2	226045_at	AW264515	NM_006654	10818	-0,78	5,02E-03
MYOZ3	213955_at	BE673151	NM_133371	91977	-0,78	7,08E-03
DBT	205369_x_at	J03208	NM_001918	1629	-0,78	5,34E-03
AI061377	235233_s_at	A1061377	---	---	-0,78	2,35E-03
ENOSF1	204142_at	NM_017512	NM_017512	55556	-0,78	2,12E-03
CA5BL	239106_at	AI801563	XM_291346	340591	-0,77	3,87E-03
GTDC1	219770_at	NM_024659	NM_00100663	79712	-0,77	5,30E-04
			6			
			NM_024659			
RAB18	243496_at	AW367507	NM_021252	22931	-0,77	5,05E-03
AK025253	227009_at	AK025253	---	---	-0,77	2,24E-03
MRPS6	212944_at	AK024896	NM_032476	64968	-0,77	9,32E-03
AFAP	203563_at	NM_021638	NM_021638	60312	-0,77	4,32E-04
			NM_198595			
RGS7	1554500_a_at	AF493931	NM_002924	6000	-0,77	5,33E-04
QSCN6	201482_at	NM_002826	NM_00100412	5768	-0,77	5,46E-04
			8			
			NM_002826			
C21orf57	227421_at	BF026326	NM_00100611	54059	-0,77	2,03E-03
			4			
			NM_058181			
PLEKHA3	227658_s_at	BE550332	NM_019091	65977	-0,77	2,93E-04
FLJ10980	225327_at	AB037791	NM_019600	56204	-0,77	3,59E-03
PURA	229167_at	AI129941	NM_005859	5813	-0,77	7,80E-03
FFX-r2-Ec-bioC	FX-r2-Ec-bioC-5	AFFX-r2-Ec-bioC-5AF	---	---	-0,77	1,36E-03
HSPA12A	214434_at	AB007877	XM_048898	259217	-0,77	5,03E-03
ZNF250	213858_at	BE350026	NM_021061	58500	-0,77	2,48E-03
FFX-r2-Ec-bioB	FX-r2-Ec-bioB-5	AFFX-r2-Ec-bioB-5AF	---	---	-0,77	4,87E-03
PDXK	222492_at	AW262867	NM_003681	8566	-0,77	7,16E-03
H09780	230869_at	H09780	---	---	-0,76	5,31E-03
LOC283481	230351_at	AW070248	---	283481	-0,76	1,35E-04
LOC128153	1552269_at	NM_138796	NM_138796	128153	-0,76	8,35E-03
PTP4A2	208617_s_at	AF208850	NM_003479	8073	-0,76	8,88E-05
			NM_080391			
			NM_080392			
AB029551	201845_s_at	AB029551	---	---	-0,76	1,96E-04
KIAA1387	226230_at	AA541716	NM_020463	57223	-0,76	1,87E-03
C21orf86	226995_at	AV705934	NM_153454	257103	-0,76	5,79E-05
ISYNA1	222240_s_at	AL137749	NM_016368	51477	-0,76	3,08E-03
RNF13	201780_s_at	NM_007282	NM_007282	11342	-0,76	6,77E-04
			NM_183381			
			NM_183382			
			NM_183383			
			NM_183384			
JMJD2C	209984_at	AB037901	NM_015061	23081	-0,76	3,62E-03
GTDC1	238585_at	AW407668	NM_00100663	79712	-0,76	1,71E-03
			6			
			NM_024659			
AI955713	227193_at	AI955713	---	---	-0,76	2,70E-03
FKBP1A	210187_at	BC005147	NM_000801	2280	-0,76	7,11E-03
			NM_054014			
AW117322	239415_at	AW117322	XM_374094	389237	-0,76	5,02E-03
BBP	213883_s_at	AA012917	NM_032027	83941	-0,76	5,76E-03
LOC284804	1559161_at	AI871356	---	284804	-0,75	6,44E-03
DJ159A19,3	205002_at	NM_015699	XM_372774	27245	-0,75	8,45E-04
AFFX-BioDn-3A	FFX-BioDn-3_a	AFFX-BioDn-3	---	---	-0,75	2,83E-03
LAMB1	201505_at	NM_002291	NM_002291	3912	-0,75	9,18E-03

ES 2 689 703 T3

POLR3A	227872_at	AA527570	NM_007055	11128	-0,75	9,27E-04
CDC2L6	212899_at	AB028951	NM_015076	23097	-0,75	2,97E-05
GRK4	241989_at	AW269179	NM_00100405	2868	-0,75	9,15E-03
			6			
			NM_00100405			
			7			
			NM_005307			
			NM_182982			
FEV	207260_at	NM_017521	NM_017521	54738	-0,75	5,52E-04
MGC35274	226748_at	AI674731	NM_153374	256586	-0,75	6,51E-03
PRKCB1	209685_s_at	M13975	NM_002738	5579	-0,75	4,16E-03
			NM_212535			
OXR1	222553_x_at	AL541048	NM_181354	55074	-0,75	3,29E-03
ARP3BETA	218868_at	NM_020445	NM_020445	57180	-0,75	9,91E-03
PFN2	237116_at	AI262277	NM_002628	5217	-0,74	8,35E-03
			NM_053024			
LZTFL1	218437_s_at	NM_020347	NM_020347	54585	-0,74	3,96E-03
C6orf96	220329_s_at	NM_017909	NM_017909	55005	-0,74	1,80E-03
BE890365	222738_at	BE890365	---	---	-0,74	9,64E-03
BG112359	225785_at	BG112359	---	---	-0,74	2,08E-03
ICA1	204002_s_at	NM_022307	NM_004968	3382	-0,74	2,94E-03
			NM_022307			
			NM_022308			
ENOSF1	213645_at	AF305057	NM_017512	55556	-0,74	4,62E-03
CAMK2D	228555_at	AA029441	NM_001221	817	-0,74	1,79E-03
			NM_172115			
			NM_172127			
			NM_172128			
AI889373	227414_at	AI889373	---	---	-0,74	1,82E-03
GPR27	227769_at	AI703476	NM_018971	2850	-0,74	8,05E-03
AK055769	1558801_at	AK055769	---	---	-0,74	7,07E-03
AFFX-BioB-5	AFFX-BioB-5_a	AFFX-BioB-5	---	---	-0,73	3,91E-03
AA928542	226831_at	AA928542	---	---	-0,73	8,48E-04
PAM	202336_s_at	NM_000919	NM_000919	5066	-0,73	2,84E-03
			NM_13766			
			NM_138821			
			NM_138822			
THNSL1	222931_s_at	AI809864	NM_024838	79896	-0,73	3,88E-03
MGC14595	227836_at	AI859767	NM_032334	84294	-0,73	6,40E-03
PRKCE	226101_at	AI093546	NM_005400	5581	-0,73	3,23E-03
LOC92482	213224_s_at	AK025724	XM_378250	92482	-0,73	5,89E-03
AKAP14	228493_at	T87628	NM_00100853	158798	-0,73	8,43E-03
			4			
			NM_00100853			
			5			
			NM_178813			
DUSP16	224336_s_at	AB052156	NM_030640	80824	-0,73	4,69E-04
IRF2BP2	224571_at	BF968057	NM_182972	359948	-0,73	6,05E-03
C6orf117	243177_at	AI912225	NM_138409	112609	-0,73	7,88E-03
ADD2	205268_s_at	NM_017488	NM_001617	119	-0,73	4,20E-07
			NM_017482			
			NM_017483			
			NM_017484			
			NM_017485			
			NM_017486			
			NM_017487			
			NM_017488			
PCSK6	207414_s_at	NM_002570	NM_002570	5046	-0,73	3,49E-03
			NM_138319			

ES 2 689 703 T3

			NM_138320			
			NM_138321			
			NM_138322			
			NM_138323			
			NM_138324			
			NM_138325			
H62221	243414_at	H62221	---	---	-0,73	2,65E-03
AFFX-BioC-5	AFFX-BioC-5_a	AFFX-BioC-5	---	---	-0,73	6,02E-04
BF342524	235074_at	BF342524	---	---	-0,73	2,25E-03
LOC96610	226802_s_at	W87523		96610	-0,73	9,29E-03
			NM_080926			
BE645776	227288_at	BE645776	XM_068632	133993	-0,73	7,66E-04
KIAA0423	213304_at	AI823592	NM_015091	23116	-0,73	2,19E-03
ENOSF1	204143_s_at	NM_017512	NM_017512	55556	-0,73	2,84E-05
DSCR5	221689_s_at	AB035745	NM_016430	51227	-0,73	4,01E-05
			NM_153681			
			NM_153682			
MGC54289	225228_at	AI474054	NM_178454	128338	-0,72	2,77E-05
AK026379	232687_at	AK026379	---	---	-0,72	1,93E-04
MGC72075	228600_x_at	BE220330	NM_199136	340277	-0,72	5,28E-04
ASH1L	226447_at	BG290742	NM_018489	55870	-0,72	2,78E-03
KIAA0974	213463_s_at	AW300504	---	317662	-0,72	4,74E-04
C6orf157	227790_at	AV692609	NM_198920	90025	-0,72	3,66E-03
CLCN4	214769_at	AF052117	NM_001830	1183	-0,72	3,22E-04
LOC440360	236838_at	H11609	XM_498641	440360	-0,72	2,56E-03
SYNCRIP	217833_at	AL520908	NM_006372	10492	-0,72	4,62E-04
FFX-r2-Ec-bioB	FX-r2-Ec-bioB-N	AFFX-r2-Ec-bioB-M	---	---	-0,72	7,96E-03
AKT3	212609_s_at	U79271	NM_005465	10000	-0,72	5,74E-03
			NM_181690			
PP1057	220968_s_at	NM_031285	---	83441	-0,72	6,75E-03
GM2A	1559776_at	H41167	NM_000405	2760	-0,72	1,46E-03
FLJ37228	1556641_at	AK094547	---	285264	-0,72	6,35E-03
NAV1	227584_at	BF339566	NM_020443	89796	-0,71	9,22E-05
MGC10198	225574_at	BE613081	NM_152682	201965	-0,71	1,36E-03
PPP2R5C	201877_s_at	NM_002719	NM_002719	5527	-0,71	1,25E-03
			NM_178586			
			NM_178587			
			NM_178588			
RAFTLIN	212646_at	D42043	NM_015150	23180	-0,71	7,61E-06
DKFZP564O243	210006_at	BC002571	NM_015407	25864	-0,71	5,84E-03
SLC35A5	218519_at	NM_017945	NM_017945	55032	-0,71	5,19E-03
BF526978	227125_at	BF526978	---	---	-0,71	2,88E-03
RBM16	227866_at	AI743557	NM_014892	22828	-0,71	4,70E-04
gm117	239038_at	AW015063	NM_198077	148423	-0,71	2,85E-05
AB058893	223973_at	AB058893	---	---	-0,71	3,00E-03
DUSP16	224832_at	AB051487	NM_030640	80824	-0,71	8,84E-04
FFX-r2-Ec-bioC	X-r2-Ec-bioC-3	AFFX-r2-Ec-bioC-3	---	---	-0,71	2,47E-03
AL355532	213845_at	AL355532	---	---	-0,71	1,72E-03
LOC284409	242016_at	BE857296	XM_211447	284409	-0,70	7,46E-03
PAK1	226507_at	AU154408	NM_002576	5058	-0,70	1,89E-03
BC015852	1560570_a_at	BC015852	---	---	-0,70	5,93E-04
EPM2AIP1	227847_at	BF432224	NM_014805	9852	-0,70	6,03E-03
13CDNA73	204072_s_at	NM_023037	NM_023037	10129	-0,70	1,50E-04
DECR1	202447_at	NM_001359	NM_001359	1666	-0,70	7,20E-03
USP38	223288_at	AW977401	NM_032557	84640	-0,70	6,63E-03
RAB4A	203581_at	BC002438	NM_004578	5867	-0,70	1,97E-03

ES 2 689 703 T3

PLEKHA3	223370_at	AF286162	NM_019091	65977	-0,70	4,19E-03
AFFX-BioC-3	AFFFX-BioC-3_a	AFFX-BioC-3	---	---	-0,70	1,62E-03
PPID	204185_x_at	NM_005038	NM_005038	5481	-0,70	5,63E-04
PAM	214620_x_at	BF038548	NM_000919	5066	-0,70	2,61E-04
			NM_138766			
			NM_138821			
			NM_138822			
ARL7	202207_at	BG435404	NM_005737	10123	-0,70	1,62E-03
DNAJC6	204720_s_at	AV729634	NM_014787	9829	-0,70	2,00E-04
SYNCOILIN	225396_at	AI928212	NM_030786	81493	-0,70	5,70E-03
ANXA5	200782_at	NM_001154	NM_001154	308	-0,70	5,88E-03
MGC14595	238561_s_at	BE542779	NM_032334	84294	-0,70	6,39E-05
SELM	226051_at	BF973568	NM_080430	140606	-0,70	4,02E-03
AA489100	228390_at	AA489100	---	---	-0,70	5,43E-03
AA740675	244032_at	AA740675	---	---	-0,70	9,18E-04
ALDH5A1	203608_at	AL031230	NM_001080	7915	-0,69	3,13E-03
			NM_170740			
BE646451	235893_at	BE646451	---	---	-0,69	9,91E-03
DUSP7	213848_at	AI655015	NM_001947	1849	-0,69	9,16E-03
MGC42174	242539_at	AW665509	NM_152383	129563	-0,69	2,67E-03
FBXO25	225591_at	AA749085	NM_012173	26260	-0,69	4,48E-03
			NM_183420			
			NM_183421			
CNOT6L	226153_s_at	AW514857	NM_144571	246175	-0,69	4,37E-04
NPR2	204310_s_at	NM_003995	NM_000907	4882	-0,69	5,97E-03
			NM_003995			
DEPDC6	218858_at	NM_022783	NM_022783	64798	-0,69	2,62E-03
GARNL4	213280_at	AK000478	NM_015085	23108	-0,69	5,49E-03
ANKH	223093_at	T99215	NM_054027	56172	-0,69	3,95E-03
NUDT11	219855_at	NM_018159	NM_018159	55190	-0,69	1,75E-03
IFNAR2	204785_x_at	NM_000874	NM_000874	3455	-0,69	7,44E-05
			NM_207584			
			NM_207585			
ZNF148	235166_at	T08836	NM_021964	7707	-0,68	9,51E-03
LOC377064	229986_at	AW205616	XM_496648	377064	-0,68	3,34E-03
RSL1D1	212019_at	AK025446	NM_015659	26156	-0,68	2,80E-03
C10orf22	212500_at	AL049319	NM_032804	84890	-0,68	8,22E-03
DAZAP2	214334_x_at	N34846	NM_014764	9802	-0,68	2,12E-03
WDFY3	212606_at	AL536319	NM_014991	23001	-0,68	8,12E-05
			NM_178583			
			NM_178585			
PTPN23	223150_s_at	AF290614	NM_015466	25930	-0,68	2,67E-03
SNAP91	204953_at	NM_014841	NM_014841	9892	-0,68	1,47E-04
DSU	232682_at	BG167210	NM_018000	55686	-0,68	2,28E-04
ZNF490	231988_x_at	AB033024	NM_020714	57474	-0,68	8,43E-04
FFX-r2-Ec-bioD	FX-r2-Ec-bioD-3	AFFX-r2-Ec-bioD-3	---	---	-0,68	8,66E-03
ZBTB1	242258_at	AW168154	NM_014950	22890	-0,68	7,93E-03
FFX-r2-Ec-bioB	FX-r2-Ec-bioB-3	AFFX-r2-Ec-bioB-3	---	---	-0,68	4,88E-03
DLG3	212727_at	AB033058	NM_021120	1741	-0,68	2,75E-05
P15RS	225953_at	AI684281	NM_018170	55197	-0,68	4,56E-03
LRBA	212692_s_at	W60686	NM_006726	987	-0,68	1,07E-06
ZBED3	228402_at	AI679968	NM_032367	84327	-0,68	2,51E-03
DNASE1 L1	203912_s_at	NM_006730	NM_00100993	1774	-0,68	4,97E-03
			2			
			NM_00100993			
			3			
			NM_00100993			

ES 2 689 703 T3

4						
ABR	212895_s_at	AL527773	NM_006730			
			NM_001092	29	-0,68	9,54E-04
			NM_021962			
AF147335	1557518_a_at	AF147335	---	---	-0,68	3,85E-03
HNRPD	229129_at	AI948456	NM_00100381	3184	-0,68	9,99E-03
			0			
			NM_002138			
			NM_031369			
			NM_031370			
LOC387895	243905_at	AI652676	XM_373553	387895	-0,68	4,51E-03
PLCE1	205111_s_at	NM_016341	NM_016341	51196	-0,68	3,83E-04
ANTXR2	228573_at	BE673665	NM_058172	118429	-0,68	3,75E-03
MGC48625	1569039_s_at	BC029855	NM_182609	342926	-0,68	2,30E-04
MGC47869	229888_at	AA861435	NM_175874	144608	-0,68	3,57E-03
ZNF197	233070_at	AL117657	NM_006991	10168	-0,68	1,50E-04
DYRK2	202969_at	AI216690	NM_003583	8445	-0,68	3,24E-03
			NM_006482			
LOC285513	1556697_at	AI819722	NM_198281	285513	-0,67	1,21E-05
CRYZL1	219767_s_at	NM_005111	NM_005111	9946	-0,67	6,15E-03
			NM_145311			
			NM_145858			
AA935461	242579_at	AA935461	---	---	-0,67	3,50E-04
FLJ30990	1554588_a_at	BC033795	NM_152517	150737	-0,67	7,72E-03
RIPK5	229017_s_at	N31717	NM_015375	25778	-0,67	5,71E-03
			NM_199462			
N63920	226179_at	N63920	---	---	-0,67	9,08E-03
NM_022335	206936_x_at	NM_022335	---	---	-0,67	1,76E-04
SLC25A12	203340_s_at	NM_003705	NM_003705	8604	-0,67	6,85E-03
MED28	218438_s_at	NM_025205	NM_025205	80306	-0,67	1,38E-03
RAD52	236042_at	AI700506	NM_002879	5893	-0,67	1,28E-04
			NM_134422			
			NM_134423			
			NM_134424			
EPHA8	231796_at	AL035703	NM_00100694	2046	-0,67	5,79E-03
			3			
			NM_020526			
DSU	219648_at	NM_018000	NM_018000	55686	-0,67	3,20E-04
AA843541	229710_at	AA843541	---	---	-0,67	9,95E-04
AA461190	244294_at	AA461190	---	---	-0,67	9,45E-03
JAM2	219213_at	NM_021219	NM_021219	58494	-0,66	1,52E-03
CDK6	224847_at	AW051349	NM_001259	1021	-0,66	3,40E-03
MCM3APAS	1560542_at	BC016306	---	114044	-0,66	9,71E-03
LOC157657	244569_at	N92755	NM_177965	157657	-0,66	1,12E-04
LOC286334	226590_at	AA910497	---	286334	-0,66	5,51E-03
C3orf6	225331_at	BF941088	NM_174908	152137	-0,66	4,75E-03
			NM_178335			
KIAA1579	231851_at	AL359613	NM_018211	55225	-0,66	4,44E-03
KIAA0241	212474_at	D87682	NM_015060	23080	-0,66	2,52E-03
TFAP2B	214451_at	NM_003221	NM_003221	7021	-0,66	6,69E-04
AI218542	236089_at	AI218542	---	---	-0,66	8,36E-03
EEF2K	225546_at	W68180	NM_013302	29904	-0,66	1,99E-03
KIAA0999	204157_s_at	NM_025164	NM_025164	23387	-0,65	3,68E-05
FXR1	201637_s_at	NM_005087	NM_005087	8087	-0,65	8,08E-03
AA406435	230747_s_at	AA406435	---	---	-0,65	6,70E-03
ZNF626	235687_at	AA908777	NM_145297	199777	-0,65	5,29E-03
KIAA0582	212675_s_at	AB011154	NM_015147	23177	-0,65	7,85E-03
DTNA	227084_at	AW339310	NM_001390	1837	-0,65	3,98E-03
			NM_001391			
			NM_001392			

ES 2 689 703 T3

			NM_032975			
			NM_032978			
			NM_032979			
			NM_032980			
			NM_032981			
C9orf109	229059_at	AI765785	XM_379665	286333	-0,65	1,91E-03
TBC1D12	1557609_s_at	AW188458	XM_051081	23232	-0,65	4,03E-03
LIN7C	223350_x_at	N63709	NM_018362	55327	-0,65	3,22E-03
PIK3R2	1568629_s_at	BC033311	NM_005027	5296	-0,65	7,91E-05
AU151635	232111_at	AU151635	---	---	-0,65	6,09E-04
NM_018678	220494_s_at	NM_018678	---	---	-0,65	4,32E-03
FAM8A1	203420_at	NM_016255	NM_016255	51439	-0,65	8,87E-03
AL136588	223614_at	AL136588	---	---	-0,65	3,95E-04
KIAA0179	212846_at	AA811192	NM_015056	23076	-0,65	7,52E-03
BF509796	229318_at	BF509796	---	---	-0,65	2,51E-03
SEC31L1	200945_s_at	NM_014933	NM_014933	22872	-0,65	8,63E-04
			NM_016211			
KIAA0711	204301_at	NM_014867	NM_014867	9920	-0,65	1,44E-03
AW025141	228400_at	AW025141	---	---	-0,64	6,23E-03
SERP1	235475_at	AI580135	NM_014445	27230	-0,64	8,89E-03
C2orf32	226751_at	AW193693	NM_015463	25927	-0,64	6,94E-04
KIAA1935	228336_at	AW511595	XM_087672	114825	-0,64	2,59E-03
PDE4D	228962_at	BF507941	NM_006203	5144	-0,64	2,48E-03
CDC14B	221556_at	BF792631	NM_003671	8555	-0,64	2,02E-03
			NM_033331			
			NM_033332			
FANCF	218689_at	NM_022725	NM_022725	2188	-0,64	5,25E-03
BCAR3	204032_at	NM_003567	NM_003567	8412	-0,64	3,94E-03
UBE2D3	200667_at	BF448062	NM_003340	7323	-0,64	2,05E-03
			NM_181886			
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NM_181893			
MGC29463	238115_at	T03492	NM_152686	202052	-0,64	4,51E-03
AFFX-BioDn-5A	FFX-BioDn-5_a	AFFX-BioDn-5	---	---	-0,64	1,45E-03
TPD52	201690_s_at	AA524023	NM_005079	7163	-0,64	8,25E-04
HPSE	222881_at	AF155510	NM_006665	10855	-0,64	2,12E-03
MAN1A2	217920_at	H97940	NM_006699	10905	-0,64	2,61E-03
HRMT1L1	221564_at	AL570294	NM_001535	3275	-0,64	5,66E-03
			NM_206962			
C22orf9	227144_at	AA476916	NM_001009880	23313	-0,63	8,11E-03
			NM_015264			
RGS12	1555022_at	AF464736	NM_002926	6002	-0,63	3,89E-05
			NM_198227			
			NM_198229			
			NM_198230			
			NM_198430			
			NM_198432			
			NM_198587			
FFX-r2-Ec-bioD	FX-r2-Ec-bioD-5	AFFX-r2-Ec-bioD-5	---	---	-0,63	3,52E-03
AI766065	224647_at	AI766065	---	---	-0,63	4,41E-04
TDRD3	1569069_s_at	BC020604	NM_030794	81550	-0,63	4,16E-03
SOS1	227426_at	AV702692	NM_005633	6654	-0,63	3,92E-03

ES 2 689 703 T3

SMAD2	203077_s_at	NM_005901	NM_00100365 2	4087	-0,63	7,24E-03
MED28	228992_at	BF064162	NM_005901			
BICD1	1556051_a_at	CA777994	NM_025205	80306	-0,63	2,06E-05
			NM_00100339	636	-0,63	6,24E-04
			8			
			NM_001714			
GOLPH3L	218361_at	NM_018178	NM_018178	55204	-0,63	9,58E-04
MBNL1	201152_s_at	N31913	NM_021038	4154	-0,63	4,11E-05
			NM_207292			
			NM_207293			
			NM_207294			
			NM_207295			
			NM_207296			
			NM_207297			
LZTFL1	222632_s_at	AA843132	NM_020347	54585	-0,63	4,52E-04
RUFY1	233380_s_at	AA429145	NM_025158	80230	-0,63	8,27E-04
RBM18	238963_at	BG106093	NM_033117	92400	-0,63	1,19E-03
UBXD1	220757_s_at	NM_025241	NM_025241	80700	-0,63	9,92E-04
NCAM1	227394_at	W94001	NM_000615	4684	-0,63	2,48E-03
			NM_181351			
C14orf4	223474_at	AI932310	NM_024496	64207	-0,63	3,20E-04
PEX11A	205161_s_at	NM_003847	NM_003847	8800	-0,63	1,24E-04
BF692729	1558044_s_at	BF692729	---	---	-0,62	1,31E-03
AW290940	226773_at	AW290940	---	---	-0,62	4,57E-04
DDHD1	225970_at	AA029818	NM_030637	80821	-0,62	2,27E-03
C9orf10OS	239391_at	AA195528	NM_198841	158293	-0,62	7,21E-03
AI694544	235215_at	AI694544	---	---	-0,62	3,54E-03
TMEM45A	219410_at	NM_018004	NM_018004	55076	-0,62	1,39E-03
CXorf38	228700_at	AA063608	NM_144970	159013	-0,62	5,45E-03
LOC57149	203897_at	BE963444	NM_020424	57149	-0,62	2,10E-03
LOC54499	208715_at	BF002031	NM_019026	54499	-0,62	1,19E-03
SCAMP1	212425_at	AL049223	NM_004866	9522	-0,62	8,35E-03
			NM_052822			
IMPACT	222698_s_at	AF208694	NM_018439	55364	-0,62	7,05E-03
TRPM1	243741_at	AW665484	NM_002420	4308	-0,62	7,71E-03
TMAP1	227326_at	BE966768	NM_00100852	439921	-0,62	4,82E-03
			8			
			NM_00100852			
			9			
			NM_198530			
NLK	222589_at	AI967933	NM_016231	51701	-0,62	9,48E-03
KIAA0280	36612_at	D87470	XM_370635	23201	-0,62	7,88E-03
SYNCRIP	236146_at	BF593158	NM_006372	10492	-0,62	2,46E-04
NAV1	224772_at	AB032977	NM_020443	89796	-0,61	1,83E-03
AI216347	242087_x_at	AI216347	---	---	-0,61	7,98E-03
RTN4R	228550_at	NM_023004	NM_023004	65078	-0,61	2,34E-03
TLOC1	225352_at	AI763287	NM_003262	7095	-0,61	1,21E-03
AL137344	232390_at	AL137344	---	---	-0,61	8,75E-06
COMMD2	226910_at	AW008502	NM_016094	51122	-0,61	9,68E-03
LOC57228	209679_s_at	BC003379	NM_020467	57228	-0,61	9,52E-03
AW873330	225674_at	AW873330	---	---	-0,61	7,46E-03
RAD50	208393_s_at	NM_005732	NM_005732	10111	-0,61	2,10E-06
			NM_133482			
ZFY	230760_at	BF592062	NM_003411	7544	-0,61	8,36E-05
C21orf33	202217_at	NM_004649	NM_004649	8209	-0,61	9,07E-03
			NM_198155			
PAM	212958_x_at	AI022882	NM_000919	5066	-0,61	1,54E-03
			NM_138766			
			NM_138821			

ES 2 689 703 T3

PDCD2	204025_s_at	NM_002598	NM_138822 NM_002598 NM_144781	5134	-0,61	4,97E-03
AHI1	221569_at	AL136797	NM_017651	54806	-0,61	2,59E-03
TPD52	201689_s_at	BE974098	NM_005079	7163	-0,61	5,72E-03
AV721564	227620_at	AV721564	---	---	-0,61	9,48E-03
ZNF540	229328_at	T90358	NM_152606	163255	-0,61	8,93E-03
DKFZp761D19			XM_375608	400692		
GAB1	226002_at	AK022142	NM_002039 NM_207123	2549	-0,60	4,32E-04
R02709	242149_at	R02709	---	---	-0,60	8,54E-03
DCX	204850_s_at	NM_000555	NM_000555 NM_178151 NM_178152 NM_178153	1641	-0,60	4,23E-03
PPARG	208510_s_at	NM_015869	NM_005037 NM_01S869 NM_138711 NM_138712	5468	-0,60	1,82E-03
PCYOX1	225274_at	BF247054	NM_016297	51449	-0,60	6,39E-03
M17S2	201384_s_at	NM_005899	NM_005899 NM_031858 NM_031862	4077	-0,60	9,84E-04
KBTBD7	223412_at	AL136782	NM_032138	84078	-0,60	3,40E-03
AK094546	1556205_at	AK094546	---	---	-0,60	8,73E-03
GAJ	223700_at	AY028916	NM_032117	84057	-0,60	2,55E-03
BACE1	222462_s_at	AI653425	NM_012104 NM_138971 NM_138972 NM_138973	23621	-0,60	5,62E-04
RAB26	50965_at	AI690165	NM_014353	25837	-0,60	2,77E-03
AGPAT4	228667_at	AI733330	NM_020133	56895	-0,60	7,61E-03
LOC134147	227522_at	AA209487	NM_138809	134147	-0,60	9,04E-03
MRPS30	222275_at	AI039469	NM_016640	10884	-0,60	1,13E-03
AV699883	230782_at	AV699883	---	---	-0,60	1,72E-03
DJ12208.2	227797_x_at	AI652464	NM_020466	57226	-0,60	5,64E-03
ULK2	204062_s_at	BG526973	NM_014683	9706	-0,60	2,35E-03
AL552727	244080_at	AL552727	---	---	-0,60	4,85E-03
DDEF1	224791_at	AW513835	NM_018482	50807	-0,60	1,40E-04
TIAM1	213135_at	U90902	NM_003253	7074	-0,60	7,17E-03
HOXC6	206858_s_at	NM_004503	NM_004503 NM_153693	3223	-0,60	3,44E-03
POFUT2	209578_s_at	BC000626	NM_015227 NM_133634 NM_133635	23275	-0,60	1,08E-03
ZFP36L2	201368_at	U07802	NM_006887	678	-0,60	1,13E-03
BC016176	1561529_at	BC016176	---	---	-0,60	5,78E-03
CNOT8	202163_s_at	NM_004779	NM_004779	9337	-0,60	7,52E-03
LOC124220	228058_at	AI559190	NM_145252	124220	-0,59	4,64E-03
ZC3HDC1	218543_s_at	NM_022750	NM_022750	64761	-0,59	7,38E-03
KIAA1126	225598_at	AB032952	XM_050325	57210	-0,59	1,48E-03
W26593	213048_s_at	W26593	---	---	-0,59	5,40E-03
FLJ20534	218646_at	NM_017867	NM_017867	54969	-0,59	1,34E-04
LOC126167	1560779_a_at	AK092139	XM_058997	126167	-0,59	2,41E-03
AA449838	241411_at	AA449838	---	---	-0,59	3,04E-03
FLJ38451	235052_at	AV758821	NM_175872	126375	-0,59	3,59E-03
MAP2	225540_at	BF342661	NM_002374 NM_031845 NM_031846	4133	-0,59	2,90E-03

CPD	201941_at	BE349147	NM_031847			
RP42	218583_s_at	NM_020640	NM_001304	1362	-0,59	3,19E-04
RBMX	213762_x_at	AI452524	NM_020640	54165	-0,59	3,27E-06
LRIG2	238653_at	BF967997	NM_002139	27316	-0,59	2,27E-04
BF431965	213567_at	BF431965	NM_014813	9860	-0,59	4,27E-03
TRIM23	204732_s_at	AI021991	---	---	-0,59	7,58E-03
			NM_001656	373	-0,59	9,14E-03
			NM_033227			
			NM_033228			
C9orf67	224506_s_at	BC006362	NM_032728	84814	-0,58	1,45E-03
AB002295	204307_at	AB002295	---	---	-0,58	2,09E-03
KIAA1546	227624_at	AB046766	XM_042301	57667	-0,58	4,89E-07
PPM1A	227728_at	AA886888	NM_021003	5494	-0,58	7,82E-03
			NM_177951			
			NM_177952			
ZNF148	239024_at	AI478771	NM_021964	7707	-0,58	2,84E-04
MARCH-I	235385_at	AI935334	NM_017923	55016	-0,58	6,65E-03
AB033091	225295_at	AB033091	---	---	-0,58	3,88E-03
IRF2BP2	224570_s_at	AA166696	NM_182972	359948	-0,58	4,89E-04
D31763	231864_at	D31763	---	---	-0,58	1,86E-03
LOC151146	227604_at	BG292251	---	151146	-0,58	8,00E-03
UBE2D3	229355_at	AU150386	NM_003340	7323	-0,58	6,55E-06
			NM_181886			
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NM_181893			
CUTL1	214743_at	BE046521	NM_001913	1523	-0,58	3,01E-04
			NM_181500			
			NM_181552			
LOC152485	228046_at	AA741243	NM_178835	152485	-0,58	8,28E-03
CLPX	223507_at	AL136922	NM_006660	10845	-0,58	6,77E-03
MAPKAP1	222426_at	BG499947	NM_00100661	79109	-0,58	3,51E-03
			7			
			NM_00100661			
			8			
			NM_00100661			
			9			
			NM_00100662			
			0			
			NM_00100662			
			1			
BRUNOL4	223654_s_at	BC004167	NM_024117			
ARFIP1	218230_at	AL044651	NM_020180	56853	-0,58	2,18E-03
SEC5L1	226270_at	AL562686	NM_014447	27236	-0,58	3,04E-03
			NM_018303	55770	-0,58	8,15E-06

Tabla 11. Expresión génica incrementada en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular SiMa en estado diferenciado utilizando análisis de micromatrices

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
OKFZp667 G211	214030_at	BE501352	XM_376254	13154 4	5,13	6,09E-05
BF476109	1556300_s_at	BF476109	---	---	5,09	2,02E-05
H99792	225710_at	H99792	---	---	4,92	2,07E-08
SLITRK5	214930_at	AW449813	NM_015567	26050	4,63	3,87E-06

ES 2 689 703 T3

DAZ1	207909_x_at	U21663	NM_00100537 5	1617	4,60	2,31E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4				57135		
			NM_00100578 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
RGS5	218353_at	NM_025226	NM_003617	8490	4,54	1,63E-03
SIM1	206876_at	AL121948	NM_005068	6492	4,53	2,11E-04
KCTD12	212192_at	AI718937	NM_138444	11520	4,51	4,17E-05
				7		
RGS5	1555725_a_at	AF493929	NM_003617	8490	4,49	3,25E-05
FLJ39639	243547_at	BE176531	XM_370932	28387	4,37	2,87E-03
				6		
DAZ1	208282_x_at	NM_020363	NM_00100537 5	1617	4,32	3,54E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4				57135		
			NM_00100578 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
PCDH9	219737_s_at	AI524125	NM_020403	5101	4,30	1,19E-03
			NM_203487			
RGS5	209071_s_at	AF159570	NM_003617	8490	4,10	1,32E-04
RGS5	209070_s_at	AI183997	NM_003617	8490	4,07	1,28E-04
DKFZp761	232313_at	AL122107	XM_044062	92293	4,01	2,30E-06
O201						
MAB21L2	210302_s_at	AF262032	NM_006439	10586	3,99	2,81E-04
ALCAM	240655_at	BE502785	NM_001627	214	3,98	3,07E-05
DAZ1	207912_s_at	NM_004081	NM_00100537 5	1617	3,96	1,79E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4				57135		
			NM_00100578 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
GRP	206326_at	NM_002091	NM_002091	2922	3,94	1,52E-05
PDZRN3	233442_at	AU147500	NM_015009	23024	3,92	2,66E-03
MAB21L1	206163_at	NM_005584	NM_005584	4081	3,91	6,73E-06
TIMP3	201149_s_at	U67195	NM_000362	7078	3,84	5,07E-03
TIMP3	201147_s_at	BF347089	NM_000362	7078	3,61	7,18E-03
PDZRN3	212915_at	AL569804	NM_015009	23024	3,58	7,05E-03
LOC44073	221697_at	AF276659	NM_001004343	44073	3,54	3,13E-03
8				8		
GNG11	204115_at	NM_004126	NM_004126	2791	3,52	6,00E-04
PLK2	201939_at	NM_006622	NM_006622	10769	3,49	8,48E-05
CXCR4	217028_at	AJ224869	NM_00100854 0	7852	3,49	2,53E-05
			NM_003467			
DLL1	224215_s_at	AF196571	NM_005618	28514	3,40	1,98E-05
LOC34010	1557765_at	BC039509	XM_379322	34010	3,33	4,27E-04
9				9		
CCDC3	223316_at	AL136562	NM_031455	83643	3,32	3,45E-05
P2RY5	218589_at	NM_005767	NM_005767	10161	3,27	1,73E-03
QKI	212636_at	AL031781	NM_006775	9444	3,23	3,28E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_206853			
			NM_206854			
			NM_206855			
DAZ1	208281_x_at	NM_020364	NM_00100537 5	1617	3,19	3,17E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4				57135		
			NM_00100578 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
PCDH9	238919_at	R49295	NM_020403	5101	3,15	4,07E-03
			NM_203487			
AI242023	240458_at	AI242023	---	---	3,11	1,45E-04
SLC4A11	223748_at	AF336127	NM_032034	83959	3,10	1,45E-03
RPL10A	242188_at	AI743332	NM_007104	4736	3,09	2,35E-03
POLQ	207746_at	NM_014125	NM_006596	10721	3,07	7,89E-03
MGC2410	232568_at	AU145658	---	15829	3,07	8,38E-03
3				5		
SPAG6	210033_s_at	AF079363	NM_012443	9576	3,06	1,67E-04
			NM_172242			
RNF182	230720_at	AI884906	NM_152737	22168	3,05	5,00E-05
				7		
LOC44092	235147_at	R56118	XM_498917	44092	3,04	2,36E-03
8				8		
AL049260	216518_at	AL049260	---	---	3,01	8,57E-03
ITGA6	201656_at	NM_000210	NM_000210	3655	3,00	2,58E-04
KCTD12	212188_at	AA551075	NM_138444	11520	2,98	5,67E-04
				7		
CXCR4	211919_s_at	AF348491	NM_00100854 0	7852	2,98	7,80E-03
			NM_003467			
NEGR1	243357_at	AA115106	NM_173808	25719	2,98	6,99E-05
				4		
MGC3403	1569112_at	AW020413	NM_152697	20496	2,94	4,27E-04
2				2		
PTPRG	1569323_at	BU853579	NM_002841	5793	2,92	3,90E-03
CXCR4	209201_x_at	L01639	NM_00100854 0	7852	2,90	6,72E-03
			NM_003467			
CBFA2T2	233243_at	AU144676	NM_005093	9139	2,88	2,26E-03
			NM_175864			
DAZ1	216922_x_at	AF271088	NM_00100537 5	1617	2,88	7,32E-03
DAZ3				57054		
DAZ2			NM_00100578 5	57055		
DAZ4				57135		
			NM_00100578 6			
			NM_004081			
			NM_020363			
			NM_020364			
			NM_020420			
CGNL1	225817_at	AB051536	NM_032866	84952	2,86	3,83E-03
FBXL7	241457_at	AI821935	NM_012304	23194	2,84	1,42E-03
TIMP3	201148_s_at	AW338933	NM_000362	7078	2,79	6,12E-03
BNC2	233036_at	AU146418	NM_017637	54796	2,78	9,59E-03
EDG2	204036_at	AW269335	NM_001401	1902	2,73	5,34E-03
			NM_057159			
BE674460	237849_at	BE674460	---	---	2,73	7,55E-03
MAB21L2	210303_at	AF262032	NM_006439	10586	2,69	1,03E-03
PDE5A	227088_at	BF221547	NM_001083	8654	2,65	4,68E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_033430			
			NM_033431			
			NM_033437			
BC043430	1558714_at	BC043430	---	---	2,65	4,03E-03
AA699443	241838_at	AA699443	---	---	2,64	9,15E-04
AL049337	215768_at	AL049337	---	---	2,62	9,86E-03
RASEF	1553986_at	BC023566	NM_152573	15815	2,61	4,66E-04
			8			
PTGFRN	224937_at	BF311866	NM_020440	5738	2,61	1,34E-06
AK025909	233814_at	AK025909	---	---	2,60	1,65E-03
CPVL	208146_s_at	NM_031311	NM_019029	54504	2,59	5,34E-04
			NM_031311			
TRIM36	219736_at	NM_018700	NM_018700	55521	2,59	6,52E-04
AI377043	230722_at	AI377043	---	---	2,58	7,06E-03
SLAC2-B	214734_at	AB014524	NM_015065	23086	2,58	1,44E-04
AI077566	243994_at	AI077566	---	---	2,57	2,62E-03
EFNA5	1559360_at	AL833045	NM_001962	1946	2,53	7,18E-04
BE464799	214036_at	BE464799	---	---	2,53	1,16E-03
MSN	200600_at	NM_002444	NM_002444	4478	2,52	1,01E-06
RAD23B	214422_at	T93562	NM_002874	5887	2,52	2,47E-03
TULP4	232372_at	AL157491	NM_00100746 6	56995	2,51	4,65E-03
			NM_020245			
SCN7A	239984_at	AI333640	NM_002976	6332	2,51	8,48E-03
ITGA6	215177_s_at	AV733308	NM_000210	3655	2,50	6,62E-04
NFIB	211466_at	U70862	NM_005596	4781	2,50	1,09E-05
EML1	204797_s_at	NM_004434	NM_00100870 7	2009	2,50	1,46E-03
			NM_004434			
BNC2	220272_at	NM_017637	NM_017637	54796	2,49	3,27E-04
BE348318	236167_at	BE348318	---	---	2,49	5,60E-03
AW96318	241700_at	AW963185	---	---	2,47	1,92E-04
5						
ENC1	201340_s_at	AF010314	NM_003633	8507	2,47	8,66E-03
RBMS3	233608_at	AU146417	NM_00100379 2	27303	2,44	5,92E-03
			NM_00100379 3			
			NM_014483			
DACH1	1567101_at	AF147347	NM_004392	1602	2,42	9,28E-03
			NM_080759			
			NM_080760			
AA654772	241391_at	AA654772	---	---	2,41	7,59E-03
BG400570	1565689_at	BG400570	---	---	2,41	6,41E-03
PIAS1	222371_at	AI732802	NM_016166	8554	2,40	3,91E-03
EDD	232264_at	AK022204	NM_015902	51366	2,40	1,41E-03
NOL7	242143_at	BE674964	NM_016167	51406	2,39	4,55E-03
U80755	243820_at	U80755	---	---	2,39	2,59E-03
ASCL1	209985_s_at	BE797438	NM_004316	429	2,37	8,08E-03
AW05218	239942_at	AW052186	---	---	2,37	9,33E-03
6						
THRAP2	238883_at	AW975051	NM_015335	23389	2,37	9,49E-03
ROBO2	226766_at	AB046788	XM_031246	6092	2,36	7,82E-03
INA	230859_at	BF111276	NM_032727	9118	2,36	2,50E-05
CHC1L	230292_at	AA868809	NM_001268	1102	2,36	6,84E-03
CHRNA7	210123_s_at	U62436	NM_000746	1139	2,33	2,81E-03
CHRFAM7			NM_139320	89832		
A						
ARID1B	240008_at	AI955765	NM_148911			
			NM_017519	57492	2,32	7,87E-03
			NM_020732			
			NM_175863			
SSH2	230970_at	AA975530	NM_033389	85464	2,29	6,93E-03
BE670307	227955_s_at	BE670307	---	---	2,28	5,03E-04

ES 2 689 703 T3

EB-1	227441_s_at	AW005572	NM_020140 NM_152788 NM_181670	56899	2,28	6,31E-03
GNAI1	209576_at	AL049933	NM_002069	2770	2,27	8,26E-06
PIAS1	1559156_at	BC036508	NM_016166	8554	2,27	5,54E-03
CUGBP2	202158_s_at	NM_006561	NM_006561	10659	2,26	8,77E-03
LOC44115 7	1558795_at	AL833240	XM_499037	44115 7	2,25	6,17E-05
KIAA0265	238000_at	BF195340	NM_014997	23008	2,23	9,27E-03
SOX2	213721_at	L07335	NM_003106	6657	2,23	1,49E-03
ENC1	201341_at	NM_003633	NM_003633	8507	2,23	8,95E-03
PLXNA2	222159_at	AK023058	NM_025179	5362	2,21	5,06E-04
GNAI1	227692_at	AU153866	NM_002069	2770	2,21	2,84E-06
NRXN1	209915_s_at	AB035356	NM_004801 NM_138735	9378	2,21	3,08E-03
OLFML3	218162_at	NM_020190	NM_020190	56944	2,19	8,33E-04
CBLB	233614_at	AU145361	NM_170662	868	2,19	8,28E-03
CG012	215318_at	AL049782	---	11682 9	2,19	4,30E-03
SESN3	235150_at	AW376955	NM_144665	14368 6	2,18	1,58E-03
SOX2	228038_at	AI669815	NM_003106	6657	2,18	1,19E-03
C1orf43	1555225_at	BC008306	NM_015449 NM_138740	25912	2,17	1,21E-05
SPAG6	210032_s_at	AI651156	NM_012443 NM_172242	9576	2,16	1,98E-03
ASCL1	209987_s_at	BC002341	NM_004316	429	2,15	4,18E-03
RASEF	235144_at	AA826324	NM_152573	15815 8	2,14	2,84E-04
OSBPL3	209626_s_at	AI202969	NM_015550 NM_145320 NM_145321 NM_145322 NM_145323 NM_145324	26031	2,14	4,14E-04
HGF	210997_at	M77227	NM_000601 NM_00101093 1 NM_00101093 2 NM_00101093 3 NM_00101093 4	3082	2,13	3,66E-03
SLC7A2	225516_at	AA876372	NM_00100853 9 NM_003046	6542	2,13	9,92E-04
EDG3	228176_at	AA534817	NM_005226	1903	2,13	4,95E-04
EFNB2	202668_at	BF001670	NM_004093	1948	2,13	5,45E-03
BF513404	239469_at	BF513404	---	---	2,12	1,51E-03
LRRC16	219573_at	NM_017640	NM_017640	55604	2,11	8,45E-04
ARHGAP2 0	228368_at	AI936560	NM_020809	57569	2,11	3,27E-04
ZFHX4	219779_at	NM_024721	NM_024721	79776	2,10	3,71E-04
AW95379 4	230968_at	AW953794	---	---	2,09	6,43E-03
LOC23117	238341_at	BF677084	XM_290670	23117	2,09	3,42E-03
AK022040	233445_at	AK022040	---	---	2,08	3,85E-03
TOP1	238988_at	AI863675	NM_003286	7150	2,08	5,99E-03
ALCAM	1569362_at	BC041127	NM_001627	214	2,07	5,59E-04
XPO1	1560386_at	BC041658	NM_003400	7514	2,07	4,79E-04
SPAG9	1554543_at	BC007524	NM_003971 NM_172345	9043	2,07	1,57E-04
RAF1	244373_at	AI740571	NM_002880	5894	2,07	9,16E-04
GFRA2	205721_at	U97145	NM_001495	2675	2,06	4,42E-03

ES 2 689 703 T3

CXCL12	209687_at	U19495	NM_000609	6387	2,04	2,46E-04
MGC3403 2	235763_at	AA001450	NM_199168 NM_152697	20496 2	2,04	3,86E-03
AI671885	230494_at	AI671885	XM_379123	40099 9	2,01	7,81E-03
GPR125	1569542_at	BC020926	NM_145290	16664 7	1,99	8,83E-03
BF057073	231310_at	BF057073	---	---	1,97	9,44E-04
PGAP1	233479_at	AU148008	NM_024989	80055	1,95	7,98E-03
LOC44026 5	1569476_at	BC033224	XM_378506	44026 5	1,95	1,83E-03
TFPI2	209278_s_at	L27624	NM_006528	7980	1,95	3,05E-03
KIAA1713	233536_at	AI202664	XM_290811	80816	1,94	5,70E-05
H37807	241060_x_at	H37807	---	---	1,94	5,73E-03
AA417878	243463_s_at	AA417878	---	---	1,93	4,35E-04
ZNF537	223392_s_at	BF510588	NM_020856	57616	1,93	5,36E-04
PTPRG	204944_at	NM_002841	NM_002841	5793	1,93	4,06E-07
MAOA	204388_s_at	NM_000240	NM_000240	4128	1,92	2,34E-03
TFPI2	209277_at	AL574096	NM_006528	7980	1,91	9,47E-03
ASCL1	213768_s_at	AW950513	NM_004316	429	1,91	9,81E-03
GFM1	232295_at	AK000780	NM_024996	85476	1,90	3,91E-03
AF131796	231916_at	AF131796	---	---	1,90	9,65E-06
SLCO3A1	219229_at	NM_013272	NM_013272	28232	1,89	6,98E-07
FLJ34154	1561130_at	AF086006	NM_173813	28345 0	1,89	4,96E-03
MSI2	239232_at	AA521410	NM_138962	12454 0	1,87	7,62E-03
MAOA	212741_at	AA923354	NM_170721 NM_000240	4128	1,87	3,66E-04
PRKCBP1	207130_at	NM_018634	NM_012408 NM_183047 NM_183048	23613	1,87	5,52E-03
PPP3R1	1565811_at	BC033945	NM_000945	5534	1,86	2,12E-03
CUGBP2	202157_s_at	U69546	NM_006561	10659	1,86	4,76E-03
AW02489 0	229942_at	AW024890	---	---	1,86	2,32E-04
NOS1	239132_at	BE299830	NM_000620	4842	1,85	4,05E-05
AI733341	240911_at	AI733341	---	---	1,83	2,70E-06
MAOA	204389_at	NM_000240	NM_000240	4128	1,83	5,67E-03
A1919519	235092_at	AI919519	---	---	1,83	1,25E-03
HGF	210755_at	U46010	NM_000601	3082	1,83	4,16E-03
			NM_00101093 1 NM_00101093 2 NM_00101093 3 NM_00101093 4			
EB-1	227439_at	AI806510	NM_020140 NM_152788 NM_181670	56899	1,83	4,67E-03
NRG3	229233_at	H05240	NM_001010848	10718	1,81	5,10E-03
IREB2	1563130_a_at	AL109710	NM_004136	3658	1,81	4,45E-05
ASCL1	209988_s_at	BC001638	NM_004316	429	1,81	9,72E-03
BF509781	238970_at	BF509781	---	---	1,81	5,78E-03
AI651786	237945_at	AI651786	---	---	1,80	9,11E-04
AW20653 6	243470_at	AW206536	---	---	1,79	9,87E-03
CAS1	239545_at	AI335004	NM_022900	64921	1,78	2,35E-04
FLJ11259	218627_at	NM_018370	NM_018370	55332	1,78	3,98E-03
TPBG	203476_at	NM_006670	NM_006670	7162	1,78	3,60E-03
IGSF4	244345_at	AI627453	NM_014333	23705	1,78	1,19E-03

ES 2 689 703 T3

LOC44115 7	1558796_a_at	AL833240	XM_499037	44115 7	1,78	6,11E-04
C10orf18	216211_at	AL049233	XM_374765	54906	1,78	5,69E-03
TRIM68	219405_at	NM_018073	NM_018073	55128	1,77	9,35E-03
NM_01861 6	220702_at	NM_018616	---	---	1,76	8,03E-03
SF1	210172_at	D26121	NM_004630 NM_201995 NM_201997 NM_201998	7536	1,76	6,92E-03
AI140305	228849_at	AI140305	---	---	1,73	4,71E-03
BE856929	239349_at	BE856929	---	---	1,73	8,07E-03
CDC23	223651_x_at	BC005258	NM_004661	8697	1,73	3,36E-03
BG542611	1556277_a_at	BG542611	---	---	1,73	3,65E-03
LOC25398 1	226430_at	AI394438	---	25398 1	1,72	2,43E-04
FNDC5	226096_at	AI760132	NM_153756	25299 5	1,72	6,85E-03
VRK1	241737_x_at	T89693	NM_003384	7443	1,72	8,45E-04
PDE8B	243590_at	AA860184	NM_003719	8622	1,71	3,11E-03
SESN3	225123_at	BE883841	NM_144665	14368 6	1,71	4,09E-04
MAK3	244341_at	AA827728	NM_025146	80218	1,71	1,72E-03
FLJ35740	244297_at	AI806762	NM_147195	25365 0	1,70	9,74E-03
THOC3	236149_at	AA502999	NM_032361	84321	1,69	6,40E-03
INSM1	206502_s_at	NM_002196	NM_002196	3642	1,69	4,60E-03
SESN3	242899_at	N78412	NM_144665	14368 6	1,69	1,78E-03
PTGFRN	224950_at	BF476250	NM_020440	5738	1,69	3,70E-03
HIC2	1559600_at	AL831831	NM_015094	23119	1,69	1,03E-03
AI023295	237600_at	AI023295	---	---	1,67	3,22E-03
GLMN	236924_at	AA814383	NM_007070 NM_053274	11146	1,67	2,06E-03
N50083	229110_at	N50083	---	---	1,67	1,06E-03
BG542645	242793_at	BG542645	---	---	1,66	9,11E-03
FLJ37266	228973_at	AA057445	NM_175892	28322 5	1,65	3,82E-03
AK022258	233286_at	AK022258	---	---	1,64	4,08E-03
FNDC5	226097_at	AI686488	NM_153756	25299 5	1,64	5,89E-03
JJAZ1	1566191_at	AI907884	NM_015355	23512	1,63	6,56E-03
CNTN1	227202_at	AW072790	NM_001843 NM_175038	1272	1,63	3,78E-03
MYLIP	228098_s_at	AW292746	NM_013262	29116	1,63	2,87E-04
NM_02497 2	220898_at	NM_024972	---	---	1,63	5,35E-03
AL036662	235984_at	AL036662	---	---	1,62	1,89E-04
TIA1	1558922_at	CA776505	NM_022037 NM_022173	7072	1,62	3,98E-03
MYO6	203216_s_at	NM_004999	NM_004999	4646	1,62	5,80E-04
ZNF537	223393_s_at	AL136805	NM_020856	57616	1,62	7,69E-04
DNAFTP6	244597_at	AA701247	NM_015535	26010	1,61	2,65E-03
PIP5K1A	235646_at	BF515595	NM_003557	8394	1,61	1,66E-03
ANAPC7	225521_at	AL137586	NM_016238	51434	1,61	5,35E-03
AF5Q31	232865_at	N59653	NM_014423	27125	1,60	2,42E-04
C2orf31	221245_s_at	NM_030804	---	81561	1,60	3,45E-03
FAM55C	243011_at	BF317081	NM_145037	91775	1,59	1,18E-03
LHFPL2	212658_at	N66633	NM_005779	10184	1,59	1,64E-03
PSCD3	243752_s_at	AI870144	NM_004227	9265	1,59	2,84E-03

ES 2 689 703 T3

LOC90701	235676_at	BF055352	NM_033280	90701	1,59	6,05E-03
SMAD4	1565703_at	AL832789	NM_005359	4089	1,59	3,91E-03
PITPNB	242074_at	AA833902	NM_012399	23760	1,58	1,84E-03
DKFZp761	1569603_at	BC020900	NM_032291	84251	1,57	3,47E-03
D221						
MINA	213189_at	BE966695	NM_032778	84864	1,57	9,86E-05
			NM_153182			
YEATS2	236462_at	AA742310	NM_018023	55689	1,57	6,12E-04
ARIH1	242431_at	AI656728	NM_005744	25820	1,56	7,68E-03
XPO1	235927_at	BE350122	NM_003400	7514	1,56	1,83E-05
SPON1	213994_s_at	AI885290	NM_006108	10418	1,55	3,33E-03
SIMP	238303_at	AW070371	NM_178862	20159	1,55	2,24E-03
			5			
KLF12	243089_at	AA551114	NM_007249	11278	1,55	7,90E-03
			NM_016285			
MAK3	231199_at	AA701676	NM_025146	80218	1,55	2,30E-03
JARID2	232835_at	AA533080	NM_004973	3720	1,55	2,53E-03
H93038	241574_s_at	H93038	---	---	1,54	2,24E-03
TGFBR1	236561_at	AV700621	NM_004612	7046	1,54	4,78E-03
PRSS12	213802_at	AI810767	NM_003619	8492	1,53	6,28E-03
PLCL2	213309_at	AL117515	NM_015184	23228	1,52	6,87E-03
PIAS1	1558418_at	BC017507	NM_016166	8554	1,52	2,09E-03
USP48	229812_at	BE645018	NM_032236	84196	1,51	3,09E-05
SPOCK	202363_at	AF231124	NM_004598	6695	1,51	5,55E-05
MLL3	244010_at	AI057455	NM_021230	58508	1,50	4,50E-03
			NM_170606			
STRA6	1569335_a_at	BC015881	NM_022369	64220	1,50	2,05E-03
UCHL1	1555834_at	AW974143	NM_004181	7345	1,50	5,86E-03
AK025064	215221_at	AK025064	---	---	1,49	5,96E-03
MINA	213188_s_at	AI823896	NM_032778	84864	1,48	4,75E-05
			NM_153182			
PSME4	237180_at	T97717	NM_014614	23198	1,48	3,52E-03
SLC4A11	233550_s_at	AL109976	NM_032034	83959	1,48	5,66E-03
H04482	243287_s_at	H04482	---	---	1,48	5,28E-03
REPS1	215201_at	AW166925	NM_031922	85021	1,48	5,00E-03
OAZIN	240231_at	AI742383	NM_015878	51582	1,47	6,87E-03
			NM_148174			
CBLB	227900_at	AV701750	NM_170662	868	1,47	7,93E-03
SLC17A6	220551_at	NM_020346	NM_020346	57084	1,47	4,11E-04
CUGBP2	220156_s_at	N36839	NM_006561	10659	1,47	2,41E-03
R76828	1558877_at	R76828	---	---	1,46	4,33E-04
C9orf102	1557164_a_at	BM683657	NM_020207	56959	1,46	2,47E-03
CLSTN2	219414_at	NM_022131	NM_022131	64084	1,46	5,74E-03
FAM19A4	242348_at	AA757457	NM_00100552 7	15164	1,45	2,73E-05
			7			
			NM_182522			
HTR2B	206638_at	NM_000867	NM_000867	3357	1,44	5,90E-03
AW19761	230787_at	AW197616	---	---	1,44	1,22E-03
6						
BC035170	1561079_at	BC035170	---	---	1,44	4,66E-03
CUGBP2	1557422_at	R49146	NM_006S61	10659	1,44	7,71E-03
LCRISP1	223475_at	AF142573	NM_031461	83690	1,44	3,45E-03
SNCAIP	219511_s_at	NM_005460	NM_005460	9627	1,44	9,60E-03
RNF34	236288_at	AW572402	NM_025126	80196	1,44	1,55E-03
			NM_194271			
ALCAM	201951_at	BF242905	NM_001627	214	1,44	1,25E-03
FGD6	1555137_a_at	BC013319	NM_018351	55785	1,43	8,61E-03
AI821477	235985_at	AI821477	---	---	1,43	8,29E-04
SRPK2	239811_at	BF954306	NM_182691	6733	1,43	2,17E-03
			NM_182692			

ES 2 689 703 T3

CNTN1	227209_at	AI091445	NM_001843	1272	1,43	6,48E-03
			NM_175038			
PDLIM5	213684_s_at	BF671400	NM_00101151 3	10611	1,43	4,72E-05
			NM_00101151 4			
			NM_00101151 5			
			NM_00101151 6			
			NM_006457			
FLJ11710	244646_at	AW972881	---	79904	1,43	6,04E-03
MAPRE2	1564733_at	BC013931	NM_014268	10982	1,43	4,15E-03
DST	1558019_at	BC020911	NM_001723	667	1,42	5,60E-03
			NM_015548			
			NM_020388			
			NM_183380			
SCC-112	241798_at	AI339930	NM_015200	23244	1,42	4,68E-03
SPON1	209436_at	AB018305	NM_006108	10418	1,41	1,28E-03
PPP3R1	241786_at	A1380514	NM_000945	5534	1,41	8,09E-03
ARID1B	1556818_at	BE671639	NM_017519	57492	1,40	1,56E-03
			NM_020732			
			NM_175863			
ZA20D1	238994_at	AW022496	NM_020205	56957	1,40	1,24E-03
HIAT1	242374_at	AA747563	NM_033055	64645	1,40	9,78E-04
ZNF503	227195_at	AA603467	NM_032772	84858	1,40	1,14E-04
SMARCC2	1561973_at	AL833124	NM_003075	6601	1,39	4,39E-03
			NM_139067			
ZNF215	220214_at	NM_013250	NM_013250	7762	1,39	5,26E-03
KIAA0318	238817_at	BF063412	NM_015347	23504	1,39	3,46E-03
RAP80	233596_at	AF113675	NM_016290	51720	1,38	8,59E-03
ACY1L2	225421_at	AI654133	NM_001010853	13529	1,37	9,04E-04
			3			
UBE1C	1556338_at	BM353142	NM_003968	9039	1,37	4,28E-03
			NM_198195			
			NM_198197			
RASEF	1553186_x_at	NM_152573	NM_152573	15815	1,37	6,41E-03
			8			
MDN1	1569484_s_at	AL603301	NM_014611	23195	1,37	1,48E-03
E2-230K	1554814_at	BC007822	NM_022066	63893	1,36	5,24E-03
ZFOC1	1558816_at	BC037793	NM_152437	14434	1,35	1,76E-03
			8			
CAPZA2	240146_at	AW418562	NM_006136	830	1,35	1,22E-03
DLEU2	215629_s_at	AA905286	NM_006021	8847	1,35	3,10E-03
CLASP2	1558759_s_at	AA310888	NM_015097	23122	1,34	2,92E-03
KIAA1545	1557539_at	BC008052	XM_495939	57666	1,34	1,63E-03
FLJ45645	243038_at	AW292769	NM_198557	37528	1,34	4,56E-03
			7			
MGC3403	1552782_at	AK091400	NM_152697	20496	1,34	1,91E-03
			2			
ELOVL7	227180_at	AW138767	XM_371740	79993	1,33	4,90E-04
FLJ12666	215029_at	AL117451	NM_024595	79647	1,32	3,06E-03
AA156721	201952_at	AA156721	---	---	1,31	9,34E-05
IREB2	1555476_at	BC017880	NM_004136	3658	1,31	1,01E-03
SCML1	235652_at	AI431345	NM_006746	6322	1,31	1,08E-03
BTBD3	243462_s_at	BF590303	NM_014962	22903	1,31	1,87E-03
			NM_181443			
LRRTM1	243330_at	AW304000	NM_178839	34773	1,30	7,44E-03
			0			
RNF159	241956_at	AI521883	NM_032373	84333	1,30	2,94E-03
L3MBTL	242637_at	C14069	NM_015478	26013	1,30	2,01E-03
			NM_032107			
LRRFIP2	232704_s_at	AK025207	NM_006309	9209	1,29	1,87E-03
			NM_017724			

ES 2 689 703 T3

FLJ40773	1563933_a_at	AK091691	NM_152666	200150	1,29	6,62E-03
N46436	1556568_a_at	N46436	---	---	1,29	3,59E-03
TRIM33	239716_at	AA908970	NM_015906	51592	1,29	6,38E-03
			NM_033020			
RIP	1556088_at	AK098491	NM_032308	84268	1,29	7,36E-04
AK098258	1564175_at	AK098258	---	---	1,29	9,36E-03
WVOX	1556595_at	BQ025203	NM_016373	51741	1,29	9,57E-03
			NM_018560			
			NM_130788			
			NM_130790			
			NM_130791			
			NM_130792			
			NM_130844			
AW874669	239834_at	AW874669	---	---	1,29	1,39E-03
SYNCRIP	1555427_s_at	AY034482	NM_006372	10492	1,28	1,39E-03
ZNF198	1569091_at	BC039458	NM_003453	7750	1,28	9,19E-03
			NM_197968			
NOL7	244474_at	BE549780	NM_016167	51406	1,28	9,53E-03
C20orf23	232083_at	AB046810	NM_024704	55614	1,28	6,84E-03
THRAP1	236978_at	N51961	NM_005121	9969	1,28	5,36E-04
KIAA0217	241965_at	BF589232	NM_015155	23185	1,28	7,35E-03
ASXL1	242439_s_at	AI819150	NM_015338	171023	1,27	6,77E-03
ELOVL5	1566079_at	AL833001	NM_021814	60481	1,27	1,08E-03
XPO7	240168_at	AA679589	NM_015024	23039	1,26	3,43E-03
IREB2	1563129_at	AL109710	NM_004136	3658	1,26	2,34E-03
MMD	244523_at	AW104453	NM_012329	23531	1,26	1,24E-06
RASEF	1553185_at	NM_152573	NM_152573	158158	1,26	6,94E-03
ZA20D3	238812_at	AA741296	NM_019006	54469	1,26	5,79E-03
ARFGEF1	236742_at	AA132172	NM_006421	10565	1,25	6,55E-03
CUL3	242362_at	AI797788	NM_003590	8452	1,25	5,38E-03
THOC4	226319_s_at	AF047002	NM_005782	10189	1,25	5,54E-04
KLHL13	227875_at	AB037730	NM_033495	90293	1,25	1,10E-05
TAF15	241885_at	BF431050	NM_003487	8148	1,25	3,79E-03
			NM_139215			
C18965	242853_at	C18965	XM_379243	401106	1,24	2,00E-03
EZH2	203358_s_at	NM_004456	NM_004456	2146	1,24	4,13E-03
			NM_152998			
DLEU2	216870_x_at	AF264787	NM_006021	8847	1,24	3,31E-04
CABIN1	1557581_x_at	BC027347	NM_012295	23523	1,23	4,73E-03
HOXD4	205522_at	NM_014621	NM_014621	3233	1,23	7,69E-03
AW157450	235716_at	AW157450	---	---	1,23	1,18E-03
TPARL	1560622_at	AK000203	NM_018475	55858	1,23	3,89E-03
KDELC2	225128_at	AL548941	NM_153705	143888	1,23	6,61E-04
PTPRK	203038_at	NM_002844	NM_002844	5796	1,23	1,53E-03
SFRS2IP	1570507_at	BC020736	NM_004719	9169	1,23	3,26E-03
ZNF326	227680_at	AI057121	NM_181781	284695	1,23	1,88E-03
			NM_182975			
			NM_182976			
NM_000575	208200_at	NM_000575	---	---	1,23	1,37E-03
GPI	232002_at	AW843302	NM_000175	2821	1,23	2,05E-03
CAPN1	232012_at	AV691296	NM_005186	823	1,22	3,25E-05

ES 2 689 703 T3

XPO7	235796_at	AI927957	NM_015024	23039	1,22	8,08E-03
PITPNB	239978_at	BF109370	NM_012399	23760	1,22	8,12E-03
DENR	238982_at	AW665791	NM_003677	8562	1,22	1,47E-05
PFKFB3	202464_s_at	NM_004566	NM_004566	5209	1,22	3,62E-04
AA343057	234997_x_at	AA343057	XM_496451	38876	1,21	9,45E-03
				0		
RB1CC1	237626_at	AI801666	NM_014781	9821	1,21	5,81E-03
NR2C1	210530_s_at	M21985	NM_003297	7181	1,21	1,06E-06
PLXNA2	213030_s_at	AI688418	NM_025179	5362	1,21	7,50E-03
AI857788	227126_at	AI857788	---	---	1,20	3,82E-05
MYO6	210480_s_at	U90236	NM_004999	4646	1,20	3,13E-03
TH1L	225865_x_at	AJ238374	NM_016397	51497	1,20	3,35E-05
			NM_198976			
AL044078	221860_at	AL044078	---	---	1,19	1,28E-05
ZGPAT	221848_at	AL121845	NM_032527	84619	1,19	7,13E-04
			NM_181484			
			NM_181485			
HGF	209960_at	X16323	NM_000601	3082	1,18	7,95E-03
			NM_00101093 1			
			NM_00101093 2			
			NM_00101093 3			
			NM_00101093 4			
MGC4786	243056_at	AI301111	NM_175874	14460	1,18	5,95E-03
9				8		
NKTR	1557737_s_at	AI880383	NM_005385	4820	1,18	1,36E-03
TRA2A	229574_at	AI268231	NM_013293	29896	1,18	1,72E-03
ITGB5	201125_s_at	NM_002213	NM_002213	3693	1,18	5,48E-04
ARIH1	1558710_at	BI791845	NM_005744	25820	1,18	7,13E-03
GOLGA4	215203_at	AW438464	NM_002078	2803	1,18	3,99E-03
BASP1	202391_at	NM_006317	NM_006317	10409	1,18	3,05E-03
TM4SF14	223314_at	BF025955	NM_030927	81619	1,18	1,52E-03
SYNCRIP	209025_s_at	AF037448	NM_006372	10492	1,17	3,35E-03
TH1L	220607_x_at	NM_016397	NM_016397	51497	1,15	2,89E-04
			NM_198976			
COBRA1	1556434_at	BQ777552	NM_015456	25920	1,15	3,42E-03
SPATS2	1570130_at	BC032441	NM_023071	65244	1,15	6,79E-03
GATA2	210358_x_at	BC002557	NM_032638	2624	1,15	2,50E-03
MYST3	242480_at	AA868356	NM_006766	7994	1,15	9,06E-03
TH1L	225261_x_at	AJ238376	NM_016397	51497	1,15	2,80E-05
			NM_198976			
PTK2	241387_at	AW276701	NM_005607	5747	1,14	7,90E-03
			NM_153831			
C9orf39	1559005_s_at	AK098502	NM_017738	54875	1,14	4,61E-03
SFRS8	240078_at	BG434474	NM_004592	6433	1,14	2,74E-03
			NM_152235			
TBC1D5	215612_at	AU147983	NM_014744	9779	1,14	2,73E-03
TCTEL1	242109_at	AI038577	NM_006519	6993	1,14	1,48E-06
SMC5L1	1562948_at	BC035661	NM_015110	23137	1,14	9,50E-03
PLS3	201215_at	NM_005032	NM_005032	5358	1,13	6,23E-03
TM4SF14	221002_s_at	NM_030927	NM_030927	81619	1,13	1,20E-03
SSB4	229929_at	AL563476	NM_080862	92369	1,13	8,19E-03
THOC4	226320_at	AF047002	NM_005782	10189	1,13	6,76E-04
EB-1	227440_at	AW005572	NM_020140	56899	1,13	5,86E-03
			NM_152788			
			NM_181670			
PCBP2	213517_at	AW103422	NM_005016	5094	1,13	2,39E-05
			NM_031989			
C9orf100	230522_s_at	BG028209	NM_032818	84904	1,12	5,16E-03
BNC2	235723_at	AA843242	NM_017637	54796	1,12	8,45E-03
UBE1C	1556339_a_at	BM353142	NM_003968	9039	1,12	2,60E-03

ES 2 689 703 T3

			NM_198195			
			NM_198197			
C20orf58	228017_s_at	BF593263	NM_152864	12841	1,12	4,82E-03
				4		
AW97881	242080_at	AW978811	---	---	1,12	5,08E-03
1						
EXT1	1564378_a_at	AK025101	NM_000127	2131	1,12	4,78E-03
KIAA1423	225127_at	BF217531	XM_376550	57583	1,11	7,59E-05
CCAR1	236566_at	AI291189	NM_018237	55749	1,11	5,91E-03
SMG1	244766_at	BG180003	NM_014006	23049	1,11	2,54E-03
KIAA0220			NM_015092	28384		
				6		
LOC44034			XM_496125	44034		
5				5		
TMP21	239851_at	AW629289	NM_006827	10972	1,11	9,85E-03
NOS1	207309_at	NM_000620	NM_000620	4842	1,11	4,13E-03
EIF4ENIF	242983_at	AI806626	NM_019843	56478	1,11	2,41E-03
1						
ANAPC5	239651_at	BE671583	NM_016237	51433	1,11	8,65E-03
FLJ20186	219646_at	NM_017702	NM_017702	54849	1,11	7,86E-03
			NM_207514			
BF196475	241529_at	BF196475	---	---	1,11	6,33E-03
FRMD4A	208476_s_at	NM_018027	NM_018027	55691	1,11	5,78E-03
SDHA	230077_at	W90764	NM_004168	25581	1,10	2,82E-03
				2		
SDHAL2			XM_171032	6389		
CHCHD3	216170_at	AK025271	NM_017812	54927	1,10	4,90E-03
SLC30A9	237051_at	AI890591	NM_006345	10463	1,10	3,32E-03
ANP32A	235954_at	AA972597	NM_006305	8125	1,10	6,96E-04
AV752058	244574_at	AV752058	---	---	1,09	1,04E-03
CTGLF1	1565620_at	BG621044	NM_133446	11901	1,09	8,36E-03
				6		
ZCCHC11	230713_at	BF115786	NM_00100988 1	23318	1,09	6,14E-03
			NM_00100988 2			
			NM_015269			
KIAA1219	242233_at	AI739332	NM_020336	57148	1,09	6,47E-03
PDGFD	219304_s_at	NM_025208	NM_025208	80310	1,09	1,44E-03
			NM_033135			
AA743413	236985_at	AA743413	---	---	1,08	9,66E-03
RNF10	237062_at	BE222109	NM_014868	9921	1,08	5,28E-03
ORC6L	219105_x_at	NM_014321	NM_014321	23594	1,08	3,86E-03
TH1L	225006_x_at	AJ238379	NM_016397	51497	1,08	3,76E-05
			NM_198976			
KIAA2024	1566166_at	AL833423	NM_172070	13050	1,07	9,88E-03
				7		
LOC28387	222622_at	BG284709	XM_208887	28387	1,06	3,90E-03
1				1		
BE856960	242712_x_at	BE856960	---	---	1,06	1,22E-03
RPUSD3	1566603_s_at	AK094587	NM_173659	28536	1,05	1,31E-03
				7		
LOC28424	214162_at	AF070541	---	28424	1,05	6,69E-03
4				4		
AI817960	239649_at	AI817960	---	---	1,05	8,05E-03
TRA2A	213593_s_at	AW978896	NM_013293	29896	1,05	1,05E-03
SBNO1	216161_at	AK024128	NM_018183	55206	1,05	2,06E-03
SIRT2	1558331_at	BG722779	NM_012237	22933	1,05	4,53E-04
			NM_030593			
AF090944	233995_at	AF090944	---	---	1,05	9,19E-03
C20orf58	230668_at	AI758937	NM_152864	12841	1,04	8,75E-03
				4		

ES 2 689 703 T3

HM13	1560297_at	BG928538	NM_030789 NM_178580 NM_178581 NM_178582	81502	1,04	7,20E-03
SLCO3A1 PAN3	227367_at 239393_at	AW976431 AW510927	NM_013272 NM_175854	28232 25596	1,04 1,04	1,11E-03 2,63E-03
CNTN4	229084_at	R42166	NM_175607 NM_175612 NM_175613	15233 0	1,04	7,84E-03
LOC51760 APC H43040 C9orf10 C13orf25	205613_at 216933_x_at 231108_at 241242_at 232291_at	NM_016524 S67788 H43040 BE503118 AA256157	NM_016524 NM_000038 --- NM_014612 NM_213723	51760 324 --- 23196 40797 5	1,04 1,04 1,03 1,03 1,03	6,90E-03 6,77E-03 6,01E-04 9,13E-03 4,81E-03
HAN11	233782_at	AU147133	NM_213724 NM_00100372 5 NM_005828	10238	1,03	2,43E-04
FLJ43654	235376_at	BF125564	NM_198562	37534 1	1,03	1,61E-03
RTN4	1556049_at	CA428769	NM_007008 NM_020532 NM_153828 NM_207520 NM_207521	57142	1,02	3,35E-03
CSE1L	210765_at	AF053640	NM_001316 NM_177436	1434	1,02	6,67E-05
CBLB FLJ12750 PEG10	209682_at 236889_at 212094_at	U26710 AI911084 AL582836	NM_170662 NM_024667 XM_496907 XM_499343	868 79720 23089	1,02 1,02 1,02	1,33E-06 9,90E-03 4,05E-03
T40928	241913_at	T40928	XM_498972	44102 8	1,02	9,84E-03
FLJ11783 NM_01862 7	220546_at 220410_s_at	NM_024891 NM_018627	NM_024891 ---	79951 ---	1,02 1,01	9,99E-04 5,37E-03
CSPG6 DERA DLL3	1556925_at 218102_at 219537_x_at	AL360194 NM_015954 NM_016941	NM_005445 NM_015954 NM_016941	9126 51071 10683	1,01 1,01 1,01	1,34E-03 3,80E-03 2,97E-04
CNOT7	233019_at	AU145061	NM_203486 NM_013354 NM_054026	29883	1,01	2,14E-03
HIVEP2 MGC3392 6	243254_at 229302_at	T08739 AA058832	NM_006734 NM_152390	3097 13073 3	1,01 1,01	2,67E-03 3,60E-03
LRRN5	216167_at	AK024867	NM_006338 NM_201630	10446	1,01	6,96E-03
API5 EAF2 C2orf23 EVL MAP4K3 GLS ST8SIA1 SNAG1	214960_at 219551_at 204364_s_at 227232_at 242448_at 223080_at 210073_at 226683_at	AF229253 NM_018456 BE535746 T58044 AI800895 AK025021 L32867 AU146771	NM_006595 NM_018456 NM_022912 NM_016337 NM_003618 NM_014905 NM_003034 NM_052870	8539 55840 65055 51466 8491 2744 6489 11257 4	1,00 1,00 1,00 1,00 1,00 1,00 1,00 0,99	5,16E-04 5,97E-05 9,51E-04 6,72E-04 4,16E-03 5,50E-03 2,41E-03 1,15E-03
TDG	203742_s_at	BF674842	NM_00100841 1 NM_003211	6996	0,99	1,56E-03

ES 2 689 703 T3

GALNT7	216756_at	AK024995	NM_017423	51809	0,99	7,57E-03
DCP2	244777_at	AA504595	NM_152624	16722	0,99	7,31E-03
				7		
HIPK2	224016_at	AF111850	NM_022740	28996	0,99	3,36E-03
BE467787	243835_at	BE467787	---	---	0,99	6,62E-03
C9orf39	239989_at	AW170610	NM_017738	54875	0,99	7,75E-05
AI655229	243497_at	AI655229	---	---	0,99	6,76E-03
WSB1	227501_at	A1377135	NM_015626	26118	0,99	6,53E-03
			NM_134264			
			NM_134265			
NM_025120	220728_at	NM_025120	---	---	0,98	1,00E-03
PCBP2	229467_at	AA504356	NM_005016	5094	0,98	8,91E-03
			NM_031989			
EIF4A1	214805_at	U79273	NM_001416	1973	0,98	7,43E-03
MGEA5	214972_at	AU144791	NM_012215	10724	0,97	7,74E-03
FLJ10579	230843_at	AA482037	NM_018145	55177	0,97	2,54E-03
ZCWPW2	243863_at	BF575233	XM_087384	15209	0,97	4,74E-03
				8		
RNF111	241413_at	W80457	NM_017610	54778	0,97	1,29E-03
PLEKHA6	205093_at	NM_014935	NM_014935	22874	0,97	1,50E-04
SEZ6L	207873_x_at	NM_021115	NM_021115	23544	0,97	2,35E-04
FLJ10213	219906_at	NM_018029	NM_018029	55096	0,97	6,80E-03
WTAP	1558783_at	AK024805	NM_004906	9589	0,97	2,62E-04
			NM_152857			
			NM_152858			
CTNNB1	242558_at	AW362945	NM_001904	1499	0,96	7,55E-03
AA830545	235730_at	AA830545	---	---	0,96	3,70E-05
MGC33846	231430_at	AW205640	NM_175885	22038	0,95	1,36E-03
				2		
ZNF238	207164_s_at	NM_006352	NM_006352	10472	0,95	2,86E-03
			NM_205768			
AF5Q31	232864_s_at	N59653	NM_014423	27125	0,95	4,59E-04
SFRS2	200753_x_at	BE866585	NM_003016	6427	0,95	2,39E-04
H40696	236122_at	H40696	XM_370722	38792	0,95	4,70E-03
				1		
AW971254	222369_at	AW971254	---	---	0,94	4,58E-03
DKFZp547A023	214731_at	AB037854	NM_018704	55917	0,94	7,37E-03
AK022388	233017_x_at	AK022388	---	---	0,94	7,06E-03
PRDX2	215067_x_at	AU147942	NM_005809	7001	0,94	2,97E-03
			NM_181737			
			NM_181738			
RET	215771_x_at	X15786	NM_020630	5979	0,94	8,55E-03
			NM_020975			
ACTR6	239679_at	AI871160	NM_022496	64431	0,94	4,88E-03
HNRPA1	222040_at	AI144007	NM_002136	3178	0,93	4,24E-03
			NM_031157			
TMEM4	209797_at	BC001027	NM_014255	10330	0,93	5,35E-04
CIAPIN1	230838_s_at	AW771492	NM_020313	57019	0,93	9,30E-04
PRPF4B	202126_at	AA156948	NM_003913	8899	0,93	2,94E-03
			NM_176800			
ETV3	1552423_at	NM_005240	NM_005240	2117	0,92	5,12E-03
KCNQ1OT1	243435_at	AI023707	---	10984	0,92	5,64E-03
HNRPA2B1	205292_s_at	NM_002137	NM_002137	3181	0,92	7,56E-04
			NM_031243			
AW13879	227283_at	AW138794	---	---	0,92	1,97E-03

ES 2 689 703 T3

4						
HNRPU	236244_at	AI458297	NM_004501	3192	0,92	8,40E-04
			NM_031844			
TUBB6	209191_at	BC002654	NM_032525	84617	0,91	2,73E-03
SEZ6L	211894_x_at	AB041736	NM_021115	23544	0,91	9,29E-04
C2orf23	204365_s_at	NM_022912	NM_022912	65055	0,91	3,53E-04
HNRPM	238610_s_at	AI906424	NM_005968	4670	0,91	6,28E-03
			NM_031203			
NUP210	220035_at	NM_024923	NM_024923	23225	0,91	8,57E-03
RNF130	236292_at	AW196696	NM_018434	55819	0,91	5,09E-03
STMN3	222557_at	AL353715	NM_015894	50861	0,91	1,21E-04
KIAA0907	230028_at	BF508843	NM_014949	22889	0,91	1,57E-04
AI346432	229132_at	AI346432	---	---	0,91	6,45E-03
DLL3	222898_s_at	BE350882	NM_016941	10683	0,90	1,05E-03
			NM_203486			
CYB561	209164_s_at	BC002976	NM_001915	1534	0,90	8,80E-03
CBWD1	226193_x_at	AV709992	NM_018491	15047	0,90	5,40E-03
			2			
CBWD2			NM_172003	22086		
			9			
LOC22086			NM_201453	38976		
9			0			
DC36			55871			
SFRS2	214882_s_at	BG254869	NM_003016	6427	0,90	2,75E-04
AK024901	234326_at	AK024901	---	---	0,90	3,19E-03
RAB12	238714_at	AA504249	XM_113967	20147	0,89	3,77E-03
			5			
BC001743	209446_s_at	BC001743	---	---	0,89	2,43E-05
CDK2AP1	201938_at	NM_004642	NM_004642	8099	0,89	4,50E-03
AF5Q31	1555436_a_at	BC025700	NM_014423	27125	0,89	2,72E-03
LOC14499	227289_at	AU119437	---	14499	0,88	6,49E-03
7			7			
C10orf58	224435_at	BC005871	NM_032333	84293	0,88	3,29E-03
MAP3K13	211083_s_at	Z25428	NM_004721	9175	0,88	1,85E-03
CP110	1569353_at	BC030223	NM_014711	9738	0,88	1,17E-03
NDUFS1	1559691_at	BC032767	NM_005006	4719	0,88	5,87E-03
NUDT9	241489_at	BE671532	NM_024047	53343	0,88	3,25E-03
			NM_198038			
			NM_198039			
NFATC2IP	212808_at	AI884627	NM_032815	84901	0,88	1,28E-03
AW44498	243690_at	AW444985	---	---	0,87	3,30E-03
5						
SYT11	232677_at	AU146128	NM_152280	23208	0,87	7,93E-03
PTPN1	202716_at	NM_002827	NM_002827	5770	0,87	7,56E-03
FLJ45983	240827_at	AA846824	NM_207423	39971	0,87	6,25E-03
			7			
BM041211	1562062_at	BM041211	---	---	0,87	8,38E-03
UQCRC2	241755_at	AI961429	NM_003366	7385	0,87	1,07E-03
WHSC2	1557300_s_at	AI741292	NM_005663	7469	0,87	7,80E-03
PDE7A	224046_s_at	U67932	NM_002603	5150	0,87	9,76E-03
			NM_002604			
PHF20	235389_at	BG168139	NM_016436	51230	0,87	1,49E-03
AW97341	244310_at	AW973410	XM_498613	44028	0,87	4,14E-03
0			3			
FLJ10120	220220_at	NM_018001	---	55073	0,86	4,44E-03
ILF3	208931_s_at	AF147209	NM_004516	3609	0,86	4,15E-04
			NM_012218			
			NM_153464			
MARCKS	201670_s_at	M68956	NM_002356	4082	0,86	1,21E-03
U06715	217200_x_at	U06715	---	---	0,86	6,65E-03

ES 2 689 703 T3

182-FIP	224956_at	AI743689	NM_020772	57532	0,85	8,46E-03
FLJ13855	236107_at	AA147920	NM_023079	65264	0,85	4,95E-03
BI496583	1557675_at	BI496583	---	---	0,85	1,81E-03
C10orf58	228155_at	BF512388	NM_032333	84293	0,84	4,87E-03
SEZ6L	216047_x_at	AL050253	NM_021115	23544	0,84	6,17E-04
LOC25405	232370_at	AI635756	---	25405	0,84	3,35E-03
7				7		
TCF7L2	216511_s_at	AJ270770	NM_030756	6934	0,84	7,95E-03
OKFZP56	223170_at	AF132000	NM_015544	26022	0,84	3,64E-03
4K196						
SFRS2	200754_x_at	NM_003016	NM_003016	6427	0,83	7,20E-04
AA447714	244047_at	AA447714	---	---	0,83	8,79E-03
MARCKS	201668_x_at	AW163148	NM_002356	4082	0,83	5,34E-03
AF222691	216187_x_at	AF222691	---	---	0,3	8,37E-03
DCL-1	232371_at	AU155401	NM_014880	9936	0,83	8,82E-04
RPS24	1555878_at	AK094613	NM_001026	6229	0,83	7,05E-03
			NM_033022			
ZNF238	212774_at	AJ223321	NM_006352	10472	0,82	1,69E-03
			NM_205768			
NKTR	202379_s_at	AI361805	NM_005385	4820	0,82	2,20E-03
KIAA0485	242824_at	AW191647	---	57235	0,82	2,73E-03
CSE1L	201111_at	AF053641	NM_001316	1434	0,82	9,40E-03
			NM_177436			
NKTR	1557736_at	AI880383	NM_005385	4820	0,82	2,47E-03
MBD2	214397_at	AI827820	NM_003927	8932	0,82	8,51E-03
			NM_015832			
MCCC1	242223_at	AA505323	NM_020166	56922	0,82	5,18E-04
CREBBP	237239_at	AW183655	NM_004380	1387	0,82	1,36E-03
LOC12928	1554145_a_at	BC040721	NM_152994	12928	0,81	7,02E-03
5				5		
SEZ6L	213609_s_at	AB023144	NM_021115	23544	0,81	8,59E-03
HNRPM	238611_at	AI906424	NM_005968	4670	0,81	5,61E-03
			NM_031203			
MYLIP	223129_x_at	T63512	NM_013262	29116	0,81	1,14E-03
AI476542	243032_at	AI476542	---	---	0,81	4,19E-03
HYPB	241458_at	AI868267	NM_012271	29072	0,81	8,29E-03
			NM_014159			
SNRPB2	1561965_at	BE466925	NM_003092	6629	0,81	8,93E-04
			NM_198220			
SMARCA4	217656_at	AW128846	NM_003072	6597	0,80	2,21E-03
MRPL4	223742_at	BC000756	NM_015956	51073	0,80	7,99E-05
			NM_146387			
			NM_146388			
HS6ST2	1552767_a_at	NM_147174	NM_147174	90161	0,80	2,64E-03
			NM_147175			
NEURL	243853_at	BF516539	NM_004210	9148	0,80	5,90E-04
SMARCD1	203183_s_at	NM_003076	NM_003076	6602	0,80	2,99E-03
			NM_139071			
HECTD1	242349_at	AW275658	NM_015382	25831	0,80	7,69E-04
GGA2	213772_s_at	BF196572	NM_015044	23062	0,80	3,58E-03
			NM_138640			
AA056145	227633_at	AA056145	---	---	0,79	9,47E-04
MAN2A1	235103_at	AA029155	NM_002372	4124	0,79	7,09E-03
SENP3	215114_at	AK000923	NM_015670	26168	0,79	2,65E-09
GULP1	223837_at	BC001103	NM_016315	51454	0,78	2,45E-03
JARID2	203297_s_at	BG029530	NM_004973	3720	0,78	9,88E-04
DNAFTP6	222154_s_at	AK002064	NM_015535	26010	0,78	5,12E-03
VPS29	223026_s_at	AF201946	NM_016226	51699	0,78	9,91E-03
			NM_057180			
AF279774	216967_at	AF279774	---	---	0,78	1,36E-03

ES 2 689 703 T3

COBLL1	203642_s_at	NM_014900	NM_014900	22837	0,78	1,12E-03
AI041522	228030_at	A1041522	---	---	0,78	4,80E-03
FLJ11029	219392_x_at	NM_018304	NM_018304	55771	0,78	4,83E-03
RNF34	219035_s_at	NM_025126	NM_025126	80196	0,77	2,35E-03
			NM_194271			
BF056892	229024_at	BF056892	---	---	0,77	3,47E-06
DKFZP56	1559139_at	BC009786	NM_015658	26155	0,77	3,20E-03
4C18C						
SFRS1	227164_at	AL521786	NM_006924	6426	0,77	1,00E-03
MR-1	225298_at	AA074597	NM_015488	25953	0,76	4,65E-03
			NM_022572			
ATP6V0A	217603_at	AW444520	NM_012463	23545	0,76	2,94E-03
2						
RECQL	210568_s_at	BC001052	NM_002907	5965	0,76	4,23E-03
			NM_032941			
YWHAB	208743_s_at	BC001359	NM_003404	7529	0,76	4,79E-03
			NM_139323			
ANKHD1	229457_at	AU148042	NM_017747	54882	0,76	4,26E-03
			NM_017978			
			NM_024668			
STRBP	233251_at	AK024960	NM_018387	55342	0,76	3,48E-03
AF147390	1562230_at	AF147390	---	---	0,76	2,73E-09
HIC2	212966_at	AL043112	NM_015094	23119	0,76	4,03E-03
LUC7L2	226758_at	AA043552	NM_016019	51631	0,76	5,54E-03
GNG2	224965_at	AU118419	NM_053064	54331	0,76	4,33E-03
USP7	230761_at	AI972599	NM_003470	7874	0,75	2,83E-03
SH3MD1	213252_at	AI739005	NM_014631	9644	0,75	1,10E-03
TLE4	204872_at	NM_007005	NM_007005	7091	0,75	4,50E-03
AA167167	243684_at	AA167167	---	---	0,75	4,31E-03
SLC25A13	229061_s_at	AW268880	NM_014251	10165	0,75	6,06E-03
NSD1	235760_at	AI421972	NM_022455	64324	0,75	9,51E-03
			NM_172349			
BTBD14A	243431_at	BF000597	NM_144653	13815	0,75	9,59E-03
			1			
AKR1B1	201272_at	NM_001628	NM_001628	231	0,74	2,19E-03
SDS3	233841_s_at	AK026749	NM_022491	64426	0,74	1,60E-04
ANAPC7	225554_s_at	AA131793	NM_016238	51434	0,74	4,31E-03
EPOR	215054_at	H16758	NM_000121	2057	0,74	9,06E-04
KHDRBS3	209781_s_at	AF069681	NM_006558	10656	0,74	6,64E-04
C6orf115	223361_at	AF116682	XM_371848	58527	0,73	1,49E-03
LOC15762	214839_at	AF052108	---	15762	0,73	8,43E-03
7			7			
HS6ST2	230030_at	A1767756	NM_147174	90161	0,73	3,77E-03
			NM_147175			
DHX35	218579_s_at	NM_021931	NM_021931	60625	0,73	6,34E-06
AI700633	212812_at	AI700633	---	---	0,73	7,29E-03
ZNF281	222619_at	AU150752	NM_012482	23528	0,73	9,28E-04
NARG1	219158_s_at	NM_025085	NM_057175	80155	0,73	4,16E-03
C5orf13	201309_x_at	U36189	NM_004772	9315	0,73	6,38E-03
PBP	205353_s_at	NM_002567	NM_002567	5037	0,73	5,93E-04
KIAA0220	211996_s_at	BG256504	---	28384	0,72	1,81E-03
			6			
MYH10	212372_at	AK026977	NM_005964	4628	0,72	1,71E-03
AU147166	215212_at	AU147166	---	---	0,71	8,93E-03
BTBD3	202946_s_at	NM_014962	NM_014962	22903	0,71	8,99E-04
			NM_181443			
DNAJC9	213088_s_at	BE551340	NM_015190	23234	0,71	9,31E-03
MAN1A1	208116_s_at	NM_005907	NM_005907	4121	0,71	5,70E-03
ATP5G1	208972_s_at	AL080089	NM_00100202 7	516	0,71	3,03E-03
			NM_005175			

ES 2 689 703 T3

PAICS	201013_s_at	AA902652	NM_006452	10606	0,71	2,75E-03
AI378500	229821_at	AI378500	---	---	0,71	3,49E-03
KLHL5	226001_at	AK002174	NM_00100707 5	51088	0,71	2,63E-03
			NM_199039			
SFRS9	201698_s_at	NM_003769	NM_003769	8683	0,71	5,14E-04
PABPN1	213046_at	AI130920	NM_004643	8106	0,71	3,81E-04
GARNL1	234923_at	AK022988	NM_014990	25395	0,70	5,70E-03
			9			
			NM_194301			
MAN1A1	221760_at	BG287153	NM_005907	4121	0,70	7,22E-03
C5orf13	201310_s_at	NM_004772	NM_004772	9315	0,70	6,72E-03
NM_03122	208120_x_at	NM_031221	---	---	0,70	4,42E-04
1						
CYHR1	213681_at	AW512817	NM_032687	50626	0,70	4,56E-03
BF437591	222026_at	BF437591	---	---	0,70	7,17E-03
SEZ6L	231650_s_at	BE672217	NM_021115	23544	0,70	9,10E-03
UFD1L	209103_s_at	BC001049	NM_005659	7353	0,70	1,25E-03
H37943	242311_x_at	H37943	---	---	0,70	2,95E-03
ACY1L2	225431_x_at	BE779764	NM_001010852	13529	0,70	3,20E-03
			3			
SCC-112	213983_s_at	AW991219	NM_015200	23244	0,70	8,02E-04
RPUSD3	1555916_at	BM670238	NM_173659	28536	0,70	1,32E-05
			7			
CCAR1	224736_at	BE617899	NM_018237	55749	0,69	8,03E-03
SNX1	1559154_at	AK098001	NM_003099	6642	0,69	5,03E-03
			NM_148955			
			NM_152826			
MGC5228	231638_at	AA400057	NM_178453	12422	0,69	4,60E-03
2			1			
MAPKAPK	202788_at	NM_004635	NM_004635	7867	0,69	3,76E-03
3						
HNRPA3	211931_s_at	BG505670	NM_194247	22098	0,69	2,94E-04
			8			
AK024881	234723_x_at	AK024881	---	---	0,69	7,45E-03
PCIA1	218260_at	NM_024050	NM_024050	79016	0,69	9,77E-03
ANKRD36	238464_at	AA463221	XM_371540	37524	0,69	2,40E-03
			8			
N4BP2	231996_at	AB037834	NM_018177	55728	0,69	1,75E-03
EMID2	229080_at	BE741432	NM_133457	13622	0,68	1,65E-03
			7			
FLJ22490	242041_at	AI933671	NM_024790	79848	0,68	7,80E-03
IDH3B	210418_s_at	AF023265	NM_006899	3420	0,68	2,50E-03
			NM_174855			
			NM_174856			
MAN2A1	205105_at	NM_002372	NM_002372	4124	0,68	1,85E-03
BF055201	228242_at	BF055201	---	---	0,68	9,05E-03
IDH3B	210014_x_at	AF023266	NM_006899	3420	0,68	2,17E-03
			NM_174855			
			NM_174856			
GALNT4	231832_at	AI890347	NM_003774	8693	0,67	7,13E-03
OCIAD1	232644_x_at	AK024302	NM_017830	54940	0,67	5,83E-03
GPR51	211679_x_at	AF095784	NM_005458	9568	0,67	6,98E-03
SRC	213324_at	AK024281	NM_005417	6714	0,67	1,56E-03
			NM_198291			
PBP	210825_s_at	AF130103	NM_002567	5037	0,67	4,20E-03
THRAP4	213043_s_at	AI023317	NM_014815	9862	0,67	6,87E-04
ATAD3A	1552641_s_at	NM_031921	NM_018188	55210	0,66	7,21E-03
ATAD3B			NM_031921	83858		
FLJ20364	1559222_at	AA781731	NM_017785	54908	0,66	1,64E-03
TA-PP2C	225204_at	AA521311	NM_139283	16076	0,66	2,71E-03

ES 2 689 703 T3

				0		
EIF5A	201123_s_at	NM_001970	NM_001970	1984	0,66	8,31E-04
RECQL	212917_x_at	AI814728	NM_002907	5965	0,66	3,26E-03
				NM_032941		
ZC3HDC5	1562434_at	AL832312	XM_036115	85451	0,66	7,52E-03
BCR	202315_s_at	NM_004327	NM_004327	613	0,66	3,87E-03
				NM_021574		
C14orf2	242858_at	BF507638	NM_004894	9556	0,66	1,48E-03
MAP3K13	206249_at	NM_004721	NM_004721	9175	0,66	3,65E-03
SULT1A3	222094_at	AI580112	NM_003166	6818	0,66	3,16E-04
				NM_177552		
ZNF207	244153_at	AA521438	NM_003457	7756	0,65	8,57E-03
PEX26	219180_s_at	AI817074	NM_017929	55670	0,65	4,16E-03
RAN	200750_s_at	AF054183	NM_006325	5901	0,65	6,43E-03
EIF5A	213753_x_at	BF541557	NM_001970	1984	0,65	1,96E-05
C13orf6	235348_at	AA404347	NM_032859	84945	0,65	2,02E-03
EWSR1	210012_s_at	BC000527	NM_005243	2130	0,65	4,34E-03
				NM_013986		
SPG7	230885_at	BE670386	NM_003119	6687	0,65	7,60E-03
				NM_199367		
SCLY	59705_at	AA911739	NM_016510	51540	0,65	9,03E-03
KCTD10	223208_at	AF113208	NM_031954	83892	0,64	1,07E-04
FLJ13149	219016_at	NM_021826	NM_021826	60493	0,64	7,47E-04
ZNF217	203739_at	NM_006526	NM_006526	7764	0,64	2,22E-03
GGA2	208913_at	AA868560	NM_015044	23062	0,64	4,26E-03
				NM_138640		
DST	1560296_at	AV702787	NM_001723	667	0,64	8,16E-03
				NM_015548		
				NM_020388		
				NM_183380		
UBQLN1	222989_s_at	NM_013438	NM_013438	29979	0,64	9,49E-03
				NM_053067		
TOMM40	202264_s_at	NM_006114	NM_006114	10452	0,63	5,40E-03
VTI1A	235034_at	AW194969	NM_145206	14318	0,63	9,95E-03
				7		
TMEM33	222642_s_at	BC000948	NM_018126	55161	0,63	6,62E-03
KIAA1219	221738_at	BG236163	NM_020336	57148	0,63	1,93E-03
RPL23	215224_at	AK025200	NM_000978	9349	0,63	7,04E-04
ZNF43	222136_x_at	AK022905	NM_003423	7594	0,63	4,57E-03
BE671123	235798_at	BE671123	---	---	0,63	8,79E-03
WDR17	1552430_at	NM_170710	NM_170710	11696	0,63	5,45E-04
				6		
				NM_181265		
FUBP1	212847_at	AL036840	NM_003902	8880	0,63	6,95E-03
MBTD1	207115_x_at	NM_017643	NM_017643	54799	0,63	7,84E-03
PHC2	1557852_at	AW418842	NM_004427	1912	0,62	8,02E-03
				NM_198040		
AP1S2	228415_at	AA205444	NM_003916	8905	0,62	8,44E-03
GPR125	210473_s_at	M37712	NM_145290	16664	0,62	6,47E-03
				7		
SFRS6	208804_s_at	AL031681	NM_006275	6431	0,62	3,30E-03
AI216567	236754_at	AI216567	---	---	0,62	4,60E-03
C15orf25	220071_x_at	NM_018097	NM_018097	55142	0,62	9,64E-03
CDH2	203441_s_at	NM_001792	NM_001792	1000	0,62	5,11E-03
MRPL35	222775_s_at	AK026220	NM_016622	51318	0,62	1,89E-03
				NM_145644		
CNP	208912_s_at	BC001362	NM_033133	1267	0,62	3,84E-03
FLJ20331	218577_at	NM_017768	NM_017768	55631	0,62	6,26E-03
FLJ21415	218867_s_at	NM_024738	NM_024738	79794	0,62	3,36E-03
AF336882	224288_x_at	AF336882	---	---	0,62	3,59E-03

SSBP3	223635_s_at	BC003605	NM_00100995 5 NM_018070 NM_145716	23648	0,62	2,27E-03
ATF7IP	231825_x_at	AK025060	NM_018179	55729	0,62	7,81E-03
TOP1	208901_s_at	J03250	NM_003286	7150	0,61	6,28E-04
SYNCRIP	209024_s_at	AI472757	NM_006372	10492	0,61	1,15E-03
DHX30	239772_x_at	AI368527	NM_014966 NM_138614 NM_138615	22907	0,61	1,59E-04
BE878277	212829_at	BE878277	---	---	0,61	1,63E-03
FBXL10	226215_s_at	AI989996	NM_00100536 6 NM_032590	84678	0,61	7,38E-03
KIAA0251	1555347_at	BC033748	NM_015027	23042	0,61	2,52E-03
RBM14	204178_s_at	NM_006328	NM_006328	10432	0,61	3,59E-05
EXOSC1	1559044_at	BC012538	NM_016046	51013	0,61	7,00E-04
KIAA0992	234135_x_at	AK021652	NM_016081	23022	0,60	8,94E-03
EIF5A	201122_x_at	BC000751	NM_001970	1984	0,60	1,14E-03
R26456	243135_x_at	R26456	---	---	0,60	5,74E-03
TMEM33	218465_at	NM_018126	NM_018126	55161	0,60	8,99E-03
SFRS1	201741_x_at	M69040	NM_006924	6426	0,60	1,36E-03
RAB11FIP3	214999_s_at	AW243089	NM_014700	9727	0,60	1,50E-04
DDX46	228039_at	AI765169	NM_014829	9879	0,60	2,91E-03
HNRPU	200593_s_at	BC003621	NM_004501 NM_031844	3192	0,60	1,26E-05
HNRPU	200594_x_at	NM_004501	NM_004501 NM_031844	3192	0,59	1,74E-04
GNG12	212294_at	BG111761	NM_018841	55970	0,59	6,29E-03
ARS2	201680_x_at	NM_015908	NM_015908 NM_182800	51593	0,59	2,20E-04
FLJ37078	235880_at	BF593867	NM_153043	222183	0,59	7,82E-05
GPR51	209990_s_at	AF056085	NM_005458	9568	0,59	7,76E-03
MARCKS	201669_s_at	NM_002356	NM_002356	4082	0,59	4,74E-05
MAN2A1	226538_at	AV700323	NM_002372	4124	0,59	4,65E-03
HCFC1	202474_s_at	NM_005334	NM_005334	3054	0,59	2,12E-03
FLJ35709	242540_at	AI911330	NM_173589	283294	0,58	5,90E-03
MYO1B	212365_at	BF215996	NM_012223	4430	0,58	6,28E-04
PPP2CA	208652_at	BC000400	NM_002715	5515	0,58	3,88E-03
CDC5L	209055_s_at	AW268817	NM_001253	988	0,58	2,61E-04

Tabla 12. Expresión génica disminuida en líneas celulares H1 y BB10 versus línea celular SiMa en estado diferenciado utilizando análisis de micromatrices

Símbolo del gen	ID conjunto de sondas	ID público representativo	ID transcrito Sec. Ref.	ID gen Entrez	Proporción Log2	Valor p
CYTL1	219837_s_at	NM_018659	NM_018659	54360	-6,94	6,41E-06
GNAS	217057_s_at	AF107846	NM_000516 NM_016592 NM_080425 NM_080426	2778	-5,47	4,18E-03
CYGB	226632_at	AL513673	NM_134268	114757	-4,81	3,60E-03
TNFRSF10D	227345_at	AI738556	NM_003840	8793	-4,68	2,31E-06
ECEL1	219914_at	NM_004826	NM_004826	9427	-4,67	3,83E-05
SYT13	226086_at	AB037848	NM_020826	57586	-4,06	1,83E-04
TMIE	1553601_a_at	NM_147196	NM_147196	259236	-3,86	6,07E-05
NNAT	204239_s_at	NM_005386	NM_005386 NM_181689	4826	-3,83	5,67E-07

ES 2 689 703 T3

CNGA3	207261_at	NM_001298	NM_001298	1261	-3,76	4,84E-04
AU157716	227051_at	AU157716	---	---	-3,75	4,31E-03
AF150317	243111_at	AF150317	---	---	-3,69	9,83E-04
ASAM	226834_at	BG112263	NM_024769	79827	-3,61	5,78E-03
LOC25412	1557059_at	AK098264	---	254128	-3,51	1,95E-07
8						
LOC33929	228160_at	AI433706	XM_375527	339290	-3,50	6,83E-05
0						
FUCA2	223120_at	BC003060	NM_032020	2519	-3,47	8,50E-03
STX3A	209238_at	BE966922	NM_004177	6809	-3,45	8,83E-03
CYGB	1553572_a_at	NM_134268	NM_134268	114757	-3,43	4,93E-06
EDG7	231192_at	AW274018	NM_012152	23566	-3,39	1,39E-03
HTATIP2	207180_s_at	NM_006410	NM_006410	10553	-3,38	4,96E-04
HTATIP2	209448_at	BC002439	NM_006410	10553	-3,38	3,60E-04
LMCD1	218574_s_at	NM_014583	NM_014583	29995	-3,34	6,84E-03
BACE2	217867_x_at	NM_012105	NM_012105	25825	-3,33	5,05E-04
			NM_138991			
			NM_138992			
FLJ45880	228538_at	BE671164	NM_207404	389114	-3,28	4,82E-06
EDG7	220816_at	NM_012152	NM_012152	23566	-3,28	2,18E-03
CDC42EP	204693_at	NM_007061	NM_007061	11135	-3,25	9,63E-03
1						
			NM_152243			
TCEAL2	211276_at	AF063606	NM_080390	140597	-3,25	3,45E-04
MEOX2	206201_s_at	NM_005924	NM_005924	4223	-3,23	2,59E-06
FGF13	205110_s_at	NM_004114	NM_004114	2258	-3,22	4,26E-05
			NM_033642			
IGFBP7	201163_s_at	NM_001553	NM_001553	3490	-3,17	3,25E-03
BACE2	222446_s_at	AF178532	NM_012105	25825	-3,16	1,05E-04
			NM_138991			
			NM_138992			
SLC35F3	229065_at	BF968270	NM_173508	148641	-3,14	1,47E-06
TncRNA	224565_at	BE675516	---	283131	-3,11	3,26E-03
LGALS3	208949_s_at	BC001120	NM_002306	3958	-3,08	1,25E-03
GALIG			NM_194327	81625		
HSPA1A	200799_at	NM_005345	NM_005345	3303	-3,07	6,70E-03
AW13665	240802_at	AW136654	---	---	-3,06	1,56E-03
4						
LOC56901	218484_at	NM_020142	NM_020142	56901	-3,02	3,26E-03
MMP14	202827_s_at	AU149305	NM_004995	4323	-3,01	1,34E-05
FLJ20701	219093_at	NM_017933	NM_017933	55022	-2,99	6,11E-03
CAP2	212554_at	N90755	NM_006366	10486	-2,95	3,40E-03
BF941609	240218_at	BF941609	---	---	-2,91	1,65E-08
SPINT2	210715_s_at	AF027205	NM_021102	10653	-2,90	6,36E-06
BG325630	234973_at	BG325630	---	---	-2,90	2,55E-03
)KFZp313	1555905_a_at	AI147556	NM_173826	285343	-2,87	1,28E-04
N062						
NPY	206001_at	NM_000905	NM_000905	4852	-2,85	5,26E-03
CYP2E1	1431_at	J02843	NM_000773	1571	-2,75	3,27E-03
HHLA3	220387_s_at	NM_007071	NM_007071	11147	-2,72	6,75E-04
IL13RA2	206172_at	NM_000640	NM_000640	3598	-2,66	6,71E-05
FLJ31295	226509_at	AV700302	NM_152320	121274	-2,65	7,10E-04
TncRNA	224566_at	AI042152	---	283131	-2,65	1,05E-04
DKFZP56	223588_at	AL136607	NM_031435	83591	-2,64	1,28E-05
4I0422						
IGSF4D	1552754_a_at	AA640422	NM_153184	253559	-2,64	1,95E-03
PRKACB	235780_at	BE622723	NM_002731	5567	-2,63	2,35E-03
			NM_182948			
			NM_207578			
GNAS	214157_at	AA401492	NM_000516	2778	-2,61	1,23E-04

ES 2 689 703 T3

			NM_016592 NM_080425 NM_080426			
AW77024 5	236513_at	AW770245	---	---	-2,60	8,47E-05
LGI1	206349_at	NM_005097	NM_005097	9211	-2,60	8,58E-04
AI810266	235456_at	AI810266	---	---	-2,58	5,24E-03
HIST1H2B D	209911_x_at	BC002842	NM_021063	3017	-2,55	2,10E-03
			NM_138720			
AL353759	215071_s_at	AL353759	---	---	-2,51	9,79E-04
LOC33929 0	215283_at	U79248	XM_375527	339290	-2,51	3,84E-04
SLC16A3	202856_s_at	NM_004207	NM_004207	9123	-2,51	8,97E-03
LGALS1	201105_at	NM_002305	NM_002305	3956	-2,49	4,79E-03
N92599	241421_at	N92599	---	---	-2,47	1,03E-04
ECHDC3	219298_at	NM_024693	NM_024693	79746	-2,47	7,27E-04
NEBL	203961_at	AL157398	NM_006393	10529	-2,43	4,07E-04
			NM_213569			
RAC2	207419_s_at	NM_002872	NM_002872	5880	-2,42	2,93E-03
BF672306	229189_s_at	BF672306	---	---	-2,42	1,43E-03
CYP2E1	209975_at	AF182276	NM_000773	1571	-2,41	4,83E-03
NEBL	203962_s_at	NM_006393	NM_006393	10529	-2,40	9,78E-04
			NM_213569			
BE045392	243028_x_at	BE045392	---	---	-2,40	3,93E-03
LOC33929 0	217506_at	H49382	XM_375527	339290	-2,38	1,30E-05
PPAPDC1	236044_at	BF130943	XM_113641	196051	-2,35	1,18E-04
CYP2E1	209976_s_at	AF182276	NM_000773	1571	-2,34	7,08E-03
ASAM	228082_at	BF056275	NM_024769	79827	-2,32	6,80E-04
ICAM2	204683_at	NM_000873	NM_000873	3384	-2,32	7,89E-03
MEGF11	1552439_s_at	NM_032445	NM_032445	84465	-2,31	2,69E-03
CDS1	226185_at	AK026697	NM_001263	1040	-2,31	4,59E-05
ADARB1	203865_s_at	NM_015833	NM_001112	104	-2,30	2,34E-03
			NM_015833			
			NM_015834			
ELMO1	204513_s_at	NM_014800	NM_014800	9844	-2,30	9,13E-03
			NM_130442			
BC039553	1559544_s_at	BC039553	---	---	-2,29	2,32E-03
IGFBP5	211959_at	AW007532	NM_000599	3488	-2,27	8,27E-03
C6orf198	227834_at	AL589605	XM_371849	167838	-2,22	5,80E-03
AI826125	229866_at	AI826125	---	---	-2,20	1,50E-04
NLF1	241031_at	BE218239	NM_207322	145741	-2,19	3,17E-03
C6orf154	235935_at	AI539370	XM_168060	221424	-2,18	8,19E-04
GAL	214240_at	AL556409	NM_015973	51083	-2,17	3,60E-03
CFC1	223753_s_at	AF312769	NM_032545	55997	-2,17	1,16E-04
LOC34440 5	237291_at	AI695007	XM_293034	344405	-2,16	1,83E-03
PTN	211737_x_at	BC005916	NM_002825	5764	-2,13	4,30E-04
PTGER2	206631_at	NM_000956	NM_000956	5732	-2,12	3,45E-05
DKFZp761 O011	207797_s_at	NM_018409	NM_018409	55805	-2,12	1,51E-03
C1GALT1 C1	238989_at	BF749723	NM_001011551	29071	-2,11	6,52E-04
			NM_152692			
AA757630	236724_at	AA757630	---	---	-2,08	7,95E-06
PDLIM3	209621_s_at	AF002280	NM_014476	27295	-2,08	9,67E-03
KCNMA1	221584_s_at	U11058	NM_002247	3778	-2,08	1,62E-04
TSAP6	218424_s_at	NM_018234	NM_00100841 0 NM_018234	55240	-2,07	6,98E-03

ES 2 689 703 T3

ST3GAL3	1555702_a_at	AF425866	NM_182915 NM_006279 NM_174963 NM_174964 NM_174965 NM_174966 NM_174967 NM_174968 NM_174969 NM_174970 NM_174971 NM_174972	6487	-2,03	6,54E-03
ZNF346	232753_at	AU147613	NM_012279	23567	-2,03	2,80E-04
SYT5	206161_s_at	AI659957	NM_003180	6861	-2,02	8,93E-03
HEBP2	203430_at	NM_014320	NM_014320	23593	-2,02	4,86E-05
C9orf19	225604_s_at	AA284532	NM_022343	152007	-2,02	1,60E-03
AKAP12	227529_s_at	BF511276	NM_005100 NM_144497	9590	-2,02	6,85E-05
FLJ20152	218532_s_at	NM_019000	NM_019000	54463	-2,01	2,04E-03
SYNPR	230303_at	H11380	NM_144642	132204	-1,99	7,36E-03
UBE2D3	230171_at	AW662789	NM_003340 NM_181886 NM_181887 NM_181888 NM_181889 NM_181890 NM_181891 NM_181892 NM_181893	7323	-1,97	7,18E-06
STAC2	228888_at	AI821472	NM_198993	342667	-1,96	4,27E-04
BE894882	235681_at	BE894882	---	---	-1,95	5,54E-03
AKAP12	210517_s_at	AB003476	NM_005100	9590	-1,94	6,61E-05
ZNF91	238466_at	R43486	NM_003430	7644	-1,93	2,26E-05
HIST1H2BK	209806_at	BC000893	NM_080593	85236	-1,92	1,28E-04
BF432875	235782_at	BF432875	XM_497668	388620	-1,91	5,20E-03
TMEM4	202857_at	NM_014255	NM_014255	10330	-1,91	5,19E-03
FCRH1	243968_x_at	AI572979	NM_052938	115350	-1,90	4,72E-04
AKAP12	227530_at	BF511276	NM_005100 NM_144497	9590	-1,89	1,05E-04
COL16A1	204345_at	NM_001856	NM_001856	1307	-1,89	4,40E-03
FLJ32752	229631_at	AL040892	NM_144666	144132	-1,89	3,14E-03
GPX7	213170_at	AA406605	NM_015696	2882	-1,89	3,82E-04
BF000047	235736_at	BF000047	---	---	-1,88	9,64E-03
FLJ25952	243786_at	AA454190	NM_153251	253832	-1,87	9,52E-05
ARTS-1	214012_at	BE551138	NM_016442	51752	-1,87	5,76E-03
RAC2	213603_s_at	BE138888	NM_002872	5880	-1,86	2,55E-03
IL7	206693_at	NM_000880	NM_000880	3574	-1,86	7,63E-03
B3GNT5	225612_s_at	BE672260	NM_032047	84002	-1,86	1,01E-03
BCL2	203685_at	NM_000633	NM_000633 NM_000657	596	-1,85	3,00E-03
ZAP128	202982_s_at	NM_006821	NM_006821	10965	-1,84	2,07E-03
AF085995	1561759_at	AF085995	---	---	-1,84	4,44E-04
UCN	206072_at	NM_003353	NM_003353	7349	-1,84	1,79E-04
CDH10	220115_s_at	NM_006727	NM_006727	1008	-1,83	1,73E-03
BF114967	231067_s_at	BF114967	---	---	-1,83	6,70E-06
ADAMTS1	222162_s_at	AK023795	NM_006988	9510	-1,82	1,09E-04
PPFIA4	214978_s_at	AK023365	NM_015053	8497	-1,82	6,27E-03
BE674309	230913_at	BE674309	---	---	-1,81	1,25E-03

ES 2 689 703 T3

AL355688	232081_at	AL355688	---	---	-1,80	1,15E-03
AI698684	1558626_at	AI698684	---	---	-1,78	3,33E-03
PRPH	213847_at	NM_006262	NM_006262	5630	-1,78	3,01E-03
PTGES	210367_s_at	AF010316	NM_004878	9536	-1,78	4,71E-06
			NM_198797			
HPCAL1	205462_s_at	NM_002149	NM_002149	3241	-1,77	3,68E-03
			NM_134421			
INSIG1	229370_at	BF507344	NM_005542	3638	-1,77	3,55E-04
			NM_198336			
			NM_198337			
RAB6B	221792_at	AW118072	NM_016577	51560	-1,77	1,12E-04
AI733281	239994_at	AI733281	---	---	-1,75	1,40E-03
NDFIP2	1568807_a_at	AI301081	NM_019080	54602	-1,75	2,04E-04
KIAA1598	221802_s_at	AU157109	NM_018330	57698	-1,74	1,10E-03
CAP2	212551_at	NM_006366	NM_006366	10486	-1,74	7,36E-03
TICAM2	228234_at	AI423165	NM_021649	353376	-1,73	1,46E-03
DSCAM	237268_at	BE503065	NM_001389	1826	-1,73	5,66E-04
			NM_206887			
MATN3	230390_at	AI809899	NM_002381	4148	-1,72	2,82E-04
AL833383	1563776_at	AL833383	---	---	-1,71	6,57E-06
C21orf109	1553608_a_at	NM_138968	---	193629	-1,70	9,95E-03
FLJ35390	1569089_a_at	BC024303	---	255031	-1,70	2,94E-03
AF052119	214821_at	AF052119	---	---	-1,69	6,58E-04
M160	223655_at	AF264014	NM_174941	283316	-1,69	9,95E-03
AI588962	230477_at	AI588962	---	---	-1,69	8,76E-05
DKFZp313	1555906_s_at	AI147556	NM_173826	285343	-1,69	2,73E-04
N062						
DRD1IP	219896_at	NM_015722	NM_015722	50632	-1,69	4,68E-03
DKFZp313	226688_at	AW003508	NM_173826	285343	-1,68	8,18E-03
N062						
AW45042	236373_at	AW450420	---	---	-1,66	8,61E-03
0						
LOC13330	1564746_at	BC009732	NM_178833	133308	-1,65	1,14E-04
8						
AL037414	230055_at	AL037414	---	---	-1,63	9,73E-05
RGAG4	227823_at	BE348679	XM_291322	340526	-1,63	4,87E-05
APOBEC3	204205_at	NM_021822	NM_021822	60489	-1,62	9,31E-03
G						
BTN3A3	38241_at	U90548	NM_006994	10384	-1,62	2,24E-03
			NM_197974			
LOC13330	229491_at	BF433180	NM_178833	133308	-1,61	8,27E-04
8						
C21orf66	239407_at	AI793248	NM_013329	94104	-1,61	6,82E-03
			NM_016631			
			NM_058191			
			NM_145328			
DKFZp761	229254_at	BE550027	NM_181644	148808	-1,60	3,14E-03
N111						
DSCAM	211484_s_at	AF023450	NM_001389	1826	-1,60	1,94E-04
			NM_206887			
ADAMTS1	222486_s_at	AF060152	NM_006988	9510	-1,59	4,21E-03
LOC28605	241370_at	AA278233	---	286052	-1,59	8,30E-05
2						
MGC4015	239754_at	BE671886	NM_152350	125144	-1,59	9,45E-03
7						
ZNF571	206648_at	NM_016536	NM_016536	51276	-1,59	1,41E-03
LIPT1	242053_at	AW665279	NM_015929	51601	-1,59	3,26E-04
			NM_145196			
			NM_145197			
			NM_145198			

ES 2 689 703 T3

			NM_145199			
FBI4	238081_at	AI694300	NM_205857	404201	-1,58	1,29E-03
FLJ11286	53720_at	AI862559	NM_018381	55337	-1,58	1,79E-03
FLJ30294	1553301_a_at	NM_144632	NM_144632	130827	-1,57	1,18E-04
HUMRGE/M100	UMRGE/M1009-HUMRGE/M100		---	---	-1,57	8,64E-03
HADHA	232590_at	AK025919	NM_000182	3030	-1,57	4,01E-03
NEDL1	243743_at	AI373512	NM_015052	23072	-1,56	9,50E-04
BF114745	235459_at	BF114745	---	---	-1,56	1,20E-03
FLJ13614	226521_s_at	AK023676	NM_139076	84142	-1,55	2,64E-03
AI276956	230766_at	AI276956	---	---	-1,54	4,30E-03
AI765942	243914_at	AI765942	---	---	-1,54	6,05E-03
TBC1D10	226613_at	AI742029	NM_031937	83874	-1,53	5,51E-03
IL10RB	209575_at	BC001903	NM_000628	3588	-1,53	1,40E-05
GLT25D2	209883_at	AF288389	NM_015101	23127	-1,52	3,20E-05
AI971535	229626_at	AI971535	XM_370691	387856	-1,52	8,91E-03
FLJ13614	233543_s_at	AK021582	NM_139076	84142	-1,51	9,66E-03
BF432855	237364_at	BF432855	---	---	-1,51	2,88E-05
AI590198	243418_at	AI590198	---	---	-1,50	5,83E-03
B7	206076_at	NM_006992	NM_006992	10233	-1,50	3,23E-03
			NM_201650			
PDGFRB	202273_at	NM_002609	NM_002609	5159	-1,49	1,88E-03
MCTP1	220122_at	NM_024717	NM_00100279 6	79772	-1,49	5,73E-04
			NM_024717			
AA747287	242273_at	AA747287	---	---	-1,48	9,43E-03
GPR123	239221_at	AI884909	NM_032422	84435	-1,48	1,25E-03
C10orf57	222545_s_at	AA029276	NM_025125	80195	-1,48	3,36E-03
HPCAL1	212552_at	BE617588	NM_002149	3241	-1,48	9,71E-04
			NM_134421			
LOC28436	229289_at	AL517395	NM_175063	284361	-1,48	2,00E-03
1						
			NM_206538			
PDE4DIP	213388_at	H15535	NM_00100281 0	9659	-1,47	1,48E-03
			NM_00100281 1			
			NM_00100281 2			
			NM_014644			
			NM_022359			
LOC44142	236453_at	AW243154	XR_000264	441422	-1,47	2,36E-05
2						
AA976778	230679_at	AA976778	---	---	-1,46	1,46E-05
FBI4	241401_at	BG496631	NM_205857	404201	-1,46	1,53E-03
C14orf149	227699_at	BF511003	NM_144581	112849	-1,45	1,61E-03
FBI4	1562953_s_at	BC019264	NM_205857	404201	-1,45	5,64E-03
AI758408	227235_at	AI758408	---	---	-1,45	1,51E-03
TMEM5	204808_s_at	NM_014254	NM_014254	10329	-1,44	3,94E-03
BF111884	230491_at	BF111884	---	---	-1,44	3,82E-04
COL27A1	225293_at	AK021957	NM_032888	85301	-1,44	6,78E-03
AA705933	239866_at	AA705933	---	---	-1,44	5,37E-03
PTN	209466_x_at	M57399	NM_002825	5764	-1,43	9,60E-04
COL6A1	213428_s_at	AA292373	NM_001848	1291	-1,43	7,05E-03
DKFZp313	241666_at	BG493222	NM_173826	285343	-1,43	8,80E-04
N062						
BF241692	238491_at	BF241692	---	---	-1,43	8,44E-04
NR1H3	203920_at	NM_005693	NM_005693	10062	-1,42	8,44E-03
DKFZP43	231954_at	AL137273	---	54553	-1,42	2,11E-03
4I071						
AI927692	228528_at	AI927692	---	---	-1,41	9,58E-04
SH3GL2	205751_at	NM_003026	NM_003026	6456	-1,41	1,80E-05
SNF1LK	208078_s_at	NM_030751	NM_173354	150094	-1,40	9,31E-04
LGALS3B	200923_at	NM_005567	NM_005567	3959	-1,40	1,13E-05
P						

ES 2 689 703 T3

AI796536	229810_at	AI796536	---	---	-1,40	2,02E-03
DUSP22	226440_at	BE222746	NM_020185	56940	-1,40	2,32E-03
DUSP16	224336_s_at	AB052156	NM_030640	80824	-1,39	1,91E-03
BF591692	231532_at	BF591692	---	---	-1,39	3,15E-04
CAMK2D	228555_at	AA029441	NM_001221	817	-1,39	2,14E-04
			NM_172115			
			NM_172127			
			NM_172128			
HRMT1L1	202098_s_at	NM_001535	NM_001535	3275	-1,39	4,67E-06
			NM_206962			
DISP1	228184_at	AK023679	NM_032890	84976	-1,39	2,54E-05
MAP3K5	203836_s_at	D84476	NM_005923	4217	-1,39	1,24E-03
H46176	237083_at	H46176	---	---	-1,38	8,44E-03
RPL37	224767_at	AL044126	NM_000997	6167	-1,37	1,60E-03
TIMP1	201666_at	NM_003254	NM_003254	7076	-1,37	7,35E-03
PTGES	207388_s_at	NM_004878	NM_004878	9536	-1,37	6,78E-03
			NM_198797			
SCRG1	205475_at	NM_007281	NM_007281	11341	-1,37	1,72E-03
LOC15368	232794_at	AL137383	---	153682	-1,36	2,78E-04
2						
LOC14617	230721_at	BF436957	NM_173501	146174	-1,36	1,19E-04
4						
DUSP22	218845_at	NM_020185	NM_020185	56940	-1,36	3,43E-06
PH-4	222125_s_at	BC000580	NM_017732	54681	-1,35	5,67E-04
			NM_177938			
			NM_177939			
DJ462O23	225876_at	T84558	NM_020448	57185	-1,35	1,26E-03
,2						
CDKN2A	209644_x_at	U38945	NM_000077	1029	-1,35	1,67E-04
			NM_058195			
			NM_058197			
DNER	226281_at	BF059512	NM_139072	92737	-1,35	1,29E-04
ANKH	220076_at	NM_019847	NM_054027	56172	-1,34	4,18E-03
TBC1D10	233528_s_at	AC004997	NM_031937	83874	-1,34	1,10E-03
C1orf21	221272_s_at	NM_030806	NM_030806	81563	-1,34	5,15E-04
NMB	205204_at	NM_021077	NM_021077	4828	-1,33	1,42E-04
			NM_205858			
SLC16A1	1560579_s_at	BC023568	NM_003051	6566	-1,33	8,18E-03
BE672499	230962_at	BE672499	---	---	-1,32	7,98E-03
C21orf57	227421_at	BF026326	NM_00100611 4	54059	-1,31	2,23E-06
			NM_058181			
C1orf21	223127_s_at	AW003850	NM_030806	81563	-1,31	2,69E-03
LOC91526	228471_at	AA744636	NM_153697	91526	-1,31	6,93E-03
FHL2	202949_s_at	NM_001450	NM_001450	2274	-1,31	1,03E-03
			NM_201555			
			NM_201556			
			NM_201557			
NM_02459	219202_at	NM_024599	---	---	-1,31	6,35E-03
9						
C10orf57	218174_s_at	NM_025125	NM_025125	80195	-1,31	7,96E-03
LOC19639	226258_at	BG031897	NM_207337	196394	-1,30	8,09E-04
4						
AK001829	232594_at	AK001829	XM_498704	440498	-1,30	2,12E-03
BE551142	241091_at	BE551142	XM_497668	388620	-1,29	2,90E-03
ZFP28	234300_s_at	AF226995	NM_020828	140612	-1,29	6,22E-04
BE046461	215303_at	BE046461	---	---	-1,29	9,65E-03
PCDHAC2	224539_s_at	AF152474		56134	-1,28	4,06E-03
			NM_018899			
			NM_031883			
RPL37	224763_at	BF724210	NM_000997	6167	-1,28	6,11E-03

ES 2 689 703 T3

AI631072 MGC3982 1	228638_at 1555363_s_at	AI631072 BC034236	---	---	-1,28 -1,28	1,12E-03 1,45E-03
ATP6V1E 2	1552286_at	NM_080653	XM_498465 XM_499595 NM_080653	284440 90423	-1,28	2,19E-03
DTX3L ZNF258	225415_at 213698_at	AA577672 AI805560	NM_138287 NM_007167 NM_145310	151636 9204	-1,26 -1,26	6,35E-03 4,04E-03
RHOU RFX2	223168_at 226872_at	AL096776 AK024288	NM_021205 NM_000635 NM_134433	58480 5990	-1,26 -1,25	2,56E-04 5,59E-03
LOC40252 4	242206_at	AW590588	XM_379850	402524	-1,25	2,69E-04
NEFH HRMT1L1	33767_at 228722_at	X15306 AI928367	NM_021076 NM_001535 NM_206962	4744 3275	-1,25 -1,25	4,29E-03 1,86E-03
AI963605 NDUFV3	230269_at 226616_s_at	AI963605 NM_021075	---	---	-1,24 -1,24	2,72E-03 6,22E-04
NOTCH4 LOC40132 1	205247_at 1560371_at	AI743713 BI823265	NM_004557 XM_379483	4855 401321	-1,24 -1,24	2,38E-03 3,08E-03
SMPD1	209420_s_at	M59916	XM_380099 NM_000543 NM_00100759 3	6609	-1,24	2,86E-03
RAB6B BRUNOL6 MCTP1	225259_at 227775_at 235740_at	AI805050 BE467313 BG250585	NM_016577 NM_052840 NM_00100279 6 NM_024717	51560 60677 79772	-1,24 -1,24 -1,24	5,78E-03 2,38E-04 3,07E-04
PHLDB3 PLRG1 C9orf19 MGC1603 7	1557948_at 227246_at 225602_at 229050_s_at	BC007947 BF438014 H92988 AL533103	NM_198850 NM_002669 NM_022343 ---	284345 5356 152007 84973	-1,23 -1,23 -1,23 -1,23	5,46E-04 4,56E-03 4,21E-03 9,30E-03
PLP2 LOC91526 ZNF404 CNN1 AI862542 FHL3 LOC90246 ARMCX5 LOC38822 7	201136_at 226641_at 239043_at 203951_at 235696_at 218818_at 233835_at 1555902_at 229107_at	NM_002668 AU157224 AA084273 NM_001299 AI862542 NM_004468 AK023635 BC022066 AW629461	NM_002668 NM_153697 XM_292765 NM_001299 ---	5355 91526 342908 1264	-1,21 -1,21 -1,21 -1,20	2,30E-03 9,94E-03 8,85E-04 5,29E-03
C6orf52 ZNF606 C10orf39 FVT1 TAF12 AI929792 PDCD2	236504_x_at 219635_at 233076_at 1558279_a_at 209463_s_at 236081_at 228420_at	BE670432 NM_025027 AL137551 BF666293 D50544 AI929792 AW590850	XM_371798 NM_025027 NM_194303 NM_002035 NM_005644 ---	347744 80095 282973 2531 6883 ---	-1,19 -1,19 -1,19 -1,19 -1,18 -1,18	9,06E-03 2,38E-03 6,97E-04 3,09E-03 3,00E-04 2,41E-05
ETFDH CD302 N30152 MGC1133 2	33494_at 203799_at 229850_at 213403_at	S69232 NM_014880 N30152 BF223370	NM_004453 NM_014880 ---	2110 9936 ---	-1,18 -1,17 -1,17	6,70E-03 9,28E-03 5,16E-03
SPIN3 PHKA1	1554099_a_at 229876_at	BC032490 BE503584	NM_001010862 NM_002637	169981 5255	-1,17 -1,17	1,85E-05 2,72E-04

ES 2 689 703 T3

PCNXL2	1554256_a_at	BC008300	NM_014801	80003	-1,17	8,67E-05
LOC284409	239995_at	AI692774	NM_024938			
			XM_211447	284409	-1,17	1,43E-04
AV704017	222376_at	AV704017	---	---	-1,16	4,90E-03
AI767751	228084_at	AI767751	---	---	-1,16	6,90E-05
FLJ30294	238578_at	BF574691	NM_144632	130827	-1,16	2,44E-06
BTN3A1	209770_at	U90552	NM_007048	11119	-1,16	4,37E-03
			NM_194441			
ZC3HDC6	241372_at	R34135	NM_198581	376940	-1,16	4,27E-05
LOC285550	236321_at	AW439843	XM_209656	285550	-1,16	6,99E-03
MGC11332	213393_at	AI767210	NM_032718	84804	-1,15	7,85E-03
CYP2U1	226402_at	AK026498	NM_183075	113612	-1,15	2,05E-03
OPTN	202074_s_at	NM_021980	NM_001008211	10133	-1,15	7,05E-03
			NM_001008212			
			NM_001008213			
			NM_021980			
D4S234E	209569_x_at	NM_014392	NM_014392	27065	-1,15	1,26E-03
GUCY1A3	221942_s_at	AI719730	NM_000856	2982	-1,15	4,01E-04
C18orf18	229829_at	AA429735	---	147525	-1,14	7,95E-03
DUSP16	224832_at	AB051487	NM_030640	80824	-1,14	2,08E-04
C21orf25	212875_s_at	AP001745	NM_199050	25966	-1,13	2,32E-03
DKFZP434B172	232124_at	AL117530	XM_046264	26172	-1,13	1,47E-03
AKT2	236664_at	AA448167	NM_001626	208	-1,13	5,51E-03
FGF7	1554741_s_at	AF523265	NM_002009	2252	-1,13	2,06E-03
FLJ30435			NM_174950	387628		
SPOCK2	202524_s_at	NM_014767	NM_014767	9806	-1,12	8,32E-03
ULK2	204063_s_at	NM_014683	NM_014683	9706	-1,12	5,36E-03
DCTD	201571_s_at	AI656493	NM_001921	1635	-1,12	9,86E-05
BACE1	217904_s_at	NM_012104	NM_012104	23621	-1,12	1,17E-03
			NM_138971			
			NM_138972			
			NM_138973			
BC006438	224519_at	BC006438	XR_000264	441422	-1,12	9,10E-04
AW192692	227917_at	AW192692	---	---	-1,12	3,83E-06
AGA	216064_s_at	W27131	NM_000027	175	-1,12	8,70E-03
AI887898	228423_at	AI887898	XM_374094	389237	-1,12	4,40E-03
AV714268	242323_at	AV714268	---	---	-1,11	2,68E-04
CXorf50	242292_at	H12084	NM_152693	203429	-1,11	4,02E-04
BC040287	1558605_at	BC040287	---	---	-1,11	7,41E-03
RSHL2	223713_at	AF353618	NM_031924	83861	-1,11	4,32E-05
AI042344	240121_x_at	AI042344	---	---	-1,11	1,04E-03
GTDC1	239390_at	BE327650	NM_001006636	79712	-1,11	5,93E-03
			NM_024659			
MGC14425	1552665_at	NM_032903	---	84989	-1,11	1,79E-03
ERBB2	216836_s_at	X03363	NM_001005862	2064	-1,11	1,73E-05
			NM_004448			
C21orf51	228239_at	AA148789	NM_058182	54065	-1,11	7,04E-06
FLJ35220	238401_at	AI311040	NM_173627	284131	-1,11	2,38E-08
SAMD4	212845_at	AB028976	NM_015589	23034	-1,10	5,48E-03
CLCN3	201734_at	AI760629	NM_001829	1182	-1,10	9,57E-03
			NM_173872			
FLJ31265	238515_at	BF687577	NM_152395	131870	-1,10	7,24E-04
ITGB1BP1	203337_x_at	NM_004763	NM_004763	9270	-1,10	2,94E-03
			NM_022334			

ES 2 689 703 T3

AW46748 0	236202_at	AW467480	---	---	-1,09	3,18E-03
LIFR	225575_at	AI680541	NM_002310	3977	-1,09	6,39E-03
PCDHB16	232099_at	AB046841	NM_020957	57717	-1,09	5,69E-03
AI304870	236574_at	AI304870	---	---	-1,09	4,77E-03
LOC15737 8	241342_at	BG288115	NM_194291	157378	-1,09	7,42E-03
M19720	214058_at	M19720	---	---	-1,09	6,67E-03
LOC90693	228087_at	AK026684	NM_138771	90693	-1,08	6,62E-06
C10orf104	229145_at	AA541762	NM_173473	119504	-1,08	3,73E-03
KIAA1324	221874_at	AB037745	NM_020775	57535	-1,07	1,16E-04
FGF19	223761_at	AF110400	NM_005117	9965	-1,07	8,40E-03
AI768374	228661_s_at	AI768374	---	---	-1,07	9,53E-04
PLRG1	225194_at	NM_002669	NM_002669	5356	-1,07	8,76E-05
AI821995	240201_at	AI821995	---	---	-1,07	5,19E-03
LOC40092 4	226956_at	AW025389	XM_376003	400924	-1,07	6,57E-04
SLC22A5	205074_at	NM_003060	NM_003060	6584	-1,07	4,71E-03
DALRD3	221934_s_at	BF941492	NM_00100996 NM_018114	55152	-1,07	8,88E-03
AL122040	232429_at	AL122040	---	---	-1,07	1,70E-06
FLJ10490	220151_at	NM_018111	NM_018111	55150	-1,07	4,45E-04
ABTB1	229164_s_at	AI337369	NM_032548 NM_172027 NM_172028	80325	-1,07	5,29E-03
AI569997	242610_x_at	AI569997	---	---	-1,06	7,58E-03
ZNF285	236328_at	AW513227	NM_152354	26974	-1,06	2,76E-04
FSTL1	208782_at	BC000055	NM_007085	11167	-1,06	9,38E-03
TAF1B	235673_at	AI436217	NM_005680	9014	-1,06	2,05E-03
BF002625	229530_at	BF002625	---	---	-1,06	6,62E-04
PEX6	204545_at	NM_000287	NM_000287	5190	-1,06	4,66E-05
ZNF258	219924_s_at	NM_007167	NM_007167 NM_145310	9204	-1,06	5,59E-03
BE467383	228932_at	BE467383	XM_497668	388620	-1,06	3,42E-03
TIGD4	232998_at	AK024235	NM_145720	201798	-1,06	7,64E-04
HCG8	215985_at	X92110	---	80869	-1,05	5,10E-03
PTPRD	214043_at	BF062299	NM_002839 NM_130391 NM_130392 NM_130393	5789	-1,05	2,37E-03
MAN2A2	219999_at	NM_018621	NM_006122	4122	-1,05	3,41E-03
CHC1	206499_s_at	NM_001269	NM_001269	1104	-1,05	3,22E-03
DUSP16	1558739_at	R30807	NM_030640	80824	-1,04	6,86E-04
PLEKHA2	238013_at	BF347859	XM_496973	59339	-1,04	7,63E-03
RODH	37512_at	U89281	NM_003725	8630	-1,04	2,71E-03
TMEM42	226361_at	BF056095	NM_144638	131616	-1,04	2,56E-03
MGC4655	226058_at	AI651445	NM_033309	84752	-1,04	4,77E-04
LMNA	203411_s_at	NM_005572	NM_005572 NM_170707 NM_170708	4000	-1,04	6,43E-03
AL552727	244080_at	AL552727	---	---	-1,04	1,69E-03
ALLC	220365_at	NM_018436	NM_018436 NM_199232	55821	-1,04	3,61E-03
KIAA0543	213444_at	AB011115	XM_376720 XM_379967	23145	-1,04	3,24E-07
TRIM61	238990_x_at	AI763262	XM_373038	391712	-1,04	3,91E-03
AA156605	226798_at	AA156605	---	---	-1,04	1,65E-03
STX12	212111_at	AA628051	NM_177424	23673	-1,03	9,08E-07
PHF17	225816_at	AW138134	NM_024900	79960	-1,03	9,73E-03

ES 2 689 703 T3

AL042817	225553_at	AL042817	NM_199320			
HEL308	228736_at	AW084661	---	---	-1,03	2,32E-04
LOC44038	228855_at	AI927964	NM_133636	113510	-1,03	9,31E-04
8			XM_496170	440388	-1,03	2,15E-03
ANKRA2	218769_s_at	NM_023039	NM_023039	57763	-1,03	3,79E-04
SH3KBP1	223082_at	AF230904	NM_031892	30011	-1,03	5,39E-04
MAP7	202890_at	AW242297	NM_003980	9053	-1,03	9,43E-03
AI263044	214376_at	AI263044	---	---	-1,03	4,37E-03
D4S234E	209570_s_at	BC001745	NM_014392	27065	-1,03	5,33E-03
BF510563	228561_at	BF510563	---	---	-1,03	7,28E-03
LOC15737	238045_at	BG167675	NM_194291	157378	-1,02	9,58E-03
8						
BF510762	230262_at	BF510762	---	---	-1,02	3,17E-03
SLC2A11	1558540_s_at	AK055523	NM_030807	66035	-1,01	5,49E-03
INPP5A	1554757_a_at	AF273055	NM_005539	3632	-1,01	3,78E-03
CARD10	210026_s_at	AY028896	NM_014550	29775	-1,01	4,13E-03
EFNB3	205031_at	NM_001406	NM_001406	1949	-1,01	2,94E-03
SVH	1554480_a_at	AY150851	NM_031905	83787	-1,01	4,33E-05
PP1057	220968_s_at	NM_031285	---	83441	-1,01	3,02E-04
LOC40132	238540_at	AA933883	XM_379482	401320	-1,00	1,29E-03
0						
GNB5	211871_x_at	AF300650	XM_380098			
			NM_006578	10681	-1,00	2,54E-03
			NM_016194			
BE549742	230724_s_at	BE549742	---	---	-1,00	3,40E-03
MGC3464	228604_at	AI805069	NM_152660	199870	-1,00	2,70E-03
8						
AL390170	213904_at	AL390170	---	---	-1,00	4,30E-03
LOC40071	232315_at	AU149712	XR_000217	400713	-1,00	1,91E-03
3						
DKFZP43	204494_s_at	AW516789	NM_015492	56905	-1,00	2,50E-04
4H132						
DBT	231919_at	AK024946	NM_001918	1629	-1,00	3,13E-04
AI459157	225066_at	AI459157	---	---	-1,00	1,73E-03
WASL	227010_at	BF438330	NM_003941	8976	-1,00	3,51E-04
SH3KBP1	1554168_a_at	AF542051	NM_031892	30011	-0,99	9,41E-04
LOC33980	227941_at	AW327931	---	339803	-0,99	7,41E-04
3						
NM_01792	219574_at	NM_017923	---	---	-0,99	1,05E-04
3						
HMGCLL1	232305_at	AF131827	NM_019036	54511	-0,99	7,25E-06
MGC2989	235259_at	AA398590	NM_145048	133015	-0,99	2,85E-03
8						
LIN7B	219760_at	NM_022165	NM_022165	64130	-0,99	6,61E-06
AI161338	65472_at	AI161338	XM_371506	388969	-0,99	7,88E-03
PIGH	209625_at	BC004100	NM_004569	5283	-0,99	6,18E-04
RRN3	216902_s_at	AF001549	NM_018427	54700	-0,98	1,48E-05
BE646451	235893_at	BE646451	---	---	-0,98	1,01E-03
KIAA1223	225735_at	AL110131	XM_048747	57182	-0,98	9,14E-04
SLC18A2	1553328_a_at	NM_003054	NM_003054	6571	-0,98	5,03E-03
C19orf4	219005_at	NM_012109	NM_012109	25789	-0,98	2,75E-03
D4S234E	213533_at	M98528	NM_014392	27065	-0,98	2,97E-04
CAPN2	208683_at	M23254	NM_001748	824	-0,98	7,76E-03
TMEM23	212989_at	AI377497	NM_147156	259230	-0,98	5,42E-03
NEFH	204412_s_at	NM_021076	NM_021076	4744	-0,98	9,35E-03
ANXA5	200782_at	NM_001154	NM_001154	308	-0,98	5,17E-03
AI955713	227193_at	AI955713	---	---	-0,97	5,36E-08
LOC28442	231982_at	AF161441	XM_209196	284422	-0,97	7,92E-03
2						

ES 2 689 703 T3

KCTD18	226493_at	AI627249	NM_152387	130535	-0,97	3,04E-05
LOC90024	228832_at	AI884670	XM_028217	90024	-0,97	7,03E-03
CA442342	1556097_at	CA442342	---	---	-0,97	3,17E-03
LOC90639	235533_at	AW021673	---	90639	-0,97	4,53E-03
HDAC4	228813_at	AW206037	NM_006037	9759	-0,96	3,30E-03
BC040901	1559535_s_at	BC040901	---	---	-0,96	6,19E-03
BBS7	235007_at	AI683802	NM_018190	55212	-0,96	1,86E-03
			NM_176824			
MGC4862	1569039_s_at	BC029855	NM_182609	342926	-0,96	7,88E-05
5						
MBNL1	201151_s_at	BF512200	NM_021038	4154	-0,96	4,33E-03
			NM_207292			
			NM_207293			
			NM_207294			
			NM_207295			
			NM_207296			
			NM_207297			
CIB1	201953_at	NM_006384	NM_006384	10519	-0,96	2,33E-04
RPP21	218836_at	NM_024839	NM_024839	79897	-0,96	2,49E-03
CHC1	215747_s_at	X06130	NM_001269	1104	-0,96	4,49E-03
ACSL1	201963_at	NM_021122	NM_001995	2180	-0,95	5,71E-04
RHOU	223169_s_at	AB051826	NM_021205	58480	-0,95	1,29E-03
KIAA0773	205368_at	NM_014690	NM_014690	9715	-0,95	1,39E-03
PDPK1	32029_at	AC005591	NM_002613	5170	-0,95	4,56E-04
			NM_031268			
GNG8	234284_at	AF188179	NM_033258	94235	-0,95	5,33E-04
C14orf133	233140_s_at	AF111168	NM_022067	63894	-0,95	4,26E-04
ITR	231871_at	AU160685	NM_180989	160897	-0,95	5,11E-03
BC015852	1560570_a_at	BC015852	---	---	-0,95	6,20E-03
SNF1LK2	223430_at	AL136764	NM_015191	23235	-0,95	2,99E-03
CKLFSF1	235286_at	BG533580	NM_052999	113540	-0,95	5,78E-03
			NM_181268			
			NM_181269			
			NM_181270			
			NM_181271			
			NM_181272			
			NM_181283			
			NM_181285			
			NM_181286			
			NM_181287			
			NM_181288			
			NM_181289			
			NM_181290			
			NM_181292			
			NM_181293			
			NM_181294			
			NM_181295			
			NM_181296			
			NM_181297			
			NM_181298			
			NM_181299			
			NM_181300			
			NM_181301			
BTN3A3	204821_at	NM_006994	NM_006994	10384	-0,95	7,79E-05
			NM_197974			
PLEKHC1	209210_s_at	Z24725	NM_006832	10979	-0,94	2,90E-03
RNF41	201962_s_at	NM_005785	NM_005785	10193	-0,94	3,16E-03
			NM_194358			
			NM_194359			
NAP1L3	204749_at	NM_004538	NM_004538	4675	-0,94	2,43E-03

ES 2 689 703 T3

ZNF251	226754_at	W93231	XM_291262	90987	-0,94	1,04E-03
PLEKHA2	217677_at	BF542055	XM_496973	59339	-0,94	7,55E-03
SIDT2	56256_at	AA150165	NM_015996	51092	-0,94	3,96E-04
STX12	212112_s_at	AI816243	NM_177424	23673	-0,94	7,35E-05
STX17	228091_at	AI800609	NM_017919	55014	-0,94	6,04E-03
C2orf17	221983_at	AL040896	NM_024293	79137	-0,94	4,85E-03
ZFP28	234937_x_at	AC007228	NM_020828	140612	-0,94	3,30E-03
HLA-G	210514_x_at	AF226990	NM_002127	3135	-0,94	1,71E-04
MGC1480	224443_at	BC005997	NM_032705	84791	-0,93	9,68E-03
1						
N79601	242981_at	N79601	---	---	-0,93	4,16E-03
LOC28492	1556064_at	BQ575161	---	284926	-0,93	5,64E-03
6						
WDR9	225446_at	AI638279	NM_00100724 6	54014	-0,93	3,04E-04
			NM_018963			
			NM_033656			
AI652546	228853_at	AI652546	---	---	-0,93	4,31E-03
EIF4E3	238461_at	AA228031	---	317649	-0,92	5,07E-03
AU151944	236916_at	AU151944	---	---	-0,92	1,50E-03
ZNF610	235953_at	AA776810	NM_173530	162963	-0,92	3,79E-04
RGS14	38290_at	AF037195	NM_006480	10636	-0,92	1,22E-03
WDR24	223293_at	AL136863	NM_032259	84219	-0,92	5,54E-04
T87730	242500_at	T87730	---	---	-0,92	7,27E-03
AW61527	229423_at	AW615274	---	---	-0,92	8,89E-03
4						
SIRT5	219185_at	NM_012241	NM_012241	23408	-0,91	1,64E-03
			NM_031244			
MGC5428	225230_at	A1735261	NM_178454	128338	-0,91	9,98E-03
9						
LMNA	212089_at	M13452	NM_005572	4000	-0,91	7,00E-03
			NM_170707			
			NM_170708			
NINJ1	203045_at	NM_004148	NM_004148	4814	-0,91	3,51E-04
C9orf127	229729_at	BF507870	NM_016446	51754	-0,91	1,20E-04
LAF4	227198_at	AW085505	NM_002285	3899	-0,91	4,25E-05
ADPRHL2	223097_at	AF212236	NM_017825	54936	-0,91	1,91E-04
N21364	214202_at	N21364	---	---	-0,90	6,59E-06
LOC38872	231233_at	AI382195	XM_373881	388727	-0,90	1,97E-03
7						
ALU	FFX-	AFFX-hum_alu	NM_000021	---	-0,90	2,52E-03
Sequence,	hum_alu_a					
			NM_000136			
			NM_000141			
			NM_000144			
			NM_000202			
			NM_00022			
			NM_000230			
			NM_000294			
			NM_000297			
			NM_000314			
			NM_000356			
			NM_000364			
			NM_000382			
			NM_000441			
			NM_000484			
			NM_000527			
			NM_000554			
ACYP2	206833_s_at	NM_001108	NM_138448	98	-0,90	4,12E-03
EXOC7	212026_s_at	BE646386	NM_015219	23265	-0,90	1,03E-03

ES 2 689 703 T3

RPUSD3	225743_at	AI125996	NM_173659	285367	-0,90	3,62E-03
R15431	236440_at	R15431	---	---	-0,90	3,46E-05
AA194266	238728_at	AA194266	---	---	-0,90	8,94E-03
GNB5	207124_s_at	NM_006578	NM_006578	10681	-0,90	2,52E-04
			NM_016194			
TEX264	233350_s_at	AU158474	NM_015926	51368	-0,89	3,96E-04
TRIM32	1557315_a_at	AL134420	NM_012210	22954	-0,89	4,37E-03
BF342524	235074_at	BF342524	---	---	-0,89	2,65E-05
HADHA	236120_at	AW955973	NM_000182	3030	-0,89	8,56E-03
C21orf119	227424_x_at	AI800837	NM_032910	84996	-0,88	6,71E-03
CLN5	204085_s_at	NM_006493	NM_006493	1203	-0,88	6,71E-03
SAV1	218276_s_at	NM_021818	NM_021818	60485	-0,88	4,58E-03
HDHD3	221256_s_at	NM_031219	NM_031219	81932	-0,88	4,72E-03
EMID1	213779_at	AL031186	NM_133455	129080	-0,88	4,61E-05
GAL3ST3	1553257_at	AY026481	NM_033036	89792	-0,88	5,62E-03
USP44	224048_at	AL136825	NM_032147	84101	-0,88	1,11E-03
ACSL1	207275_s_at	NM_001995	NM_001995	2180	-0,87	9,24E-03
AK024681	231972_at	AK024681	---	---	-0,87	6,32E-03
AL527331	238716_at	AL527331	---	---	-0,87	3,42E-03
KIAA0711	204301_at	NM_014867	NM_014867	9920	-0,87	5,63E-07
NOL3	221566_s_at	AF043244	NM_003946	8996	-0,87	4,45E-03
AW23695	1557117_at	AW236954	---	---	-0,87	1,02E-03
	4					
MRPS33	218654_s_at	NM_016071	NM_016071	51650	-0,87	5,05E-03
			NM_053035			
SLC19A1	229489_at	AI681043	NM_003056	6573	-0,87	4,84E-04
			NM_194255			
ATP2C1	209935_at	AF225981	NM_00100148 5	27032	-0,87	1,03E-03
			NM_00100148 6			
			NM_00100148 7			
			NM_014382			
MBNL1	201153_s_at	NM_021038	NM_021038	4154	-0,87	2,49E-04
			NM_207292			
			NM_207293			
			NM_207294			
			NM_207295			
			NM_207296			
			NM_207297			
MGC5211	226039_at	AW006441	NM_00100821E	493753	-0,86	1,48E-03
	0					
OTUB2	219369_s_at	NM_023112	NM_023112	78990	-0,86	4,20E-03
ZNF558	227810_at	AW119060	NM_144693	148156	-0,86	1,86E-04
ANKH	229176_at	A1672354	NM_054027	56172	-0,86	8,12E-03
SYNE1	209447_at	AF043290	NM_015293	23345	-0,86	3,81E-03
			NM_033071			
			NM_133650			
			NM_182961			
MGC3509	225755_at	AI160540	NM_173546	200942	-0,86	6,77E-03
	7					
AI471969	239278_at	AI471969	---	---	-0,86	2,25E-03
OR6M1	227112_at	AW270037	NM_00100532E	390261	-0,86	2,99E-04
DSCR3	217309_s_at	AJ001867	NM_006052	10311	-0,86	1,52E-04
VGLL4	212399_s_at	D50911	NM_014667	9686	-0,86	1,90E-03
RNH	206050_s_at	NM_002939	NM_002939	6050	-0,85	1,17E-03
			NM_203383			
			NM_203384			
			NM_203385			
			NM_203386			
			NM_203387			
			NM_203388			

ES 2 689 703 T3

EIF3S2	208756_at	U36764	NM_203389			
CHCHD5	235825_at	AI057238	NM_003757	8668	-0,85	3,95E-04
FLJ25715	231952_at	AU157271	NM_032309	84269	-0,85	2,48E-03
H28915	244359_s_at	H28915	NM_182570	284241	-0,85	4,49E-03
SVH	223328_at	BC003586	XM_496692	441014	-0,85	2,81E-03
BRD4	238612_at	AW298070	NM_031905	83787	-0,85	2,28E-03
			NM_014299	23476	-0,85	4,92E-04
			NM_058243			
PLEKHC1	209209_s_at	AW469573	NM_006832	10979	-0,85	9,05E-03
LOC220930	229090_at	AK026657	---	220930	-0,85	5,83E-04
AW665538	244532_x_at	AW665538	XM_496692	441014	-0,85	3,20E-03
DKFZp727A071	227348_at	AW409848	NM_152268	25973	-0,85	4,70E-05
STK19	36019_at	L26260		8859	-0,85	1,10E-03
			NM_004197			
			NM_032454			
DCTD	210137_s_at	BC001286	NM_001921	1635	-0,84	7,33E-03
AMT	204294_at	NM_000481	NM_000481	275	-0,84	1,21E-03
ERBB4	206794_at	NM_005235	NM_005235	2066	-0,84	7,70E-03
AI003508	244114_x_at	AI003508	XM_496690	401131	-0,84	2,43E-03
CNOT6L	227119_at	BF103856	NM_144571	246175	-0,84	1,58E-04
LRRC14	32062_at	D25216	NM_014665	9684	-0,84	1,95E-03
AI796858	236164_at	AI796858	---	---	-0,84	8,09E-03
SUMF2	225002_s_at	BE349022	NM_015411	25870	-0,84	1,85E-03
CLN8	229958_at	W93695	NM_018941	2055	-0,84	1,34E-03
TDRKH	221052_at	NM_006862	NM_006862	11022	-0,84	1,92E-03
BF340290	225220_at	BF340290	---	---	-0,84	8,97E-03
LNK	227293_at	AI264003	NM_032622	84708	-0,84	2,20E-03
ADCK1	227482_at	AI097656	NM_020421	57143	-0,83	4,63E-03
FLJ31340	235301_at	AI797353	NM_152748	222223	-0,83	9,27E-04
FLJ12716	218179_s_at	NM_021942	NM_021942	60684	-0,83	3,97E-04
			NM_199053			
ACP6	218795_at	NM_016361	NM_016361	51205	-0,83	7,19E-04
KIAA0543	226808_at	AW771007	XM_376720	23145	-0,83	2,42E-04
			XM_379967			
PAK6	1555310_a_at	BC035596	NM_020168	56924	-0,83	2,78E-03
TXNDC4	208958_at	AI827677	NM_015051	23071	-0,83	1,35E-03
PAM	202336_s_at	NM_000919	NM_000919	5066	-0,83	4,55E-03
			NM_138766			
			NM_138821			
			NM_138822			
LOC57149	203897_at	BE963444	NM_020424	57149	-0,82	1,05E-04
DCP1B	226093_at	AW204088	NM_152640	196513	-0,82	6,19E-04
FLJ12716	233558_s_at	AK023390	NM_021942	60684	-0,82	8,71E-04
			NM_199053			
TP53TG3	220167_s_at	NM_015369	NM_015369	24150	-0,82	3,88E-04
			NM_016212			
OCIAD2	225314_at	BG291649	NM_152398	132299	-0,82	8,74E-03
C14orf133	218431_at	NM_022067	NM_022067	63894	-0,82	9,75E-04
FLJ38991	227442_at	BG283902	NM_173827	285521	-0,82	2,25E-03
FLJ31340	244317_at	BF035563	NM_152748	222223	-0,82	5,35E-03
DSCR3	203635_at	NM_006052	NM_006052	10311	-0,82	8,42E-04
PDCD2	204025_s_at	NM_002598	NM_002598	5134	-0,81	5,01E-04
			NM_144781			
DKFZP564D166	224952_at	BF115054	XM_371074	26115	-0,81	3,50E-04
FLJ13231	219381_at	NM_023073	NM_023073	65250	-0,81	9,78E-03
CDC37L1	235787_at	T65394	NM_017913	55664	-0,81	7,07E-04

ES 2 689 703 T3

WDTC1	215497_s_at	AK023778	NM_015023	23038	-0,81	5,43E-04
LOC94431	216908_x_at	AF001549	NM_145237	94431	-0,81	3,74E-06
SEC31L1	215009_s_at	U92014	NM_014933	22872	-0,81	2,06E-03
			NM_016211			
ZNF148	230821_at	AW594167	NM_021964	7707	-0,81	5,30E-03
DHRX	225503_at	AL547782	NM_145177	207063	-0,81	8,16E-06
LYPLA3	204458_at	AL110209	NM_012320	23659	-0,81	3,93E-03
DCTD	201572_x_at	NM_001921	NM_001921	1635	-0,81	5,30E-04
FLJ31265	228341_at	AI809108	NM_152395	131870	-0,81	9,80E-04
TBC1D12	221858_at	N34407	XM_051081	23232	-0,81	2,80E-03
FLJ22795	223327_x_at	AF316855	NM_025084	80154	-0,81	6,81E-06
ZNF274	204937_s_at	NM_016325	NM_016324	10782	-0,81	2,65E-03
			NM_016325			
			NM_133502			
CSTB	201201_at	NM_000100	NM_000100	1476	-0,80	6,53E-04
LOC15114	227604_at	BG292251	---	151146	-0,80	2,89E-03
6						
SLC18A2	205857_at	AI269290	NM_003054	6571	-0,80	3,73E-03
MANSC1	220945_x_at	NM_018050	NM_018050	54682	-0,80	2,89E-03
R44603	244113_at	R44603	---	---	-0,80	2,19E-03
PAK1	226507_at	AU154408	NM_002576	5058	-0,80	4,33E-03
KIRREL3	240402_at	H05918	NM_032531	84623	-0,80	2,61E-03
AW51666	227571_at	AW516665	---	---	-0,80	4,02E-03
5						
FBXL5	209005_at	AF157323	NM_012161	26234	-0,80	2,18E-04
			NM_033535			
TM4SF2	202242_at	NM_004615	NM_004615	7102	-0,80	4,39E-03
EHD2	45297_at	AI417917	NM_014601	30846	-0,80	2,06E-05
UBE2D3	200667_at	BF448062	NM_003340	7323	-0,79	7,56E-06
			NM_181886			
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NM_181893			
AA868896	226203_at	AA868896	---	---	-0,79	2,92E-03
DUSP24	233982_x_at	AF188204	NM_016086	51657	-0,79	9,14E-03
AU157441	226511_at	AU157441	---	---	-0,79	1,27E-03
AK2	205996_s_at	NM_013411	NM_001625	204	-0,79	2,76E-03
			NM_013411			
			NM_172199			
AF086443	1560982_at	AF086443	---	---	-0,79	4,61E-03
C9orf9	220050_at	NM_018956	NM_018956	11092	-0,79	1,17E-03
ZNF23	213934_s_at	AL567808	NM_145911	7571	-0,79	3,42E-03
HLA-G	211529_x_at	M90684	NM_002127	3135	-0,79	1,15E-03
XPR1	226615_at	BE439489	NM_004736	9213	-0,79	8,43E-04
THAP9	230185_at	AW301218	NM_024672	79725	-0,79	4,10E-03
CCNDBP1	223084_s_at	AF246144	NM_012142	23582	-0,79	1,05E-04
			NM_037370			
AP3B2	205678_at	NM_004644	NM_004644	8120	-0,78	3,03E-03
CTHRC1	225681_at	AA584310	NM_138455	115908	-0,78	2,80E-03
LOC93622	225391_at	AL562398	NM_138699	93622	-0,78	8,43E-03
JAG2	209784_s_at	AF029778	NM_002226	3714	-0,78	7,94E-03
			NM_145159			
ZNF585A	229794_at	BE550717	NM_152655	199704	-0,78	4,45E-03
			NM_199126			
MGC2650	204985_s_at	NM_024108	NM_024108	79090	-0,78	4,43E-03
APRT	203219_s_at	NM_000485	NM_000485	353	-0,78	5,08E-04

ES 2 689 703 T3

USP36	220370_s_at	NM_025090	NM_025090	57602	-0,78	3,64E-03
INPP5A	203006_at	NM_005539	NM_005539	3632	-0,78	8,67E-03
ZNF197	205855_at	NM_006991	NM_006991	10168	-0,78	6,14E-03
PLEKHA2	225136_at	BF968578	XM_496973	59339	-0,78	4,19E-04
ARHGEF4	205109_s_at	NM_015320	NM_015320	50649	-0,77	7,05E-03
			NM_032995			
NETO1	1552736_a_at	NM_138966	NM_138966	81832	-0,77	2,29E-04
			NM_138999			
			NM_153181			
LRPAP1	201186_at	NM_002337	NM_002337	4043	-0,77	7,07E-03
MYST1	221820_s_at	AK024102	NM_032188	84148	-0,77	7,03E-03
FLJ12998	244734_at	W45568	NM_022764	64779	-0,77	1,04E-04
CLTC	238646_at	AA747756	NM_004859	1213	-0,77	8,00E-03
SLC30A5	1555334_s_at	AF439324	NM_022902	64924	-0,77	3,91E-03
			NM_024055			
PRKAG1	201805_at	NM_002733	NM_002733	5571	-0,77	2,24E-03
			NM_212461			
GPRASP1	204793_at	NM_014710	NM_014710	9737	-0,77	1,73E-03
NETO1	1562713_a_at	AL834354	NM_138966	81832	-0,77	2,38E-03
			NM_138999			
			NM_153181			
LOC89894	227172_at	BC000282	NM_138341	89894	-0,77	3,71E-04
STK19	204090_at	NM_004197		8859	-0,77	2,21E-03
			NM_004197			
			NM_032454			
LIPT1	205571_at	NM_015929	NM_015929	51601	-0,77	1,12E-03
			NM_145196			
			NM_145197			
			NM_145198			
			NM_145199			
ZCWCC3	213000_at	AP000693	NM_015358	23515	-0,77	1,90E-03
CLCN3	201735_s_at	NM_001829	NM_001829	1182	-0,77	8,06E-03
			NM_173872			
FLJ32370	226483_at	AI890761	NM_152417	137695	-0,76	2,24E-03
FYCO1	218204_s_at	NM_024513	NM_024513	79443	-0,76	1,16E-07
NEIL2	226585_at	BE466620	NM_145043	252969	-0,76	5,49E-04
KCNH2	205262_at	NM_000238	NM_000238	3757	-0,76	9,14E-06
			NM_172056			
			NM_172057			
BF966015	226787_at	BF966015	---	---	-0,76	3,80E-06
BBP	213882_at	AA012917	NM_032027	83941	-0,76	1,89E-03
GSTZ1	209531_at	BC001453	NM_001513	2954	-0,76	3,56E-03
			NM_145870			
			NM_145871			
EIF2C1	228120_at	AW136032	NM_012199	26523	-0,76	6,17E-03
PCTK2	206474_at	NM_002595	NM_002595	5128	-0,76	4,76E-03
C13orf21	243094_at	BF509416	NM_001010897	387923	-0,76	5,57E-03
MAPRE3	214270_s_at	AI885178	NM_012326	22924	-0,76	3,88E-03
BC017239	1558045_a_at	BC017239	---	---	-0,75	3,87E-03
COL27A1	225288_at	AI949136	NM_032888	85301	-0,75	9,38E-04
AI672159	226550_at	AI672159	---	---	-0,75	1,09E-04
MBNL1	201152_s_at	N31913	NM_021038	4154	-0,75	1,55E-04
			NM_207292			
			NM_207293			
			NM_207294			
			NM_207295			
			NM_207296			
			NM_207297			
TBN	1556178_x_at	BU618741	NM_138572	129685	-0,75	9,97E-03
TMAP1	227326_at	BE966768	NM_00100852 8	439921	-0,75	4,09E-04

ES 2 689 703 T3

			NM_00100852 9			
			NM_198530			
TNFRSF2	218856_at	NM_016629	NM_014452	27242	-0,75	6,87E-03
1						
CHMP1,5	218177_at	AA293502	NM_020412	57132	-0,75	5,52E-05
SHFM3	221519_at	AF281859	NM_022039	6468	-0,75	1,33E-03
AU151635	232111_at	AU151635	---	---	-0,75	1,40E-07
PTK9L	202009_at	NM_007284	NM_007284	11344	-0,75	8,11E-03
PAM	214620_x_at	BF038548	NM_000919	5066	-0,75	3,40E-03
			NM_138766			
			NM_138821			
			NM_138822			
WDFY3	212606_at	AL536319	NM_014991	23001	-0,75	1,05E-03
			NM_178583			
			NM_178585			
KIAA1277	221885_at	AI131051	NM_015689	27147	-0,75	5,98E-03
DIRAS2	219619_at	NM_017594	NM_017594	54769	-0,74	6,42E-03
EXT2	202012_s_at	AA196245	NM_000401	2132	-0,74	5,88E-04
			NM_207122			
C18orf17	238480_at	AI871745	NM_153211	125488	-0,74	4,89E-04
SLC9A1	209453_at	M81768	NM_003047	6548	-0,74	5,21E-06
PCBD1	203557_s_at	NM_000281	NM_000281	5092	-0,74	2,72E-04
			NM_001001939			
C6orf83	225850_at	BF975327	NM_145169	113402	-0,74	6,67E-03
PIGV	219238_at	NM_017837	NM_017837	55650	-0,74	4,79E-04
KIAA0276	243691_at	AA150455	NM_015115	23142	-0,74	7,85E-03
PAM	212958_x_at	AI022882	NM_000919	5066	-0,74	9,54E-03
			NM_138766			
			NM_138821			
			NM_138822			
NM_15290	1553719_s_at	NM_152909	---	---	-0,74	1,13E-03
9						
PKD1	216949_s_at	L39891	NM_000296	5310	-0,74	1,43E-03
			NM_001009944			
AI768895	231069_at	AI768895	---	---	-0,74	7,25E-03
MTMR7	228024_at	AW028100	NM_004686	9108	-0,74	3,76E-05
BRUNOL4	223653_x_at	AW593887	NM_020180	56853	-0,74	9,74E-03
LOH12CR	227723_at	BF439234	NM_058169	118426	-0,74	7,19E-03
1						
PTN	209465_x_at	AL565812	NM_002825	5764	-0,73	7,19E-03
RPL4	226556_at	BF431260	NM_000968	6124	-0,73	4,08E-03
MTRF1	219822_at	NM_004294	NM_004294	9617	-0,73	1,42E-04
PCCA	203860_at	NM_000282	NM_000282	5095	-0,73	9,56E-03
RPS4Y1	201909_at	NM_001008	NM_001008	6192	-0,73	2,03E-03
FLJ11273	222787_s_at	AV705186	NM_018374	54664	-0,73	7,27E-04
CSE-C	224391_s_at	AF303378	NM_170601	54414	-0,73	3,37E-03
KIAA0323	212356_at	AB002321	NM_015299	23351	-0,73	8,63E-03
A1061377	235232_at	A1061377	---	---	-0,73	9,74E-03
SH3YL1	204019_s_at	NM_015677	NM_015677	26751	-0,73	2,48E-03
LOC25545	1556180_at	BE646146	---	255458	-0,73	6,08E-05
8						
JAGN1	223104_at	AF212230	NM_032492	84522	-0,73	2,17E-05
FLJ10038	205511_at	NM_017976	---	55056	-0,73	5,36E-03
FLJ13984	220007_at	NM_024770	NM_024770	79828	-0,73	6,13E-03
TMEM34	219074_at	NM_018241	NM_018241	55751	-0,73	8,00E-03
ARRDC1	226405_s_at	AK001822	NM_152285	92714	-0,72	2,87E-03
BF056746	228425_at	BF056746	---	---	-0,72	4,99E-04
P15RS	222559_s_at	T79568	NM_018170	55197	-0,72	1,36E-05
FLJ23560	219487_at	NM_024685	NM_024685	79738	-0,72	9,23E-03
ANKH	223093_at	T99215	NM_054027	56172	-0,72	3,35E-03

ES 2 689 703 T3

VAPA	225198_at	AL571942	NM_003574	9218	-0,72	2,38E-03
			NM_194434			
CCDC2	219174_at	NM_025103	NM_025103	80173	-0,72	2,41E-03
AA709148	243751_at	AA709148	---	---	-0,72	2,28E-04
GART	217445_s_at	AF008655	NM_000819	2618	-0,72	1,27E-03
			NM_175085			
LOC38990	1558046_x_at	BC017239	XM_372273	389906	-0,72	1,71E-03
6						
LOC38991			XM_374343	389910		
0						
LOC40162			XM_377076	401625		
5						
SAV1	222573_s_at	AI679398	NM_021818	60485	-0,72	5,04E-04
BBS2	223227_at	AF342736	NM_031885	583	-0,72	2,39E-03
FLJ10726	218314_s_at	NM_018195	NM_018195	55216	-0,72	9,03E-04
AK055769	1558801_at	AK055769	---	---	-0,71	5,90E-03
R53065	240430_at	R53065	---	---	-0,71	6,12E-03
WDFY3	212602_at	AI806395	NM_014991	23001	-0,71	1,21E-03
			NM_178583			
			NM_178585			
CSNK2A2	203575_at	NM_001896	NM_001896	1459	-0,71	5,96E-03
KIAA0992	200907_s_at	AU157932	NM_016081	23022	-0,71	2,15E-03
LMNA	212086_x_at	AK026584	NM_005572	4000	-0,71	6,61E-03
			NM_170707			
			NM_170708			
BE502930	235124_at	BE502930	---	---	-0,71	3,16E-04
AI765014	224649_x_at	AI765014	---	---	-0,71	2,78E-03
TTC13	219481_at	NM_024525	NM_024525	79573	-0,71	1,48E-03
GAS5	224841_x_at	BF316352	---	60674	-0,71	6,06E-03
AI652899	228812_at	AI652899	---	---	-0,71	5,25E-05
PLCB1	213222_at	AL049593	NM_015192	23236	-0,71	7,21E-04
			NM_182734			
DET1	219641_at	NM_017996	NM_017996	55070	-0,71	1,63E-03
ACSL3	201660_at	AL525798	NM_004457	2181	-0,71	3,90E-04
			NM_203372			
MGC2749	200076_s_at	BC006479	NM_024069	79036	-0,71	6,49E-03
QPCT	205174_s_at	NM_012413	NM_012413	25797	-0,71	6,07E-03
PML	209640_at	M79462	NM_002675	5371	-0,70	3,55E-03
			NM_033238			
			NM_033239			
			NM_033240			
			NM_033242			
			NM_033244			
			NM_033245			
			NM_033246			
			NM_033247			
			NM_033249			
			NM_033250			
LRRC27	1558483_at	AK098652	NM_030626	80313	-0,70	3,75E-03
STK16	209622_at	AB020739	NM_001008910	8576	-0,70	2,64E-04
			NM_003691			
CRYZL1	219767_s_at	NM_005111	NM_005111	9946	-0,70	2,94E-03
			NM_145311			
			NM_145858			
TMEM43	217795_s_at	W74580	NM_024334	79188	-0,70	3,09E-03
DFFA	203277_at	NM_004401	NM_004401	1676	-0,70	4,51E-03
			NM_213566			
BF062875	230072_at	BF062875	---	---	-0,70	7,79E-04
AW97466	222365_at	AW974666	---	---	-0,70	3,83E-03
6						

ES 2 689 703 T3

AA827878	223577_x_at	AA827878	---	---	-0,70	8,67E-03
TMEM43	222418_s_at	AA115485	NM_024334	79188	-0,70	3,97E-03
C14orf118	219720_s_at	NM_017972	NM_017926	55668	-0,70	1,92E-03
			NM_017972			
LOC285550	227270_at	BF593037	XM_209656	285550	-0,70	1,40E-03
LRRC28	227423_at	AI655972	NM_144598	123355	-0,70	6,98E-04
PFN2	237116_at	AI262277	NM_002628	5217	-0,70	2,39E-03
			NM_053024			
JMY	226352_at	BF447037	NM_152405	133746	-0,70	9,37E-04
TLOC1	225352_at	AI763287	NM_003262	7095	-0,69	2,60E-04
PPID	204186_s_at	AI014573	NM_005038	5481	-0,69	1,10E-03
FLJ38968	226383_at	AI652452	NM_152316	120534	-0,69	1,37E-03
KIAA0992	200897_s_at	NM_016081	NM_016081	23022	-0,69	1,00E-03
SLC30A5	232432_s_at	AK022818	NM_022902	64924	-0,69	2,34E-03
			NM_024055			
AIG1	230520_at	T78402	NM_016108	51390	-0,69	7,09E-05
FKBP9	212169_at	AL050187	NM_007270	11328	-0,69	3,13E-03
T1	56829_at	H61826	NM_031466	83696	-0,69	4,28E-03
AA813998	235837_at	AA813998	---	---	-0,69	7,10E-03
SNAP91	204953_at	NM_014841	NM_014841	9892	-0,69	8,76E-03
PLD3	201050_at	NM_012268	NM_012268	23646	-0,69	2,09E-03
CGI-41	218914_at	NM_015997	NM_015997	51093	-0,69	6,72E-03
RARA	228037_at	AA404273	NM_000964	5914	-0,69	9,78E-04
MYO9A	219027_s_at	NM_006901	NM_006901	4649	-0,68	3,06E-03
RDH13	1559190_s_at	AL833150	NM_138412	112724	-0,68	6,77E-03
RGS14	204280_at	NM_006480	NM_006480	10636	-0,68	1,43E-04
FLJ34222	235717_at	AA180985	XM_371175	284350	-0,68	3,45E-05
BF434383	235473_at	BF434383	---	---	-0,68	8,03E-04
CDKL3	219831_at	NM_016508	NM_016508	51265	-0,68	4,12E-05
FRBZ1	226962_at	AW299558	NM_194314	360023	-0,68	3,75E-03
FLJ37953	241825_at	AI265967	NM_152382	129450	-0,68	8,57E-04
TRIM4	223384_s_at	BE501464		89122	-0,68	2,58E-03
			NM_033017			
			NM_033091			
SF3B3	200688_at	D13642	NM_012426	23450	-0,68	4,67E-03
PHF10	219126_at	NM_018288	NM_018288	55274	-0,68	2,92E-03
			NM_133325			
IL17RB	235531_at	AA928257	NM_018725	55540	-0,68	2,10E-03
			NM_172234			
BCL2L13	224035_s_at	AF183411	NM_015367	23786	-0,68	7,08E-04
MAN1A2	217922_at	AL157902	NM_006699	10905	-0,68	3,21E-03
ZNF232	236075_s_at	AI693543	NM_014519	7775	-0,68	6,78E-03
BC024246	1556301_at	BC024246	---	---	-0,68	2,06E-04
ZRANB1	225130_at	AW003734	NM_017580	54764	-0,67	1,84E-04
PP1665	32502_at	AL041124	NM_030792	81544	-0,67	9,49E-04
CAB39	224311_s_at	AF151824	NM_016289	51719	-0,67	2,14E-03
KRTAP4-7	225225_at	BF791544	NM_033061	85287	-0,67	8,80E-03
SLC30A5	218989_x_at	NM_022902	NM_022902	64924	-0,67	6,75E-03
			NM_024055			
RNF41	201961_s_at	AL583171	NM_005785	10193	-0,67	8,95E-03
			NM_194358			
			NM_194359			
C6orf168	232067_at	BC004869	NM_032511	84553	-0,67	2,42E-03
TNIP2	232160_s_at	AL137262	NM_024309	79155	-0,67	1,56E-03
DKFZP564D172	212936_at	AI927701	NM_032042	83989	-0,67	5,18E-04
LOC439962	1560047_s_at	AA127813	XM_498479	439962	-0,67	3,91E-03
MCM3AP	220459_at	NM_018118	---	114044	-0,67	2,26E-03

ES 2 689 703 T3

AS						
SLC35E1	229410_at	AI659219	NM_024881	79939	-0,67	5,75E-03
FBXW7	229419_at	BF222826	NM_018315	55294	-0,67	9,92E-04
			NM_033632			
C10orf22	212500_at	AL049319	NM_032804	84890	-0,67	3,49E-04
SURF2	205224_at	NM_017503		6835	-0,67	3,01E-04
			NM_017503			
MGC1296	224452_s_at	BC006110	NM_032706	84792	-0,67	4,02E-04
6						
FLJ20195	223833_at	BC002482	NM_017706	54853	-0,67	5,69E-03
FLJ20542	233625_x_at	AK021939	NM_017871	54973	-0,67	8,46E-04
			NM_032179			
LRCH2	227688_at	AK022128	NM_020871	57631	-0,67	2,21E-04
SLC22A17	218675_at	NM_020372	NM_016609	51310	-0,67	3,50E-03
			NM_020372			
ARNT2	202986_at	NM_014862	NM_014862	9915	-0,67	1,18E-03
LOC44011	FX-M27830_M	AFFX-	XM_498554	440118	-0,67	5,77E-03
8		M27830_M				
FLJ23518	223300_s_at	AI286012	NM_024725	79780	-0,66	7,90E-04
PROSC	209384_at	AA176833	NM_007198	11212	-0,66	1,14E-03
P15RS	222558_at	T79568	NM_018170	55197	-0,66	1,67E-04
PPP2R5C	201877_s_at	NM_002719	NM_002719	5527	-0,66	3,07E-06
			NM_178586			
			NM_178587			
			NM_178588			
SGNE1	203889_at	NM_003020	NM_003020	6447	-0,66	1,31E-04
CNOT6L	1553267_a_at	NM_144571	NM_144571	246175	-0,66	5,11E-03
TTLL1	205652_s_at	NM_012263	NM_001008572	25809	-0,66	3,38E-04
			NM_012263			
AD023	223411_at	AF225422	NM_020679	57409	-0,66	7,26E-06
KIF3C	203389_at	AF035621	NM_002254	3797	-0,66	2,70E-04
AI598222	235679_at	AI598222	---	---	-0,65	7,93E-03
PPP3CA	202457_s_at	AA911231	NM_000944	5530	-0,65	9,97E-03
RPIP8	213439_x_at	AI197870	NM_006695	10900	-0,65	1,89E-03
NSMCE1	224666_at	AF161451	NM_145080	197370	-0,65	3,16E-04
BACE1	222462_s_at	AI653425	NM_012104	23621	-0,65	3,25E-03
			NM_138971			
			NM_138972			
			NM_138973			
MPI	202472_at	NM_002435	NM_002435	4351	-0,65	8,59E-04
FBXW7	222729_at	BE551877	NM_018315	55294	-0,65	2,52E-03
			NM_033632			
NELF	221214_s_at	NM_015537	NM_015537	26012	-0,65	7,98E-04
HLA-A	215313_x_at	AA573862	NM_002116	3105	-0,65	7,23E-03
FGF2	204422_s_at	NM_002006	NM_002006	2247	-0,65	4,86E-07
P15RS	225953_at	AI684281	NM_018170	55197	-0,65	3,76E-04
GAS5	224741_x_at	BG329175	---	60674	-0,65	8,18E-03
IPO8	205701_at	NM_006390	NM_006390	10526	-0,65	7,25E-04
ECE2	230706_s_at	A1084921	NM_014693	9718	-0,65	4,71E-04
ZCSL3	213853_at	AL050199	NM_181706	120526	-0,65	6,76E-03
PSEN1	226577_at	N49844	NM_000021	5663	-0,65	3,44E-03
			NM_007318			
			NM_007319			
LOC28401	226901_at	AI214996	NM_181655	284018	-0,64	5,00E-04
8						
			NM_181656			
FLJ32384	238547_at	AI972367	NM_144608	124790	-0,64	3,77E-03
LOC28410	230727_at	BE348515	XM_375449	284106	-0,64	7,65E-03
6						
WDR32	219001_s_at	NM_024345	NM_024345	79269	-0,64	1,25E-04

ES 2 689 703 T3

RNF13	201779_s_at	AF070558	NM_007282 NM_183381 NM_183382 NM_183383 NM_183384	11342	-0,64	1,26E-04
VPS33B	218415_at	NM_018668	NM_018668	26276	-0,64	7,92E-03
SPTBN2	231311_at	AA725246	NM_006946	6712	-0,64	1,71E-03
LOC389906	1569629_x_at	BC017231	XM_372273	389906	-0,64	4,97E-04
C22orf9	227144_at	AA476916	NM_001009880 NM_015264	23313	-0,64	3,58E-03
PHKA1	205450_at	NM_002637	NM_002637	5255	-0,64	3,01E-03
COPS7A	209029_at	AF193844	NM_016319	50813	-0,64	6,55E-05
EIF2S3	205321_at	NM_001415	NM_001415	1968	-0,64	8,39E-03
TM6SF1	1558102_at	AK055438	NM_023003	53346	-0,64	2,18E-04
ATCAY	227365_at	AL566774	NM_033064	85300	-0,64	8,51E-03
CGI-119	223892_s_at	AF182414	NM_016056	51643	-0,64	1,66E-04
APG7L	224025_s_at	BC000091	NM_006395	10533	-0,64	4,74E-03
CIRBP	230142_s_at	AW088030	NM_001280	1153	-0,64	2,64E-03
C21orf127	220311_at	NM_013240	NM_013240 NM_182749	29104	-0,64	2,93E-03
DKFZP566D134	238597_at	BG028770	NM_030816	81573	-0,63	9,05E-03
WNT3	229103_at	AA463626	NM_030753	7473	-0,63	1,82E-03
C10orf88	219240_s_at	NM_024942	NM_024942	80007	-0,63	2,53E-03
KCNMB3	235980_at	AA767763	NM_014407 NM_171828 NM_171829 NM_171830	27094	-0,63	9,48E-04
LOC440360	236838_at	H11609	XM_498641	440360	-0,63	4,34E-03
AA868380	230569_at	AA868380	---	---	-0,63	7,44E-03
C3orf6	235051_at	BF696931	NM_174908 NM_178335	152137	-0,63	9,04E-03
BLP2	1552426_a_at	NM_078474	NM_025141 NM_078474	80213	-0,63	9,66E-03
PPID	204185_x_at	NM_005038	NM_005038	5481	-0,63	3,34E-03
CXorf12	204340_at	NM_003492	NM_003492	8269	-0,63	4,03E-03
PLCB1	211925_s_at	AY004175	NM_015192 NM_182734	23236	-0,63	8,12E-05
MYO7A	208189_s_at	NM_000260	NM_000260	4647	-0,63	1,17E-04
UBE2D3	229355_at	AU150386	NM_003340 NM_181886 NM_181887 NM_181888 NM_181889 NM_181890 NM_181891 NM_181892 NM_181893	7323	-0,63	6,20E-03
CYP2U1	226393_at	AW055161	NM_183075	113612	-0,63	7,35E-03
PFDN5	207132_x_at	NM_002624	NM_002624 NM_145896 NM_145897	5204	-0,63	9,53E-04
WSB1	201294_s_at	N24643	NM_015626 NM_134264 NM_134265	26118	-0,63	2,39E-03
MGC45386	227008_at	AI393309	NM_198527	374659	-0,63	9,40E-03
PROSC	214545_s_at	NM_007198	NM_007198	11212	-0,62	3,15E-04

ES 2 689 703 T3

SELM	226051_at	BF973568	NM_080430	140606	-0,62	4,03E-03
FLJ21919	202809_s_at	NM_023015	NM_023015	65123	-0,62	7,33E-03
MGC5356	220426_at	NM_024059	NM_024059	79025	-0,62	6,04E-03
KIAA1671	225525_at	AB051458	XM_371461	85379	-0,62	1,04E-03
SNX6	217789_at	NM_021249	NM_021249	58533	-0,62	4,75E-03
			NM_152233			
MPPE1	213727_x_at	AI743654	NM_023075	65258	-0,62	7,16E-04
			NM_138608			
ST6GALN	222571_at	AK023900	NM_013443	30815	-0,62	2,17E-03
AC6						
MGC5391	226639_at	AI304320	NM_032740	84826	-0,62	3,40E-03
MAP7	215471_s_at	AJ242502	NM_003980	9053	-0,62	3,97E-04
FLJ11273	226529_at	BF513060	NM_018374	54664	-0,62	7,53E-03
ADCK2	44120_at	AI879381	NM_052853	90956	-0,62	3,67E-03
TST	209605_at	D87292	NM_003312	7263	-0,62	8,01E-03
NUDT2	218609_s_at	NM_001161	NM_001161	318	-0,62	7,23E-03
			NM_147172			
			NM_147173			
AI632010	244687_at	AI632010	---	---	-0,62	3,57E-04
PHC1	225958_at	AI554106	NM_004426	1911	-0,62	8,62E-05
PIK3CB	212688_at	BC003393	NM_006219	5291	-0,62	6,77E-04
LOC40146	1555241_at	BC032347	XM_376783	401466	-0,61	2,14E-03
6						
KIAA1458	224843_at	AB040891	XM_044434	57606	-0,61	4,73E-04
AV756131	224915_x_at	AV756131	XM_497769	441951	-0,61	3,59E-03
APRT	213892_s_at	AA927724	NM_000485	353	-0,61	6,05E-04
WDR41	218055_s_at	NM_018268	NM_018268	55255	-0,61	5,04E-03
LOC14345	234985_at	AW043782	NM_174902	143458	-0,61	1,09E-04
8						
MGC1542	224821_at	AL520200	NM_032750	84836	-0,61	1,73E-03
9						
LOC38759	239715_at	AI374756	---	387593	-0,61	7,41E-03
3						
MGC2494	219709_x_at	NM_023933	NM_023933	65990	-0,61	7,21E-03
SBF2	226169_at	AW276572	NM_030962	81846	-0,61	2,63E-03
CGI-119	222845_x_at	AF161526	NM_016056	51643	-0,61	6,18E-04
UBE2D3	200669_s_at	NM_003340	NM_003340	7323	-0,61	7,57E-04
			NM_181886			
			NM_181887			
			NM_181888			
			NM_181889			
			NM_181890			
			NM_181891			
			NM_181892			
			NM_181893			
NPC1L1	220106_at	NM_013389	NM_013389	29881	-0,61	9,81E-04
RNF13	201780_s_at	NM_007282	NM_007282	11342	-0,61	9,87E-04
			NM_183381			
			NM_183382			
			NM_183383			
			NM_183384			
ARFIP1	214483_s_at	AF124489	NM_014447	27236	-0,60	3,32E-05
AI741365	229757_at	AI741365	---	---	-0,60	4,00E-03
FAM14A	223626_x_at	AF208232	NM_032036	83982	-0,60	4,30E-04
DBT	205369_x_at	J03208	NM_001918	1629	-0,60	2,60E-03
MRPL1	223154_at	AF212225	NM_020236	65008	-0,60	2,59E-03
KIAA1223	225731_at	BF196876	XM_048747	57182	-0,60	4,63E-03
NFATC4	213345_at	AI624015	NM_004554	4776	-0,60	1,80E-03
BF185165	226227_x_at	BF185165	XM_497769	441951	-0,59	3,75E-03
GAL	207466_at	NM_015973	NM_015973	51083	-0,59	6,79E-03

ES 2 689 703 T3

LOC92017	225608_at	H15273	NM_001009607	92017	-0,59	1,54E-05
WDR9	214820_at	AJ002572	NM_00100724 6	54014	-0,59	4,03E-04
			NM_018963			
			NM_033656			
PLEKHA3	223370_at	AF286162	NM_019091	65977	-0,59	4,77E-03
PPM1K	235061_at	AV706522	NM_152542	152926	-0,59	2,94E-03
MTL5	241466_at	AI275776	NM_004923	9633	-0,59	5,56E-04
DHX32	218198_at	NM_018180	NM_018180	55760	-0,59	7,21E-03
DKFZp451	231540_at	BF511274	NM_182585	285023	-0,59	1,28E-03
M211						
MTM1	36920_at	U46024	NM_000252	4534	-0,59	4,62E-03
ALKBH	236721_at	AI922200	NM_006020	8846	-0,59	7,70E-03
BC019017	1558128_at	BC019017	---	---	-0,59	1,03E-03
CDC42EP	209288_s_at	AL136842	NM_006449	10602	-0,59	8,78E-04
3						
FLJ20277	233638_s_at	AK026430	NM_017739	55624	-0,59	4,86E-03
AI766065	224647_at	AI766065	---	---	-0,59	1,11E-03
SETDB2	235339_at	W65369	NM_031915	83852	-0,59	5,43E-03
BE326214	229287_at	BE326214	---	---	-0,59	8,90E-04
HS2ST1	203285_s_at	NM_012262	NM_012262	9653	-0,58	4,84E-04
N51708	213930_at	N51708	XM_499012	441104	-0,58	1,86E-03
GPR56	212070_at	AL554008	NM_005682	9289	-0,58	2,25E-03
			NM_201524			
			NM_201525			
LOC11971	228249_at	AA535128	NM_138787	119710	-0,58	7,12E-03
0						
FLJ13576	234726_s_at	AK025482	NM_022484	64418	-0,58	5,50E-03
PFDN5	210908_s_at	AB055804	NM_002624	5204	-0,58	1,71E-03
			NM_145896			
			NM_145897			
SIDT2	218765_at	NM_015996	NM_015996	51092	-0,58	4,83E-03
FLJ21168	204666_s_at	NM_025073	NM_025073	80143	-0,58	9,92E-04
KIAA0241	212475_at	AI797458	NM_015060	23080	-0,58	4,82E-05
CHIC1	228345_at	AI745136	XR_000216	53344	-0,58	6,80E-03
BE645776	227288_at	BE645776	XM_068632	133993	-0,58	4,35E-04
CTBS	218923_at	AW304174	NM_004388	1486	-0,58	8,95E-03
TMF1	235566_at	AW591660	NM_007114	7110	-0,58	7,30E-03
PKNOX1	221883_at	AA133342	NM_004571	5316	-0,58	1,27E-03
			NM_197976			
ACTR1B	202135_s_at	NM_005735	NM_005735	10120	-0,58	2,50E-03
TNFRSF2	214581_x_at	BE568134	NM_014452	27242	-0,58	8,02E-03
1						
PEX7	211033_s_at	BC006268	NM_000288	5191	-0,58	8,93E-03
EIF4E3	225941_at	AI935522	---	317649	-0,58	5,78E-03

Listado de secuencias

- <110> Birgitte Jacky
- 5 Wang, Joanne
- Zhu, Hong
- Hodges, D. Dianne
- Fernandez-Salas, Ester
- <120> Células útiles para ensayos de actividad de serotipo A de toxina botulínica basados en la respuesta
- 10 inmunológica
- <130> 18495 (BOT)
- <150> US 61/160.199
- <151> 13-03-2009
- <160> 152
- 15 <170> FastSEQ para Windows Versión 4.0
- <210> 1

<211> 1296
 <212> PRT
 <213> Clostridium botulinum
 <400> 1

5

```

Met Pro Phe Val Asn Lys Gln Phe Asn Tyr Lys Asp Pro Val Asn Gly
 1      5      10      15
Val Asp Ile Ala Tyr Ile Lys Ile Pro Asn Ala Gly Gln Met Gln Pro
      20      25      30
Val Lys Ala Phe Lys Ile His Asn Lys Ile Trp Val Ile Pro Glu Arg
      35      40      45
Asp Thr Phe Thr Asn Pro Glu Glu Gly Asp Leu Asn Pro Pro Pro Glu
      50      55      60
Ala Lys Gln Val Pro Val Ser Tyr Tyr Asp Ser Thr Tyr Leu Ser Thr
      65      70      75      80
Asp Asn Glu Lys Asp Asn Tyr Leu Lys Gly Val Thr Lys Leu Phe Glu
      85      90      95
Arg Ile Tyr Ser Thr Asp Leu Gly Arg Met Leu Leu Thr Ser Ile Val
      100      105      110
Arg Gly Ile Pro Phe Trp Gly Gly Ser Thr Ile Asp Thr Glu Leu Lys
      115      120      125
Val Ile Asp Thr Asn Cys Ile Asn Val Ile Gln Pro Asp Gly Ser Tyr
      130      135      140
Arg Ser Glu Glu Leu Asn Leu Val Ile Ile Gly Pro Ser Ala Asp Ile
      145      150      155      160
Ile Gln Phe Glu Cys Lys Ser Phe Gly His Glu Val Leu Asn Leu Thr
      165      170      175
Arg Asn Gly Tyr Gly Ser Thr Gln Tyr Ile Arg Phe Ser Pro Asp Phe
      180      185      190
Thr Phe Gly Phe Glu Glu Ser Leu Glu Val Asp Thr Asn Pro Leu Leu
      195      200      205
Gly Ala Gly Lys Phe Ala Thr Asp Pro Ala Val Thr Leu Ala His Glu
      210      215      220
Leu Ile His Ala Gly His Arg Leu Tyr Gly Ile Ala Ile Asn Pro Asn
      225      230      235      240
Arg Val Phe Lys Val Asn Thr Asn Ala Tyr Tyr Glu Met Ser Gly Leu
      245      250      255
Glu Val Ser Phe Glu Glu Leu Arg Thr Phe Gly Gly His Asp Ala Lys
      260      265      270
Phe Ile Asp Ser Leu Gln Glu Asn Glu Phe Arg Leu Tyr Tyr Tyr Asn
      275      280      285
Lys Phe Lys Asp Ile Ala Ser Thr Leu Asn Lys Ala Lys Ser Ile Val
      290      295      300
Gly Thr Thr Ala Ser Leu Gln Tyr Met Lys Asn Val Phe Lys Glu Lys
    
```

305					310					315				320
Tyr	Leu	Leu	Ser	Glu	Asp	Thr	Ser	Gly	Lys	Phe	Ser	Val	Asp	Lys
				325					330					335
Lys	Phe	Asp	Lys	Leu	Tyr	Lys	Met	Leu	Thr	Glu	Ile	Tyr	Thr	Glu
			340					345					350	
Asn	Phe	Val	Lys	Phe	Phe	Lys	Val	Leu	Asn	Arg	Lys	Thr	Tyr	Leu
			355				360					365		Asn
Phe	Asp	Lys	Ala	Val	Phe	Lys	Ile	Asn	Ile	Val	Pro	Lys	Val	Asn
	370					375				380				Tyr
Thr	Ile	Tyr	Asp	Gly	Phe	Asn	Leu	Arg	Asn	Thr	Asn	Leu	Ala	Ala
385					390				395					400
Phe	Asn	Gly	Gln	Asn	Thr	Glu	Ile	Asn	Asn	Met	Asn	Phe	Thr	Lys
			405						410					415
Lys	Asn	Phe	Thr	Gly	Leu	Phe	Glu	Phe	Tyr	Lys	Leu	Leu	Cys	Val
			420					425					430	Arg
Gly	Ile	Ile	Thr	Ser	Lys	Thr	Lys	Ser	Leu	Asp	Lys	Gly	Tyr	Asn
		435					440					445		Lys
Ala	Leu	Asn	Asp	Leu	Cys	Ile	Lys	Val	Asn	Asn	Trp	Asp	Leu	Phe
	450				455				460					Phe
Ser	Pro	Ser	Glu	Asp	Asn	Phe	Thr	Asn	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Glu
465				470					475					480
Ile	Thr	Ser	Asp	Thr	Asn	Ile	Glu	Ala	Ala	Glu	Glu	Asn	Ile	Ser
			485					490						495
Asp	Leu	Ile	Gln	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Phe	Asn	Phe	Asp	Asn	Glu	Pro
			500				505					510		
Glu	Asn	Ile	Ser	Ile	Glu	Asn	Leu	Ser	Ser	Asp	Ile	Ile	Gly	Gln
	515					520					525			Leu
Glu	Leu	Met	Pro	Asn	Ile	Glu	Arg	Phe	Pro	Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr
	530				535						540			Glu
Leu	Asp	Lys	Tyr	Thr	Met	Phe	His	Tyr	Leu	Arg	Ala	Gln	Glu	Phe
545				550					555					560
His	Gly	Lys	Ser	Arg	Ile	Ala	Leu	Thr	Asn	Ser	Val	Asn	Glu	Ala
			565						570					575
Leu	Asn	Pro	Ser	Arg	Val	Tyr	Thr	Phe	Phe	Ser	Ser	Asp	Tyr	Val
			580					585					590	Lys
Lys	Val	Asn	Lys	Ala	Thr	Glu	Ala	Ala	Met	Phe	Leu	Gly	Trp	Val
	595					600						605		Glu
Gln	Leu	Val	Tyr	Asp	Phe	Thr	Asp	Glu	Thr	Ser	Glu	Val	Ser	Thr
	610					615					620			Thr
Asp	Lys	Ile	Ala	Asp	Ile	Thr	Ile	Ile	Ile	Pro	Tyr	Ile	Gly	Pro
625				630					635					640
Leu	Asn	Ile	Gly	Asn	Met	Leu	Tyr	Lys	Asp	Phe	Val	Gly	Ala	Leu
			645						650					655
Ile	Phe	Ser	Gly	Ala	Val	Ile	Leu	Leu	Glu	Phe	Ile	Pro	Glu	Ile
	660						665					670		Ala
Ile	Pro	Val	Leu	Gly	Thr	Phe	Ala	Leu	Val	Ser	Tyr	Ile	Ala	Asn
	675					680						685		Lys
Val	Leu	Thr	Val	Gln	Thr	Ile	Asp	Asn	Ala	Leu	Ser	Lys	Arg	Asn
	690				695						700			Glu
Lys	Trp	Asp	Glu	Val	Tyr	Lys	Tyr	Ile	Val	Thr	Asn	Trp	Leu	Ala
705				710					715					720
Val	Asn	Thr	Gln	Ile	Asp	Leu	Ile	Arg	Lys	Lys	Met	Lys	Glu	Ala
			725						730					735
Glu	Asn	Gln	Ala	Glu	Ala	Thr	Lys	Ala	Ile	Ile	Asn	Tyr	Gln	Tyr
	740						745					750		Asn
Gln	Tyr	Thr	Glu	Glu	Glu	Lys	Asn	Asn	Ile	Asn	Phe	Asn	Ile	Asp
	755					760						765		Asp
Leu	Ser	Ser	Lys	Leu	Asn	Glu	Ser	Ile	Asn	Lys	Ala	Met	Ile	Asn
	770				775						780			Ile
Asn	Lys	Phe	Leu	Asn	Gln	Cys	Ser	Val	Ser	Tyr	Leu	Met	Asn	Ser
785				790					795					800
Ile	Pro	Tyr	Gly	Val	Lys	Arg	Leu	Glu	Asp	Phe	Asp	Ala	Ser	Leu
			805						810					Lys
Asp	Ala	Leu	Leu	Lys	Tyr	Ile	Tyr	Asp	Asn	Arg	Gly	Thr	Leu	Ile
			820					825					830	Gly

```

Gln Val Asp Arg Leu Lys Asp Lys Val Asn Asn Thr Leu Ser Thr Asp
      835      840      845
Ile Pro Phe Gln Leu Ser Lys Tyr Val Asp Asn Gln Arg Leu Leu Ser
      850      855      860
Thr Phe Thr Glu Tyr Ile Lys Asn Ile Ile Asn Thr Ser Ile Leu Asn
      865      870      875      880
Leu Arg Tyr Glu Ser Asn His Leu Ile Asp Leu Ser Arg Tyr Ala Ser
      885      890      895
Lys Ile Asn Ile Gly Ser Lys Val Asn Phe Asp Pro Ile Asp Lys Asn
      900      905      910
Gln Ile Gln Leu Phe Asn Leu Glu Ser Ser Lys Ile Glu Val Ile Leu
      915      920      925
Lys Asn Ala Ile Val Tyr Asn Ser Met Tyr Glu Asn Phe Ser Thr Ser
      930      935      940
Phe Trp Ile Arg Ile Pro Lys Tyr Phe Asn Ser Ile Ser Leu Asn Asn
      945      950      955      960
Glu Tyr Thr Ile Ile Asn Cys Met Glu Asn Asn Ser Gly Trp Lys Val
      965      970      975
Ser Leu Asn Tyr Gly Glu Ile Ile Trp Thr Leu Gln Asp Thr Gln Glu
      980      985      990
Ile Lys Gln Arg Val Val Phe Lys Tyr Ser Gln Met Ile Asn Ile Ser
      995      1000      1005
Asp Tyr Ile Asn Arg Trp Ile Phe Val Thr Ile Thr Asn Asn Arg Leu
      1010      1015      1020
Asn Asn Ser Lys Ile Tyr Ile Asn Gly Arg Leu Ile Asp Gln Lys Pro
      1025      1030      1035      1040
Ile Ser Asn Leu Gly Asn Ile His Ala Ser Asn Asn Ile Met Phe Lys
      1045      1050      1055
Leu Asp Gly Cys Arg Asp Thr His Arg Tyr Ile Trp Ile Lys Tyr Phe
      1060      1065      1070
Asn Leu Phe Asp Lys Glu Leu Asn Glu Lys Glu Ile Lys Asp Leu Tyr
      1075      1080      1085
Asp Asn Gln Ser Asn Ser Gly Ile Leu Lys Asp Phe Trp Gly Asp Tyr
      1090      1095      1100
Leu Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Tyr Met Leu Asn Leu Tyr Asp Pro Asn
      1105      1110      1115      1120
Lys Tyr Val Asp Val Asn Asn Val Gly Ile Arg Gly Tyr Met Tyr Leu
      1125      1130      1135
Lys Gly Pro Arg Gly Ser Val Met Thr Thr Asn Ile Tyr Leu Asn Ser
      1140      1145      1150
Ser Leu Tyr Arg Gly Thr Lys Phe Ile Ile Lys Lys Tyr Ala Ser Gly
      1155      1160      1165
Asn Lys Asp Asn Ile Val Arg Asn Asn Asp Arg Val Tyr Ile Asn Val
      1170      1175      1180
Val Val Lys Asn Lys Glu Tyr Arg Leu Ala Thr Asn Ala Ser Gln Ala
      1185      1190      1195      1200
Gly Val Glu Lys Ile Leu Ser Ala Leu Glu Ile Pro Asp Val Gly Asn
      1205      1210      1215
Leu Ser Gln Val Val Val Met Lys Ser Lys Asn Asp Gln Gly Ile Thr
      1220      1225      1230
Asn Lys Cys Lys Met Asn Leu Gln Asp Asn Asn Gly Asn Asp Ile Gly
      1235      1240      1245
Phe Ile Gly Phe His Gln Phe Asn Asn Ile Ala Lys Leu Val Ala Ser
      1250      1255      1260
Asn Trp Tyr Asn Arg Gln Ile Glu Arg Ser Ser Arg Thr Leu Gly Cys
      1265      1270      1275      1280
Ser Trp Glu Phe Ile Pro Val Asp Asp Gly Trp Gly Glu Arg Pro Leu
      1285      1290      1295

```

<210> 2
 <211> 1296
 <212> PRT
 <213> Clostridium botulinum
 <400> 2

Met	Pro	Phe	Val	Asn	Lys	Gln	Phe	Asn	Tyr	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Gly
1				5					10					15	
Val	Asp	Ile	Ala	Tyr	Ile	Lys	Ile	Pro	Asn	Ala	Gly	Gln	Met	Gln	Pro
			20					25					30		
Val	Lys	Ala	Phe	Lys	Ile	His	Asn	Lys	Ile	Trp	Val	Ile	Pro	Glu	Arg
		35					40					45			
Asp	Thr	Phe	Thr	Asn	Pro	Glu	Glu	Gly	Asp	Leu	Asn	Pro	Pro	Pro	Glu
	50					55					60				
Ala	Lys	Gln	Val	Pro	Val	Ser	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Thr	Tyr	Leu	Ser	Thr
	65					70				75				80	
Asp	Asn	Glu	Lys	Asp	Asn	Tyr	Leu	Lys	Gly	Val	Thr	Lys	Leu	Phe	Glu
				85					90					95	
Arg	Ile	Tyr	Ser	Thr	Asp	Leu	Gly	Arg	Met	Leu	Leu	Thr	Ser	Ile	Val
			100					105					110		
Arg	Gly	Ile	Pro	Phe	Trp	Gly	Gly	Ser	Thr	Ile	Asp	Thr	Glu	Leu	Lys
		115					120					125			
Val	Ile	Asp	Thr	Asn	Cys	Ile	Asn	Val	Ile	Gln	Pro	Asp	Gly	Ser	Tyr
	130					135					140				
Arg	Ser	Glu	Glu	Leu	Asn	Leu	Val	Ile	Ile	Gly	Pro	Ser	Ala	Asp	Ile
	145					150				155					160
Ile	Gln	Phe	Glu	Cys	Lys	Ser	Phe	Gly	His	Asp	Val	Leu	Asn	Leu	Thr
				165					170					175	
Arg	Asn	Gly	Tyr	Gly	Ser	Thr	Gln	Tyr	Ile	Arg	Phe	Ser	Pro	Asp	Phe
			180					185					190		
Thr	Phe	Gly	Phe	Glu	Glu	Ser	Leu	Glu	Val	Asp	Thr	Asn	Pro	Leu	Leu
		195					200					205			
Gly	Ala	Gly	Lys	Phe	Ala	Thr	Asp	Pro	Ala	Val	Thr	Leu	Ala	His	Glu
	210					215					220				
Leu	Ile	His	Ala	Glu	His	Arg	Leu	Tyr	Gly	Ile	Ala	Ile	Asn	Pro	Asn
	225					230				235					240
Arg	Val	Phe	Lys	Val	Asn	Thr	Asn	Ala	Tyr	Tyr	Glu	Met	Ser	Gly	Leu
				245					250					255	
Glu	Val	Ser	Phe	Glu	Glu	Leu	Arg	Thr	Phe	Gly	Gly	His	Asp	Ala	Lys
			260					265					270		
Phe	Ile	Asp	Ser	Leu	Gln	Glu	Asn	Glu	Phe	Arg	Leu	Tyr	Tyr	Tyr	Asn
		275					280					285			
Lys	Phe	Lys	Asp	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Asn	Lys	Ala	Lys	Ser	Ile	Ile
		290					295					300			
Gly	Thr	Thr	Ala	Ser	Leu	Gln	Tyr	Met	Lys	Asn	Val	Phe	Lys	Glu	Lys
				310						315					320
Tyr	Leu	Leu	Ser	Glu	Asp	Thr	Ser	Gly	Lys	Phe	Ser	Val	Asp	Lys	Leu
				325					330					335	
Lys	Phe	Asp	Lys	Leu	Tyr	Lys	Met	Leu	Thr	Glu	Ile	Tyr	Thr	Glu	Asp
			340					345					350		
Asn	Phe	Val	Asn	Phe	Phe	Lys	Val	Ile	Asn	Arg	Lys	Thr	Tyr	Leu	Asn
		355					360					365			
Phe	Asp	Lys	Ala	Val	Phe	Arg	Ile	Asn	Ile	Val	Pro	Asp	Glu	Asn	Tyr
		370				375					380				
Thr	Ile	Lys	Asp	Gly	Phe	Asn	Leu	Lys	Gly	Ala	Asn	Leu	Ser	Thr	Asn
				390						395					400
Phe	Asn	Gly	Gln	Asn	Thr	Glu	Ile	Asn	Ser	Arg	Asn	Phe	Thr	Arg	Leu
				405						410				415	
Lys	Asn	Phe	Thr	Gly	Leu	Phe	Glu	Phe	Tyr	Lys	Leu	Leu	Cys	Val	Arg
			420						425				430		
Gly	Ile	Ile	Pro	Phe	Lys	Thr	Lys	Ser	Leu	Asp	Glu	Gly	Tyr	Asn	Lys
		435					440					445			
Ala	Leu	Asn	Asp	Leu	Cys	Ile	Lys	Val	Asn	Asn	Trp	Asp	Leu	Phe	Phe
		450				455					460				
Ser	Pro	Ser	Glu	Asp	Asn	Phe	Thr	Asn	Asp	Leu	Asp	Lys	Val	Glu	Glu
					470					475					480
Ile	Thr	Ala	Asp	Thr	Asn	Ile	Glu	Ala	Ala	Glu	Glu	Asn	Ile	Ser	Leu
				485						490				495	
Asp	Leu	Ile	Gln	Gln	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Phe	Asp	Phe	Asp	Asn	Glu	Pro
				500				505					510		

Glu	Asn	Ile	Ser	Ile	Glu	Asn	Leu	Ser	Ser	Asp	Ile	Ile	Gly	Gln	Leu
	515						520					525			
Glu	Pro	Met	Pro	Asn	Ile	Glu	Arg	Phe	Pro	Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr	Glu
	530					535					540				
Leu	Asp	Lys	Tyr	Thr	Met	Phe	His	Tyr	Leu	Arg	Ala	Gln	Glu	Phe	Glu
545					550					555					560
His	Gly	Asp	Ser	Arg	Ile	Ile	Leu	Thr	Asn	Ser	Ala	Glu	Glu	Ala	Leu
			565						570					575	
Leu	Lys	Pro	Asn	Val	Ala	Tyr	Thr	Phe	Phe	Ser	Ser	Lys	Tyr	Val	Lys
			580					585					590		
Lys	Ile	Asn	Lys	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Met	Phe	Leu	Asn	Trp	Ala	Glu
	595						600					605			
Glu	Leu	Val	Tyr	Asp	Phe	Thr	Asp	Glu	Thr	Asn	Glu	Val	Thr	Thr	Met
	610					615					620				
Asp	Lys	Ile	Ala	Asp	Ile	Thr	Ile	Ile	Val	Pro	Tyr	Ile	Gly	Pro	Ala
625					630					635					640
Leu	Asn	Ile	Gly	Asn	Met	Leu	Ser	Lys	Gly	Glu	Phe	Val	Glu	Ala	Ile
			645						650					655	
Ile	Phe	Thr	Gly	Val	Val	Ala	Met	Leu	Glu	Phe	Ile	Pro	Glu	Tyr	Ala
			660					665					670		
Leu	Pro	Val	Phe	Gly	Thr	Phe	Ala	Ile	Val	Ser	Tyr	Ile	Ala	Asn	Lys
	675						680					685			
Val	Leu	Thr	Val	Gln	Thr	Ile	Asn	Asn	Ala	Leu	Ser	Lys	Arg	Asn	Glu
	690					695						700			
Lys	Trp	Asp	Glu	Val	Tyr	Lys	Tyr	Thr	Val	Thr	Asn	Trp	Leu	Ala	Lys
705					710					715					720
Val	Asn	Thr	Gln	Ile	Asp	Leu	Ile	Arg	Glu	Lys	Met	Lys	Lys	Ala	Leu
			725						730					735	
Glu	Asn	Gln	Ala	Glu	Ala	Thr	Lys	Ala	Ile	Ile	Asn	Tyr	Gln	Tyr	Asn
			740					745					750		
Gln	Tyr	Thr	Glu	Glu	Glu	Lys	Asn	Asn	Ile	Asn	Phe	Asn	Ile	Asp	Asp
	755						760					765			
Leu	Ser	Ser	Lys	Leu	Asn	Glu	Ser	Ile	Asn	Ser	Ala	Met	Ile	Asn	Ile
	770					775					780				
Asn	Lys	Phe	Leu	Asp	Gln	Cys	Ser	Val	Ser	Tyr	Leu	Met	Asn	Ser	Met
785					790					795					800
Ile	Pro	Tyr	Ala	Val	Lys	Arg	Leu	Lys	Asp	Phe	Asp	Ala	Ser	Val	Arg
			805						810					815	
Asp	Val	Leu	Leu	Lys	Tyr	Ile	Tyr	Asp	Asn	Arg	Gly	Thr	Leu	Val	Leu
			820					825					830		
Gln	Val	Asp	Arg	Leu	Lys	Asp	Glu	Val	Asn	Asn	Thr	Leu	Ser	Ala	Asp
		835					840					845			
Ile	Pro	Phe	Gln	Leu	Ser	Lys	Tyr	Val	Asp	Asn	Lys	Lys	Leu	Leu	Ser
	850					855						860			
Thr	Phe	Thr	Glu	Tyr	Ile	Lys	Asn	Ile	Val	Asn	Thr	Ser	Ile	Leu	Ser
865					870					875					880
Ile	Val	Tyr	Lys	Lys	Asp	Asp	Leu	Ile	Asp	Leu	Ser	Arg	Tyr	Gly	Ala
			885						890					895	
Lys	Ile	Asn	Ile	Gly	Asp	Arg	Val	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Ile	Asp	Lys	Asn
			900					905					910		
Gln	Ile	Lys	Leu	Ile	Asn	Leu	Glu	Ser	Ser	Thr	Ile	Glu	Val	Ile	Leu
	915						920					925			
Lys	Asn	Ala	Ile	Val	Tyr	Asn	Ser	Met	Tyr	Glu	Asn	Phe	Ser	Thr	Ser
	930					935						940			
Phe	Trp	Ile	Lys	Ile	Pro	Lys	Tyr	Phe	Ser	Lys	Ile	Asn	Leu	Asn	Asn
945					950					955					960
Glu	Tyr	Thr	Ile	Ile	Asn	Cys	Ile	Glu	Asn	Asn	Ser	Gly	Trp	Lys	Val
			965						970					975	
Ser	Leu	Asn	Tyr	Gly	Glu	Ile	Ile	Trp	Thr	Leu	Gln	Asp	Asn	Lys	Gln
			980					985					990		
Asn	Ile	Gln	Arg	Val	Val	Phe	Lys	Tyr	Ser	Gln	Met	Val	Asn	Ile	Ser
	995						1000					1005			
Asp	Tyr	Ile	Asn	Arg	Trp	Ile	Phe	Val	Thr	Ile	Thr	Asn	Asn	Arg	Leu
	1010					1015					1020				
Thr	Lys	Ser	Lys	Ile	Tyr	Ile	Asn	Gly	Arg	Leu	Ile	Asp	Gln	Lys	Pro

```

1025          1030          1035          1040
Ile Ser Asn Leu Gly Asn Ile His Ala Ser Asn Lys Ile Met Phe Lys
          1045          1050          1055
Leu Asp Gly Cys Arg Asp Pro Arg Arg Tyr Ile Met Ile Lys Tyr Phe
          1060          1065          1070
Asn Leu Phe Asp Lys Glu Leu Asn Glu Lys Glu Ile Lys Asp Leu Tyr
          1075          1080          1085
Asp Ser Gln Ser Asn Ser Gly Ile Leu Lys Asp Phe Trp Gly Asn Tyr
          1090          1095          1100
Leu Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Tyr Met Leu Asn Leu Phe Asp Pro Asn
1105          1110          1115          1120
Lys Tyr Val Asp Val Asn Asn Ile Gly Ile Arg Gly Tyr Met Tyr Leu
          1125          1130          1135
Lys Gly Pro Arg Gly Ser Val Val Thr Thr Asn Ile Tyr Leu Asn Ser
          1140          1145          1150
Thr Leu Tyr Glu Gly Thr Lys Phe Ile Ile Lys Lys Tyr Ala Ser Gly
          1155          1160          1165
Asn Glu Asp Asn Ile Val Arg Asn Asn Asp Arg Val Tyr Ile Asn Val
1170          1175          1180
Val Val Lys Asn Lys Glu Tyr Arg Leu Ala Thr Asn Ala Ser Gln Ala
1185          1190          1195          1200
Gly Val Glu Lys Ile Leu Ser Ala Leu Glu Ile Pro Asp Val Gly Asn
          1205          1210          1215
Leu Ser Gln Val Val Val Met Lys Ser Lys Asp Asp Gln Gly Ile Arg
          1220          1225          1230
Asn Lys Cys Lys Met Asn Leu Gln Asp Asn Asn Gly Asn Asp Ile Gly
          1235          1240          1245
Phe Ile Gly Phe His Leu Tyr Asp Asn Ile Ala Lys Leu Val Ala Ser
          1250          1255          1260
Asn Trp Tyr Asn Arg Gln Val Gly Lys Ala Ser Arg Thr Phe Gly Cys
1265          1270          1275          1280
Ser Trp Glu Phe Ile Pro Val Asp Asp Gly Trp Gly Glu Ser Ser Leu
          1285          1290          1295

```

<210> 3

<211> 1292

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum

<400> 3

5

```

Met Pro Phe Val Asn Lys Pro Phe Asn Tyr Arg Asp Pro Gly Asn Gly
 1          5          10          15
Val Asp Ile Ala Tyr Ile Lys Ile Pro Asn Ala Gly Gln Met Gln Pro
          20          25          30
Val Lys Ala Phe Lys Ile His Glu Gly Val Trp Val Ile Pro Glu Arg
          35          40          45
Asp Thr Phe Thr Asn Pro Glu Gly Asp Leu Asn Pro Pro Pro Glu
          50          55          60
Ala Lys Gln Val Pro Val Ser Tyr Tyr Asp Ser Thr Tyr Leu Ser Thr
65          70          75          80
Asp Asn Glu Lys Asp Asn Tyr Leu Lys Gly Val Ile Lys Leu Phe Asp
          85          90          95
Arg Ile Tyr Ser Thr Gly Leu Gly Arg Met Leu Leu Ser Phe Ile Val
          100          105          110
Lys Gly Ile Pro Phe Trp Gly Gly Ser Thr Ile Asp Thr Glu Leu Lys
          115          120          125
Val Ile Asp Thr Asn Cys Ile Asn Val Ile Glu Pro Gly Gly Ser Tyr
          130          135          140
Arg Ser Glu Glu Leu Asn Leu Val Ile Thr Gly Pro Ser Ala Asp Ile
145          150          155          160
Ile Gln Phe Glu Cys Lys Ser Phe Gly His Asp Val Phe Asn Leu Thr
          165          170          175
Arg Asn Gly Tyr Gly Ser Thr Gln Tyr Ile Arg Phe Ser Pro Asp Phe
          180          185          190

```

Thr	Phe	Gly	Phe	Glu	Glu	Ser	Leu	Glu	Val	Asp	Thr	Asn	Pro	Leu	Leu
		195					200					205			
Gly	Ala	Gly	Thr	Phe	Ala	Thr	Asp	Pro	Ala	Val	Thr	Leu	Ala	His	Glu
	210					215					220				
Leu	Ile	His	Ala	Ala	His	Arg	Leu	Tyr	Gly	Ile	Ala	Ile	Asn	Pro	Asn
	225				230					235					240
Arg	Val	Leu	Lys	Val	Lys	Thr	Asn	Ala	Tyr	Tyr	Glu	Met	Ser	Gly	Leu
			245						250					255	
Glu	Val	Ser	Phe	Glu	Glu	Leu	Arg	Thr	Phe	Gly	Gly	Asn	Asp	Thr	Asn
			260					265					270		
Phe	Ile	Asp	Ser	Leu	Trp	Gln	Lys	Lys	Phe	Ser	Arg	Asp	Ala	Tyr	Asp
	275					280						285			
Asn	Leu	Gln	Asn	Ile	Ala	Arg	Ile	Leu	Asn	Glu	Ala	Lys	Thr	Ile	Val
	290					295					300				
Gly	Thr	Thr	Thr	Pro	Leu	Gln	Tyr	Met	Lys	Asn	Ile	Phe	Ile	Arg	Lys
	305				310					315					320
Tyr	Phe	Leu	Ser	Glu	Asp	Ala	Ser	Gly	Lys	Ile	Ser	Val	Asn	Lys	Ala
			325						330					335	
Ala	Phe	Lys	Glu	Phe	Tyr	Arg	Val	Leu	Thr	Arg	Gly	Phe	Thr	Glu	Leu
			340					345					350		
Glu	Phe	Val	Asn	Pro	Phe	Lys	Val	Ile	Asn	Arg	Lys	Thr	Tyr	Leu	Asn
	355						360					365			
Phe	Asp	Lys	Ala	Val	Phe	Arg	Ile	Asn	Ile	Val	Pro	Asp	Glu	Asn	Tyr
	370					375					380				
Thr	Ile	Asn	Glu	Gly	Phe	Asn	Leu	Glu	Gly	Ala	Asn	Ser	Asn	Gly	Gln
	385				390					395					400
Asn	Thr	Glu	Ile	Asn	Ser	Arg	Asn	Phe	Thr	Arg	Leu	Lys	Asn	Phe	Thr
			405						410					415	
Gly	Leu	Phe	Glu	Phe	Tyr	Lys	Leu	Leu	Cys	Val	Arg	Gly	Ile	Ile	Pro
			420				425						430		
Phe	Lys	Thr	Lys	Ser	Leu	Asp	Glu	Gly	Tyr	Asn	Lys	Ala	Leu	Asn	Tyr
		435					440					445			
Leu	Cys	Ile	Lys	Val	Asn	Asn	Trp	Asp	Leu	Phe	Phe	Ser	Pro	Ser	Glu
	450				455						460				
Asp	Asn	Phe	Thr	Asn	Asp	Leu	Asp	Lys	Val	Glu	Glu	Ile	Thr	Ala	Asp
	465				470					475					480
Thr	Asn	Ile	Glu	Ala	Ala	Glu	Glu	Asn	Ile	Ser	Ser	Asp	Leu	Ile	Gln
			485						490					495	
Gln	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Phe	Asp	Phe	Asp	Asn	Glu	Pro	Glu	Asn	Ile	Ser
			500					505					510		
Ile	Glu	Asn	Leu	Ser	Ser	Asp	Ile	Ile	Gly	Gln	Leu	Glu	Pro	Met	Pro
	515						520					525			
Asn	Ile	Glu	Arg	Phe	Pro	Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr	Glu	Leu	Asp	Lys	Tyr
	530					535						540			
Thr	Met	Phe	His	Tyr	Leu	Arg	Ala	Gln	Glu	Phe	Glu	His	Gly	Asp	Ser
	545				550					555					560
Arg	Ile	Ile	Leu	Thr	Asn	Ser	Ala	Glu	Glu	Ala	Leu	Leu	Lys	Pro	Asn
			565						570					575	
Val	Ala	Tyr	Thr	Phe	Phe	Ser	Ser	Lys	Tyr	Val	Lys	Lys	Ile	Asn	Lys
			580					585					590		
Ala	Val	Glu	Ala	Val	Ile	Phe	Leu	Ser	Trp	Ala	Glu	Glu	Leu	Val	Tyr
	595						600					605			
Asp	Phe	Thr	Asp	Glu	Thr	Asn	Glu	Val	Thr	Thr	Met	Asp	Lys	Ile	Ala
	610					615						620			
Asp	Ile	Thr	Ile	Ile	Val	Pro	Tyr	Ile	Gly	Pro	Ala	Leu	Asn	Ile	Gly
	625				630					635					640
Asn	Met	Val	Ser	Lys	Gly	Glu	Phe	Val	Glu	Ala	Ile	Leu	Phe	Thr	Gly
			645						650					655	
Val	Val	Ala	Leu	Leu	Glu	Phe	Ile	Pro	Glu	Tyr	Ser	Leu	Pro	Val	Phe
		660						665					670		
Gly	Thr	Phe	Ala	Ile	Val	Ser	Tyr	Ile	Ala	Asn	Lys	Val	Leu	Thr	Val
	675						680					685			
Gln	Thr	Ile	Asn	Asn	Ala	Leu	Ser	Lys	Arg	Asn	Glu	Lys	Trp	Asp	Glu
	690					695					700				
Val	Tyr	Lys	Tyr	Thr	Val	Thr	Asn	Trp	Leu	Ala	Lys	Val	Asn	Thr	Gln

705					710					715				720
Ile	Asp	Leu	Ile	Arg	Glu	Lys	Met	Lys	Lys	Ala	Leu	Glu	Asn	Gln
					725					730				735
Glu	Ala	Thr	Arg	Ala	Ile	Ile	Asn	Tyr	Gln	Tyr	Asn	Gln	Tyr	Thr
					740					745				750
Glu	Glu	Lys	Asn	Asn	Ile	Asn	Phe	Asn	Ile	Asp	Asp	Leu	Ser	Ser
					755					760				765
Leu	Asn	Arg	Ser	Ile	Asn	Arg	Ala	Met	Ile	Asn	Ile	Asn	Lys	Phe
					770					775				780
Asp	Gln	Cys	Ser	Val	Ser	Tyr	Leu	Met	Asn	Ser	Met	Ile	Pro	Tyr
					785					790				800
Val	Lys	Arg	Leu	Lys	Asp	Phe	Asp	Ala	Ser	Val	Arg	Asp	Val	Leu
					805					810				815
Lys	Tyr	Ile	Tyr	Asp	Asn	Arg	Gly	Thr	Leu	Ile	Leu	Gln	Val	Asp
					820					825				830
Leu	Lys	Asp	Glu	Val	Asn	Asn	Thr	Leu	Ser	Ala	Asp	Ile	Pro	Phe
					835					840				845
Leu	Ser	Lys	Tyr	Val	Asn	Asp	Lys	Lys	Leu	Leu	Ser	Thr	Phe	Thr
					850					855				860
Tyr	Ile	Lys	Asn	Ile	Val	Asn	Thr	Ser	Ile	Leu	Ser	Ile	Val	Tyr
					865					870				875
Lys	Asp	Asp	Leu	Ile	Asp	Leu	Ser	Arg	Tyr	Gly	Ala	Lys	Ile	Asn
					885					890				895
Gly	Asp	Arg	Val	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Ile	Asp	Lys	Asn	Gln	Ile	Lys
					900					905				910
Ile	Asn	Leu	Glu	Ser	Ser	Thr	Ile	Glu	Val	Ile	Leu	Lys	Asn	Ala
					915					920				925
Val	Tyr	Asn	Ser	Met	Tyr	Glu	Asn	Phe	Ser	Thr	Ser	Phe	Trp	Ile
					930					935				940
Ile	Pro	Lys	Tyr	Phe	Ser	Lys	Ile	Asn	Leu	Asn	Asn	Glu	Tyr	Thr
					945					950				955
Ile	Asn	Cys	Ile	Glu	Asn	Asn	Ser	Gly	Trp	Lys	Val	Ser	Leu	Asn
					965					970				975
Gly	Glu	Ile	Ile	Trp	Thr	Leu	Gln	Asp	Asn	Lys	Gln	Asn	Ile	Gln
					980					985				990
Val	Val	Phe	Lys	Tyr	Ser	Gln	Met	Val	Asn	Ile	Ser	Asp	Tyr	Ile
					995					1000				1005
Arg	Trp	Met	Phe	Val	Thr	Ile	Thr	Asn	Asn	Arg	Leu	Thr	Lys	Ser
					1010					1015				1020
Ile	Tyr	Ile	Asn	Gly	Arg	Leu	Ile	Asp	Gln	Lys	Pro	Ile	Ser	Asn
					1025					1030				1035
Gly	Asn	Ile	His	Ala	Ser	Asn	Lys	Ile	Met	Phe	Lys	Leu	Asp	Gly
					1045					1050				1055
Arg	Asp	Pro	Arg	Arg	Tyr	Ile	Met	Ile	Lys	Tyr	Phe	Asn	Leu	Phe
					1060					1065				1070
Lys	Glu	Leu	Asn	Glu	Lys	Glu	Ile	Lys	Asp	Leu	Tyr	Asp	Ser	Gln
					1075					1080				1085
Asn	Pro	Gly	Ile	Leu	Lys	Asp	Phe	Trp	Gly	Asn	Tyr	Leu	Gln	Tyr
					1090					1095				1100
Lys	Pro	Tyr	Tyr	Met	Leu	Asn	Leu	Phe	Asp	Pro	Asn	Lys	Tyr	Val
					1105					1110				1115
Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Ile	Arg	Gly	Tyr	Met	Tyr	Leu	Lys	Gly	Pro
					1125					1130				1135
Gly	Ser	Val	Met	Thr	Thr	Asn	Ile	Tyr	Leu	Asn	Ser	Thr	Leu	Tyr
					1140					1145				1150
Gly	Thr	Lys	Phe	Ile	Ile	Lys	Lys	Tyr	Ala	Ser	Gly	Asn	Glu	Asp
					1155					1160				1165
Ile	Val	Arg	Asn	Asn	Asp	Arg	Val	Tyr	Ile	Asn	Val	Val	Val	Lys
					1170					1175				1180
Lys	Glu	Tyr	Arg	Leu	Ala	Thr	Asn	Ala	Ser	Gln	Ala	Gly	Val	Glu
					1185					1190				1195
Ile	Leu	Ser	Ala	Leu	Glu	Ile	Pro	Asp	Val	Gly	Asn	Leu	Ser	Gln
					1205					1210				1215
Val	Val	Met	Lys	Ser	Lys	Asp	Asp	Gln	Gly	Ile	Arg	Asn	Lys	Cys
					1220					1225				1230

Met Asn Leu Gln Asp Asn Asn Gly Asn Asp Ile Gly Phe Val Gly Phe
1235 1240 1245
His Leu Tyr Asp Asn Ile Ala Lys Leu Val Ala Ser Asn Trp Tyr Asn
1250 1255 1260
Arg Gln Val Gly Lys Ala Ser Arg Thr Phe Gly Cys Ser Trp Glu Phe
1265 1270 1275 1280
Ile Pro Val Asp Asp Gly Trp Gly Glu Ser Ser Leu
1285 1290

<210> 4
<211> 1296
<212> PRT
<213> Clostridium botulinum
<400> 4

5

Met Pro Leu Val Asn Gln Gln Ile Asn Tyr Tyr Asp Pro Val Asn Gly
1 5 10 15
Val Asp Ile Ala Tyr Ile Lys Ile Pro Asn Ala Gly Lys Met Gln Pro
20 25 30
Val Lys Ala Phe Lys Ile His Asn Lys Val Trp Val Ile Pro Glu Arg
35 40 45
Asp Ile Phe Thr Asn Pro Glu Glu Val Asp Leu Asn Pro Pro Pro Glu
50 55 60
Ala Lys Gln Val Pro Ile Ser Tyr Tyr Asp Ser Ala Tyr Leu Ser Thr
65 70 75 80
Asp Asn Glu Lys Asp Asn Tyr Leu Lys Gly Val Ile Lys Leu Phe Glu
85 90 95
Arg Ile Tyr Ser Thr Asp Leu Gly Arg Met Leu Leu Ile Ser Ile Val
100 105 110
Arg Gly Ile Pro Phe Trp Gly Gly Lys Ile Asp Thr Glu Leu Lys
115 120 125
Val Ile Asp Thr Asn Cys Ile Asn Ile Ile Gln Leu Asp Asp Ser Tyr
130 135 140
Arg Ser Glu Glu Leu Asn Leu Ala Ile Ile Gly Pro Ser Ala Asn Ile
145 150 155 160
Ile Glu Ser Gln Cys Ser Ser Phe Arg Asp Asp Val Leu Asn Leu Thr
165 170 175
Arg Asn Gly Tyr Gly Ser Thr Gln Tyr Ile Arg Phe Ser Pro Asp Phe
180 185 190
Thr Val Gly Phe Glu Glu Ser Leu Glu Val Asp Thr Asn Pro Leu Leu
195 200 205
Gly Ala Gly Lys Phe Ala Gln Asp Pro Ala Val Ala Leu Ala His Glu
210 215 220
Leu Ile His Ala Glu His Arg Leu Tyr Gly Ile Ala Ile Asn Thr Asn
225 230 235 240
Arg Val Phe Lys Val Asn Thr Asn Ala Tyr Tyr Glu Met Ala Gly Leu
245 250 255
Glu Val Ser Leu Glu Glu Leu Ile Thr Phe Gly Gly Asn Asp Ala Lys
260 265 270
Phe Ile Asp Ser Leu Gln Lys Lys Glu Phe Ser Leu Tyr Tyr Tyr Asn
275 280 285
Lys Phe Lys Asp Ile Ala Ser Thr Leu Asn Lys Ala Lys Ser Ile Val
290 295 300
Gly Thr Thr Ala Ser Leu Gln Tyr Met Lys Asn Val Phe Lys Glu Lys
305 310 315 320
Tyr Leu Leu Ser Glu Asp Ala Thr Gly Lys Phe Leu Val Asp Arg Leu
325 330 335
Lys Phe Asp Glu Leu Tyr Lys Leu Leu Thr Glu Ile Tyr Thr Glu Asp
340 345 350
Asn Phe Val Lys Phe Phe Lys Val Leu Asn Arg Lys Thr Tyr Leu Asn
355 360 365
Phe Asp Lys Ala Val Phe Lys Ile Asn Ile Val Pro Asp Val Asn Tyr
370 375 380
Thr Ile His Asp Gly Phe Asn Leu Arg Asn Thr Asn Leu Ala Ala Asn

385					390					395				400
Phe	Asn	Gly	Gln	Asn	Ile	Glu	Ile	Asn	Asn	Lys	Asn	Phe	Asp	Lys
				405						410				415
Lys	Asn	Phe	Thr	Gly	Leu	Phe	Glu	Phe	Tyr	Lys	Leu	Leu	Cys	Val
			420					425					430	
Gly	Ile	Ile	Thr	Ser	Lys	Thr	Lys	Ser	Leu	Asp	Glu	Gly	Tyr	Asn
		435					440					445		
Ala	Leu	Asn	Glu	Leu	Cys	Ile	Lys	Val	Asn	Asn	Trp	Asp	Leu	Phe
	450					455					460			
Ser	Pro	Ser	Glu	Asp	Asn	Phe	Thr	Asn	Asp	Leu	Asp	Lys	Val	Glu
465					470					475				480
Ile	Thr	Ser	Asp	Thr	Asn	Ile	Glu	Ala	Ala	Glu	Glu	Asn	Ile	Ser
				485						490				495
Asp	Leu	Ile	Gln	Gln	Tyr	Tyr	Leu	Asn	Phe	Asn	Phe	Asp	Asn	Glu
			500					505					510	
Glu	Asn	Thr	Ser	Ile	Glu	Asn	Leu	Ser	Ser	Asp	Ile	Ile	Gly	Gln
		515					520					525		
Glu	Pro	Met	Pro	Asn	Ile	Glu	Arg	Phe	Pro	Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr
	530					535					540			
Leu	Asn	Lys	Tyr	Thr	Met	Phe	His	Tyr	Leu	Arg	Ala	Gln	Glu	Phe
545					550					555				560
His	Ser	Asn	Ser	Arg	Ile	Ile	Leu	Thr	Asn	Ser	Ala	Lys	Glu	Ala
				565					570					575
Leu	Lys	Pro	Asn	Ile	Val	Tyr	Thr	Phe	Ser	Ser	Ser	Lys	Tyr	Ile
			580					585					590	
Ala	Ile	Asn	Lys	Ala	Val	Glu	Ala	Val	Thr	Phe	Val	Asn	Trp	Ile
	595						600					605		
Asn	Leu	Val	Tyr	Asp	Phe	Thr	Asp	Glu	Thr	Asn	Glu	Val	Ser	Thr
	610					615					620			
Asp	Lys	Ile	Ala	Asp	Ile	Thr	Ile	Val	Ile	Pro	Tyr	Ile	Gly	Pro
625					630					635				640
Leu	Asn	Ile	Gly	Asn	Met	Ile	Tyr	Lys	Gly	Glu	Phe	Val	Glu	Ala
			645						650					655
Ile	Phe	Ser	Gly	Ala	Val	Ile	Leu	Leu	Glu	Ile	Val	Pro	Glu	Ile
			660					665					670	
Leu	Pro	Val	Leu	Gly	Thr	Phe	Ala	Leu	Val	Ser	Tyr	Val	Ser	Asn
	675						680					685		
Val	Leu	Thr	Val	Gln	Thr	Ile	Asp	Asn	Ala	Leu	Ser	Lys	Arg	Asn
	690					695						700		
Lys	Trp	Asp	Glu	Val	Tyr	Lys	Tyr	Ile	Val	Thr	Asn	Trp	Leu	Ala
705					710					715				720
Val	Asn	Thr	Gln	Ile	Asn	Leu	Ile	Arg	Glu	Lys	Met	Lys	Lys	Ala
				725					730					735
Glu	Asn	Gln	Ala	Glu	Ala	Thr	Lys	Ala	Ile	Ile	Asn	Tyr	Gln	Tyr
			740					745					750	
Gln	Tyr	Thr	Glu	Glu	Glu	Lys	Asn	Asn	Ile	Asn	Phe	Asn	Ile	Asp
		755					760				765			
Leu	Ser	Ser	Lys	Leu	Asn	Glu	Ser	Ile	Asn	Ser	Ala	Met	Ile	Asn
	770				775						780			
Asn	Lys	Phe	Leu	Asp	Gln	Cys	Ser	Val	Ser	Tyr	Leu	Met	Asn	Ser
785					790					795				800
Ile	Pro	Tyr	Ala	Val	Lys	Arg	Leu	Lys	Asp	Phe	Asp	Ala	Ser	Val
			805						810					815
Asp	Val	Leu	Leu	Lys	Tyr	Ile	Tyr	Asp	Asn	Arg	Gly	Thr	Leu	Ile
			820					825					830	
Gln	Val	Asn	Arg	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	Asn	Asn	Thr	Leu	Ser	Ala
		835					840					845		
Ile	Pro	Phe	Gln	Leu	Ser	Lys	Tyr	Val	Asp	Asn	Lys	Lys	Leu	Ser
	850					855					860			
Thr	Phe	Thr	Glu	Tyr	Ile	Lys	Asn	Ile	Thr	Asn	Ala	Ser	Ile	Leu
865					870					875				880
Ile	Val	Tyr	Lys	Asp	Asp	Asp	Leu	Ile	Asp	Leu	Ser	Arg	Tyr	Gly
			885						890					895
Glu	Ile	Tyr	Asn	Gly	Asp	Lys	Val	Tyr	Tyr	Asn	Ser	Ile	Asp	Lys
			900					905					910	

Gln Ile Arg Leu Ile Asn Leu Glu Ser Ser Thr Ile Glu Val Ile Leu
 915 920 925
 Lys Lys Ala Ile Val Tyr Asn Ser Met Tyr Glu Asn Phe Ser Thr Ser
 930 935 940
 Phe Trp Ile Arg Ile Pro Lys Tyr Phe Asn Ser Ile Ser Leu Asn Asn
 945 950 955 960
 Glu Tyr Thr Ile Ile Asn Cys Met Glu Asn Asn Ser Gly Trp Lys Val
 965 970 975
 Ser Leu Asn Tyr Gly Glu Ile Ile Trp Thr Phe Gln Asp Thr Gln Glu
 980 985 990
 Ile Lys Gln Arg Val Val Phe Lys Tyr Ser Gln Met Ile Asn Ile Ser
 995 1000 1005
 Asp Tyr Ile Asn Arg Trp Ile Phe Val Thr Ile Thr Asn Asn Arg Ile
 1010 1015 1020
 Thr Lys Ser Lys Ile Tyr Ile Asn Gly Arg Leu Ile Asp Gln Lys Pro
 1025 1030 1035 1040
 Ile Ser Asn Leu Gly Asn Ile His Ala Ser Asn Lys Ile Met Phe Lys
 1045 1050 1055
 Leu Asp Gly Cys Arg Asp Pro His Arg Tyr Ile Val Ile Lys Tyr Phe
 1060 1065 1070
 Asn Leu Phe Asp Lys Glu Leu Ser Glu Lys Glu Ile Lys Asp Leu Tyr
 1075 1080 1085
 Asp Asn Gln Ser Asn Ser Gly Ile Leu Lys Asp Phe Trp Gly Asp Tyr
 1090 1095 1100
 Leu Gln Tyr Asp Lys Ser Tyr Tyr Met Leu Asn Leu Tyr Asp Pro Asn
 1105 1110 1115 1120
 Lys Tyr Val Asp Val Asn Asn Val Gly Ile Arg Gly Tyr Met Tyr Leu
 1125 1130 1135
 Lys Gly Pro Arg Asp Asn Val Met Thr Thr Asn Ile Tyr Leu Asn Ser
 1140 1145 1150
 Ser Leu Tyr Met Gly Thr Lys Phe Ile Ile Lys Lys Tyr Ala Ser Gly
 1155 1160 1165
 Asn Lys Asp Asn Ile Val Arg Asn Asn Asp Arg Val Tyr Ile Asn Val
 1170 1175 1180
 Val Val Lys Asn Lys Glu Tyr Arg Leu Ala Thr Asn Ala Ser Gln Ala
 1185 1190 1195 1200
 Gly Val Glu Lys Ile Leu Ser Ala Leu Glu Ile Pro Asp Val Gly Asn
 1205 1210 1215
 Leu Ser Gln Val Val Val Met Lys Ser Lys Asn Asp Gln Gly Ile Thr
 1220 1225 1230
 Asn Lys Cys Lys Met Asn Leu Gln Asp Asn Asn Gly Asn Asp Ile Gly
 1235 1240 1245
 Phe Ile Gly Phe His Gln Phe Asn Asn Ile Ala Lys Leu Val Ala Ser
 1250 1255 1260
 Asn Trp Tyr Asn Arg Gln Ile Glu Arg Ser Ser Arg Thr Leu Gly Cys
 1265 1270 1275 1280
 Ser Trp Glu Phe Ile Pro Val Asp Asp Gly Trp Arg Glu Arg Pro Leu
 1285 1290 1295

<210> 5
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 5

5

Met Ala Glu Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
 1 5 10 15
 Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
 20 25 30
 Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
 35 40 45
 Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Asp Arg Val Glu Glu Gly Met
 50 55 60
 Asn His Ile Asn Gln Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Lys Asp

ES 2 689 703 T3

```

65          70          75          80
Leu Gly Lys Cys Cys Gly Leu Phe Ile Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
85          90          95
Ser Ser Asp Ala Tyr Lys Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val
100         105         110
Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala
115         120         125
Ile Ser Gly Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asn
130         135         140
Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Ser Gly Ile Ile Gly Asn Leu
145         150         155         160
Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg
165         170         175
Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile
180         185         190
Asp Glu Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
195         200         205

```

<210> 6
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 6

```

Met Ala Glu Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
1      5      10      15
Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
20     25     30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
35     40     45
Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
50     55     60
Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Thr Asp
65     70     75     80
Leu Gly Lys Phe Cys Gly Leu Cys Val Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
85     90     95
Ser Ser Asp Ala Tyr Lys Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val
100    105    110
Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala
115    120    125
Ile Ser Gly Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asn
130    135    140
Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Ser Gly Ile Ile Gly Asn Leu
145    150    155    160
Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg
165    170    175
Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile
180    185    190
Asp Glu Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
195    200    205

```

<210> 7
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> Macaca mulatta
 <400> 7

```

Met Ala Glu Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
1      5      10      15
Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
20     25     30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
35     40     45

```

```

Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
 50      55      60
Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Thr Asp
65      70      75      80
Leu Gly Lys Phe Cys Gly Leu Cys Val Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
      85      90      95
Ser Ser Asp Ala Tyr Lys Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val
      100      105      110
Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala
      115      120      125
Ile Ser Gly Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asn
      130      135      140
Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Ser Gly Ile Ile Gly Asn Leu
145      150      155      160
Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg
      165      170      175
Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile
      180      185      190
Asp Glu Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
      195      200      205

```

<210> 8
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> Rattus norvegicus
 <400> 8

```

Met Ala Glu Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
 1      5      10      15
Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
      20      25      30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
      35      40      45
Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Asp Arg Val Glu Glu Gly Met
      50      55      60
Asn His Ile Asn Gln Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Lys Asp
65      70      75      80
Leu Gly Lys Cys Cys Gly Leu Phe Ile Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
      85      90      95
Ser Ser Asp Ala Tyr Lys Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val
      100      105      110
Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala
      115      120      125
Ile Ser Gly Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asn
      130      135      140
Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Ser Gly Ile Ile Gly Asn Leu
145      150      155      160
Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg
      165      170      175
Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile
      180      185      190
Asp Glu Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
      195      200      205

```

<210> 9
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> Rattus norvegicus
 <400> 9

```

Met Ala Glu Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
 1      5      10      15
Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met

```

					20										25										30				
Leu	Gln	Leu	Val	Glu	Glu	Ser	Lys	Asp	Ala	Gly	Ile	Arg	Thr	Leu	Val														
					35					40					45														
Met	Leu	Asp	Glu	Gln	Gly	Glu	Gln	Leu	Glu	Arg	Ile	Glu	Glu	Gly	Met														
					50					55					60														
Asp	Gln	Ile	Asn	Lys	Asp	Met	Lys	Glu	Ala	Glu	Lys	Asn	Leu	Thr	Asp														
					65					70					75					80									
Leu	Gly	Lys	Phe	Cys	Gly	Leu	Cys	Val	Cys	Pro	Cys	Asn	Lys	Leu	Lys														
					85					90					95														
Ser	Ser	Asp	Ala	Tyr	Lys	Lys	Ala	Trp	Gly	Asn	Asn	Gln	Asp	Gly	Val														
					100					105					110														
Val	Ala	Ser	Gln	Pro	Ala	Arg	Val	Val	Asp	Glu	Arg	Glu	Gln	Met	Ala														
					115					120					125														
Ile	Ser	Gly	Gly	Phe	Ile	Arg	Arg	Val	Thr	Asn	Asp	Ala	Arg	Glu	Asn														
					130					135					140														
Glu	Met	Asp	Glu	Asn	Leu	Glu	Gln	Val	Ser	Gly	Ile	Ile	Gly	Asn	Leu														
					145					150					155					160									
Arg	His	Met	Ala	Leu	Asp	Met	Gly	Asn	Glu	Ile	Asp	Thr	Gln	Asn	Arg														
					165					170					175														
Gln	Ile	Asp	Arg	Ile	Met	Glu	Lys	Ala	Asp	Ser	Asn	Lys	Thr	Arg	Ile														
					180					185					190														
Asp	Glu	Ala	Asn	Gln	Arg	Ala	Thr	Lys	Met	Leu	Gly	Ser	Gly																
					195					200					205														

<210> 10
<211> 206
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 10

Met	Ala	Glu	Asp	Ala	Asp	Met	Arg	Asn	Glu	Leu	Glu	Glu	Met	Gln	Arg
1				5					10					15	
Arg	Ala	Asp	Gln	Leu	Ala	Asp	Glu	Ser	Leu	Glu	Ser	Thr	Arg	Arg	Met
			20					25					30		
Leu	Gln	Leu	Val	Glu	Glu	Ser	Lys	Asp	Ala	Gly	Ile	Arg	Thr	Leu	Val
		35					40					45			
Met	Leu	Asp	Glu	Gln	Gly	Glu	Gln	Leu	Glu	Arg	Ile	Glu	Glu	Gly	Met
		50				55					60				
Asp	Gln	Ile	Asn	Lys	Asp	Met	Lys	Glu	Ala	Glu	Lys	Asn	Leu	Thr	Asp
65					70					75					80
Leu	Gly	Lys	Phe	Cys	Gly	Leu	Cys	Val	Cys	Pro	Cys	Asn	Lys	Leu	Lys
				85					90					95	
Ser	Ser	Asp	Ala	Tyr	Lys	Lys	Ala	Trp	Gly	Asn	Asn	Gln	Asp	Gly	Val
			100					105					110		
Val	Ala	Ser	Gln	Pro	Ala	Arg	Val	Val	Asp	Glu	Arg	Glu	Gln	Met	Ala
		115					120					125			
Ile	Ser	Gly	Gly	Phe	Ile	Arg	Arg	Val	Thr	Asn	Asp	Ala	Arg	Glu	Asn
		130				135					140				
Glu	Met	Asp	Glu	Asn	Leu	Glu	Gln	Val	Ser	Gly	Ile	Ile	Gly	Asn	Leu
145					150					155					160
Arg	His	Met	Ala	Leu	Asp	Met	Gly	Asn	Glu	Ile	Asp	Thr	Gln	Asn	Arg
				165					170					175	
Gln	Ile	Asp	Arg	Ile	Met	Glu	Lys	Ala	Asp	Ser	Asn	Lys	Thr	Arg	Ile
			180					185					190		
Asp	Glu	Ala	Asn	Gln	Arg	Ala	Thr	Lys	Met	Leu	Gly	Ser	Gly		
		195					200					205			

<210> 11
<211> 206
<212> PRT
<213> Gallus gallus
<400> 11

```

Met Ala Glu Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
 1      5      10
Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
      20      25      30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
      35      40      45
Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
      50      55      60
Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Thr Asp
65      70      75      80
Leu Gly Lys Phe Cys Gly Leu Cys Val Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
      85      90      95
Ser Ser Asp Ala Tyr Lys Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val
      100      105      110
Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala
      115      120      125
Ile Ser Gly Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asn
130      135      140
Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Ser Gly Ile Ile Gly Asn Leu
145      150      155      160
Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg
      165      170      175
Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile
      180      185      190
Asp Glu Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
      195      200      205

```

<210> 12
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> Carassius auratus
 <400> 12

```

Met Ala Glu Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Ser Asp Met Gln Gln
 1      5      10      15
Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
      20      25      30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
      35      40      45
Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
      50      55      60
Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Asp Ala Glu Lys Asn Leu Asn Asp
65      70      75      80
Leu Gly Lys Phe Cys Gly Leu Cys Ser Cys Pro Cys Asn Lys Met Lys
      85      90      95
Ser Gly Gly Ser Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val Val Ala
      100      105      110
Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala Ile Ser
      115      120      125
Gly Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asp Asp Ala Arg Glu Asn Glu Met
130      135      140
Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Gly Gly Ile Ile Gly Asn Leu Arg His
145      150      155      160
Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg Gln Ile
      165      170      175
Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile Asp Glu
      180      185      190
Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
      195      200

```

<210> 13
 <211> 203
 <212> PRT
 <213> Carassius auratus
 <400> 13

```

Met Ala Asp Glu Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Thr Asp Met Gln Ala
 1      5      10      15
Arg Ala Asp Gln Leu Gly Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
      20      25      30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
 35      40      45
Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
 50      55      60
Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Thr Asp
 65      70      75      80
Leu Gly Asn Leu Cys Gly Leu Cys Pro Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
      85      90      95
Gly Gly Gly Gln Ser Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val Val Ser Ser
      100      105      110
Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala Ile Ser Gly
 115      120      125
Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asn Glu Met Asp
 130      135      140
Glu Asn Leu Glu Gln Val Gly Ser Ile Ile Gly Asn Leu Arg His Met
 145      150      155      160
Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg Gln Ile Asp
      165      170      175
Arg Ile Met Asp Met Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile Asp Glu Ala
      180      185      190
Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
      195      200

```

<210> 14
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> Danio rerio
 <400> 14

```

Met Ala Glu Asp Ser Asp Met Arg Asn Glu Leu Ala Asp Met Gln Gln
 1      5      10      15
Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
      20      25      30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
 35      40      45
Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
 50      55      60
Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Asp Ala Glu Lys Asn Leu Asn Asp
 65      70      75      80
Leu Gly Lys Phe Cys Gly Leu Cys Ser Cys Pro Cys Asn Lys Met Lys
      85      90      95
Ser Gly Ala Ser Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val Val Ala
      100      105      110
Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala Ile Ser
 115      120      125
Gly Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asp Asp Ala Arg Glu Asn Glu Met
 130      135      140
Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Gly Gly Ile Ile Gly Asn Leu Arg His
 145      150      155      160
Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg Gln Ile
      165      170      175
Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile Asp Glu
      180      185      190
Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
      195      200

```

<210> 15
 <211> 203
 <212> PRT

<213> Danio rerio
<400> 15

```

Met Ala Asp Glu Ser Asp Met Arg Asn Glu Leu Asn Asp Met Gln Ala
 1          5          10          15
Arg Ala Asp Gln Leu Gly Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
          20          25          30
Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
          35          40          45
Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
          50          55          60
Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Thr Asp
          65          70          75          80
Leu Gly Asn Leu Cys Gly Leu Cys Pro Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
          85          90          95
Gly Gly Gly Gln Ser Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val Val Ser Ser
          100          105          110
Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala Ile Ser Gly
          115          120          125
Gly Phe Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asn Glu Met Asp
          130          135          140
Glu Asn Leu Glu Gln Val Gly Ser Ile Ile Gly Asn Leu Arg His Met
          145          150          155          160
Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg Gln Ile Asp
          165          170          175          180
Arg Ile Met Asp Met Ala Asp Ser Asn Lys Thr Arg Ile Asp Glu Ala
          180          185          190
Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
          195          200

```

5

<210> 16
<211> 210
<212> PRT
<213> Torpedo marmorata
<400> 16

10

```

Met Glu Asn Ser Val Glu Asn Ser Met Asp Pro Arg Ser Glu Gln Glu
 1          5          10          15
Glu Met Gln Arg Cys Ala Asp Gln Ile Thr Asp Glu Ser Leu Glu Ser
          20          25          30
Thr Arg Arg Met Leu Gln Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Ala Gly Ile
          35          40          45
Arg Thr Leu Val Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile
          50          55          60
Glu Glu Gly Met Asp Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys
          65          70          75          80
Asn Leu Ser Asp Leu Gly Lys Cys Cys Gly Leu Cys Ser Cys Pro Cys
          85          90          95
Asn Lys Leu Lys Asn Phe Glu Ala Gly Gly Ala Tyr Lys Lys Val Trp
          100          105          110
Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Met
          115          120          125
Asp Asp Arg Glu Gln Met Ala Met Ser Gly Gly Tyr Ile Arg Arg Ile
          130          135          140
Thr Asp Asp Ala Arg Glu Asn Glu Met Glu Glu Asn Leu Asp Gln Val
          145          150          155          160
Gly Ser Ile Ile Gly Asn Leu Arg His Met Ala Leu Asp Met Ser Asn
          165          170          175          180
Glu Ile Gly Ser Gln Asn Ala Gln Ile Asp Arg Ile Val Val Lys Gly
          180          185          190
Asp Met Asn Lys Ala Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys His Ala Thr Lys
          195          200

```

ES 2 689 703 T3

195 200 205
 Met Leu
 210
 <210> 17
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> *Xenopus laevis*
 <400> 17
 5
 Met Ala Asp Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
 1 5 10 15
 Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
 20 25 30
 Leu Gln Tyr Val Glu Gly Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
 35 40 45
 Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Asp Arg Val Glu Glu Gly Met
 50 55 60
 Asn His Ile Asn Gln Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Lys Asp
 65 70 75 80
 Leu Gly Lys Cys Cys Gly Leu Phe Ile Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
 85 90 95
 Ser Ser Gly Ala Tyr Asn Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val
 100 105 110
 Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala
 115 120 125
 Ile Ser Gly Gly Phe Val Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Thr
 130 135 140
 Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Gly Gly Ile Ile Gly Asn Leu
 145 150 155 160
 Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg
 165 170 175
 Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Ala Arg Ile
 180 185 190
 Asp Glu Ala Asn Lys His Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
 195 200 205
 10
 <210> 18
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> *Xenopus laevis*
 <400> 18
 15

Met Ala Asp Asp Ala Asp Met Arg Asn Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
 1 5 10 15
 Arg Ala Asp Gln Leu Ala Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met
 20 25 30
 Leu Gln Tyr Val Glu Gly Ser Lys Asp Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val
 35 40 45
 Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Glu Arg Ile Glu Glu Gly Met
 50 55 60
 Glu Gln Ile Asn Lys Asp Met Lys Glu Ala Glu Lys Asn Leu Thr Asp
 65 70 75 80
 Leu Gly Lys Phe Cys Gly Leu Cys Val Cys Pro Cys Asn Lys Leu Lys
 85 90 95
 Ser Ser Asp Ala Tyr Lys Lys Ala Trp Gly Asn Asn Gln Asp Gly Val
 100 105 110
 Val Ala Ser Gln Pro Ala Arg Val Val Asp Glu Arg Glu Gln Met Ala
 115 120 125
 Ile Ser Gly Gly Phe Val Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala Arg Glu Thr
 130 135 140
 Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Gly Gly Ile Ile Gly Asn Leu
 145 150 155 160

Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr Gln Asn Arg
165 170 175
Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys Ala Arg Ile
180 185 190
Asp Glu Ala Asn Lys His Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser Gly
195 200 205

<210> 19
<211> 212
<212> PRT
<213> Strongylocentrotus purpuratus
<400> 19

Met Glu Asp Gln Asn Asp Met Asn Met Arg Ser Glu Leu Glu Glu Ile
1 5 10 15
Gln Met Gln Ser Asn Met Gln Thr Asp Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg
20 25 30
Arg Met Leu Gln Met Ala Glu Glu Ser Gln Asp Met Gly Ile Lys Thr
35 40 45
Leu Val Met Leu Asp Glu Gln Gly Glu Gln Leu Asp Arg Ile Glu Glu
50 55 60
Gly Met Asp Gln Ile Asn Thr Asp Met Arg Glu Ala Glu Lys Asn Leu
65 70 75 80
Thr Gly Leu Glu Lys Cys Cys Gly Ile Cys Val Cys Pro Trp Lys Lys
85 90 95
Leu Gly Asn Phe Glu Lys Gly Asp Asp Tyr Lys Lys Thr Trp Lys Gly
100 105 110
Asn Asp Asp Gly Lys Val Asn Ser His Gln Pro Met Arg Met Glu Asp
115 120 125
Asp Arg Asp Gly Cys Gly Gly Asn Ala Ser Met Ile Thr Arg Ile Thr
130 135 140
Asn Asp Ala Arg Glu Asp Glu Met Asp Glu Asn Leu Thr Gln Val Ser
145 150 155 160
Ser Ile Val Gly Asn Leu Arg His Met Ala Ile Asp Met Gln Ser Glu
165 170 175
Ile Gly Ala Gln Asn Ser Gln Val Gly Arg Ile Thr Ser Lys Ala Glu
180 185 190
Ser Asn Glu Gly Arg Ile Asn Ser Ala Asp Lys Arg Ala Lys Asn Ile
195 200 205
Leu Arg Asn Lys
210

<210> 20
<211> 212
<212> PRT
<213> Drosophila melanogaster
<400> 20

Met Pro Ala Asp Pro Ser Glu Glu Val Ala Pro Gln Val Pro Lys Thr
1 5 10 15
Glu Leu Glu Glu Leu Gln Ile Asn Ala Gln Gly Val Ala Asp Glu Ser
20 25 30
Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met Leu Ala Leu Cys Glu Glu Ser Lys Glu
35 40 45
Ala Gly Ile Arg Thr Leu Val Ala Leu Asp Asp Gln Gly Glu Gln Leu
50 55 60
Asp Arg Ile Glu Glu Gly Met Asp Gln Ile Asn Ala Asp Met Arg Glu
65 70 75 80
Ala Glu Lys Asn Leu Ser Gly Met Glu Lys Cys Cys Gly Ile Cys Val
85 90 95
Leu Pro Cys Asn Lys Ser Gln Ser Phe Lys Glu Asp Asp Gly Thr Trp
100 105 110
Lys Gly Asn Asp Asp Gly Lys Val Val Asn Asn Gln Pro Gln Arg Val

ES 2 689 703 T3

[illegible]

<210> 21
<211> 212
<212> PRT
<213> *Hirudo medicinalis*
<400> 21

[illegible]

<210> 22
<211> 212
<212> PRT
<213> Loligo pealei
<400> 22

Met 1	Ser	Ala	Asn 5	Gly	Glu	Val	Glu	Val 10	Pro	Lys	Thr	Glu	Leu	Glu 15	Glu
Ile	Gln	Gln	Gln 20	Cys	Asn	Gln	Val	Thr 25	Asp	Asp	Ser	Leu	Glu 30	Ser	Thr
Arg	Arg	Met 35	Leu	Asn	Met	Cys	Glu 40	Glu	Ser	Lys	Glu	Ala 45	Gly	Ile	Arg
Thr	Leu 50	Val	Met	Leu	Asp	Glu 55	Gln	Gly	Glu	Gln	Leu 60	Asp	Arg	Ile	Glu

Glu Gly Leu Asp Gln Ile Asn Gln Asp Met Lys Asp Ala Glu Lys Asn
65 70 75 80
Leu Glu Gly Met Glu Lys Cys Cys Gly Leu Cys Val Leu Pro Trp Lys
85 90 95
Arg Gly Lys Ser Phe Glu Lys Ser Gly Asp Tyr Ala Asn Thr Trp Lys
100 105 110
Lys Asp Asp Asp Gly Pro Thr Asn Thr Asn Gly Pro Arg Val Thr Val
115 120 125
Gly Asp Gln Asn Gly Met Gly Pro Ser Ser Gly Tyr Val Thr Arg Ile
130 135 140
Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asp Asp Met Glu Asn Asn Met Lys Glu Val
145 150 155 160
Ser Ser Met Ile Gly Asn Leu Arg Asn Met Ala Ile Asp Met Gly Asn
165 170 175
Glu Ile Gly Ser Gln Asn Arg Gln Val Asp Arg Ile Gln Gln Lys Ala
180 185 190
Glu Ser Asn Glu Ser Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys Lys Ala Thr Lys
195 200 205
Leu Leu Lys Asn
210

<210> 23
<211> 220
<212> PRT
<213> Lymnaea stagnalis
<400> 23

Met Thr Thr Asn Gly Glu Ile Leu Pro Val Gly Glu Glu Glu Glu Glu
1 5 10 15
Glu Leu Gly Glu Asp Ala Leu Leu Arg Lys Gln Ile Asp Cys Asn Thr
20 25 30
Asn Glu Ser Leu Glu Ser Thr Arg Arg Met Leu Ser Leu Cys Glu Glu
35 40 45
Ser Lys Glu Ala Gly Ile Lys Thr Leu Val Met Leu Asp Glu Gln Gly
50 55 60
Glu Gln Leu Asp Arg Ile Glu Glu Gly Met Gly Gln Ile Asn Gln Asp
65 70 75 80
Met Arg Asp Ala Glu Lys Asn Leu Glu Gly Leu Glu Lys Cys Cys Gly
85 90 95
Leu Cys Val Leu Pro Trp Lys Arg Ser Lys Asn Phe Glu Lys Gly Ser
100 105 110
Asp Tyr Asn Lys Thr Trp Lys Ala Ser Glu Asp Gly Lys Ile Asn Thr
115 120 125
Asn Gly Pro Arg Leu Val Val Asp Gln Gly Asn Gly Ser Gly Pro Thr
130 135 140
Gly Gly Tyr Ile Thr Arg Ile Thr Asn Asp Ala Arg Glu Asp Glu Met
145 150 155 160
Glu Gln Asn Ile Gly Glu Val Ala Gly Met Val Ser Asn Leu Arg Asn
165 170 175
Met Ala Val Asp Met Gly Asn Glu Ile Glu Ser Gln Asn Lys Gln Leu
180 185 190
Asp Arg Ile Asn Gln Lys Gly Gly Ser Leu Asn Val Arg Val Asp Glu
195 200 205
Ala Asn Lys Arg Ala Asn Arg Ile Leu Arg Lys Gln
210 215 220

<210> 24
<211> 207
<212> PRT
<213> Caenorhabditis elegans
<400> 24

Met Ser Gly Asp Asp Asp Ile Pro Glu Gly Leu Glu Ala Ile Asn Leu

1				5					10					15			
Lys	Met	Asn	Ala	Thr	Thr	Asp	Asp	Ser	Leu	Glu	Ser	Thr	Arg	Arg	Met		
			20					25					30				
Leu	Ala	Leu	Cys	Glu	Glu	Ser	Lys	Glu	Ala	Gly	Ile	Lys	Thr	Leu	Val		
		35					40					45					
Met	Leu	Asp	Asp	Gln	Gly	Glu	Gln	Leu	Glu	Arg	Cys	Glu	Gly	Ala	Leu		
	50					55					60						
Asp	Thr	Ile	Asn	Gln	Asp	Met	Lys	Glu	Ala	Glu	Asp	His	Leu	Lys	Gly		
65					70					75					80		
Met	Glu	Lys	Cys	Cys	Gly	Leu	Cys	Val	Leu	Pro	Trp	Asn	Lys	Thr	Asp		
			85							90					95		
Asp	Phe	Glu	Lys	Thr	Glu	Phe	Ala	Lys	Ala	Trp	Lys	Lys	Asp	Asp	Asp		
			100					105					110				
Gly	Gly	Val	Ile	Ser	Asp	Gln	Pro	Arg	Ile	Thr	Val	Gly	Asp	Ser	Ser		
		115					120					125					
Met	Gly	Pro	Gln	Gly	Gly	Tyr	Ile	Thr	Lys	Ile	Thr	Asn	Asp	Ala	Arg		
	130					135					140						
Glu	Asp	Glu	Met	Asp	Glu	Asn	Val	Gln	Gln	Val	Ser	Thr	Met	Val	Gly		
145					150					155					160		
Asn	Leu	Arg	Asn	Met	Ala	Ile	Asp	Met	Ser	Thr	Glu	Val	Ser	Asn	Gln		
			165						170					175			
Asn	Arg	Gln	Leu	Asp	Arg	Ile	His	Asp	Lys	Ala	Gln	Ser	Asn	Glu	Val		
			180					185						190			
Arg	Val	Glu	Ser	Ala	Asn	Lys	Arg	Ala	Lys	Asn	Leu	Ile	Thr	Lys			
		195					200					205					

<210> 25
 <211> 808
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 25

Met	Gly	Ala	Pro	Ala	Cys	Ala	Leu	Ala	Leu	Cys	Val	Ala	Val	Ala	Ile		
1				5					10					15			
Val	Ala	Gly	Ala	Ser	Ser	Glu	Ser	Leu	Gly	Thr	Glu	Gln	Arg	Val	Val		
			20					25					30				
Gly	Arg	Ala	Ala	Glu	Val	Pro	Gly	Pro	Glu	Pro	Gly	Gln	Gln	Glu	Gln		
		35					40					45					
Leu	Val	Phe	Gly	Ser	Gly	Asp	Ala	Val	Glu	Leu	Ser	Cys	Pro	Pro	Pro		
	50					55					60						
Gly	Gly	Gly	Pro	Met	Gly	Pro	Thr	Val	Trp	Val	Lys	Asp	Gly	Thr	Gly		
65					70					75					80		
Leu	Val	Pro	Ser	Glu	Arg	Val	Leu	Val	Gly	Pro	Gln	Arg	Leu	Gln	Val		
			85						90					95			
Leu	Asn	Ala	Ser	His	Glu	Asp	Ser	Gly	Ala	Tyr	Ser	Cys	Arg	Gln	Arg		
			100					105					110				
Leu	Thr	Gln	Arg	Val	Leu	Cys	His	Phe	Ser	Val	Arg	Val	Thr	Asp	Ala		
		115					120					125					
Pro	Ser	Ser	Gly	Asp	Asp	Glu	Asp	Gly	Glu	Asp	Glu	Ala	Glu	Asp	Thr		
	130					135					140						
Gly	Val	Asp	Thr	Gly	Ala	Pro	Tyr	Trp	Thr	Arg	Pro	Glu	Arg	Met	Asp		
145					150					155				160			
Lys	Lys	Leu	Leu	Ala	Val	Pro	Ala	Ala	Asn	Thr	Val	Arg	Phe	Arg	Cys		
			165						170					175			
Pro	Ala	Ala	Gly	Asn	Pro	Thr	Pro	Ser	Ile	Ser	Trp	Leu	Lys	Asn	Gly		
			180					185						190			
Arg	Glu	Phe	Arg	Gly	Glu	His	Arg	Ile	Gly	Gly	Ile	Lys	Leu	Arg	His		
		195					200					205					
Gln	Gln	Trp	Ser	Leu	Val	Met	Glu	Ser	Val	Val	Pro	Ser	Asp	Arg	Gly		
		210				215					220						
Asn	Tyr	Thr	Cys	Val	Val	Glu	Asn	Lys	Phe	Gly	Ser	Ile	Arg	Gln	Thr		
225					230					235				240			
Tyr	Thr	Leu	Asp	Val	Leu	Glu	Arg	Ser	Pro	His	Arg	Pro	Ile	Leu	Gln		
			245						250					255			

Ala	Gly	Leu	Pro	Ala	Asn	Gln	Thr	Ala	Val	Leu	Gly	Ser	Asp	Val	Glu
			260											270	
Phe	His	Cys	Lys	Val	Tyr	Ser	Asp	Ala	Gln	Pro	His	Ile	Gln	Trp	Leu
			275					280					285		
Lys	His	Val	Glu	Val	Asn	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Pro	Asp	Gly	Thr	Pro
			290				295					300			
Tyr	Val	Thr	Val	Leu	Lys	Ser	Trp	Ile	Ser	Glu	Ser	Val	Glu	Ala	Asp
					310					315					320
Val	Arg	Leu	Arg	Leu	Ala	Asn	Val	Ser	Glu	Arg	Asp	Gly	Gly	Glu	Tyr
				325					330					335	
Leu	Cys	Arg	Ala	Thr	Asn	Phe	Ile	Gly	Val	Ala	Glu	Lys	Ala	Phe	Trp
				340				345					350		
Leu	Ser	Val	His	Gly	Pro	Arg	Ala	Ala	Glu	Glu	Glu	Leu	Val	Glu	Ala
				355			360					365			
Asp	Glu	Ala	Gly	Ser	Val	Tyr	Ala	Gly	Ile	Leu	Ser	Tyr	Gly	Val	Gly
						375					380				
Phe	Phe	Leu	Phe	Ile	Leu	Val	Val	Ala	Ala	Val	Thr	Leu	Cys	Arg	Leu
					390					395					400
Arg	Ser	Pro	Pro	Lys	Lys	Gly	Leu	Gly	Ser	Pro	Thr	Val	His	Lys	Ile
				405					410					415	
Ser	Arg	Phe	Pro	Leu	Lys	Arg	Gln	Val	Ser	Leu	Glu	Ser	Asn	Ala	Ser
				420				425					430		
Met	Ser	Ser	Asn	Thr	Pro	Leu	Val	Arg	Ile	Ala	Arg	Leu	Ser	Ser	Gly
				435			440					445			
Glu	Gly	Pro	Thr	Leu	Ala	Asn	Val	Ser	Glu	Leu	Glu	Leu	Pro	Ala	Asp
						455					460				
Pro	Lys	Trp	Glu	Leu	Ser	Arg	Ala	Arg	Leu	Thr	Leu	Gly	Lys	Pro	Leu
				470						475					480
Gly	Glu	Gly	Cys	Phe	Gly	Gln	Val	Val	Met	Ala	Glu	Ala	Ile	Gly	Ile
				485					490					495	
Asp	Lys	Asp	Arg	Ala	Ala	Lys	Pro	Val	Thr	Val	Ala	Val	Lys	Met	Leu
				500				505					510		
Lys	Asp	Asp	Ala	Thr	Asp	Lys	Asp	Leu	Ser	Asp	Leu	Val	Ser	Glu	Met
				515			520					525			
Glu	Met	Met	Lys	Met	Ile	Gly	Lys	His	Lys	Asn	Ile	Ile	Asn	Leu	Leu
						535					540				
Gly	Ala	Cys	Thr	Gln	Gly	Gly	Pro	Leu	Tyr	Val	Leu	Val	Glu	Tyr	Ala
					550					555					560
Ala	Lys	Gly	Asn	Leu	Arg	Glu	Phe	Leu	Arg	Ala	Arg	Arg	Pro	Pro	Gly
				565					570					575	
Leu	Asp	Tyr	Ser	Phe	Asp	Thr	Cys	Lys	Pro	Pro	Glu	Glu	Gln	Leu	Thr
				580				585					590		
Phe	Lys	Asp	Leu	Val	Ser	Cys	Ala	Tyr	Gln	Val	Ala	Arg	Gly	Met	Glu
				595			600					605			

<210> 26
 <211> 806
 <212> PRT
 5 <213> Homo sapiens
 <400> 26

```

Met Gly Ala Pro Ala Cys Ala Leu Ala Leu Cys Val Ala Val Ala Ile
 1      5      10
Val Ala Gly Ala Ser Ser Glu Ser Leu Gly Thr Glu Gln Arg Val Val
 20      25      30
Gly Arg Ala Ala Glu Val Pro Gly Pro Glu Pro Gly Gln Gln Glu Gln
 35      40      45
Leu Val Phe Gly Ser Gly Asp Ala Val Glu Leu Ser Cys Pro Pro Pro
 50      55      60
Gly Gly Gly Pro Met Gly Pro Thr Val Trp Val Lys Asp Gly Thr Gly
 65      70      75      80
Leu Val Pro Ser Glu Arg Val Leu Val Gly Pro Gln Arg Leu Gln Val
 85      90      95
Leu Asn Ala Ser His Glu Asp Ser Gly Ala Tyr Ser Cys Arg Gln Arg
 100     105     110
Leu Thr Gln Arg Val Leu Cys His Phe Ser Val Arg Val Thr Asp Ala
 115     120     125
Pro Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Gly Glu Asp Glu Ala Glu Asp Thr
 130     135     140
Gly Val Asp Thr Gly Ala Pro Tyr Trp Thr Arg Pro Glu Arg Met Asp
 145     150     155     160
Lys Lys Leu Leu Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Arg Phe Arg Cys
 165     170     175
Pro Ala Ala Gly Asn Pro Thr Pro Ser Ile Ser Trp Leu Lys Asn Gly
 180     185     190
Arg Glu Phe Arg Gly Glu His Arg Ile Gly Gly Ile Lys Leu Arg His
 195     200     205
Gln Gln Trp Ser Leu Val Met Glu Ser Val Val Pro Ser Asp Arg Gly
 210     215     220
Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Lys Phe Gly Ser Ile Arg Gln Thr
 225     230     235     240
Tyr Thr Leu Asp Val Leu Glu Arg Ser Pro His Arg Pro Ile Leu Gln
 245     250     255
Ala Gly Leu Pro Ala Asn Gln Thr Ala Val Leu Gly Ser Asp Val Glu
 260     265     270
Phe His Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile Gln Trp Leu
 275     280     285
Lys His Val Glu Val Asn Gly Ser Lys Val Gly Pro Asp Gly Thr Pro
 290     295     300
Tyr Val Thr Val Leu Lys Thr Ala Gly Ala Asn Thr Thr Asp Lys Glu
 305     310     315     320
Leu Glu Val Leu Ser Leu His Asn Val Thr Phe Glu Asp Ala Gly Glu
 325     330     335
Tyr Thr Cys Leu Ala Gly Asn Ser Ile Gly Phe Ser His His Ser Ala
 340     345     350
Trp Leu Val Val Leu Pro Ala Glu Glu Glu Leu Val Glu Ala Asp Glu
 355     360     365
Ala Gly Ser Val Tyr Ala Gly Ile Leu Ser Tyr Gly Val Gly Phe Phe
 370     375     380
Leu Phe Ile Leu Val Val Ala Ala Val Thr Leu Cys Arg Leu Arg Ser
 385     390     395     400
Pro Pro Lys Lys Gly Leu Gly Ser Pro Thr Val His Lys Ile Ser Arg
 405     410     415

```

Phe Pro Leu Lys Arg Gln Val Ser Leu Glu Ser Asn Ala Ser Met Ser
420 425 430
Ser Asn Thr Pro Leu Val Arg Ile Ala Arg Leu Ser Ser Gly Glu Gly
435 440 445
Pro Thr Leu Ala Asn Val Ser Glu Leu Glu Leu Pro Ala Asp Pro Lys
450 455 460
Trp Glu Leu Ser Arg Ala Arg Leu Thr Leu Gly Lys Pro Leu Gly Glu
465 470 475 480
Gly Cys Phe Gly Gln Val Val Met Ala Glu Ala Ile Gly Ile Asp Lys
485 490 495
Asp Arg Ala Ala Lys Pro Val Thr Val Ala Val Lys Met Leu Lys Asp
500 505 510
Asp Ala Thr Asp Lys Asp Leu Ser Asp Leu Val Ser Glu Met Glu Met
515 520 525
Met Lys Met Ile Gly Lys His Lys Asn Ile Ile Asn Leu Leu Gly Ala
530 535 540
Cys Thr Gln Gly Gly Pro Leu Tyr Val Leu Val Glu Tyr Ala Ala Lys
545 550 555 560
Gly Asn Leu Arg Glu Phe Leu Arg Ala Arg Arg Pro Pro Gly Leu Asp
565 570 575
Tyr Ser Phe Asp Thr Cys Lys Pro Pro Glu Glu Gln Leu Thr Phe Lys
580 585 590
Asp Leu Val Ser Cys Ala Tyr Gln Val Ala Arg Gly Met Glu Tyr Leu
595 600 605
Ala Ser Gln Lys Cys Ile His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu
610 615 620
Val Thr Glu Asp Asn Val Met Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg
625 630 635 640
Asp Val His Asn Leu Asp Tyr Tyr Lys Lys Thr Thr Asn Gly Arg Leu
645 650 655
Pro Val Lys Trp Met Ala Pro Glu Ala Leu Phe Asp Arg Val Tyr Thr
660 665 670
His Gln Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Leu Leu Trp Glu Ile Phe
675 680 685
Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr Pro Gly Ile Pro Val Glu Glu Leu Phe
690 695 700
Lys Leu Leu Lys Glu Gly His Arg Met Asp Lys Pro Ala Asn Cys Thr
705 710 715 720
His Asp Leu Tyr Met Ile Met Arg Glu Cys Trp His Ala Ala Pro Ser
725 730 735
Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln Leu Val Glu Asp Leu Asp Arg Val Leu
740 745 750
Thr Val Thr Ser Thr Asp Glu Tyr Leu Asp Leu Ser Ala Pro Phe Glu
755 760 765
Gln Tyr Ser Pro Gly Gly Gln Asp Thr Pro Ser Ser Ser Ser Gly
770 775 780
Asp Asp Ser Val Phe Ala His Asp Leu Leu Pro Pro Ala Pro Pro Ser
785 790 795 800
Ser Gly Gly Ser Arg Thr
805

<210> 27
<211> 694
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 27

Met Gly Ala Pro Ala Cys Ala Leu Ala Leu Cys Val Ala Val Ala Ile
1 5 10 15
Val Ala Gly Ala Ser Ser Glu Ser Leu Gly Thr Glu Gln Arg Val Val
20 25 30
Gly Arg Ala Ala Glu Val Pro Gly Pro Glu Pro Gly Gln Gln Glu Gln
35 40 45
Leu Val Phe Gly Ser Gly Asp Ala Val Glu Leu Ser Cys Pro Pro Pro

50		55		60
Gly Gly Gly Pro Met Gly	Pro Thr Val Trp Val Lys Asp Gly Thr Gly			
65	70	75	80	
Leu Val Pro Ser Glu Arg Val Leu Val Gly Pro Gln Arg Leu Gln Val				
85	90	95		
Leu Asn Ala Ser His Glu Asp Ser Gly Ala Tyr Ser Cys Arg Gln Arg				
100	105	110		
Leu Thr Gln Arg Val Leu Cys His Phe Ser Val Arg Val Thr Asp Ala				
115	120	125		
Pro Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Gly Glu Asp Glu Ala Glu Asp Thr				
130	135	140		
Gly Val Asp Thr Gly Ala Pro Tyr Trp Thr Arg Pro Glu Arg Met Asp				
145	150	155	160	
Lys Lys Leu Leu Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Arg Phe Arg Cys				
165	170	175		
Pro Ala Ala Gly Asn Pro Thr Pro Ser Ile Ser Trp Leu Lys Asn Gly				
180	185	190		
Arg Glu Phe Arg Gly Glu His Arg Ile Gly Gly Ile Lys Leu Arg His				
195	200	205		
Gln Gln Trp Ser Leu Val Met Glu Ser Val Val Pro Ser Asp Arg Gly				
210	215	220		
Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Lys Phe Gly Ser Ile Arg Gln Thr				
225	230	235	240	
Tyr Thr Leu Asp Val Leu Glu Arg Ser Pro His Arg Pro Ile Leu Gln				
245	250	255		
Ala Gly Leu Pro Ala Asn Gln Thr Ala Val Leu Gly Ser Asp Val Glu				
260	265	270		
Phe His Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile Gln Trp Leu				
275	280	285		
Lys His Val Glu Val Asn Gly Ser Lys Val Gly Pro Asp Gly Thr Pro				
290	295	300		
Tyr Val Thr Val Leu Lys Val Ser Leu Glu Ser Asn Ala Ser Met Ser				
305	310	315	320	
Ser Asn Thr Pro Leu Val Arg Ile Ala Arg Leu Ser Ser Gly Glu Gly				
325	330	335		
Pro Thr Leu Ala Asn Val Ser Glu Leu Glu Leu Pro Ala Asp Pro Lys				
340	345	350		
Trp Glu Leu Ser Arg Ala Arg Leu Thr Leu Gly Lys Pro Leu Gly Glu				
355	360	365		
Gly Cys Phe Gly Gln Val Val Met Ala Glu Ala Ile Gly Ile Asp Lys				
370	375	380		
Asp Arg Ala Ala Lys Pro Val Thr Val Ala Val Lys Met Leu Lys Asp				
385	390	395	400	
Asp Ala Thr Asp Lys Asp Leu Ser Asp Leu Val Ser Glu Met Glu Met				
405	410	415		
Met Lys Met Ile Gly Lys His Lys Asn Ile Ile Asn Leu Leu Gly Ala				
420	425	430		
Cys Thr Gln Gly Gly Pro Leu Tyr Val Leu Val Glu Tyr Ala Ala Lys				
435	440	445		
Gly Asn Leu Arg Glu Phe Leu Arg Ala Arg Arg Pro Pro Gly Leu Asp				
450	455	460		
Tyr Ser Phe Asp Thr Cys Lys Pro Pro Glu Glu Gln Leu Thr Phe Lys				
465	470	475	480	
Asp Leu Val Ser Cys Ala Tyr Gln Val Ala Arg Gly Met Glu Tyr Leu				
485	490	495		
Ala Ser Gln Lys Cys Ile His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu				
500	505	510		
Val Thr Glu Asp Asn Val Met Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg				
515	520	525		
Asp Val His Asn Leu Asp Tyr Tyr Lys Lys Thr Thr Asn Gly Arg Leu				
530	535	540		
Pro Val Lys Trp Met Ala Pro Glu Ala Leu Phe Asp Arg Val Tyr Thr				
545	550	555	560	
His Gln Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Leu Leu Trp Glu Ile Phe				
565	570	575		

Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr Pro Gly Ile Pro Val Glu Glu Leu Phe
 580 585 590
 Lys Leu Leu Lys Glu Gly His Arg Met Asp Lys Pro Ala Asn Cys Thr
 595 600 605
 His Asp Leu Tyr Met Ile Met Arg Glu Cys Trp His Ala Ala Pro Ser
 610 615 620
 Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln Leu Val Glu Asp Leu Asp Arg Val Leu
 625 630 635 640
 Thr Val Thr Ser Thr Asp Glu Tyr Leu Asp Leu Ser Ala Pro Phe Glu
 645 650 655
 Gln Tyr Ser Pro Gly Gly Gln Asp Thr Pro Ser Ser Ser Ser Ser Gly
 660 665 670
 Asp Asp Ser Val Phe Ala His Asp Leu Leu Pro Pro Ala Pro Pro Ser
 675 680 685
 Ser Gly Gly Ser Arg Thr
 690

<210> 28
 <211> 604
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 28

Ala Gln Arg Arg Lys Glu Arg Glu Glu Leu Ala Gln Gln Tyr Glu Ala
 1 5 10 15
 Ile Leu Arg Glu Cys Gly His Gly Arg Phe Gln Trp Thr Leu Tyr Phe
 20 25 30
 Val Leu Gly Leu Ala Leu Met Ala Asp Gly Val Glu Val Phe Val Val
 35 40 45
 Gly Phe Val Leu Pro Ser Ala Glu Lys Asp Met Cys Leu Ser Asp Ser
 50 55 60
 Asn Lys Gly Met Leu Gly Leu Ile Val Tyr Leu Gly Met Met Val Gly
 65 70 75 80
 Ala Phe Leu Trp Gly Gly Leu Ala Asp Arg Leu Gly Arg Arg Gln Cys
 85 90 95
 Leu Leu Ile Ser Leu Ser Val Asn Ser Val Phe Ala Phe Phe Ser Ser
 100 105 110
 Phe Val Gln Gly Tyr Gly Thr Phe Leu Phe Cys Arg Leu Leu Ser Gly
 115 120 125
 Val Gly Ile Gly Gly Ser Ile Pro Ile Val Phe Ser Tyr Phe Ser Glu
 130 135 140
 Phe Leu Ala Gln Glu Lys Arg Gly Glu His Leu Ser Trp Leu Cys Met
 145 150 155 160
 Phe Trp Met Ile Gly Gly Val Tyr Ala Ala Ala Met Ala Trp Ala Ile
 165 170 175
 Ile Pro His Tyr Gly Trp Ser Phe Gln Met Gly Ser Ala Tyr Gln Phe
 180 185 190
 His Ser Trp Arg Val Phe Val Leu Val Cys Ala Phe Pro Ser Val Phe
 195 200 205
 Ala Ile Gly Ala Leu Thr Thr Gln Pro Glu Ser Pro Arg Phe Phe Leu
 210 215 220
 Glu Asn Gly Lys His Asp Glu Ala Trp Met Val Leu Lys Gln Val His
 225 230 235 240
 Asp Thr Asn Met Arg Ala Lys Gly His Pro Glu Arg Val Phe Ser Val
 245 250 255
 Thr His Ile Lys Thr Ile His Gln Glu Asp Glu Leu Ile Glu Ile Gln
 260 265 270
 Ser Asp Thr Gly Thr Trp Tyr Gln Arg Trp Gly Val Arg Ala Leu Ser
 275 280 285
 Leu Gly Gly Gln Val Trp Gly Asn Phe Leu Ser Cys Phe Gly Pro Glu
 290 295 300
 Tyr Arg Arg Ile Thr Leu Met Met Met Gly Val Trp Phe Thr Met Ser
 305 310 315 320
 Phe Ser Tyr Tyr Gly Leu Thr Val Trp Phe Pro Asp Met Ile Arg His


```

          325          330          335
Leu Gln Ala Val Asp Tyr Ala Ser Arg Thr Lys Val Phe Pro Gly Glu
          340          345          350
Arg Val Glu His Val Thr Phe Asn Phe Thr Leu Glu Asn Gln Ile His
          355          360          365
Arg Gly Gly Gln Tyr Phe Asn Asp Lys Phe Ile Gly Leu Arg Leu Lys
          370          375          380
Ser Val Ser Phe Glu Asp Ser Leu Phe Glu Glu Cys Tyr Phe Glu Asp
385          390          395          400
Val Thr Ser Ser Asn Thr Phe Phe Arg Asn Cys Thr Phe Ile Asn Thr
          405          410          415
Val Phe Tyr Asn Thr Asp Leu Phe Glu Tyr Lys Phe Val Asn Ser Arg
          420          425          430
Leu Ile Asn Ser Thr Phe Leu His Asn Lys Glu Gly Cys Pro Leu Asp
          435          440          445
Val Thr Gly Thr Gly Glu Gly Ala Tyr Met Val Tyr Phe Val Ser Phe
          450          455          460
Leu Gly Thr Leu Ala Val Leu Pro Gly Asn Ile Val Ser Ala Leu Leu
465          470          475          480
Met Asp Lys Ile Gly Arg Leu Arg Met Leu Ala Gly Ser Ser Val Met
          485          490          495
Ser Cys Val Ser Cys Phe Phe Leu Ser Phe Gly Asn Ser Glu Ser Ala
          500          505          510
Met Ile Ala Leu Leu Cys Leu Phe Gly Gly Val Ser Ile Ala Ser Trp
          515          520          525
Asn Ala Leu Asp Val Leu Thr Val Glu Leu Tyr Pro Ser Asp Lys Arg
          530          535          540
Thr Thr Ala Phe Gly Phe Leu Asn Ala Leu Cys Lys Leu Ala Ala Val
545          550          555          560
Leu Gly Ile Ser Ile Phe Thr Ser Phe Val Gly Ile Thr Lys Ala Ala
          565          570          575
Pro Ile Leu Phe Ala Ser Ala Ala Leu Ala Leu Gly Ser Ser Leu Ala
          580          585          590
Leu Lys Leu Pro Glu Thr Arg Gly Gln Val Leu Gln
          595          600

```

<210> 29
 <211> 683
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 29

```

Met Asp Asp Tyr Lys Tyr Gln Asp Asn Tyr Gly Gly Tyr Ala Pro Ser
 1          5          10          15
Asp Gly Tyr Tyr Arg Gly Asn Glu Ser Asn Pro Glu Glu Asp Ala Gln
          20          25          30
Ser Asp Val Thr Glu Gly His Asp Glu Glu Asp Glu Ile Tyr Glu Gly
          35          40          45
Glu Tyr Gln Gly Ile Pro His Pro Asp Asp Val Lys Ala Lys Gln Ala
          50          55          60
Lys Met Ala Pro Ser Arg Met Asp Ser Leu Arg Gly Gln Thr Asp Leu
65          70          75          80
Met Ala Glu Arg Leu Glu Asp Glu Glu Gln Leu Ala His Gln Tyr Glu
          85          90          95
Thr Ile Met Asp Glu Cys Gly His Gly Arg Phe Gln Trp Ile Leu Phe
          100          105          110
Phe Val Leu Gly Leu Ala Leu Met Ala Asp Gly Val Glu Val Phe Val
          115          120          125
Val Ser Phe Ala Leu Pro Ser Ala Glu Lys Asp Met Cys Leu Ser Ser
          130          135          140
Ser Lys Lys Gly Met Leu Gly Met Ile Val Tyr Leu Gly Met Met Ala
145          150          155          160
Gly Ala Phe Ile Leu Gly Gly Leu Ala Asp Lys Leu Gly Arg Lys Arg
          165          170          175

```

Val	Leu	Ser	Met	Ser	Leu	Ala	Val	Asn	Ala	Ser	Phe	Ala	Ser	Leu	Ser
			180					185					190		
Ser	Phe	Val	Gln	Gly	Tyr	Gly	Ala	Phe	Leu	Phe	Cys	Arg	Leu	Ile	Ser
		195					200					205			
Gly	Ile	Gly	Ile	Gly	Gly	Ala	Leu	Pro	Ile	Val	Phe	Ala	Tyr	Phe	Ser
	210					215						220			
Glu	Phe	Leu	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Gly	Glu	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Gly
225					230					235					240
Ile	Phe	Trp	Met	Thr	Gly	Gly	Leu	Tyr	Ala	Ser	Ala	Met	Ala	Trp	Ser
				245					250					255	
Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Gly	Trp	Gly	Phe	Ser	Met	Gly	Thr	Asn	Tyr	His
			260					265					270		
Phe	His	Ser	Trp	Arg	Val	Phe	Val	Ile	Val	Cys	Ala	Leu	Pro	Cys	Thr
		275					280					285			
Val	Ser	Met	Val	Ala	Leu	Lys	Phe	Met	Pro	Glu	Ser	Pro	Arg	Phe	Leu
	290					295					300				
Leu	Glu	Met	Gly	Lys	His	Asp	Glu	Ala	Trp	Met	Ile	Leu	Lys	Gln	Val
305					310					315					320
His	Asp	Thr	Asn	Met	Arg	Ala	Lys	Gly	Thr	Pro	Glu	Lys	Val	Phe	Thr
				325					330					335	
Val	Ser	Asn	Ile	Lys	Thr	Pro	Lys	Gln	Met	Asp	Glu	Phe	Ile	Glu	Ile
			340					345					350		
Gln	Ser	Ser	Thr	Gly	Thr	Trp	Tyr	Gln	Arg	Trp	Leu	Val	Arg	Phe	Lys
		355					360					365			
Thr	Ile	Phe	Lys	Gln	Val	Trp	Asp	Asn	Ala	Leu	Tyr	Cys	Val	Met	Gly
	370					375					380				
Pro	Tyr	Arg	Met	Asn	Thr	Leu	Ile	Leu	Ala	Val	Val	Trp	Phe	Ala	Met
385					390					395					400
Ala	Phe	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Leu	Thr	Val	Trp	Phe	Pro	Asp	Met	Ile	Arg
				405					410					415	
Tyr	Phe	Gln	Asp	Glu	Glu	Tyr	Lys	Ser	Lys	Met	Lys	Val	Phe	Phe	Gly
			420					425					430		
Glu	His	Val	Tyr	Gly	Ala	Thr	Ile	Asn	Phe	Thr	Met	Glu	Asn	Gln	Ile
		435					440					445			
His	Gln	His	Gly	Lys	Leu	Val	Asn	Asp	Lys	Phe	Thr	Arg	Met	Tyr	Phe
		450				455					460				
Lys	His	Val	Leu	Phe	Glu	Asp	Thr	Phe	Phe	Asp	Glu	Cys	Tyr	Phe	Glu
465					470					475					480
Asp	Val	Thr	Ser	Thr	Asp	Thr	Tyr	Phe	Lys	Asn	Cys	Thr	Ile	Glu	Ser
				485					490					495	
Thr	Ile	Phe	Tyr	Asn	Thr	Asp	Leu	Tyr	Glu	His	Lys	Phe	Ile	Asn	Cys
			500					505					510		
Arg	Phe	Ile	Asn	Ser	Thr	Phe	Leu	Glu	Gln	Lys	Glu	Gly	Cys	His	Met
		515					520					525			
Asp	Leu	Glu	Gln	Asp	Asn	Asp	Phe	Leu	Ile	Tyr	Leu	Val	Ser	Phe	Leu
	530					535					540				
Gly	Ser	Leu	Ser	Val	Leu	Pro	Gly	Asn	Ile	Ile	Ser	Ala	Leu	Leu	Met
545					550					555					560
Asp	Arg	Ile	Gly	Arg	Leu	Lys	Met	Ile	Gly	Gly	Ser	Met	Leu	Ile	Ser
				565					570					575	
Ala	Val	Cys	Cys	Phe	Phe	Leu	Phe	Phe	Gly	Asn	Ser	Glu	Ser	Ala	Met
				580				585					590		
Ile	Gly	Trp	Gln	Cys	Leu	Phe	Cys	Gly	Thr	Ser	Ile	Ala	Ala	Trp	Asn
		595					600					605			
Ala	Leu	Asp	Val	Ile	Thr	Val	Glu	Leu	Tyr	Pro	Thr	Asn	Gln	Arg	Ala
	610					615						620			
Thr	Ala	Phe	Gly	Ile	Leu	Asn	Gly	Leu	Cys	Lys	Phe	Gly	Ala	Ile	Leu
625					630					635					640
Gly	Asn	Thr	Ile	Phe	Ala	Ser	Phe	Val	Gly	Ile	Thr	Lys	Val	Val	Pro
				645					650					655	
Ile	Leu	Leu	Ala	Ala	Ala	Ser	Leu	Val	Gly	Gly	Gly	Leu	Ile	Ala	Leu
			660					665					670		
Arg	Leu	Pro	Glu	Thr	Arg	Glu	Gln	Val	Leu	Ile					
			675					680							

<210> 30
 <211> 727
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 30

Met	Glu	Asp	Ser	Tyr	Lys	Asp	Arg	Thr	Ser	Leu	Met	Lys	Gly	Ala	Lys
1				5					10					15	
Asp	Ile	Ala	Arg	Glu	Val	Lys	Lys	Gln	Thr	Val	Lys	Lys	Val	Asn	Gln
		20						25					30		
Ala	Val	Asp	Arg	Ala	Gln	Asp	Glu	Tyr	Thr	Gln	Arg	Ser	Tyr	Ser	Arg
		35					40					45			
Phe	Gln	Asp	Glu	Glu	Asp	Asp	Asp	Asp	Tyr	Tyr	Pro	Ala	Gly	Glu	Thr
	50				55						60				
Tyr	Asn	Gly	Glu	Ala	Asn	Asp	Asp	Glu	Gly	Ser	Ser	Glu	Ala	Thr	Glu
65					70					75					80
Gly	His	Asp	Glu	Asp	Asp	Glu	Ile	Tyr	Glu	Gly	Glu	Tyr	Gln	Gly	Ile
				85					90					95	
Pro	Ser	Met	Asn	Gln	Ala	Lys	Asp	Ser	Ile	Val	Ser	Val	Gly	Gln	Pro
			100					105					110		
Lys	Gly	Asp	Glu	Tyr	Lys	Asp	Arg	Arg	Glu	Leu	Glu	Ser	Glu	Arg	Arg
		115					120					125			
Ala	Asp	Glu	Glu	Glu	Leu	Ala	Gln	Gln	Tyr	Glu	Leu	Ile	Ile	Gln	Glu
	130					135					140				
Cys	Gly	His	Gly	Arg	Phe	Gln	Trp	Ala	Leu	Phe	Phe	Val	Leu	Gly	Met
145					150					155					160
Ala	Leu	Met	Ala	Asp	Gly	Val	Glu	Val	Phe	Val	Val	Gly	Phe	Val	Leu
				165					170					175	
Pro	Ser	Ala	Glu	Thr	Asp	Leu	Cys	Ile	Pro	Asn	Ser	Gly	Ser	Gly	Trp
			180					185					190		
Leu	Gly	Ser	Ile	Val	Tyr	Leu	Gly	Met	Met	Val	Gly	Ala	Phe	Phe	Trp
		195					200					205			
Gly	Gly	Leu	Ala	Asp	Lys	Val	Gly	Arg	Lys	Gln	Ser	Leu	Leu	Ile	Cys
	210					215					220				
Met	Ser	Val	Asn	Gly	Phe	Phe	Ala	Phe	Leu	Ser	Ser	Phe	Val	Gln	Gly
225					230					235					240
Tyr	Gly	Phe	Phe	Leu	Phe	Cys	Arg	Leu	Leu	Ser	Gly	Phe	Gly	Ile	Gly
				245					250					255	
Gly	Ala	Ile	Pro	Thr	Val	Phe	Ser	Tyr	Phe	Ala	Glu	Val	Leu	Ala	Arg
		260						265					270		
Glu	Lys	Arg	Gly	Glu	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Cys	Met	Phe	Trp	Met	Ile
		275					280					285			
Gly	Gly	Ile	Tyr	Ala	Ser	Ala	Met	Ala	Trp	Ala	Ile	Ile	Pro	His	Tyr
	290					295					300				
Gly	Trp	Ser	Phe	Ser	Met	Gly	Ser	Ala	Tyr	Gln	Phe	His	Ser	Trp	Arg
305					310					315					320
Val	Phe	Val	Ile	Val	Cys	Ala	Leu	Pro	Cys	Val	Ser	Ser	Val	Val	Ala
				325					330					335	
Leu	Thr	Phe	Met	Pro	Glu	Ser	Pro	Arg	Phe	Leu	Leu	Glu	Val	Gly	Lys
			340					345					350		
His	Asp	Glu	Ala	Trp	Met	Ile	Leu	Lys	Leu	Ile	His	Asp	Thr	Asn	Met
	355						360					365			
Arg	Ala	Arg	Gly	Gln	Pro	Glu	Lys	Val	Phe	Thr	Val	Asn	Lys	Ile	Lys
	370					375					380				
Thr	Pro	Lys	Gln	Ile	Asp	Glu	Leu	Ile	Glu	Ile	Glu	Ser	Asp	Thr	Gly
385					390					395					400
Thr	Trp	Tyr	Arg	Arg	Cys	Phe	Val	Arg	Ile	Arg	Thr	Glu	Leu	Tyr	Gly
				405					410					415	
Ile	Trp	Leu	Thr	Phe	Met	Arg	Cys	Phe	Asn	Tyr	Pro	Val	Arg	Asp	Asn
			420					425					430		
Thr	Ile	Lys	Leu	Thr	Ile	Val	Trp	Phe	Thr	Leu	Ser	Phe	Gly	Tyr	Tyr
	435						440					445			
Gly	Leu	Ser	Val	Trp	Phe	Pro	Asp	Val	Ile	Lys	Pro	Leu	Gln	Ser	Asp
	450					455					460				

Glu Tyr Ala Leu Leu Thr Arg Asn Val Glu Arg Asp Lys Tyr Ala Asn
 465 470 475 480
 Phe Thr Ile Asn Phe Thr Met Glu Asn Gln Ile His Thr Gly Met Glu
 485 490 495
 Tyr Asp Asn Gly Arg Phe Ile Gly Val Lys Phe Lys Ser Val Thr Phe
 500 505 510
 Lys Asp Ser Val Phe Lys Ser Cys Thr Phe Glu Asp Val Thr Ser Val
 515 520 525
 Asn Thr Tyr Phe Lys Asn Cys Thr Phe Ile Asp Thr Val Phe Asp Asn
 530 535 540
 Thr Asp Phe Glu Pro Tyr Lys Phe Ile Asp Ser Glu Phe Lys Asn Cys
 545 550 555 560
 Ser Phe Phe His Asn Lys Thr Gly Cys Gln Ile Thr Phe Asp Asp Asp
 565 570 575
 Tyr Ser Ala Tyr Trp Ile Tyr Phe Val Asn Phe Leu Gly Thr Leu Ala
 580 585 590
 Val Leu Pro Gly Asn Ile Val Ser Ala Leu Leu Met Asp Arg Ile Gly
 595 600 605
 Arg Leu Thr Met Leu Gly Gly Ser Met Val Leu Ser Gly Ile Ser Cys
 610 615 620
 Phe Phe Leu Trp Phe Gly Thr Ser Glu Ser Met Met Ile Gly Met Leu
 625 630 635 640
 Cys Leu Tyr Asn Gly Leu Thr Ile Ser Ala Trp Asn Ser Leu Asp Val
 645 650 655
 Val Thr Val Glu Leu Tyr Pro Thr Asp Arg Arg Ala Thr Gly Phe Gly
 660 665 670
 Phe Leu Asn Ala Leu Cys Lys Ala Ala Val Leu Gly Asn Leu Ile
 675 680 685
 Phe Gly Ser Leu Val Ser Ile Thr Lys Ser Ile Pro Ile Leu Leu Ala
 690 695 700
 Ser Thr Val Leu Val Cys Gly Gly Leu Val Gly Leu Cys Leu Pro Asp
 705 710 715 720
 Thr Arg Thr Gln Val Leu Met
 725

<210> 31
 <211> 742
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 31

Met Glu Glu Gly Phe Arg Asp Arg Ala Ala Phe Ile Arg Gly Ala Lys
 1 5 10 15
 Asp Ile Ala Lys Glu Val Lys Lys His Ala Ala Lys Lys Val Val Lys
 20 25 30
 Gly Leu Asp Arg Val Gln Asp Glu Tyr Ser Arg Arg Ser Tyr Ser Arg
 35 40 45
 Phe Glu Glu Glu Asp Asp Asp Asp Phe Pro Ala Pro Ser Asp Gly
 50 55 60
 Tyr Tyr Arg Gly Glu Gly Thr Gln Asp Glu Glu Glu Gly Gly Ala Ser
 65 70 75 80
 Ser Asp Ala Thr Glu Gly His Asp Glu Asp Asp Glu Ile Tyr Glu Gly
 85 90 95
 Glu Tyr Gln Asp Ile Pro Arg Ala Glu Ser Gly Gly Lys Gly Glu Arg
 100 105 110
 Met Ala Asp Gly Ala Pro Leu Ala Gly Val Arg Gly Gly Leu Ser Asp
 115 120 125
 Gly Glu Gly Pro Pro Gly Gly Arg Gly Glu Ala Gln Arg Arg Lys Glu
 130 135 140
 Arg Glu Glu Leu Ala Gln Gln Tyr Glu Ala Ile Leu Arg Glu Cys Gly
 145 150 155 160
 His Gly Arg Phe Gln Trp Thr Leu Tyr Phe Val Leu Gly Leu Ala Leu
 165 170 175
 Met Ala Asp Gly Val Glu Val Phe Val Val Gly Phe Val Leu Pro Ser

				180				185					190		
Ala	Glu	Lys	Asp	Met	Cys	Leu	Ser	Asp	Ser	Asn	Lys	Gly	Met	Leu	Gly
		195					200					205			
Leu	Ile	Val	Tyr	Leu	Gly	Met	Met	Val	Gly	Ala	Phe	Leu	Trp	Gly	Gly
	210					215					220				
Leu	Ala	Asp	Arg	Leu	Gly	Arg	Arg	Gln	Cys	Leu	Ile	Ser	Leu	Ser	
225					230				235					240	
Val	Asn	Ser	Val	Phe	Ala	Phe	Phe	Ser	Ser	Phe	Val	Gln	Gly	Tyr	Gly
				245					250					255	
Thr	Phe	Leu	Phe	Cys	Arg	Leu	Leu	Ser	Gly	Val	Gly	Ile	Gly	Gly	Ser
			260					265					270		
Ile	Pro	Ile	Val	Phe	Ser	Tyr	Phe	Ser	Glu	Phe	Leu	Ala	Gln	Glu	Lys
		275					280					285			
Arg	Gly	Glu	His	Leu	Ser	Trp	Leu	Cys	Met	Phe	Trp	Met	Ile	Gly	Gly
	290					295					300				
Val	Tyr	Ala	Ala	Ala	Met	Ala	Trp	Ala	Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Gly	Trp
305					310					315					320
Ser	Phe	Gln	Met	Gly	Ser	Ala	Tyr	Gln	Phe	His	Ser	Trp	Arg	Val	Phe
				325					330					335	
Val	Leu	Val	Cys	Ala	Phe	Pro	Ser	Val	Phe	Ala	Ile	Gly	Ala	Leu	Thr
			340					345					350		
Thr	Gln	Pro	Glu	Ser	Pro	Arg	Phe	Phe	Leu	Glu	Asn	Gly	Lys	His	Asp
		355					360					365			
Glu	Ala	Trp	Met	Val	Leu	Lys	Gln	Val	His	Asp	Thr	Asn	Met	Arg	Ala
	370					375						380			
Lys	Gly	His	Pro	Glu	Arg	Val	Phe	Ser	Val	Thr	His	Ile	Lys	Thr	Ile
385					390					395					400
His	Gln	Glu	Asp	Glu	Leu	Ile	Glu	Ile	Gln	Ser	Asp	Thr	Gly	Thr	Trp
				405					410					415	
Tyr	Gln	Arg	Trp	Gly	Val	Arg	Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Gly	Gln	Val	Trp
				420				425					430		
Gly	Asn	Phe	Leu	Ser	Cys	Phe	Gly	Pro	Glu	Tyr	Arg	Arg	Ile	Thr	Leu
	435						440					445			
Met	Met	Met	Gly	Val	Trp	Phe	Thr	Met	Ser	Phe	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Leu
	450					455					460				
Thr	Val	Trp	Phe	Pro	Asp	Met	Ile	Arg	His	Leu	Gln	Ala	Val	Asp	Tyr
465					470					475					480
Ala	Ser	Arg	Thr	Lys	Val	Phe	Pro	Gly	Glu	Arg	Val	Gly	His	Val	Thr
				485					490					495	
Phe	Asn	Phe	Thr	Leu	Glu	Asn	Gln	Ile	His	Arg	Gly	Gly	Gln	Tyr	Phe
			500					505					510		
Asn	Asp	Lys	Phe	Ile	Gly	Leu	Arg	Leu	Lys	Ser	Val	Ser	Phe	Glu	Asp
		515					520					525			
Ser	Leu	Phe	Glu	Glu	Cys	Tyr	Phe	Glu	Asp	Val	Thr	Ser	Ser	Asn	Thr
						535									

ES 2 689 703 T3

Thr Ser Phe Val Gly Ile Thr Lys Ala Ala Pro Ile Leu Phe Ala Ser
 705 710 715 720
 Ala Ala Leu Ala Leu Gly Ser Ser Leu Ala Leu Lys Leu Pro Glu Thr
 725 730 735
 Arg Gly Gln Val Leu Gln
 740

<210> 32

<211> 7

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

<400> 32

10

Arg Ile Asp Glu Ala Asn Gln
 1 5

<210> 33

<211> 8

15 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

20

<400> 33

Thr Arg Ile Asp Glu Ala Asn Gln
 1 5

<210> 34

25 <211> 9

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

30 <223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

<400> 34

Lys Thr Arg Ile Asp Glu Ala Asn Gln
 1 5

35 <210> 35

<211> 10

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

40 <223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

<400> 35

Asn Lys Thr Arg Ile Asp Glu Ala Asn Gln
 1 5 10

45

<210> 36

<211> 11

<212> PRT

50 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del

sitio de escisión de BoNT/A
<400> 36

		Ser	Asn	Lys	Thr	Arg	Ile	Asp	Glu	Ala	Asn	Gln		
		1				5					10			
5														
	<210>	37												
	<211>	12												
	<212>	PRT												
	<213>	Secuencia artificial												
10	<220>													
	<223>	Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A												
	<400>	37												
		Asp	Ser	Asn	Lys	Thr	Arg	Ile	Asp	Glu	Ala	Asn	Gln	
		1				5					10			
15														
	<210>	38												
	<211>	13												
	<212>	PRT												
20	<213>	Secuencia artificial												
	<220>													
	<223>	Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo carboxilado libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A												
	<221>	SITIO												
25	<222>	(13) ... (13)												
	<223>	glutamina carboxilada												
	<400>	38												
		Cys	Asp	Ser	Asn	Lys	Thr	Arg	Ile	Asp	Glu	Ala	Asn	Gln
		1				5					10			
30														
	<210>	39												
	<211>	7												
	<212>	PRT												
	<213>	Secuencia artificial												
35	<220>													
	<223>	Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A												
	<400>	39												
		Arg	Ile	Asp	Glu	Ala	Asn	Lys						
		1				5								
40														
	<210>	40												
	<211>	8												
	<212>	PRT												
45	<213>	Secuencia artificial												
	<220>													
	<223>	Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A												
	<400>	40												
50		Ala	Arg	Ile	Asp	Glu	Ala	Asn	Lys					
		1				5								
	<210>	41												
	<211>	9												
55	<212>	PRT												
	<213>	Secuencia artificial												

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

<400> 41

5

Lys Ala Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys
1 5

<210> 42

<211> 10

10

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

15

<400> 42

Asn Lys Ala Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys
1 5 10

<210> 43

20

<211> 11

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

25

<400> 43

Met Asn Lys Ala Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys
1 5 10

30

<210> 44

<211> 12

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

35

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

<400> 44

Asp Met Asn Lys Ala Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys
1 5 10

40

<210> 45

<211> 13

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

45

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo carboxilado libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

<221> SITIO

<222> (13) ... (13)

50

<223> Lisina carboxilada

<400> 45

Cys Asp Met Asn Lys Ala Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys
1 5 10

55

<210> 46

<211> 11

<212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> antígeno de SNAP-25
 <400> 46

Cys Gly Gly Gly Arg Ile Asp Glu Ala Asn Gln
 1 5 10

<210> 47
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> antígeno de SNAP-25
 <400> 47

Cys Gly Gly Gly Arg Ile Asp Glu Ala Asn Lys
 1 5 10

<210> 48
 <211> 88
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> BirA-HisTag?-SNAP-25-134-197
 <400> 48

Met Gly Gly Gly Leu Asn Asp Ile Phe Glu Ala Gln Lys Ile Glu Trp
 1 5 10 15
 His His His His His His His Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala
 20 25 30
 Arg Glu Asn Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Ser Gly Ile Ile
 35 40 45
 Gly Asn Leu Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr
 50 55 60
 Gln Asn Arg Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys
 65 70 75 80
 Thr Arg Ile Asp Glu Ala Asn Gln
 85

<210> 49
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> BirA-HisTag?-SNAP-25-134-206
 <400> 49

Met Gly Gly Gly Leu Asn Asp Ile Phe Glu Ala Gln Lys Ile Glu Trp
 1 5 10 15
 His His His His His His His Ile Arg Arg Val Thr Asn Asp Ala
 20 25 30
 Arg Glu Asn Glu Met Asp Glu Asn Leu Glu Gln Val Ser Gly Ile Ile
 35 40 45
 Gly Asn Leu Arg His Met Ala Leu Asp Met Gly Asn Glu Ile Asp Thr
 50 55 60
 Gln Asn Arg Gln Ile Asp Arg Ile Met Glu Lys Ala Asp Ser Asn Lys
 65 70 75 80
 Thr Arg Ile Asp Glu Ala Asn Gln Arg Ala Thr Lys Met Leu Gly Ser
 85 90 95
 Gly

ES 2 689 703 T3

5 <210> 50
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Péptido BirA
 <400> 50

10 Gly Gly Gly Leu Asn Asp Ile Phe Glu Ala Gln Lys Ile Glu Trp His
 1 5 10 15

15 <210> 51
 <211> 7570
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo de expresión pQBI-25/GFP-BoNT/A-LC.
 <400> 51

20 gacggatcgg gagatctccc gatcccctat ggtcgactct cagtacaatc tgctctgatg 60
 ccgcatagtt aagccagtat ctgctccctg cttgtgtgtt ggaggtcgct gagtagtgcg 120
 cgagcaaaat ttaagctaca acaaggcaag gcttgaccga caattgcatg aagaatctgc 180

ttaggggttag gcgttttgcg ctgcttcgcc tegaggcctg gccattgcat acgttgatc 240
catatcataa tatgtacatt tatattggct catgtccaac attaccgcca tgttgacatt 300
gattattgac tagttattaa tagtaatcaa ttacggggtc attagtccat agcccatata 360
tgaggttccg cgttacataa cttacggtaa atggcccgcc tggctgaccg cccaacgacc 420
cccgcccat gacgtcaata atgacgtatg ttcccatagt aacgccaata gggactttcc 480
attgacgtca atgggtggag tatttacggt aaactgccca cttggcagta catcaagtgt 540
atcatatgcc aagtacgccc cctattgacg tcaatgacgg taaatggccc gcctggcatt 600
atgccagta catgacctta tgggactttc ctacttggca gtacatctac gtattagtca 660
tcgctattac catggtgatg cggttttggc agtacatcaa tgggctggga tagcggtttg 720
actcacgggg atttccaagt ctccacccca ttgacgtcaa tgggagtttg ttttggcacc 780
aaaatcaacg ggactttcca aaatgtcgta acaactccgc ccatttgacg caaatgggag 840
gtaggcgtgt acggtgggag gtctatataa gcagagctcg tttagtgaac cgtcagatcg 900
cctggagacg ccatccaacg tgttttgacc tccatagaag acaccgggac cgtaccagcg 960
tcgcggggcc accatggagg gcccggttac cggtagccga tccagatata tggcgggccc 1020
ctcagcaagc ttcgcgaatt cgggaggcgg aggtggagct agcaaaggag aagaactctt 1080
cactggagtt gtcccaattc ttggtgaatt agatggtgat gttacgggcc acaagttctc 1140
tgtcagtggg gaggggtgaag gtgatgcaac atacggaaaa cttaccctga agttcatctg 1200
cactactgac aaactgcctg ttccatggcc aacactagtc actactctgt gctatggtgt 1260
tcaatgcttt tcaagatacc cggatcatat gaaacggcat gactttttca agagtgccat 1320
gcccgagggt tatgtacagg aaaggaccat cttcttcaaa gatgacggca actacaagac 1380
acgtgctgaa gtcaagtttg aagggtgatac ccttggttaat agaactcgagt taaaagggtc 1440
tgacttcaag gaagatggca acattctggg acacaaattg gaatacaact ataactcaca 1500
caatgtatac atcatggcag acaaacaaaa gaatggaatc aaagtgaact tcaagaccgg 1560
ccacaacatt gaagatggaa gcgttcaact agcagaccat tatcaaaaa atactccaat 1620
tggcggtgac cctgtccttt taccagacaa ccattacctg tccacacaaat ctgccctttc 1680
gaaagatccc aacgaaaaga gagaccacat ggtcctctct gagtttgtaa cagctgctgg 1740
gattacacat ggcatggatg aactgtacaa catcgatgga ggcggagggtg gaccttttgt 1800
taataacaaa ttaattata aagatcctgt aaatggtgtt gatattgctt atataaaaa 1860
tccaaatgca ggacaaatgc aaccagttaa agctttttaa attcataata aatatgggtt 1920
tattccagaa agagatacat ttacaaatcc tgaagaagga gattttaaact caccaccaga 1980
agcaaaaaaa gttccagttt catattatga ttcaacatat ttaagtacag ataatgaaaa 2040
agataaattat ttaagggag ttacaaaatt atttgagaga atttattcaa ctgatcttgg 2100
aagaatgttg ttaacatcaa tagtaagggt aataccattt tgggggtggaa gtacaataga 2160
tacagaatta aaagttattg atactaatgt tagtaataat aggaccctca gctgatatta tacagtttga 2220
tagatcagaa gaacttaate aagttttgaa tcttacgcga aatggttatg gctctactca 2280
atcacattaga tttagcccag attttacatt tgggtttgag gagtcacttg aagttgatag 2340
aaactcctct tttaggtgcag gcaaatttgc tacagatcca gcagtaacat tagcactga 2400
acttatcat gctggacata gattatatgg aatagcaatt aatccaaata gggtttttaa 2460
agtaataact aatgcctatt atgaaatgag tgggttagaa gtaagctttg aggaacttag 2520
aacatttggg ggacatgatg caaagtttat agatagttaa caggaaaaacg aatttcgtct 2580
atattattat aataagttta aagatatagc aagtacactt aataaagcta aatcaatagt 2640
aggtactact gcttcattac agtatatgaa aaatgttttt aaagagaaat atctcctatc 2700
tgaagataca tctggaaaaa tttcggtaga taaattaaaa tttgataagt tatacaaaa 2760
gttaacagag atttacacag aggataattt tggttaagtt tttaaagtac ttaacagaaa 2820
acatatattg aattttgata aagccgtatt taagataaat atagtaccta aggtaaatta 2880
cacaatatat gatggattta atttaagaaa tacaatttta gcagcaaaact ttaatgggtca 2940
aaatacagaa attaataata tgaattttac taaactaaaa aattttactg gattgtttga 3000
attttataag ttgctatgtg taagagggtat aatcacttgc aaatgaacgc gttggcccta 3060
ttctatagtg tcacctaaat gctagagctc gctgatcagc ctcgactgtg cttctagtt 3120
gccagccatc tgttggttgc cctcccccgc tgccttctct gaccctggaa ggtgcaactc 3180
ccactgtcct ttctaatata aatgaggaaa ttgcatcgca ttgtctgagt aggtgtcatt 3240
ctattctggg ggggtgggtg gggcaggaca gcaaggggga ggattgggaa gacaatagca 3300
ggcatgctgg ggaatgcgtg ggctctatgg cttctgagga ggaaagaacc agctggggtc 3360
ctagggggta tccccacggc ccctgtagcg gcgcattaa ggcggcggtg gtggtggtta 3420
cgcgacgct gaccgctaca cttgccagcg ccctagcgcc cgctcctttc gctttcttcc 3480
cttcccttct cgccacgttc gccggcttcc cccgtcaagc tctaaatcgg ggcacccctt 3540
taggggttccg atttagtgc tttacggcac tgcaccccaa aaaacttgat taggggtgat 3600
gttcacgtag tgggccatcg ccctgataga cggtttttgc ccctttgacg ttggagttca 3660
cgttctttaa tagtggactc ttgttccaaa ctggaacaac actcaaccct atctcgggtc 3720
attcttttga ttataaggg attttgggga tttcggccta ttggttaaaa aatgagctga 3780
tttaacaaaa atttaacgg aattaattct gtggaatgtg tgcagtttag ggtgtggaaa 3840
gtccccaggc tccccaggca ggcagaagta tgcagaagc gcatctcaat tagtcagcaa 3900
ccagggtgtg aaagtcccca ggtccccag caggcagaag tatgcaaaag atgcactca 4020
attagtcagc aaccatagtc ccgcccctaa ctccgcccac cccgccccta actccgccc 4080

```

gttcgcgccca ttctccgccc catggctgac taatTTTTTT tatttatgca gaggccgagg 4140
ccgcctctgc ctctgagcta ttccagaagt agtgaggagg ctttttttga ggccctaggct 4200
tttgcaaaaa gctcccgga gcttgatat ccattttcgg atctgatcaa gagacaggat 4260
gaggatcggt tcgcatgatt gaacaagatg gattgcacgc aggttctccg gccgcttggg 4320
tgagagggct attcggctat gactgggcac aacagacaat cggctgctct gatgccgccg 4380
tgttccggct gtcagcgag gggcgcccgg ttctttttgt caagaccgac ctgtccgggtg 4440
ccctgaatga actgcaggac gaggcagcgc ggctatcgtg gctggccacg acgggcgttc 4500
cttgccgagc tgtgctcgac gttgtcactg aagcgggaag ggactggctg ctattgggcg 4560
aagtgcgggg gcaggatctc ctgtcatctc acctgtctcc tgccgagaaa gtatccatca 4620
tggtgatgac aatgcggcgg ctgcatacgc ttgatccggc tacctgcccc ttcgaccacc 4680
aagcgaaaca tcgcatcgag cgagcacgta ctcggtatga agccggtctt gtcgatcagg 4740
atgatctgga cgaagagcat caggggctcg cgccagccga actgttcgcc aggcctcaagg 4800
cgcgcatgcc cgacggcgag gatctcgtcg tgaccatgg cgatgcctgc ttgccgaata 4860
tcatggtgga aaatggccgc ttttctggat tcatcgactg tggccggctg ggtgtggcgg 4920
accgctatca ggacatagcg ttggctaccc gtgatattgc tgaagagctt gccggcgaa 4980
gggctgaccg cttcctcgtg ctttacggta tcgccgctcc cgattcgag cgcacgcct 5040
tctatcgctc tcttgacgag ttctctgag cgggactctg gggttcgaaa tgaccgacca 5100
agcgacgccc aacctgccat cagcagattt cgattccacc gccgccttct atgaaaggtt 5160
gggcttcgga atcgttttcc gggacgcgg ctggatgatc ctccagcgcg gggatctcat 5220
gctggagttc ttgcgccacc ccaacttggt tattgcagct tataatggtt acaataaagg 5280
caatagcatc acaaatttca caataaagg atttttttca ctgcattcta gttgtgggtt 5340
gtccaaactc atcaatgtat cttatcatgt ctgtataccg tcgacctcta gctagagctt 5400
ggcgtaatac tggtcatagc tgtttcctgt gtgaaattgt tatccgctca caattccaca 5460
caacatacga gccggaagca taaagtgtaa agcctggggg gcctaagtag tgagctaact 5520
cacattaatt gcgttgcgct cactgccgcg tttccagtcg ggaacactgt cgtgccagct 5580
gcattaatga atcgcccaac gcgcggggag aggcgggttg cgtattgggc gctcttcgcg 5640
ttcctcgctc actgactcgc tgcgctcggt cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca 5700
ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg 5760
agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca 5820
taggctccgc cccctgacg agcatcaca aaatcgacgc tcaagtacga ggtggcgaaa 5880
cccgacagga ctataaagat accaggcggt tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc 5940
tgttccgacc ctgccgttta ccggataacct gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtgcc 6000
gctttctcaa tgcctacgct gtaggtatct cagttcgggt taggtcgttc gctccaagct 6060
gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg 6120
tcttgagtc aaccgggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag 6180
gtctagcaga gcgaggtatg taggcgggtc tacagagttc ttgaagtggg ggcttaacta 6240
cggctacact agaaggacag tatttgggtat ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg 6300
aaaaagaggt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg gtggtttttt 6360
tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt 6420
ttctacgggg tctgacgctc agtggaaacg aaactcacgt taagggattt tggtcatgag 6480
attatcaaaa aggatcttca cctagatcct tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataaat 6540
ctaaagtata tatgagtaaa cttggtctga cagttaccaa tgcttaata gtgaggcacc 6600
tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat 6660
aactacgata cgggaggggt taccatctgg cccagtgct gcaatgatac cgcgagacc 6720
acgctcaccg gctccagatt tatcagcaat aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgag 6780
aagtggctct gcaactttat ccgcctccat ccagctatt aattgttgcc gggaagctag 6840
agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg caacgttggt gccattgcta caggcatcgt 6900
ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg 6960
agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa agcgggttagc tccttcgggtc ctccgatcgt 7020
tgtcagaagt aagttggcgg cagtgttacc actcatgggt atggcagcaa tgcataattc 7080
tcttactgtc atgccatccg taagatgctt ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc 7140
attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag ttgctcttgc ccggcgtaaa tacgggataa 7200
taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt gctcatcatt ggaaaacggt ctctggggcg 7260
aaaactctca aggatcttac cgtgtttgag atccagttcg atgtaaccca ctctgacgag 7320
caactgatct tcagcatctt ttactttcac cagcgtttct gggtgagcaa aaacaggaag 7380
gcaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt 7440
cctttttcaa tattattgaa gcatttatca gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt 7500
tgaatgtatt tagaaaaata acaaatagg ggttcgcgcg acatttcccc gaaaagtgcc 7560
acctgacgtc 7570

```

<210> 52
 <211> 682
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>

<223> Secuencia de aminoácidos de cadena ligera de GFP-BoNT/A.
<400> 52

Ala	Ser	Lys	Gly	Glu	Glu	Leu	Phe	Thr	Gly	Val	Val	Pro	Ile	Leu	Val	1	5	10	15
Glu	Leu	Asp	Gly	Asp	Val	Asn	Gly	His	Lys	Phe	Ser	Val	Ser	Gly	Glu	20	25	30	
Gly	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Tyr	Gly	Lys	Leu	Thr	Leu	Lys	Phe	Ile	Cys	35	40	45	
Thr	Thr	Gly	Lys	Leu	Pro	Val	Pro	Trp	Pro	Thr	Leu	Val	Thr	Thr	Leu	50	55	60	
Cys	Tyr	Gly	Val	Gln	Cys	Phe	Ser	Arg	Tyr	Pro	Asp	His	Met	Lys	Arg	65	70	75	80
His	Asp	Phe	Phe	Lys	Ser	Ala	Met	Pro	Glu	Gly	Tyr	Val	Gln	Glu	Arg	85	90	95	
Thr	Ile	Phe	Phe	Lys	Asp	Asp	Gly	Asn	Tyr	Lys	Thr	Arg	Ala	Glu	Val	100	105	110	
Lys	Phe	Glu	Gly	Asp	Thr	Leu	Val	Asn	Arg	Ile	Glu	Leu	Lys	Gly	Ile	115	120	125	
Asp	Phe	Lys	Glu	Asp	Gly	Asn	Ile	Leu	Gly	His	Lys	Leu	Glu	Tyr	Asn	130	135	140	
Tyr	Asn	Ser	His	Asn	Val	Tyr	Ile	Met	Ala	Asp	Lys	Gln	Lys	Asn	Gly	145	150	155	160
Ile	Lys	Val	Asn	Phe	Lys	Thr	Arg	His	Asn	Ile	Glu	Asp	Gly	Ser	Val	165	170	175	
Gln	Leu	Ala	Asp	His	Tyr	Gln	Gln	Asn	Thr	Pro	Ile	Gly	Asp	Gly	Pro	180	185	190	
Val	Leu	Leu	Pro	Asp	Asn	His	Tyr	Leu	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Leu	Ser	195	200	205	
Lys	Asp	Pro	Asn	Glu	Lys	Arg	Asp	His	Met	Val	Leu	Leu	Glu	Phe	Val	210	215	220	
Thr	Ala	Ala	Gly	Ile	Thr	His	Gly	Met	Asp	Glu	Leu	Tyr	Asn	Ile	Asp	225	230	235	240
Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Pro	Phe	Val	Asn	Lys	Gln	Phe	Asn	Tyr	Lys	Asp	245	250	255	
Pro	Val	Asn	Gly	Val	Asp	Ile	Ala	Tyr	Ile	Lys	Ile	Pro	Asn	Ala	Gly	260	265	270	
Gln	Met	Gln	Pro	Val	Lys	Ala	Phe	Lys	Ile	His	Asn	Lys	Ile	Trp	Val	275	280	285	
Ile	Pro	Glu	Arg	Asp	Thr	Phe	Thr	Asn	Pro	Glu	Glu	Gly	Asp	Leu	Asn	290	295	300	
Pro	Pro	Pro	Glu	Ala	Lys	Gln	Val	Pro	Val	Ser	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Thr	305	310	315	320
Tyr	Leu	Ser	Thr	Asp	Asn	Glu	Lys	Asp	Asn	Tyr	Leu	Lys	Gly	Val	Thr	325	330	335	
Lys	Leu	Phe	Glu	Arg	Ile	Tyr	Ser	Thr	Asp	Leu	Gly	Arg	Met	Leu	Leu	340	345	350	
Thr	Ser	Ile	Val	Arg	Gly	Ile	Pro	Phe	Trp	Gly	Gly	Ser	Thr	Ile	Asp	355	360	365	
Thr	Glu	Leu	Lys	Val	Ile	Asp	Thr	Asn	Cys	Ile	Asn	Val	Ile	Gln	Pro	370	375	380	
Asp	Gly	Ser	Tyr	Arg	Ser	Glu	Glu	Leu	Asn	Leu	Val	Ile	Ile	Gly	Pro	385	390	395	400
Ser	Ala	Asp	Ile	Ile	Gln	Phe	Glu	Cys	Lys	Ser	Phe	Gly	His	Glu	Val	405	410	415	
Leu	Asn	Leu	Thr	Arg	Asn	Gly	Tyr	Gly	Ser	Thr	Gln	Tyr	Ile	Arg	Phe	420	425	430	
Ser	Pro	Asp	Phe	Thr	Phe	Gly	Phe	Glu	Glu	Ser	Leu	Glu	Val	Asp	Thr	435	440	445	
Asn	Pro	Leu	Leu	Gly	Ala	Gly	Lys	Phe	Ala	Thr	Asp	Pro	Ala	Val	Thr	450	455	460	
Leu	Ala	His	Glu	Leu	Ile	His	Ala	Gly	His	Arg	Leu	Tyr	Gly	Ile	Ala				

465		470		475		480
Ile Asn Pro Asn Arg Val Phe Lys Val Asn Thr Asn Ala Tyr Tyr Glu						
		485		490		495
Met Ser Gly Leu Glu Val Ser Phe Glu Glu Leu Arg Thr Phe Gly Gly						
		500		505		510
His Asp Ala Lys Phe Ile Asp Ser Leu Gln Glu Asn Glu Phe Arg Leu						
		515		520		525
Tyr Tyr Tyr Asn Lys Phe Lys Asp Ile Ala Ser Thr Leu Asn Lys Ala						
		530		535		540
Lys Ser Ile Val Gly Thr Thr Ala Ser Leu Gln Tyr Met Lys Asn Val						
		545		550		555
Phe Lys Glu Lys Tyr Leu Leu Ser Glu Asp Thr Ser Gly Lys Phe Ser						
		565		570		575
Val Asp Lys Leu Lys Phe Asp Lys Leu Tyr Lys Met Leu Thr Glu Ile						
		580		585		590
Tyr Thr Glu Asp Asn Phe Val Lys Phe Phe Lys Val Leu Asn Arg Lys						
		595		600		605
Thr Tyr Leu Asn Phe Asp Lys Ala Val Phe Lys Ile Asn Ile Val Pro						
		610		615		620
Lys Val Asn Tyr Thr Ile Tyr Asp Gly Phe Asn Leu Arg Asn Thr Asn						
		625		630		635
Leu Ala Ala Asn Phe Asn Gly Gln Asn Thr Glu Ile Asn Asn Met Asn						
		645		650		655
Phe Thr Lys Leu Lys Asn Phe Thr Gly Leu Phe Glu Phe Tyr Lys Leu						
		660		665		670
Leu Cys Val Arg Gly Ile Ile Thr Ser Lys						
		675		680		

<210> 53
 <211> 6259
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo de expresión pQBI-25/GFP.
 <400> 53

```

gacggatcgg gagatctccc gatccccctat ggtcgactct cagtacaatc tgctctgatg 60
ccgcatagtt aagccagtat ctgctccctg cttgtgtgtt ggaggtcgct gaggtagtgcg 120
cgagcaaaat ttaagctaca acaaggcaag gcttgaccga caattgcatg aagaatctgc 180
ttaggggttag gcgttttgcg ctgcttcgcc tcgaggcctg gccattgcat acgttgatc 240
catatcataa tatgtacatt tatattggct catgtccaac attaccgcca tgttgacatt 300
gattattgac tagttattaa tagtaataca ttacggggtc attagtcat agcccatata 360
tggagttccg cgttacataa cttacggtaa atggcccgcc tggctgaccg cccaacgacc 420
ccgcccatt gacgtcaata atgacgtatg ttcccatagt aacgccaata gggactttcc 480
attgacgtca atgggtggag tatttacggt aaactgccca cttggcagta catcaagtg 540
atcatatgcc aagtacgccc cctattgacg tcaatgacgg taaatggccc gcctggcatt 600
atgccagta catgacctta tgggactttc ctacttgcca gtacatctac gtattagtca 660
tcgctattac catggtgatg cggttttggc agtacatcaa tgggcgtgga tagcggtttg 720
actcacgggg atttccaagt ctccacccca ttgacgtcaa tgggagtttg ttttggcacc 780
aaaatcaacg ggactttcca aaatgtcgta acaactccgc cccattgacg caaatgggcg 840
gtaggcgtgt acgggtggag gtctatataa gcagagctcg tttagtgaac cgtcagatcg 900
cctgggagac ccatccacgc tgttttgacc tccatagaag acaccgggac cgtaccagcc 960
tccgcgggcc accatggagg gcccggttac cggtagcgga tccagatata tgggcgggccc 1020
ctcagcaagc ttcgcaatt cgaggaggcg aggtggagct agcaaaggag aagaactctt 1080
cactggagtt gtcccaattc ttgttgaatt agatggtgat gttaacggcc acaagttctc 1140
tgtcagtgga gaggtgaag gtgatgcaac atacggaaaa cttaccctga agttcatctg 1200
cactactggc aaactgcctg ttccatggcc aacactagtc actactctgt gctatggtgt 1260
tcaatgcttt tcaagatacc cggatcatat gaaacggcat gactttttca agagtgccat 1320
gccggaaggt tatgtacagg aaaggacat ctcttcaaa gatgacggca actacaagac 1380
acgtgctgaa gtcaagtttg aagtgatac ccttggttaat agaatcgagt taaaaggtat 1440
tgacttcaag gaagatggca acattctggg acacaaattg gaatacaact ataactcaca 1500
caatgtatac atcatggcag acaaacaaaa gaatggaatc aaagtgaact tcaagacccg 1560
ccacaacatt gaagatggaa gcgttcaact agcagaccat tatcaacaaa atactccaat 1620
    
```

tgccgatggc	cctgtccttt	taccagacaa	ccattacctg	tccacacaa	ctgccctttc	1680
gaaagatccc	aacgaaaaga	gagaccacat	ggctccttctt	gagtttgtaa	cagctgctgg	1740
gattacacat	ggcatggatg	aactgtacaa	catcgatgga	ggcggagggtg	gatgaacgcg	1800
ttggccctat	tctatagtgt	cacctaaatg	ctagagctcg	ctgatcagcc	tcgactgtgc	1860
cttctagtgt	ccagccatct	gttggttggc	cctccccctg	gccttccttg	accctggaag	1920
gtgccactcc	cactgtcctt	tcctaataaa	atgaggaaat	tgcatcgcat	tgtctgagta	1980
gggtgctatc	tattctgggg	gggtgggggtg	ggcaggacag	caagggggag	gattgggaag	2040
acaatagcag	gcacgtcggg	gatgcggtgg	gctctatggc	ttctgaggcg	gaaagaacca	2100
gctggggctc	taggggggat	ccccacgcgc	cctgtagcgg	cgcattaagc	gcggcggggtg	2160
tggtgggttac	gcgcagcgtg	accgctacac	ttgccagcgc	cctagcgccc	gctcctttcg	2220
ctttcttccc	ttcctttctc	gccacgttcg	ccggctttcc	ccgtcaagct	ctaaatcggg	2280
gcaccccttt	agggttccga	tttagtgctt	tacggcacct	cgaccccaaa	aaacttgatt	2340
agggtgatgg	ttcacgtagt	ggggcatcgc	cctgatagac	ggtttttctc	cctttgacgt	2400
tggtgctcac	gttctttaat	agtggactct	tgltccaaac	tggaacaaca	ctcaacctta	2460
tctcggctta	ttcttttgat	ttataaggga	ttttggggat	ttcggcctat	tggttaaaaa	2520
atgagctgat	tttaacaaaa	tttaacgcga	attaattctg	tggaatgtgt	gtcagttagg	2580
gtgtggaaaag	tcocagggct	ccccagcgag	gcagaagtat	gcaaagcatg	catctcaatt	2640
agtcagcaac	cagggtgtga	aagtccccag	gctccccagc	aggcagaagt	atgcaaaagca	2700
tgcatctcaa	ttagtacgca	accatagtcc	cgccccctaac	tccgcccatc	ccgccoctaa	2760
ctccgccag	ttccgcccat	tctccgcccc	atggctgact	aatttttttt	atttatgcag	2820
aggccagagg	cgctctgccc	tctgagctat	tccagaagta	gtgaggaggc	ttttttggag	2880
gcttaggctt	ttgcaaaaag	ctcccgggag	cttgatatat	catttttcgga	tctgatcaag	2940
agacaggatg	aggatcgttt	cgcacgtatt	aacaagatgg	attgcacgca	ggttctcccg	3000
ccgcttggggt	ggagaggcta	ttcggctatg	actgggcaca	acagacaatc	ggctgctctg	3060
atgcgcgcgt	gttccggctg	tcagcgcagg	ggcgcccggt	tctttttgtc	aagacgcgac	3120
tgctccgtgc	cctgaatgaa	ctgcaggacg	aggcagcgcg	gctatcgtgg	ctggccacga	3180
cgggcggttc	ttgcgcagct	gtgctcgacg	ttgtcactga	agcgggaagg	gactggctgc	3240
tattgggcga	agtgcggggg	caggatctcc	tgctatctca	ccttgctcct	gccgagaaaag	3300
tatcccatcat	ggctgatgca	atgcggcggc	tgcatacgct	tgatccggct	acctgcccat	3360
tcgaccacca	agcgaacat	cgcacgcagc	gagcacgtac	tcggatggaa	gccggtcttg	3420
tcgatcagga	tgatctggac	gaagagcatc	aggggctcgc	gccagccgaa	gtgttcgcca	3480
ggctcaaggc	gcgcacgccc	gacggcgagg	atctcgtcgt	gacccatggc	gatgctgct	3540
tgccgaatat	catgggtgaa	aatggccgct	tttctggatt	catcgactgt	ggccggctgg	3600
gtgtggcgga	ccgctatcag	gacatagcgt	tggtaccocg	tgatattgct	gaagagcttg	3660
gcggcggaatg	ggctgacgcg	ttcctcgtgc	tttacggtat	cgccgctccc	gattcgcagc	3720
gcctcgccct	ctatcgccct	cttgacgagt	tcttctgagc	gggactctgg	ggttcgaaat	3780
gaccgaccac	gcgacgcccc	acctgccatc	acgagatttc	gattccaccg	ccgccttcta	3840
tgaaaggttg	ggcttcggaa	tcgttttccc	ggacgcggcg	tggtgatccc	tccagcgccg	3900
ggatctcatg	ctggagttct	tcgcccaccc	caacttgttt	attgcagctt	ataatgggta	3960
caaatataagc	aatagcatca	caaatttcac	aaataaagca	ttttttttcac	tgcatcttag	4020
ttgtgggttg	tcaaaactca	tcaatgtatc	ttatcatgtc	tgtataccgt	cgacctctag	4080
ctagagcttg	gcgtaatcat	ggctcatagct	gtttcctgtg	tgaaattggt	atccgctcac	4140
aattccacac	aacatacagc	ccggaagcat	aaagtgtaaa	gcctgggggtg	cctaagtagt	4200
gagctaactc	acattaattg	cggtgcgctc	actgcccgct	ttccagtcgg	gaaacctgtc	4260
gtgccagctg	cattaatgaa	tcggccaacg	cgccggggaga	ggcgggttgc	gtattggggc	4320
ctcttcgctc	tcctcgctca	ctgactcgct	gcgctcggtc	gttcggctgc	ggcgagcggt	4380
atcagctcac	tcaaaggcgg	taatacgggt	atccacagaa	tcagggggata	ccgcaggaaa	4440
gaacatgtga	gcaaaaggcc	agcaaaaggc	caggaaacgt	aaaaaggccg	cgttgctggc	4500
gtttttccat	aggctccgcc	cccctgacga	gcatacacia	aatcgacgct	caagtacag	4560
gtggcgaaac	ccgacaggac	tataaagata	ccaggcggtt	ccccctggaa	gctccctcgt	4620
gcgctctcct	gttccgaccc	tgccgcttac	cggtacacct	tcgccttttc	tccttcgggg	4680
aagcgtggcg	ctttctcaat	gctcacgctg	taggtatctc	agttcgggtg	aggtcgttcg	4740
ctccaagctg	ggctgtgtgc	acgaaccccc	cgttcagccc	gaccgctgcg	ccttatccgg	4800
taactatcgt	cttgagtcca	acccggttaag	acacgactta	tcgccactgg	cagcagccac	4860
tggtaacagg	attagcagag	cgaggtatgt	aggcgggtgct	acagagttct	tgaagtgggtg	4920
gcctaactac	ggctacacta	gaaggacagt	atlttggtatc	tgcgctctgc	tgaagccagt	4980
taccttcgga	aaaagagttg	gtagctcttg	atccggcaaa	caaaccaccg	ctggtagcgg	5040
tggttttttt	gtttgcaagc	agcagattac	gcgcagaaaa	aaaggatctc	aagaagatcc	5100
tttgatcttt	tctacggggg	ctgacgctca	gtggaacgaa	aactcacggt	aagggatttt	5160
ggtcatgaga	ttatcaaaaa	ggatcttcac	ctagatcctt	ttaaattaaa	aatgaagttt	5220
taaatcaatc	taaagtatat	atgagtaaac	ttggtctgac	agttaccaat	gcttaacag	5280
tgaggcacct	atctcagcga	tctgtctatt	tcgttcatcc	atagttgcct	gactccccgt	5340
cgtgtagata	actacgat ac	gggagggctt	accatctggc	cccagtgctg	caatgatacc	5400
gcgagaccca	cgtccaccgg	ctccagattt	atcagcaata	aaccagccag	ccggaggggc	5460
cgagcgacga	agtggctcctg	caactttatc	cgccctccatc	cagttctatta	attgttgccg	5520

```

ggaagctaga gtaagtagtt cgccagttaa tagtttgccg aacgttggtg ccattgctac 5580
aggeatcgtg gtgtcacgct cgtcgtttgg tatggcttca ttcagctcgg gttcccaacg 5640
atcaaggcga gttacatgat ccccatgtt gtgcaaaaaa gcggttagct ccttcgggtcc 5700
tccgatcgtt gtcagaagta agttggccgc agtggttatca ctcatgggta tggcagcact 5760
gcataattct cttactgtca tgccatccgt aagatgcttt tctgtgactg gtgagtactc 5820
aaccaagtca ttctgagaat agtgtatgcg gcgaccgagt tgctcttgcc cggcgtcaat 5880
acgggataat accgcgccac atagcagaac tttaaaagtg ctcattcattg gaaaacgttc 5940
ttcggggcga aaactctcaa ggatcttacc gctgttgaga tccagttcga tgtaaccac 6000
tcgtgcaccc aactgatctt cagcatcttt tactttcacc agcgtttctg ggtgagcaaa 6060
aacaggaagg caaaatgccg caaaaaaggg aataagggcg acacggaaat gttgaatact 6120
catactcttc ctttttcaat attattgaag catttatcag gggtattgtc tcatgagcgg 6180
atacatattht gaatgtattht agaaaaataa acaaataggg gttccgcgca catttccccc 6240
aaaagtgcga cctgacgtc 6259

```

<210> 54
 <211> 245
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Secuencia de aminoácidos de GFP.
 <400> 54

Ala	Ser	Lys	Gly	Glu	Glu	Leu	Phe	Thr	Gly	Val	Val	Pro	Ile	Leu	Val
1				5					10					15	
Glu	Leu	Asp	Gly	Asp	Val	Asn	Gly	His	Lys	Phe	Ser	Val	Ser	Gly	Glu
			20					25					30		
Gly	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Tyr	Gly	Lys	Leu	Thr	Leu	Lys	Phe	Ile	Cys
		35					40					45			
Thr	Thr	Gly	Lys	Leu	Pro	Val	Pro	Trp	Pro	Thr	Leu	Val	Thr	Thr	Leu
	50					55					60				
Cys	Tyr	Gly	Val	Gln	Cys	Phe	Ser	Arg	Tyr	Pro	Asp	His	Met	Lys	Arg
65					70					75				80	
His	Asp	Phe	Phe	Lys	Ser	Ala	Met	Pro	Glu	Gly	Tyr	Val	Gln	Glu	Arg
				85					90					95	
Thr	Ile	Phe	Phe	Lys	Asp	Asp	Gly	Asn	Tyr	Lys	Thr	Arg	Ala	Glu	Val
			100					105						110	
Lys	Phe	Glu	Gly	Asp	Thr	Leu	Val	Asn	Arg	Ile	Glu	Leu	Lys	Gly	Ile
		115					120					125			
Asp	Phe	Lys	Glu	Asp	Gly	Asn	Ile	Leu	Gly	His	Lys	Leu	Glu	Tyr	Asn
		130				135					140				
Tyr	Asn	Ser	His	Asn	Val	Tyr	Ile	Met	Ala	Asp	Lys	Gln	Lys	Asn	Gly
145					150					155				160	
Ile	Lys	Val	Asn	Phe	Lys	Thr	Arg	His	Asn	Ile	Glu	Asp	Gly	Ser	Val
				165					170					175	
Gln	Leu	Ala	Asp	His	Tyr	Gln	Gln	Asn	Thr	Pro	Ile	Gly	Asp	Gly	Pro
			180					185					190		
Val	Leu	Leu	Pro	Asp	Asn	His	Tyr	Leu	Ser	Thr	Gln	Ser	Ala	Leu	Ser
		195					200					205			
Lys	Asp	Pro	Asn	Glu	Lys	Arg	Asp	His	Met	Val	Leu	Leu	Glu	Phe	Val
	210					215					220				
Thr	Ala	Ala	Gly	Ile	Thr	His	Gly	Met	Asp	Glu	Leu	Tyr	Asn	Ile	Asp
225					230					235				240	
Gly	Gly	Gly	Gly	Gly											
				245											

<210> 55
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Espaciador flexible de G
 <400> 55

ES 2 689 703 T3

Gly Gly Gly Gly
 1

5
 <210> 56
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Espaciador flexible de G
 <400> 56

10
 Gly Gly Gly Gly Ser
 1 5

15
 <210> 57
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Espaciador flexible de A
 <400> 57

20
 Ala Ala Ala Ala
 1

25
 <210> 58
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Espaciador flexible de A
 <400> 58

30
 Ala Ala Ala Ala Val
 1 5

35
 <210> 59
 <211> 821
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 59

40
 Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
 20 25 30
 Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
 35 40 45
 Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
 50 55 60
 Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly
 65 70 75 80
 Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly
 85 90 95
 Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr

[illegible]

```

Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Val Thr Glu Asn Asn Val Met
625                               630                               640
Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg Asp Ile Asn Asn Ile Asp Tyr
                               645                               655
Tyr Lys Lys Thr Thr Asn Gly Arg Leu Pro Val Lys Trp Met Ala Pro
                               660                               670
Glu Ala Leu Phe Asp Arg Val Tyr Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser
                               675                               685
Phe Gly Val Leu Met Trp Glu Ile Phe Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr
                               690                               700
Pro Gly Ile Pro Val Glu Glu Leu Phe Lys Leu Leu Lys Glu Gly His
705                               710                               720
Arg Met Asp Lys Pro Ala Asn Cys Thr Asn Glu Leu Tyr Met Met Met
                               725                               735
Arg Asp Cys Trp His Ala Val Pro Ser Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln
                               740                               750
Leu Val Glu Asp Leu Asp Arg Ile Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu Glu
                               755                               765
Tyr Leu Asp Leu Ser Gln Pro Leu Glu Gln Tyr Ser Pro Ser Tyr Pro
770                               775                               780
Asp Thr Arg Ser Ser Cys Ser Ser Gly Asp Asp Ser Val Phe Ser Pro
785                               790                               795
Asp Pro Met Pro Tyr Glu Pro Cys Leu Pro Gln Tyr Pro His Ile Asn
                               805                               815
Gly Ser Val Lys Thr
                               820

```

<210> 60
 <211> 822
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 60

```

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
1                               5                               10                               15
Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
                               20                               25                               30
Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
35                               40                               45
Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
50                               55                               60
Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly
65                               70                               75                               80
Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly
85                               90                               95
Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr
100                               105                               110
Val Asp Ser Glu Thr Trp Tyr Phe Met Val Asn Val Thr Asp Ala Ile
115                               120                               125
Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Asp Thr Asp Gly Ala Glu Asp Phe Val
130                               135                               140
Ser Glu Asn Ser Asn Asn Lys Arg Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu
145                               150                               155                               160
Lys Met Glu Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys
165                               170                               175
Phe Arg Cys Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu
180                               185                               190
Lys Asn Gly Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys
195                               200                               205
Val Arg Asn Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser
210                               215                               220
Asp Lys Gly Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile
225                               230                               235                               240
Asn His Thr Tyr His Leu Asp Val Val Glu Arg Ser Pro His Arg Pro

```

				245					250				255		
Ile	Leu	Gln	Ala	Gly	Leu	Pro	Ala	Asn	Ala	Ser	Thr	Val	Val	Gly	Gly
			260					265					270		
Asp	Val	Glu	Phe	Val	Cys	Lys	Val	Tyr	Ser	Asp	Ala	Gln	Pro	His	Ile
		275					280					285			
Gln	Trp	Ile	Lys	His	Val	Glu	Lys	Asn	Gly	Ser	Lys	Tyr	Gly	Pro	Asp
	290					295					300				
Gly	Leu	Pro	Tyr	Leu	Lys	Val	Leu	Lys	His	Ser	Gly	Ile	Asn	Ser	Ser
305				310					315					320	
Asn	Ala	Glu	Val	Leu	Ala	Leu	Phe	Asn	Val	Thr	Glu	Ala	Asp	Ala	Gly
			325					330					335		
Glu	Tyr	Ile	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Tyr	Ile	Gly	Gln	Ala	Asn	Gln	Ser
		340						345				350			
Ala	Trp	Leu	Thr	Val	Leu	Pro	Lys	Gln	Ala	Pro	Gly	Arg	Glu	Lys	
	355					360					365				
Glu	Ile	Thr	Ala	Ser	Pro	Asp	Tyr	Leu	Glu	Ile	Ala	Ile	Tyr	Cys	Ile
	370				375						380				
Gly	Val	Phe	Leu	Ile	Ala	Cys	Met	Val	Val	Thr	Val	Ile	Leu	Cys	Arg
385				390					395					400	
Met	Lys	Asn	Thr	Thr	Lys	Lys	Pro	Asp	Phe	Ser	Ser	Gln	Pro	Ala	Val
			405					410					415		
His	Lys	Leu	Thr	Lys	Arg	Ile	Pro	Leu	Arg	Arg	Gln	Val	Thr	Val	Ser
		420					425					430			
Ala	Glu	Ser	Ser	Ser	Met	Asn	Ser	Asn	Thr	Pro	Leu	Val	Arg	Ile	
	435					440					445				
Thr	Thr	Arg	Leu	Ser	Ser	Thr	Ala	Asp	Thr	Pro	Met	Leu	Ala	Gly	Val
	450				455					460					
Ser	Glu	Tyr	Glu	Leu	Pro	Glu	Asp	Pro	Lys	Trp	Glu	Phe	Pro	Arg	Asp
465				470					475					480	
Lys	Leu	Thr	Leu	Gly	Lys	Pro	Leu	Gly	Glu	Gly	Cys	Phe	Gly	Gln	Val
		485						490					495		
Val	Met	Ala	Glu	Ala	Val	Gly	Ile	Asp	Lys	Asp	Lys	Pro	Lys	Glu	Ala
		500						505				510			
Val	Thr	Val	Ala	Val	Lys	Met	Leu	Lys	Asp	Asp	Ala	Thr	Glu	Lys	Asp
	515					520						525			
Leu	Ser	Asp	Leu	Val	Ser	Glu	Met	Glu	Met	Met	Lys	Met	Ile	Gly	Lys
	530					535					540				
His	Lys	Asn	Ile	Ile	Asn	Leu	Leu	Gly	Ala	Cys	Thr	Gln	Asp	Gly	Pro
545				550					555						560
Leu	Tyr	Val	Ile	Val	Glu	Tyr	Ala	Ser	Lys	Gly	Asn	Leu	Arg	Glu	Tyr
		565						570					575		
Leu	Arg	Ala	Arg	Arg	Pro	Pro	Gly	Met	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Asp	Ile	Asn
		580					585					590			
Arg	Val	Pro	Glu	Glu	Gln	Met	Thr	Phe	Lys	Asp	Leu	Val	Ser	Cys	Thr
	595					600						605			
Tyr	Gln	Leu	Ala	Arg	Gly	Met	Glu	Tyr	Leu	Ala	Ser	Gln	Lys	Cys	Ile
	610					615						620			
His	Arg	Asp	Leu	Ala	Ala	Arg	Asn	Val	Leu	Val	Thr	Glu	Asn	Asn	Val
625				630					635					640	
Met	Lys	Ile	Ala	Asp	Phe	Gly	Leu	Ala	Arg	Asp	Ile	Asn	Asn	Ile	Asp
		645						650					655		
Tyr	Tyr	Lys	Lys	Thr	Thr	Asn	Gly	Arg	Leu	Pro	Val	Lys	Trp	Met	Ala
		660					665					670			
Pro	Glu	Ala	Leu	Phe	Asp	Arg	Val	Tyr	Thr	His	Gln	Ser	Asp	Val	Trp
	675					680						685			
Ser	Phe	Gly	Val	Leu	Met	Trp	Glu	Ile	Phe	Thr	Leu	Gly	Gly	Ser	Pro
	690					695					700				
Tyr	Pro	Gly	Ile	Pro	Val	Glu	Glu	Leu	Phe	Lys	Leu	Leu	Lys	Glu	Gly
705				710					715					720	
His	Arg	Met	Asp	Lys	Pro	Ala	Asn	Cys	Thr	Asn	Glu	Leu	Tyr	Met	Met
		725						730					735		
Met	Arg	Asp	Cys	Trp	His	Ala	Val	Pro	Ser	Gln	Arg	Pro	Thr	Phe	Lys
		740					745					750			
Gln	Leu	Val	Glu	Asp	Leu	Asp	Arg	Ile	Leu	Thr	Leu	Thr	Asn	Glu	
	755					760						765			

Glu Tyr Leu Asp Leu Ser Gln Pro Leu Glu Gln Tyr Ser Pro Ser Tyr
 770 775 780
 Pro Asp Thr Arg Ser Ser Cys Ser Ser Gly Asp Asp Ser Val Phe Ser
 785 790 795 800
 Pro Asp Pro Met Pro Tyr Glu Pro Cys Leu Pro Gln Tyr Pro His Ile
 805 810 815
 Asn Gly Ser Val Lys Thr
 820

<210> 61
 <211> 769
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 61

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
 20 25 30
 Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
 35 40 45
 Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
 50 55 60
 Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly
 65 70 75 80
 Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly
 85 90 95
 Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr
 100 105 110
 Val Asp Ser Glu Thr Trp Tyr Phe Met Val Asn Val Thr Asp Ala Ile
 115 120 125
 Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Asp Thr Asp Gly Ala Glu Asp Phe Val
 130 135 140
 Ser Glu Asn Ser Asn Asn Lys Arg Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu
 145 150 155 160
 Lys Met Glu Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys
 165 170 175
 Phe Arg Cys Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu
 180 185 190
 Lys Asn Gly Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys
 195 200 205
 Val Arg Asn Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser
 210 215 220
 Asp Lys Gly Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile
 225 230 235 240
 Asn His Thr Tyr His Leu Asp Val Val Glu Arg Ser Pro His Arg Pro
 245 250 255
 Ile Leu Gln Ala Gly Leu Pro Ala Asn Ala Ser Thr Val Val Gly Gly
 260 265 270
 Asp Val Glu Phe Val Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile
 275 280 285
 Gln Trp Ile Lys His Val Glu Lys Asn Gly Ser Lys Tyr Gly Pro Asp
 290 295 300
 Gly Leu Pro Tyr Leu Lys Val Leu Lys His Ser Gly Ile Asn Ser Ser
 305 310 315 320
 Asn Ala Glu Val Leu Ala Leu Phe Asn Val Thr Glu Ala Asp Ala Gly
 325 330 335
 Glu Tyr Ile Cys Lys Val Ser Asn Tyr Ile Gly Gln Ala Asn Gln Ser
 340 345 350
 Ala Trp Leu Thr Val Leu Pro Lys Gln Gln Ala Pro Gly Arg Glu Lys
 355 360 365
 Glu Ile Thr Ala Ser Pro Asp Tyr Leu Glu Ile Ala Ile Tyr Cys Ile
 370 375 380
 Gly Val Phe Leu Ile Ala Cys Met Val Val Thr Val Ile Leu Cys Arg

```

385          390          395          400
Met Lys Asn Thr Thr Lys Lys Pro Asp Phe Ser Ser Gln Pro Ala Val
          405          410          415
His Lys Leu Thr Lys Arg Ile Pro Leu Arg Arg Gln Val Thr Val Ser
          420          425          430
Ala Glu Ser Ser Ser Ser Met Asn Ser Asn Thr Pro Leu Val Arg Ile
          435          440          445
Thr Thr Arg Leu Ser Ser Thr Ala Asp Thr Pro Met Leu Ala Gly Val
          450          455          460
Ser Glu Tyr Glu Leu Pro Glu Asp Pro Lys Trp Glu Phe Pro Arg Asp
465          470          475          480
Lys Leu Thr Leu Gly Lys Pro Leu Gly Glu Gly Cys Phe Gly Gln Val
          485          490          495
Val Met Ala Glu Ala Val Gly Ile Asp Lys Asp Lys Pro Lys Glu Ala
          500          505          510
Val Thr Val Ala Val Lys Met Leu Lys Asp Asp Ala Thr Glu Lys Asp
          515          520          525
Leu Ser Asp Leu Val Ser Glu Met Glu Met Met Lys Met Ile Gly Lys
          530          535          540
His Lys Asn Ile Ile Asn Leu Leu Gly Ala Cys Thr Gln Asp Gly Pro
545          550          555          560
Leu Tyr Val Ile Val Glu Tyr Ala Ser Lys Gly Asn Leu Arg Glu Tyr
          565          570          575
Leu Arg Ala Arg Arg Pro Pro Gly Met Glu Tyr Ser Tyr Asp Ile Asn
          580          585          590
Arg Val Pro Glu Glu Gln Met Thr Phe Lys Asp Leu Val Ser Cys Thr
          595          600          605
Tyr Gln Leu Ala Arg Gly Met Glu Tyr Leu Ala Ser Gln Lys Cys Ile
          610          615          620
His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu Val Thr Glu Asn Asn Val
625          630          635          640
Met Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg Asp Ile Asn Asn Ile Asp
          645          650          655
Tyr Tyr Lys Lys Thr Thr Asn Gly Arg Leu Pro Val Lys Trp Met Ala
          660          665          670
Pro Glu Ala Leu Phe Asp Arg Val Tyr Thr His Gln Ser Asp Val Trp
          675          680          685
Ser Phe Gly Val Leu Met Trp Glu Ile Phe Thr Leu Gly Gly Ser Pro
          690          695          700
Tyr Pro Gly Ile Pro Val Glu Glu Leu Phe Lys Leu Leu Lys Glu Gly
705          710          715          720
His Arg Met Asp Lys Pro Ala Asn Cys Thr Asn Glu Leu Tyr Met Met
          725          730          735
Met Arg Asp Cys Trp His Ala Val Pro Ser Gln Arg Pro Thr Phe Lys
          740          745          750
Gln Leu Val Glu Asp Leu Asp Arg Ile Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu
          755          760          765
Ile

```

<210> 62
 <211> 709
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 62

```

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
1          5          10          15
Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
          20          25          30
Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
          35          40          45
Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
50          55          60

```

ES 2 689 703 T3

Lys	Asp	Ala	Ala	Val	Ile	Ser	Trp	Thr	Lys	Asp	Gly	Val	His	Leu	Gly
65					70					75					80
Pro	Asn	Asn	Arg	Thr	Val	Leu	Ile	Gly	Glu	Tyr	Leu	Gln	Ile	Lys	Gly
			85						90					95	
Ala	Thr	Pro	Arg	Asp	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ala	Cys	Thr	Ala	Ser	Arg	Thr
			100						105					110	
Val	Asp	Ser	Glu	Thr	Trp	Tyr	Phe	Met	Val	Asn	Val	Thr	Asp	Ala	Ile
	115						120					125			
Ser	Ser	Gly	Asp	Asp	Glu	Asp	Asp	Thr	Asp	Gly	Ala	Glu	Asp	Phe	Val
	130					135					140				
Ser	Glu	Asn	Ser	Asn	Asn	Lys	Arg	Ala	Pro	Tyr	Trp	Thr	Asn	Thr	Glu
145					150					155					160
Lys	Met	Glu	Lys	Arg	Leu	His	Ala	Val	Pro	Ala	Ala	Asn	Thr	Val	Lys
				165					170						175
Phe	Arg	Cys	Pro	Ala	Gly	Gly	Asn	Pro	Met	Pro	Thr	Met	Arg	Trp	Leu
			180					185					190		
Lys	Asn	Gly	Lys	Glu	Phe	Lys	Gln	Glu	His	Arg	Ile	Gly	Gly	Tyr	Lys
	195						200					205			
Val	Arg	Asn	Gln	His	Trp	Ser	Leu	Ile	Met	Glu	Ser	Val	Val	Pro	Ser
	210					215					220				
Asp	Lys	Gly	Asn	Tyr	Thr	Cys	Val	Val	Glu	Asn	Glu	Tyr	Gly	Ser	Ile
225					230					235					240
Asn	His	Thr	Tyr	His	Leu	Asp	Val	Val	Ala	Pro	Gly	Arg	Glu	Lys	Glu
				245					250						255
Ile	Thr	Ala	Ser	Pro	Asp	Tyr	Leu	Glu	Ile	Ala	Ile	Tyr	Cys	Ile	Gly
			260					265					270		
Val	Phe	Leu	Ile	Ala	Cys	Met	Val	Val	Thr	Val	Ile	Leu	Cys	Arg	Met
	275						280					285			
Lys	Asn	Thr	Thr	Lys	Lys	Pro	Asp	Phe	Ser	Ser	Gln	Pro	Ala	Val	His
	290					295					300				
Lys	Leu	Thr	Lys	Arg	Ile	Pro	Leu	Arg	Arg	Gln	Val	Thr	Val	Ser	Ala
305					310					315					320
Glu	Ser	Ser	Ser	Ser	Met	Asn	Ser	Asn	Thr	Pro	Leu	Val	Arg	Ile	Thr
				325					330					335	
Thr	Arg	Leu	Ser	Ser	Thr	Ala	Asp	Thr	Pro	Met	Leu	Ala	Gly	Val	Ser
			340					345					350		
Glu	Tyr	Glu	Leu	Pro	Glu	Asp	Pro	Lys	Trp	Glu	Phe	Pro	Arg	Asp	Lys
	355						360					365			
Leu	Thr	Leu	Gly	Lys	Pro	Leu	Gly	Glu	Gly	Cys	Phe	Gly	Gln	Val	Val
	370					375					380				
Met	Ala	Glu	Ala	Val	Gly	Ile	Asp	Lys	Asp	Lys	Pro	Lys	Glu	Ala	Val
385					390					395					400
Thr	Val	Ala	Val	Lys	Met	Leu	Lys	Asp	Asp	Ala	Thr	Glu	Lys	Asp	Leu
				405					410					415	
Ser	Asp	Leu	Val	Ser	Glu	Met	Glu	Met	Met	Lys	Met	Ile	Gly	Lys	His
			420					425					430		
Lys	Asn	Ile	Ile	Asn	Leu	Leu	Gly	Ala	Cys	Thr	Gln	Asp	Gly	Pro	Leu
	435						440					445			
Tyr	Val	Ile	Val	Glu	Tyr	Ala	Ser	Lys	Gly	Asn	Leu	Arg	Glu	Tyr	Leu
	450					455					460				
Arg	Ala	Arg	Arg	Pro	Pro	Gly	Met	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Asp	Ile	Asn	Arg
465					470					475					480
Val	Pro	Glu	Glu	Gln	Met	Thr	Phe	Lys	Asp	Leu	Val	Ser	Cys	Thr	Tyr
				485					490					495	
Gln	Leu	Ala	Arg	Gly	Met	Glu	Tyr	Leu	Ala	Ser	Gln	Lys	Cys	Ile	His
			500						505				510		
Arg	Asp	Leu	Ala	Ala	Arg	Asn	Val	Leu	Val	Thr	Glu	Asn	Asn	Val	Met
	515						520					525			
Lys	Ile	Ala	Asp	Phe	Gly	Leu	Ala	Arg	Asp	Ile	Asn	Asn	Ile	Asp	Tyr
	530					535					540				
Tyr	Lys	Lys	Thr	Thr	Asn	Gly	Arg	Leu	Pro	Val	Lys	Trp	Met	Ala	Pro
545					550					555					560
Glu	Ala	Leu	Phe	Asp	Arg	Val	Tyr	Thr	His	Gln	Ser	Asp	Val	Trp	Ser
			565						570					575	
Phe	Gly	Val	Leu	Met	Trp	Glu	Ile	Phe	Thr	Leu	Gly	Gly	Ser	Pro	Tyr

ES 2 689 703 T3

580							585							590						
Pro	Gly	Ile	Pro	Val	Glu	Glu	Leu	Phe	Lys	Leu	Leu	Lys	Glu	Gly	His					
595							600							605						
Arg	Met	Asp	Lys	Pro	Ala	Asn	Cys	Thr	Asn	Glu	Leu	Tyr	Met	Met	Met					
610							615							620						
Arg	Asp	Cys	Trp	His	Ala	Val	Pro	Ser	Gln	Arg	Pro	Thr	Phe	Lys	Gln					
625							630							635						
Leu	Val	Glu	Asp	Leu	Asp	Arg	Ile	Leu	Thr	Leu	Thr	Thr	Asn	Glu	Glu					
645							650							655						
Tyr	Leu	Asp	Leu	Ser	Gln	Pro	Leu	Glu	Gln	Tyr	Ser	Pro	Ser	Tyr	Pro					
660							665							670						
Asp	Thr	Arg	Ser	Ser	Cys	Ser	Ser	Gly	Asp	Asp	Ser	Val	Phe	Ser	Pro					
675							680							685						
Asp	Pro	Met	Pro	Tyr	Glu	Pro	Cys	Leu	Pro	Gln	Tyr	Pro	His	Ile	Asn					
690							695							700						
Gly	Ser	Val	Lys	Thr																
705																				

<210> 63
<211> 707
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 63

Met 1	Val	Ser	Trp	Gly 5	Arg	Phe	Ile	Cys	Leu 10	Val	Val	Val	Thr	Met 15	Ala
Thr	Leu	Ser	Leu 20	Ala	Arg	Pro	Ser	Phe 25	Ser	Leu	Val	Glu	Asp 30	Thr	Thr
Leu	Glu	Pro 35	Glu	Asp	Ala	Ile	Ser 40	Ser	Gly	Asp	Asp	Glu	Asp 45	Asp	Thr
Asp	Gly 50	Ala	Glu	Asp	Phe 55	Val	Ser	Glu	Asn	Ser	Asn 60	Asn	Lys	Arg	Ala
Pro 65	Tyr	Trp	Thr	Asn 70	Thr	Glu	Lys	Met	Glu 75	Lys	Arg	Leu	His	Ala	Val 80
Pro	Ala	Ala	Asn 85	Thr	Val	Lys	Phe	Arg	Cys 90	Pro	Ala	Gly	Gly	Asn 95	Pro
Met	Pro	Thr	Met 100	Arg	Trp	Leu	Lys	Asn 105	Gly	Lys	Glu	Phe	Lys 110	Gln	Glu
His	Arg	Ile 115	Gly	Gly	Tyr	Lys	Val 120	Arg	Asn	Gln	His	Trp 125	Ser	Leu	Ile
Met	Glu 130	Ser	Val	Val	Pro 135	Ser	Asp	Lys	Gly	Asn	Tyr 140	Thr	Cys	Val	Val
Glu 145	Asn	Glu	Tyr	Gly	Ser 150	Ile	Asn	His	Thr	Tyr 155	His	Leu	Asp	Val	Val 160
Glu	Arg	Ser	Pro 165	His	Arg	Pro	Ile	Leu 170	Gln	Ala	Gly	Leu	Pro 175	Ala	Asn
Ala	Ser	Thr	Val 180	Val	Gly	Gly	Asp 185	Val	Glu	Phe	Val	Cys	Lys 190	Val	Tyr
Ser	Asp 195	Ala	Gln	Pro	His	Ile 200	Gln	Trp	Ile	Lys	His 205	Val	Glu	Lys	Asn
Gly	Ser 210	Lys	Tyr	Gly	Pro 215	Asp	Gly	Leu	Pro	Tyr 220	Leu	Lys	Val	Leu	Lys
Ala 225	Ala	Gly	Val	Asn 230	Thr	Thr	Asp	Lys	Glu	Ile 235	Glu	Val	Leu	Tyr	Ile 240
Arg	Asn	Val	Thr 245	Phe	Glu	Asp	Ala	Gly 250	Glu	Tyr	Thr	Cys	Leu 255	Ala	Gly
Asn	Ser	Ile 260	Gly	Ile	Ser	Phe	His 265	Ser	Ala	Trp	Leu	Thr	Val 270	Leu	Pro
Ala	Pro 275	Gly	Arg	Glu	Lys	Glu 280	Ile	Thr	Ala	Ser	Pro 285	Asp	Tyr	Leu	Glu
Ile	Ala 290	Ile	Tyr	Cys	Ile 295	Gly	Val	Phe	Leu	Ile 300	Ala	Cys	Met	Val	Val
Thr 305	Val	Ile	Leu	Cys 310	Arg	Met	Lys	Asn	Thr 315	Thr	Lys	Lys	Pro	Asp	Phe 320

Ser Ser Gln Pro Ala Val His Lys Leu Thr Lys Arg Ile Pro Leu Arg
325 330 335
Arg Gln Val Thr Val Ser Ala Glu Ser Ser Ser Ser Met Asn Ser Asn
340 345 350
Thr Pro Leu Val Arg Ile Thr Thr Arg Leu Ser Ser Thr Ala Asp Thr
355 360 365
Pro Met Leu Ala Gly Val Ser Glu Tyr Glu Leu Pro Glu Asp Pro Lys
370 375 380
Trp Glu Phe Pro Arg Asp Lys Leu Thr Leu Gly Lys Pro Leu Gly Glu
385 390 395 400
Gly Cys Phe Gly Gln Val Val Met Ala Glu Ala Val Gly Ile Asp Lys
405 410 415
Asp Lys Pro Lys Glu Ala Val Thr Val Ala Val Lys Met Leu Lys Asp
420 425 430
Asp Ala Thr Glu Lys Asp Leu Ser Asp Leu Val Ser Glu Met Glu Met
435 440 445
Met Lys Met Ile Gly Lys His Lys Asn Ile Ile Asn Leu Leu Gly Ala
450 455 460
Cys Thr Gln Asp Gly Pro Leu Tyr Val Ile Val Glu Tyr Ala Ser Lys
465 470 475 480
Gly Asn Leu Arg Glu Tyr Leu Arg Ala Arg Arg Pro Pro Gly Met Glu
485 490 495
Tyr Ser Tyr Asp Ile Asn Arg Val Pro Glu Glu Gln Met Thr Phe Lys
500 505 510
Asp Leu Val Ser Cys Thr Tyr Gln Leu Ala Arg Gly Met Glu Tyr Leu
515 520 525
Ala Ser Gln Lys Cys Ile His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val Leu
530 535 540
Val Thr Glu Asn Asn Val Met Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg
545 550 555 560
Asp Ile Asn Asn Ile Asp Tyr Tyr Lys Lys Thr Thr Asn Gly Arg Leu
565 570 575
Pro Val Lys Trp Met Ala Pro Glu Ala Leu Phe Asp Arg Val Tyr Thr
580 585 590
His Gln Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Leu Met Trp Glu Ile Phe
595 600 605
Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr Pro Gly Ile Pro Val Glu Glu Leu Phe
610 615 620
Lys Leu Leu Lys Glu Gly His Arg Met Asp Lys Pro Ala Asn Cys Thr
625 630 635 640
Asn Glu Leu Tyr Met Met Met Arg Asp Cys Trp His Ala Val Pro Ser
645 650 655
Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln Leu Val Glu Asp Leu Asp Arg Ile Leu
660 665 670
Thr Leu Thr Thr Asn Glu Glu Glu Lys Lys Val Ser Gly Ala Val Asp
675 680 685
Cys His Lys Pro Pro Cys Asn Pro Ser His Leu Pro Cys Val Leu Ala
690 695 700
Val Asp Gln
705

<210> 64
<211> 706
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 64

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
20 25 30
Leu Glu Pro Glu Gly Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu Lys Met Glu
35 40 45
Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys Phe Arg Cys

50	55	60
Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu Lys Asn Gly		
65	70	75
Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys Val Arg Asn		80
	85	90
Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser Asp Lys Gly		95
	100	105
Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile Asn His Thr		110
	115	120
Tyr His Leu Asp Val Val Glu Arg Ser Pro His Arg Pro Ile Leu Gln		125
	130	135
Ala Gly Leu Pro Ala Asn Ala Ser Thr Val Val Gly Gly Asp Val Glu		140
	145	150
Phe Val Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile Gln Trp Ile		155
	165	170
Lys His Val Glu Lys Asn Gly Ser Lys Tyr Gly Pro Asp Gly Leu Pro		175
	180	185
Tyr Leu Lys Val Leu Lys Ala Ala Gly Val Asn Thr Thr Asp Lys Glu		190
	195	200
Ile Glu Val Leu Tyr Ile Arg Asn Val Thr Phe Glu Asp Ala Gly Glu		205
	210	215
Tyr Thr Cys Leu Ala Gly Asn Ser Ile Gly Ile Ser Phe His Ser Ala		220
	225	230
Trp Leu Thr Val Leu Pro Ala Pro Gly Arg Glu Lys Glu Ile Thr Ala		235
	245	250
Ser Pro Asp Tyr Leu Glu Ile Ala Ile Tyr Cys Ile Gly Val Phe Leu		255
	260	265
Ile Ala Cys Met Val Val Thr Val Ile Leu Cys Arg Met Lys Asn Thr		270
	275	280
Thr Lys Lys Pro Asp Phe Ser Ser Gln Pro Ala Val His Lys Leu Thr		285
	290	295
Lys Arg Ile Pro Leu Arg Arg Gln Val Thr Val Ser Ala Glu Ser Ser		300
	305	310
Ser Ser Met Asn Ser Asn Thr Pro Leu Val Arg Ile Thr Thr Arg Leu		315
	325	330
Ser Ser Thr Ala Asp Thr Pro Met Leu Ala Gly Val Ser Glu Tyr Glu		335
	340	345
Leu Pro Glu Asp Pro Lys Trp Glu Phe Pro Arg Asp Lys Leu Thr Leu		350
	355	360
Gly Lys Pro Leu Gly Glu Gly Cys Phe Gly Gln Val Val Met Ala Glu		365
	370	375
Ala Val Gly Ile Asp Lys Asp Lys Pro Lys Glu Ala Val Thr Val Ala		380
	385	390
Val Lys Met Leu Lys Asp Asp Ala Thr Glu Lys Asp Leu Ser Asp Leu		395
	405	410
Val Ser Glu Met Glu Met Met Lys Met Ile Gly Lys His Lys Asn Ile		415
	420	425
Ile Asn Leu Leu Gly Ala Cys Thr Gln Asp Gly Pro Leu Tyr Val Ile		430
	435	440
Val Glu Tyr Ala Ser Lys Gly Asn Leu Arg Glu Tyr Leu Arg Ala Arg		445
	450	455
Arg Pro Pro Gly Met Glu Tyr Ser Tyr Asp Ile Asn Arg Val Pro Glu		460
	465	470
Glu Gln Met Thr Phe Lys Asp Leu Val Ser Cys Thr Tyr Gln Leu Ala		475
	485	490
Arg Gly Met Glu Tyr Leu Ala Ser Gln Lys Cys Ile His Arg Asp Leu		495
	500	505
Ala Ala Arg Asn Val Leu Val Thr Glu Asn Asn Val Met Lys Ile Ala		510
	515	520
Asp Phe Gly Leu Ala Arg Asp Ile Asn Asn Ile Asp Tyr Tyr Lys Lys		525
	530	535
Thr Thr Asn Gly Arg Leu Pro Val Lys Trp Met Ala Pro Glu Ala Leu		540
	545	550
Phe Asp Arg Val Tyr Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val		555
	565	570
		575

```

Leu Met Trp Glu Ile Phe Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr Pro Gly Ile
      580      585      590
Pro Val Glu Glu Leu Phe Lys Leu Leu Lys Glu Gly His Arg Met Asp
      595      600      605
Lys Pro Ala Asn Cys Thr Asn Glu Leu Tyr Met Met Met Arg Asp Cys
      610      615      620
Trp His Ala Val Pro Ser Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln Leu Val Glu
625      630      635      640
Asp Leu Asp Arg Ile Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu Glu Tyr Leu Asp
      645      650      655
Leu Ser Gln Pro Leu Glu Gln Tyr Ser Pro Ser Tyr Pro Asp Thr Arg
      660      665      670
Ser Ser Cys Ser Ser Gly Asp Asp Ser Val Phe Ser Pro Asp Pro Met
      675      680      685
Pro Tyr Glu Pro Cys Leu Pro Gln Tyr Pro His Ile Asn Gly Ser Val
690      695      700
Lys Thr
705

```

<210> 65
 <211> 705
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 65

```

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
 1      5      10      15
Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
      20      25      30
Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
      35      40      45
Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
50      55      60
Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly
65      70      75      80
Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly
      85      90      95
Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr
      100      105      110
Val Asp Ser Glu Thr Trp Tyr Phe Met Val Asn Val Thr Asp Ala Ile
      115      120      125
Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Asp Thr Asp Gly Ala Glu Asp Phe Val
130      135      140
Ser Glu Asn Ser Asn Asn Lys Arg Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu
145      150      155      160
Lys Met Glu Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys
      165      170      175
Phe Arg Cys Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu
      180      185      190
Lys Asn Gly Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys
195      200      205
Val Arg Asn Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser
210      215      220
Asp Lys Gly Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile
225      230      235      240
Asn His Thr Tyr His Leu Asp Val Val Glu Arg Ser Pro His Arg Pro
      245      250      255
Ile Leu Gln Ala Gly Leu Pro Ala Asn Ala Ser Thr Val Val Gly Gly
260      265      270
Asp Val Glu Phe Val Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile
275      280      285
Gln Trp Ile Lys His Val Glu Lys Asn Gly Ser Lys Tyr Gly Pro Asp
290      295      300
Gly Leu Pro Tyr Leu Lys Val Leu Lys Val Ser Ala Glu Ser Ser Ser

```

305
 Ser Met Asn Ser Asn Thr Pro Leu Val Arg Ile Thr Thr Arg Leu Ser
 325 330 335
 Ser Thr Ala Asp Thr Pro Met Leu Ala Gly Val Ser Glu Tyr Glu Leu
 340 345 350
 Pro Glu Asp Pro Lys Trp Glu Phe Pro Arg Asp Lys Leu Thr Leu Gly
 355 360 365
 Lys Pro Leu Gly Glu Gly Cys Phe Gly Gln Val Val Met Ala Glu Ala
 370 375 380
 Val Gly Ile Asp Lys Asp Lys Pro Lys Glu Ala Val Thr Val Ala Val
 385 390 395 400
 Lys Met Leu Lys Asp Asp Ala Thr Glu Lys Asp Leu Ser Asp Leu Val
 405 410 415
 Ser Glu Met Glu Met Met Lys Met Ile Gly Lys His Lys Asn Ile Ile
 420 425 430
 Asn Leu Leu Gly Ala Cys Thr Gln Asp Gly Pro Leu Tyr Val Ile Val
 435 440 445
 Glu Tyr Ala Ser Lys Gly Asn Leu Arg Glu Tyr Leu Arg Ala Arg Arg
 450 455 460
 Pro Pro Gly Met Glu Tyr Ser Tyr Asp Ile Asn Arg Val Pro Glu Glu
 465 470 475 480
 Gln Met Thr Phe Lys Asp Leu Val Ser Cys Thr Tyr Gln Leu Ala Arg
 485 490 495
 Gly Met Glu Tyr Leu Ala Ser Gln Lys Cys Ile His Arg Asp Leu Ala
 500 505 510
 Ala Arg Asn Val Leu Val Thr Glu Asn Asn Val Met Lys Ile Ala Asp
 515 520 525
 Phe Gly Leu Ala Arg Asp Ile Asn Asn Ile Asp Tyr Tyr Lys Lys Thr
 530 535 540
 Thr Asn Gly Arg Leu Pro Val Lys Trp Met Ala Pro Glu Ala Leu Phe
 545 550 555 560
 Asp Arg Val Tyr Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Leu
 565 570 575
 Met Trp Glu Ile Phe Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr Pro Gly Ile Pro
 580 585 590
 Val Glu Glu Leu Phe Lys Leu Leu Lys Glu Gly His Arg Met Asp Lys
 595 600 605
 Pro Ala Asn Cys Thr Asn Glu Leu Tyr Met Met Met Arg Asp Cys Trp
 610 615 620
 His Ala Val Pro Ser Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln Leu Val Glu Asp
 625 630 635 640
 Leu Asp Arg Ile Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu Glu Tyr Leu Asp Leu
 645 650 655
 Ser Gln Pro Leu Glu Gln Tyr Ser Pro Ser Tyr Pro Asp Thr Arg Ser
 660 665 670
 Ser Cys Ser Ser Gly Asp Asp Ser Val Phe Ser Pro Asp Pro Met Pro
 675 680 685
 Tyr Glu Pro Cys Leu Pro Gln Tyr Pro His Ile Asn Gly Ser Val Lys
 690 695 700
 Thr
 705

<210> 66
 <211> 704
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 66

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
 20 25 30
 Leu Glu Pro Glu Gly Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu Lys Met Glu
 35 40 45

Lys	Arg	Leu	His	Ala	Val	Pro	Ala	Ala	Asn	Thr	Val	Lys	Phe	Arg	Cys
50						55					60				
Pro	Ala	Gly	Gly	Asn	Pro	Met	Pro	Thr	Met	Arg	Trp	Leu	Lys	Asn	Gly
65				70					75						80
Lys	Glu	Phe	Lys	Gln	Glu	His	Arg	Ile	Gly	Gly	Tyr	Lys	Val	Arg	Asn
				85					90					95	
Gln	His	Trp	Ser	Leu	Ile	Met	Glu	Ser	Val	Val	Pro	Ser	Asp	Lys	Gly
			100				105						110		
Asn	Tyr	Thr	Cys	Val	Val	Glu	Asn	Glu	Tyr	Gly	Ser	Ile	Asn	His	Thr
	115						120					125			
Tyr	His	Leu	Asp	Val	Val	Glu	Arg	Ser	Pro	His	Arg	Pro	Ile	Leu	Gln
	130					135					140				
Ala	Gly	Leu	Pro	Ala	Asn	Ala	Ser	Thr	Val	Val	Gly	Gly	Asp	Val	Glu
145					150					155					160
Phe	Val	Cys	Lys	Val	Tyr	Ser	Asp	Ala	Gln	Pro	His	Ile	Gln	Trp	Ile
				165					170					175	
Lys	His	Val	Glu	Lys	Asn	Gly	Ser	Lys	Tyr	Gly	Pro	Asp	Gly	Leu	Pro
		180					185						190		
Tyr	Leu	Lys	Val	Leu	Lys	Ala	Ala	Gly	Val	Asn	Thr	Thr	Asp	Lys	Glu
	195					200						205			
Ile	Glu	Val	Leu	Tyr	Ile	Arg	Asn	Val	Thr	Phe	Glu	Asp	Ala	Gly	Glu
	210					215						220			
Tyr	Thr	Cys	Leu	Ala	Gly	Asn	Ser	Ile	Gly	Ile	Ser	Phe	His	Ser	Ala
225					230					235					240
Trp	Leu	Thr	Val	Leu	Pro	Ala	Pro	Gly	Arg	Glu	Lys	Glu	Ile	Thr	Ala
				245					250					255	
Ser	Pro	Asp	Tyr	Leu	Glu	Ile	Ala	Ile	Tyr	Cys	Ile	Gly	Val	Phe	Leu
			260					265					270		
Ile	Ala	Cys	Met	Val	Val	Thr	Val	Ile	Leu	Cys	Arg	Met	Lys	Asn	Thr
	275						280					285			
Thr	Lys	Lys	Pro	Asp	Phe	Ser	Ser	Gln	Pro	Ala	Val	His	Lys	Leu	Thr
	290					295					300				
Lys	Arg	Ile	Pro	Leu	Arg	Arg	Gln	Val	Ser	Ala	Glu	Ser	Ser	Ser	Ser
305					310					315					320
Met	Asn	Ser	Asn	Thr	Pro	Leu	Val	Arg	Ile	Thr	Thr	Arg	Leu	Ser	Ser
				325					330					335	
Thr	Ala	Asp	Thr	Pro	Met	Leu	Ala	Gly	Val	Ser	Glu	Tyr	Glu	Leu	Pro
				340				345					350		
Glu	Asp	Pro	Lys	Trp	Glu	Phe	Pro	Arg	Asp	Lys	Leu	Thr	Leu	Gly	Lys
	355					360						365			
Pro	Leu	Gly	Glu	Gly	Cys	Phe	Gly	Gln	Val	Val	Met	Ala	Glu	Ala	Val
	370					375					380				
Gly	Ile	Asp	Lys	Asp	Lys	Pro	Lys	Glu	Ala	Val	Thr	Val	Ala	Val	Lys
385					390					395					400
Met	Leu	Lys	Asp	Asp	Ala	Thr	Glu	Lys	Asp	Leu	Ser	Asp	Leu	Val	Ser
				405					410					415	
Glu	Met	Glu	Met	Met	Lys	Met	Ile	Gly	Lys	His	Lys	Asn	Ile	Ile	Asn
				420				425					430		
Leu	Leu	Gly	Ala	Cys	Thr	Gln	Asp	Gly	Pro	Leu	Tyr	Val	Ile	Val	Glu
		435					440					445			
Tyr	Ala	Ser	Lys	Gly	Asn	Leu	Arg	Glu	Tyr	Leu	Arg	Ala	Arg	Arg	Pro
	450				455						460				
Pro	Gly	Met	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Asp	Ile	Asn	Arg	Val	Pro	Glu	Glu	Gln
465					470					475					480
Met	Thr	Phe	Lys	Asp	Leu	Val	Ser	Cys	Thr	Tyr	Gln	Leu	Ala	Arg	Gly
				485					490					495	
Met	Glu	Tyr	Leu	Ala	Ser	Gln	Lys	Cys	Ile	His	Arg	Asp	Leu	Ala	Ala
		500						505					510		
Arg	Asn	Val	Leu	Val	Thr	Glu	Asn	Asn	Val	Met	Lys	Ile	Ala	Asp	Phe
	515						520					525			
Gly	Leu	Ala	Arg	Asp	Ile	Asn	Asn	Ile	Asp	Tyr	Tyr	Lys	Lys	Thr	Thr
	530					535						540			
Asn	Gly	Arg	Leu	Pro	Val	Lys	Trp	Met	Ala	Pro	Glu	Ala	Leu	Phe	Asp
545					550					555					560
Arg	Val	Tyr	Thr	His	Gln	Ser	Asp	Val	Trp	Ser	Phe	Gly	Val	Leu	Met

				565					570					575			
Trp	Glu	Ile	Phe	Thr	Leu	Gly	Gly	Ser	Pro	Tyr	Pro	Gly	Ile	Pro	Val		
			580					585					590				
Glu	Glu	Leu	Phe	Lys	Leu	Leu	Lys	Glu	Gly	His	Arg	Met	Asp	Lys	Pro		
		595					600					605					
Ala	Asn	Cys	Thr	Asn	Glu	Leu	Tyr	Met	Met	Met	Arg	Asp	Cys	Trp	His		
	610					615					620						
Ala	Val	Pro	Ser	Gln	Arg	Pro	Thr	Phe	Lys	Gln	Leu	Val	Glu	Asp	Leu		
625					630					635					640		
Asp	Arg	Ile	Leu	Thr	Leu	Thr	Thr	Asn	Glu	Glu	Tyr	Leu	Asp	Leu	Ser		
			645						650					655			
Gln	Pro	Leu	Glu	Gln	Tyr	Ser	Pro	Ser	Tyr	Pro	Asp	Thr	Arg	Ser	Ser		
		660						665					670				
Cys	Ser	Ser	Gly	Asp	Asp	Ser	Val	Phe	Ser	Pro	Asp	Pro	Met	Pro	Tyr		
	675					680					685						
Glu	Pro	Cys	Leu	Pro	Gln	Tyr	Pro	His	Ile	Asn	Gly	Ser	Val	Lys	Thr		
	690					695					700						

<210> 67
 <211> 680
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 67

Met	Val	Ser	Trp	Gly	Arg	Phe	Ile	Cys	Leu	Val	Val	Val	Thr	Met	Ala		
1				5				10					15				
Thr	Leu	Ser	Leu	Ala	Arg	Pro	Ser	Phe	Ser	Leu	Val	Glu	Asp	Thr	Thr		
		20					25					30					
Leu	Glu	Pro	Glu	Asp	Ala	Ile	Ser	Gly	Asp	Asp	Glu	Asp	Asp	Thr			
	35					40					45						
Asp	Gly	Ala	Glu	Asp	Phe	Val	Ser	Glu	Asn	Ser	Asn	Asn	Lys	Arg	Ala		
	50				55				60								
Pro	Tyr	Trp	Thr	Asn	Thr	Glu	Lys	Met	Glu	Lys	Arg	Leu	His	Ala	Val		
65				70					75					80			
Pro	Ala	Ala	Asn	Thr	Val	Lys	Phe	Arg	Cys	Pro	Ala	Gly	Gly	Asn	Pro		
		85						90						95			
Met	Pro	Thr	Met	Arg	Trp	Leu	Lys	Asn	Gly	Lys	Glu	Phe	Lys	Gln	Glu		
	100						105						110				
His	Arg	Ile	Gly	Gly	Tyr	Lys	Val	Arg	Asn	Gln	His	Trp	Ser	Leu	Ile		
	115				120							125					
Met	Glu	Ser	Val	Val	Pro	Ser	Asp	Lys	Gly	Asn	Tyr	Thr	Cys	Val	Val		
	130				135				140								
Glu	Asn	Glu	Tyr	Gly	Ser	Ile	Asn	His	Thr	Tyr	His	Leu	Asp	Val	Val		
145					150				155					160			
Glu	Arg	Ser	Pro	His	Arg	Pro	Ile	Leu	Gln	Ala	Gly	Leu	Pro	Ala	Asn		
		165						170						175			
Ala	Ser	Thr	Val	Val	Gly	Gly	Asp	Val	Glu	Phe	Val	Cys	Lys	Val	Tyr		
	180						185						190				
Ser	Asp	Ala	Gln	Pro	His	Ile	Gln	Trp	Ile	Lys	His	Val	Glu	Lys	Asn		
	195					200						205					
Gly	Ser	Lys	Tyr	Gly	Pro	Asp	Gly	Leu	Pro	Tyr	Leu	Lys	Val	Leu	Lys		
	210				215						220						
His	Ser	Gly	Ile	Asn	Ser	Ser	Asn	Ala	Glu	Val	Leu	Ala	Leu	Phe	Asn		
225				230					235					240			
Val	Thr	Glu	Ala	Asp	Ala	Gly	Glu	Tyr	Ile	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Tyr		
		245						250						255			
Ile	Gly	Gln	Ala	Asn	Gln	Ser	Ala	Trp	Leu	Thr	Val	Leu	Pro	Lys	Gln		
	260						265						270				
Gln	Ala	Pro	Gly	Arg	Glu	Lys	Glu	Ile	Thr	Ala	Ser	Pro	Asp	Tyr	Leu		
	275					280						285					
Glu	Ile	Ala	Ile	Tyr	Cys	Ile	Gly	Val	Phe	Leu	Ile	Ala	Cys	Met	Val		
	290				295						300						
Val	Thr	Val	Ile	Leu	Cys	Arg	Met	Lys	Asn	Thr	Thr	Lys	Lys	Pro	Asp		
305					310					315					320		

```

Phe Ser Ser Gln Pro Ala Val His Lys Leu Thr Lys Arg Ile Pro Leu
      325      330      335
Arg Arg Gln Val Thr Val Ser Ala Glu Ser Ser Ser Ser Met Asn Ser
      340      345      350
Asn Thr Pro Leu Val Arg Ile Thr Thr Arg Leu Ser Ser Thr Ala Asp
      355      360      365
Thr Pro Met Leu Ala Gly Val Ser Glu Tyr Glu Leu Pro Glu Asp Pro
      370      375      380
Lys Trp Glu Phe Pro Arg Asp Lys Leu Thr Leu Gly Lys Pro Leu Gly
385      390      395      400
Glu Gly Cys Phe Gly Gln Val Val Met Ala Glu Ala Val Gly Ile Asp
      405      410      415
Lys Asp Lys Pro Lys Glu Ala Val Thr Val Ala Val Lys Met Leu Lys
      420      425      430
Asp Asp Ala Thr Glu Lys Asp Leu Ser Asp Leu Val Ser Glu Met Glu
      435      440      445
Met Met Lys Met Ile Gly Lys His Lys Asn Ile Ile Asn Leu Leu Gly
      450      455      460
Ala Cys Thr Gln Asp Gly Pro Leu Tyr Val Ile Val Glu Tyr Ala Ser
465      470      475      480
Lys Gly Asn Leu Arg Glu Tyr Leu Arg Ala Arg Arg Pro Pro Gly Met
      485      490      495
Glu Tyr Ser Tyr Asp Ile Asn Arg Val Pro Glu Glu Gln Met Thr Phe
      500      505      510
Lys Asp Leu Val Ser Cys Thr Tyr Gln Leu Ala Arg Gly Met Glu Tyr
      515      520      525
Leu Ala Ser Gln Lys Cys Ile His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Val
      530      535      540
Leu Val Thr Glu Asn Asn Val Met Lys Ile Ala Asp Phe Gly Leu Ala
545      550      555      560
Arg Asp Ile Asn Asn Ile Asp Tyr Tyr Lys Lys Thr Thr Asn Gly Arg
      565      570      575
Leu Pro Val Lys Trp Met Ala Pro Glu Ala Leu Phe Asp Arg Val Tyr
      580      585      590
Thr His Gln Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Leu Met Trp Glu Ile
      595      600      605
Phe Thr Leu Gly Gly Ser Pro Tyr Pro Gly Ile Pro Val Glu Glu Leu
      610      615      620
Phe Lys Leu Leu Lys Glu Gly His Arg Met Asp Lys Pro Ala Asn Cys
625      630      635      640
Thr Asn Glu Leu Tyr Met Met Met Arg Asp Cys Trp His Ala Val Pro
      645      650      655
Ser Gln Arg Pro Thr Phe Lys Gln Leu Val Glu Asp Leu Asp Arg Ile
      660      665      670
Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu Ile
      675      680

```

<210> 68
 <211> 396
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 68

```

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
  1          5          10          15
Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
      20          25          30
Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
      35          40          45
Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
      50          55          60
Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly
65          70          75          80
Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly

```

```

      85      90      95
Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr
      100      105      110
Val Asp Ser Glu Thr Trp Tyr Phe Met Val Asn Val Thr Asp Ala Ile
      115      120      125
Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Asp Thr Asp Gly Ala Glu Asp Phe Val
      130      135      140
Ser Glu Asn Ser Asn Asn Lys Arg Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu
145      150      155      160
Lys Thr Glu Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys
      165      170      175
Phe Arg Cys Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu
      180      185      190
Lys Asn Gly Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys
      195      200      205
Val Arg Asn Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser
      210      215      220
Asp Lys Gly Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile
225      230      235      240
Asn His Thr Tyr His Leu Asp Val Val Glu Arg Ser Pro His Arg Pro
      245      250      255
Ile Leu Gln Ala Gly Leu Pro Ala Asn Ala Ser Thr Val Val Gly Gly
      260      265      270
Asp Val Glu Phe Val Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile
      275      280      285
Gln Trp Ile Lys His Val Glu Lys Asn Gly Ser Lys Tyr Gly Pro Asp
      290      295      300
Gly Leu Pro Tyr Leu Lys Val Leu Lys Ala Ala Gly Val Asn Thr Thr
305      310      315      320
Asp Lys Glu Ile Glu Val Leu Tyr Ile Arg Asn Val Thr Phe Glu Asp
      325      330      335
Ala Gly Glu Tyr Thr Cys Leu Ala Gly Asn Ser Ile Gly Ile Ser Phe
      340      345      350
His Ser Ala Trp Leu Thr Val Leu Pro Gly Ile Tyr Cys Ser Phe Ser
      355      360      365
Leu Gly Phe Phe Pro Phe Ser Trp Leu Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gln
      370      375      380
Leu Leu Leu Ser Glu Met Ala Pro Phe Ile Leu Ala
      385      390      395

```

<210> 69

<211> 317

<212> PRT

<213> Homo sapiens

5

<400> 69

```

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
 1      5      10      15
Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
      20      25      30
Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
      35      40      45
Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
      50      55      60
Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly
65      70      75      80
Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly
      85      90      95
Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr
      100      105      110
Val Asp Ser Glu Thr Trp Tyr Phe Met Val Asn Val Thr Asp Ala Ile
      115      120      125
Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Asp Thr Asp Gly Ala Glu Asp Phe Val
      130      135      140

```


Ser Glu Asn Ser Asn Asn Lys Arg Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu
 145 150 155 160
 Lys Met Glu Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys
 165 170 175
 Phe Arg Cys Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu
 180 185 190
 Lys Asn Gly Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys
 195 200 205
 Val Arg Asn Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser
 210 215 220
 Asp Lys Gly Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile
 225 230 235 240
 Asn His Thr Tyr His Leu Asp Val Val Glu Arg Ser Pro His Arg Pro
 245 250 255
 Ile Leu Gln Ala Gly Leu Pro Ala Asn Ala Ser Thr Val Val Gly Gly
 260 265 270
 Asp Val Glu Phe Val Cys Lys Val Tyr Ser Asp Ala Gln Pro His Ile
 275 280 285
 Gln Trp Ile Lys His Val Glu Lys Asn Gly Ser Lys Tyr Gly Pro Asp
 290 295 300
 Gly Leu Pro Tyr Leu Lys Val Leu Lys Val Arg Thr Phe
 305 310 315

<210> 70
 <211> 266
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 70

Met Val Ser Trp Gly Arg Phe Ile Cys Leu Val Val Val Thr Met Ala
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Ala Arg Pro Ser Phe Ser Leu Val Glu Asp Thr Thr
 20 25 30
 Leu Glu Pro Glu Glu Pro Pro Thr Lys Tyr Gln Ile Ser Gln Pro Glu
 35 40 45
 Val Tyr Val Ala Ala Pro Gly Glu Ser Leu Glu Val Arg Cys Leu Leu
 50 55 60
 Lys Asp Ala Ala Val Ile Ser Trp Thr Lys Asp Gly Val His Leu Gly
 65 70 75 80
 Pro Asn Asn Arg Thr Val Leu Ile Gly Glu Tyr Leu Gln Ile Lys Gly
 85 90 95
 Ala Thr Pro Arg Asp Ser Gly Leu Tyr Ala Cys Thr Ala Ser Arg Thr
 100 105 110
 Val Asp Ser Glu Thr Trp Tyr Phe Met Val Asn Val Thr Asp Ala Ile
 115 120 125
 Ser Ser Gly Asp Asp Glu Asp Asp Thr Asp Gly Ala Glu Asp Phe Val
 130 135 140
 Ser Glu Asn Ser Asn Asn Lys Arg Ala Pro Tyr Trp Thr Asn Thr Glu
 145 150 155 160
 Lys Met Glu Lys Arg Leu His Ala Val Pro Ala Ala Asn Thr Val Lys
 165 170 175
 Phe Arg Cys Pro Ala Gly Gly Asn Pro Met Pro Thr Met Arg Trp Leu
 180 185 190
 Lys Asn Gly Lys Glu Phe Lys Gln Glu His Arg Ile Gly Gly Tyr Lys
 195 200 205
 Val Arg Asn Gln His Trp Ser Leu Ile Met Glu Ser Val Val Pro Ser
 210 215 220
 Asp Lys Gly Asn Tyr Thr Cys Val Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Ile
 225 230 235 240
 Asn His Thr Tyr His Leu Asp Val Val Gly Glu Ser Ala Ser Pro Arg
 245 250 255
 Val Ala Ala Ala Tyr Gln Pro Ile Leu Ala
 260 265

<210> 71

<211> 336
<212> ADN
<213> Mus musculus
<400> 71

5

```
cagggtgaagc tgcaggagtc tggcgctgag ttggtgaaac ctggggcttc agtgaagata 60
tcctgcaagg cttctggcta catcttcact gaccatgctc ttcactgggt gaggcagaag 120
cctgaacagg gcctggaatg gattgggtat atttttcccg gaaatggtaa tattgagtac 180
aatgagaagt tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccag tactgcctac 240
atgcagctca acagcctgac atctggagat tctgcaatgt atttctgtaa aaagatggac 300
tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc tcctca 336
```

<210> 72
<211> 112
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 72

10

```
Gln Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
  1          5          10          15
Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ile Phe Thr Asp His
  20          25          30
Ala Leu His Trp Val Arg Gln Lys Pro Glu Gln Gly Leu Glu Trp Ile
  35          40          45
Gly Tyr Ile Phe Pro Gly Asn Gly Asn Ile Glu Tyr Asn Glu Lys Phe
  50          55          60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Thr Ala Tyr
  65          70          75          80
Met Gln Leu Asn Ser Leu Thr Ser Gly Asp Ser Ala Met Tyr Phe Cys
  85          90          95
Lys Lys Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 100          105          110
```

15

<210> 73
<211> 336
<212> ADN
<213> Mus musculus
<400> 73

20

```
cagggtgaagc tgcaggagtc tggcgctgag ttggtgaaac ctggggcttc agtgaagatc 60
tcctgcaagg cttctgggta caccttcact gaccattcta ttcactgggt gaagcagaag 120
cctggacagg gcctagaatg gattggatat ctttttcccg gaaatggtaa ttttgaatat 180
aatgagaaat tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccag cactgcctac 240
atgcacctca acagcctgac atctgaggat tctgcagtgt atttctgtaa aaagatggac 300
tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc tcctca 336
```

<210> 74
<211> 112
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 74

25

```
Gln Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
  1          5          10          15
Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp His
  20          25          30
Ser Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
  35          40          45
Gly Tyr Leu Phe Pro Gly Asn Gly Asn Phe Glu Tyr Asn Glu Lys Phe
  50          55          60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
  65          70          75          80
```

30

ES 2 689 703 T3

Met His Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Lys Lys Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 100 105 110

<210> 75
 <211> 336
 <212> ADN
 <213> Mus musculus
 <400> 75

cagggttcagc tgcagcagtc cgacgctgag ttggtgaaac ctggggccttc agtgaagata 60
 tcctgcaggg cttctggcta caccttcaact gaccattcta ttcactgggt gaagcagcag 120
 cctggccagg gcctggaatg gatcgatat atttttcccg gaaatggaaa tattgaatac 180
 aatgacaaat tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccgg cactgcctac 240
 atgcagctca acagcctgac atctgaggat tctgcagtgt atttctgtaa aaggatgggg 300
 tactgggggc aaggaacctc agtcaccgtc tectca 336

<210> 76
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 76

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Asp Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp His
 20 25 30
 Ser Ile His Trp Val Lys Gln Gln Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Tyr Ile Phe Pro Gly Asn Gly Asn Ile Glu Tyr Asn Asp Lys Phe
 50 55 60
 Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Gly Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Gln Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Lys Arg Met Gly Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
 100 105 110

<210> 77
 <211> 336
 <212> ADN
 <213> Mus musculus
 <400> 77

cagggtcaagc tgcaggagtc tggcgctgag ttggtgaaac ctggggccttc agtgaagatc 60
 tcctgcaggg cttctggcta caccttcaact gaccattcta ttcactgggt gaagcagaag 120
 cctggacagg gcctagaatg gattggatat ctttttcccg gaaatggtaa ttttgagtac 180
 aatgaaaaat tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccag cactgtctac 240
 atgtacotca acagcctgac atctgaggat tctgcagtgt atttctgtaa aaggatgggg 300
 tactgggggc aagggaccac ggtcaccgtc tectca 336

<210> 78
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 78

Gln Val Lys Leu Gln Glu Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp His
 20 25 30

Ser Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Tyr Leu Phe Pro Gly Asn Gly Asn Phe Glu Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Tyr Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Lys Arg Met Gly Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

<210> 79
<211> 336
<212> ADN
<213> Mus musculus
<400> 79

cagggtcaagc tgcaggagtc tggacctgaa ctggtaaagc ctggggcttc agtgaagatg 60
tcctgcaagg cttctggata cacattcact aactatgtta tacactgggt gaagcaaaag 120
cctgggcagg gccttgagtg gattggatat attaatcctt acaatgatgg ctctaagtac 180
aatgagaagt tcaaaggcaa ggcctcactg acttcagaca aatcctccag cacagcctac 240
atggagctca gcagcctgac ctctgaggac tctgcggtct attactgtgc aagaatggac 300
tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc tcctca 336

<210> 80
<211> 112
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 80

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Gly Ser Lys Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Lys Ala Ser Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
100 105 110

<210> 81
<211> 336
<212> ADN
<213> Mus musculus
<400> 81

cagggtcaagc tgcaggagtc tggacctgaa ctggtaaagc ctggggcttc agtgaagatg 60
tcctgcaagg cttctggata cacattcact aactatgtta tacactgggt gaagcaaaag 120
cctgggcagg gccttgagtg gattggatat attaatcctt acaatgatgg ctctaagtac 180
aatgagaagt tcaaaggcaa ggcctcactg acttcagaca aatcctccag cacagcctac 240
atggagctca gcagcctgac ctctgaggac tctgcggtct attactgtgc aagaatgggg 300
tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc tcctca 336

<210> 82
<211> 112
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 82

Gln	Val	Gln	Leu	Gln	Glu	Ser	Gly	Pro	Glu	Leu	Val	Lys	Pro	Gly	Ala
1				5					10					15	
Ser	Val	Lys	Met	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Asn	Tyr
		20						25					30		
Val	Ile	His	Trp	Val	Lys	Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Ile
	35					40						45			
Gly	Tyr	Ile	Asn	Pro	Tyr	Asn	Asp	Gly	Ser	Lys	Tyr	Asn	Glu	Lys	Phe
	50					55					60				
Lys	Gly	Lys	Ala	Ser	Leu	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	Tyr
65					70					75				80	
Met	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Thr	Ser	Glu	Asp	Ser	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
			85						90					95	
Ala	Arg	Met	Gly	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Leu	Thr	Val	Ser	Ser
			100					105					110		

<210> 83
 <211> 342
 <212> ADN
 <213> Mus musculus
 <400> 83

gatgttttga	tgacccaaac	tccactctcc	ctgcctgtca	gtcttggaga	tcaagcctcc	60
atctcttgca	gatctagtca	gagcattgta	catagtaatg	gaaacaccta	tttagaatgg	120
tacctgcaga	aaccaggcca	gtctccaaag	ctcctgatct	acaaagtctc	caaccgattt	180
tctgggggtcc	cagacagggt	cagtggcagt	ggatcaggga	cagatttcac	actcaagatc	240
agcagagtgg	aggctgagga	tctgggagtt	tattactgct	ttcaagggtc	acatgttctc	300
cctacgttcg	gtgctgggac	caagctggag	ctgaaacggg	ct		342

<210> 84
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 84

Asp	Val	Leu	Met	Thr	Gln	Thr	Pro	Leu	Ser	Leu	Pro	Val	Ser	Leu	Gly
1				5					10					15	
Asp	Gln	Ala	Ser	Ile	Ser	Cys	Arg	Ser	Ser	Gln	Ser	Ile	Val	His	Ser
		20						25					30		
Asn	Gly	Asn	Thr	Tyr	Leu	Glu	Trp	Tyr	Leu	Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Ser
	35					40						45			
Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	Lys	Val	Ser	Asn	Arg	Phe	Ser	Gly	Val	Pro
	50					55					60				
Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Ile
65					70					75				80	
Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Gly	Val	Tyr	Tyr	Cys	Phe	Gln	Gly
			85						90					95	
Ser	His	Val	Pro	Pro	Thr	Phe	Gly	Ala	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu	Leu	Lys
			100					105					110		
Arg															

<210> 85
 <211> 324
 <212> ADN
 <213> Mus musculus
 <400> 85

gacatccaga	tgactcagtc	tccagcctcc	ctatctgcat	ctgtgggaga	aactgtcacc	60
atcacatgtc	gaacaactga	aaatatttat	agttattttg	tatgggtctca	gcagagacag	120
ggaaaatctc	ctcagctccg	ggctctataat	gcaaaatcct	tagcagaagg	tgtgccatca	180

agtttcaatg tcagtgtatc aggcacacag ttttctctga agatcaatag cctgcagcct 240
gaagattttg ggacttatca ctgtcaacac cattatggta ctccgtacac gttcggaggg 300
gggaccaggc tggaaataag acgg 324

<210> 86
<211> 108
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 86

Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Ser	Ala	Ser	Val	Gly
1				5					10					15	
Glu	Thr	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	Thr	Thr	Glu	Asn	Ile	Tyr	Ser	Tyr
		20						25					30		
Phe	Val	Trp	Ser	Gln	Gln	Arg	Gln	Gly	Lys	Ser	Pro	Gln	Leu	Arg	Val
		35					40					45			
Tyr	Asn	Ala	Lys	Ser	Leu	Ala	Glu	Gly	Val	Pro	Ser	Ser	Phe	Asn	Val
	50				55					60					
Ser	Val	Ser	Gly	Thr	Gln	Phe	Ser	Leu	Lys	Ile	Asn	Ser	Leu	Gln	Pro
65					70					75					80
Glu	Asp	Phe	Gly	Thr	Tyr	His	Cys	Gln	His	His	Tyr	Gly	Thr	Pro	Tyr
			85						90					95	
Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Arg	Leu	Glu	Ile	Arg	Arg				
			100					105							

<210> 87
<211> 339
<212> ADN
<213> Mus musculus
<400> 87

gatgttttg atgacccaaac tccactcact ttgtcgggta ccattggaca accagcttcc 60
atctcttgc aagtccagtca gagcctctta tatactaattg gaaaaacctt tttgacttgg 120
ttattccag aggccaggcca gtctccaaa cgcctaattct atctgggtgtc tgaattggac 180
tctggagtc cctgacagggt cagtggcagt gggtcaggga cagatttcac actggaaatc 240
accagagtg gaggctgagga tttgggaggt tattactgct tgcagagtgc acattttcca 300
ttcacgttc ggctcgggcac caagctggaa atcaaacgg 339

<210> 88
<211> 113
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 88

Asp	Val	Leu	Met	Thr	Gln	Thr	Pro	Leu	Thr	Leu	Ser	Val	Thr	Ile	Gly
1				5					10					15	
Gln	Pro	Ala	Ser	Ile	Ser	Cys	Lys	Ser	Ser	Gln	Ser	Leu	Leu	Tyr	Thr
		20						25					30		
Asn	Gly	Lys	Thr	Tyr	Leu	Thr	Trp	Leu	Phe	Gln	Arg	Pro	Gly	Gln	Ser
		35					40					45			
Pro	Lys	Arg	Leu	Ile	Tyr	Leu	Val	Ser	Glu	Leu	Asp	Ser	Gly	Val	Pro
	50				55					60					
Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Glu	Ile
65					70					75					80
Thr	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Gly	Val	Tyr	Tyr	Cys	Leu	Gln	Ser
			85						90					95	
Ala	His	Phe	Pro	Phe	Thr	Phe	Gly	Ser	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys
			100					105					110		
Arg															

<210> 89
<211> 327
<212> ADN

<213> Mus musculus
<400> 89

```

gatgttgtga tgaccctaac tccactcact ctgtcgggtga ccattggaca accagcgttc 60
atctcttgca agtccagtca gagcctcttt aacactaatg gcaaaaccta ttgacttgg 120
ttaattcaga gggcaggcca gtctccacag cgcctgatct atctgggtgc caaattggac 180
tctggcgtcc cggacagggt cagtggcagt ggctcaggga cagatttcac actgaaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tctgggagtt tattactgcc tgcagagtag ccattttccg 300
tttacgttcg gctcgggcac caagctggaa atcaaacgg 339

```

5

<210> 90
<211> 113
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 90

10

```

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly
 1          5          10          15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Thr
 20          25          30
Asn Gly Lys Thr Tyr Leu Thr Trp Leu Ile Gln Arg Pro Gly Gln Ser
 35          40          45
Pro Gln Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser Gly Val Pro
 50          55          60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65          70          75          80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Ser
 85          90          95
Ser His Phe Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100          105          110
Arg

```

<210> 91
<211> 327
<212> ADN
<213> Mus musculus
<400> 91

15

```

gatgttgtgc taactcagtc tccctgccacc ctgtctgtga ctccaggaga tagagtcagt 60
ctttcctgca gggcaggcca aaatattggc aactacctac actggtatca acagaaatca 120
catgagtcct caaggcttct catcaagtat gcttcccagt ccattctctgg gatccctcc 180
aggttcagtg gcagtggatc agtcacagat ttcactctca atatcaacag tgtggagact 240
gaagattttg gaatgtattt ctgtcaacag agtgacacct ggcctctcac gttcgggtgct 300
gggaccaagc tggagctgaa acgggct 327

```

20

<210> 92
<211> 108
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 92

25

```

Asp Val Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1          5          10          15
Asp Arg Val Ser Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Asn Ile Gly Asn Tyr
 20          25          30
Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Ser His Glu Ser Pro Arg Leu Leu Ile
 35          40          45
Lys Tyr Ala Ser Gln Ser Ile Ser Gly Ile Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50          55          60
Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Asn Ser Val Glu Thr
 65          70          75          80
Glu Asp Phe Gly Met Tyr Phe Cys Gln Gln Ser Asp Thr Trp Pro Leu
 85          90          95

```

ES 2 689 703 T3

		Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys Arg	
		100	105
5	<210> 93 <211> 8 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 93		
10		Thr Phe Thr Asp His Ser Ile His	
		1	5
15	<210> 94 <211> 8 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 94		
20		Thr Phe Thr Asn Tyr Val Ile His	
		1	5
25	<210> 95 <211> 8 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 95		
30		Ile Phe Thr Asp His Ala Leu His	
		1	5
35	<210> 96 <211> 17 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 96		
		Tyr Ile Phe Pro Gly Asn Gly Asn Ile Glu Tyr Asn Asp Lys Phe Lys	
		1	5 10 15
		Gly	
40	<210> 97 <211> 17 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 97		
		Tyr Leu Phe Pro Gly Asn Gly Asn Phe Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Lys	
		1	5 10 15
		Gly	
45	<210> 98 <211> 17 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 98		
50		Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Gly Ser Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys	
		1	5 10 15
		Gly	

ES 2 689 703 T3

<210> 99
 <211> 17
 <212> PRT
 5 <213> Mus musculus
 <400> 99

Tyr Ile Phe Pro Gly Asn Gly Asn Ile Glu Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
 1 5 10 15
 Gly

10 <210> 100
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 100

15 Lys Arg Met Gly Tyr
 1 5

20 <210> 101
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 101

25 Lys Lys Met Asp Tyr
 1 5

30 <210> 102
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 102

35 <210> 103
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 103

40 Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu
 1 5 10 15

45 <210> 104
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 104

50 Arg Thr Thr Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Phe Val
 1 5 10

<210> 105
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Mus musculus
 <400> 105

ES 2 689 703 T3

		Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Asn Gly Lys Thr Tyr Leu Thr
		1 5 10 15
5		<210> 106
		<211> 16
		<212> PRT
		<213> Mus musculus
		<400> 106
10		Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Thr Asn Gly Lys Thr Tyr Leu Thr
		1 5 10 15
		<210> 107
		<211> 11
		<212> PRT
15		<213> Mus musculus
		<400> 107
20		Arg Ala Ser Gln Asn Ile Gly Asn Tyr Leu His
		1 5 10
		<210> 108
		<211> 7
		<212> PRT
		<213> Mus musculus
		<400> 108
25		Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser
		1 5
		<210> 109
		<211> 7
30		<212> PRT
		<213> Mus musculus
		<400> 109
35		Asn Ala Lys Ser Leu Ala Glu
		1 5
		<210> 110
		<211> 7
		<212> PRT
		<213> Mus musculus
40		<400> 110
45		Leu Val Ser Glu Leu Asp Ser
		1 5
		<210> 111
		<211> 7
		<212> PRT
		<213> Mus musculus
		<400> 111
50		Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser
		1 5
		<210> 112
		<211> 7
		<212> PRT

ES 2 689 703 T3

<213> Mus musculus
<400> 112

Tyr Ala Ser Gln Ser Ile Ser
1 5

5

<210> 113
<211> 9
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 113

10

Phe Gln Gly Ser His Val Pro Pro Thr
1 5

15

<210> 114
<211> 9
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 114

Gln His His Tyr Gly Thr Pro Tyr Thr
1 5

20

<210> 115
<211> 9
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 115

25

Leu Gln Ser Ala His Phe Pro Phe Thr
1 5

30

<210> 116
<211> 9
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 116

35

Leu Gln Ser Ser His Phe Pro Phe Thr
1 5

40

<210> 117
<211> 9
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 117

Gln Gln Ser Asp Thr Trp Pro Leu Thr
1 5

45

<210> 118
<211> 5
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 118

50

Asp His Ala Leu His
1 5

<210> 119

ES 2 689 703 T3

5	<211> 5 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 119	Asp His Ser Ile His 1 5
10	<210> 120 <211> 5 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 120	Asn Tyr Val Ile His 1 5
15	<210> 121 <211> 9 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 121	Ile Phe Pro Gly Asn Gly Asn Ile Glu 1 5
20	<210> 122 <211> 9 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 122	Leu Phe Pro Gly Asn Gly Asn Phe Glu 1 5
25	<210> 123 <211> 9 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 123	Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Gly Ser Lys 1 5
30	<210> 124 <211> 11 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 124	His Leu Ala Asn Thr Tyr Tyr Tyr Phe Asp Tyr 1 5 10
35	<210> 125 <211> 5 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 125	Ser Asn Gly Asn Thr 1 5

ES 2 689 703 T3

5	<210> 126 <211> 5 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 126	Glu Asn Ile Tyr Ser 1 5
10	<210> 127 <211> 5 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 127	
15		Thr Ser Gly Tyr Ser 1 5
20	<210> 128 <211> 5 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 128	
25		Gln Asp Ile Lys Ser 1 5
30	<210> 129 <211> 5 <212> PRT <213> Mus musculus <400> 129	
35		Gln Asn Ile Gly Asn 1 5
40	<210> 130 <211> 4654 <212> ADN <213> Homo sapiens <400> 130	
	gccggcgget ggaggagagc gcggtggaga gccgagcggg cgggcggcgg gtgcggagcg 60 gccgagggag cgcgcgcggc cgccacaaag ctcgggcgcc gcggggctgc atgcggcgta 120	

cctggcccg cgcggcgact gctctccggg ctggcggggg ccggcccgga gccccggggg 180
 ccccgaggcc gcagcttgcc tgcgcgctct gagccttcgc aactcgcgag caaagtttgg 240
 tggaggcaac gccaaagcctg agtcctttct tccctcctgt ccccaaatcc gagggcagcc 300
 cgcgggctgc atgcccgcgc tccctccgag cctggggtag gcgtgaagcc cgggagggctt 360
 ggcgcgcggc aagacccaag gaccactctt ctgcgtttgg agttgtctcc cgcaaccctcg 420
 ggctcgtcgc tttctccatc ccgacccacg cggggcgccg ggacaacaca ggtcgcggag 480
 gagcgcttgc attcaagtga ctgcagcagc agcggcagcg cctcggttcc tgagccacc 540
 gcaggctgaa ggcattgcgc gtagtccatg cccgtagagg aagtgtgcag atgggattaa 600
 cgtccacatg gagatatgga agaggaccgg ggattggtac cgtaaccatg gtcagctggg 660
 gtcgtttcat ctgcctggtc gtggtcacca tggcaacctt gtcctggccc cggccctcct 720
 tcagtttagt tgaggatacc acattagagc cagaagagcc accaaccaaa taccaaatct 780
 ctcaaccaga agtgtacgtg gctgcgccag gggagtcgct agaggtgcgc tgccctgttg 840
 aagatgcgcg cgtgatcagt tggactaagg atggggtgca cttggggccc aacaatagga 900
 cagtgcctat tggggagtac ttgcagataa agggcgccac gcctagagac tccgcctct 960
 atgctttagt tgcagtagg actgtagaca gtgaaacttg gtacttcatg gtgaatgtca 1020
 cagatgccat ctcatccgga gatgatgagg atgacaccga tgggtcggaa gattttgtca 1080
 gtgagaaacag taacaacaag agagcaccat actggaccaa cacagaaaag atggaaaagc 1140
 ggctccatgc tgtgcctgcg gccaaactcg tcaagtttgc ctgccagcc ggggggaacc 1200
 caatgccaac catgcggtgg ctgaaaaacg ggaaggagtt taagcaggag catcgcatg 1260
 gaggtacaa ggtacgaaac cagcactgga gcctcattat ggaaagtgtg gtcccatctg 1320
 acaaaggaaa ttatacctgt gtagtgaga atgaatacgg gtccatcaat cacacgtacc 1380
 acctggatgt tgtggagcga tgcctcacc ggcccatcct ccaagccgga ctgccggcaa 1440
 atgcctccac agtggtcgga ggagacgtag agtttgcctg caaggtttac agtgatgcc 1500
 agccccacat ccagtggatc aagcacgtgg aaaagaacgg cagtaaatat gggcccgagc 1560
 ggctggccta cctcaagggt ctcaaggccg ccggtgttaa caccacggac aaagagattg 1620
 aggttctcta tattcggaat gtaacttttg aggacgctgg ggaatatacg tgcctggcgg 1680
 gtaattctat tgggatatcc ttctactctg catggttgac agttctgcca gcgcctggaa 1740
 gagaaaagga gattacagct tcccagact acctggagat agccatttac tgcatagggg 1800
 tcttcttaat gcctgtatg gtggaacag tcatcctgtg ccgaatgaag aacacgacca 1860
 agaagccaga ctccagcagc cagccggctg tgcacaagct gaccaaactg atccccctgc 1920
 ggagacaggt aacagtttgc gctgagtcga gctcctccat gaactccaac accccgctgg 1980
 tgagataaac aacacgcctc tcttcaacgg cagacacccc catgctggca ggggtctccg 2040
 agtatgaact tccagaggac ccaaaatggg agtttccaaag agataagctg acactgggca 2100
 agccccctgg agaaggttgc tttgggcaag tggatcatgg ggaagcagtg ggaattgaca 2160
 aagacaagcc caaggaggcg gtcaccgtgg ccgtgaagat gttgaaagat gatgccacag 2220
 agaaaagacct ttctgatctg gtgtcagaga tggagatgat gaagatgatt gggaacacaca 2280
 agaatatcat aaatcttctt ggagcctgca cacaggatgg gcctctctat gtcatagttg 2340
 agtatgcctc taaaggcaac ctccgagaat acctccgagc ccggaggcca cccgggatgg 2400
 agtactccta tgacattaac cgtgttctcg agggacagat gaccttcaaag gacttgggtg 2460
 catgcaccta ccagctggcc agaggcatgg agtacttggc ttcccaaaaa tgtattctac 2520
 gagatttagc agccagaaat gttttggtaa cagaaaaaaa tgtgatgaaa atagcagact 2580
 ttggactcgc cagagatata acaaatatag actattacaa aaagaccacc aatggggcgc 2640
 ttccagtcga gtggatggct ccagaagccc tgtttgatag agtatacact catcagatg 2700
 atgtctgtgc ctccgggttg ttaatgtggg agatcttcac tttagggggc tcgccctacc 2760
 cagggattcc cgtggaggaa ctttttaagc tgctgaagga aggacacaga atggataagc 2820
 cagccaactg caccaacgaa ctgtacatga tgatgagga ctgttggcat gcagtgcct 2880
 ccagagacc aacgttcaag cagttggtag aagacttggc tcgaattctc acttcacaa 2940
 ccaatgagga atacttgga ctcagccaac ctctcgaaca gtattcacct agttaacctg 3000
 acacaagaag ttcttgttct tcaggagatg attctgtttt ttctccagac cccatgcctt 3060
 acgaaccatg ccttctcag tatccacaca taaacggcag tgttaaaaca tgaatgactg 3120
 tgtctgcctg tcccaaaaaa ggacagcact gggaaacctag ctacactgag cagggagacc 3180
 atgcctccca gagcttgttg tctccacttg tatatatgga tcagaggagt aaataattgg 3240
 aaaagtaac agcatatgtg taaagattta tacagttgaa aacttgtaat cttccccagg 3300
 aggagaagaa ggtttctgga gcagtggact gccacaagcc accatgtaac cctctcacc 3360
 tgcctgtcgt actggctgtg gaccagtagg actcaaggtg gacgtgcgtt ctgccttct 3420
 tgttaatttt gtaataattg gagaagattt atgtcagcac acacttacag agcacaatat 3480
 cagtatatag gtgctggatg tatgtaataa tattcaaatt atgtataaat atatattata 3540
 tattttacaag gagttatttt ttgtattgat tttaaatgga tgtcccaatg cacctagaaa 3600
 attggtctct ctttttttaa tagctatttg ctaaatgctg ttcttacaca taatttctta 3660
 attttcacog agcagaggtg gaaaaatact tttgctttca gggaaaatgg tataacgtta 3720
 atttattaat aaattggtaa tatacaaaac aattaatcat ttatagtttt ttttgaatt 3780
 taagtggcat ttctatgag gcagcacagc agactagtta atctattgct tggacttaac 3840
 tagttatcag atcctttgaa aagagaatat ttacaatata tgactaattt ggggaaaatg 3900
 aagttttgat ttatttgtgt ttaaatgctg ctgtcagacg attgttctta gacctcctaa 3960
 atgccccata ttaaaagaac tcattcatag gaaggtgttt cattttggtg tgcaaccctg 4020

tcattacgtc	aacgcaacgt	ctaactggac	ttcccaagat	aatgggtacc	agcgtcctct	4080
taaaagatgc	cttaatccat	tccttgagga	cagaccttag	ttgaaatgat	agcagaatgt	4140
gcttctctct	ggcagctggc	cttctgcttc	tgagttgcac	attaatcaga	ttagcctgta	4200
ttctcttcag	tgaattttga	taatggcttc	cagactcttt	ggcgttggag	acgcctgtta	4260
ggatcttcaa	gtcccatcat	agaaaattga	aacacagagt	tgttctgctg	atagtttttg	4320
ggatacgtcc	atctttttta	gggattgctt	tcatactaatt	ctggcaggac	ctcaccacaaa	4380
gatccagcct	catacctaca	tcagacacaaa	tatcgccgtt	gttccttctg	tactaaagta	4440
ttgtgttttg	ctttggaac	accactcac	tttgcaatag	ccgtgcaaga	tgaatgcaga	4500
ttacactgat	cttatgtgtt	acaaaattgg	agaaagtatt	taataaaacc	tgttaatttt	4560
tatactgaca	ataaaaatgt	ttctacagat	attaatgtta	acaagacaaa	ataaatgtca	4620
cgcgaacttat	ttttttaata	aaaaaaaaaa	aaaa			4654

<210> 131
 <211> 4657
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 131

ggcggcggt	ggaggagagc	gcggtggaga	gccgagcggg	cgggcgggcg	gtcgggagcg	60
ggcgaggag	cgcgcgggc	cgccacaaag	ctcgggcgcc	gcggggctgc	atcgggcgta	120
cctggcccg	cgcgcgact	gctctccggg	ctggcggggg	ccggcccgga	gccccggggg	180
ccccgaggcc	gcagcttgcc	tgcgcgctct	gagccttcgc	aactcgcgag	caaagttttg	240
tggaggcaac	gccaaagcctg	agtcctttct	tcctctcgtt	ccccaaatcc	gagggcgagcc	300
cgcgggcgctc	atgcccgcg	tcctccgcag	cctgggggtac	gcgtgaagcc	cgggaggcctt	360
ggcgccggcg	aagacccaag	gaccactctt	ctgcgttttg	agttgctccc	cgcaaccccg	420
ggctcgtcgc	tttctccatc	ccgacccacg	cggggcgcg	ggacaacaca	ggtcgaggag	480
gagcgttgcc	attcaagtga	ctgcagcagc	agcggcagcg	cctcggttcc	tgagcccacc	540
gcaggctgaa	ggcattgcgc	gtagtccatg	cccgtagagg	aagtgtgcag	atgggattaa	600
cgtccacatg	gagatatgga	agaggaccgg	ggattggtag	cgtaaccatg	gtcagctggg	660
gtcgtttcat	ctgcctgtgc	gtggtcacca	tggcaacctt	gtccctggcc	cgccctcct	720
tcagtttagt	tgaggatacc	acattagagc	cagaagagcc	accaacacaa	taccacaaat	780
ctcaaccaga	agtgtacgtg	gctgcgccag	gggagtcgct	agaggtgcgc	tgccctgttg	840
aagatgccgc	cgtgatcagt	tggactaagg	atgggggtgca	cttggggccc	aacaatagga	900
cagtgtttat	tggggagtac	ttgcagataa	agggcgccac	gcctagagac	tccggcctct	960
atgcttgtac	tgccagttag	actgtagaca	gtgaaacttg	gtacttcatg	gtgaatgtca	1020
cagatgccat	ctcatccgga	gatgatgagg	atgacaccga	tgggtcggaa	gattttgtca	1080
gtgagaacag	taacaacaag	agagcaccat	actggaccac	cacagaaaag	atggaaaagc	1140
ggctccatgc	tgtgcctgcg	gccaaactcg	tcaagtttcg	ctgccagcc	ggggggaacc	1200
caatgccaac	catgcggtgg	ctgaaaaacg	ggaaggagtt	taagcaggag	catcgcatgt	1260
gagggctacaa	ggtacgaaac	cagcactgga	gcctcattat	ggaaagtgtg	gtcccactctg	1320
acaagggaaa	ttatacctgt	gtagtggaga	atgaatacgg	gtccatcaat	cacacgtacc	1380
acctggatgt	tgtggagcga	tcgcctcacc	ggcccatcct	ccaagccgga	ctgccggcaa	1440
atgcccctcac	agtggtcgga	ggagacgtag	agtttgtctg	caaggtttac	agtgatgccc	1500
agccccacat	ccagtggatc	aagcacgtgg	aaaagaacgg	cagtaaatat	ggggccgacg	1560
ggctgcccta	cctcaagggt	ctcaagcact	cggggataaa	tagttccaat	gcagaagtgc	1620
tggctctgtt	caatgtgacc	gaggcggatg	ctggggaata	tatatgtaag	gtctccaatt	1680
atatagggca	ggccaaccag	tctgcctggc	tcactgtcct	gccaaaacag	caagcgccctg	1740
gaagagaaaa	ggagattaca	gcttccccag	actacctgga	gatagccatt	tactgcatag	1800
gggtcttctt	aatcgctgt	atgggtggtaa	cagtcatcct	gtgccgaatg	aagaacacga	1860
ccaagaagcc	agacttcagc	agccagccgg	ctgtgcacaa	gctgacacaa	cgtatcccc	1920
tgcgagagaca	ggtaacagtt	tcggctgagt	ccagctcctc	catgaactcc	aacaccccg	1980
tggtgaggat	aacaacacgc	ctctcttcaa	cggcagacac	ccccatgctg	gcaggggtct	2040
cagagtatga	acttcagag	gacccaaaat	gggagtttcc	aagagataag	ctgacactgg	2100
gcaagccccct	gggagaaggt	tgttttgggc	aagtggatcat	ggcggaagca	gtgggaattg	2160
acaagagaca	gccaaggag	gcggtcaccg	tggcctgtaa	gatgttgaaa	gatgatgcca	2220
cagagaaaaga	cctttctgat	ctggtgtcag	agatggagat	gatgaagatg	attgggaaac	2280
acaagaatat	cataaatctt	cttggagcct	gcacacagga	tgggcctctc	tatgtcatag	2340
ttgagtatgc	ctctaaggc	aacctccgag	aatacctccg	agcccgagg	ccacccggga	2400
tggagtactc	ctatgacatt	aaccgtgttc	ctgaggagca	gatgaccttc	aaggacttgg	2460
tgtcatgcac	ctaccagctg	gccagaggca	tggagtactt	ggcttcccaa	aaatgtattc	2520
atcgagatgt	agcagccaga	aatgttttgg	taacagaaaa	caatgtgatg	aaaatagcag	2580
actttggact	cgccagagat	atcaacaata	tagactatta	caaaaagacc	accaatgggc	2640
ggcttccagt	caagtggatg	gctccagaag	cctgttttga	tagagtatac	actcatcaga	2700
gtgatgtctg	gtccttcggg	gtgttaattg	gggagatctt	cactttagg	ggctgcctct	2760
accagggat	tcccggtggg	gaacttttta	agctgctgaa	ggaaggacac	agaatggata	2820

```

agccagccaa ctgcaccaac gaactgtaca tgatgatgag ggactgttgg catgcagtgc 2880
cctcccagag accaacggtc aagcagttgg tagaagactt ggatcgaatt ctcaactctca 2940
caaccaatga ggaatacttg gacctcagcc aacctctcga acagtattca cctagttacc 3000
ctgacacaag aagttcttgt tcttcaggag atgattctgt tttttctcca gaccccatgc 3060
cttacgaacc atgccttcct cagtatccac acataaacgg cagtgttaaa acatgaatga 3120
ctgtgtctgc ctgtcccca acaggacagc actgggaacc tagctacact gagcagggag 3180
accatgcctc ccagagcttg ttgtctccac ttgtatatat ggatcagagg agtaaataat 3240
tggaaaagta atcagcatat gtgtaaagat ttatacagtt gaaaacttgt aatcttcccc 3300
aggaggagaa gaaggtttct ggagcagtg actgccacaa gccaccatgt aacccctctc 3360
acctgccgtg cgtactggct gtggaccagt aggactcaag gtggacgtgc gttctgcctt 3420
ccttgtaaat tttgtaataa ttggagaaga tttatgtcag cacacactta cagagcacia 3480
atgcagtata taggtgctgg atgtatgtaa atatatcaa attatgtata aatatatatt 3540
atatatttac aaggagtatt tttttgtatt gatttttaat ggatgtccca atgcacctag 3600
aaaattggct tctctttttt taatagctat ttgctaaatg ctgttcttac acataatttc 3660
ttaattttca cogagcagag gtggaaaaat acttttgctt tcagggaaaa tggatataacg 3720
ttaatttatt aataaattgg taatatacaa aacaattaat catttatagt tttttttgta 3780
atttaagtgg catttctatg caggcagcac agcagactag ttaatctatt gcttggactt 3840
aactagttaa cagatccttt gaaaagagaa tatttacaat atatgactaa tttggggaaa 3900
atgaagtttt gatttatattg tgtttaaatg ctgctgtcag acgattgttc ttagacctcc 3960
taaagcccc atattaaaag aactcattca taggaaggtg tttcattttg gtgtgcaacc 4020
ctgtcattac gtcaacgcaa cgtctaactg gacttcccaa gataaatggt accagcgtcc 4080
tcttaaaaga tgccttaatc cattccttga ggacagacct tagttgaaat gatagcagaa 4140
tgtgtcttct tctggcagct ggcttctgc ttctgagttg cacattaatc agattagcct 4200
gtattctctt cagtgaattt tgataatggc ttccagactc tttggcggtg gagacgcctg 4260
ttaggatcct caagtcccat catagaaaat tgaaacacag agttgttctg ctgatagttt 4320
tggggatagc tccatctttt taagggtattg ctttcatcta attctggcag gacctcacca 4380
aaagatccag cctcatacct acatcagaca aaatatcgcc gttgttcctt ctgtactaaa 4440
gtattgtgtt ttgcttttga aacacccact cactttgcaa tagccgtgca agatgaatgc 4500
agattacact gatcttatgt gttacaaaat tggagaaagt atttaataaa acctgttaat 4560
ttttatactg acaataaaaa tgtttctaca gatattaatg ttaacaagac aaaataaatg 4620
tcacgcgaact tattttttta ataaaaaaaa aaaaaaa 4657

```

5

<210> 132
 <211> 2781
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 132

ES 2 689 703 T3

tgactgcagc	agcagcggca	gcgcctcggt	tcctgagccc	accgcaggct	gaaggcattg	60
cgcgtagtcc	atgcccgtag	aggaagtgtg	cagatgggat	taacgtccac	atggagatat	120
ggaagaggac	cggggattgg	taccgtaacc	atggtcagct	ggggtcgttt	catctgcctg	180
gtcgtgggtca	ccatggcaac	cttgtccctg	gcccggccct	ccttcagttt	agttgaggat	240
accacattag	agccagaaga	gccaccaacc	aaataccaaa	tctctcaacc	agaagtgtac	300
gtggctgcgc	caggggagtc	gctagagggtg	cgctgcctgt	tgaaagatgc	cgccgtgatc	360
agttggacta	aggatggggt	gcacttgggg	cccaacaata	ggacagtgtc	tattggggag	420
tacttgacaga	taaagggcgc	cacgcctaga	gactccggcc	tctatgcttg	tactgccagt	480
aggactgtag	acagtgaac	ttggtacttc	atggtgaatg	tcacagatgc	catctcatcc	540
ggagatgatg	aggatgacac	cgatgggtgcg	gaagattttg	tcagtgagaa	cagtaacaac	600
aagagagcac	catactggac	caacacagaa	aagatggaaa	agcggctcca	tgtctgtgct	660
gcggccaaca	ctgtcaagtt	tcgctgccc	gcccggggga	acccaatgcc	aaccatgcgg	720
tggttgaaaa	acgggaagga	gtttaagcag	gagcatcgca	ttggaggcta	caagggtacga	780
aaccagcact	ggagcctcat	tatggaaagt	gtggtcccat	ctgacaaggg	aaattatacc	840
tgtgtagtgg	agaatgaata	cggttccatc	aatcacacgt	accacctgga	tgttgtggag	900
cgatcgccctc	accggcccat	cctccaagcc	ggactgccgg	caaatgcctc	cacagtggtc	960
ggaggagacg	tagagtttgt	ctgcaaggtt	tacagtgatg	cccagcccca	catccagtgg	1020
atcaagcacg	tggaaaagaa	cggcagtaaa	tacgggcccg	acgggctgcc	ctacctcaag	1080
gttctcaagc	actcggggat	aaatagttcc	aatgcagaag	tgctggctct	gttcaatgtg	1140
accgagggcg	atgctgggga	atatatatgt	aaggtctcca	attatatagg	gcaggccaac	1200
cagtctgcct	ggctcactgt	cctgcaaaaa	cagcaagcgc	ctggaagaga	aaaggagatt	1260
acagcttccc	cagactacct	ggagatagcc	atttactgca	taggggtctt	cttaattcgc	1320
tgtatgggtg	taacagtcac	cctgtgccga	atgaagaaca	cgaccaagaa	gccagacttc	1380
agcagccagc	cggtctgtca	caagctgacc	aaacgtatcc	ccctgcggag	acaggtaaca	1440
gtttcggctg	agtccagctc	ctccatgaac	tccaacaccc	cgctgggtgag	gataacaaca	1500
cgctctctct	caacggcaga	caccccatg	ctggcagggg	tctccgagta	tgaacttcca	1560
gaggacccaa	aatgggagtt	tccaagagat	aagctgacac	tgggcaagcc	cctggggagaa	1620
ggttgctttg	ggcaagtggg	catggcggaa	gcagtgggaa	ttgacaaaga	caagcccaag	1680
gagggcggtca	ccgtggccgt	gaagatggtg	aaagatgatg	ccacagagaa	agacctttct	1740
gatctggtgt	cagagatgga	gatgatgaag	atgattggga	aacacaagaa	tatcataaat	1800
cttcttgag	cctgcacaca	ggatgggcct	ctctatgtca	tagttgagta	tgctctataa	1860
ggcaacctcc	gagaatacct	ccgagcccg	aggccacccg	ggatggagta	ctcctatgac	1920
attaaccgtg	ttcctgagga	gcagatgacc	ttcaaggact	tggtgtcatg	cacctaccag	1980
ctggccagag	gcatggagta	cttggtctcc	caaaaatgta	ttcatcgaga	tttagcagcc	2040
agaaatgttt	tggtaacaga	aaacaatgtg	atgaaaatag	cagacttttg	actcgccaga	2100
gatatacaaca	atatagacta	ttacaaaaag	accaccaatg	ggcggcttcc	agtcgaagtgg	2160
atggctccag	aagccctgtt	tgatagagta	tacactcatc	agagtgatgt	ctgggtccttc	2220
ggggtgttaa	tgtgggagat	cttacttta	gggggtcgc	cctaccagag	gattcccgtg	2280
gaggaacttt	ttaagctgct	gaaggaagga	cacagaatgg	ataagccagc	caactgcacc	2340
aacgaactgt	acatgatgat	gagggactgt	tggcatgcag	tgccctccca	gagaccaacg	2400
ttcaagcagt	tggtagaaga	cttggtacga	attctcactc	tcacaaccaa	tgagatctga	2460
aagtttatgg	cttcattgag	aaactgggaa	aagtttgtca	ggcgcagtg	ctcatgcctg	2520
taatcccagc	actttgggag	gccgaggcag	gcggatcatg	aggtcaggag	ttccagacca	2580
gcctggccaa	catggtgaaa	ccctgtctct	actaaagata	caaaaaatta	gccgggctg	2640
ttggtgtgca	cctgtaatcc	cagctactcc	gggaggctga	ggcaggagag	tcacttgaac	2700
cggggaggcg	gaggttgacg	tgagccgaga	tcatgccatt	gcattccagc	cttggcgaca	2760
gagcgagact	ccgtctcaaa	a				2781

5 <210> 133
 <211> 3821
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 133

10

tgactgcagc	agcagcggca	gcgcctcggt	tectgagccc	accgcaggct	gaaggcattg	60
cgcgtagtc	atgcccgtag	aggaagtgtg	cagatgggat	taacgtccac	atggagatat	120
ggaagaggac	cggggattgg	taccgtaacc	atggtcagct	ggggtcgttt	catctgcctg	180
gtcgtggcca	ccatggcaac	cttgctccctg	gcccggccct	ccttcagttt	agttgaggat	240
accacattag	agccagaaga	gccaccaacc	aaataccaaa	tctctcaacc	agaagtgtac	300
gtggctgcgc	caggggagtc	gctagagggtg	cgctgcctgt	tgaaagatgc	cgccgtgatc	360
agttggacta	aggatggggg	gcacttgggg	cccaacaata	ggacagtgc	tattggggag	420
tacttgccaga	taaagggcgc	cacgcctaga	gactccggcc	tctatgcttg	tactgccagt	480
aggactgtag	acagtgaac	ttggtacttc	atggtgaatg	tcacagatgc	catctcatcc	540
ggagatgatg	aggatgacac	cgatgggtgcg	gaagattttg	tcagtgagaa	cagtaacaac	600
aagagagcac	catactggac	caacacagaa	aagatggaaa	agcggctcca	tgctgtgcct	660
gcggccaaca	ctgtcaagtt	tcgctgccc	gcccggggga	acccaatgcc	aaccatgcgg	720
tggttgaaaa	acgggaagga	gtttaagcag	gagcatcgca	ttggaggcta	caaggtagca	780
aaccagcact	ggagcctcat	tatggaaagt	gtggtcccat	ctgacaaggg	aaattatacc	840
tgtgtagtgg	agaatgaata	cgggtccatc	aatcacacgt	accacctgga	tggtgtggcg	900
cctggaagag	aaaaggagat	tacagcttcc	ccagactacc	tggagatagc	catttactgc	960
ataggggtct	tcttaatcgc	ctgtatgggtg	gtaacagtca	tccgtgccc	aatgaagaac	1020
acgaccaaga	agccagactt	cagcagccag	ccggctgtgc	acaagctgac	caaacgtatc	1080
ccoctgcgga	gacaggtaac	agtttcggct	gagtcagct	cctccatgaa	ctccaacacc	1140
ccgctgggtga	ggataacaac	acgcctctct	tcaacggcag	acaccccat	gctggcaggg	1200
gtctccgagt	atgaacttcc	agaggaccca	aaatgggagt	ttccaagaga	taagctgaca	1260
ctgggcaagc	ccctgggaga	aggttgcttt	gggcaagtgg	tcattggcgga	agcagtgagg	1320
attgacaaag	acaagcccaa	ggaggcggtc	accgtggccg	tgaagatgtt	gaagatgat	1380
gccacagaga	aagaccttcc	tgatctgggtg	tcagagatgg	agatgatgaa	gatgattggg	1440
aaacacaaga	atatcataaa	tcttcttgga	gcctgcacac	aggatgggcc	tctctatgtc	1500
atagttgagt	atgcctctaa	aggcaacctc	cgagaatacc	tccgagcccc	gaggccaccc	1560
gggatggagt	actcctatga	cattaaccgt	gttcctgagg	agcagatgac	cttcaaggac	1620
ttggtgtcat	gcacctacca	gctggccaga	ggcatggagt	acttggtctc	ccaaaaatgt	1680
attcatcgag	atthagcagc	cagaaatgtt	ttggtaacag	aaaacaatgt	gatgaaaata	1740
gcagactttg	gactcgccag	agatatcaac	aatatagact	attacaaaaa	gaccaccaat	1800
gggcggcttc	cagtcaagtg	gatggctcca	gaagcctgt	ttgatagagt	atacactcat	1860
cagagtgatg	tctggtcctt	cggggtgtta	atgtgggaga	tcttcacttt	agggggctcg	1920
ccctaccag	ggattcccg	ggaggaaact	tttaagctgc	tgaagggaag	acacagaatg	1980
gataagccag	ccaactgcac	caacgaactg	tacatgatga	tgagggactg	ttggcatgca	2040
gtgccctccc	agagaccaac	gttcaagcag	ttggtagaag	acttggtatc	aattctcact	2100
ctcacaacca	atgaggaata	cttggacctc	agccaacctc	tcgaacagta	ttcacctagt	2160
taccctgaca	caagaagtcc	ttgttcttca	ggagatgatt	ctgttttttc	tccagacccc	2220
atgccttacg	aaccatgcct	tectcagtat	ccacacataa	acggcagtg	taaaacatga	2280
atgactgtgt	ctgcctgtcc	ccaaacagga	cagcactggg	aacctagcta	cactgagcag	2340
ggagaccatg	cctcccagag	cttggtgtct	ccacttgtat	atatggatca	gaggagtaaa	2400
taattggaaa	agtaatcagc	atatgtgtaa	agattttatc	agttgaaaac	ttgtaatctt	2460
ccccaggagg	agaagaagg	ttctggagca	gtggactgcc	acaagccacc	atgtaacccc	2520
tctcacctgc	cgtgcgtact	ggctgtggac	cagtaggact	caaggtaggac	gtgcgttctg	2580
ccttccttgt	taattttgtg	ataattggag	aagattttat	tcagcacaca	cttacagagc	2640
acaaatgcag	tatatagggtg	ctggatgtat	gtaaatatat	tcaaattatg	tataaatata	2700
tattatatat	ttacaaggag	ttattttttg	tattgatttt	aaatggatgt	cccaatgcac	2760
ctagaaaatt	ggtctctctt	tttttaatat	ctatttgcta	aatgctgttc	ttacacataa	2820
tttcttaatt	ttcaccgagc	agaggtggaa	aaatactttt	gctttcaggg	aaaatgggtat	2880
aacgttaatt	tattaataaa	ttggtaatat	acaaaacaat	taatcattta	tagttttttt	2940
tgtaatttaa	gtggcatttc	tatgcaggca	gcacagcaga	ctagttaact	tattgcttgg	3000
acttaactag	ttatcagatc	ccttgaaaag	agaatattta	caatatatga	ctaatttggg	3060
gaaaatgaag	ttttgattta	tttgtgttta	aatgctgctg	tcagacgatt	gttcttagac	3120
ctcctaaatg	ccccatatta	aaagaactca	ttcataggaa	ggtgtttcat	tttggtgtgc	3180
aaccctgtca	ttacgtcaac	gcaacgtcta	actggacttc	ccaagataaa	tggtaccagc	3240
gtcctcttaa	aagatgcctt	aatccattcc	ttgaggacag	accttagttg	aatgatagc	3300
agaatgtgct	tctctctggc	agctggcctt	ctgcttctga	gttgacacatt	aatcagatta	3360
gcctgtattc	tcttcagtga	atthtgataa	tggttccag	actctttggc	gttgagagac	3420
cctgttagga	tottcaagtc	ccatcataga	aaattgaaac	acagagttgt	tctgctgata	3480
gttttgggga	tacgtccatc	tttttaaggg	attgctttca	tctaattctg	gcaggacctc	3540
acaaaaagat	ccagcctcat	acctacatca	gacaaaatat	cgccgttgtt	ccttctgtac	3600
taaagtattg	tgttttgctt	tggaaacacc	cactcacttt	gcaatagccg	tgcaagatga	3660
atgcagatta	cactgatctt	atgtgttaca	aaattggaga	aagtatttaa	taaaacctgt	3720
taatttttat	actgacaata	aaaatgtttc	tacagatatt	aatgttaaca	agacaaaata	3780
aatgtcacgc	aacttatttt	tttaataaaa	aaaaaaaaaa	a		3821

5
 <210> 134
 <211> 3708
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 134

```

aatttggtga ggaatttccc cctagccttg acccettgac agctcccgt cctactcagt 60
gctggggaga agtagggagg ccttaagcga agagatgggt ctgcactttg gaggagccgg 120
acactggtga ctttcctgat gtgaaatcta cccaggaaca aaacaccagt gactgcagca 180
gcagcggcag cgcctcgggt cctgagccca ccgcaggctg aaggcattgc gcgtagtgcca 240
tgcccgtaga ggaagtgtgc agatgggatt aacgtccaca tggagatatg gaagaggacc 300
ggggatttgt accgtaacca tggtcagctg gggtcgtttc atctgcctgg tcgtgggtcac 360
catggcaacc ttgtccctgg cccggccctc cttcagttta gttgaggata ccacattaga 420
gccagaagat gccatctcat ccggagatga tgaggatgac accgatgggt cgggaagattt 480
tgtcagtgag aacagtaaca acaagagagc accatactgg accaacacag aaaagatgga 540
aaagcggctc catgctgtgc ctgcccga cactgtcaag tttcgtgccc cagccggggg 600
gaacccaatg ccaaccatgc ggtggctgaa aaacgggaag gaggtttaagc aggagcatcg 660
cattggaggc tacaaggtag gaaaccagca ctggagcctc attatggaaa gtgtgggtccc 720
atctgacaag ggaaattata cctgtgtagt ggagaatgaa tacgggtcca tcaatcacac 780
gtaccacctg gatgttgtgg agcgatcgcc tcaccggccc atcctccaag ccggaactgcc 840
ggcaaagtgc tccacagtgg tcggaggaga cgtagagttt gtctgcaagg tttacagtga 900
tgcccagccc cacatccagt ggatcaagca cgtggaaaag aacggcagta aatacgggcc 960
cgacgggctg ccctacctca aggttctcaa ggccgcccgt gttaacacca cggacaaaaga 1020
gattgaggtt ctctatattc ggaatgtaac ttttgaggac gctggggaat atacgtgctt 1080
ggcgggtaat tctattggga tatcctttca ctctgcatgg ttgacagttc tgccagcgcc 1140
tggaagagaa aaggagatta cagcttcccc agactacctg gagatagcca tttactgcat 1200
aggggtcttc ttaatcgctt gtatgggtgt aacagtcatc ctgtgccgaa tgaagaacac 1260
gaccaagaag ccagacttca gcagccagcc ggctgtgcac aagctgacca aacgtatccc 1320
cctgcggaga caggtaacag tttcggctga gtccagctcc tccatgaact ccaacacccc 1380
gctggtgagg ataacaacac gcctctcttc aacggcagac acccccatgc tggcaggggt 1440
ctccgagtat gaacttccag aggacccaaa atgggagttt ccaagagata agctgacact 1500
gggcaagccc ctgggagaag gttgcttttg gcaagtgtc atggcggag cagtgggaat 1560
tgacaaagac aagcccaagg aggcgggtcac cgtggccgtg aagatgttga aagatgatgc 1620
cacagagaaa gacctttctg atctggtgtc agagatggag atgatgaaga tgattgggaa 1680
acacaagaat atcataaatc ttcttgagac ctgcacacag gatgggctc tctatgtcat 1740
agttgagtat gcctctaaag gcaacctccg agaatacctc cgagcccgga gccaccccg 1800
gatggagtag tcctatgaca ttaaccgtgt tcctgaggag cagatgacct tcaaggactt 1860
ggtgtcatgc acctaccagc tggccagagg catggagtag ttggcttccc aaaaatgtat 1920
    
```

tcatcgagat	ttagcagcca	gaaatgtttt	ggtaacagaa	aacaatgtga	tgaaaatagc	1980
agacttttga	ctcgccagag	atatcaacaa	tatagactat	tacaaaaaga	ccaccaatgg	2040
gcggcttcca	gtcaagtga	tggctccaga	agccctgttt	gatagagtat	acactcatca	2100
gagtgatgtc	tggtccttcg	gggtgttaat	gtgggagatc	ttcacttttag	ggggctcgcc	2160
ctacccaggg	attcccgtgg	aggaactttt	taagctgctg	aaggaaggac	acagaatgga	2220
taagccagcc	aactgcacca	acgaactgta	catgatgatg	agggactggt	ggcatgcagt	2280
gcctcccag	agaccaacgt	tcaagcagtt	ggtagaagac	ttggatcgaa	ttctcactct	2340
cacaaccaat	gaggaggaga	agaaggtttc	tggagcagtg	gactgccaca	agccaccatg	2400
taacccctct	cacctgccgt	gcgtactggc	tgtggaccag	taggactcaa	ggaggacgtg	2460
cgttctgcct	tccttgttaa	ttttgtaata	attggagaag	atttatgtca	gcacacactt	2520
acagagcaca	aatgcagtat	ataggtgctg	gatgtatgta	aatatattca	aattatgtat	2580
aaatatatat	tatatattta	caaggagtta	ttttttgtat	tgattttaaa	tggtatgtccc	2640
aatgcacctt	gaaaattggg	ctctcttttt	ttaatatagta	tttgctaaat	gctgttctta	2700
cacataattt	cttaattttc	accgagcaga	ggaggaaaaa	tacttttgct	ttcagggaaa	2760
atgggtataac	gttaatttat	taataaattg	gtaatatata	aaacaattaa	tcattttatag	2820
ttttttttgt	aatttaagtg	gcatttctat	gcaggcagca	cagcagacta	gttaatctat	2880
tgcttggact	taactagtta	tcagatcctt	tgaaaagaga	atatttacia	tatatgacta	2940
atgtggggaa	aatgaagttt	tgattttattt	gtgtttaaat	gctgctgtca	gacgattggt	3000
cttagacctc	ctaaatgccc	catattaaaa	gaactcattc	ataggaaggt	gtttcatttt	3060
ggtgtgcaac	cctgtcatta	cgtcaacgca	acgtctaact	ggacttcccc	agataaatgg	3120
taccagcgct	ctcttaaaag	atgccttaat	ccatttcctg	aggacagacc	ttagttgaaa	3180
tgatagcaga	atgtgcttct	ctctggcagc	tggccttctg	cttctgagtt	gcacattaat	3240
cagatttagcc	tgtattctct	tcagtgtaatt	ttgataatgg	cttccagact	ctttggcggt	3300
ggagacgcct	gttaggatct	tcaagtccca	tcatagaaaa	ttgaaacaca	gagttgttct	3360
gctgatagtt	ttggggatac	gtccatcttt	ttaagggatt	gctttcatct	aattctggca	3420
ggacctcacc	aaaagatcca	gcctcatacc	tacatcagac	aaaatatcgc	cgttgttcct	3480
tctgtactaa	agtattgtgt	tttgctttgg	aaacacccac	tcactttgca	atagccgtgc	3540
aaagtagaatg	cagattacac	tgatcttatg	tggtacaaaa	ttggagaaag	tatttaataa	3600
aacctgttaa	tttttatact	gacaataaaa	atgtttctac	agatattaat	gttaacaaga	3660
caaaataaat	gtcacgcaac	ttattttttt	aataaaaaaa	aaaaaaa		3708

<210> 135

<211> 4103

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 135

gagcacacat	tgcctcactg	aagtggctgc	acgtatctga	gtcctgtagc	tactgtttta	60
tctctgtttc	ttaaaagtat	gcttttaaaa	agattagcct	cacacatttc	tgtggaccgg	120
tctggtggta	tcacctggga	ctctgaggtg	aggatggaag	gatttagcag	ataatgaaaa	180
agaactctgt	ttgcgcacat	ttgagaggct	gaaaaatggg	tttatccac	ttgggctgga	240
gtgatttggc	attggggaaag	attcctgac	tcgccaatct	ctttccttta	gtgactgcag	300
cagcagcgcc	agcgctcgg	ttcctgagcc	caccgcaggg	tgaaggcatt	gcgcgtagtc	360
catgcccgtg	gaggaagtgt	gcagatggga	ttaacgtcca	catggagata	tggaaagagg	420
ccggggattg	gtaccgtaac	catggctcagc	tggggctcgtt	tcactctgct	ggtcgtggtc	480
accatggcaa	ccttgtccct	ggcccgcccc	tccttcagtt	tagttgagga	taccacatta	540
gagccagaag	gagcaccata	ctggaccaac	acagaaaaga	tggaaaagcg	gctccatgct	600
gtgcctgcgg	ccaacactgt	caagtttcgc	tgcacagccg	gggggaaccc	aatgccaacc	660
atgcggtggt	tgaaaaacgg	gaaggagttt	aagcaggagc	atcgattgg	aggctacaag	720
gtacgaaacc	agcactggag	cctcattatg	gaaagtgtgg	tcccatctga	caagggaaat	780
tatacctgtg	tagtgagaaa	tgaatacggg	tccatcaatc	acacgtacca	cctggatggt	840
gtggagcgat	cgcctcaccg	gccccctctc	caagccggac	tgcggcaaaa	tgcctccaca	900
gtggtcggag	gagacgtaga	gtttgtctgc	aaggtttaca	gtgatgcccc	gccccacatc	960
cagtggtatca	agcacgtgga	aaagaacggc	agtaaatacg	ggcccagcgg	gctgccctac	1020
ctcaagggttc	tcaaggccgc	cgggtttaac	accacggaca	aagagattga	ggttctctat	1080
attcggaatg	taacttttga	ggacgctggg	gaatatacgt	gcttgccggg	taattctatt	1140
gggatatact	ttcactctgc	atggttgaca	gttctgccag	cgcttggaa	agaaaaggag	1200
attacagctt	ccccagacta	cctggagata	gccatttact	gcataggggg	cttcttaatc	1260
gcctgtatgg	tggtaacagt	catcctgtgc	cgaatgaaga	acacgaccaa	gaagccagac	1320
ttcagcagcc	agccggctgt	gcacaagctg	accaaactga	tccccctgcg	gagacaggta	1380
acagtttcgg	ctgagtcacg	ctcctccatg	aactccaaca	ccccgctggg	gaggataaca	1440
acacgcctct	cttcaacggc	agacaccccc	atgctggcag	gggtctccga	gtatgaactt	1500
ccagaggacc	caaaatggga	gtttccaaga	gataagctga	cactgggcaa	gccccctgga	1560
gaagggtgct	ttgggcaagt	ggtcatggcg	gaagcagtg	gaattgacaa	agacaagccc	1620
aaggaggcgg	tcaccgtggc	cgtgaagatg	ttgaaagatg	atgccacaga	gaaagacctt	1680

tctgatcttg	tgtcagagat	ggagatgatg	aagatgattg	ggaaacacaa	gaatatcata	1740
aatcttcttg	gagcctgcac	acaggatggg	cctctctatg	tcatagttga	gtatgcctct	1800
aaaggcaacc	tcgagaata	cctccgagcc	cggaggccac	ccgggatgga	gtactcctat	1860
gacattaacc	gtgttcctga	ggagcagatg	accttcaagg	acttggtgtc	atgcacctac	1920
cagctggcca	gaggcatgga	gtacttggct	tcccaaaaat	gtattcatcg	agatttagca	1980
gccagaaatg	tttttgtaac	agaaaacaat	gtgatgaaa	tagcagactt	tggaactgcc	2040
agagatatca	acaatataga	ctattacaaa	aagaccacca	atgggcggct	tccagtcaag	2100
tggatggctc	cagaagccct	gtttgataga	gtatacactc	atcagagtga	tgtctgggtc	2160
ttcgggggtg	taatgtggga	gatcttccact	ttagggggct	cgccttacc	agggattccc	2220
gtggaggaac	tttttaagct	gctgaaggaa	ggacacagaa	tggataagcc	agccaactgc	2280
accaacgaac	tgtacatgat	gatgagggac	tgttggcatg	cagtgccttc	ccagagacca	2340
acgttcaagc	agttgtaga	agacttggat	cgaattctca	ctctcacaac	caatgaggaa	2400
tacttggacc	tcagccaacc	tctcgaacag	tattcaccta	gttacctga	cacaagaagt	2460
tcttgttctt	caggagatga	ttctgttttt	tctccagacc	ccatgcctta	cgaacctatg	2520
cttcctcagt	atccacacat	aaacggcagt	gttaaaacat	gaatgactgt	gtctgcctgt	2580
ccccaaacag	gacagcactg	ggaacctagc	tacactgagc	agggagacca	tgccctccag	2640
agcttgttgt	ctccacttgt	atatatggat	cagaggagta	aataattgga	aaagtaatca	2700
gcatatgtgt	aaagatttat	acagttgaaa	acttghtaat	ttccccagga	ggagaagaag	2760
gtttctggag	cagtggactg	ccacaagcca	ccatgtaacc	cctctcacct	gccgtgcgta	2820
ctggctgtgg	accagtagga	ctcaagggtg	acgtgcgttc	tgccctcctt	gttaattttg	2880
taataattgg	agaagattta	tgtcagcaca	cacttacaga	gcacaaatgc	agtatatagg	2940
tgtgtgatgt	atgtaaatat	attcaaatta	tgtataaata	tatatattat	atttacaagg	3000
agttattttt	tgtattgatt	ttaaatggat	gtcccaatgc	acctagaaaa	ttggtctctc	3060
tttttttaat	agctatttgc	taaatgctgt	tcttacacat	aatttcttaa	ttttcaccga	3120
gcagaggtgg	aaaaatactt	ttgctttcag	ggaaaatggt	ataacgttaa	tttattaata	3180
aatttgtaat	atacaaaaca	attaatcatt	tatagttttt	tttghtaatt	aagtggcatt	3240
tctatgcagg	cagcacagca	gactagttaa	tctattgctt	ggacttaact	agttatcaga	3300
tcctttgaaa	agagaatatt	tacaatatat	gactaatttg	gggaaaatga	agttttgatt	3360
tatttgtgtt	taaatgctgc	tgtcagacga	ttgttcttag	acctcctaaa	tgccccatat	3420
taaaagaact	cattcatagg	aaggtgtttc	attttgggtg	gcaaccctgt	cattacgtca	3480
acgcaacgtc	taactggact	tccaagata	aatggtacca	gcgtcctctt	aaaagatgcc	3540
ttaatccatt	ccttgaggac	agaccttagt	tgaaatgata	gcagaatgtg	cttctctctg	3600
gcagctggcc	ttctgcttct	gagttgcaca	ttaatcagat	tagcctgtat	tctcttcagt	3660
gaattttgat	aatggcttcc	agactctttg	gcgttgagga	cgcctgttag	gatcttcaag	3720
tcccatcata	gaaaattgaa	acacagagtt	gttctgtcga	tagttttggg	gatacgtcca	3780
tctttttaag	ggattgcttt	catctaattc	tggcaggacc	tcaccaaaag	atccagcctc	3840
atacctacat	cagacaaaat	atcgccgttg	ttccttctgt	actaaagtat	tgtgttttgc	3900
tttggaaca	ccactcact	ttgcaatagc	cgtgcaagat	gaatgcagat	tacactgac	3960
ttatgtgtta	caaaattgga	gaaagtattt	aataaaacct	gttaattttt	atactgacaa	4020
taaaaatgtt	tctacagata	ttaatgttaa	caagacaaaa	taaatgtcac	gcaacttatt	4080
tttttaataa	aaaaaaaaaa	aaa				4103

<210> 136
 <211> 4306
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 136

ES 2 689 703 T3

```

ggcggcggtc ggaggagagc gcggtggaga gccgagcggg cgggcggcgg gtgcggagcg 60
ggcgagggag cgcgcgcggc cgcacaaaag ctccggcgcc gcggggctgc atgcggcgta 120
cctggcccg ggcggcgact gctctccggg ctggcggggg ccggccgcga gccccggggg 180
ccccgaggcc gcagcttgcc tgcgcgtctt ggccttcgc aactcgcgag caaagtttgg 240
tgagggcaac gccaaagcctg agtcctttct tcctctcgtt ccccaaatcc gagggcagcc 300
cgcgggcgtc atgcccgcgc tcctccgcag cctgggggtac gcgtgaagcc cgggaggcctt 360
ggcgccggcg aagacccaag gaccactctt ctgcgtttgg agttgctccc cgcaacccccg 420
ggctcgtcgc tttctccatc ccgacccacg cggggcgcg ggacaacaca ggtcgcggag 480
gagcgttgcc attcaagtga ctgcagcagc agcggcagcg cctcggttcc tgagccacc 540
gcaggctgaa ggcattgcgc gtagtccatg ccgtagagg aagtgtgcag atgggattaa 600
cgtccacatg gagatatgga agaggaccgg ggattggtac cgtaaccatg gtcagctggg 660
gtcgtttcat ctgcctggtc gtggtcacca tggcaacctt gtccctggcc cggccctcct 720
tcagtttagt tgaggatacc acattagagc cagaagagcc accaaccaaa taccaaatct 780
ctcaaccaga agtgtacgtg gctgcgccag gggagtcgct agaggtgcgc tgccctgttg 840
aagatgccgc cgtgatcagt tggactaagg atggggtgca cttggggccc aacaatagga 900
cagtgcctat tggggagtac ttgcagataa agggcgccac gcctagagac tccggcctct 960
atgcttgtac tgccagtagg actgtagaca gtgaaacttg gtacttcctg gtgaatgtca 1020

```

cagatgccat	ctcatccgga	gatgatgagg	atgacaccga	tgggtcggaa	gattttgtca	1080
gtgagaacag	taacaacaag	agagcaccat	actggacca	cacagaaaag	atggaaaagc	1140
ggctccatgc	tgtgcctgog	gccaacactg	tcaagtttcg	ctgcccagcc	ggggggaacc	1200
caatgccaac	catgcggtgg	ctgaaaaacg	ggaaggagtt	taagcaggag	catcgcatcg	1260
gaggctacaa	ggtacgaaac	cagcactgga	gcctcattat	ggaaagtgtg	gtcccctctg	1320
acaagggaaa	ttatacctgt	gtagtggaga	atgaatacgg	gtccatcaat	cacacgtacc	1380
acctggatgt	tgtggagcga	tcgcctcacc	ggcccatcct	ccaagccgga	ctgcccggca	1440
atgcctccac	agtggtcgga	ggagacgtag	agtttgtctg	caaggtttac	agtgatgcc	1500
agccccacat	ccagtggatc	aagcacgtgg	aaaagaacgg	cagtaataac	gggcccagac	1560
ggctgcccta	cctcaagggt	ctcaagggtt	cggctgagtc	cagctcctcc	atgaactcca	1620
acaccccgct	ggtgaggata	acaacacgcc	tctcttcaac	ggcagacacc	cccatgctgg	1680
caggggtctc	cgagtatgaa	cttcacagag	acccaaaatg	ggagtttcca	agagataagc	1740
tgacactggg	caagcccctg	ggagaagggt	gctttgggca	agtggatcat	gcggaagcac	1800
tgggaattga	caaagacaag	cccaaggagg	cggtcaccgt	ggcctggaag	atgttgaaag	1860
atgatgccac	agagaaagac	ctttctgatc	tgggtgtcaga	gatggagatg	atgaagatga	1920
ttgggaaaca	caagaatatc	ataaatcttc	ttggagcctg	cacacaggat	gggcctctct	1980
atgtcatagt	tgagtatgcc	tctaaaggca	acctccgaga	atactccga	gcccggaggc	2040
accccggtat	ggagtactcc	tatgacatta	accgtgttcc	tgaggagcag	atgaccttca	2100
aggacttggt	gtcatgcacc	taccagctgg	ccagaggcat	ggagtacttg	gcttcccaaa	2160
aatgtattca	togagattta	gcagccagaa	atgttttggg	aacagaaaac	aatgtgatga	2220
aaatagcaga	ctttggactc	gccagagata	tcaacaatat	agactattac	aaaaagacca	2280
ccaatgggag	gcttccagtc	aagtggatgg	ctcagaagc	cctgtttgat	agagtataca	2340
ctcatgcag	tgatgtctgg	tccttcgggg	tgtaaatgtg	ggagatcttc	actttagggg	2400
gctcgcctca	cccagggatt	cccgtggagg	aactttttaa	gctgctgaag	gaaggacaca	2460
gaatggataa	gccagccaac	tgacccaacg	aactgtacat	gatgatgagg	gactgttgcc	2520
atgcagtgcc	ctcccagaga	ccaacgttca	agcagttggt	agaagacttg	gatcgaattc	2580
tcactctcac	aaccaatgag	gaatacttgg	acctcagcca	acctctcgaa	cagtattcac	2640
ctagttaacc	tgacacaaga	agttcttggt	cttcaggaga	tgattctggt	ttttctccag	2700
accccatgcc	ttacgaacca	tgcttctctc	agtatccaca	cataaacggc	agtgttaaaa	2760
catgaatgac	tgtgtctgcc	tgtccccaaa	caggacagca	ctgggaacct	agctacactg	2820
agcagggaga	ccatgcctcc	cagagcttgt	tgtctccact	tgtatatatg	gatcagagga	2880
gtaaaataatt	ggaaaagtaa	tcagcatatg	tgtaaaagatt	tatacagttg	aaaacttgta	2940
atcttcccca	ggaggagaag	aaggtttctg	gagcagtgga	ctgccacaag	ccaccatgta	3000
acccctctca	cctgcccgtg	gtactggctg	tggaccagta	ggactcaagg	tggacgtgcg	3060
ttctgccttc	cttggttaatt	ttgtaataat	tggagaagat	ttatgtcagc	acacacttac	3120
agagcacaaa	tgacgtatat	aggtgctgga	tgtatgtaaa	tatatcaaaa	ttatgtataa	3180
atataatatta	tatatattaca	aggagttaatt	ttttgtattg	attttaaatg	gatgtcccaa	3240
tgacactaga	aaattggtct	ctcttttttt	aatagctatt	tgctaaatgc	tggtctttaca	3300
cataatattct	taattttcac	cgagcagagg	tggaaaaata	cttttgcttt	caggggaaat	3360
ggtataacgt	taattttatta	ataaattggt	aatatacaaa	acaattaatc	atttatagtt	3420
ttttttgtaa	tttaagtggc	atttctatgc	aggcagcaca	gcagactagt	taactctattg	3480
cttggactta	actagttatc	agatcctttg	aaaagagaat	atttacaata	tatgactaat	3540
ttggggaaaa	tgaagttttg	atttatttgt	gtttaaatgc	tgctgtcaga	cgattgttct	3600
tagacctcct	aaatgcccga	tattaaaaga	actcattcat	aggaagggtg	ttcatttttg	3660
tgtgcaaccc	tgtcattacg	tcaacgcaac	gtctaactgg	acttcccaag	ataaatggta	3720
ccagcgtcct	cttaaaagat	gccttaatcc	attccttgag	gacagacctt	agttgaaatg	3780
atagcgaat	gtgcttctct	ctggcagctg	gccttctgct	tctgagttgc	acattaatca	3840
gattagcctg	tattctcttc	agtgaatttt	gataatggct	tccagactct	ttggcggttg	3900
agacgcctgt	taggatcttc	aagtcccatc	atagaaaatt	gaaacacaga	gttggtctgc	3960
tgatagcttt	ggggatacgt	ccatcttttt	acgggattgc	tttcatctaa	ttctggcagg	4020
acctcaccaa	aagatccagc	ctcatacctc	catcagacaa	aatatcgccg	ttgttctctc	4080
tgtactaaag	tattgtgttt	tgctttggaa	acaccactc	actttgcaat	agccgtgcaa	4140
gatgaatgca	gattacactg	atcttatgtg	ttacaaaatt	ggagaaagta	tttaataaaa	4200
cctgttaatt	tttatactga	caataaaaat	gtttctacag	atattaatgt	taacaagaca	4260
aaataaatgt	cacgcaactt	attttttttaa	taaaaaaaaa	aaaaaa		4306

<210> 137
 <211> 4303
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 137

ggcgggcggt	ggaggagagc	gcgggtggaga	gccgagcggg	cgggcgcgcg	gtgcggagcg	60
ggcgaggggag	cgcgcgcgcc	cgccacaaag	ctcgggcgcc	cgggggctgc	atgcggcgta	120
cctggcccg	cgcgcgcgact	gctctccggg	ctggcggggg	cgggccgcga	gccccggggg	180

ccccgaggcc gcagcttgcc tgcgcgtct gagccttcgc aactcgcgag caaagtittg 240
tgaggccaac gccaaagcctg agtcctttct tcctctcgtt ccccaaatcc gagggcagcc 300
cgcgggcgtc atgcccgcgc tcctccgcag cctggggtac gcgtgaagcc cgggaggcct 360
ggcgccgcg aagaccacaag gaccactctt ctgcgttttg agttgctccc cgcaacccc 420
ggctcgtcgc tttctccatc ccgaccacag cggggcgcg ggacaacaca ggtcgcggag 480
gagcgttgcc attcaagtga ctgcagcagc agcggcagcg cctcggttcc tgagccacc 540
gcaggctgaa ggcattgcgc gtagtccatg ccctagagg aagtgtgcag atgggattaa 600
cgtccacatg gagatatgga agaggacgg ggattggtac cgtaacatg gtcagctggg 660
gtcgtttcat ctgcctggtc gtggtcacca tggcaacctt gtccctggcc cggccctcct 720
tcagtttagt tgaggatacc acattagagc cagaaggagc accatactgg accaacacag 780
aaaagatgga aaagcggctc catgctgtgc ctgcggccaa cactgtcaag tttcgtctgc 840
cagccggggg gaacccaatg ccaacatgc ggtggctgaa aaacgggaag gagttaaagc 900
aggagcatcg cattggaggc tacaaggtag gaaaccagca ctggagcctc attatggaaa 960
gtgtggtccc atctgacaa ggaaattata cctgtgtagt ggagaatgaa tacgggtcca 1020
tcaatcacac gtaccacctg gatgttggtg agcgtatgcc tcaccggccc atcctccaag 1080
ccggactgcc ggcaaatgcc tccacagtgg tcggaggaga cgtagagttt gtctgcaagg 1140
tttacagtga tgcacagccc cacatccagt ggatcaagca cgtggaagag aacggcagta 1200
aatacggggc cgacgggctg ccctacctca aggttctcaa ggccgcccgt gttaacacca 1260
cgacaaaaga gattgaggtt ctctatattc ggaatgtaac ttttgaggac gctggggaat 1320
atacgtgctt ggcgggtaat tctattggga tatcctttca ctctgcagtg ttgacagttc 1380
tgccagcggc tggaaagaaa aaggagatta cagcttcccc agactacctg gagatagcca 1440
tttactgcat aggggtcttc ttaatcgctt gtatggtggt aacagtcatc ctgtgccgaa 1500
tgaagaacac gaccaagaag ccagacttca gcagccagcc ggctgtgcac aagctgacca 1560
aacgtatccc cctgcggaga cagggttcgg ctgagtccag ctctccatg aactccaaca 1620
ccccgctggt gaggataaca acacgcctct cttcaacggc agacaccccc atgctggcag 1680
gggtctccga gtatgaactt ccagaggacc caaaatggga gtttccaaga gataagctga 1740
cactgggcaa gcccctggga gaaggttgct ttgggcaagt ggtcatggcg gaagcagtg 1800
gaattgacaa agacaagccc aaggaggcgg tcaccctggc cgtgaagatg ttgaaagatg 1860
atgccacaga gaaagacctt tctgatctgg tgtcagagat ggagatgatg aagatgattg 1920
ggaacacaaa gaatatcata aatcttcttg gagcctgcac acaggatggg cctctctatg 1980
tcatagttga gtatgcctct aaaggcaacc tcogagaata cctccgagcc cggaggccc 2040
ccgggtatgga gtaactctat gacattaaac gtgttctctg ggagcagatg acctccaag 2100
acttgggtgc atgcacctac cagctggcca gaggcagtgga gtacttggct tcccaaaaat 2160
gtattcatcg agatttagca gccagaaatg ttttggtaac agaaaaaat gtgatgaaaa 2220
tagcagactt tggactcgcc agagatatca acaatataga ctattacaaa aagaccacca 2280
atgggcggtt tccagtcagg tggatggctc cagaagccct gtttgataga gtatacactc 2340
atcagagtga tgtctggtcc ttccgggtgt taatgtggga gatcttcaact ttagggggct 2400
cgccctaccc agggattccc gtggaggaac tttttaagct gctgaaggaa ggacacagaa 2460
tgataaagcc agccaactgc accaacgaac tgtacatgat gatgagggac gtttggcatg 2520
cagtgccctc ccagagacca acgttcaagc agttggtaga agacttggat cgaattctca 2580
ctctcacaa caatgaggaa tacttggacc tcagccaacc tctcgaaacag tattcaccta 2640
gttacccctg cacaagaagt tcttgttctt caggagatga ttctgttttt tctccagacc 2700
ccatgcctta cgaacctgc ctctcagat atccacacat aaacggcagt gttaaaaat 2760
gaatgactgt gtctgcctgt ccccaaacag gacagcactg ggaacctagc tacactgagc 2820
agggagacca tgcctcccag agcttgttgt ctccacttgt atatgtgat cagaggagta 2880
aataatttga aaagtaatca gcatatgtgt aaagatttat acagttgaaa acttgaatc 2940
ttccccagga ggagaagaag gtttctggag cagtggactg ccacaagcca ccatgtaacc 3000
cctctcacct gccgtgcgta ctggctgtgg accagtagga ctcaagggtg acgtgcgttc 3060
tgccttctct gtttaattttg taataatttg agaagattta tgtcagcaca cacttacaga 3120
gcacaaatgc agtatatagg tgcctggatg atgtaaatat attcaaatg tgtataaata 3180
tatattatat atttacaagg agttattttt tgtattgatt ttaaatggat gtcccaatgc 3240
acctagaaaa ttggtctctc tttttttaat agctatttgc taaatgctgt tcttacacat 3300
aatttcttaa ttttcaccga gcagaggttg aaaaataact ttgctttcag ggaaaatggt 3360
ataacgttaa tttattaata aattgtaaat atacaaaaca attaatcatt tatagttttt 3420
tttgtaattt aagtggcatt tctatgcagg cagcacagca gactagttaa tctattgctt 3480
ggacttaact agttatcaga tcctttgaaa agagaatatt tacaatatat gactaatttg 3540
gggaaaaatg agttttgatt tatttgtgtt taaatgctgc tgtcagacga ttgttcttag 3600
acctcctaaa tgccccatat taaaagaact cattcatagg aaggtgtttc attttgggtg 3660
gcaacctgt cattacgtca acgcaacgtc taactggact tcccaagata aatggtacca 3720
gcgtcctctt aaaagatgcc ttaatccatt ccttgaggac agaccttagt tgaatgata 3780
gcagaatgtg cttctctctg gcagctggcc ttctgctctc gagttgcaca ttaatcagat 3840
tagcctgtat tctcttcagt gaattttgat aatggcttcc agactctttg gcgttgagga 3900
cgctgttag gatcttcaag tcccatcata gaaaattgaa acacagagtt gttctgctga 3960
tagttttggg gatacgtcca tctttttaag ggattgcttt catctaattc tggcaggacc 4020
tcacaaaaag atccagctc atacctacat cagacaaaat atcgccgttg ttccttctgt 4080

actaaagtat	tgtgttttgc	tttgaaaca	cccactcact	ttgcaatagc	cgtgcaagat	4140
gaatgcagat	tacactgatc	ttatgtgtta	caaaattgga	gaaagtattt	aataaaacct	4200
gttaattttt	atactgacaa	taaaaatgtt	tctacagata	ttaatgttaa	caagacaaaa	4260
taaattgtcac	gcaacttatt	tttttaataa	aaaaaaaaaa	aaa		4303

<210> 138
 <211> 3011
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 138

ggcggcggt	ggaggagagc	gcggtggaga	gccgagcggg	cgggcgcg	gtcgggagcg	60
ggcgagggag	cgcgcgcg	cgccacaaag	ctcgggcgcc	gcgggggtgc	atcgggcgta	120
cctggccccg	cgcgcgact	gctctccggg	ctggcggggg	ccggcccgga	gccccggggg	180
ccccgaggcc	gcagcttgc	tgcgcgctct	gagccttcgc	aactcgcgag	caaagtittg	240
tgagggcaac	gccaagcctg	agtcctttct	tcctctcggt	ccccaaatcc	gagggcgagcc	300
cgcgggcgct	atgcccgcg	tcctccgcag	cctgggggtac	gcgtgaagcc	cgggagggtt	360
ggcgccggcg	aagacccaag	gaccactctt	ctgcgtttgg	agttgctccc	cgcaaccctg	420
ggctcgctcg	tttctccatc	ccgaccacag	cggggcgcg	ggacaacaca	ggtcgcgag	480
gagcggttgc	attcaagtga	ctgcagcagc	agcggcagcg	cctcggttcc	tgagccacc	540
gcaggctgaa	ggcattgcgc	gtagtccatg	cccgtagagg	aagtgtgcag	atgggattaa	600
cgtccacatg	gagatatgga	agaggaccgg	ggatttgtac	cgtaaccatg	gtcagctggg	660
gtcggttcat	ctgcctggtc	gtggtcacca	tggcaacctt	gtccctggcc	cggccctcct	720
tcagtttagt	tgaggatacc	acattagagc	cagaagatgc	catctcatcc	ggagatgatg	780
aggatgacac	cgatggtgcg	gaagattttg	tcagttagaa	cagtaacaac	aagagagcac	840
catactggac	caacacagaa	aagatggaaa	agcggtcca	tgctgtgctt	gcggccaaca	900
ctgtcaagtt	tcgctgcccc	gccgggggga	acccaatgcc	aacctgcgg	tggtgaaaa	960
acgggaagga	gtttaagcag	gagcatcgca	ttggaggcta	caaggtagca	aaccagcact	1020
ggagcctcat	tatggaaagt	gtggtcccat	ctgacaaggg	aaattatacc	tgtgtagtgg	1080
agaatgaata	cgggtccatc	aatcacacgt	accacctgga	tggtgtggag	cgatcgcttc	1140
accggcccat	cctccaagcc	ggactgccc	caaatgcctc	cacagtggtc	ggaggagacg	1200
tagagtttgt	ctgcaagggt	tacagtgatg	cccagcccca	catccagtgg	atcaagcacg	1260
tggaaaagaa	cggcagtaaa	tacgggcccc	acgggctgcc	ctacctcaag	gttctcaagc	1320
actcggggat	aaatagttcc	aatgcagaag	tgctggctct	gttcaatgtg	accgagggcg	1380
atgctgggga	atataatgt	aaggtctcca	attatatagg	gcaggccaac	cagctcgctt	1440
ggctcactgt	cctgccaaaa	cagcaagcgc	ctggaagaga	aaaggagatt	acagcttccc	1500
cagactacct	ggagatagcc	attactgca	taggggtctt	cttaatcgcc	tgtatggtgg	1560
taacagtcat	cctgtgccga	atgaagaaca	cgaccaagaa	gccagacttc	agcagccagc	1620
cggtctgcca	caagctgacc	aaacgtatcc	ccctgcggag	acaggtaaca	gtttcggtg	1680
agtcagctc	ctccatgaac	tccaacaccc	cgctggtgag	gataacaaca	cgctctctct	1740
caacggcaga	cacccccatg	ctggcagggg	tctccgagta	tgaacttcca	gaggacccaa	1800
aatgggagtt	tccaagagat	aagctgacac	tgggcaagcc	cctgggagaa	ggttgctttg	1860
ggcaagtgg	catggcgga	gcagtgggaa	ttgacaaaga	caagcccaag	gaggcggtca	1920
ccgtggccgt	gaagatgttg	aaagatgatg	ccacagagaa	agacctttct	gatctggtgt	1980
cagagatgga	gatgatgaag	atgattggga	aacacaagaa	tatcataaat	cttcttgtag	2040
cctgcacaca	ggatgggcct	ctctatgtca	tagttgagta	tgccctctaa	ggcaacctcc	2100
gagaataacct	ccgagcccg	agggccaccg	ggatggagta	ctcctatgac	attaaccgtg	2160
ttcctgagga	gcagatgacc	ttcaaggact	tggtgtcatg	cacctaccag	ctggccagag	2220
gcatggagta	cttggtctcc	caaaaatgta	ttcatcgaga	tttagcagcc	agaaatgttt	2280
tggtaacaga	aaacaatgtg	atgaaaatag	cagactttgg	actcgccaga	gatatacaaa	2340
atatagacta	ttacaaaaag	accaccaatg	ggcggttcc	agtcagtgg	atggctccag	2400
aagccctgtt	tgatagagta	tacactcatc	agagtgatgt	ctggctcttc	ggggtgttaa	2460
tgtgggagat	cttcacttta	gggggctcgc	cctaccag	gattcccg	gaggaaactt	2520
ttaagctgct	gaagggaagg	cacagaatgg	ataagccagc	caactgcacc	aacgaactgt	2580
acatgatgat	gagggactgt	tggcatgcag	tgccctccca	gagaccaacg	ttcaagcagt	2640
tggtagaaga	cttgatcgga	attctcactc	tcacaacca	tgagatctga	aagtttatgg	2700
cttcatttag	aaactgggaa	aagttgggtca	ggcgagtg	ctcatgctg	taatcccagc	2760
actttgggag	gccgagcgag	gcggatcatg	aggtcaggag	ttccagacca	gctggcccaa	2820
catggtgaaa	ccctgtctct	actaaagata	caaaaaatta	gccggcgctg	ttggtgtgca	2880
cctgtaatcc	cagctactcc	gggaggctga	ggcaggagag	tcacttgaac	cggggaggcg	2940
gagggtgcag	tgagccgaga	tcatgccatt	gcattccagc	cttgccgaca	gagcgagact	3000
ccgtctcaaa	a					3011

<210> 139
 <211> 4286

<212> ADN
<213> Homo sapiens
<400> 139

```

gtcgcgggca gctggcgccg cgcggctctg ctctgccggt cgcacggacg caccggcggg 60
ccgcccggcg gagggacggg gcgggagctg ggcccgcgga cagcgagcgg gagcgggagc 120
cgcgcgtagc gagccgggct ccggcgctcg ccagtctccc gagcgggcgc cgcctcccg 180
cgggtccccg gccgggcccgt ggggggcagc atgcccgcgc gcgctgcctg aggacggcgc 240
ggcccccgcc ccgcccattg gcgcccctgc ctgcgcccctc gcgctctgcg tggccctggc 300
catcgtagcc ggccgctcct cggagtcctt ggggacggag cagcgcgctg tggggcgagc 360
ggcagaagtc ccggggccag agcccggcca gcaggagcag ttggtcttcg gcagcgggga 420
tgctgtggag ctgagctgtc ccccgcccgg ggggtggtccc atggggccca ctgtctgggt 480
caaggatggc acagggctgg tgccctcgga gcgtgtcctg gtggggcccc agcggtgca 540
gggtgctgaat gcctcccacg aggactccgg ggcctacagc tgccggcagc ggctcacgca 600
gcgctactg tgccacttca gtgtgcgggt gacagacgct ccatcctcgg gagatgacga 660
agacggggag gacgaggtg aggacacagg tgtggacaca ggggccccct actggacag 720
gcccagcgcg atggacaaga agctgctggc cgtgccggcc gccaacaccg tccgcttccg 780
ctgcccagcc gctggcaacc ccactccctc catctcctgg ctgaagaacg gcagggagtt 840
ccgcgggcag caccgcattg gaggcataca gctgcggcat cagcagtgga gcctggtcat 900
ggaaagcggt gtgccctcgg acccgggcaa ctacacctgc gtcgtggaga acaagtgttg 960
cagcatccgg cagacgtaca cgctggacgt gctggagcgc tccccgcacc ggcccatcct 1020
gcaggcgggg ctgccggcca accagacggc ggtgctgggc agcgacgtgg aggttccactg 1080
caaggtgtac agtgacgcac accccacat ccagtggctc aagcacgtgg aggtgaatgg 1140
cagcaagggt ggcccggacg gcacacccta cgttaccgtg ctcaagacgg cgggcgctaa 1200
caccaccgac aaggagctag aggttctctc cttgcacaac gtcacctttg aggacggcgg 1260
ggagtacacc tgccctggcg gcaattctat tgggttttct catcactctg cgtggctggg 1320
gggtgctgcca gccgagagag agctggtgga ggctgacgag gcgggcagtg tgtatcgagg 1380
catcctcagc tacggggtgg gcttcttctc gttcatcctg gtggtggcgg ctgtgacgct 1440
ctgcgcctg cgcagccccc ccaagaaagg cctgggctcc cccaccgtgc acaagatctc 1500
ccgcttcccc ctcaagcgac aggtgtccct ggagtccaac gcgtccatga gctccaacac 1560
accatgggtg cgcacgcaa ggctgtcctc aggggagggc cccacgctgg ccaatgctc 1620
cgagctcgag ctgcctgcgc accccaaatg ggagctgtct cgggcccggc tgacctggg 1680
caagccctt ggggagggct gcttcggcca ggtggtcatg gcggaggcca tcggcatgga 1740
caaggaccgg gccgccaagc ctgtcacctg agcctgaag atgctgaaag acgatgccac 1800
tgacaaggac ctgtcggacc tgggtgtctg gatggagatg atgaagatga tcgggaaaca 1860
caaaaacatc atcaacctgc tgggcgctg caccgagggc gggccctgt acgtgctggg 1920
ggagtacggg gccaaaggta acctgcggga gtttctgcgg gcgcgggcgg ccccgggcct 1980
ggactactcc ttogacacct gcaagccgcc cgaggagcag ctacacctta aggacctgg 2040
gtcctgtgcc taccaggtgg cccggggcat ggagtacttg gcctcccaga agtgcacca 2100
cagggacctg gctgcccga atgtgctggt gaccgaggac aacgtgatga agatcgaga 2160
cttcgggctg gcccgggacg tgcacaacct cgactactac aagaagacga ccaacggccg 2220
gctgcccgtg aagtggatgg cgcctgaggg cttgtttgac cgagtctaca ctaccagag 2280
tgacgtctgg tcccttgggg tccctgctctg ggagatcttc acgctggggg gctcccgtga 2340
ccccggcata cctgtggagg agctcttcaa gctgctgaag gagggccacc gcattggaca 2400
gcccgccaac tgcacacacg acctgtacat gatcatcgcg gagtgtggc atgcccgcc 2460
ctcccagagg cccaccttca agcagctggt ggaggacctg gaccgtgtcc ttaccgtgac 2520
gtccaccgac gagtacctgg acctgtcggc gcctttcgag cagtactccc cgggtggcca 2580
ggacaccccc agctccagct cctcagggga cgactccgtg tttgcccacg acctgtgcc 2640
cccgccccca cccagcagtg ggggctcgcg gacgtgaagg gccactggtc cccaacaatg 2700
tgaggggctc ctgacagccc acctgctgc tgggtgcacag ccactccccg gcatgagact 2760
cagtgagat ggagagacag ctacacagag ctttggtctg tgtgtgtgtg tgtgctgtg 2820
tgtgtgtgtg tgtgcacatc cgcgtgtgcc tgtgtgcgtg cgcactctgc ctccaggtgc 2880
agaggtaccc tgggtgtccc cgtgctgtg caacggtctc ctgactgggt ctgcagacc 2940
gaggggcctt tgttctgggg ggacccagtg cagaatgtaa gtggggccac ccggtgggac 3000
ccccgtgggg cagggagctg ggcccacat ggctccggcc tctgcctttg caccacggga 3060
catcacaggg tgggcctcgg cccctcccac acccaagct gagcctgcag ggaagcccca 3120
catgtccagg accttgtgcc tggggtgtta gtggcacgc cccccacct ccaggctttc 3180
ccacttccca cctgcccct cagagactga aattacgggt acctgaagat gggagccttt 3240
accttttatg caaaaggttt attccggaaa ctagtgtaca tttctataaa tagatgctgt 3300
gtatatggta tatatacata tatatatata acatatatgg aagaggaaaa ggctgttaca 3360
acggaggcct gcgaccctgg gggcacagga ggcaggcatg gccctggggc gggcgtggg 3420
gggcgtggag ggagggccca gggggtctca cccatgcaag cagaggacca gggccttttc 3480
tggcacgca gttttgtttt aaaactggac ctgtatatat gtaaagctat ttatgggccc 3540
ctggcaactc tgttcccaca ccccaacact tccagcatth agctggccac atggcggaga 3600
gttttaattt ttaacttatt gacaaccgag aaggtttatc ccgccgatag agggacggcc 3660

```

aagaatgtac	gtccagcctg	ccccggagct	ggaggatccc	ctccaagcct	aaaaggttgt	3720
taatagttgg	aggtgattcc	agtgaagata	ttttatttcc	tttgcctttt	ttcaggagaa	3780
ttagatttct	ataggatttt	tcttttaggag	atattatttt	tggacttcaa	agcaagctgg	3840
tattttcata	caaattcttc	taattgctgt	gtgtcccagg	cagggagacg	gtttccaggg	3900
aggggcccgc	cctgtgtgca	ggttccgatg	ttattagatg	ttacaagttt	atatatatct	3960
atatatatata	tttattgagt	ttttacaaga	tgtatttgtt	gtagacttaa	cacttcttac	4020
gcaatgcttc	tagagtttta	tagcctggac	tgtacacctt	caaagcttgg	aggggaagccg	4080
tgaattcagt	tggttcgttc	tgtactgtta	ctgggcccctg	agtctgggca	gctgtccctt	4140
gcttgccctgc	agggccatgg	ctcaggggtg	tctcttcttg	gggcccagtg	catgggtggcc	4200
agaggtgtca	cccaaaccgg	caggtgcgat	tttgtaacc	cagcgacgaa	ctttccgaaa	4260
aataaagaca	cctggttgct	aacctg				4286

<210> 140
 <211> 3950
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 140

gtcgcggggca	gctggcgccg	cgcggtcctg	ctctgccggg	cgcacggacg	caccggcggg	60
ccgcggcgccg	gagggacggg	gcgggagctg	ggcccgcgga	cagcgagccg	gagcgggagc	120
cgcgcgtagc	gagccgggct	ccggcgctcg	ccagtcctcc	gagcggcgcc	cgccctccgc	180
cggtgcccgc	gccggggcgt	ggggggcagc	atgcccgcg	gcgctgcctg	aggacgccgc	240
ggcccccgcc	cccgccatgg	gcgcccctgc	ctgcgccctc	gcgctctgcg	tggccgtggc	300
catcgtggcc	ggcgccctct	cggagtcctt	ggggacggag	cagcgcgctg	tggggcgagc	360
ggcagaagtc	ccggggccag	agccgggcca	gcaggagcag	ttggtcttcg	gcagcgggga	420
tgtctgtggag	ctgagctgtc	ccccgcccg	gggtgggtccc	atggggccca	ctgtctgggt	480
caaggatggc	acagggtctg	tgcctccgga	gcgtgtcctg	gtggggcccc	agcggctgca	540
ggtgctgaat	gcctcccacg	aggactccgg	ggcctacagc	tgcgggcagc	ggctcacgca	600
gcgcgtactg	tgccacttca	gtgtgcgggt	gacagacgct	ccatcctcgg	gagatgacga	660
taacgagggag	gacgaggtcg	aggacacagg	tgtggacaca	ggggcccctt	actggacacg	720
gcccagagcg	atggacaaga	agctgctggc	cgtgccggcc	gccaacacgc	tccgcttccg	780
ctgcccagcc	gctggcaacc	ccactccctc	catctcctgg	ctgaagaacg	gcaggggagt	840
ccgcggcgag	caccgcattg	gaggcatcaa	gctgcggcat	cagcagtgga	gcctgggtcat	900
ggaaagcgtg	gtgccctcgg	accggggcaa	ctacacctgc	gtcgtggaga	acaagtttgg	960
cagcatcccg	cagacgtaca	cgctggacgt	gctggagcgc	tccccgcacc	ggcccatcct	1020
gcaggcgggg	ctgccggcca	accagacggc	ggtgctgggc	agcgacgtgg	agttccactg	1080
caaggtgtac	agtgacgcac	agccccacat	ccagtggctc	aagcacgtgg	aggtgaatgg	1140
cagcaaggtg	ggccccgacg	gcacacccta	cgttaccctg	ctcaaggtgt	ccctggagtc	1200
caacgcgtcc	atgagctcca	acacaccact	ggtgcgcata	gcaaggctgt	cctcagggga	1260
gggccccacg	ctggccaatg	tctccgagct	cgagctgcct	gccgacccca	aatgggagct	1320
gtctcgggcc	cggtgacccc	tgggcaagcc	ccttggggag	ggctgcttcg	gccaggttgt	1380
catggcgagg	gccatcgcca	ttgacaagga	ccgggcccgc	aagcctgtca	ccgtagccgt	1440
gaagatgctg	aaagacgatg	ccactgacaa	ggacctgtcg	gacctggtgt	ctgagatgga	1500
gatgatgaag	atgatcggga	aacacaaaaa	catcatcaac	ctgctgggcg	cctgcacgca	1560
gggccccccc	ctgtactgtc	tgggtggagta	cgcgcccaag	ggtaacctgc	gggagtttct	1620
gcggggcgcg	cgccccccgg	gcctggacta	ctccttcgac	acctgcaagc	cgccccagga	1680
gcagctcacc	ttcaaggacc	tgggtgcctg	tgcctaccag	gtggccccgg	gcattggagta	1740
ccttggcctcc	cagaagtgca	tccacaggga	cctggctgcc	cgcaatgtgc	tggtgaccga	1800
ggacaacgtg	atgaagatcg	cagacttcgg	gctggcccgg	gacgtgcaca	acctcgacta	1860
ctacaagaag	acgaccaacg	gccggctgcc	cgtgaagtgg	atggcgctcg	aggccttgtt	1920
tgaccgagtc	tacactcacc	agagtgcagt	ctggtccttt	ggggtcctgc	tctgggagat	1980
cttcacgctg	gggggctccc	cgtaccccgg	catccctgtg	gaggagctct	tcaagctgct	2040
gaaggagggc	caccgcatgg	acaagcccgc	caactgcaca	cacgacctgt	acatgatcat	2100
gcgggagtg	tggcatgccg	cgccctccca	gaggcccacc	ttcaagcagc	tgggtggagga	2160
cctggaccgt	gtccttaccc	tgcctccac	cgacgagtac	ctggacctgt	cggcgccttt	2220
cgagcagtac	tccccgggtg	gccaggacac	ccccagctcc	agctcctcag	gggacgactc	2280
cgtgttttgc	cacgacctgc	tgcccccggc	cccacccagc	agtgggggct	cgcgagcgtg	2340
aagggccact	ggtccccaac	aatgtgaggg	gtccctagca	gcccacccct	ctgctgggtg	2400
acagccactc	cccggcatga	gactcagtcg	agatggagag	acagctacac	agagcttttg	2460
tctgtgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	catccgcgtg	tgcctgtgtg	2520
cgtgcgcata	ttgcctccag	gtgcagaggt	accctgggtg	tccccgctgc	tgtgcaacgg	2580
tctcctgact	ggtgctgcag	caccgagggg	cctttgttct	gggggggacc	agtgcagaat	2640
gttaagtggc	ccaccgggtg	ggagccccgt	ggggcaggga	gctgggcccg	acatggctcc	2700
ggcctctgcc	tttgacacac	gggacatcac	aggggtgggc	tcgggccctc	ccacacccaa	2760
agctgagcct	gcagggaagc	cccacatgtc	cagcaccttg	tgcctggggg	gttagtgga	2820

ccgcctcccc	acctccaggc	tttcccactt	cccaccctgc	ccctcagaga	ctgaaattac	2880
gggtacctga	agatgggagc	ctttaccctt	tatgcaaaag	gtttattccg	gaaactagt	2940
tacatttcta	taaatagatg	ctgtgtatat	ggatatata	catatatata	tataacatat	3000
atggaagagg	aaaaggctgg	tacaacggag	gcctgcgacc	ctgggggcac	aggaggcagg	3060
catggccctg	ggcggggcgt	gggggggcgt	ggaggagggc	cccagggggt	ctcaccatg	3120
caagcagagg	accagggcct	tttctggcac	cgcagttttg	ttttaaaact	ggacctgtat	3180
at ttgtaaag	ctatttatgg	gcccctggca	ctcttggtcc	cacaccccaa	cacttccagc	3240
at tttagctgg	ccacatggcg	gagagt tttta	at ttttaact	tattgacaac	cgagaagggt	3300
tatcccgccg	atagagggac	ggccaagaat	gtacgtccag	cctgccccgg	agctggagga	3360
tcccctccaa	gcctaaaagg	ttgttaatag	ttggaggtga	ttccagtga	gatattttat	3420
ttcctttgtc	ctttttcagg	agaattagat	ttctatagga	tttttcttta	ggagatttat	3480
tttttggact	tcaaagcaag	ctggtatttt	catacaaatt	cttctaattg	ctgtgtgtcc	3540
cagggcagga	gacggtttcc	agggaggggc	cgccctgtg	tgcaggttcc	gatgttatta	3600
gatgttacaa	gtttatata	atctatata	ataatttatt	gagtttttac	aagatgtatt	3660
tgtgttagac	ttaacacttc	ttacgcaatg	cttctagagt	tttatagcct	ggactgctac	3720
ctttcaaagc	ttggagggaa	gccgtgaatt	cagttgggtc	gttctgtact	gttactgggc	3780
ctgcagctgt	ggcagctgtc	ccttgcttgc	ctgcagggcc	atggctcagg	ctgggtctct	3840
cttggggccc	agtgcaggtg	ggccagaggt	gtcacccaaa	ccggcaggtg	cgattttgtt	3900
aaccacgcga	cgaactttcc	gaaaaataaa	gacacctggt	tgctaacctg		3950

<210> 141
 <211> 2085
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 141

5

atgggcgccc	ctgcctgcgc	cctcgcgctc	tgcgtggccg	tggccatcgt	ggccggcgcc	60
tctcggagt	ccttggggac	ggagcagcgc	gtcgtggggc	gagcggcaga	agtcccgggc	120
ccagagcccc	gccagcagga	gcagttggtc	ttcggcagcg	gggatgctgt	ggagctgagc	180
tgtcccccg	cgggggggtg	tcccatgggg	cccactgtct	gggtcaagga	tggcacaggg	240
ctgggtgccct	cggagcgtgt	cctgggtggg	ccccagcggc	tgcaggtgct	gaatgcctcc	300
cacgaggact	ccggggccta	cagctgcgcg	cagcggctca	cgcagcgcgt	actgtgccac	360
ttcagtgctc	gggtgacaga	cgtccatccc	tccggagatg	acgaagacgg	ggaggacgag	420
gctgaggaga	caggtgtgga	cacagggggc	ccttactgga	cacggcccca	cgggatggag	480
aagaagctgc	tggccgtgcc	ggccgccaac	accgtccgct	tccgctgccc	agccgctggc	540
aacccccactc	cctccatctc	ctggctgaag	aacggcaggg	agttcccgcc	cgagcaccgc	600
attggaggca	tcaagctgcg	gcacagcag	tggagcctgg	tcatgaaag	cgtggtgccc	660
tccgaccgcg	gcaactacac	ctgcgtcgtg	gagaacaagt	ttggcagcat	ccggcagacg	720
tacacgctgg	acgtgctgga	gcgctccccg	caccggccca	tctgcaggcg	ggggctgccc	780
gccaaccaga	cggcggtgct	gggcagcgac	gtggagt tcc	actgcaaggt	gtacagtga	840
gcacagcccc	acatccagt	gctcaagcac	gtggaggtga	acggcagcaa	ggtgggcccc	900
gacggcacac	cctacgttac	cgtgctcaag	gtgtccctgg	agtccaacgc	gtccatgagc	960
tccaacacac	cactggtgcg	catcgcaagg	ctgtcctcag	gggagggccc	cacgctggcc	1020
aatgtctccg	agctcgagct	gcctgccgac	cccaaattgg	agctgtctcg	ggccccgctg	1080
accctgggca	agccccttgg	ggagggctgc	ttcggccagg	tggatcatgg	ggaggccatc	1140
ggcattgaca	aggaccgggc	cgccaagcct	gtcaccgtag	ccgtgaagat	gctgaaagac	1200
gatgccactg	acaaggacct	gtcggacctg	gtgtctgaga	tggagatgat	gaagatgatc	1260
gggaaacaca	aaaacatcat	caacctgctg	ggcgcctgca	cgcagggcgg	gccccgttac	1320
gtgctggtgg	agtacgcggc	caagggtaac	ctgcgggagt	ttctgcgggc	gcggcgggcc	1380
ccgggcctgg	actactcctt	cgacacctgc	aagccgcccg	aggagcagct	caacctcaag	1440
gacctggtgt	cctgtgccta	ccaggtggcc	cggggcatgg	agtacttggc	ctcccagaag	1500
tgcattccaca	gggacctggc	tgcccgcaat	gtgctggtga	ccgaggacaa	cgtgatgaag	1560
atcgcagact	tccggctggc	ccgggacgtg	cacaacctcg	actactaaa	gaagacaacc	1620
aacggccggc	tccccgtgaa	gtggatggcg	cctgaggcct	tggttgaccg	agtctacact	1680
caccagagtg	acgtctggtc	ctttggggtc	ctgctctggg	agatcttcac	gctggggggc	1740
tccccgtacc	ccggcatccc	tgtggaggag	ctcttcaagc	tgtgaaagga	gggccaccgc	1800
atggacaagc	ccgccaaactg	cacacacgac	ctgtacatga	tcatgcggga	gtgctggcat	1860
ccgcgcgccct	cccagaggcc	caccttcaag	cagctggtgg	aggacctgga	ccgtgtcctt	1920
accgtgacgt	ccaccgacga	gtacctggac	ctgtcggcgc	ctttcgagca	gtactccccg	1980
ggtggccagg	acacccccag	ctccagctcc	tcaggggacg	actccgtggt	tggccacgac	2040
ctgctgcccc	cggccccacc	cagcagtggtg	ggctcgcgga	cgtga		2085

<210> 142
 <211> 4431

10

<212> ADN
<213> Homo sapiens
<400> 142

```

aggcggggct ggagtgggtg aaggggggtg gcaggtctgc attgccgctt ccttgggtgc 60
gggagcagtc gccgctgccg cctccgcccc cgcccgggac ccccgctctc gcccgggact 120
ccttaccgag ggaacctaga ccaggtctcc agaggcttgt ggaagagaag caggcgaccc 180
ttcctgagtt atcctggctt agcctcccaa tctggctccc ctcccccttc ccattccctc 240
gctccccctg tcccttcccc atccacccaa ctgaactggg tataggctca agctcctctc 300
tttccctttc cttcctaggg actcattggc taggacctgt ttgctctttt ttttgtgccc 360
agagatactg gaacacgctt catctaagta actgtgggga ggggtctttt tgactctaca 420
agtccttgag caaaaagctg aaaaagaagc aggaggtgga gaagaccagc tgaagtgcc 480
caagcccat catggaagag ggcttccgag accgggcagc ttcatccgt gggcccaaag 540
acattgctaa ggaagtcaaa aagcatgagg ccaagaaggt ggtgaagggc ctggacagag 600
tcaggagcga atattcccg agatcgtact cccgctttga ggaggagat gatgatgat 660
acttccctgc tcccagtgat ggttattacc gaggagaagg gaccaggat gaggaggaag 720
gtggtgcac cagtgtatg actgagggcc atgacgagga tgatgagat tatgaagggg 780
aatatcaggg cattccccgg gcagagctcg ggggcaaagg cgagcggatg gcagatgggg 840
cgccctggc tggagtaagg gggggcttga gtgatgggga ggggtccccct gggggccggg 900
gggaggcaca acgacggaaa gaacgagaag aactggccca acagtatgaa gccatccctac 960
gggagtgtgg ccacggccgc ttccagtggg cactgtattt tgtgcttggg ctggcgtga 1020
tggctgacgg tgtggaggct tttgtgggtg gcttcgtgct gccagcgt gagaaagaca 1080
tgtgctgtc cgactccaac aaaggcatgc taggcctcat cgtctacctg ggcagatgg 1140
tgggagcctt cctctgggga ggtctggctg accggtggg tccggaggcag tgtctgctca 1200
tctcgctctc agtcaacagc gtcttcgctt tcttctcatc ttttgtccag ggttaaggca 1260
ctttccctct ctgcgccta ctttctgggg ttgggattgg aggggccatc cccattgtct 1320
tctcctattt ctccgagttt ctggcccagg agaaacgagg ggagcatttg agctggctct 1380
gcatgttttg gatgattggt ggcgtgtacg cagctgtat ggctgggccc atcatcccc 1440
actatgggtg gagttttcag atgggttctg cctaccagt ccacagctgg agggctctc 1500
tctcgctcg cgctttctc cctgtgtttg ccattggggc tctgaccacg cagcctgaga 1560
gccccgctt cttcctagag aatggaaagc atgatgaggc ctggatgggt ctgaagcagg 1620
tccatgatac caacatgcga gccaaaggac atcctgagcg agtggttcta gtaaccaca 1680
ttaagacgat tcatcaggag gatgaattga ttgatacca gtcggacaca gggacctggt 1740
accagcgtg gggggtccgg gccttgagcc taggggggca ggtttggggg aattttctct 1800
cctgttttg tccgaatat cggcgcatca ctctgatgat gatgggtgtg tggttcacca 1860
tgtcattcag ctactatggc ctgaccgtct ggtttcctga catgatccgc catctccagg 1920
cagtggacta cgcatccgc accaaagtgt tccccgggga gcgcgtagag catgtaactt 1980
ttaacttcac gttggagaat cagatccacc gaggcgggca gtacttcaat gtaagttca 2040
ttgggctgcg gctcaagtca gtgtcctttg aggtatccct gtttgaagag tgttattttg 2100
aggatgtcac atccagcaac acgtttttcc gcaactgcac attcatcaac actgtgttct 2160
ataacactga cctgttcgag tacaagtttg tgaacagccg tctgataaac agtacattcc 2220
tgcacaacaa ggagggtgc ccgctagacg tgacagggac gggcgaaggt gcctacatg 2280
tatactttgt gagcttcctg gggacactgg cagtgcctcc tgggaatatc gtgtctgcc 2340
tgtcatgga caagatcggc aggtcagaa tgccttgcgtg ctccagcgtg atgtcctgtg 2400
tctcctgctt cttcctgtct tttgggaaca gtgagtcggc catgatcgct ctgctctgcc 2460
tttttgccgg ggtcagcatt gcacctgga atgcctgga cgtgttgact gttgaactc 2520
accctcaga caagaggacc acagcttttg gcttcctgaa tgccctgtgt aagctggcag 2580
ctgtgctggg gatcagcatc ttcacatcct tccgtgggaat caccaaggct gcacccatcc 2640
tctttgcctc agctgccctt gcccttggca gctctctggc cctgaagctg cctgagaccc 2700
gggggcaggt gctgcagtga aggggtctct agggcttttg gattggcagg cacactgtga 2760
gaccaacaac tcttctctc cctccctgc cctgccatcc tgacctccag agccctcact 2820
ccccactccc cgtgttttgt gtcttagctg tgtgtgcgtg tgcgtgtgca tgtgtgtaaa 2880
ccccgtgggc agggactaca gggaaggctc cttcatccca gttttgagat gaagctgtac 2940
tccccatttc ccactgccct tgacttttga caagagaagg ctgagcccca tcttctctcc 3000
cctgttagag aggggccctt gcttccctgt tccaggggtt ccagaatagg cttcctgct 3060
tccccatcat tccctctgcc taggccttg tgaaaccaca ggtatgcaat tatgctaggg 3120
gctggggctc tgggtgtagac catggaccaa aagaacttct tagagtctga agagtgggccc 3180
tcgggtgccc tctcacatct cctgttggat gctgggggag aagcaataaa cctcagccct 3240
ctggcctcca ctttctctc aatttgggct gcaaatatga agctgaatt ttatgaaatt 3300
agctttctga tttctattta ttaatagatt aagttctgag gcagctccgc aggactgtgt 3360
gtgaatgtgt atgtatactt acatatgtgt gtgcatgtgc catggggcgg ggggtatcac 3420
tatactgtcc tcaaatataa gccaaagggt atttcagcgg atgcacacac aacctgcct 3480
cccacagttc ctcccctaac ctgggttctg tgttgagcct gggatggagg agccctagge 3540
cagcctggga taagagctcc acagtctagg gagatctgag gccatccgag aaggcccatc 3600
tccttccctc ctcaagaagc agaggcctcc tctggagtga gaggtccac ccactacagc 3660
acaggcggga atagcacagc tgccctccca tgetccctac ctgtccccctc acagggaggg 3720

```

gagcagggga	gggaaagaaa	ccaggcatct	ggtcaaacca	gcagatcaaa	aagcacaaa	3780
agctggggca	gaggcaggaa	gcagggggccc	tcctgggcagc	tcctctgagt	ggggagaggt	3840
tgggcagtga	gtgagggacc	cctaattgcag	ggactagaag	cctcagtttc	cccattttac	3900
ccttccacac	aatagcctct	gtaggttagg	ctgccccatc	ccaccctact	ctgtgtggct	3960
gctttctttg	gtgccctccc	ctcacccccc	tgtagctgtg	acgtgttgta	gttttttagat	4020
gtttgtaaaa	tgtttaaaaa	aatgttaaaa	ggaaaaaagt	gaaaaataaca	aaaaagaaaa	4080
tcaaaattca	ccttcgtcat	gctgcgtcca	gtgccccaac	cctgtgggtca	ctctccccat	4140
tttghtaacac	tgtaccaggt	ggtgactgtt	taactctttg	gtgtctgtgc	tcaaaagact	4200
gccttctcca	gtgcccagtg	tatgagtgtg	tgccctgtgc	ccttgtccct	cactccccac	4260
atgctggacg	tagccctctt	cctcgccccc	ctgggagggga	cccatccatc	tcccttgtctc	4320
tcctggggaa	ccctaaccac	aactctgttg	atgtgaaaaa	tgcagtgaag	aatattgacg	4380
aaaaataaaa	cggaaacaaa	tcctcaaaat	acaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	a	4431

<210> 143
 <211> 5311
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 143

agcataacct	tgggtggcag	gacaaatcag	gccagcacgc	agtctgccaa	gtcctgtctcg	60
ctccctgtca	agaaaaacag	ctggatccat	ttctaataca	cacttcccaa	cgcaacacct	120
ctgagtctct	gaaggagacc	agagcttgaa	actttccaga	cttccaacag	acatcgagtg	180
caaaaggata	tttaggttgt	ctttgcacaa	atctggttga	tttgagagat	aaaggggggg	240
ggaaccagtg	tgactttcac	ctaagaagtc	acatgaacat	atttcacatt	tgaactacat	300
aatgaatgat	ggttattgaa	atagcccaaa	cctctaccac	agagcgaggg	atatagctca	360
aggggcaacc	aggcagtcgc	agaaccaagg	aatggatgac	tacaagtatc	aggacaatta	420
tgggggctat	gtctccagtg	atggctatta	ccggggcaat	gagtcacaac	cagaagaaga	480
tgacacagag	gatgtcaccg	aaggccatga	tgagggaagac	gagatctatg	aggggcgagta	540
ccagggtatc	cctcacccag	atgatgtcaa	ggccaagcag	gccaagatgg	cgccctccag	600
aatggacagc	cttcggggcc	agacagacct	gatggctgag	aggctggaag	atgaggagca	660
gttgggccac	cagtacgaga	ccatcatgga	tgagtgtggc	catggccgct	tccagtggat	720
cctctttttc	gtcttggttt	tggccctgat	ggccgatggg	gtggaagtgt	tcgtgggtgag	780
ttttgccctg	cccagtgacg	agaaggacat	gtgtctgtcc	agttccaaaa	aaaggaatgct	840
agggatgata	gtctacttgg	gaatgatggc	gggcgccttc	atcctgggag	gcctggctga	900
taagctggga	aggaagcgag	tcctcagcat	gtctctggcc	gtcaatgcct	ccttcgcctc	960
cctctcttcc	ttcgtgcagg	gatattggagc	cttctctctc	tgccgactca	tctcaggcat	1020
cggatttggg	ggtgctctac	cgattgtttt	tgcctatttt	tctgaattct	tgtctcggga	1080
gaagcgagga	gaacacctca	gttggtctggg	catcttcttg	atgactgggg	gcctgtacgc	1140
atctgccatg	gcctggagca	tcacccacaa	catggctggg	ggcttcagca	tggggaccac	1200
ttaccacttc	catagctgga	gagtgtttgt	catcgtctgt	gctctgccct	gcaccgtgtc	1260
catggtggcc	ctgaagtcca	tgccagagag	cccaagggtt	ctgctagaga	tgggcaaaaca	1320
tgatgaagcc	tggatgatcc	tcaagcaagt	ccatgacacc	aacatgagag	ctaaggggac	1380
cccagagaaa	gtgttcacgg	tttccaacat	caaaactccc	aagcaaatgg	atgaattcat	1440
tgagatccaa	agttcaacag	gaacctggta	ccagcgctgg	ctggtcagat	tcaagaccat	1500
tttcaagcag	gtctgggata	atgccctgta	ctgtgtgatg	gggccctaca	gaatgaatac	1560
actgattctg	gccgtgggtt	ggtttgccat	ggcattcagt	tactatggac	tgacagtttg	1620
gtttcctgat	atgatccgct	attttcaaga	tgaagaatac	aagtctaaaa	tgaagggtgt	1680
ttttggtgag	catgtgtacg	gcgccacaat	caacttcacg	atggaaaaac	agatccacca	1740
acatgggaaa	cttgtgaatg	ataagttcac	agaatgtac	tttaaacatg	tactctttga	1800
ggacacattc	tttgacgagt	gctattttga	agacgtaaca	tcaacagata	cctacttcaa	1860
aaattgtacc	attgaatcaa	ccatctttta	caacacagac	ctctacgagc	acaagttcat	1920
caactgtcgg	tttatcaact	ccaccttcc	ggagcagaag	gagggctgcc	acatggactt	1980
ggagcaagat	aatgacttcc	tgattttacct	cgtcagcttc	ctgggcagcc	tgtctgtctt	2040
accggggaac	atcatttctg	ccctgctcat	ggatagaatt	ggaaggctca	agatgattgg	2100
tggctccatg	ctaactctctg	cagtctgctg	cttcttctctg	ttttttggca	acagtgagtc	2160
tgcaatgatc	ggctggcagt	gcctgttctg	tgggacaagc	attgcagcct	ggaatgctct	2220
ggatgtgatc	acagtggagc	tgtatcccac	caaccagaga	gcaacagcct	tcggcattct	2280
caatggatta	tgcacatttg	gcgccatcct	gggaaacacc	atctttgctt	cttttgtttg	2340
gataacaaaa	gtggtcccca	tccttctggc	tgtgtctctc	ctggttgggg	gtggcctgat	2400
tgcccttcga	ctgccagaga	ctcgagaaca	ggtcctgatg	tgaacaacct	atgggaaaag	2460
gaaaggtcga	gagaatcttg	tccaggacac	tgaatgcat	ccacacttcc	tgcttatcac	2520
ggtccggagg	acaccttgga	tagcacggga	ggagaagtgt	actttgtgac	ccctagttta	2580
ggacccactt	cagctgtcaa	tatgtttgta	actcaggtga	ctgatttggg	ggtgccctga	2640
gccacccctt	gaatcacaga	gctgcgtgtt	taacttcaag	tcttccaggt	ccaaggcagg	2700
gagaggattc	tccagtgagt	gcacacacta	tgcgaggagc	aagcatttct	ctaagtcaag	2760

tgcaaggact	taacttgcgt	ttgaaaagga	attagagggt	cagaaacacc	cagggttcctc	2820
cagaaagctc	cttggagccc	aacaacttaa	caaactcaact	tggctggaag	ttagagtcac	2880
tatatgaaga	ttgggcttga	agtatatat	tttgcaattta	aaagtatcac	ctatcatatt	2940
ttccactcga	aaattgacat	agtagcattg	aggatactct	gatctagaaa	gccaaagtatt	3000
tgagcaacat	ctatagagat	ctacttttct	cctatgtctc	ctaggccttc	catgataatt	3060
aggtaataca	tttaagaagg	atattttatt	ctgttttgct	ctattcaaag	aaacggaatg	3120
ggatagtatt	tctgtaaact	aagtttgat	ataactttat	ttgggtttaa	ttccacaac	3180
tggtatctgc	aaatattgcc	agcattttag	ccatattttg	ggagaacttg	gtgtttgagg	3240
tcccaggaaa	tgaggctcga	tcaaatgaaa	tgcaagcaca	atttcttaca	gccatttaac	3300
tttctgttgg	gaggatgaat	taacaaactc	acattgtgca	gtctgcctaa	tccaggcact	3360
tttctttgtg	cagggtgagt	gagtagttac	ttctctccct	tacacagatg	acttgtgaaa	3420
ctcaagctca	ccatcttcag	tgtggcatt	ttacttttgc	actaccctaa	aacaatgtga	3480
gatgtgttca	gtggcctctg	gtactctttg	caggcaagaa	tcaaacacaa	tggggactga	3540
gggaaggatg	gggaagtgtg	gccacagttc	ttccaaatgt	aaatactttt	tgtttgttct	3600
agtgggtaaaa	tgcaaatgca	atccatattt	gttaggatgg	tcaggctctca	tgagaaatct	3660
atgctatgtg	tccagagctt	ttgaaacaga	gtccattgga	gtgggagtta	gggagtgtag	3720
tggtatgccc	atatgttttt	cttcagtgct	taagagaact	gtttcctgaa	gtccagcttt	3780
gaacataaac	aggggtgtgg	gttgggggag	gagcttagga	caaacctctc	tgatgaaggt	3840
cagcaataga	ctgaagtctt	gactgcatgg	aagaggaaaa	acatcagaac	tgtctgacaa	3900
tggaggggac	agtgaagtac	gcacaaactgc	cagcggaggt	gaacttgca	ctgcccaggc	3960
cggatgaaca	tcagcctgca	agaactagtt	gtttgagttg	atttgcaagt	ctctcaatgg	4020
gcgaagtgcc	cattttccct	ggcagagatc	tccaaaaatt	taaaaacagaa	taataatggc	4080
tatatcgagt	gttttctcag	tattggagaa	atgcttaggt	cctatgatag	cttcgggaca	4140
tctttctgta	attttctcca	attaacgggt	tggtaggggt	aaatcttatg	acacctttcc	4200
accgtcgatt	tgagatcagt	tttaatgggt	aaaatgttta	ctctccttct	gtcaaccctc	4260
acctttttat	ttacaccctt	cccttttttt	ctgtacaggg	agagaagaca	tattgactct	4320
gactggacac	cctgattcct	ccaaatatat	ataccactgt	gtattaatct	ttctctcagt	4380
gttttatag	agtactaaca	tttattgctc	tgtcaataat	gaaaggctcg	atgtaataata	4440
gctgtaattt	actttccata	tgaatacagt	ggctaggttc	ataaaagaga	attgtgtgag	4500
tctgggatta	ccacatctaa	aacattattc	tttaattgga	taatacaatt	cattgagcag	4560
ctaccactta	aaaaacttgc	aggacagtta	gagcctgcat	ttctagttaa	gatggatctt	4620
gtaaatatta	aattggatta	acattggagt	gctgggggtg	ctgcaataat	ttgggggcta	4680
actccatttg	gtttccaaga	tctcacttct	gcattatctt	tatggctctt	taaaccagcc	4740
acctagccaa	tcaagggcaa	ttcccatctc	atccatcact	caggctcttg	taaagggtgc	4800
agccaagctc	tgcaagcttt	tgaggatttg	tctagcctga	gtaccgggct	acttcttaaa	4860
tgccgtcact	cctgctgaga	taaatgcgtc	tttaaaaaata	gtctctgtgg	cagggtcactg	4920
ggggacaatg	tacagcatte	tggccatcca	cttctttttc	acttcatggt	ctaccccaag	4980
agactcccga	tgtcggctgt	ggagggttaa	agggatgagg	ctttcctttg	tttagcaaat	5040
ctgttcacag	ttcttgatga	tgtattttat	gatgccacgc	ttggaaatag	ttgctttcca	5100
tagtctcaac	tgtattgtgt	catctcctga	tgtgtatttt	tgatcttttg	ttttattaaa	5160
aataatagt	gaaagaggtg	tgcctatctg	tgaagtttgt	agtacatcat	cctgaggcca	5220
tgtacaagt	aaacccaac	ccagcgttcc	ctcctacgtt	gtgttagttc	attaaaaacta	5280
aataataaaa	ataactgtaa	gaaaacctta	a			5311

<210> 144
 <211> 2362
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 144

cactcagggc	aagggtgtcc	gacggctgga	gcgttctgtt	ttgaacccaa	agtggatgat	60
gctgtcagag	ctgaactact	gaaaggaggc	tgtgaaaatt	tcccatcttc	tcattggcca	120
tcaagtggaga	taagatggaa	gactcttaca	aggataggac	ttcactgatg	aagggtgcca	180
aggacattgc	cagagaggtg	aagaaacaaa	cagtaaagaa	ggtgaatcaa	gctgtggacc	240
gagcccagga	tgaatacacc	cagaggtcct	acagtcgggt	ccaagatgaa	gaagatgatg	300
atgactacta	cccggtctga	gaaacctata	atggtgaggc	caacgatgac	gaaggctcaa	360
gtgaagccac	tgaggggcat	gatgaagatg	atgagatcta	tgagggggag	tatcagggca	420
tccccagtat	gaaccaagcg	aaggacagca	tcgtgtcagt	ggggcagccc	aaggcgatg	480
agtacaagga	ccgacgggag	ctggaatcag	aaaggagagc	tgacgaggaa	gagttagccc	540
agcagtatga	gctgataatc	caagaatgcg	gtcatggctg	ttttcagtgg	gcccttttct	600
tcgtcctggg	catggctctt	atggcagacg	gtgtagagggt	gtttgtcgtt	ggcttcgtgt	660
taccacgtgc	tgagacagac	ctctgcatcc	caaatccagg	atctggatgg	ctaggcagca	720
tagtgtacct	cgggatgatg	gtgggggctg	tcttctgggg	aggactggca	gacaaagtgg	780

```

gaaggaaaca gtctcttctg atttgcattg ctgtcaacgg attctttgcc ttcctttctt 840
catttgtcca aggttatggc ttctttctct tctgtcgtt actttctgga ttcgggattg 900
gaggagccat acccactgtg ttctcgtact ttgtggaagt cctggcccg gaaaagcggg 960
gcgaacactt gagctggctc tgcattgtct ggatgatcgg tggcatctac gcctctgcca 1020
tggcctgggc catcatcccg cactacgggt ggagcttcag catgggatcg gcctaccagt 1080
ttcacagttg gcgtgtgttt gtcatcgtct gtgcaactccc ctgtgtctcc tccgtgggtg 1140
ccctcacatt catgcctgaa agcccacgat tcttgttga gggttgaaaa catgatgaag 1200
cttggtgatg tctgaagtta attcatgaca ccaacatgag agcccggggg cagcctgaga 1260
aggtcttcac ggtaaacaaa ataaaaactc ctaaacaaat agatgagctg attgaaattg 1320
agagtgcacac aggaacatgg tataggaggt gttttgttcg gatccgcacc gagctgtacg 1380
gaatttggtt gacttttatg agatgtttca actaccaggt cagggataat acaataaagc 1440
ttacaattgt ttggttcacc ctgtcctttg ggtactatgg attatccgtt tggttccctg 1500
atgtcattaa acctctgcag tccgatgaat atgcattgct aaccagaaat gtggagagag 1560
ataaatatgc aaatttctact attaaacttta caatggaaaa tcagattcat actggaatgg 1620
aatacgacaa tggcagattc ataggggtca agttcaaatc tgtaactttc aaagactctg 1680
tttttaagtc ctgcaccttt gaggatgtaa cttcagtga cactacttc aagaactgca 1740
cattttattga cactgttttt gacaacacag attttgagcc atataaatc attgacagtg 1800
aatttaaaaa ctgctcgttt ttccacaaca agacgggatg tcagattacc tttgatgatg 1860
actatagtgc ctactggatt tattttgtca actttctggg gacattggca gtattgccag 1920
ggaacattgt gtctgctctg ctgatggaca gaattgggcg cttacaatg ctagggtggc 1980
ctatgggtgt ttcggggatc agctgtttct tcctttggtt cggcaccagt gaatccatga 2040
tgataggcat gctgtgtctg tacaatggat tgaccatctc agcctggaac tctcttgacg 2100
tggtcactgt ggaactgtac cccacagacc ggagggcaac aggcctttggc ttcttaaatg 2160
cgctatgcaa ggcagcagcc gtctgggaa acttaatat tggctctctg gtcagcatca 2220
ccaaatcaat ccccatcctg ctggcttcta ctgtgctcgt gtgtggagga ctcgttgggc 2280
tgtgcctgcc tgacacacga acccaggttc tgatgtaatg ggaaaaaag ccattccttc 2340
tgcgtttctt cctcctgccc tg 2362

```

5

<210> 145
 <211> 2053
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 145

catctttgat	gagggcagag	ctcacgttgc	attgaagacg	aaacctcggg	gaggtcaggc	60
gctgtctttc	cttccctccc	tgctcggcgg	ctccaccaca	gttgcaacct	gcagaggccc	120
ggagaacaca	accctcccga	gaagcccagg	tccagagcca	aacctgcac	tgacccccca	180
gcccaggcgc	ccagccactc	cccacgccta	ccatggccga	agacgcagac	atgcgcaatg	240
agctggagga	gatgcagcga	agggctgacc	agttggctga	tgagtcgctg	gaaagcacc	300
gtcgtatgct	gcaactggtt	gaagagagta	aagatgctgg	tatcaggact	ttgggttatgt	360
tggatgaaca	aggagaacaa	ctcgatcgtg	tcgaagaagg	catgaacat	atcaaccaag	420
acatgaagga	ggctgagaaa	aatttaaaag	atthagggaa	atgctgtggc	cttttcatat	480
gtccttgtaa	caagcttaaa	tcaagtgatg	cttacaaaaa	agcctggggc	aataatcagg	540
acggagtggg	ggccagccag	cctgctcgtg	tagtggacga	acgggagcag	atggccatca	600
gtggcggcct	catccgcagg	gtaacaaatg	atgcccagga	aaatgaaatg	gatgaaaacc	660
tagagcagg	gagcggcatc	atcggaacc	tccgtcacat	ggccctggat	atgggcaatg	720
agatcgatac	acagaatcgc	cagatcgaca	ggatcatgga	gaaggctgat	tccaacaaaa	780
ccagaattga	tgaggccaac	caacgtgcaa	caaagatgct	gggaagtggg	taagtgtgcc	840
caccctgtgt	ctcctccaaa	tgctgtcggg	caagatagct	ccttcagtct	ttctctatgg	900
tattatctag	taggtctgca	cacataacac	acatcagtc	acccccattg	tgaatgttgt	960
cctgtgtcat	ctgtcagctt	cccaacaata	ctttgtgtct	tttgttctct	cttggctctct	1020
ttctttccaa	aggttgtaca	tagtggctcat	ttgggtggctc	taactccttg	atgtcttgag	1080
tttcattttt	cattttctct	cctcggtggtc	atltgtctgaa	taacaacaat	ttaggaatgc	1140
tcaatgtgct	gttgattctt	tcaatccaca	gtattgttct	tgtaaaactg	tgacattcca	1200
cagagttact	gccacggtcc	tttgagtgtc	aggctctgaa	tctctcaaaa	tgtgccgtct	1260
ttggttcctc	atggctgtta	tctgtcttta	tgatttcatg	attagacaat	gtggaattac	1320
ataacaggca	ttgcactaaa	agtgatgtga	tttatgcatt	tatgcatgag	aactaaatag	1380
attttttagat	tctacttaa	acaaaaactt	tccatgacag	tagcatactg	atgagacaac	1440
acacacacac	acaaaacaac	agcaacaaca	acagaacaac	aacaaagcat	gctcagtatt	1500
gagacactgt	caagattaag	ttataaccagc	aaaagtgcag	tagtgtcact	tttttcctgt	1560
caatatatag	agacttctaa	atcataatca	tcctttttta	aaaaaaagaa	ttttaaaaaa	1620
gatggatttg	acacactcac	catttaaatca	tttccagcaa	aatatatggt	tggctgaaat	1680
tatgtcaaat	ggatgtaata	tagggtttgt	ttgctgcttt	tgatggctac	gttttggaga	1740
gagcaatctt	gctgtgaaac	agtgtggatg	taaattttat	aaggctgact	cttactaacc	1800
accatttccc	ctgtggtttg	ttatcagtac	aattctttgt	tgcttaatat	agagctatgc	1860
acaccaaatt	gctgagatgt	ttagtagctg	ataaagaaac	cttttaaaaa	aataatataa	1920
atgaatgaaa	tataaactgt	gagataaata	tcattatagc	atgtaatat	aaattcctcc	1980
tgtctcctct	gtcagtttgt	gaagtgattg	acatttttga	gctagttaa	aattattaaa	2040
aattatagac	tcc					2053

- 5 <210> 146
 <211> 2053
 <212> ADN
 <213> Homo sapiens
 <400> 146

10

```

catctttgat gagggcagag ctacggttgc attgaagacg aaacctcggg gaggtcaggc 60
gctgtctttc cttccctccc tgctcggcgg ctcaccacac gttgcaacct gcagaggccc 120
ggagaacaca accctcccga gaagcccagg tccagagcca aacctgcac tgacccccc 180
gccaggcgc ccagccactc cccacgcta ccatggccga agacgcagac atgcgcaatg 240
agctggagga gatgcagcga agggctgacc agttggctga tgagtcgctg gaaagcacc 300
gtcgtatgct gcaactggtt gaagagagta aagatgctgg tatcaggact ttgggttatgt 360
tggatgaaca aggagaacaa ctggaacgca ttgaggaagg gatggacaa atcaataagg 420
acatgaaaga agcagaaaag aatttgacgg acctaggaaa attctgcggg ctttgtgtgt 480
gtccctgtaa caagcttaaa tcaagtgtatg cttacaaaaa agcctggggc aataatcagg 540
acggagtggg gccagccag cctgctcgtg tagtggacga acgggagcag atggccatca 600
gtggcggcct catccgcagg gtaacaaatg atgcccaga aaatgaaatg gatgaaaacc 660
tagagcaggg gagcggcatc atcgggaacc tccgtcacat ggcctggat atgggcaatg 720
agatcgatac acagaatcgc cagatcgaca ggatcatgga gaaggctgat tccaacaaaa 780
ccagaattga tgaggccaac caacgtgcaa caaagatgct ggggaagtgg taagtgtgcc 840
caccctgtgt ctcctcaaaa tgctgtcggg caagatagct ccttcatgct tttctcatgg 900
tattatctag taggtctgca cacataacac acatcagtc accccattg tgaatgttgt 960
cctgtgtcat ctgtcagctt cccaacaata ctttgtgtct tttgttctct cttggtctct 1020
ttctttccaa aggttgtaaa tagtggtcat ttggtggctc taactccttg atgtcttgag 1080
tttcattttt cattttctct cctcgggtggc atttgctgaa taacaacaat ttaggaatgc 1140
tcaatgtgct gttgattctt tcaatccaca gtattgttct tgtaaaactg tgacattcca 1200
cagagttact gccacggtcc tttgagtgtc aggcctctgaa tctctcaaaa tgtgccgtct 1260
ttggttcctc atggctgtta tctgtcttta tgatttcatt attagacaat gtggaattac 1320
ataacaggca ttgactaaa agtgatgtga tttatgcatt tatgcatgag aactaaatag 1380
attttttagat tctacttaa acaaaaactt tccatgacag tagcatactg atgagacaac 1440
acacacacac acaaaacaac agcaacaaca acagaacaac acaaaagcat gctcagatt 1500
gagacactgt caagattaag ttataccagc aaaagtgcag tagtgtcact ttttctctgt 1560
caatatatag agacttctaa atcataatca tcctttttta aaaaaaagaa ttttaaaaaa 1620
gatggatttg acacactcac catttaatca tttccagcaa aatatatgtt tggctgaaat 1680
tatgtcaaat ggatgtaata tagggtttgt ttgctgcttt tgatggctac gttttggaga 1740
gagcaatctt gctgtgaac agtggtgatg taaattttat aaggctgact cttactaacc 1800
accatttccc ctgtggtttg ttatcagtac aattctttgt tgcttaatct agagctatgc 1860
acaccaaatt gctgagatgt ttagtagctg ataaagaaac cttttaaaaa aataatataa 1920
atgaatgaaa tataaactgt gagataaata tcattatagc atgtaaatatt aaattcctcc 1980
tgtctcctct gtcagtttgt gaagtgtatt acattttgta gctagttaa aattattaaa 2040
aattatagac tcc 2053

```

<210> 147

<211> 5

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

10 <400> 147

Asp Glu Ala Asn Gln
1 5

<210> 148

<211> 6

15 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Antígeno de SNAP-25 que tiene un extremo carboxilo libre en el residuo P1 del enlace escindible del sitio de escisión de BoNT/A

20 <400> 148

Ile Asp Glu Ala Asn Gln
1 5

<210> 149

<211> 357

25 <212> ADN

ES 2 689 703 T3

<213> Mus musculus
<400> 149

```
caggatgaagc tgcaggagtc tggacctgaa ctggtaaagc ctggggcttc agtgaagatg 60
tcctgcaagg cttctggata cacattcact aactatgtta tacactgggt gaagcaaaag 120
cctgggcagg gccttgagtg gattggatat attaatcctt acaatgatgg ctctaagtac 180
aatgagaagt tcaaaggcaa ggcctcactg acttcagaca aatcctccag cacagcctac 240
atggagctca gcagcctgac ctctgaggac tctgcggtct attactgtgc aagacatctc 300
gctaataacct actactactt tgactactgg ggccaaggca ccactctcac agtctcctca 360
```

<210> 150
<211> 120
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 150

```
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
  1          5          10          15
Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
  20          25          30
Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
  35          40          45
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asn Asp Gly Ser Lys Tyr Asn Glu Lys Phe
  50          55          60
Lys Gly Lys Ala Ser Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
  65          70          75          80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
  85          90          95
Ala Arg His Leu Ala Asn Thr Tyr Tyr Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
 100          105          110
Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
 115          120
```

<210> 151
<211> 5
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 151

```
Ala Arg Met Gly Tyr
  1          5
```

<210> 152
<211> 13
<212> PRT
<213> Mus musculus
<400> 152

```
Ala Arg His Leu Ala Asn Thr Tyr Tyr Tyr Phe Asp Tyr
  1          5          10
```

REIVINDICACIONES

1. Células de una línea celular inmortal seleccionadas de una línea celular SiMa parental DSMZ ACC 164 donde las células son susceptibles a intoxicación con BoNT/A y donde las células muestran una CE_{50} para actividad de BoNT/A de 2,2 pM o menos.

FIG. 1A.

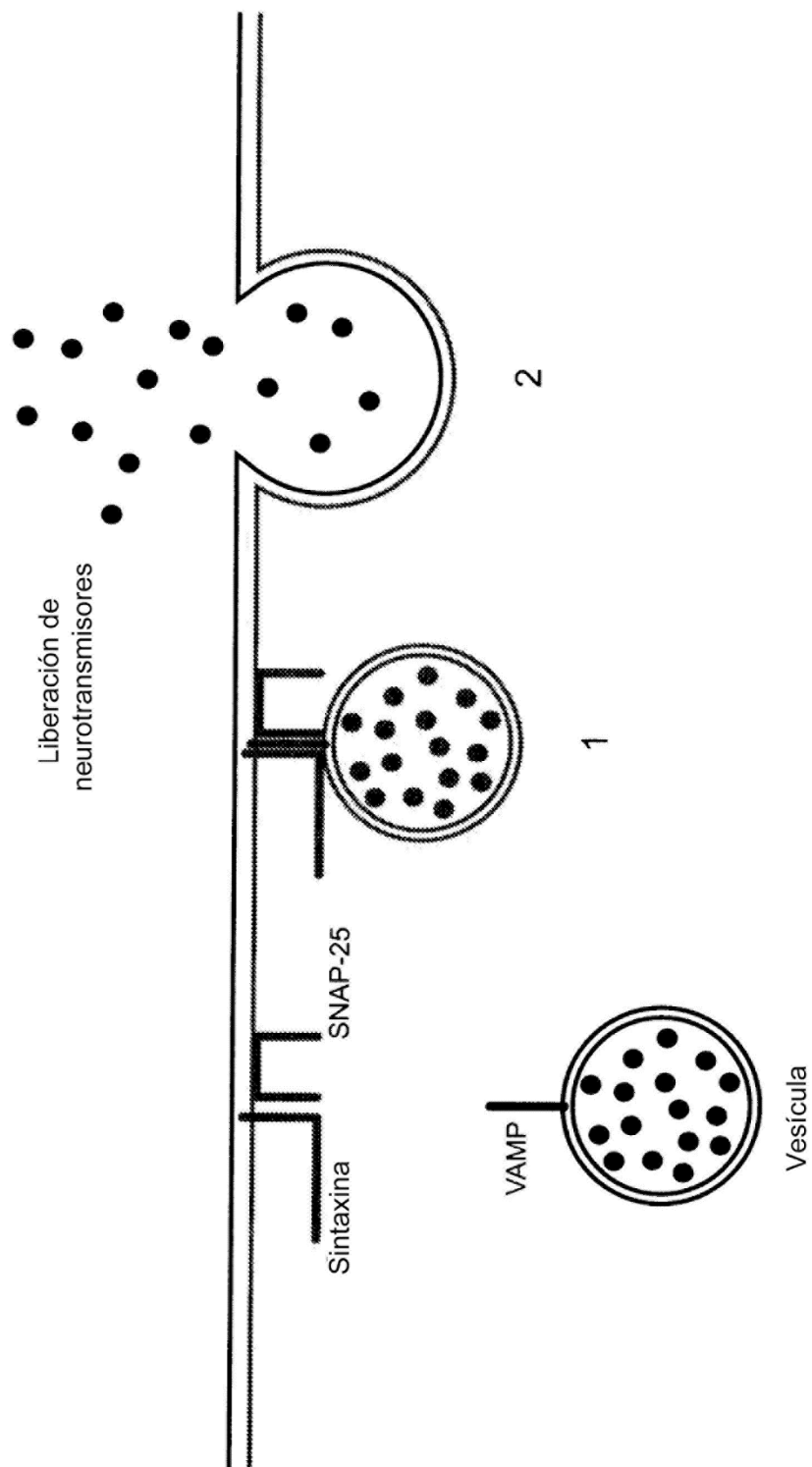


FIG. 1B.

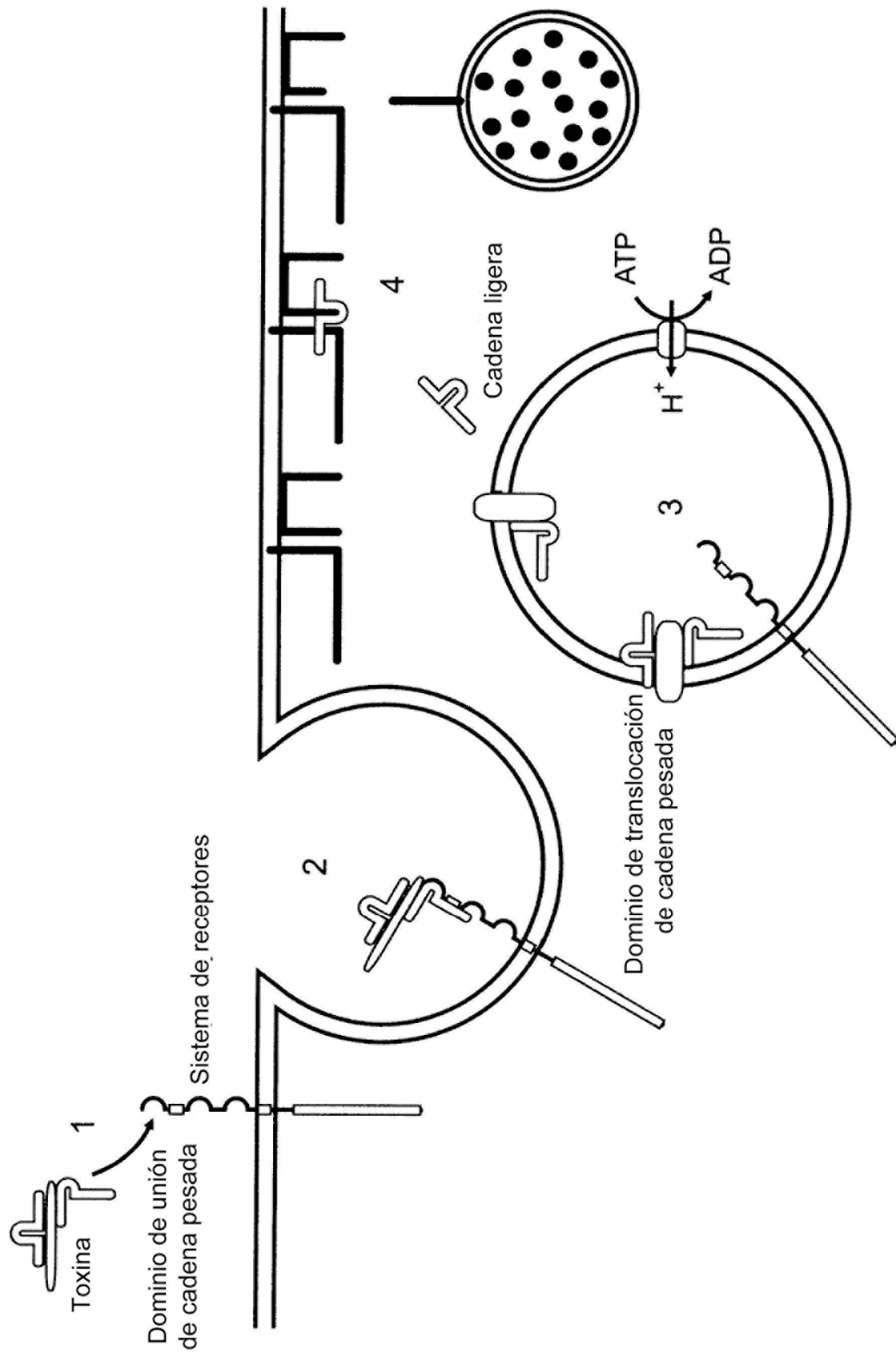


FIG. 2A.

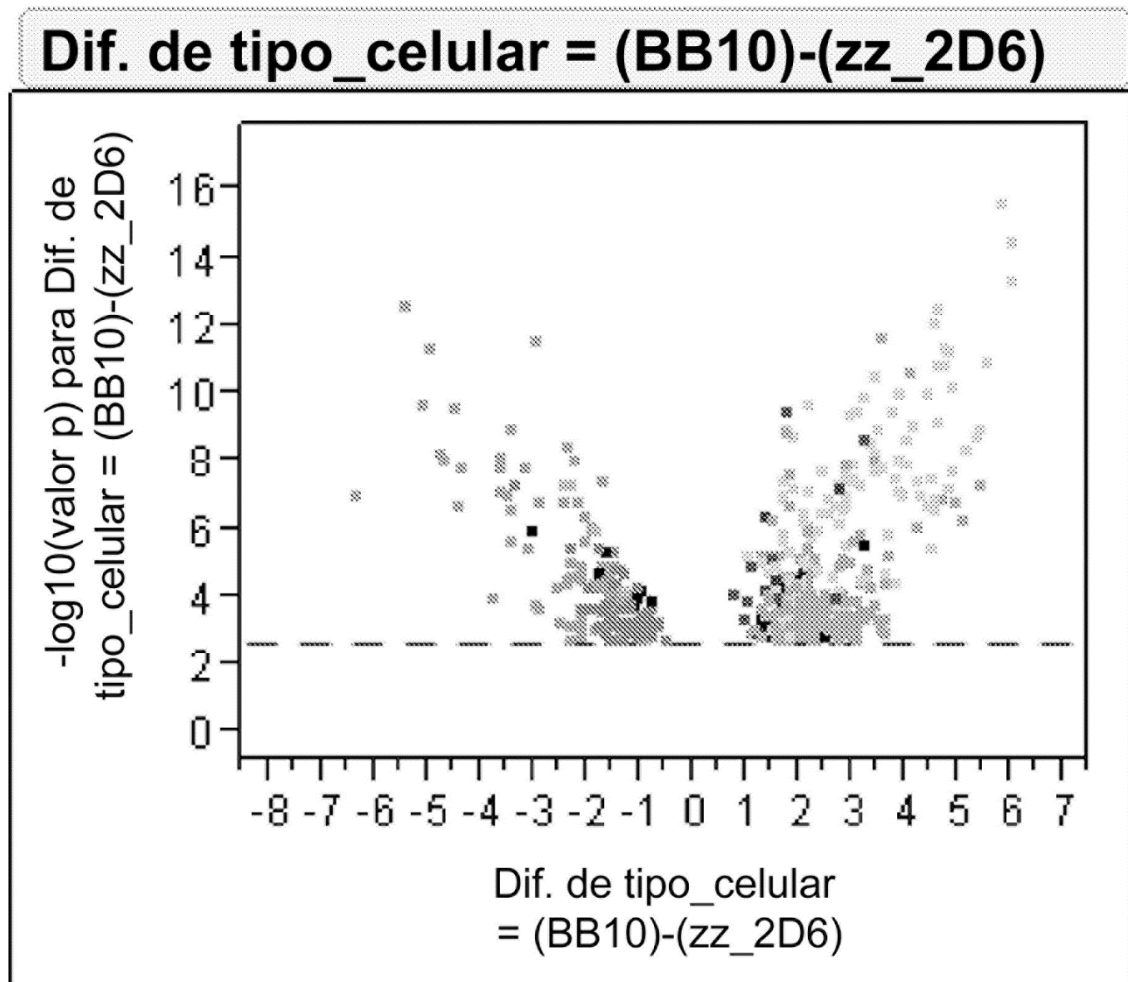


FIG. 2B.

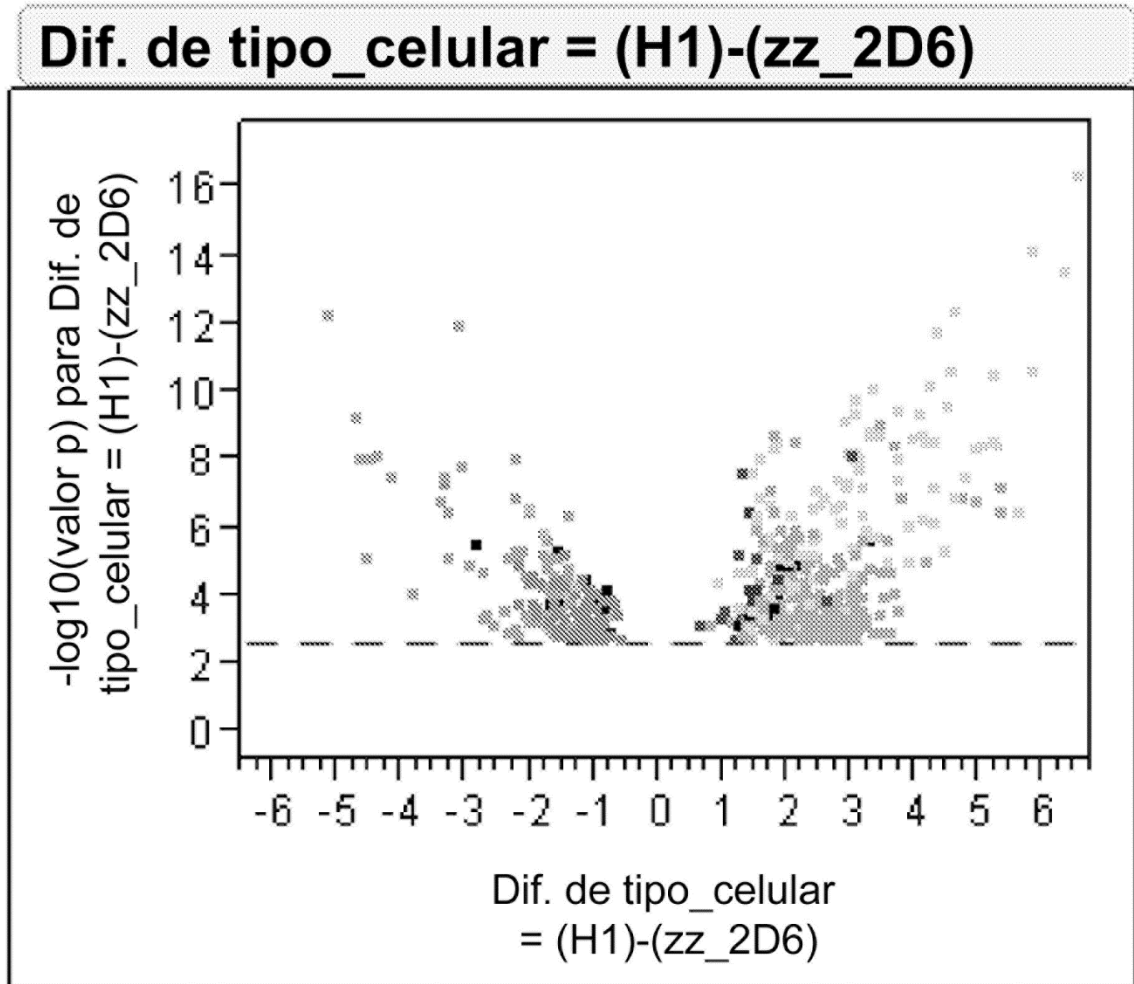


FIG. 2C.

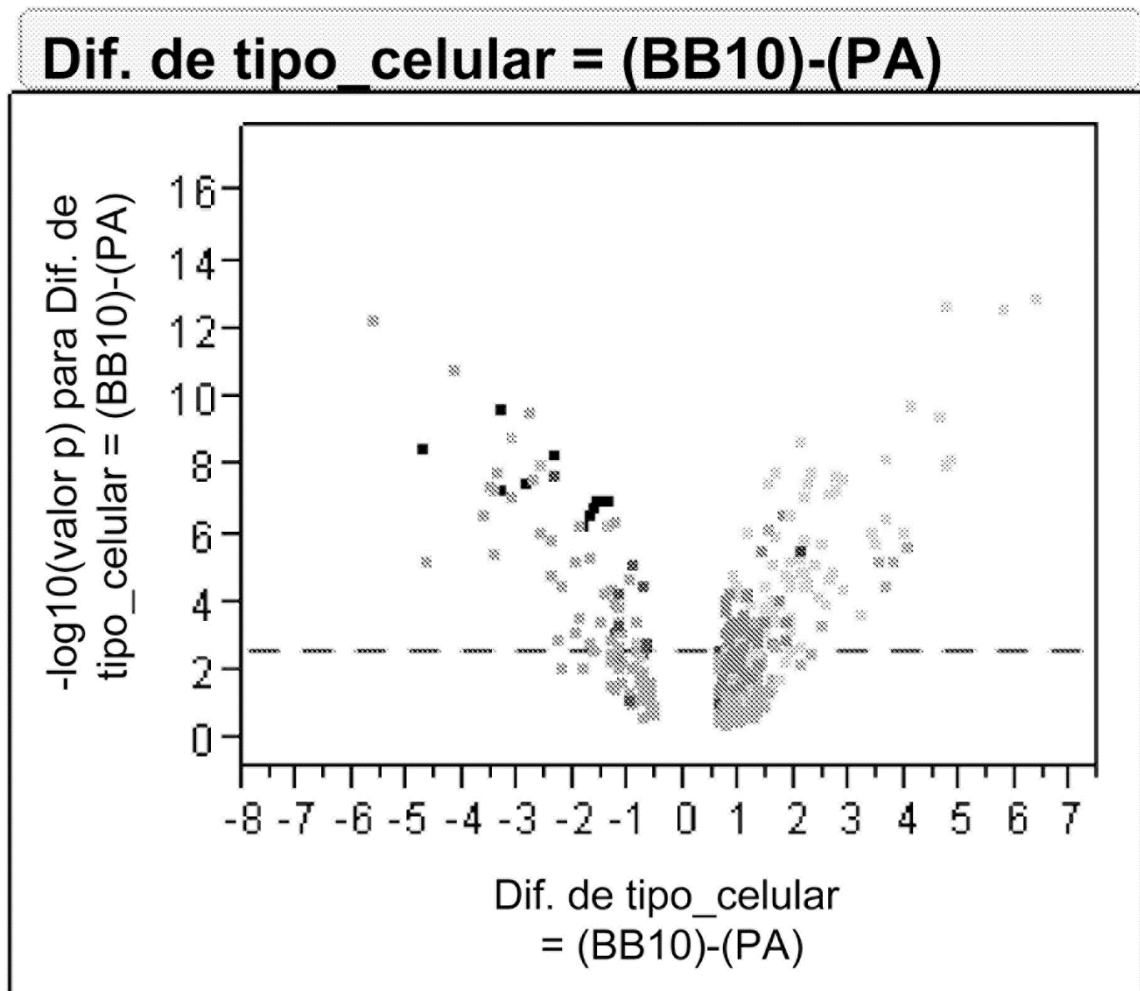


FIG. 2D.

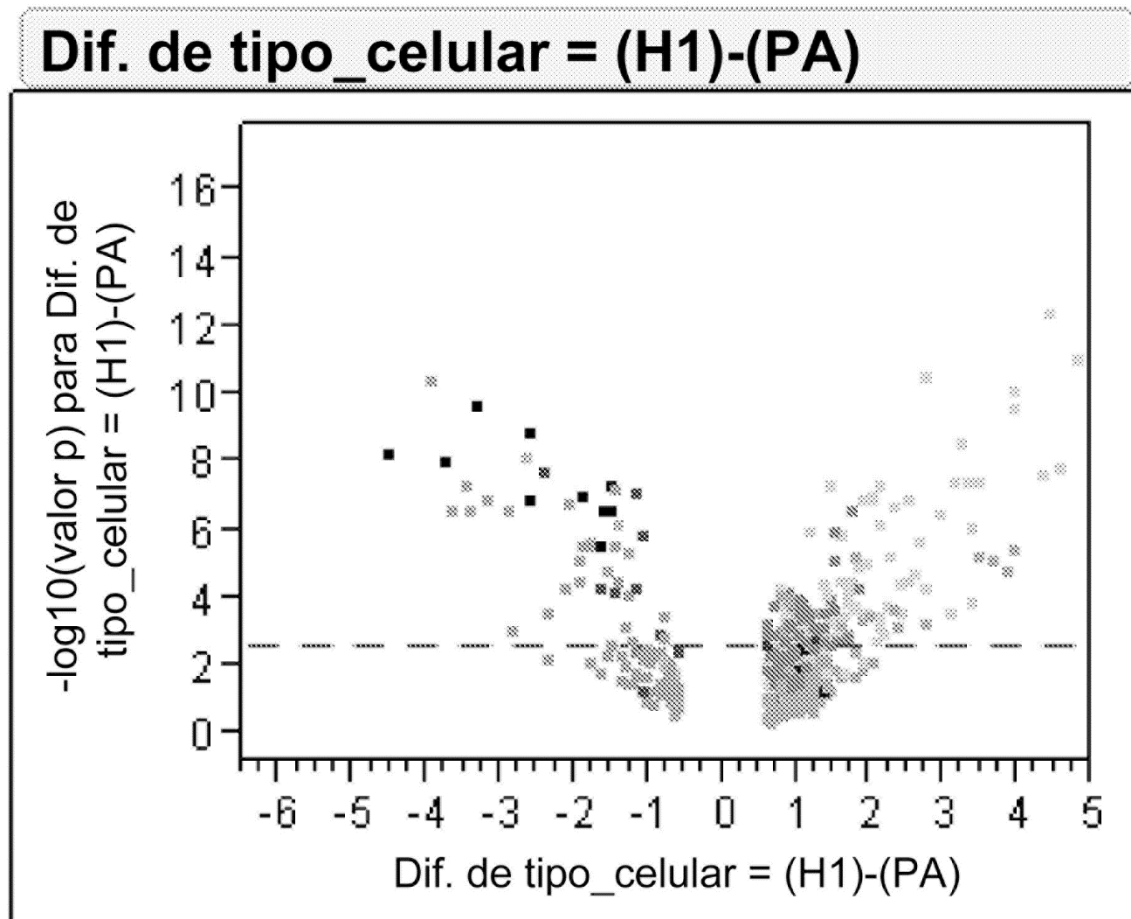


FIG. 2E.

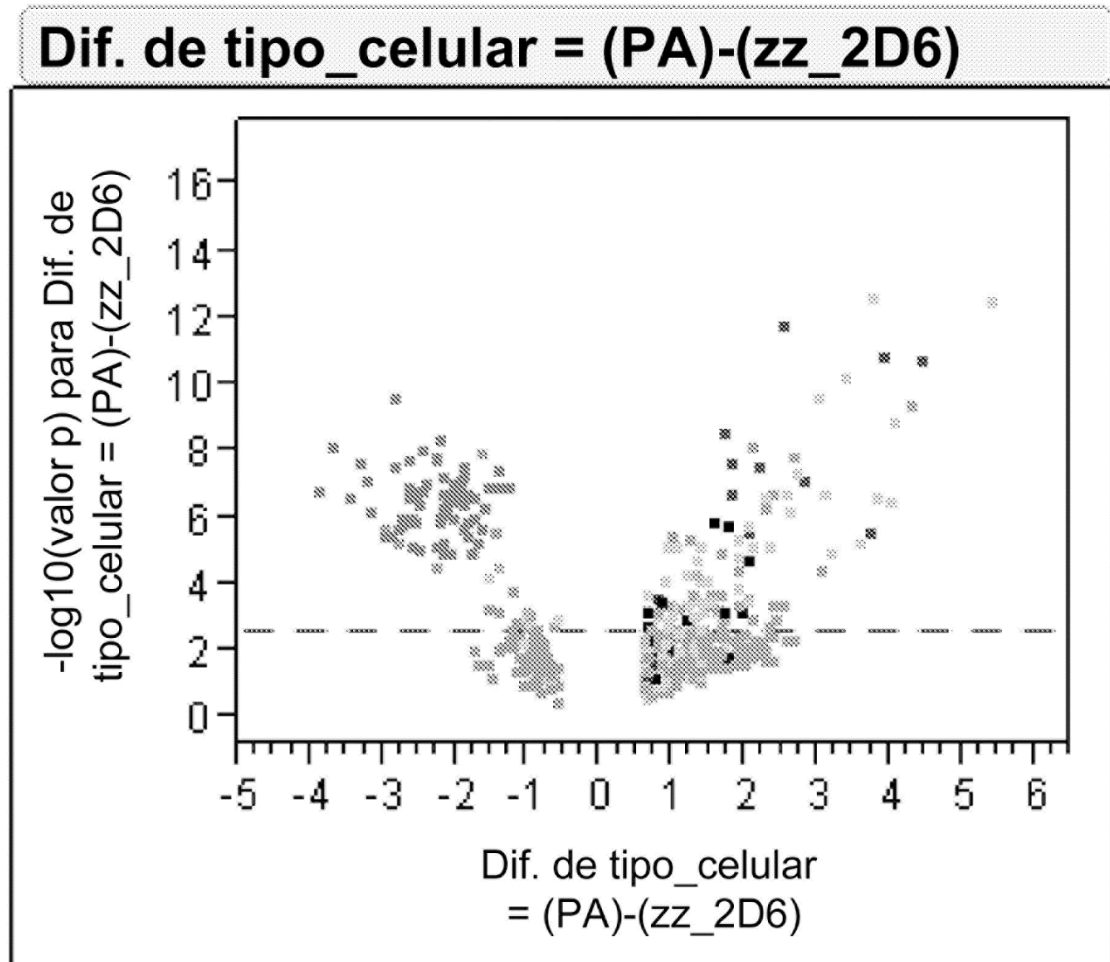


FIG. 3A.

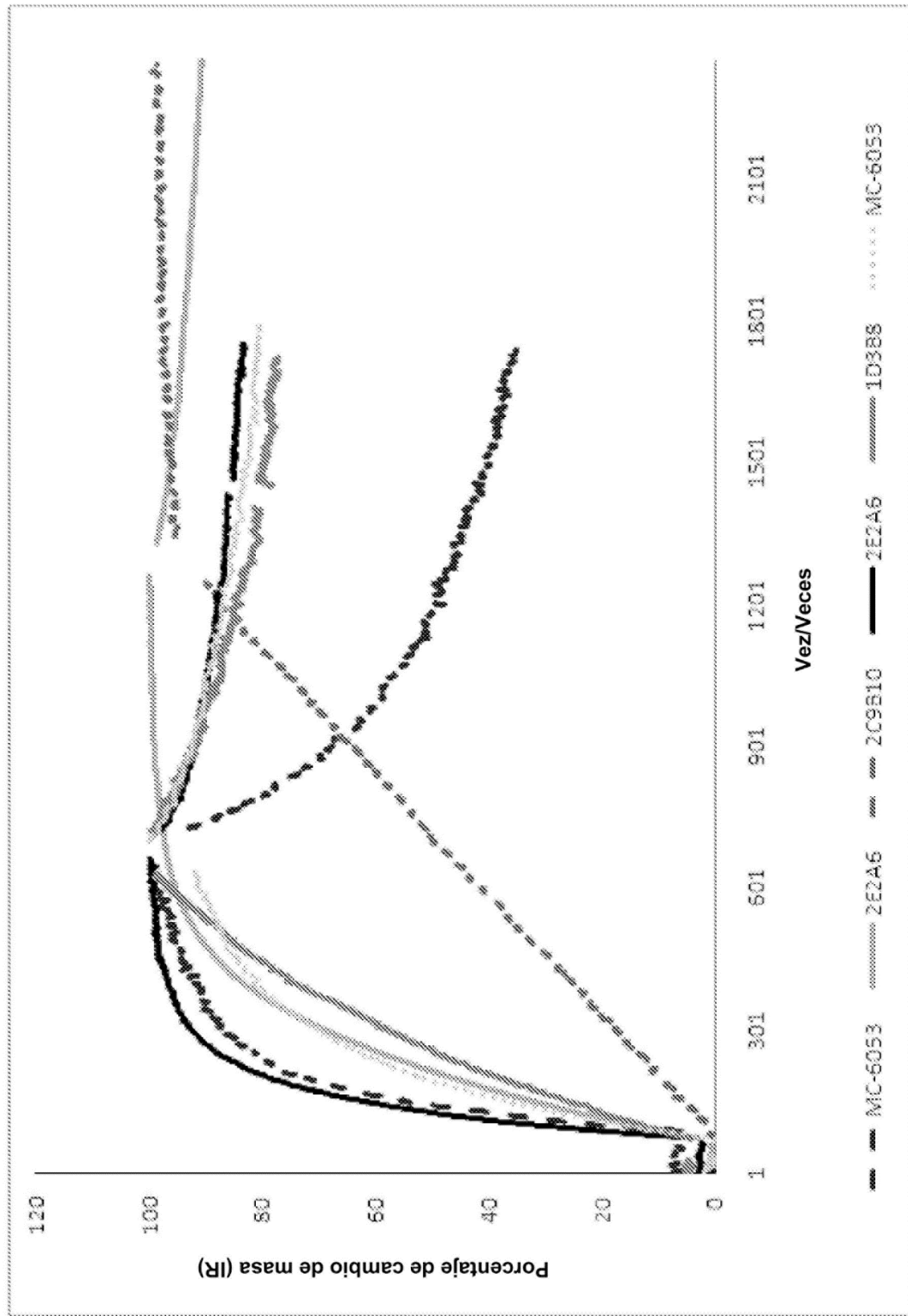


FIG. 3B.

