

UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE MEDICINA



**ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA EN LA
ENFERMEDAD PERIODONTAL Y OBTENCIÓN DE UN
MODELO DE MATRIZ BIOLÓGICA DESCELULARIZADA
PARA LA REGENERACIÓN TISULAR GUIADA**

TESIS DOCTORAL

Ana Celeste Ximenes Oliveira

Universidad de Granada

Facultad de Medicina

2013

Editor: Editorial de la Universidad de Granada
Autor: Ana Celeste Ximenes Oliveira
D.L.: GR 1393-2013
ISBN: 978-84-9028-543-5

Esta Tesis Doctoral ha sido realizada en los laboratorios del Grupo de Ingeniería Tisular del Departamento de Histología de la Universidad de Granada y financiada por las siguientes ayudas y Proyectos de Investigación:

- FIS PI11/2680 del Fondo de Investigación Sanitaria del Instituto de Salud Carlos III (Ministerio de Economía y Competitividad)
- FPS PI/0512/2011 de la Fundación Progreso y Salud (Junta de Andalucía)

La doctoranda Ana Celeste Ximenes Oliveira y los directores de la tesis María del Carmen Sánchez Quevedo, Ingrid Johanna Garzón Bello e Ismael Ángel Rodríguez, garantizamos, al firmar esta Tesis Doctoral, que el trabajo ha sido realizado por el doctorando bajo la dirección de los directores de la tesis y hasta donde nuestro conocimiento alcanza, en la realización del trabajo, se han respetado los derechos de otros autores a ser citados, cuando se han utilizado sus resultados o publicaciones.

Granada, 27 de Noviembre de 2012.

Doctoranda

Fdo.: Ana Celeste Ximenes Oliveira

Director/es de la Tesis

Fdo.: María del Carmen Sánchez Quevedo

Fdo.: Ingrid Johanna Garzón Bello

Fdo.: Ismael Ángel Rodríguez

**ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA EN LA ENFERMEDAD PERIODONTAL Y
OBTENCIÓN DE UN MODELO DE MATRIZ BIOLÓGICA DESCELULARIZADA PARA LA
REGENERACIÓN TISULAR GUIADA**

Memoria que presenta la Licenciada en Odontología y Máster en Ingeniería Tisular

Ana Celeste Ximenes Oliveira

para aspirar al título de Doctor

Fdo.: Ana Celeste Ximenes Oliveira

VºBº El Director de Tesis

VºBº El Director de Tesis

Fdo.: Dra. Dª Carmen Sánchez Quevedo

Fdo.: Dª Dra. Ingrid Johanna Garzón Bello

Universidad de Granada, España

Universidad de Granada, España

VºBº El Director de Tesis

Fdo.: Dr. Dº Ismael Ángel Rodríguez

Universidad Nacional de Córdoba, Republica de Argentina

Departamento de Histología

Universidad de Granada

2013

A mis padres...

Agradecimientos

Es cierto que cuando se decide vivir en otro país para alcanzar determinadas metas de vida, cuenta con la colaboración, directa e indirecta, de muchas personas. Esta Tesis Doctoral, como un escalón académico, forma parte de ese contexto de metas profesionales y personales que he buscado en la ciudad de Granada. Así, mis agradecimientos van dirigidos a:

- A Dios, por la vida.
- A mis padres, por el amor incondicional y apoyo en absolutamente todos los momentos. A mi padre, Gerardo Sérgio, por su ejemplo académico y humano. A mi madre, Áurea, por su valentía y esfuerzo en buscar, en el amor materno, la comprensión de mi ausencia.
- A la Dra. María del Carmen Sánchez, la “Jefa”, por el apoyo como directora de esta Tesis Doctoral y por aportarme conocimiento en microanálisis. También, Por su gran contribución para la mejora y enriquecimiento de mi castellano, y por la atención, cariño y cuidados siempre muy maternos.
- A la Dra. Ingrid Garzón, directora de esta Tesis Doctoral, por su contribución fundamental en la realización de esta investigación y el tiempo que me ha dedicado siempre que la he necesitado. Por enseñarme, seguramente, la mayor parte del conocimiento, por mí aquí adquirido, acerca de técnicas empleadas en un laboratorio de Ingeniería Tisular. Por la paciencia, la confianza, la amistad y por acordarme siempre que hay que hacer las cosas “con amor”.
- Al Dr. Ismael Ángel, por el apoyo como director de esta Tesis Doctoral. Sobre todo, por introducirme al grupo de investigación de Ingeniería Tisular de la Universidad de Granada, por iniciarme en la práctica de cultivos celulares, por el ejemplo de trabajo constante y perseverante, y por el estímulo profesional.
- Al Dr. Antonio Campos, el “Jefe”, por su motivación como coordinador del grupo de investigación, por el ejemplo docente y por el auxilio fundamental en esta Tesis Doctoral. Además, por explicarme casualmente, en una de sus charlas, la importancia del pragmatismo en todos los aspectos de la vida en estas palabras “...asumir lo asumible, revisar lo revisable y proyectar lo proyectable...”.
- Al Dr. Miguel Alaminos, el “Máster”, por el ejemplo como investigador, por la ayuda importante en esta Tesis Doctoral, y sobre todo, por la oportunidad de convivir con una persona de admirable inteligencia y humildad, notadas en la disposición en ayudar, enseñar y solucionar, de forma tan generosa y sencilla.
- A mis colegas de diario, Ingrid, Miguel Ángel, Camilo Andrés, Giuseppe, Miguelito, Sebastián, Salvador y a otras personas que por aquí pasaron, como Deyanira y Renato, por el trabajo en equipo gratificante y por lo que todos me han aportado, cada uno a su manera, a mi vida

profesional y personal. Por la amistad y la “familia” que algunos representan para mí, aquí en España.

- Al departamento de Histología de la Universidad de Granada y a los integrantes de este departamento, por permitirme aprender y colaborar con las investigaciones. Al Dr. Crespo Ferrer, por la amable atención siempre que he necesitado algo, al Dr. José Manuel por su aporte de conocimiento en microscopía electrónica, al Dr. Eduardo Segura por enseñarme el procesamiento de sobrenadantes para microanálisis y al técnico María Ángeles por ser tan solícita cuando le he requerido.
- Al grupo de Ingeniería Tisular de la Universidad de Granada, por acogerme tan bien en estos 5 años de convivencia y por la oportunidad que me han brindado.
- A los colegas del departamento de Óptica de la Universidad de Granada Ana Ionescu, por su colaboración en la cuantificación de las células en este estudio, y Juancho, por su ayuda en el manejo del programa *Image J* cuando lo necesité.
- A muchos amigos, por aportarme momentos de alegría y apoyo, como Oscar, Inmaculada, Daniel, Carolina, Diana, Rogerio, Márcia, Kiki, Beatriz y otras personas. A Patricia, Camila y Erika con quien compartí mi llegada a España. A Monica por su compañerismo, estímulo y ejemplo profesional.
- A la familia Cardoso Ribeiro, por el ejemplo académico de mis padrinos Clarete y Wilson, por el apoyo substancial de Clarissa y Gerson en los momentos iniciales en España y por la amistad de Carla en este periodo.
- A la familia Ximenes y Oliveira, por la energía en mi depositada cuando vine a España. A tía Suzana, por su apoyo y cariño en este periodo. A mis abuelos, por el ejemplo de responsabilidad y trabajo. A mis abuelas, por el ejemplo de gran fuerza espiritual.

“O correr da vida embrulha tudo, a vida é assim: esquenta e esfria,

Aperta e daí afrouxa, sossega e depois desinquieta.

O que ela quer da gente é coragem”

(João Guimarães Rosa)

Indice

1. Introducción	2
1.1. Enfermedad periodontal	2
1.1.1. Definición y factores etiológicos	2
1.1.2. Clasificación de la enfermedad periodontal	5
1.1.3. Criterios diagnósticos de la enfermedad periodontal.....	11
1.1.4. Tratamiento de la enfermedad periodontal	13
1.2. Ingeniería tisular	17
1.2.1. Células.....	17
1.2.2. Biomateriales.....	19
1.2.3. Señales moleculares	25
2. Objetivos	28
2.1. General	28
2.2. Específicos.....	28
3. Materiales y Métodos	30
3.1. Obtención de muestras de mucosa oral humana normal y afectada por enfermedad periodontal	30
3.2. Análisis del patrón histológico de la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal	31
3.3. Análisis de expresión génica mediante <i>microarrays</i>	31
3.4. Análisis de los datos de expresión obtenidos mediante microarray de oligonucleótidos	32
3.5. Análisis de expresión de proteínas mediante <i>Western blotting</i>	32
3.6. Preparación de muestras de intestino delgado para elaboración de membrana biológica compatible mediante proceso de descelularización	33
3.7. Protocolos de elaboración de membrana biológica compatible mediante proceso de descelularización	34
3.7.1. Métodos químicos.....	34
3.7.2. Métodos físicos	34
3.8. Análisis histológico e histoquímico de la membrana biológica	

compatible elaborada mediante proceso de descelularización	34
3.9. Análisis estadístico	35
4. Resultados	38
4.1. Análisis del patrón histológico de la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal.....	38
4.2. Análisis de expresión génica.....	39
4.2.1. Identificación de genes alterados en enfermedad periodontal mediante <i>microarrays</i> de oligonucleótidos	39
4.2.2. Identificación de funciones génicas asociadas a la enfermedad periodontal.....	39
4.2.3. Validación de los niveles de expresión génica mediante análisis de expresión de proteínas (<i>Western blotting</i>)	46
4.3. Análisis de la eficacia de los métodos de descelularización mediante la tinción DAPI	47
4.4. Análisis de la membrana biológica compatible elaborada mediante descelularización.....	49
4.4.1 Análisis cualitativo de la membrana biológica compatible mediante tinción de Hematoxilina Eosina (HE)	49
4.4.2. Análisis de las fibras colágenas de la membrana biológica compatible mediante la tinción Picrosirius.....	51
4.4.3. Análisis de las fibras reticulares de la membrana biológica compatible mediante la tinción reticulina de Gomori.....	53
4.4.4. Análisis de las glicoproteínas de la membrana biológica compatible mediante la tinción PAS.....	55
4.4.5. Análisis de los proteoglicanos de la membrana biológica compatible mediante la tinción azul de alcán	57
5. Discusión.....	60
6. Conclusiones.....	73
7. Referencias Bibliográficas.....	75
8. Tabla Suplementaria	87

1. INTRODUCCIÓN

1. Introducción

En la presente Tesis Doctoral, en primer lugar introduciremos el concepto y los factores etiológicos implicados en la enfermedad periodontal. A continuación, presentaremos, de forma breve, la clasificación y los criterios diagnósticos, haciendo hincapié en la importancia de la realización de estudios a nivel genético como herramientas para el diagnóstico. Posteriormente, expondremos la terapéutica, puntualizando los tipos de membranas utilizadas para la regeneración tisular guiada en la terapia periodontal. Tras ello, se presentarán las bases de la ingeniería tisular, incluyendo los nuevos materiales utilizados en la terapia periodontal. Finalmente, describiremos los objetivos de la presente Tesis Doctoral en relación con la caracterización de la mucosa oral afectada por la enfermedad periodontal y el diseño de una nueva membrana biológica de posible uso terapéutico para dicha enfermedad.

1.1. Enfermedad periodontal

1.1.1. Definición y factores etiológicos

La enfermedad periodontal o periodontitis es altamente prevalente y puede afectar, en distinto grado, hasta el 90% de la población mundial (Sugano, 2012). La periodontitis es una patología que afecta a los tejidos que soportan el diente, denominados genéricamente, periodonto.

El periodonto es un conjunto de tejidos que constituyen el órgano de sostén y protección del elemento dentario. De acuerdo a su función, se divide en periodonto de protección (encía y unión dentogingival) y periodonto de inserción (cemento, ligamento periodontal y hueso alveolar) (Gómez de Ferraris y Campos, 2009). De esta forma, su función principal consiste en unir el diente al tejido óseo de los maxilares y en mantener la integridad en la superficie de la mucosa masticatoria de la cavidad oral (figura 1). El periodonto constituye una unidad de desarrollo, tanto desde el punto de vista biológico como funcional, que experimenta determinados cambios con la edad y que además está sometida a modificaciones morfológicas relacionadas con alteraciones funcionales y del medio bucal (Lindhe, 2005).

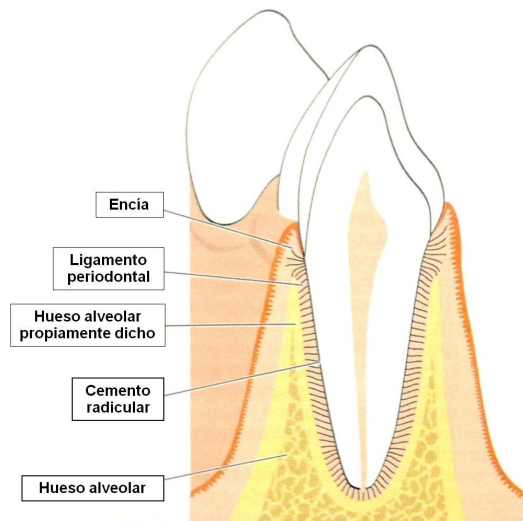


Figura 1. Diagrama ilustrativo de la anatomía del periodonto (Lindhe, 2005).

La enfermedad periodontal puede estar asociada a diversos factores etiológicos, los cuales pueden modificar las manifestaciones clínicas de la enfermedad y, del mismo modo, pueden influir sobre el plan de tratamiento a seguir. Dentro de dichos factores etiológicos podemos destacar tres grupos: A) factores etiológicos locales, B) factores etiológicos sistémicos, y C) factores genéticos y ambientales.

A) Factores etiológicos locales

El agente causal más importante de la enfermedad periodontal es, probablemente, la colonización microbiana del tejido periodontal. De hecho, el término periodontitis se refiere a una enfermedad de tipo inflamatorio causado por la microflora patógena de la cavidad oral existente en la placa bacteriana que se forma adyacente a la superficie dental. En general, la placa bacteriana puede contener más de 700 especies microbianas diferentes (He y Shi, 2009). Entre ellas, pueden existir bacterias aerobias y anaerobias como *Porphyromonas gingivalis*, *Actinobacillus spp*, *Actinomyces spp*, *Tannerella spp*, *Forsynthesis spp* y *Fusobacterium spp* (Moore y Moore, 1994), que producen irritación de los tejidos y un microambiente apropiado para la colonización de diferentes agentes patógenos (Listgarten y Loomer, 2003).

La extensión de dicho proceso inflamatorio, causado en la mayoría de los casos por la colonización bacteriana, estimula la expresión de diferentes mediadores químicos de la inflamación como interleucinas 1 (IL-1), 1 beta (IL1 β), 6 (IL6) y factor de necrosis tumoral

alfa (TNF α), entre otros. La presencia de estos mediadores químicos es capaz de modular las actividades de los linfocitos T y B, cruciales en el desarrollo de la respuesta inmune (Bascones-Martínez *et al.*, 2009). Respecto a los virus, enfermedades como la causada por VIH tienen relativamente menor efecto sobre la progresión de la enfermedad periodontal, aunque este tipo de retrovirus podría influir sobre la aparición de formas específicas de enfermedad periodontal, como es el caso de la periodontitis ulcerativa necrosante.

B) Factores etiológicos sistémicos

En segundo lugar, la enfermedad periodontal puede ser la manifestación de múltiples enfermedades sistémicas (Otomo-Corgel *et al.*, 2012), incluyendo diversos procesos de tipo inflamatorio, traumático, neoplásico y metabólico. En la mayoría de estas enfermedades sistémicas hay una disminución de la resistencia del huésped a las infecciones o alteraciones del tejido conectivo, incrementando la susceptibilidad a la inflamación. De acuerdo con esto, podemos destacar las enfermedades cardiovasculares, en las cuales la enfermedad periodontal podría jugar un papel importante en la patogeniavde la enfermedad de coronaria. De hecho, la periodontitis está asociada a altas concentraciones de fibrinógeno y citocinas, hallazgos altamente relacionados con la enfermedad cardiovascular (Ueno *et al.*, 2012).

De la misma forma, diabetes y enfermedad pulmonar (Daniel *et al.*, 2012; Prasanna, 2011), son otras de las enfermedades sistémicas más estudiadas en relación con la enfermedad periodontal. Aunque se ha demostrado que la transmisión de agentes patógenos de la placa bacteriana puede ocurrir en ausencia de inflamación gingival (Alaluusua *et al.*, 1991; Saarela *et al.*, 1993; Kononen *et al.*, 1994), la enfermedad periodontal puede ocurrir como respuesta a enfermedades sistémicas como, por ejemplo, la diabetes. Además, se ha demostrado que tanto la nutrición como el estrés (Akcali *et al.*, 2012) juegan un papel importante en la enfermedad periodontal bien sea, por deficiencia de vitaminas, proteínas y calorías o bien, por factores emocionales o psicosociales. Sin embargo, su papel exacto en la patogénesis de la enfermedad es hasta ahora desconocido (Hugoson *et al.*, 2002). Por otra parte, enfermedades como la osteoporosis, especialmente en la población femenina, incrementan el riesgo de pérdida de inserción del periodonto, aunque este riesgo puede ser atenuado con la terapia estrogénica (Ronderos *et al.*, 2000).

C) Factores genéticos y ambientales

Finalmente, un indiscutible agente causal de la enfermedad periodontal es la presencia de alteraciones genéticas, así como diferentes factores ambientales. Concretamente, múltiples alteraciones genéticas pueden afectar la función fagocitaria, la estructura del epitelio, el tejido conectivo o el diente, asociándose con frecuencia a diversas afecciones periodontales. Entre otros desordenes genéticos, destacan los síndromes de Haim-Munk y Papillon-Lefèvre, los cuales afectan principalmente la población infantil y se manifiestan con la pérdida prematura de la dentición temporal o permanente. Estos síndromes son causados por mutaciones en el gen que codifica para la catepsina C, un importante activador de la respuesta inflamatoria (Hart *et al.*, 2000; Janjua *et al.*, 2008; Nickles *et al.*, 2011). Otros síndromes que han sido asociados con diferentes afecciones periodontales graves son los síndromes de Chediak-Higashi, Ehlers-Danlos y Cohen. Hasta el momento, se considera que aproximadamente el 50% de los casos de periodontitis podrían ser atribuidos a factores genéticos (Michalowicz *et al.*, 1999; Corey *et al.*, 1993).

Por otra parte, el alcohol y el tabaco han sido catalogados como factores de riesgo ambientales para la enfermedad periodontal. Recientes estudios sugieren que la exposición al tabaco puede estar asociada con el aumento de la prevalencia y progresión de la periodontitis (Malhotra *et al.*, 2010; Walter *et al.*, 2012). Igualmente, se han realizado diferentes estudios hasta el momento relacionados con el consumo de alcohol y la enfermedad periodontal (Jansson, 2008; Lages *et al.*, 2012).

1.1.2. Clasificación de la enfermedad periodontal

Respecto a su clasificación, de acuerdo con la Academia Americana de Periodontología (Armitage, 1999), la enfermedad periodontal puede ser clasificada de la siguiente manera en:

- A) Enfermedades gingivales.
- B) Periodontitis crónica.
- C) Periodontitis agresiva.
- D) Periodontitis como manifestación de enfermedades sistémicas.

E) Enfermedad periodontal necrosante.

F) Abscesos periodontales.

G) Periodontitis asociada a lesiones endodónticas.

H) Periodontitis relacionada con alteraciones mucogingivales congénitas y adquiridas.

A seguir, pasaremos a describir, de forma breve, cada uno de los tipos de enfermedad periodontal.

A) Enfermedades gingivales

Las lesiones gingivales pueden ser inducidas o no por placa bacteriana. La gingivitis generada por placa bacteriana puede ser influenciada por factores locales o modificada por factores sistémicos, medicaciones o malnutrición. Por otro lado, las lesiones no inducidas por placa bacteriana, podrían ser causadas por infecciones específicas por hongos o virus, causas genéticas, condiciones sistémicas, reacciones de cuerpo extraño, lesiones traumáticas, u otras formas de gingivitis que no están claramente ajustadas en otras categorías (figura 2).



Figura 2. *Gingivitis marginal asociada a carillas de composite en los incisivos centrales superiores (Highfield, 2009).*

B) Periodontitis crónica

La periodontitis crónica consiste en una enfermedad infecciosa que resulta de una inflamación en las estructuras de soporte del diente, caracterizada por pérdida progresiva de inserción dentaria y de hueso, formación de bolsas periodontales y recesión gingival. Conforme a la extensión y severidad de los sitios afectados, la lesión puede ser localizada o generalizada y es más prevalente en adultos, aunque puede ocurrir en niños y adolescentes. Diferentes factores locales y sistémicos pueden jugar algún papel en la velocidad de progresión de las lesiones y podrían determinar si realmente un individuo ha de manifestar o no la enfermedad avanzada (figura 3).

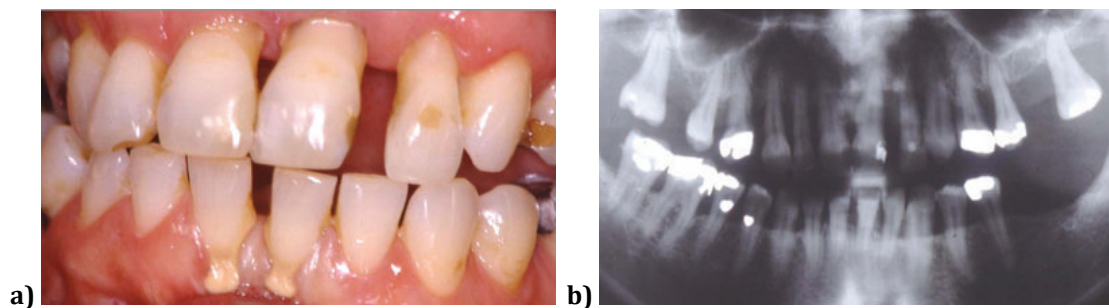


Figura 3. Periodontitis crónica. a) Foto clínica mostrando recesión gingival, placa, cálculo dental y migración anterior. b) La radiografía muestra pérdida avanzada de hueso (Highfield, 2009).

C) Periodontitis agresiva

La periodontitis agresiva se manifiesta de forma localizada o generalizada, caracterizándose por una progresiva destrucción ósea, rápida pérdida de inserción del diente, edad temprana de comienzo y tendencia a la agregación familiar de los casos. Factores como tabaco, estrés, drogas y hormonas sexuales también pueden afectar el curso de la lesión (figura 4).

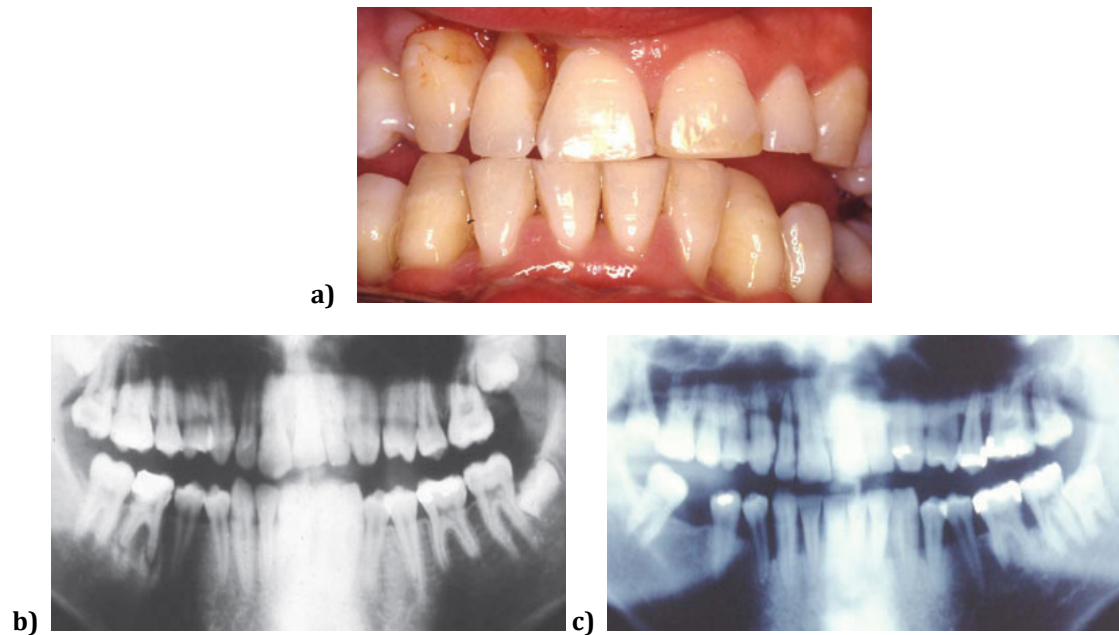


Figura 4. Periodontitis generalizada agresiva. (a) Imgen clínica de un paciente de sexo masculino, 21 años de edad, mostrando recesión gingival anterior, manifestando una pérdida de inserción del diente. Inflamación poco marcada, debido a que el paciente recibió tratamiento y la enfermedad está en fase de remisión. (b) Radiografía del paciente anterior antes del comienzo de la enfermedad agresiva, a la edad de 16 años, mostrando niveles normales de hueso. (c) Radiografía a la edad de 21 años, mostrando pérdida avanzada de hueso, una rápida destrucción de tejidos en cinco años (Highfield, 2009).

D) Periodontitis como manifestación de enfermedades sistémicas:

Este tipo de periodontitis se caracteriza por ser la manifestación de algunas enfermedades sistémicas como la neutropenia adquirida, la leucemia, la neutropenia familiar y cíclica, el síndrome de Down, el síndrome de deficiencia de adhesión leucocitaria, el síndrome de Papillon-Lefèvre, el síndrome de Chediak-Higashi, el síndrome de histiocitosis, etc. Por otra parte, enfermedades como el síndrome de inmunodeficiencia adquirida y la diabetes son consideradas modificadoras de la enfermedad periodonal siendo excluidas de esta clase de periodontitis (figura 5).

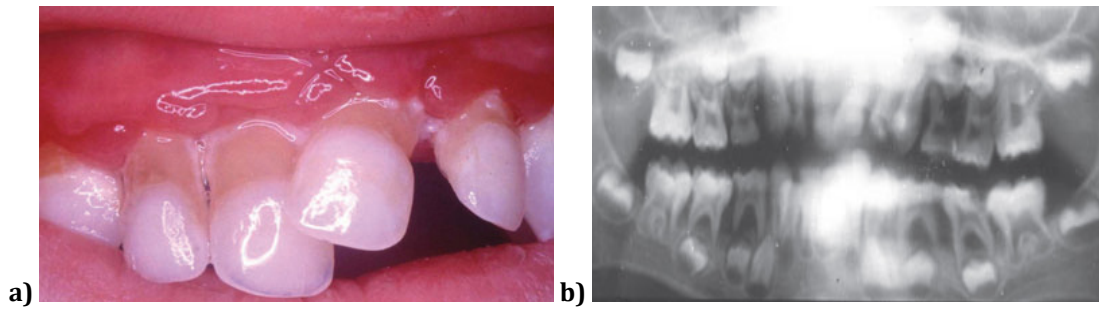


Figura 5. Neutropenia cíclica. a) Fotografía clínica de un niño de 5 años de edad, mostrando la encía inflamada, eritematosa y edematosa, con migración anterior, exfoliación prematura avanzada. b) radiografía mostrando pérdida ósea severa generalizada (Highfield, 2009).

E) Enfermedad periodontal necrosante

Se pueden distinguir dos tipos de enfermedad periodontal necrosante: la gingivitis ulcerativa necrosante y la periodontitis ulcerativa necrosante. Diversas observaciones clínicas sugieren que estas lesiones son parte de una infección continua, con un inicio caracterizado por una pequeña pérdida de unión del diente, debido a la destrucción de tejido de la papila gingival interdientaria. La gingivitis ulcerativa necrosante tiende a ser recurrente si coexisten ciertos factores predisponentes, como tabaco y estrés, pudiendo progresar a una periodontitis ulcerativa necrosante, generando algunas veces, pérdidas graves de los tejidos periodontales (figura 6).



Figura 6. Gingivitis ulcerativa necrosante. Paciente de sexo masculino de 21 años de edad, bajo estrés y uso de tabaco. Se queja de dolor de inicio repentino, halitosis y sangrado gingival. Presencia de úlceras papilares y gingivales, evidente sangrado gingival y una pseudomembrana en el margen como resultado de una necrosis (Highfield, 2009).

F) Abscesos periodontales

La formación del absceso periodontal expresa, en la mayoría de los casos, una exacerbación aguda de una bolsa periodontal previamente existente. Los abscesos pueden producirse por múltiples causas como infección, impactación de cuerpos extraños, traumatismos, incluyendo el trauma oclusal. En ocasiones, el trauma oclusal puede generar roturas verticales y horizontales de la raíz o del cemento del diente, generando un absceso periodontal. Estos abscesos se asocian a una serie de síntomas que incluyen inflamación purulenta localizada en los tejidos periodontales, produciendo dolor y tumefacción (figura 7).

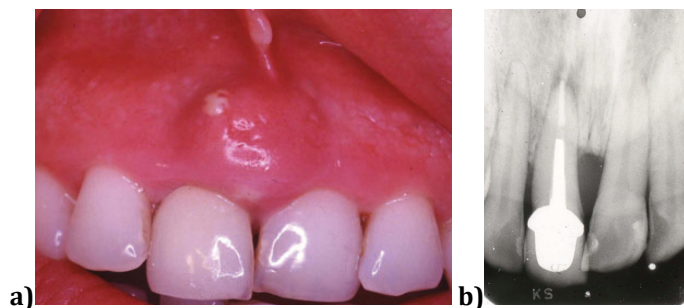


Figura 7. Absceso periodontal agudo. a) Fotografía clínica de mostrando tumefacción bien circunscrita en la encía adherida, con puntos de fluctuación. b) La radiografía muestra una pérdida ósea marginal periodontal en la cara mesial del primer incisivo superior derecho, indicativo de bolsa periodontal, y radiolucidez apical, que no está relacionada con el absceso periodontal, pero que se puede confundir en el diagnóstico diferencial (Highfield, 2009).

G) Periodontitis asociada con lesiones endodónticas

Este tipo de periodontitis consiste en lesiones endo-periodontales combinadas en las cuales una lesión endodóntica drena hacia una bolsa periodontal previamente existente, originando así, enfermedad periodontal. El hecho de que el periodonto esté anatómicamente relacionado con la pulpa dental a través de los forámenes apicales y de los conductos laterales significa que existen vías para el intercambio de agentes patógenos entre el diente y el periodonto.

H) Periodontitis relacionada con alteraciones mucogingvales congénitas y adquiridas.

Este tipo de periodontitis hace referencia principalmente a factores relacionados con el diente y alteraciones mucogingvales que pueden modificar o predisponer a la periodontitis, como recesión gingival congénita y deformidades de la cresta ósea congénitas o adquiridas.

1.1.3. Criterios diagnósticos de la enfermedad periodontal

El término “diagnóstico” se utiliza en medicina para describir la naturaleza de una enfermedad (Stedman, 2004). El odontólogo debe usar estas pruebas para: a) identificar factores de riesgo de la enfermedad para así poder modificar y/o prevenir la enfermedad; b) identificar de forma temprana cambios bioquímicos o físicos asociados a la enfermedad, para poder detener el progreso de la enfermedad y revertir el daño antes de la pérdida de función; c) determinar qué tipo específico de enfermedad presente el paciente para poder seleccionar la terapia más efectiva (Kornman, 2005).

Recientemente, se han propuesto múltiples criterios diagnósticos para evaluar de forma clara y precisa los diferentes tipos de periodontitis descritos anteriormente. En la actualidad, los medios diagnósticos utilizados en la rutina clínica comprenden la exploración clínica (medición de la bolsa periodontal mediante sondaje, sangrado al sondaje, nivel de inserción clínica, índice de placa), la anamnesis y las pruebas complementarias. Dentro de las pruebas complementarias, destacan las pruebas radiológicas, los estudios analíticos, las pruebas de microbiología y los ensayos bioquímicos del líquido salivar y crevicular.

En la actualidad, la exploración clínica del paciente continúa siendo el medio diagnóstico fundamental en esta enfermedad. Sin embargo, la exploración clínica siempre debe acompañarse de la anamnesis y de las pruebas complementarias no solo para confirmar el diagnóstico, sino, además, para una adecuada clasificación de la enfermedad y para poder predecir el pronóstico y, por tanto, instaurar el tratamiento más adecuado en cada caso.

En este contexto, Fine *et al.* (2007) propusieron que la detección de *A. actinomycetemcomitans* en niños periodontalmente sanos podría servir como marcador de riesgo para la periodontitis agresiva localizada. Por otro lado, Rai *et al.* (2008)

demonstraron que las metaloproteinasas de la matriz MMP-8, MMP-2 y MMP-9 detectadas en el fluido salivar podrían servir como biomarcadores de la enfermedad periodontal y contribuir a la detección precoz de la periodontitis. Igualmente, Koregol *et al.* (2011) sugirieron que la concentración de iones de sodio, potasio y calcio en el fluido gingival crevicular podría reflejar el estado clínico de los tejidos periodontales, y estos datos podrían usarse como marcadores diagnósticos de la enfermedad periodontal activa.

Junto a estas pruebas, recientemente se han desarrollado numerosas pruebas genéticas de diversa naturaleza, las cuales permiten estudiar la enfermedad periodontal no sólo a nivel genotípico, sino también a nivel de expresión génica global. De acuerdo con esto, las nuevas técnicas de *microarray* podrían ser útiles para determinar y clarificar las deficiencias existentes en el diagnóstico de la enfermedad periodontal, tal como se ha hecho en otras enfermedades (Modlich *et al.*, 2006; Dezsó *et al.*, 2008; Ruppert y Maisch, 2012).

Recientemente, se han utilizado pruebas genéticas como es el caso del PST™, una prueba genética que analiza dos tipos de genes de interleucina 1 (IL-1) y su asociación con la predisposición a la enfermedad periodontal (Kornman y di Giovine, 1998; McDevitt *et al.*, 2000; Karimbux *et al.*, 2012). La sobreexpresión de estos genes de IL-1 se ha asociado con enfermedad periodontal severa en pacientes no fumadores. En este contexto, la prueba genética para el genotipo de interleucina-1 PST™ ha demostrado ser una herramienta útil para determinar la susceptibilidad de un individuo a la enfermedad periodontal.

No obstante, la prueba genética PST™ evalúa la presencia de un único gen regulador de la respuesta inmune e inflamatoria (IL-1), desconociendo así el comportamiento de otros genes de posible relevancia en la enfermedad periodontal. Por este motivo, el desarrollo de pruebas genéticas que evalúen la expresión de un gran número de genes al mismo tiempo (expresión génica global) constituiría un gran avance en el diagnóstico de dicha enfermedad.

Por este motivo, la aplicación de técnicas de *microarray* a la enfermedad periodontal permitiría la evaluación simultánea de un gran número de genes o incluso de un genoma completo, en un único experimento (Belacel *et al.*, 2006; Liu *et al.*, 2008; Kang y Koo, 2012).

Recientemente, esta técnica se ha convertido en una valiosa herramienta para estudiar el perfil de expresión génica de muchas patologías, entre ellas el cáncer (Schena *et al.*, 1995; Gill, 2003; Jaluria *et al.*, 2007; Jaluria *et al.*, 2008). De igual modo, una de las aplicaciones de las técnicas de *microarray* podría ser la identificación de genes relacionados con la enfermedad periodontal y, de esta manera, se podría realizar una selección de los genes más representativos de la periodontitis, lo cual facilitaría el diagnóstico y la clasificación clínica de los pacientes desde un punto de vista terapéutico.

Además, el estudio de la expresión génica global en la enfermedad periodontal podría contribuir al desarrollo de nuevas terapias génicas para el tratamiento de esta enfermedad (Ramseier *et al.*, 2012; Sood *et al.*, 2012) (figura 8). La aplicación de estas tecnologías, combinada con diferentes biomateriales utilizados en la regeneración tisular guiada, podría ser de gran utilidad para la terapéutica periodontal.

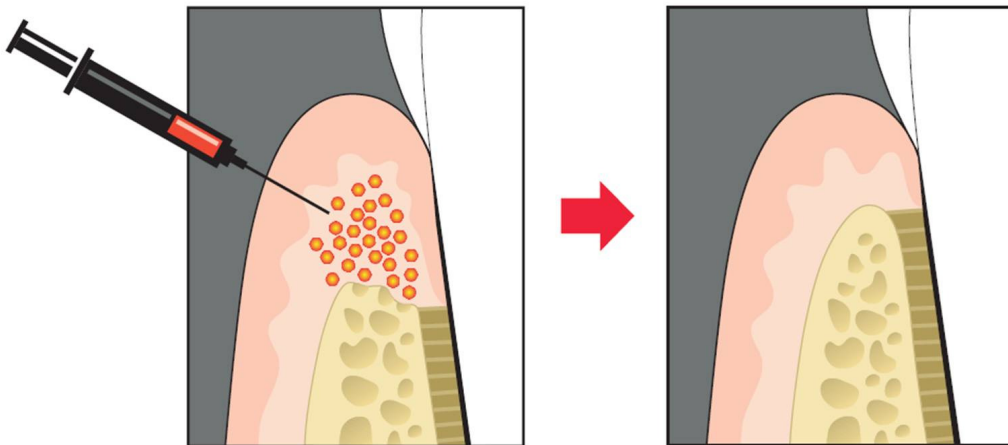


Figura 8. Ilustración esquemática de un abordaje avanzado para regeneración de estructuras de soporte del diente mediante la aplicación de vectores de genes para producir células diana responsables por la transducción de factores de crecimiento (imagen de Ramseier *et al.*, 2012).

1.1.4. Tratamiento de la enfermedad periodontal

El tratamiento de la enfermedad periodontal, de acuerdo con Lindhe (2005) debe definir los objetivos clínicos a alcanzar, incluyendo la reducción o resolución de la gingivitis, reducción de la profundidad al sondaje, eliminación de las lesiones de furcación

abiertas en dientes multiradicales, función y estética satisfactorias. En el tratamiento de pacientes afectados por dicha enfermedad, es importante definir y seguir las estrategias terapéuticas planificadas, incluyendo inicialmente el control de la placa bacteriana, seguido por medidas correctivas como la cirugía periodontal, tratamiento endodóntico, tratamiento restaurador y protésico y, finalmente, una terapia de mantenimiento que prevenga la recidiva de la enfermedad.

En la terapéutica periodontal, para lograr los parámetros y objetivos clínicos propuestos, se utilizan tratamientos no quirúrgicos o quirúrgicos, dependiendo de la progresión de la enfermedad. Normalmente, cuando existen defectos óseos o lesiones de furcación, es necesaria la utilización de cirugía periodontal que facilite el acceso a una instrumentación y limpieza adecuada de la superficie radicular, que elimine o reduzca el componente blando de la bolsa periodontal.

Considerando que la enfermedad periodontal puede generar pérdidas moderadas o avanzadas de tejidos como cemento, ligamento periodontal y hueso alveolar (figura 9), en los últimos años se han aplicado procedimientos regeneradores, como la biomodificación de la superficie radicular, inserción de injertos óseos, implantes de sustitutos óseos o el empleo de barreras quirúrgicas membranosas orgánicas y sintéticas (Agarwal y Gupta, 2012). La utilización de barreras membranosas destinadas a la recuperación de dichos tejidos de soporte del diente constituye la regeneración tisular guiada (RTG) (figura 10).

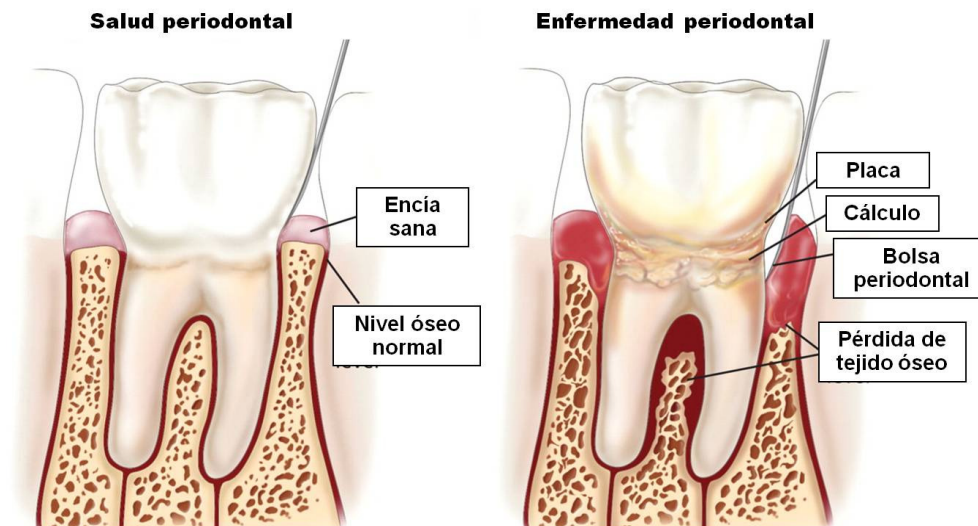


Figura 9. Esquema ilustrativo de las estructuras de soporte del diente en estado de salud y enfermedad periodontal (Buencamino et al., 2009).

En este contexto, la aplicación clínica de la RTG como terapia regeneradora periodontal ha sido la técnica más utilizada y de más auge en los últimos años. Esta terapia consiste en la colocación de una barrera física para asegurar que la superficie radicular previamente afectada por periodontitis sea repoblada con células del ligamento periodontal (Lindhe, 2005) (figura 10). En los últimos tiempos, se ha utilizado la RTG en numerosos ensayos clínicos para el tratamiento de diferentes defectos, como los defectos óseos (Ramel *et al.*, 2012), lesiones de furcación (Lekovic *et al.*, 1990) y defectos de retracción gingival (Cetiner *et al.*, 2003; Narang *et al.*, 2011). No obstante dicha regeneración se puede demostrar por análisis histológicos y mediante la utilización de determinadas medidas clínicas, como la determinación de los niveles de inserción, niveles óseos, profundidad de sondaje de las bolsas y posición de margen gingival.

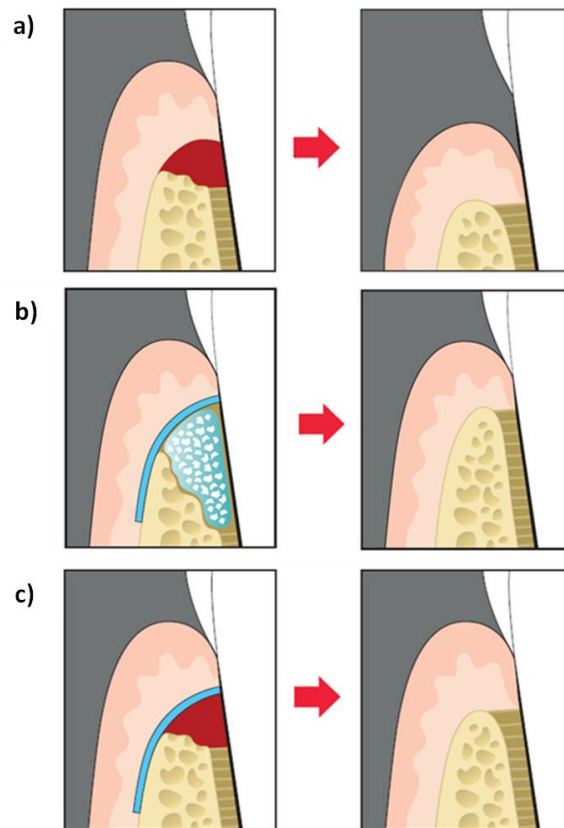


Figura 10. Esquemas ilustrativos de posibles tratamientos de RTG. a) Proceso normal de cicatrización seguida de la adaptación de un colgajo periodontal, con significativa pérdida del aparato de inserción. b) Abordaje para regeneración de estructuras de soporte del diente mediante la aplicación de un material de injerto y factores de crecimiento dentro del defecto intraóseo, protegido por una membrana biorreabsorbible. c) Empleo de una membrana para permitir y promover la cicatrización para la reconstrucción del cemento y ligamento periodontal (Ramseier *et al.*, 2012).

Las membranas que han sido utilizadas como barreras quirúrgicas para RTG en terapia periodontal consisten, básicamente, en membranas no reabsorbibles, como las de politetrafluoretileno expandido (e-PTFE) (Corinaldesi *et al.*, 2011), membranas sintéticas reabsorbibles basadas normalmente en polímeros, incluyendo las compuestas por ácido poliláctico, ácido poliglicólico o sus copolímeros (Chhabra *et al.*, 2011), membranas sintéticas constituidas o combinadas con materiales cerámicos, como hidroxiapatita y β -trifosfato cálcico (Sukumar *et al.*, 2010) y membranas consideradas naturales, por su origen, representadas principalmente por materiales de colágeno y quitosano (Gamal y Iacono, 2012; Xu *et al.*, 2012). Aunque estas barreras quirúrgicas hayan mostrado resultados satisfactorios en terapias periodontales, su utilización no está exenta de

complicaciones biológicas (Malu *et al.*, 2012). Considerando que la naturaleza del biomaterial juega un papel crucial en la regeneración tisular, la búsqueda de materiales que puedan superar algunas limitaciones estructurales, mecánicas o biofuncionales de los materiales actuales presenta una relevancia clínica importante.

1.2. Ingeniería tisular

La ingeniería tisular es un área interdisciplinaria que aplica los principios y métodos de la ingeniería para el desarrollo de sustitutos biológicos que restauren, mantengan o mejoren la formación de los tejidos (Langer y Vacanti, 1993), mediante la combinación de células, biomateriales y señales moleculares (Campos, 2004).

1.2.1. Células

Las células son un elemento fundamental en ingeniería tisular, especialmente las células madre. Recientes investigaciones con células madre han proporcionado un avance en el conocimiento sobre cómo un organismo se desarrolla a partir de una única célula, y como las células sanas reemplazan a las células dañadas en organismos adultos. Las células madre poseen la habilidad de dividirse continuamente, para replicarse entre sí, o para producir células especializadas que pueden diferenciarse hacia varios tipos de células o tejidos (Rao *et al.*, 2004).

Las células madre clasifican de acuerdo a su origen y potencial de diferenciación. Las células madre que se originan en el periodo de desarrollo embrionario son consideradas embrionarias, pudiendo ser totipotentes o pluripotentes. Por otro lado, las células madre que se originan de tejidos postnatales son las denominadas células madre adultas, pudiendo ser multipotentes o unipotentes.

Aunque existen múltiples formas de clasificar las células madre, en esta Tesis Doctoral utilizaremos la siguiente clasificación.

A) Células madre embrionarias

- Células madre embrionarias primitivas.
- Células madre embrionarias del blastocisto.

B) Células madre adultas

A continuación, pasaremos a describir, de forma breve, la naturaleza de cada tipo celular.

A) Células madre embrionarias

La primera etapa en el desarrollo humano ocurre cuando un cigoto fecundado empieza a dividirse, produciendo un grupo de células llamadas mórula. Las células madre embrionarias primitivas están presentes en esta fase del desarrollo y son totipotentes, es decir poseen la habilidad de diferenciarse hacia cualquier tipo de células y da origen un individuo completo.

Cinco días después de la fecundación, el embrión forma una estructura circular hueca conocida como blastocisto. En este estadio, hay dos tipos de células: una capa externa (trofoblastos) que formará eventualmente la placenta y los anejos embrionarios y un grupo interno de células (masa celular interna) que se convertirá en el embrión y se desarrollará hacia un organismo maduro. Esta última capa está formada por las células madre embrionarias del blastocisto y son pluripotentes, con la capacidad para formar cualquier tipo de célula del cuerpo humano, pero no un individuo completo.

B) Células madre adultas

Las células madre adultas residen en tejidos ya desarrollados, direccionando su crecimiento y permitiendo su regeneración durante toda la vida. Las células madre adultas generan normalmente el tipo celular del tejido que residen, siendo consideradas unipotentes o multipotentes. Sin embargo, algunos estudios han demostrado que éstas pueden ser capaces de convertirse en otros tipos celulares, demostrando así su alto grado de plasticidad (Menasché, 2005).

Las células madre adultas pueden encontrarse en casi todos los tejidos del cuerpo (Gimble y Guilak, 2003). Las primeras células madre adultas que se caracterizaron fueron las células madre de la médula ósea (BMSC), presentando como ventaja su elevado grado de indiferenciación. Sin embargo, su obtención presenta inconvenientes, como la necesidad de una punción de médula ósea. Avances en la investigación en este campo han demostrado que otra fuente importante de células madre son las provenientes del tejido adiposo (ADSC). Estas células, igualmente, presentan gran plasticidad y habilidad para diferenciarse hacia múltiples estirpes celulares y, al contrario de las BMSCs, son abundantes y de fácil acceso y se obtienen números elevados de células.

Por otra parte, las células madre adultas también pueden ser obtenidas de tejidos dentales (Rodríguez-Lozano et al., 2011; Sakai et al., 2012), como las células madre derivadas de la pulpa dental (DPSCs) (Gronthos et al., 2000), células madre derivadas del diente deciduo exfoliado humano (SHEDs) (Miura et al., 2003), células madre derivadas de la papila dental (SCAPs) (Sonoyama et al., 2006) y células madre derivadas del ligamento periodontal (PDLs) (Seo et al., 2004; Ivanovski et al., 2006).

En el tratamiento de la enfermedad periodontal, una línea alternativa de investigación podría ser el uso de células madre y su implantación para mejorar los resultados de este tratamiento. El principio de este procedimiento es el aislamiento de células madre de origen dental o de otros tejidos, seguido de la expansión celular *ex vivo* y, finalmente, la implantación de las células en el tejido periodontal afectado con o sin biomateriales (Lin et al., 2009).

1.2.2. Biomateriales

Diversos avances en el estudio de los biomateriales han permitido a los investigadores y clínicos recuperar partes afectadas del cuerpo humano utilizando diferentes biomateriales. Un biomaterial es cualquier material que se utiliza para reemplazar o restaurar la función de un tejido y que está continuamente o intermitentemente en contacto con fluidos corporales (Park, 1984).

Los biomateriales utilizados en ingeniería tisular deberían reproducir las propiedades de la matriz extracelular (MEC) nativa del tejido a regenerar. La MEC juega un papel importante en el mantenimiento y el comportamiento celular, y proveen soporte

estructural, además de señales de adhesión, sitios de unión de factores de crecimiento y lugares de degradación.

Un biomaterial adecuado debe poseer algunos requisitos básicos, como, en primer lugar, ser biocompatible. Además, no debe ser tóxico ni carcinogénico. El material debe poseer propiedades físicas y mecánicas adecuadas para servir como sustituto de tejidos del cuerpo. Para uso clínico, un biomaterial debe posibilitar su fabricación en diferentes formas y presentar bajo coste (Agrawal, 1998). Para aplicaciones en ingeniería tisular deben promover viabilidad, desarrollo, proliferación y diferenciación celular.

Además de cumplir los requisitos básicos, los biomateriales deben mimetizar las características del tejido que será reparado. En este contexto, es necesario considerar algunos aspectos como propiedades eléctricas (conductores y aislantes), propiedades térmicas (termoestables, lábiles, conductores y aislantes), propiedades biomecánicas (tensión de compresión, elasticidad, ductilidad, cizalla, densidad, fatiga, fragilidad, desgaste y corrosión), propiedades estructurales y geométricas, y la respuesta celular (bioinerte, bioactivo y bioabsorbible).

En la regeneración periodontal, los biomateriales que se utilizan como barreras quirúrgicas, igualmente necesitan cumplir con algunos criterios importantes, como presentar biocompatibilidad y no favorecer respuesta inmune, sensibilización o inflamación crónica que interfiera en la cicatrización. Además, deben funcionar como una barrera para excluir tipos celulares indeseables, de modo que éstos no penetren en el espacio cerrado adyacente a la superficie radicular, pero sí deben permitir el paso de nutrientes y gases. A su vez, deben permitir la integración tisular, para evitar el rápido crecimiento en profundidad sobre la superficie externa del material o su encapsulado, y otorgar estabilidad al colgajo suprayacente. También deben ser capaces de crear y mantener un espacio adyacente a la superficie radicular. Finalmente, el biomaterial debe presentarse en una configuración que permita su fácil colocación y adaptación (Lindhe, 2005).

Los biomateriales pueden ser divididos en biomateriales sintéticos y naturales. Los biomateriales sintéticos son fundamentalmente en los metales, polímeros sintéticos y cerámicos, mientras que los biomateriales naturales son los polímeros naturales y los materiales biológicos obtenidos mediante descelularización. En primer lugar, pasaremos a describir los materiales sintéticos y, posteriormente, los materiales naturales utilizados en

ingeniería tisular, haciendo hincapié en los materiales empleados en la terapia periodontal.

A) Sintéticos

Los materiales sintéticos han sido desarrollados fundamentalmente a partir de metales, polímeros sintéticos y cerámicas.

En primer lugar, los biomateriales sintéticos desarrollados a partir de metales son ampliamente empleados como implantes en diferentes áreas, incluyendo ortopedia, cirugía maxilofacial y cardíaca (Agrawal, 1998). Entre los metales más utilizados, se encuentran acero inoxidable 316L, aleaciones de cobalto y cromo, aleaciones de titanio, aleaciones de aluminio y vanadio y cobalto, níquel, cromo y molibdeno.

Los biomateriales de acero inoxidable son bastante biocompatibles, aunque no parecen integrarse completamente al hueso o al tejido blando, y las aleaciones de cobalto-cromo se presentan altamente resistentes a la corrosión (Agrawal, 1998). Recientemente, se demostró que en la superficie de un implante a base de aleación de Co-Cr, células mesenquimáticas derivadas de la médula ósea son capaces de diferenciarse hacia osteoblastos activos y formar matriz ósea (Ogawa *et al.*, 2012). Por otro lado, diversos estudios indicaron que otros tipos de aleaciones basadas en Mg-Ca-Zn, representan un excelente biomaterial biodegradable candidato para aplicaciones en síntesis ósea (Cho *et al.*, 2012). Biomateriales a base de titanio son muy biocompatibles, llegando a formarse hueso en aposición adyacente a estos materiales. Sin embargo, el titanio es relativamente caro y esto limita su popularidad (Agrawal, 1998).

En odontología, los metales han sido utilizados para diferentes aplicaciones, como las coronas metal cerámicas a base de aleaciones de Pd-Au-Ag-Sn-In empleadas en las restauraciones protésicas (Esquivel-Upshaw *et al.*, 2012), los *brackets* metálicos en ortodoncia (Regis *et al.*, 2011), los implantes dentarios de titanio (Guo *et al.*, 2012) y los sistemas de fijación de titanio en cirugía maxilofacial (Buijs *et al.*, 2012). Por otra parte, en la enfermedad periodontal, se ha descrito la utilización de membranas reforzadas con titanio para la regeneración tisular guiada (Lindfors *et al.*, 2010).

La segunda variedad de biomateriales sintéticos son los polímeros, ampliamente utilizados en medicina como biomateriales. Sus aplicaciones varían desde prótesis faciales hasta tubos traqueales; desde partes de riñones y pulmón, hasta componentes cardiacos; y desde prótesis odontológicas hasta articulaciones de cadera y rodilla (Agrawal, 1998).

Los polímeros actualmente utilizados en ingeniería tisular, o con uso potencial, se pueden dividir en dos categorías, de acuerdo con su origen: naturales o sintéticos. Los polímeros naturales han sido ampliamente utilizados en ingeniería tisular. A su vez, los biomateriales pueden ser biodegradables o no biodegradables.

La popularidad de los polímeros biodegradables como biomateriales ha aumentado continuamente en las últimas décadas. La ventaja de estos materiales es que pueden ser utilizados como implantes temporales que permanecen intactos hasta que el proceso de cicatrización se completa, y luego se degradan por acción hidrolítica o enzimática, siendo excretados como productos de deshecho. Los polímeros biodegradables también pueden funcionar como sistemas de liberación de fármacos (Agrawal, 1998). Los polímeros biodegradables más populares son ácido poliláctico (PLA), ácido poliglicólico (PGA), y sus copolímeros. Otros materiales biodegradables de interés incluyen poliortoésteres, policaprolactona, y poliandria (Deplaine *et al.*, 2012; Lebourg *et al.*, 2012).

En odontología, se han utilizado polímeros para distintos procedimientos. El uso de implantes de polímeros ha sido descrito para reconstrucción de la mandíbula en cirugía oral y maxilofacial (Agrawal, 1998). En regeneración periodontal, se ha descrito el uso de membranas de acetato de celulosa (Nyman *et al.*, 1982), o de politetrafluoretileno expandido (e-PTFE) (Gore Tex Periodontal Material®) (Zhang *et al.*, 2010). Lima *et al.* (2008) observaron, mediante un estudio de expresión génica, que el uso de membranas de e-PTFE demostró una recuperación periodontal superior a la cirugía de colgajo simple. Recientemente, un estudio demostró que no existen diferencias significativas en los resultados obtenidos con el uso de una barrera no reabsorbible a base de politetrafluoretileno expandido (e-PTFE) reforzado con titanio y una barrera reabsorbible a base de polímeros (Al Salamah *et al.*, 2012). El problema fundamental asociado al uso de barreras no reabsorbibles es la necesidad de llevar a cabo un segundo procedimiento quirúrgico para retirar el biomaterial una vez finalizado el periodo de regeneración. Por ello, siempre es preferible utilizar barreras biorreabsorbibles con el propósito de evitar este segundo procedimiento quirúrgico.

Varios estudios han demostrado que copolímeros de ácido poliláctico y poliglicólico (PLGA) presentan utilidad potencial en RTG, especialmente en intervenciones post quirúrgicas de tratamientos de la enfermedad periodontal (Owen *et al.*, 2010). Un estudio que evaluó materiales basados en nanoapatita (nAp) y policaprolactona sugiere que la membrana con nAp es más resistente, mejora la bioactividad, y favorece la proliferación y diferenciación de células osteoblásticas (Yang *et al.*, 2009). Otras investigaciones confirmaron la seguridad y eficacia terapéutica de membranas biodegradables basadas en una mezcla de copolímeros de ácido poliláctico y poliglicólico (PLGA) con ácido poliglicólico (PGA), regenerando de forma efectiva los tejidos periodontales (Kim *et al.*, 2009).

Finalmente, entre los materiales sintéticos, podemos destacar las cerámicas, cuyo uso en medicina no ha sido tan extendido como los metales y polímeros. En ingeniería tisular destacan algunos materiales como la hidroxiapatita y los fosfatos cálcicos (Jin *et al.*, 2012; Mayr *et al.*, 2012).

Tradicionalmente, las cerámicas se han utilizado muy frecuentemente en odontología. En regeneración periodontal, un estudio demostró que membranas a base de hidroxiapatita y polihidroxibutirato mejoraron parcialmente la regeneración de defectos de furca clase II en perros, pero no en una extensión significativa (Carlo Reis *et al.*, 2012). Por otro lado, Lee *et al.* (2012) indican que tejidos periodontales regenerados en sitios que han recibido β -tricalciofosfato cubierto con factor de crecimiento y diferenciación recombinante humano, experimentaron maduración progresiva, sin reacciones adversas en el tejido, en observaciones de 24 semanas en perros.

B) Naturales

Los biomateriales naturales son aquellos que se derivan de productos encontrados en la naturaleza, que consisten en polímeros naturales o aquéllos que son materiales biológicos obtenidos mediante descelularización.

Entre los materiales observados en la naturaleza, se puede encontrar los polímeros naturales, representados, básicamente, por el colágeno, hialuronato, fibrina, alginato, agarosa, gelatina y quitosano. En los últimos años, en medicina, se ha descrito el uso de

dichos biomateriales en reparación de diferentes tejidos (Patino *et al.*, 2002; Lam y Wu, 2012; Haugh *et al.*, 2012; Pok *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2013).

Recientemente, en el campo de la regeneración periodontal, un estudio evidenció mejores resultados clínicos para regeneración tisular guiada al utilizar una nueva barrera modificada perforada, comparada con una barrera oclusiva, siendo ambas de colágeno (Gamal e Iacono, 2012). Otras investigaciones describen la aplicación de quitosano como un buen biomaterial para RTG en los tejidos periodontales (Xu *et al.*, 2012). De forma similar, una membrana fabricada a base de hidroxiapatita-quitosano-gelatina promovió diferenciación osteogénica, mostrando propiedades mecánicas y estructurales adecuadas como barrera para regeneración ósea guiada (Hunter y Ma, 2012).

Otra posible estrategia para fabricar tejidos consiste en obtener materiales biológicos de tejidos y órganos mediante la eliminación de las células nativas, generando, de esa forma, un material natural, compuesto básicamente de la MEC procedente del tejido de origen, proceso denominado descelularización.

De lo expuesto anteriormente, es importante destacar que, aunque las membranas de uso convencional, sintéticas y naturales (de origen de la naturaleza), hayan demostrado efectos positivos en la regeneración tisular periodontal, estos materiales pueden presentar algunas limitaciones estructurales, mecánicas o biofuncionales. De esa forma, la investigación y el desarrollo de nuevos biomateriales mediante técnicas de descelularización podrían contribuir para una regeneración tisular apropiada.

Los protocolos de descelularización están focalizados en la eliminación de todo el material celular sin afectar adversamente la composición, actividad biológica, o integridad mecánica de la MEC tridimensional restante (Badylak *et al.*, 2011). De acuerdo con Gilbert *et al.* (2006), para descelularizar un tejido existen diversas técnicas como, las físicas, químicas y enzimáticas, pudiendo éstas utilizarse en combinación. Además, los agentes más eficientes para la descelularización de cada tejido y órgano dependerán de muchos factores, incluyendo la celularidad, densidad, contenido de lípidos y espesor del tejido (Crapo *et al.*, 2011).

En los últimos años, se han desarrollado numerosos trabajos de descelularización para obtener biomateriales biológicos para aplicaciones en ingeniería tisular en distintos sistemas orgánicos, como riñones (Ross *et al.*, 2009), pulmón (Ott *et al.*, 2010), córnea (González-Andrades *et al.*, 2011), hígado (Barakat *et al.*, 2012) y corazón (Cigliano *et al.*,

2012). Con relación a la descelularización del tracto gastrointestinal, se ha utilizado clínicamente la MEC derivada de intestino delgado de ratón, como soporte para la reconstrucción de diferentes órganos, incluyendo pulmón (Keckler *et al.*, 2007), uretra (Fiala *et al.*, 2007) y vagina (Lemos *et al.*, 2009). Probablemente, el uso de dichos materiales para propósitos clínicos es una consecuencia del contenido de numerosos factores de crecimiento y citocinas, incluyendo la familia del factor de crecimiento de fibroblastos (FGF), factor de crecimiento transformador beta (TGF- β), proteínas estructurales y funcionales que forman parte de la MEC nativa de mamíferos (Badylak, 2004).

Además, el proceso de descelularización ha sido investigado para uso en la regeneración de tejidos de la región maxilofacial, incluyendo tejidos dentales (Traphagen *et al.*, 2012), reparación del paladar (Clark *et al.*, 2003; Helling *et al.*, 2006; Cole *et al.*, 2006) y nervios (Wolford *et al.*, 2011; Shanti *et al.*, 2011). Además, el uso de tejidos descelularizados también ha sido descrito para la regeneración periodontal (Goktas *et al.*, 2010). Este último estudio demuestra que los tejidos vasculares descelularizados con una solución de SDS al 1% pueden ser útiles como barreras quirúrgicas en la RTG, obteniéndose buenos resultados a nivel de actividad metabólica, migración y proliferación celular.

1.2.3. Señales moleculares

Las células están interconectadas por una serie de señales moleculares, como factores solubles y componentes de la matriz extracelular (MEC). Entre los factores solubles se incluyen las proteínas (factores de crecimiento, citocinas, proteínas morfogenéticas, ligandos), pequeñas moléculas (péptidos, esteroides) y iones (calcio, zinc). Los principales componentes de la MEC involucrados en esta señalización consisten en las glicoproteínas, tenascina, laminina), colagenasa, proteoglicanos (sulfato heparán, agrecano, CD44, decorina, biglicano) y glicosaminoglicanos (ácido hialurónico, condroitin-sulfato, queratán-sulfato, heparán-sulfato, dermatán-sulfato).

El mecanismo por el cual ocurre esta interacción está probablemente asociado a los receptores celulares, los cuales se unen a moléculas señalizadoras de la MEC. De esa forma, la MEC actúa no solamente como un soporte mecánico para las células, sino también como

un ambiente bioactivo y dinámico que media funciones celulares (Scott, 1995; Rhodes y Simons, 2007).

Aunque la MEC transmita señales químicas para las células, este proceso normalmente concurre con otras propiedades biomecánicas dinámicas, como fuerza de compresión, esfuerzo de corte, o tensión mecánica. Como resultado, la respuesta celular a las señales de la MEC, bajo condiciones estáticas, podrían no ser idénticas al comportamiento real de las células bajo condiciones dinámicas (Huang y Li, 2011). De esa forma, los factores externos como los estímulos mecánicos anteriormente citados, pO_2 , y pH, conjuntamente con interacciones intercelulares, como las moléculas de adhesión celular y cadherinas, podrían actuar en dicha señalización celular.

Igualmente, la MEC de los tejidos de soporte del diente - cemento, ligamento periodontal y hueso alveolar - posee componentes biológicamente activos que son fundamentales para la formación del tejido conectivo y la regeneración tisular (Bartold y Narayanan, 2006).

Una vez descritos, inicialmente, la importancia de nuevos criterios diagnósticos para la enfermedad periodontal y, posteriormente, los principios de la ingeniería tisular, en esta Tesis Doctoral enfocaremos nuestros objetivos hacia la caracterización de la mucosa oral afectada por enfermedad periodontal y al diseño de una membrana biológica de posible utilidad terapéutica para la regeneración periodontal.

2. OBJETIVOS

2. Objetivos

En la presente Tesis Doctoral se han planteado los siguientes objetivos.

2.1. General

Contribuir a la caracterización tisular de la mucosa oral en la enfermedad periodontal y al diseño de una membrana biológica compatible de posible utilidad terapéutica en dicha enfermedad.

2.2. Específicos

1. Identificar el patrón histológico y de expresión génica en la mucosa oral de pacientes afectados por enfermedad periodontal.
2. Elaborar una membrana biológica compatible para uso terapéutico en la enfermedad periodontal a partir de muestras de tejido descelularizado.
3. Evaluar la eficacia de la descelularización en membrana biológica compatible previamente elaborada.
4. Evaluar el patrón histológico de la matriz extracelular de membrana biológica compatible previamente elaborada.
5. Seleccionar la membrana biológica más compatible con el patrón histológico y de expresión génica existente en la mucosa oral de pacientes afectados por enfermedad periodontal.

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3. Materiales y Métodos

3.1. Obtención de muestras de mucosa oral humana normal y afectada por enfermedad periodontal

En esta Tesis Doctoral, para la determinación del patrón histológico, expresión génica global mediante *microarray* y expresión de proteínas mediante *Western blotting* de la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal, se utilizaron 6 muestras de mucosa oral humana normal (muestras control) (NHG) y 6 muestras de mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal (PDHG). Todas las muestras correspondieron a biopsias de alrededor de 2 x 2 x 2 mm de tamaño correspondientes a pacientes sometidos a diferentes procedimientos de cirugía oral ambulatoria bajo anestesia local. La edad media de los pacientes donantes de mucosa oral normal fue de 44.6 años de edad, siendo 42.6 la edad media de los pacientes con enfermedad periodontal. En el momento de la obtención, ninguno de los pacientes seleccionados presentaba enfermedad sistémica grave, proceso neoplásico asociado o enfermedad infecto-contagiosa.

En primer lugar, se obtuvieron las muestras NHG de pacientes sin inflamación o sangrado gingival e inserción periodontal normal. Posteriormente, se extrajeron las muestras PDHG de pacientes con inflamación gingival clínica, sangrado al sondaje y pérdida de inserción periodontal mayor que 4 mm clínicamente y radiológicamente diagnosticado como periodontitis agresiva. En ambos casos, las muestras de biopsias correspondían a papila gingival adherida a la superficie radicular de dientes extraídos, o aumento de corona (NHG) o de dientes afectados con enfermedad periodontal (PDHG) durante terapia periodontal quirúrgica con colgajo mucoperiostico.

En todos los casos, para este estudio, se contó con el consentimiento firmado por cada paciente sobre el uso de tejidos donados y con la aprobación del Comité Local de Investigación y Ética de la Universidad de Granada, de acuerdo con los principios éticos, incluyendo Asociación Medica Mundial, Declaración de Helsinki, y requerimientos adicionales de España.

3.2. Análisis del patrón histológico de la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal

En este estudio, para el análisis del patrón histológico, se fijaron muestras NHG y muestras PDHG en formalina tamponada al 10 % y se incluyeron en parafina. Se realizaron cortes aproximados de 5µm de espesor. Para un análisis cualitativo de la estructura de la matriz extracelular (MEC), se realizó la tinción de hematoxilina y eosina (HE). Inicialmente, se observó la disposición y perfil de las células epiteliales, luego se evaluó la arquitectura del tejido conjuntivo subyacente y finalmente la presencia de infiltrado inflamatorio. Para ambos grupos, se realizaron fotografías mediante el uso de un microscopio óptico (Nikon Eclipse 90i).

3.3. Análisis de expresión génica mediante *microarray*

En esta investigación, para el análisis de expresión génica se extrajo el ARN total de cada una de las muestras NHG y muestras PDHG, utilizando el sistema comercial Qiagen RNeasy System® (Qiagen, Mississauga, Ontario, Canadá). Una vez extraído el ARN, se comprobó su integridad y su calidad mediante visualización directa del ARN ribosómico de 28 y 18S en ARN total separado mediante electroforesis en geles de agarosa al 1.2% y tinción con bromuro de etidio, así como mediante el sistema de análisis Agilent® (Agilent Technologies, Inc., Santa Clara, California, EEUU).

Una vez purificado el ARN total, todos los ARNm fueron transformados en ADNc mediante una transcriptasa inversa (Superscript II, Life Technologies, Inc., Carlsbad, California, EEUU) utilizando un oligonucleótido rico en colas de timina (T7-polyT primer), el cual permitió la amplificación de cualquier ARN mensajero presente en la célula. A continuación, se sintetizaron los ARNc correspondientes a todos los ADNc mediante transcripción *in vitro*, utilizando para ello UTP y CTP marcados con biotina (Enzo Diagnostics, Farmingdale, Nueva York, EEUU). Una vez sintetizados, y para favorecer la hibridación, se fragmentaron estos ARNc químicamente añadiendo una concentración elevada de sales y altas temperaturas.

Finalmente, se hibridaron los ARNc marcados y fragmentados frente a los chips que constituyen el sistema de *microarray* Affymetrix Human Genome U133 plus 2.0® de la casa comercial Affymetrix, durante 16 horas a 45°C. Tras un proceso totalmente estandarizado y automatizado, se lavaron los chips y se escanearon para obtener valores absolutos de

expresión génica expresados en una escala arbitraria de unidades fluorescentes (u.f). Todos los valores de expresión se normalizaron utilizando el programa informático suministrado por la casa comercial Affymetrix.

3.4. Análisis de los datos de expresión obtenidos mediante *microarray* de oligonucleótidos

En esta Tesis Doctoral, una vez analizadas las muestras mediante *microarray*, se calculó la media y la desviación estándar para cada gen en las muestras NHG y muestras PDHG. La selección de genes alterados en la enfermedad periodontal se realizó mediante la identificación de genes cuya expresión absoluta fuese > 2 en un grupo respecto al otro, considerando que la expresión génica se presentaría elevada o reducida en la enfermedad periodontal, comparada con las muestras controles, que exhibiría valores normales. Las alteraciones génicas encontradas poseían significado biológico.

Para determinar el perfil genético funcional existente en las muestras NHG y muestras PDHG, se utilizaron los programas informáticos BiNGO® y Cytoscape® (Boyer *et al.*, 2006) Estos programas permiten identificar aquellas funciones génicas que son especialmente abundantes en el conjunto de genes seleccionados, calculando un valor estadístico p de acuerdo con una distribución hipergeométrica. De este modo, el valor p calculado indica la posibilidad de que tal enriquecimiento génico funcional ocurra por simple azar.

3.5. Análisis de expresión de proteínas mediante *Western blotting*

En este trabajo, se aislaron proteínas de las muestras NHG y PDHG, en el mismo momento experimental del aislamiento de ARNm mediante Qiagen RNeasy System (Qiagen). Para el proceso de aislamiento de proteínas, se añadió etanol al 70% a los lisados celulares y luego se colocó en una mini columna de RNasy. Una vez centrifugado, se recogió el sobrenadante para obtener por completo las proteínas de cada muestra. Posteriormente, se cargaron 20 μ l de cada extracto de proteína en el gel NuPAGE Novex 10% Bis-Tris (ref. NP0301, Invitrogen, Carlsbad, CA, USA), que fue separado por electroforesis y transferido utilizando una membrana de nitrocelulosa. Las membranas de nitrocelulosa fueron bloqueadas, durante 1 h, con leche desnatada al 5%, antes de la

incubación durante la noche con los siguientes anticuerpos: anti-arilsulfatasa D de conejo (ARSD) (1:250, Sigma-Aldrich ref. HPA004694, St. Louis, MO, USA) y anti-GAPDH de ratón (1:300, Calbiochem-Merck ref. CB1001, KGaA, Darmstadt, Germany).

Para la detección de los anticuerpos primarios se utilizó anti-IgG de conejo (Sigma-Aldrich ref. A0545) o anti-IgG de ratón unida a *horseradish* de peroxidasa (IgG) (Sigma-Aldrich ref. A9044). La visualización se realizó usando el *kit* de detección ECL *Western Blotting* (GE Healthcare, Waukesha, WI, USA). Finalmente, los *blots* se expusieron a una película de autoradiografía Kodak Biomax XAR (Rochester, NY, USA).

Los anticuerpos primarios fueron seleccionados de acuerdo a aquellos genes que revelaron diferencias significativas entre NHG y PDHG, para los cuales se encontraba un anticuerpo comercialmente disponible. El anticuerpo anti-ARSD fue seleccionado de la lista de genes expresivos determinados mediante el análisis de *microarray*.

3.6. Preparación de muestras de intestino delgado para elaboración de membrana biológica compatible mediante proceso de descelularización

Inicialmente, se obtuvieron muestras de intestino delgado (ID) recién extraídas de ratones adultos (n=7) mediante anestesia general. Posteriormente, los tejidos fueron lavados con solución salina de fosfato tamponada (PBS) hasta que todos los detritos adheridos fueron completamente retirados del tejido. Finalmente, las muestras fueron seccionadas en un tamaño aproximado de 1.5 cm de longitud para realizar los protocolos de descelularización (7 muestras de ID por protocolo). Todos los protocolos fueron llevados a cabo bajo la inmersión en solución acuosa para evitar la pérdida de agua, que podría ocasionar cambios en la estructura del tejido (Badylak *et al.*, 2009). El experimento se condujo bajo la aprobación de protocolos de uso y cuidado animal del comité de ética de la Universidad de Granada. Como control, se utilizaron fragmentos nativos no descelularizados.

3.7. Protocolos de elaboración de membrana biológica compatible mediante proceso de descelularización

3.7.1. Métodos químicos

Para realizar los tratamientos químicos, en primer lugar, las muestras fueron sumergidas en diferentes soluciones acuosas con distintas concentraciones, incluyendo NaCl (1.5M, 3 M ó 5M) tritón X-100 (0.1 %, 0.3 % ó 0.6 %), o SDS (0.1 %, 0.3 % ó 0.6 %) durante 24 h. Posteriormente, las muestras se lavaron tres veces con PBS y se introdujeron otra vez los especímenes en soluciones de descelularización recién preparadas por 24 h. Finalmente, se efectuó el lavado con PBS tres veces consecutivas. Los tratamientos químicos fueron realizados en temperatura ambiente (T/A) bajo agitación continua.

3.7.2. Métodos físicos

Para realizar los tratamientos físicos, las muestras se colocaron en una placa Petri con PBS. Por un lado, se sometió una parte de los especímenes al proceso de sonicación (SC) durante 5 min, 10 min y 15 min mediante un emisor de ultrasonido (Fungilab S.A). Por otro lado, se expuso otra parte de los especímenes a los rayos ultravioletas durante 5 min, 10 min y 15 min mediante una lámpara de ultravioleta de 15W (Havells Sylvania) en una distancia de trabajo de 15 cm. Posteriormente, se lavaron todos los tejidos con PBS. El procedimiento fue repetido durante periodos de tiempo idénticos, para cada uno de los lados del espécimen. Finalmente, se realizaron tres lavados con PBS. Todos los tratamientos físicos se efectuaron en T/A.

3.8. Análisis histológico e histoquímico de la membrana biológica compatible elaborada mediante proceso de descelularización

Las muestras de intestino delgado control y descelularizadas fueron fijadas en formalina tamponada al 10 % e incluidas en parafina. Se realizaron cortes aproximados de 5µm de espesor. Para un análisis cualitativo de la estructura de la matriz extracelular (MEC), se realizó la tinción de hematoxilina y eosina (HE). En primer lugar, se analizó la preservación estructural del tejido mediante una evaluación visual. En segundo lugar, se

atribuyeron los siguientes valores para clasificar la MEC: (0) MEC altamente organizada, (1) niveles bajos de desorganización de la MEC, (2) niveles intermedios de desorganización de la MEC, (3) niveles elevados de desorganización de la MEC.

Para un análisis cuantitativo de la eficacia de la eliminación celular y de los niveles de preservación de glicoproteínas, proteoglicanos, fibras de colágeno y reticulares, se realizaron las respectivas tinciones 4',6-Diamidino-2-fenilindol diclorhidrato (DAPI), ácido periódico de Schiff (PAS), azul de alcian, picosirius y reticulina de Gomori. Para cada grupo experimental, se realizaron 7 fotografías con una magnitud de 200 X mediante el uso de un microscopio óptico (Nikon Eclipse 90i) y las imágenes fueron evaluadas mediante el programa Image J. Para la tinción DAPI, se cuantificó el número de restos de núcleos celulares en los tejidos descelularizados. Para las tinciones PAS, azul de alcian, picosirius y reticulina de Gomori, se cuantificó la intensidad de la coloración de cada componente de la MEC, como fue previamente descrita por Carriel *et al.* (2011). Los grupos control correspondían a muestras no descelularizadas. Todas las medidas fueron expresadas como medias \pm SD.

3.9. Análisis estadístico

Para el análisis de los datos de expresión génica, obtenidos mediante *microarray*, se identificaron las diferencias estadísticamente significativas entre ambos grupos de estudio, mediante la prueba estadística *t* de *Student*, considerándose significativos aquellos valores *p* que resultaron menores de 0.05 en las pruebas de doble cola.

Para el proceso de obtención de matrices, se utilizaron cinco diferentes agentes de descelularización (NaCl, SDS, tritón X-100, SC y UV), con tres condiciones específicas para cada agente (concentraciones diferentes para los métodos químicos o tiempos de exposición diferentes para los métodos físicos). Para este caso, se determinaron la media de valores y la desviación estándar de los siguientes grupos experimentales: 1) todas las muestras tratadas con el mismo agente de descelularización, independiente de la concentración o tiempo usado. Se nombraron estos grupos como grupos globales. 2) Muestras tratadas con una concentración o tiempo específicos para cada agente. Se nombraron estos grupos como grupos específicos. Para realizar el análisis estadístico, se compararon los valores mediante la prueba estadística *t* de *Student* y se definieron las

diferencias estadísticamente significativas como $p < 0.001$, considerando que se ejecutó el análisis simultáneo de un elevado número de comparaciones.

4. RESULTADOS

4. Resultados

4.1. Análisis del patrón histológico de la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal

El análisis de las muestras PDHG evaluadas mediante tinción de HE permitió determinar el patrón histológico en la enfermedad periodontal. Nuestras observaciones revelaron, en primer lugar, la presencia de halos perinucleares en las células del epitelio de la mucosa oral. Además, se identificó un infiltrado inflamatorio intraepitelial en la región basal del epitelio. En segundo lugar, el tejido conectivo se caracterizó por la presencia de un infiltrado inflamatorio mixto, de topografía perivascular, células inflamatorias de distintos tipos, entre las que se destacan las células plasmáticas. Asimismo, se apreció necrosis celular y alteración arquitectural de la MEC (figura 11).

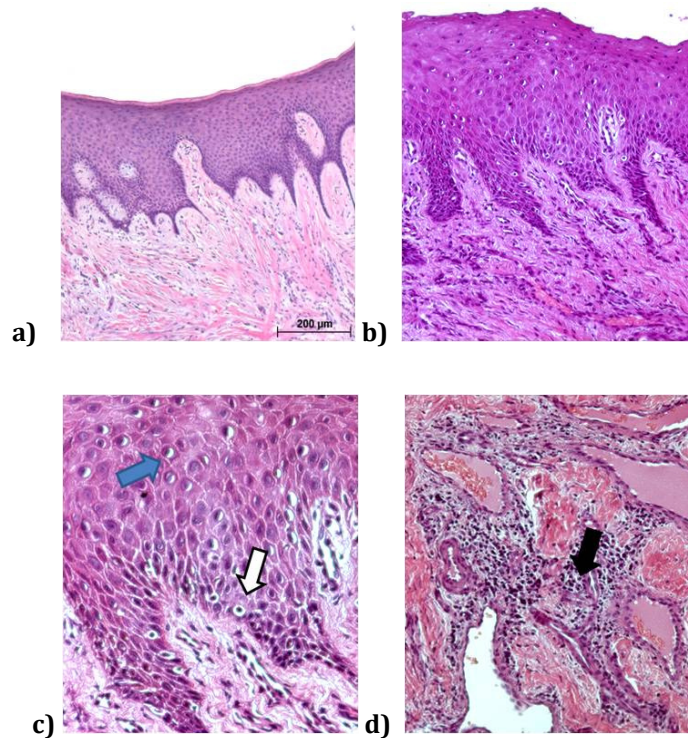


Figura 11. Fotografías histológicas. a) Mucosa oral humana normal. b) Mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal (PDHG) c) Mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal, con flecha azul señalando la presencia de un halo perinuclear en las células epiteliales y flecha blanca mostrando infiltrado inflamatorio intraepitelial en la región basal del epitelio. d) Mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal, con la flecha negra indicando presencia de un infiltrado inflamatorio mixto, de topografía perivascular con células inflamatorias de distintos tipos en el tejido conjuntivo.

4.2. Análisis de expresión génica

4.2.1. Identificación de genes alterados en enfermedad periodontal mediante *microarrays* de oligonucleótidos

El análisis de las muestras NHG y muestras PDHG utilizando *microarrays* reveló la existencia de 4138 genes o secuencias génicas cuya expresión fue > 2 en uno de los dos grupos de estudio. En concreto, de los 4138 genes o secuencias génicas identificadas, 2596 genes se encontraron sobreexpresados y 1542 genes se hallaron inhibidos en el grupo de muestras PDHG (tabla S1).

4.2.2. Identificación de funciones génicas asociadas a la enfermedad periodontal

El análisis de los genes sobreexpresados o inhibidos en el grupo de muestras PDHG utilizando los programas Cytoscape y BiNGO® demostró que numerosas funciones génicas se encontraban alteradas en las muestras de mucosa humana afectadas por enfermedad periodontal. El análisis de las funciones de estos genes seleccionados indicó un aumento estadísticamente significativo de 117 funciones génicas en el grupo de muestras PDHG, destacando las funciones relacionadas con fisiología celular, respuesta a estímulos externos, sistema inmune, MEC, componentes celulares y desarrollo (tabla 1 y figura 12). Por otra parte, el análisis de las funciones génicas de los 1542 genes, cuya expresión estaba inhibida en la enfermedad periodontal, demostró una reducción estadísticamente significativa de 24 funciones génicas, destacando que la mayor parte estaba relacionada con fisiología y componentes celulares, aunque también existían funciones relacionadas con matriz extracelular y desarrollo (tabla 2 y figura 13).

GO-ID	Valor de significación <i>p</i>	Valor de significación <i>p</i> corregido	Funciones génicas
50874	1,95E-20	2,45E-17	<i>organismal physiological process</i>
4871	1,59E-20	2,45E-17	<i>signal transducer activity</i>
6952	1,47E-16	1,23E-13	<i>defense response</i>
9607	1,69E-15	1,06E-12	<i>response to biotic stimulus</i>
4872	9,45E-15	4,76E-12	<i>receptor activity</i>
6955	5,69E-14	2,39E-11	<i>immune response</i>
5576	9,70E-13	3,49E-10	<i>extracellular región</i>
50896	1,62E-12	5,10E-10	<i>response to stimulus</i>
16020	2,18E-11	6,10E-09	<i>Membrane</i>
31224	2,55E-11	6,42E-09	<i>intrinsic to membrane</i>
16021	4,59E-11	1,05E-08	<i>integral to membrane</i>
5886	5,86E-11	1,23E-08	<i>plasma membrane</i>
7154	9,49E-11	1,84E-08	<i>cell communication</i>
44425	3,18E-10	5,71E-08	<i>membrane part</i>
7155	1,21E-09	2,04E-07	<i>cell adhesión</i>
5575	2,30E-09	3,45E-07	<i>cellular_component</i>
9605	2,33E-09	3,45E-07	<i>response to external stimulus</i>
7165	3,05E-09	4,27E-07	<i>signal transduction</i>
7275	4,58E-09	6,07E-07	<i>Development</i>
44459	5,04E-09	6,34E-07	<i>plasma membrane part</i>
31226	1,04E-08	1,25E-06	<i>intrinsic to plasma membrane</i>
5887	1,18E-08	1,36E-06	<i>integral to plasma membrane</i>
9613	1,30E-08	1,43E-06	<i>response to pest, pathogen or parasite</i>
4888	1,86E-08	1,95E-06	<i>transmembrane receptor activity</i>
51707	2,33E-08	2,34E-06	<i>response to other organism</i>
5201	7,74E-08	7,50E-06	<i>extracellular matrix structural constituent</i>
3823	5,27E-07	4,91E-05	<i>antigen binding</i>
5102	5,57E-07	5,00E-05	<i>receptor binding</i>
31012	6,01E-07	5,14E-05	<i>extracellular matrix</i>
9611	6,13E-07	5,14E-05	<i>response to wounding</i>
6959	1,68E-06	1,37E-04	<i>humoral immune response</i>
7267	2,21E-06	1,74E-04	<i>cell-cell signaling</i>
30333	6,33E-06	4,82E-04	<i>antigen processing</i>
44421	6,79E-06	5,03E-04	<i>extracellular region part</i>
6811	8,45E-06	6,07E-04	<i>ion transport</i>
9628	8,86E-06	6,20E-04	<i>response to abiotic stimulus</i>
5578	1,20E-05	8,18E-04	<i>extracellular matrix (sensu Metazoa)</i>
6817	1,33E-05	8,82E-04	<i>phosphate transport</i>
44420	1,50E-05	9,45E-04	<i>extracellular matrix part</i>

5515	1,50E-05	9,45E-04	<i>protein binding</i>
7166	1,92E-05	1,18E-03	<i>cell surface receptor linked signal transduction</i>
48513	2,02E-05	1,21E-03	<i>organ development</i>
5202	2,17E-05	1,27E-03	<i>Collagen</i>
7188	2,23E-05	1,27E-03	<i>G-protein signaling, coupled to cAMP nucleotide second messenger</i>
16064	2,45E-05	1,37E-03	<i>humoral defense mechanism (sensu Vertebrata)</i>
8150	2,53E-05	1,39E-03	<i>biological_process</i>
19933	2,70E-05	1,45E-03	<i>cAMP-mediated signaling</i>
19199	3,51E-05	1,84E-03	<i>transmembrane receptor protein kinase activity</i>
42221	3,67E-05	1,88E-03	<i>response to chemical stimulus</i>
19882	3,77E-05	1,90E-03	<i>antigen presentation</i>
4714	5,60E-05	2,76E-03	<i>transmembrane receptor protein tyrosine kinase activity</i>
7399	6,25E-05	3,02E-03	<i>nervous system development</i>
48731	7,81E-05	3,71E-03	<i>system development</i>
7610	8,52E-05	3,92E-03	<i>Behavior</i>
6950	8,57E-05	3,92E-03	<i>response to stress</i>
5261	9,99E-05	4,49E-03	<i>cation channel activity</i>
30246	1,08E-04	4,76E-03	<i>carbohydrate binding</i>
7187	1,13E-04	4,90E-03	<i>G-protein signaling, coupled to cyclic nucleotide second messenger</i>
19883	1,40E-04	5,97E-03	<i>antigen presentation, endogenous antigen</i>
19735	1,52E-04	6,40E-03	<i>antimicrobial humoral response (sensu Vertebrata)</i>
30001	1,59E-04	6,56E-03	<i>metal ion transport</i>
19885	1,80E-04	7,26E-03	<i>antigen processing, endogenous antigen via MHC class I</i>
5021	1,82E-04	7,26E-03	<i>vascular endothelial growth factor receptor activity</i>
30955	1,97E-04	7,64E-03	<i>potassium ion binding</i>
1501	1,97E-04	7,64E-03	<i>skeletal development</i>
19935	2,11E-04	8,05E-03	<i>cyclic-nucleotide-mediated signaling</i>
6813	2,17E-04	8,15E-03	<i>potassium ion transport</i>
19730	2,31E-04	8,54E-03	<i>antimicrobial humoral response</i>
5179	2,47E-04	9,01E-03	<i>hormone activity</i>
15268	2,69E-04	9,67E-03	<i>alpha-type channel activity</i>
7584	2,75E-04	9,77E-03	<i>response to nutrient</i>
15267	2,84E-04	9,87E-03	<i>channel or pore class transporter activity</i>
30594	2,86E-04	9,87E-03	<i>neurotransmitter receptor activity</i>
30106	3,08E-04	1,02E-02	<i>MHC class I receptor activity</i>
1653	3,08E-04	1,02E-02	<i>peptide receptor activity</i>
8528	3,08E-04	1,02E-02	<i>peptide receptor activity, G-protein coupled</i>
5267	3,43E-04	1,11E-02	<i>potassium channel activity</i>
19932	3,42E-04	1,11E-02	<i>second-messenger-mediated signaling</i>
42165	3,64E-04	1,16E-02	<i>neurotransmitter binding</i>
9991	3,72E-04	1,16E-02	<i>response to extracellular stimulus</i>

1633	3,72E-04	1,16E-02	<i>secretin-like receptor activity</i>
19226	3,88E-04	1,19E-02	<i>transmission of nerve impulse</i>
6816	4,60E-04	1,38E-02	<i>calcium ion transport</i>
7268	4,57E-04	1,38E-02	<i>synaptic transmission</i>
42592	5,08E-04	1,51E-02	<i>Homeostasis</i>
6812	5,61E-04	1,64E-02	<i>cation transport</i>
30528	5,91E-04	1,71E-02	<i>transcription regulator activity</i>
8083	6,32E-04	1,79E-02	<i>growth factor activity</i>
30017	6,25E-04	1,79E-02	<i>Sarcomere</i>
5125	6,65E-04	1,86E-02	<i>cytokine activity</i>
6954	7,29E-04	2,02E-02	<i>inflammatory response</i>
5516	7,73E-04	2,09E-02	<i>calmodulin binding</i>
6873	7,73E-04	2,09E-02	<i>cell ion homeostasis</i>
15085	8,02E-04	2,15E-02	<i>calcium ion transporter activity</i>
42277	8,66E-04	2,29E-02	<i>peptide binding</i>
3700	9,99E-04	2,62E-02	<i>transcription factor activity</i>
31667	1,07E-03	2,76E-02	<i>response to nutrient levels</i>
8373	1,07E-03	2,76E-02	<i>sialyltransferase activity</i>
31420	1,10E-03	2,79E-02	<i>alkali metal ion binding</i>
9653	1,15E-03	2,91E-02	<i>Morphogenesis</i>
4222	1,20E-03	3,00E-02	<i>metalloendopeptidase activity</i>
50801	1,27E-03	3,13E-02	<i>ion homeostasis</i>
15698	1,29E-03	3,15E-02	<i>inorganic anion transport</i>
51216	1,42E-03	3,45E-02	<i>cartilage development</i>
30016	1,44E-03	3,45E-02	<i>Myofibril</i>
5388	1,49E-03	3,54E-02	<i>calcium-transporting ATPase activity</i>
5529	1,51E-03	3,56E-02	<i>sugar binding</i>
6935	1,55E-03	3,57E-02	<i>Chemotaxis</i>
42330	1,55E-03	3,57E-02	<i>Taxis</i>
6936	1,63E-03	3,73E-02	<i>muscle contraction</i>
267	1,73E-03	3,91E-02	<i>cell fraction</i>
7186	1,88E-03	4,22E-02	<i>G-protein coupled receptor protein signaling pathway</i>
5615	1,94E-03	4,33E-02	<i>extracellular space</i>
30005	2,02E-03	4,46E-02	<i>di-, tri-valent inorganic cation homeostasis</i>
15368	2,22E-03	4,80E-02	<i>calcium:cation antiporter activity</i>
16809	2,23E-03	4,80E-02	<i>endopeptidase activity</i>
6491	2,22E-03	4,80E-02	<i>N-glycan processing</i>

Tabla 1. Principales funciones génicas relacionadas con los 2596 genes sobreexpresados en muestras de mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal.

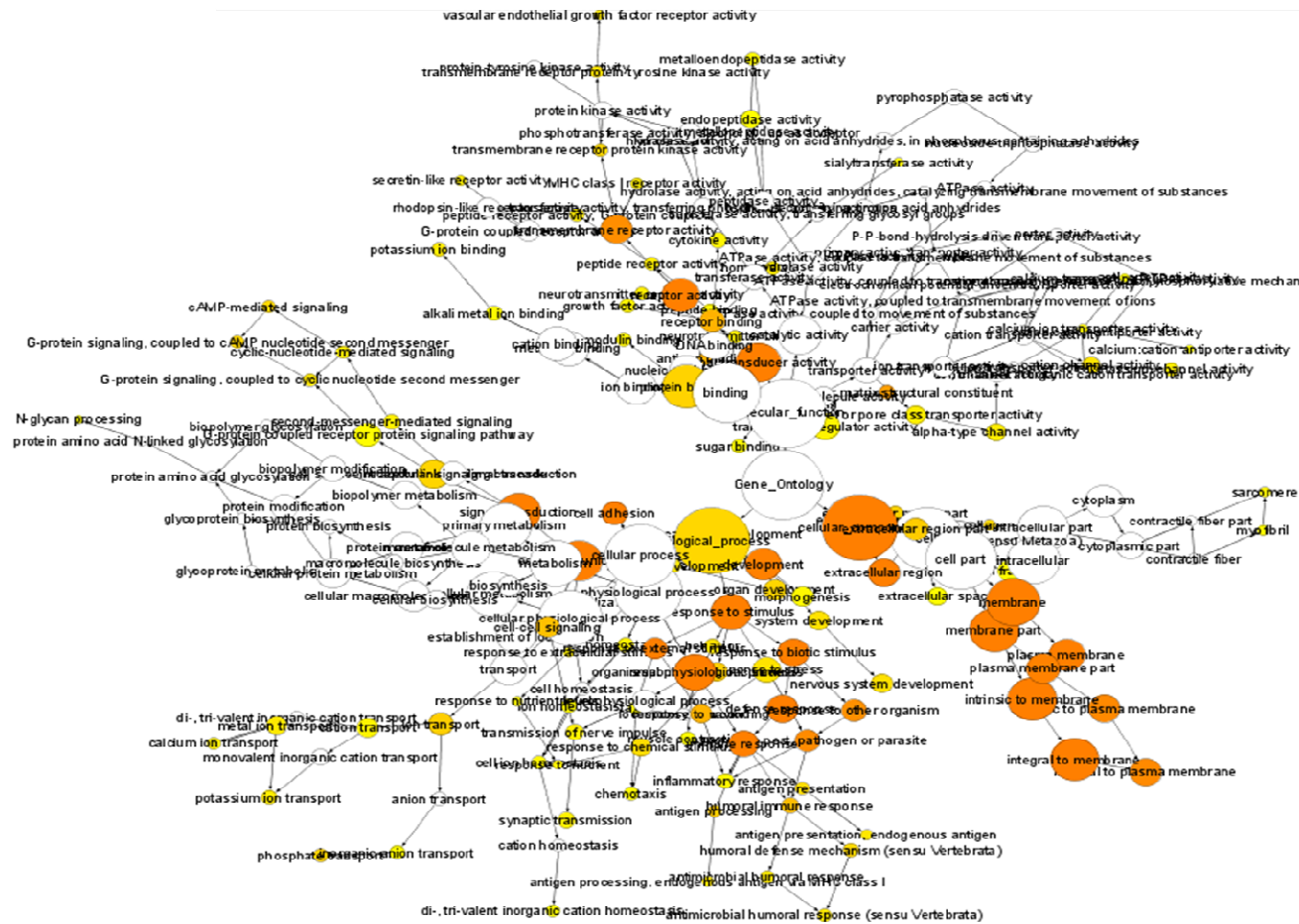


Figura 12. Representación gráfica de las funciones biológicas más relevantes, dentro de 2596 genes o secuencias génicas que se hallaban sobreexpresados en el grupo de muestras PDHG, utilizando el programa Cytoscape-BiNGO®. Las funciones génicas que se encontraron sobrerrepresentadas con mayor nivel de significación estadística se muestran en color anaranjado, mientras que las que no resultaron significativas aparecen en color blanco. El amarillo indica niveles de significación intermedios.

GO-ID	Valor de significación <i>p</i>	Valor de significación <i>p</i> corregido	Funciones génicas
5886	9,78E-09	1,94E-05	<i>plasma membrane</i>
7275	4,49E-07	4,45E-04	<i>Development</i>
44459	1,85E-06	1,22E-03	<i>plasma membrane part</i>
16020	3,94E-06	1,95E-03	<i>Membrane</i>
5509	7,75E-06	2,93E-03	<i>calcium ion binding</i>
31226	8,86E-06	2,93E-03	<i>intrinsic to plasma membrane</i>
16792	1,21E-05	3,44E-03	<i>phosphoric diester hydrolase activity</i>
9653	2,24E-05	5,17E-03	<i>Morphogenesis</i>
5887	2,34E-05	5,17E-03	<i>integral to plasma membrane</i>
30154	2,81E-05	5,57E-03	<i>cell differentiation</i>
5576	4,33E-05	7,81E-03	<i>extracellular región</i>
48731	5,30E-05	8,77E-03	<i>system development</i>
4871	6,46E-05	9,85E-03	<i>signal transducer activity</i>
44425	7,93E-05	1,12E-02	<i>membrane part</i>
7399	1,04E-04	1,37E-02	<i>nervous system development</i>
44003	1,60E-04	1,82E-02	<i>modification of host morphology or physiology</i>
51817	1,60E-04	1,82E-02	<i>modification of morphology or physiology of other organism during symbiotic interaction</i>
31224	1,65E-04	1,82E-02	<i>intrinsic to membrane</i>
50874	1,90E-04	1,99E-02	<i>organismal physiological process</i>
16021	2,92E-04	2,90E-02	<i>integral to membrane</i>
30001	3,49E-04	3,30E-02	<i>metal ion transport</i>
47555	3,89E-04	3,51E-02	<i>3',5'-cyclic-GMP phosphodiesterase activity</i>
5615	4,21E-04	3,60E-02	<i>extracellular space</i>
7156	4,36E-04	3,60E-02	<i>homophilic cell adhesión</i>

Tabla 2. Las principales funciones génicas relacionadas con los 1542 genes inhibidos en muestras de mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal.

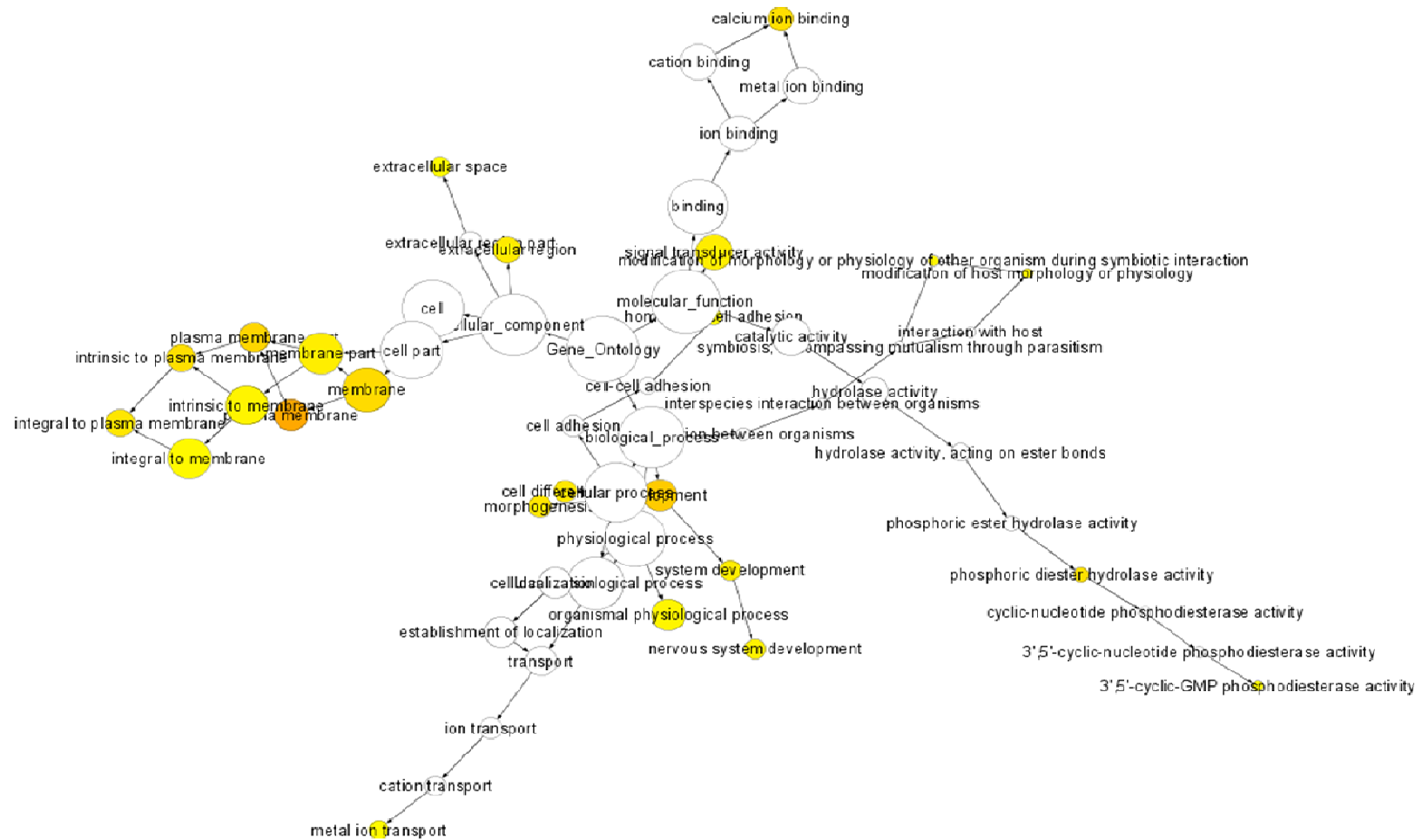


Figura 13. Representación gráfica de las funciones biológicas más relevantes, dentro de 1542 genes o secuencias génicas que se hallaban inhibidos en el grupo de muestras PDHG, utilizando el programa Cytoscape-BiNGO®. Las funciones génicas que se encontraron sobrerrepresentadas con mayor nivel de significación estadística se muestran en color anaranjado, mientras que las que no resultaron significativas aparecen en color blanco. El amarillo indica niveles de significación intermedios.

4.2.3. Validación de los niveles de expresión génica mediante análisis de expresión de proteínas (*Western blotting*)

Una vez identificados los 4138 genes alterados en la enfermedad periodontal, en esta Tesis Doctoral se seleccionó uno de los genes (ARSD) para su análisis a nivel de proteínas. Como se muestra en la figura 14, el análisis de los *Western blotting* de los lisados celulares de NHG y PDHG confirmó que la expresión de la proteína ARSD se encontró alterada en muestras PDHG, existiendo una disminución de dicha expresión en comparación con la mucosa oral normal utilizada como control.

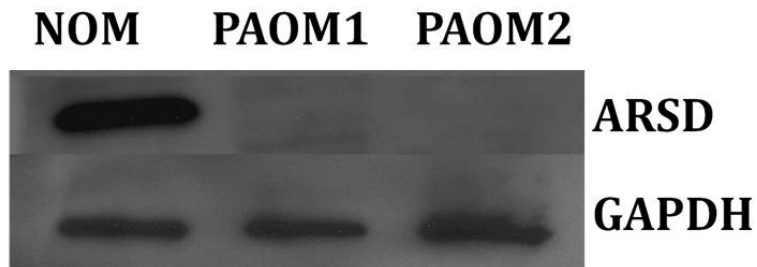


Figura 14. Análisis de *Western blot* de expresión de las proteínas ARSD (arilsulfarasa D) en muestra control (NOM) y dos muestras ilustrativas de enfermedad periodontal (PAOM1 y PAOM2). La expresión de la proteína *housekeeping* GAPDH se utiliza como control.

4.3. Análisis de la eficacia de los métodos de descelularización mediante la tinción DAPI

Los resultados de DAPI revelaron que, en general, el grupo global SDS mostró un nivel más elevado de eliminación celular (98.85 %) que los otros grupos experimentales globales: NaCl (89.50 %), tritón X-100 (94.63 %), SC (95.17 %) y UV (96.67 %) (figuras 15 y 16). El análisis estadístico demostró diferencias significativas ($p < 0.001$) para la comparación de cada grupo frente al grupo control (muestras no tratadas) (tabla 3). Además, las muestras específicamente tratadas con SDS 0.6 % demostraron el grado más alto de eliminación celular (99.52 %), seguido por las muestras tratadas con SDS 0.3 % (98.83 %) y NaCl 1.5 M (98.27 %), mientras que los niveles más bajos correspondieron al grupo NaCl 3 M (82.22 %). Todos los grupos experimentales mostraron resultados estadísticamente más altos que las muestras control.

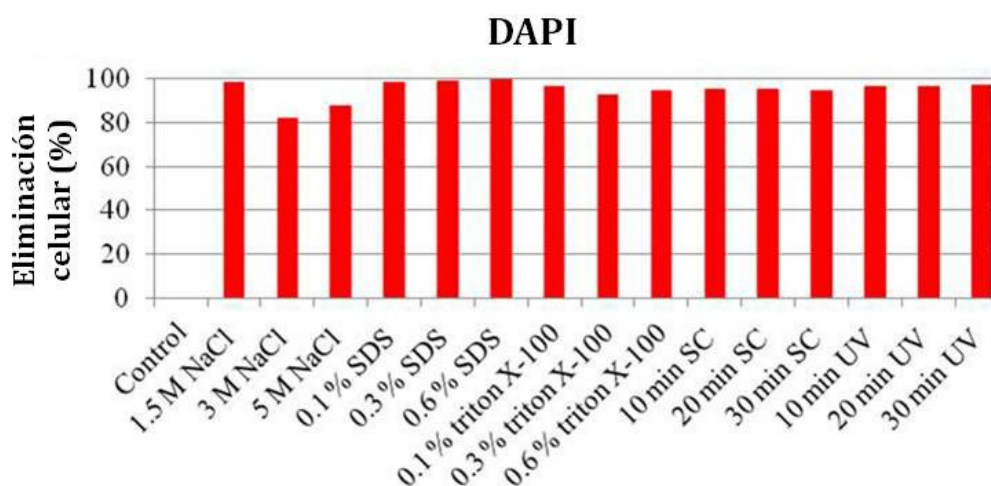


Figura 15. Histograma representativo de la eficiencia de eliminación celular determinado mediante la tinción DAPI.

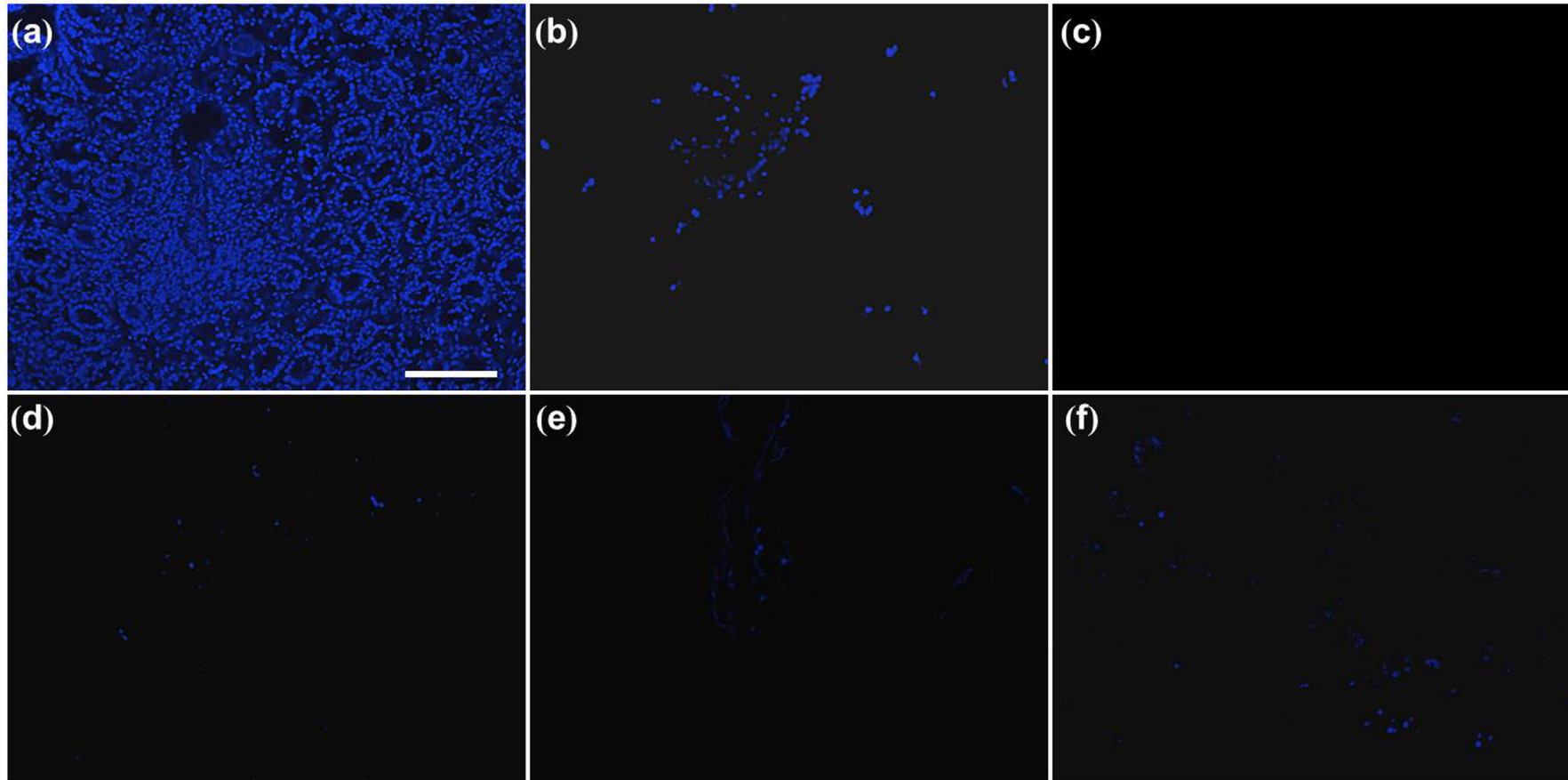


Figura 16. Evaluación de la presencia de núcleos celulares en tejidos control y descelularizados, determinados mediante DAPI (ejemplos ilustrativos). a) Control, b) 5 M NaCl, c) 0.6 % SDS, d) 0.1 % tritón X-100, e) 10 min SC y f) 10 min UV. Barra de escala representa 200 μm .

4.4. Análisis de la membrana biológica compatible elaborada mediante descelularización

4.4.1. Análisis cualitativo de la membrana biológica compatible mediante tinción de Hematoxilina Eosina (HE)

Los resultados de la tinción HE evidenciaron que los grupos globales NaCl y UV presentaron mejores niveles de organización estructural de la MEC (1.2 y 1.2 puntos en la evaluación cualitativa) que los otros grupos experimentales globales: SDS (1.7), tritón X-100 (1.3) y SC (1.5) (figura 17). El análisis global de todos los grupos experimentales demostró que existieron diferencias estadísticamente significativas respecto al grupo control (tabla 3). Además, las muestras que mantuvieron el nivel más alto de organización de la MEC correspondieron a los tejidos tratados con la concentración más baja de NaCl (1.5 M y 3 M), SDS 0.1 %, tritón X-100 0.6 % y UV 10 min, los cuales no mostraron diferencias significativas respecto al grupo control.

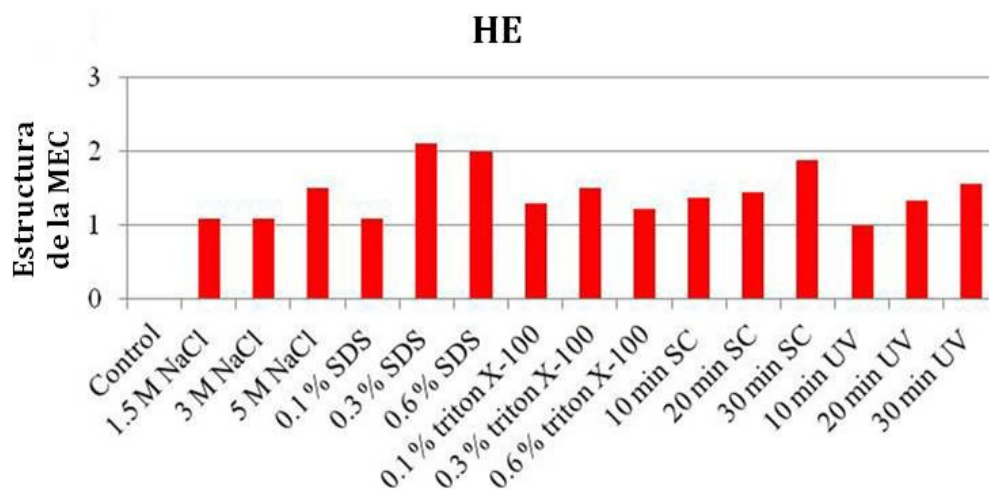


Figura 17. Histograma representativo de la preservación de estructura tisular, determinado mediante la tinción HE.

		DAPI	HE	Picosirius	Reticulina de Gomori	PAS	Azul de alcian
NaCl	Grupo global	2,53546E-07 ^a	4,13144E-07 ^a	0,090950917	5,62118E-06 ^a	7,24637E-07 ^a	0,030729683
	1.5 M	1,64503E-07 ^a	0,01153487	0,528146647	9,41812E-05 ^a	6,22548E-07 ^a	0,781956409
	3 M	6,08302E-07 ^a	0,017438861	0,506547764	1,08177E-06 ^a	1,08901E-06 ^a	0,177534993
	5 M	2,15363E-07 ^a	0,000342264 ^a	0,007534332 ^a	0,005244566 ^a	3,33378E-07 ^a	0,00175137 ^a
SDS	Grupo global	1,55086E-07 ^a	1,14348E-09 ^a	1,13272E-05 ^a	5,50417E-06 ^a	0,078109293	0,044367251
	0.1 M	1,65838E-07 ^a	0,01153487	0,010509954	0,030806642	0,451464299	0,518203713
	0.3 M	1,55343E-07 ^a	9,07871E-05 ^a	1,98973E-06 ^a	1,86551E-05 ^a	0,85495373	0,07536225
	0.6 M	1,433E-07 ^a	8,7714E-05 ^a	7,36188E-06 ^a	1,09133E-07 ^a	0,001053444 ^a	0,00941863 ^a
Tritón X-100	Grupo global	2,55181E-07 ^a	2,72214E-07 ^a	0,950632899	2,14819E-05 ^a	0,026037605	0,074381162
	0.1 %	1,99057E-07 ^a	0,001895842 ^a	0,565487244	0,076903125	0,03683376	0,323379099
	0.3 %	2,857E-07 ^a	0,002995777 ^a	0,924710614	9,58994E-07 ^a	0,029366573	0,297435909
	0.6 %	2,36493E-07 ^a	0,015800596	0,464927733	3,74641E-05 ^a	0,03528835	0,006414129 ^a
SC	Grupo global	2,27557E-07 ^a	1,13305E-09 ^a	0,007176307 ^a	6,21346E-06 ^a	0,051041012	0,175343751
	10 min	2,24682E-07 ^a	0,001216305 ^a	0,146573131	6,57659E-05 ^a	0,086929778	0,169944021
	20 min	2,14316E-07 ^a	0,001173538 ^a	0,069416926	0,007192739 ^a	0,131787112	0,02973016
	30 min	1,51025E-07 ^a	0,00028738 ^a	0,000674027 ^a	0,000690924 ^a	0,058012481	0,10235796
UV	Grupo global	2,02151E-07 ^a	3,17575E-08 ^a	9,57826E-08 ^a	0,07181819	0,00059687 ^a	0,001774979 ^a
	10 min	1,95874E-07 ^a	0,017071681	6,63679E-05 ^a	0,587918618	0,002599761 ^a	0,334705566
	20 min	1,98925E-07 ^a	0,000477614 ^a	2,51867E-07 ^a	0,065479485	0,000883736 ^a	1,00762E-05 ^a
	30 min	1,95186E-07 ^a	0,000735902 ^a	2,87059E-08 ^a	0,019257024	0,001516101 ^a	0,041643158

Tabla 3. Comparación estadística de los resultados obtenidos de cada método de descelularización y para cada técnica con muestras de control no descelularizadas, usando la prueba estadística T de Student. Para cada comparación, el valor p es mostrado y los resultados estadísticamente significativos son señalados con una ^a.

4.4.2. Análisis de las fibras colágenas de la membrana biológica compatible mediante la tinción Picrosirius

Los resultados de la tinción Picrosirius demostraron que el grupo global tritón X-100 preservó de forma más eficiente la estructura de las fibras colágenas de la MEC (99.58 %) en comparación con los otros grupos experimentales globales: NaCl (93.11 %), SDS (78.99 %), SC (88.30 %) y UV (73.67 %) (figuras 18 y 19). Además, los grupos globales NaCl y tritón X-100 arrojaron diferencias significativas respecto al grupo control (tabla 3). Por otra parte, las muestras específicamente tratadas con tritón X-100 0.1% conservaron la cantidad más alta de fibras de colágeno (100%), seguidas por las muestras tratadas con tritón X-100 0.3% (99.56 %) y NaCl 1.5 M (96.63 %), con los resultados más pobres encontrados en el grupo de UV 30 min (70.32 %). Se encontraron diferencias significativas con el control para los grupos SDS 0.3 % y 0.6 %, SC 30 min y todos los grupos UV.

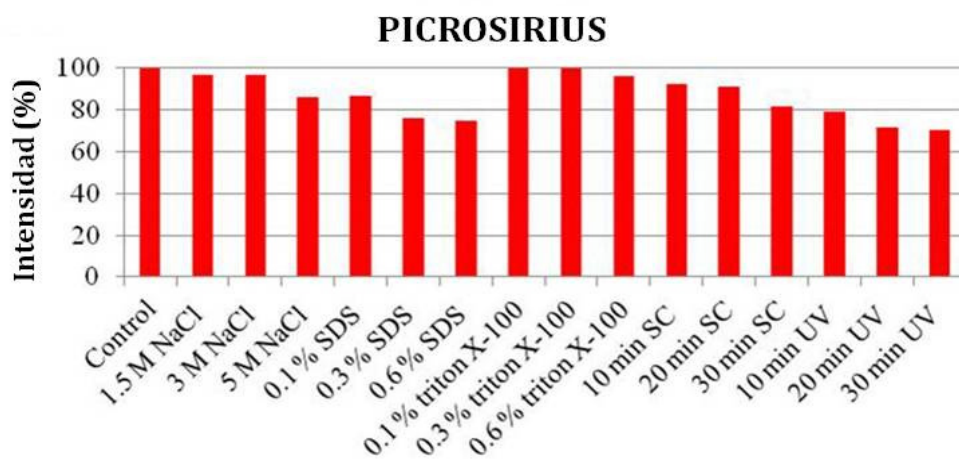


Figura 18. Histograma representativo de la preservación de las fibras de colágeno, determinado mediante la tinción Picrosirius.

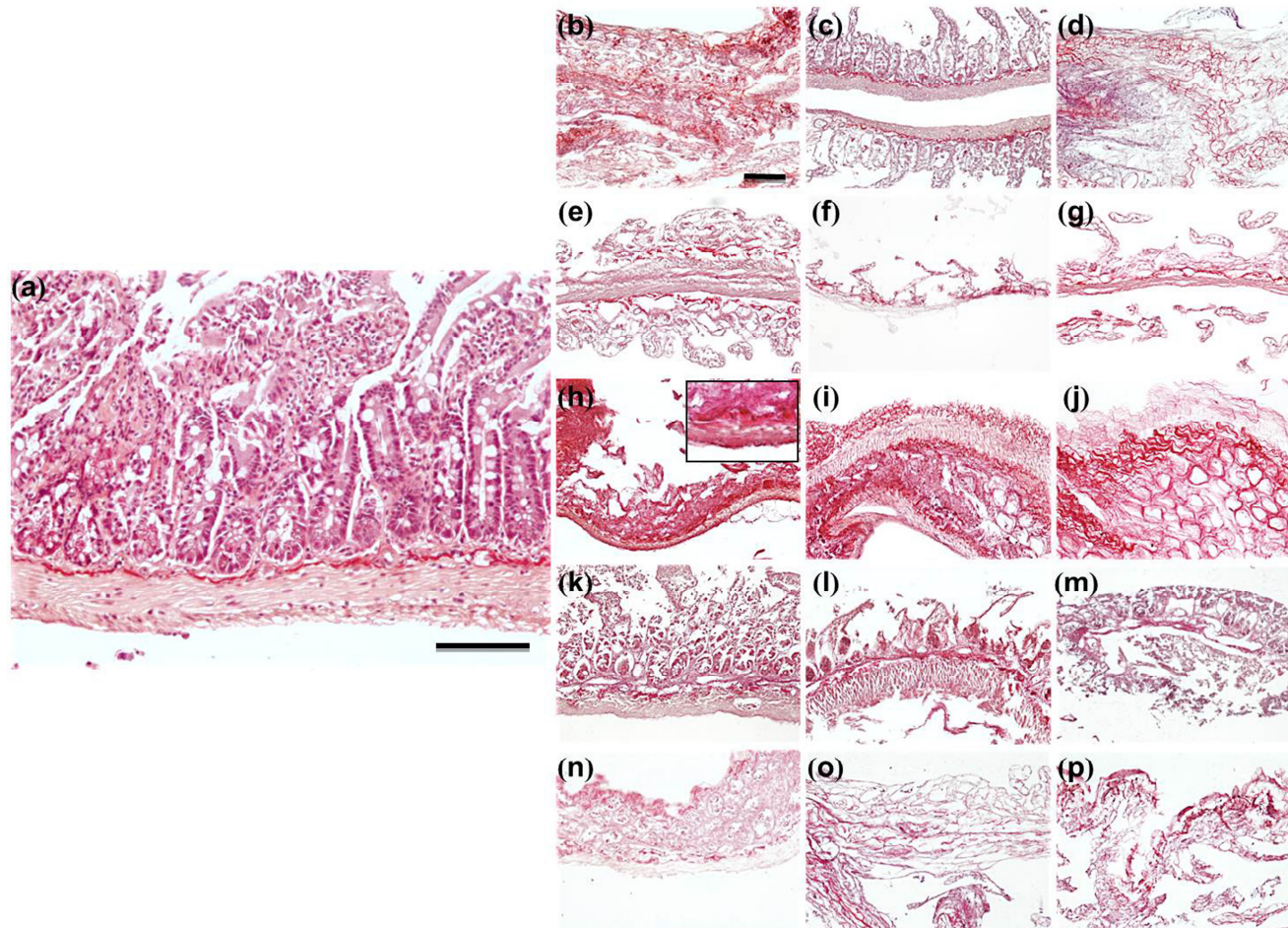


Figura 19. Tinción picosirius en muestras a) control, b) 1.5 M NaCl, c) 3 M NaCl, d) 5 M NaCl, e) 0.1 % SDS, f) 0.3 % SDS, g) 0.6 % SDS, h) 0.1 % tritón X-100, i) 0.3 % tritón X-100, j) 0.6 % tritón X-100, k) 10 min SC, l) 20 min SC, m) 30 min SC, n) 10 min UV, o) 20 min UV y p) 30 min UV. Barra de escala representa 200 μ m.

4.4.3. Análisis de las fibras reticulares de la membrana biológica compatible mediante la tinción reticulina de Gomori

Los resultados de la tinción reticulina de Gomori demostraron que las diferencias entre los grupos fueron discretas, siendo la media más alta de fibras reticulares la del grupo UV global (97.60 %). Los otros grupos experimentales globales obtuvieron resultados variables: NaCl (94.24 %), SDS (94.43 %), tritón X-100 (94.55 %) y SC (93.23 %) (figuras 20 y 21). El grupo UV global fue el único grupo sin diferencias significativas con el grupo control (tabla 3). Además, las muestras específicamente tratadas con UV 10 min preservaron el nivel más elevado de fibras reticulares (99%), seguidas por las muestras tratadas con tritón X-100 0.1 % (97.06 %) y SDS 0.1 % (96.99 %), mientras que el método menos eficiente fue SC 30 min (90.96 %). El análisis estadístico demostró diferencias no significativas entre el grupo control y los grupos SDS 0.1 %, tritón X-100 0.1 % y todos los tiempos de UV.

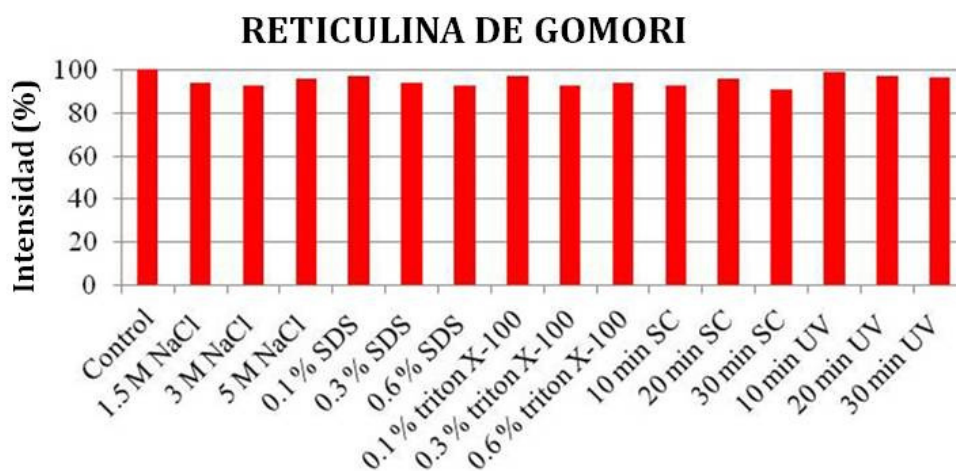


Figura 20. Histograma representativo de la preservación de las fibras reticulares, determinado mediante la tinción reticulina de Gomori.

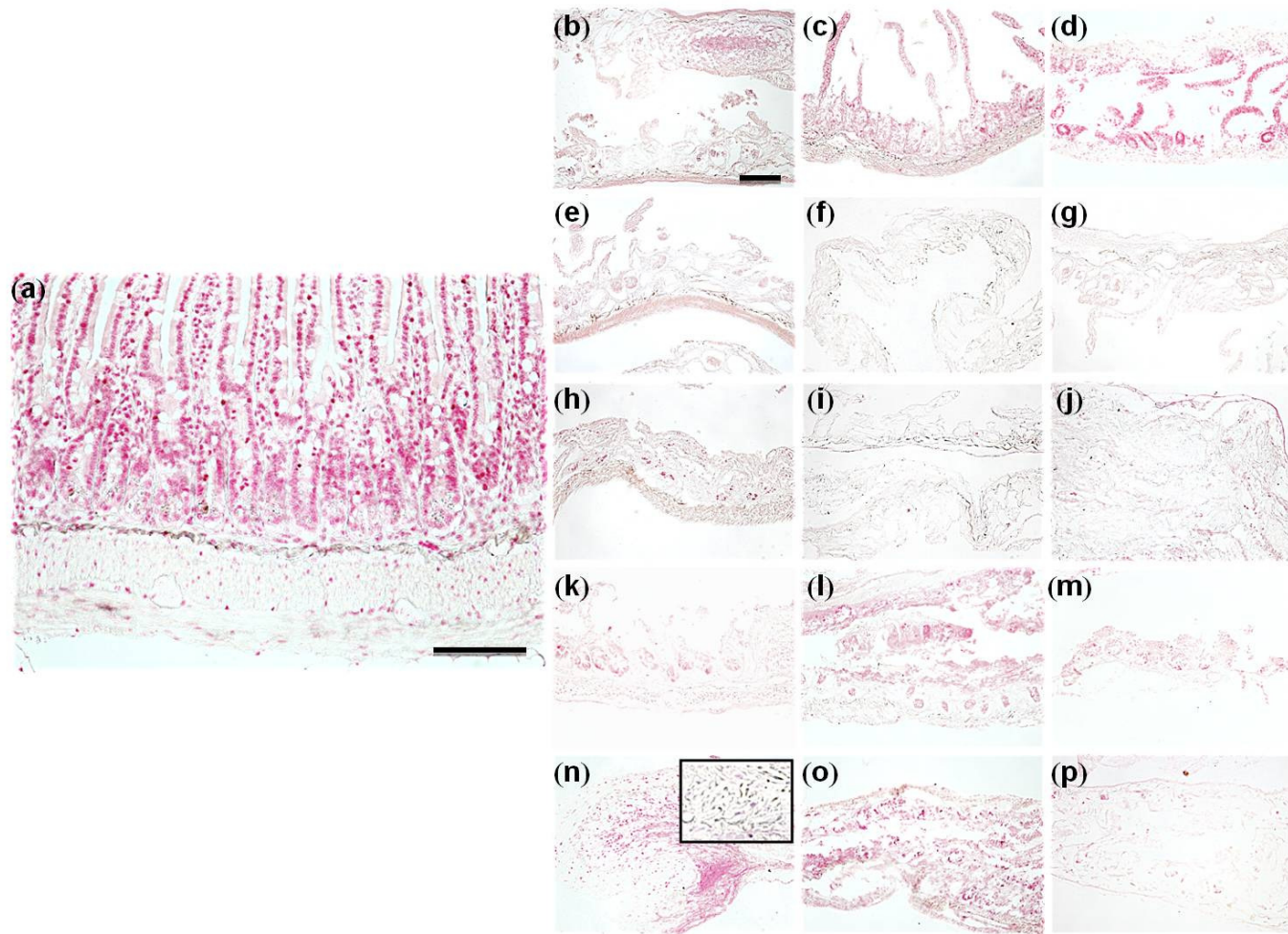


Figura 21. Tinción reticulina de Gomori en muestras a) control, b) 1.5 M NaCl, c) 3 M NaCl, d) 5 M NaCl, e) 0.1 % SDS, f) 0.3 % SDS, g) 0.6 % SDS, h) 0.1 % tritón X-100, i) 0.3 % tritón X-100, j) 0.6 % tritón X-100, k) 10 min SC, l) 20 min SC, m) 30 min SC, n) 10 min UV, o) 20 min UV y p) 30 min UV. Barra de escala representa 200 μ m.

4.4.4. Análisis de las glicoproteínas de la membrana biológica compatible mediante la tinción PAS

Los resultados de la tinción PAS revelaron que el grupo SDS global fue el método más eficiente para la preservación de glicoproteínas de la MEC (85.97 %) en comparación con los otros grupos experimentales globales: NaCl (44.39 %), tritón X-100 (80.59 %), SC (82.11 %) y UV (66.14 %) (figuras 22 y 23). El análisis estadístico mostró que la intensidad de la tinción PAS no varió entre muestras controles y SDS, tritón X-100 y SC (tabla 3). Además, el grupo específico SDS 0.3% demostró la más alta conservación de glicoproteínas (98.41 %), seguido por los grupos SDS 0.1 % (92.60 %) y SC 20 min (84.52 %), mientras las muestras tratadas con NaCl 5 M mostraron únicamente 43.13 % del contenido de glicoproteínas de los tejidos nativos. La comparación estadística entre las muestras control y los grupos específicos de tejidos descelularizados reveló que solo cinco grupos no difirieron de los controles: tritón X-100 (0.1%, 0.3% y 0.6%), SC 10 min y SC 30 min.

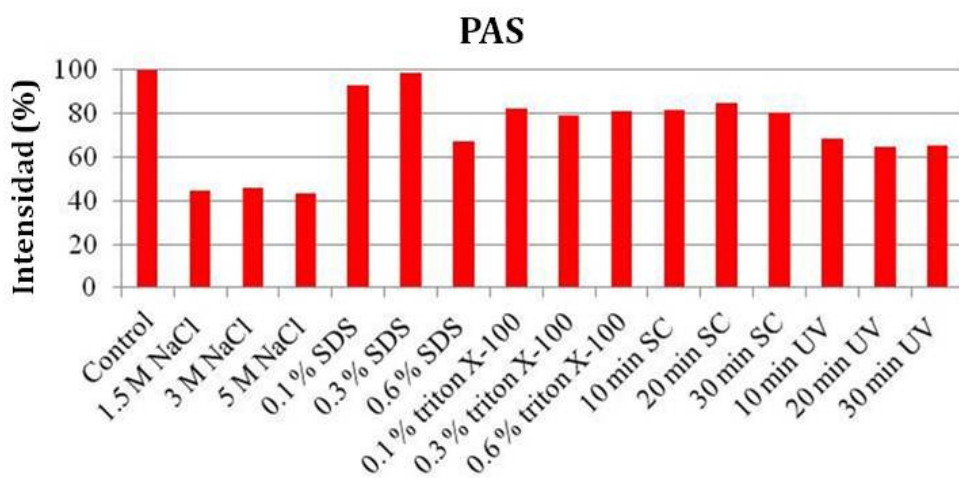


Figura 22. Histograma representativo de la preservación de las glicoproteínas, determinado mediante la tinción reticulina de PAS.

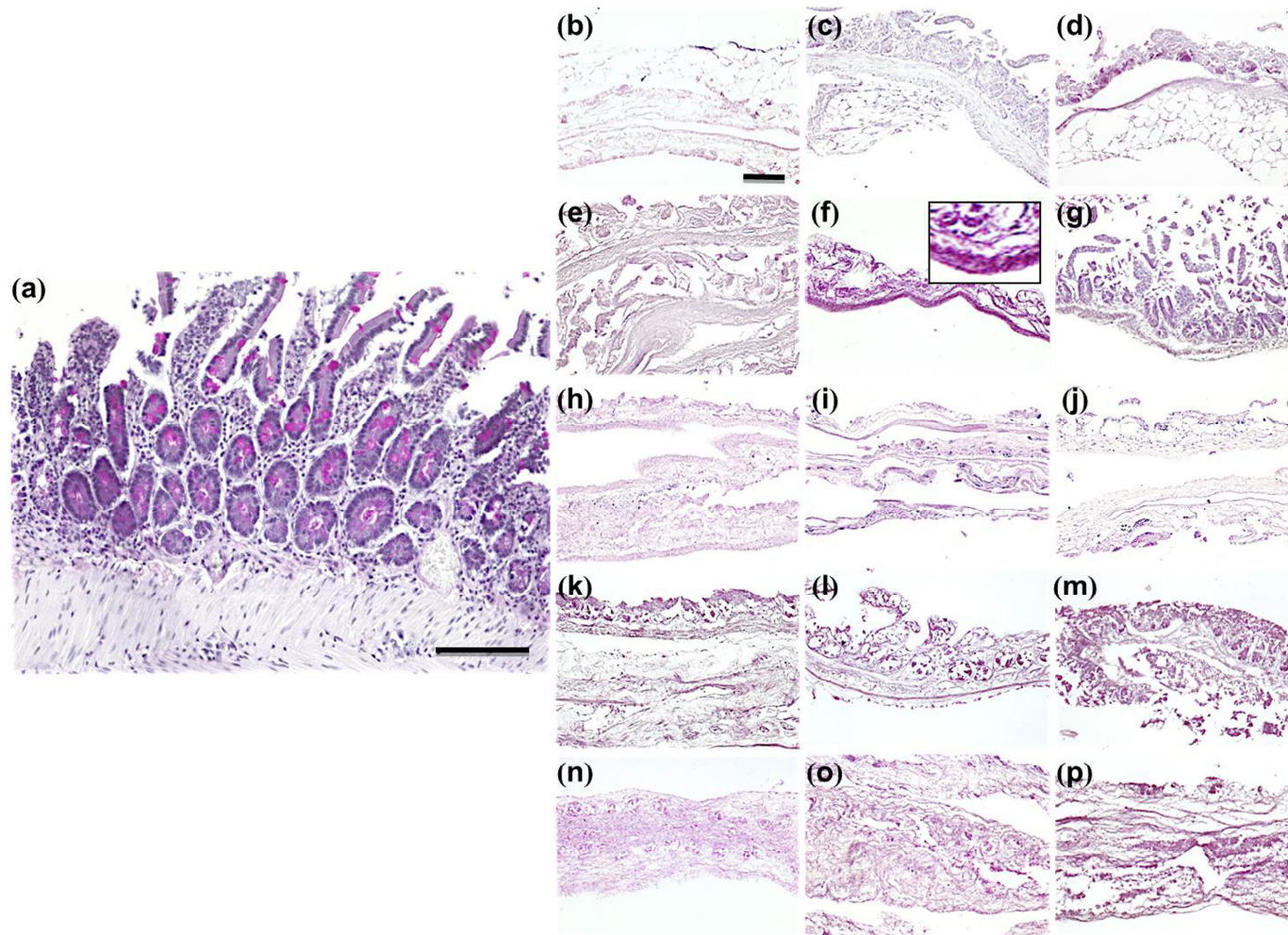


Figura 23. Tinción PAS en muestras a) control, b) 1.5 M NaCl, c) 3 M NaCl, d) 5 M NaCl, e) 0.1 % SDS, f) 0.3 % SDS, g) 0.6 % SDS, h) 0.1 % tritón X-100, i) 0.3 % tritón X-100, j) 0.6 % tritón X-100, k) 10 min SC, l) 20 min SC, m) 30 min SC, n) 10 min UV, o) 20 min UV y p) 30 min UV. Barra de escala representa 200 μ m.

4.4.5. Análisis de los proteoglicanos de la membrana biológica compatible mediante la tinción azul de alcian

Los resultados de la tinción de azul de alcian demostraron que, aunque la diferencia entre los grupos no fue amplia, el grupo SC global preservó un nivel más alto de proteoglicanos (98.58 %) que los otros grupos experimentales globales: NaCl (97.57 %), SDS (97.70 %), tritón X-100 (97.91 %) y UV (96.27 %) (figuras 24 y 25). El único método en el que los resultados variaron significativamente de las muestras control fue el grupo UV (tabla 3). Igualmente, las muestras expuestas a SC 10 min presentaron la más adecuada preservación de proteoglicanos (100 %), seguidas por las muestras tratadas con NaCl 1.5 M (99.78 %) y SDS 0.1 % (99.13 %), con los resultados más pobres correspondiendo al grupo UV 20 min (93.04 %). Los grupos específicos con diferencias estadísticamente significativas respecto a las muestras control, fueron NaCl 5 M, SDS 0.6 %, tritón X-100 0.6 % y UV 20 min.



Figura 24. Histograma representativo de la preservación de los proteoglicanos, determinado mediante la tinción azul de alcian.

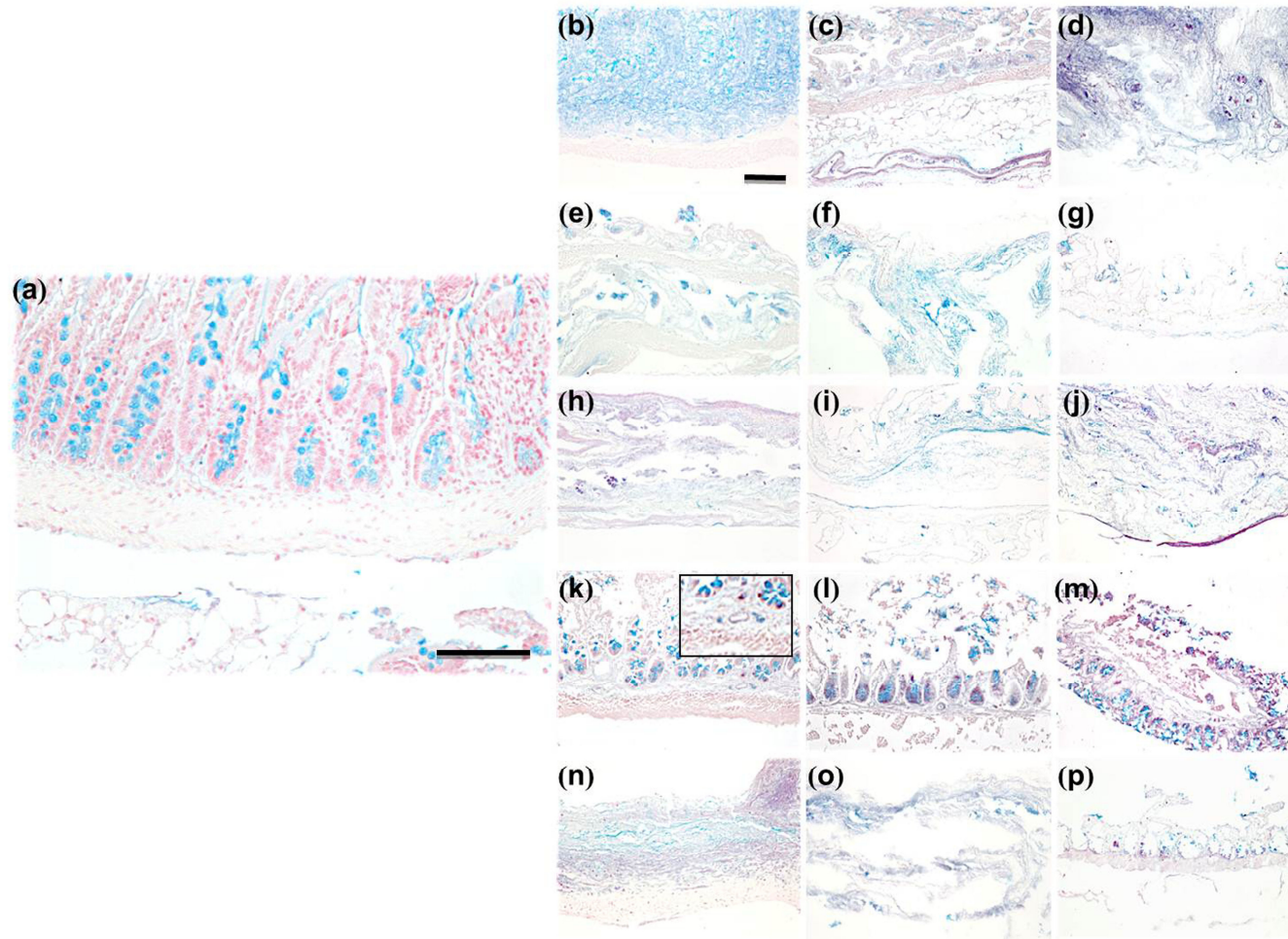


Figura 25. Tinción azul de alcian en muestras a) control, b) 1.5 M NaCl, c) 3 M NaCl, d) 5 M NaCl, e) 0.1 % SDS, f) 0.3 % SDS, g) 0.6 % SDS, h) 0.1 % tritón X-100, i) 0.3 % tritón X-100, j) 0.6 % tritón X-100, k) 10 min SC, l) 20 min SC, m) 30 min SC, n) 10 min UV, o) 20 min UV y p) 30 min UV. Barra de escala representa 200 μ m.

5. DISCUSIÓN

5. Discusión

La enfermedad periodontal es una patología inflamatoria que afecta al tejido de soporte del diente. Es bien conocido que el origen y la progresión de la periodontitis depende, en la mayoría de los casos, de microorganismos capaces de dar inicio a la enfermedad periodontal.

Aunque se conoce el papel de numerosos agentes etiológicos locales, sistémicos, genéticos y ambientales en la enfermedad periodontal, aún no se han conseguido identificar todos los mecanismos genéticos e histológicos que están implicados en esta enfermedad. La identificación de genes específicos de la enfermedad periodontal, cuya expresión es cuantitativamente diferente respecto a la mucosa oral normal, contribuiría de forma notable a un mejor conocimiento de esta patología, así como a establecer criterios diagnósticos y pronósticos. Sin embargo, muy pocos estudios han sido llevados a cabo hasta la fecha con el objeto de identificar el perfil de expresión génica global en la enfermedad periodontal. Por ese motivo, en esta Tesis Doctoral hemos investigado, en primer lugar, el patrón histológico y de expresión génica, utilizando técnicas histológicas clásicas y *microarrays* de oligonucleótidos, tanto en muestras de mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal, como en muestras de mucosa oral humana normal, utilizadas como control.

En relación con la determinación del patrón histológico de mucosa oral humana afectada con enfermedad periodontal, nuestros resultados revelaron la presencia de numerosas alteraciones en los tejidos epitelial y conjuntivo.

Por un lado, la estructura histológica de la encía libre sana está caracterizada por un epitelio estratificado plano queratinizado o paraqueratinizado y se puede distinguir, aparte de los queratinocitos, distintos tipos celulares como melanocitos, células de Langerhans y células de Merkel. Por su parte, el tejido conjuntivo está formado por distintas células como fibroblastos, células cebadas y macrófagos con abundantes sustancia intercelular y fibras (Gómez de Ferraris y Campos, 2009).

Recientemente, Rautemaa *et al.* (2004) detectaron mediante inmunohistoquímica que el patógeno *Porphyromonas gingivalis* se localizaba en la región peri nuclear del citoplasma de células epiteliales acometidas por periodontitis. Este dato podría explicar los halos peri nucleares encontrados en las células epiteliales del presente estudio.

Además, distintos estudios previos demostraron la presencia de un infiltrado inflamatorio en tejidos afectados por esta enfermedad (Davarian *et al.*, 2012).

Tras estudiar histológicamente los tejidos afectados por enfermedad periodontal, en la presente Tesis Doctoral se llevó a cabo un análisis global de expresión génica que nos permitió identificar una serie de genes y funciones génicas que podrían participar en la etiología y progresión de la enfermedad periodontal, y cuyo papel en dicha enfermedad no había sido establecido previamente.

La mayor parte de los estudios previos que se han realizado sobre la enfermedad periodontal son de tipo clínico, por lo que tienen en cuenta que la clave para el diagnóstico de esta patología se basa en la clínica del paciente, la cual nos permite identificar el tipo de enfermedad periodontal, su localización y la gravedad de la lesión. Los parámetros de diagnóstico tradicionalmente utilizados en la clínica incluyen pruebas de sondaje, pruebas de sangrado gingival, pruebas de niveles de inserción clínica, índices de placa bacteriana, y radiografías para determinar los niveles del hueso alveolar (Armitage, 2004). Estos parámetros han servido hasta la fecha como base para establecer el plan de tratamiento y como fuente de datos esencial para el mantenimiento y monitorización de las diferentes fases del tratamiento.

El gran éxito de los métodos de diagnóstico tradicionales se basa en la facilidad de su uso y en su bajo coste, siendo relativamente poco invasivos. Sin embargo, la utilidad de estos métodos diagnósticos sigue siendo limitada y es necesario desarrollar nuevas herramientas diagnóstico-terapéuticas.

En este contexto, los resultados de esta Tesis Doctoral pueden suponer un avance en odontología, particularmente en el campo de la periodoncia, facilitando el diagnóstico de la enfermedad periodontal a través de una nueva herramienta, el *microarray*, que permite no sólo identificar los factores de riesgo para adquirir la enfermedad periodontal, sino, además, cuantificar de manera objetiva los genes implicados en dicha enfermedad.

En efecto, es bien conocido que los factores de riesgo son considerados como modificadores de la actividad de la enfermedad periodontal (Genco, 1996). Unido a esto, la susceptibilidad del huésped y la variedad de condiciones locales y sistémicas que influyen en el inicio y la progresión de la enfermedad periodontal son otros de los factores que, en consecuencia, producen una variación en la expresión de diferentes genes (Kamma *et al.*, 2004).

La identificación de genes y las funciones génicas más importantes implicados en la enfermedad periodontal podría contribuir significativamente al diagnóstico, y por lo tanto, al plan de tratamiento. Además, podría contribuir a la detección temprana de la enfermedad y a predecir su evolución.

Concretamente, nuestro análisis de expresión génica demostró que la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal presentó un total de 4138 genes o secuencias génicas alteradas, cuya expresión fue >2 en uno de los grupos de estudio. Específicamente, se observó que 2596 genes se encontraron sobreexpresados y 1542 mostraron una expresión génica reducida en muestras de enfermedad periodontal. Además, el análisis de todos estos genes revela un gran número de funciones génicas de gran relevancia que se encontraban alteradas en la enfermedad periodontal.

La identificación de funciones génicas sobrerrepresentadas en la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal mostró un gran número de funciones relacionadas con el sistema inmunitario, matriz extracelular, uniones intercelulares, componentes celulares, desarrollo, fisiología celular y respuestas a estímulos externos.

Con relación a la respuesta inmune y defensa en general, se encontró gran sobrerrepresentación de funciones concretas como respuesta inflamatoria, actividad de citocinas, respuesta a patógenos, procesamiento y presentación de antígenos, quimiotaxia, mecanismo de defensa humoral, complejo mayor de compatibilidad clase I y respuesta a cicatrización. Nuestros resultados están de acuerdo con datos previamente descritos que demostraron una expresión elevada de citocinas como marcadores del proceso inflamatorio en la enfermedad periodontal (Davarian *et al.*, 2012). De acuerdo con algunos trabajos previos, la sobreexpresión de ciertas citocinas podría estar directamente relacionada con la destrucción del tejido periodontal que existe en los casos graves de esta enfermedad (Graves *et al.*, 2008). Además, se evidenció que una alteración de la actividad quimiotáctica de neutrófilos y monocitos podría estar involucrada en un aumento de la destrucción periodontal, siendo este parámetro uno de los factores de riesgo más significativas en el desarrollo de la enfermedad periodontal (Kumar y Prakash, 2012). En otro estudio, se confirmó la expresión de moléculas del complejo mayor de histocompatibilidad clase II mediante microscopia confocal en células epiteliales de tejidos gingivales afectados por enfermedad periodontal (Matsuyama *et al.*, 2005). Además, resultados previos de nuestro grupo de investigación confirmaron una expresión aumentada de funciones génicas relacionadas con la respuesta inmune (Roa, 2009; Garzón

et al., 2012). Estos resultados demuestran claramente que las células en la enfermedad periodontal podrían estar activando sus mecanismos de defensa. Estos resultados también abren la puerta al tratamiento de la enfermedad periodontal utilizando agentes inmunomoduladores.

Con respecto a las funciones génicas relacionadas con la matriz extracelular, se encontró sobrerrepresentación de funciones relacionadas con espacio extracelular y componentes de la matriz extracelular, constituyentes estructurales de la matriz extracelular y colágeno. Una vez instaurada la enfermedad periodontal, las fibras de colágeno y el epitelio de unión comienzan a degradarse y a sufrir una considerable migración apical, dando como resultado la presencia de bolsas periodontales y reabsorción de hueso alveolar (Offenbacher, 1996). En consecuencia, la enfermedad periodontal avanza y puede manifestarse con la progresiva destrucción de hueso alveolar, provocando la movilidad dental y la pérdida de piezas dentales (Albandar, 2002). Las metaloproteinasas degradan los componentes de la matriz extracelular y activan factores de crecimiento, contribuyendo a la aparición de condiciones patológicas como la periodontitis (Yan y Boyd, 2007). Uitto *et al.* (1998) demostraron que la MMP-13 puede jugar un papel crucial en la degradación de la matriz extracelular en inflamación crónica y, consecuentemente, indican dicha metaloproteinasa de la matriz como un diana potencial para inhibir la destrucción tisular en esta enfermedad.

Considerando las funciones génicas sobreexpresadas relacionadas con las uniones intercelulares, destacaron la adhesión y la comunicación celular. Es bien conocido que las uniones intercelulares pueden alterarse en la enfermedad periodontal por colonización bacteriana y actividad de proteasas, principalmente causadas por *Porphyromonas gingivalis*, un patógeno capaz de degradar distintos tipos de proteínas de unión epitelial (Kuramitsu, 1998; Katz *et al.*, 2002). Junto a ello las proteinasas de cisteína de *Porphyromonas gingivalis* pueden disgregar las moléculas intercelular de adhesión intercelular 1 (ICAM-1) de las células epiteliales orales, impidiendo la interacción entre los polimorfonucleares y dichas células, estando por tanto involucradas en la enfermedad periodontal (Tada *et al.*, 2003).

Por el contrario, el análisis de las muestras de mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal reveló un determinado grupo de genes con expresión reducida en esta enfermedad. Especialmente, se encontró una disminución de funciones relacionadas con desarrollo, diferenciación celular, fisiología celular, matriz extracelular y uniones intercelulares. Los polipéptidos de crecimiento y los factores de diferenciación son una

clase de mediadores biológicos que juegan un papel importante en la modulación del proceso de cicatrización. Los factores de crecimiento involucrados en la reparación y regeneración regulan distintos procesos celulares, como mitogénesis, quimiotaxia, diferenciación y metabolismo. En este contexto, Bougas *et al.* (2012) demostraron que la exposición transitoria *in vitro* de células de la médula ósea a *Porphyromonas gingivalis* aumentó el número de precursores de osteoclastos y la formación de osteoclastos, mientras que una exposición prologada abolía la osteoclastogénesis. Estos resultados evidencian que *Porphyromonas gingivalis* estaría implicado, de alguna manera, en la diferenciación celular. Estos resultados sugieren que, en la enfermedad periodontal, la actividad funcional y metabólica de las células podría estar alterada, al mismo tiempo que podrían estar alterados los mecanismos de diferenciación celular, desarrollo y regeneración tisular.

Aunque estos resultados habrán de confirmarse en un grupo más numeroso de muestras, los hallazgos descritos en este estudio podrían contribuir a un mejor conocimiento de esta enfermedad de elevada frecuencia, pudiendo servir como guía y marcador para una mejor actuación terapéutica en enfermedad periodontal.

Resulta evidente que un conocimiento más completo de la etiopatogenia de la enfermedad periodontal exige la revisión de los tratamientos existentes. En este sentido, el conocimiento de los patrones génicos que caracterizan la enfermedad periodontal y de las células implicadas, puede contribuir al diseño de nuevos agentes terapéuticos de naturaleza biológica, capaces de incardinarse en el contexto fisiopatológico de la enfermedad. A este respecto, el reciente desarrollo de membranas biológicas descelularizadas mediante ingeniería tisular constituye una nueva posibilidad de vincular la función mecánica de barrera, que caracteriza las membranas terapéuticas actualmente existentes en la terapéutica periodontal, a las propiedades biológicas derivadas del contexto genético. En este sentido, en nuestra Tesis Doctoral, desarrollamos un nuevo modelo de membrana descelularizada de posible utilidad terapéutica en la enfermedad periodontal.

Recientemente, se han desarrollado distintos tratamientos novedosos y alternativos mediante técnicas de ingeniería tisular. Entre otras, Podemos destacar las matrices obtenidas mediante descelularización. Es importante enfatizar que, aunque las membranas de uso convencional hayan mostrado resultados satisfactorios en la regeneración tisular periodontal, estos materiales pueden presentar algunas limitaciones

(Yoshinuma *et al.*, 2012). La búsqueda de materiales más bioactivos para uso en el tratamiento regenerativo periodontal supondría un importante avance para el tratamiento de los tejidos de soporte del diente alterados por la enfermedad periodontal.

En este contexto, distintos estudios preclínicos en animales y en aplicaciones clínicas en humanos han demostrado que los tejidos descelularizados facilitan la remodelación constructiva de diferentes tejidos (Badylak *et al.*, 2009). Durante el proceso de descelularización, un agente de descelularización adecuado debería ser capaz de eliminar eficientemente todas las células y componentes celulares de los tejidos descelularizados sin alterar la estructura histológica y la composición química de la MEC nativa (Gilbert *et al.*, 2006). La MEC juega un papel importante en la fisiología de las células y, por lo tanto, en la propia función del tejido. De hecho, la MEC provee los medios con los cuales las células se comunican (Badylak, 2007), se dividen (Crapo *et al.*, 2011) y se diferencian (Cortiella *et al.*, 2010). Además, la MEC es la estructura del huésped que soporta los vasos sanguíneos y linfáticos y la inervación, permitiendo la nutrición celular y la difusión de oxígeno (Badylak, 2007).

En esta Tesis Doctoral se evaluó la eficiencia de los métodos de descelularización químicos y físicos más comúnmente utilizados en un modelo de intestino delgado, determinándose la eliminación celular y la preservación de los componentes de la MEC, para optimizar un método de descelularización para posible uso como barrera quirúrgica en la regeneración periodontal guiada.

En el presente estudio, los detergentes químicos demostraron ser los agentes más eficientes para eliminación celular, según demostraron las tinciones con DAPI. Estos resultados concuerdan con estudios previos que demuestran que los detergentes iónicos y no iónicos son capaces de solubilizar las membranas celulares y de disociar el ADN y las proteínas (Crapo *et al.*, 2011). Es importante señalar la gran importancia de eliminar eficazmente todas las células del tejido previamente a su implante clínico. Como hemos observado en esta Tesis Doctoral, y de acuerdo con estudios previamente descritos (Roa A, 2009; Garzón *et al.*, 2012), la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal presentó un aumento de funciones génicas relacionadas con respuesta inmunitaria, dato que refuerza la búsqueda de biomateriales acelulares que sean escasamente inmunogénicos. Nuestros hallazgos mostraron que el SDS es eficaz para eliminar la mayor parte de las células del tejido (98.85 % para el grupo global y 99.52 % para 0.6 % SDS). Estos resultados coinciden con estudios realizados previamente por Luo *et al.* (2011), que

demonstraron la capacidad del SDS al 0.5 %, aunque en combinación con digestión enzimática, para eliminar todo el material celular en intestino delgado de cerdo. Asimismo, Kheir *et al.* (2011) comprobaron que el protocolo que incorpora seis ciclos de SDS al 0.1% produjo una matriz de cartílago-hueso acelular de cerdo, mientras que Zou y Zhang (2012) evidenciaron la eficacia del protocolo de SDS para eliminar elementos celulares de tejido de aorta torácica de cerdo.

En este trabajo se utilizó un detergente no iónico como el tritón X-100. Los resultados mostraron que este agente fue capaz de descelularizar, de forma global, el 94.63 % de las células del tejido. Estos resultados sugieren que este agente no es tan eficiente como el SDS y debería, por lo tanto, combinarse con otros métodos de descelularización para aumentar eficacia de eliminación celular, como otros autores hicieron previamente (Zhang *et al.*, 2009; Luo *et al.*, 2011). Nuestro estudio igualmente demostró que el agente químico osmótico NaCl presentó, de forma global, la menor acción para eliminación celular para este tipo particular de tejido, aunque el grupo de 1.5 M NaCl fue capaz de descelularizar hasta el 98.27 % de las células. Como agente químico de descelularización, el NaCl ha sido utilizado extensivamente en dermis (Walter *et al.*, 1998) y pulmón (Price *et al.*, 2010). Gilbert (2012) afirmó que protocolos que consisten en una combinación de soluciones iónicas de alta y baja molaridad pueden inducir un choque osmótico que podría desencadenar la ruptura de la célula. Sin embargo, estudios desarrollados por Richter *et al.* (2007) sugieren que los iones Na y Cl son capaces de cruzar la membrana a través de canales controlados, sin presentar señales de rotura celular. De acuerdo con estudios previamente publicados por nuestro grupo de investigación, el uso de soluciones de NaCl al 1.5 M fue capaz de eliminar todas las células anteriormente presentes en córnea de cerdo (González-Andrades *et al.*, 2011). Por otro lado, el uso de métodos físicos (SC y UV) resultó en más de 94% de eliminación celular. Entre los métodos físicos comúnmente usados para descelularizar tejidos se encuentran algunos como la agitación en solución, perfusión vascular, choque térmico, sonicación y desintegración manual (Gilbert *et al.*, 2006). Estos métodos son útiles para romper membranas celulares, liberar contenidos celulares, y facilitar los lavados subsecuentes y la eliminación de restos celulares (Badylak *et al.*, 2009); sin embargo, estos métodos son bastante ineficientes cuando se usan por separado. Probablemente, una combinación de métodos químicos y físicos podría aumentar la eficiencia del proceso de descelularización.

Como se expuso anteriormente, la preservación de la estructura y de la composición química de la MEC de los tejidos descelularizados es uno de los requisitos más

importantes de un protocolo de descelularización. La MEC consiste fundamentalmente en un grupo de componentes fibrilares que es el responsable principal de la integridad estructural del tejido (principalmente fibras de colágeno, reticulares y elásticas) y dos importantes componentes no fibrilares (glicoproteínas y proteoglicanos). Los componentes no fibrilares de la MEC juegan papeles importantes en la interacción intercelular, adhesión, proliferación, migración y respuesta celular, y son esenciales para el mantenimiento de la estructura tridimensional y el nivel de hidratación del tejido (Kreis y Vale, 2011). Debido a su función crucial, es muy importante que todas las moléculas estructurales y funcionales de la MEC se mantengan conservadas para un futuro uso clínico de estos tejidos descelularizados. Por esta razón, es necesario optimizar todos los protocolos de descelularización para cada tipo tisular y para cada aplicación.

Resulta importante explicar, concretamente, que la MEC de los tejidos periodontales contiene todos estos componentes, en diferentes cantidades de acuerdo a localización y función que ejercen. De acuerdo con Gómez de Ferraris y Campos (2009), la MEC del corion de la mucosa oral contiene fibras colágenas, de reticulina, elásticas, de elaunina y de oxitalán, y la sustancia fundamental se caracteriza por la presencia de proteoglicanos y glucosaminoglicanos. Igualmente, el corion del epitelio del surco presenta fibras colágenas. El cemento se caracteriza por poseer una MEC formada por un 46-50% de matriz inorgánica (fosfato de calcio), un 22% de materia orgánica (colágeno, proteoglicanos, glucosaminoglicanos y glicoproteínas) y un 32% de agua. En la MEC del ligamento periodontal se encuentran fibras colágenas, reticulares, elásticas, oxitalánicas, de elaunina, elevada proporción de glicoproteínas y proteoglicanos. Finalmente, en el hueso alveolar encontramos una MEC caracterizada por un 60% de matriz inorgánica (hidroxiapatita y carbonato cálcico), un 20% de matriz orgánica (colágeno, glicoproteínas, proteoglicanos) y un 20% de agua. De esta forma, para regenerar tejidos periodontales mediante técnicas de descelularización, es substancial conservar todos estos componentes.

Así, nuestros análisis demostraron que los agentes NaCl (1.5 M y 3 M) y SDS al 0.1% mantuvieron adecuadamente la estructura histológica de los tejidos, de acuerdo con las tinciones de HE. El uso de estos dos agentes fue previamente descrito para la descelularización de la córnea, con resultados prometedores (González-Andrades *et al.*, 2011). En relación con los componentes fibrilares de la MEC - fibras colágenas y reticulares -, nuestros hallazgos demostraron SDS al 0.1% fue capaz de conservar apropiadamente las fibras reticulares (96.99 %), aunque la preservación de colágeno no

fue completa. Con esta información, podríamos suponer que las membranas elaboradas a partir de agentes descelularizantes que no conservan adecuadamente el colágeno de la MEC, como el 0.1% SDS en nuestra Tesis Doctoral, podrían ser utilizadas clínicamente para regenerar tejidos periodontales, considerando que nuestros resultados indican que, en la enfermedad periodontal, las funciones génicas relacionadas con el colágeno están sobreexpresadas.

Estudios previos de nuestro grupo de investigación mostraron que la descelularización de córnea con SDS resultó en fibras parcialmente desorganizadas (González-Andrades *et al.*, 2011), aunque Gilbert *et al.* (2006) afirma que colágenos son resistentes a los detergentes iónicos. En el campo de la regeneración de tejidos periodontales, Goktas *et al.* (2010) descelularizaron vena umbilical humana utilizando SDS al 1%, y observaron que el material generado influencia, mediante la organización de los componentes de la matriz extracelular, la actividad metabólica, proliferación y migración celular, pudiendo ser un biomaterial útil como barrera quirúrgica reabsorbible para la regeneración tisular guiada. Además, nuestros datos revelaron que el grupo global tritón X-100 mantuvo eficientemente las fibras colágenas de la MEC, y la concentración más baja de tritón X-100 (0.1 %) mostró niveles satisfactorios de conservación de fibras reticulares. De acuerdo con estos datos, Zou y Zhang (2012) evidenciaron que el tratamiento con tritón X-100 mantiene la red de fibras elásticas y de colágeno en la MEC de aorta torácica de cerdo. Debido a su composición no iónica, este agente debería poseer mínimos efectos sobre la estructura proteica del tejido (Gilbert, 2012). Sin embargo, diferentes investigaciones sigieren que el tritón X-100 genera daños en la arquitectura del colágeno en tendones de cerdo (Deeken *et al.*, 2011). Nuestros resultados indican que el tritón X-100 podría proteger de forma más apropiada los elementos fibrilares, resultando por tanto en un tejido más resistente. Considerando dichos datos, el tritón X-100 al 0.1 % podría ser el agente capaz de preservar de forma más eficaz los componentes fibrilares de la MEC. Por lo tanto, este agente debería ser de elección cuando el mantenimiento de las fibras colágenas y reticulares es fundamental para la regeneración del tejido. Por otro lado, nuestro estudio mostró que las concentraciones más bajas de NaCl (1.5 M y 3 M) eran capaces de mantener adecuadamente las fibras de colágeno y elásticas. De acuerdo con Deeken *et al.* (2011), las fibras de colágeno tienden a estabilizarse mediante reacciones de entrecruzamiento cuando se deshidrata la MEC, haciendo con que las fibras permanezcan más juntas y que se formen uniones amidas entre los grupos amina y carboxilos de fibras adyacentes. En nuestra investigación, la presencia de un medio de NaCl hipertónico (5 M) posiblemente produjo una pérdida de agua, seguida por una desorganización de las fibras

de colágeno. Sin embargo, soluciones menos hipertónicas como 1.5 M y 3 M NaCl no generarían estos cambios químicos y las fibras colágenas quedarían preservadas. Con respecto al método SC, nuestros resultados demostraron que esta técnica no se presentó tan eficaz como los otros métodos para preservar fibras de colágeno y reticulares. Probablemente, la estructura fina y frágil de la malla de fibras reticulares y de colágeno podría ser físicamente sensible al estímulo mecánico generado por el método SC, especialmente durante periodos de tiempo prolongados (30 min). En relación con el método UV, se pudo comprobar que este agente no es capaz de preservar las fibras de colágeno, mostrando un nivel global de conservación reducido. Diversos estudios revelan que proteínas fibrilares de las células son desnaturalizadas por UV (Kim y Koh, 2011), generándose entrecruzamientos interfibrilares en válvulas de cerdo (Suh *et al.*, 1999). Sin embargo, nuestros hallazgos evidenciaron que la exposición al UV durante periodos de tiempo cortos (10 min) no afectó significativamente a la estructura de las fibras reticulares. La naturaleza de las fibras reticulares, similar al colágeno, y su proximidad topográfica con dichas fibras (Ushiki, 2002) podrían explicar estos resultados.

Con respecto a los componentes no fibrilares de la MEC, nuestro análisis de las glicoproteínas de la MEC reveló que los grupos 0.1 % y 0.3 % SDS conservaron favorablemente estos componentes, mientras que los grupos SC (10 min), 1.5 M NaCl y 0.1 % SDS mostraron los mejores resultados para la preservación de proteoglicanos. Algunos componentes no fibrilares, como las glicoproteínas y los proteoglicanos, pueden regular el microambiente existente en la MEC, funcionando como componentes señalizadores para las células. En esta línea, hemos demostrado que varias funciones génicas relacionadas con la MEC y con uniones intercelulares se encontraban sobreexpresadas en la enfermedad periodontal. Esto podría significar que la MEC podría responder a los cambios provocados por la enfermedad e influir sobre las células y sus procesos de adhesión, migración celular y comunicación intercelular. De esa manera, sería bastante útil utilizar membranas elaboradas mediante agentes descelularizantes que preserven los componentes no fibrilares, como el SDS en concentraciones más bajas. Además, el carácter bioactivo de estos materiales favorecería la regeneración tisular.

En la misma línea, el uso de 1.5 M NaCl fue capaz de mantener la mayor parte de los proteoglicanos del tejido, aunque la preservación de glicoproteínas fue bastante reducida. Estos hallazgos están de acuerdo con resultados previos de nuestro grupo de investigación que muestran que la descelularización de córnea de cerdo usando 1.5 M NaCl no alteró significativamente la composición de proteoglicanos del tejido animal. No obstante, el

agente químico NaCl no conservó apropiadamente las glicoproteínas de la MEC para este tipo de tejido específico. Es posible que esta solución iónica pudiera cargar y liberar estos componentes no fibrilares de la MEC. Además, el tratamiento con SC fue capaz de proteger de forma adecuada los proteoglicanos y glicoproteínas de la MEC. Probablemente, estos componentes no fibrilares se preservaron debido a la naturaleza no química de estos métodos de descelularización. Finalmente, el uso de métodos UV mostró una alteración en el contenido de proteoglicanos y glicoproteínas, sugiriendo que el proceso de entrecruzamiento generado por este método podría dañar los componentes no fibrilares de la MEC.

Por todo lo expuesto, nuestro estudio revela que cada método está asociado a diversas ventajas e inconvenientes, y que no existe ningún método 100 % eficaz que sea capaz de mantener la estructura de todos los componentes de la MEC. En consecuencia, estos resultados apuntan hacia la necesidad de desarrollar protocolos de descelularización combinados, capaces de generar adecuadas membranas biológicas descelularizadas útiles como posibles barreras quirúrgicas para la regeneración tisular guiada en terapia periodontal. Además, sería necesario seleccionar los protocolos de descelularización más adecuados para cada aplicación concreta. En el caso concreto de la enfermedad periodontal, y puesto que los estudios histológicos y de expresión génica revelan la existencia de una alteración global de la MEC, sería necesario generar membranas descelularizadas con adecuados niveles de preservación de todos los componentes de la MEC. Sin embargo, puesto que ciertas funciones relacionadas con el colágeno se encontraron sobreexpresadas en la enfermedad periodontal, podemos afirmar que la preservación completa de las fibras de colágeno no debería ser un requisito indispensable de las membranas descelularizadas para uso periodontal, siendo fundamental ofrecer eficientes porcentajes de eliminación celular y preservación de componentes no fibrilares de la MEC. En consecuencia, podríamos concluir que la utilización de métodos basados en el uso de SDS debería ser de elección en estos casos.

De todo lo expuesto anteriormente, podemos deducir que las membranas biológicas generadas en esta Tesis Doctoral mediante descelularización podrían ser útiles para el tratamiento de la enfermedad periodontal. Sin embargo, deberíamos considerar algunas limitaciones de la presente investigación, como la importancia de llevar a cabo estudios preclínicos en animales o la necesidad de desarrollar técnicas de esterilización y criopreservación de estas membranas previamente a su utilización clínica. Además, sería igualmente necesario realizar estudios reológicos y biomecánicos para analizar las

propiedades físicas de estas membranas y determinar su posible comportamiento biomecánico una vez implantadas *in situ*. Por otro lado, habría que determinar la utilidad del uso combinado de estas membranas con otros materiales e injertos, especialmente en pacientes con defectos óseos extensos o con gran pérdida de sustancia secundaria a la enfermedad periodontal. Para dar respuesta a todos estos interrogantes, sería necesario continuar la presente línea de investigación en el futuro.

En resumen, en esta Tesis Doctoral, hemos investigado la utilidad de los tejidos descelularizados para la regeneración periodontal. De acuerdo con nuestros resultados, el patrón histológico de las membranas elaboradas con SDS reveló que éste es el agente de descelularización más eficiente, mostrándose capaz de eliminar la mayor parte de las células, mientras preservaba los componentes no fibrilares de la MEC. Además, considerando el patrón de expresión génica observado en la enfermedad periodontal, en el que funciones génicas relacionadas con matriz extracelular, uniones intercelulares y componentes fibrilares se encontraban sobreexpresadas, las membranas elaboradas mediante este agente podrían complementar determinadas funciones, pudiendo ser susceptibles de uso clínico como barreras quirúrgicas en terapias periodontales.

6. CONCLUSIONES

6. Conclusiones

1. El análisis microscópico de la mucosa oral de pacientes afectados por enfermedad periodontal pone de relieve la existencia de un parón histológico epitelial y conjuntivo que se correlaciona con su patrón de expresión génica, con 117 funciones sobreexpresadas y 24 funciones inhibidas. Dichos patrones histológicos y de expresión génica están vinculados con la respuesta inmunitaria, la alteración de la matriz extracelular y los distintos mecanismos de conexión celular.
2. Las características histológicas y de expresión génica de la mucosa oral de pacientes afectados por enfermedad periodontal permite el diseño y la elaboración de una membrana compatible biológicamente con dichos patrones, mediante el uso de distintos agentes descelularizantes. Dicha membrana es susceptible de utilización terapéutica en la enfermedad periodontal.
3. La evaluación de la membrana biológica elaborada tras la utilización de distintos agentes descelularizantes físicos y químicos pone de relieve la mayor eficacia de los agentes químicos sobre los físicos, especialmente el SDS, en el proceso de eliminación de las células de la estructura membranosa, lo que facilita su compatibilidad para la utilización de la misma en los protocolos de regeneración tisular guiada que se aplican en la terapéutica de la enfermedad periodontal.
4. La evaluación de la membrana biológica elaborada tras la utilización de distintos agentes descelularizantes físicos y químicos pone de relieve una preservación diferenciada de los componentes fibrilares y no fibrilares de la matriz extracelular. A este respecto, nuestros estudios revelan que los agentes químicos no iónicos preservan más eficazmente el componente fibrilar de la matriz extracelular, mientras que los agentes químicos iónicos preservan más eficientemente los componentes no fibrilares. La utilización de los agentes físicos no garantiza, por el contrario, la preservación de los patrones histológicos.
5. La identificación del patrón histológico y de expresión génica de la mucosa oral humana afectada por enfermedad periodontal permite la selección de una membrana biológica compatible, mediante un proceso de descelularización, que cumpla los requisitos de garantizar la eliminación celular y preservación de una matriz no fibrilar.

7. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

7. Referencias Bibliográficas

Agarwal A, Gupta ND (2012) Comparative evaluation of decalcified freeze-dried bone allograft use alone and in combination with polylactic acid, polyglycolic acid membrane in the treatment of noncontained human periodontal infrabony defects. *Quintessence Int* 43(9): 761-768.

Agrawal CM (1998) Reconstructing the human body using biomaterials January o JOM.

Akali A, Huck O, Tenenbaum H, Davideau JL, Buduneli N (2012) Periodontal diseases and stress: a brief review. *J Oral Rehabil* [Epub ahead of print].

Al Salamah L, Babay N, Anil S, Al Rasheed A, Bukhary M (2012) Guided bone regeneration using resorbable and non-resorbable membranes: a histological study in dogs. *Odontostomatol Trop* 35(138): 43-50.

Alaluusua S, Asikainen S, Lai CH (1991) Intrafamilial transmission of *Actinobacillus actinomycetemcomitans*. *J Periodontol* 62: 207-210.

Albandar JM (2002) Periodontal diseases in North America. *Periodontol* 2000 29: 31-69.

Armitage GC (1999) Development of a classification system for periodontal diseases and conditions. *Ann Periodontol* 4(1): 1-6.

Armitage GC (2004) The complete periodontal examination. *Periodontol* 2000 34: 22-33.

Badylak SF (2004) Xenogeneic extracellular matrix as a scaffold for tissue reconstruction. *Transpl Immunol* 12(3-4): 367-377.

Badylak SF (2007) The extracellular matrix as a biologic scaffold material. *Biomaterials* 28(25): 3587-3593.

Badylak SF, Freytes DO, Gilbert TW (2009) Extracellular matrix as a biological scaffold material: structure and function. *Acta Biomater* 5(1): 1-13.

Badylak SF, Taylor D, Uygun K (2011) Whole-organ tissue engineering: decellularization and recellularization of three-dimensional matrix scaffolds. *Annu Rev Biomed Eng* 13: 27-53.

Barakat O, Abbasi S, Rodriguez G, Rios J, Wood RP, Ozaki C, Holley LS, Gauthier PK (2012) Use of decellularized porcine liver for engineering humanized liver organ. *J Surg Res* 173(1): e11-25

Bartold PM, Narayanan AS (2006) Molecular and cell biology of healthy and diseased periodontal tissue. *Periodontol* 2000 40:29-49.

Bascones-Martínez A, Muñoz-Corcuera M, Noronha S, Mota P, Bascones-Ilundain C, Campo-Trapero J (2009) Host defence mechanisms against bacterial aggression in periodontal disease: Basic mechanisms. *Med Oral Patol Oral Cir Bucal* 14(12): e680-5.

Belacel N, Wang Q, Cuperlovic-Culf M (2006) Clustering methods for *microarray* gene expression data. *OMICS* 10: 507-531.

Bougas K, Ransjö M, Johansson A (2012) Effects of *Porphyromonas gingivalis* surface-associated material on osteoclast formation. *Odontology [Epub ahead of print]*.

Buencamino MC, Palomo L, Thacker HL (2009) How menopause affects oral health, and what we can do about it. *Cleve Clin J Med* 76(8): 467-475.

Buijs GJ, van Bakelen NB, Jansma J, de Visscher JG, Hoppenreijs TJ, Bergsma JE, Stegenga B, Bos RR (2012) A randomized clinical trial of biodegradable and titanium fixation systems in maxillofacial surgery. *J Dent Res* 91(3): 299-304.

Campos A (2004) *Cuerpo, Histología y Medicina. De la observación microscópica a la ingeniería tisular. Discurso de Ingreso en la real Academia Nacional de Medicina y Cirugía.* Madrid.

Carlo Reis EC, Borges AP, Del Carlo RJ, Oliveira PM, Sepúlveda RV, Fernandes NA, Martins LM, Carvalho TB (2012) Guided tissue regeneration using rigid absorbable membranes in the dog model of chronic furcation defect. *Acta Odontol Scand [Epub ahead of print]*.

Carriel VS, Aneiros-Fernandez J, Arias-Santiago S, Garzón IJ, Alaminos M, Campos A (2011) A novel histochemical method for a simultaneous staining of melanin and collagen fibers. *J Histochem Cytochem* 59(3): 270-277.

Cetiner D, Parlar A, Balos K, Alpar R (2003) Comparative clinical study of connective tissue graft and two types of bioabsorbable barriers in the treatment of localized gingival recessions. *J Periodontol* 74(8): 1196-1205.

Chhabra V, Gill AS, Sikri P, Bhaskar N (2011) Evaluation of the relative efficacy of copolymerized polylactic-polyglycolic acids alone and in conjunction with polyglactin 910 membrane in the treatment of human periodontal infrabony defects: a clinical and radiological study. *Indian J Dent Res* 22(1): 83-89.

Cho SY, Chae SW, Choi KW, Seok HK, Kim YC, Jung JY, Yang SJ, Kwon GJ, Kim JT, Assad M (2012) Biocompatibility and strength retention of biodegradable Mg-Ca-Zn alloy bone implants. *J Biomed Mater Res B Appl Biomater [Epub ahead of print]*.

Cigliano A, Gandaglia A, Lepedda AJ, Zinellu E, Naso F, Gastaldello A, Aguiari P, De Muro P, Gerosa G, Spina M, Formato M (2012) Fine structure of glycosaminoglycans from fresh and decellularized porcine cardiac valves and pericardium. *Biochem Res Int* 2012: 979351.

Clark JM, Saffold SH, Israel JM (2003) Decellularized dermal grafting in cleft palate repair. *Arch Facial Plast Surg* 5(1): 40-44.

Cole P, Horn TW, Thaller S (2006) The use of decellularized dermal grafting (AlloDerm) in persistent oro-nasal fistulas after tertiary cleft palate repair. *J Craniofac Surg* 17(4): 636-641.

Corey LA, Nance WE, Hofstede P, Schenkein HA (1993) Self-reported periodontal disease in a Virginia twin population. *J Periodontol* 64: 1205-1208.

Corinaldesi G, Lizio G, Badiali G, Morselli-Labate AM, Marchetti C (2011) Treatment of intrabony defects after impacted mandibular third molar removal with bioabsorbable and non-resorbable membranes. *J Periodontol* 82(10): 1404-1413.

Cortiella J, Niles J, Cantu A, Brettler A, Pham A, Vargas G, Winston S, Wang J, Walls S, Nichols JE (2010) Influence of acellular natural lung matrix on murine embryonic stem cell differentiation and tissue formation. *Tissue Eng Part A* 16(8): 2565-2580.

Crapo PM, Gilbert TW, Badylak SF (2011) An overview of tissue and organ decellularization process. *Biomaterials* 32(12): 3233-3243.

Daniel R, Gokulanathan S, Shanmugasundaram N, Lakshmigandhan M, Kavin T (2012) Diabetes and periodontal disease. *J Pharm Bioallied Sci* 4(Suppl 2): S280-2.

Davanian H, Stranneheim H, Båge T, Lagervall M, Jansson L, Lundeberg J, Yucel-Lindberg T (2012) Gene expression profiles in paired gingival biopsies from periodontitis-affected and healthy tissues revealed by massively parallel sequencing. *PLoS One* 7(9):e46440

Deeken CR, White AK, Bachman SL, Ramshaw BJ, Cleveland DS, Loy TS, Grant SA (2011) Method of preparing a decellularized porcine tendon using tributyl phosphate. *J Biomed Mater Res B Appl Biomater* 96(2): 199-206.

Deplaine H, Lebourg M, Ripalda P, Vidaurre A, Sanz-Ramos P, Mora G, Prósper F, Ochoa I, Doblaré M, Gómez Ribelles JL, Izal-Azcárate I, Gallego Ferrer G (2012) Biomimetic hydroxyapatite coating on pore walls improves osteointegration of poly(L-lactic acid) scaffolds. *J Biomed Mater Res B Appl Biomater* [*Epub ahead of print*].

Dezso Z, Nikolsky Y, Sviridov E, Shi W, Serebriyskaya T, Dosymbekov D, Bugrim A, Rakhmatulin E, Brennan RJ, Guryanov A, Li K, Blake J, Samaha RR, Nikolskaya T (2008) A comprehensive functional analysis of tissue specificity of human gene expression. *BMC Biol* 6: 49.

Esquivel-Upshaw J, Rose W, Oliveira E, Yang M, Clark AE, Anusavice K (2012) Randomized, Controlled Clinical Trial of Bilayer Ceramic and Metal-Ceramic Crown Performance. *J Prosthodont*. [*Epub ahead of print*].

Fiala R, Vidlar A, Vrtal R, Belej K, Student V (2007) Porcine small intestinal submucosa graft for repair of anterior urethral strictures. *Eur Urol* 51(6): 1702-1708.

Fine DH, Markowitz K, Furgang D, Fairlie K, Ferrandiz J, Nasri C, McKiernan M, Gunsolley J (2007) *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* and its relationship to initiation of localized aggressive periodontitis: longitudinal cohort study of initially healthy adolescents. *J Clin Microbiol* 45(12): 3859-3869.

Gamal AY, Iacono VJ (2012) Enhancing Guided Tissue Regeneration of Periodontal Defects by Using a Novel Perforated Barrier Membrane. *J Periodontol* [*Epub ahead of print*].

Garzón I, Roa A, Moreu G, Oliveira AC, Roda O, Alfonso-Rodríguez CA, González-Jaranay M, Sánchez-Quevedo MC, Alaminos M (2012) Development of a diagnostic algorithm in periodontal disease and identification of genetic expression patterns: A preliminary report. *Journal of Dental Sciences* (2012) 7: 48-56.

Genco RJ (1996) Current view of risk factors for periodontal diseases. *J Periodontol* 67: 1041-1049.

- Gilbert TW (2012) Strategies for tissue and organ decellularization. *J Cell Biochem* 113(7): 2217-2222.
- Gilbert TW, Sellaro TL, Badylak SF (2006) Decellularization of tissues and organs. *Biomaterials* 27(19): 3675-3683.
- Gill RT (2003) Enabling inverse metabolic engineering through genomics. *Curr Opin Biotechnol* 14: 484-490.
- Gimble J, Guilak F (2003) Adipose-derived adult stem cells: isolation, characterization, and differentiation potential. *Cytotherapy* 5(5): 362-369.
- Goktas S, Pierre N, Abe K, Dmytryk J, McFetridge PS (2010) Cellular interactions and biomechanical properties of a unique vascular-derived scaffold for periodontal tissue regeneration. *Tissue Eng Part A* 16(3): 769-80.
- Gómez de Ferraris ME, Campos A (2009) *Histología, Embriología e Ingeniería Tisular* 3^a ed. Editorial Panamericana. México.
- González-Andrades M, de la Cruz Cardona J, Ionescu AM, Campos A, Del Mar Perez M, Alaminos M (2011) Generation of bioengineered corneas with decellularized xenografts and human keratocytes. *Invest Ophthalmol Vis Sci* 52(1): 215-22.
- Graves D (2008) Cytokines that promote periodontal tissue destruction. *J Periodontol* 79: 1585-1591.
- Gronthos S, Mankani M, Brahim J, Robey PG, Shi S (2000) Postnatal human dental pulp stem cells (DPSCs) *in vitro* and *in vivo*. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97(25): 13625-13630.
- Guo CY, Matinlinna JP, Tang AT (2012) Effects of surface charges on dental implants: past, present, and future. *Int J Biomater* 2012:381535.
- Hart TC, Hart PS, Michalec MD, Zhang Y, Firatli E, Van Dyke TE, Stabholz A, Zlotogorski A, Shapira L, Soskolne WA (2000) Haim-Munk syndrome and Papillon-Lefevre syndrome are allelic mutations in cathepsin C. *J Med Genet* 37: 88-94.
- Haugh MG, Thorpe SD, Vinardell T, Buckley CT, Kelly DJ (2012) The application of plastic compression to modulate fibrin hydrogel mechanical properties. *J Mech Behav Biomed Mater* 16C: 66-72.
- He XS, Shi WY (2009) Oral microbiology: past, present and future. *Int J Oral Sci* 1(2): 47-58.
- Helling ER, Dev VR, Garza J, Barone C, Nelluri P, Wang PT (2006) Low fistula rate in palatal clefts closed with the Furlow technique using decellularized dermis. *Plast Reconstr Surg* 117(7): 2361-2365.
- Highfield J (2009) Diagnosis and classification of periodontal disease. *Aust Dent J* 54(Suppl 1): S11-26.

Huang NF, Li S (2011) Regulation of the matrix microenvironment stem cell engineering and regenerative medicine. *Ann Biomed Eng* 39(4): 1201-1214

Hugoson A, Ljungquist B, Breivik T (2002) The relationship of some negative events and psychological factors to periodontal disease in an adult Swedish population 50 to 80 years of age. *J Clin Periodontol* 29: 247-253.

Hunter KT, Ma T (2012) In vitro evaluation of hydroxyapatite-chitosan-gelatin composite membrane in guided tissue regeneration. *J Biomed Mater Res A [Epub ahead of print]*.

Ivanovski S, Gronthos S, Shi S, Bartold PM (2006) Stem cells in the periodontal ligament. *Oral Dis* 12(4): 358-363.

Jaluria P, Chu C, Betenbaugh M, Shiloach J (2008) Cells by design: a mini-review of targeting cell engineering using DNA *microarrays*. *Mol Biotechnol* 39: 105-111.

Jaluria P, Konstantopoulos K, Betenbaugh M, Shiloach J (2007) A perspective on *microarrays*: current applications, pitfalls, and potential uses. *Microb Cell Fact* 6: 4.

Janjua SA, Iftikhar N, Hussain I, Khachemoune A (2008) Dermatologic, periodontal, and skeletal manifestations of Haim-Munk syndrome in two siblings. *J Am Acad Dermatol* 58(2): 339-44.

Jansson L (2008) Association between alcohol consumption and dental health. *J Clin Periodontol* 35: 379-384.

Jin HH, Kim DH, Kim TW, Shin KK, Jung JS, Park HC, Yoon SY (2012) In vivo evaluation of porous hydroxyapatite/chitosan - alginate composite scaffolds for bone tissue engineering. *Int J Biol Macromol* 51(5): 1079-1085.

Kamma JJ, Giannopoulou C, Vasdekis VG, Mombelli A (2004) Cytokine profile in gingival crevicular fluid of aggressive periodontitis: influence of smoking and stress. *J Clin Periodontol* 31: 894-902.

Kang JU, Koo SH (2012) Evolving applications of *microarray* technology in postnatal diagnosis. Review. *Int J Mol Med* 30(2): 223-228.

Karimbux NY, Saraiya VM, Elangovan S, Allareddy V, Kinnunen T, Kornman KS, Duff GW (2012) Interleukin-1 gene polymorphisms and chronic periodontitis in adult whites: a systematic review and meta-analysis. *J Periodontol* 83(11): 1407-1419.

Katz J, Yang QB, Zhang P, Potempa J, Travis J, Michalek SM, Balkovetz DF (2002) Hydrolysis of epithelial junctional proteins by *Porphyromonas gingivalis* gingipains. *Infect Immun*. 70(5): 2512-2518.

Keckler SJ, Spilde TL, St Peter SD, Tsao K, Ostlie DJ (2007) Treatment of bronchopleural fistula with small intestinal mucosa and fibrin glue sealant. *Ann Thorac Surg* 84(4): 1383-1386.

Kheir E, Stapleton T, Shaw D, Jin Z, Fisher J, Ingham E (2011) Development and characterization of an acellular porcine cartilage bone matrix for use in tissue engineering. *J Biomed Mater Res A* 99(2): 283-294.

Kim EJ, Yoon SJ, Yeo GD, Pai CM, Kang IK (2009) Preparation of biodegradable PLA/PLGA membranes with PGA mesh and their application for periodontal guided tissue regeneration. *Biomed Mater* 4(5): 055001.

Kim ST, Koh JW (2011) Mechanism of apoptosis on human lens epithelium after ultraviolet light exposure. *Korean J Ophthalmol* 25(3): 196-201.

Kononen E, Saarela M, Karjalainen J, Jousimies-Somer H, Alaluusua S, Asikainen S (1994) Transmission of oral *Prevotella melaninogenica* between a mother and her young child. *Oral Microbiol Immunol* 9: 310-314.

Koregol AC, More SP, Nainegali S, Kalburgi N, Verma S (2011) Analysis of inorganic ions in gingival crevicular fluid as indicators of periodontal disease activity: A clinico-biochemical study. *Contemp Clin Dent* 2(4): 278-282.

Kornman KS (2005) Diagnostic and prognostic tests for oral diseases: practical applications. *J Dent Educ* 69(5): 498-508.

Kornman KS, di Giovine FS (1998) Genetic variations in cytokine expression: a risk factor for severity of adult periodontitis. *Ann Periodontol* 3(1): 327-338.

Kreis T, Vale R (2011) *Guidebook to the extracellular matrix, anchor, and adhesion proteins*. Oxford University Press, New York. 335-342.

Kumar RS, Prakash S (2012) Impaired neutrophil and monocyte chemotaxis in chronic and aggressive periodontitis and effects of periodontal therapy. *Indian J Dent Res* 23(1): 69-74.

Kuramitsu HK (1998) Proteases of *Porphyromonas gingivalis*: what don't they do? *Oral Microbiol Immunol* 13:263-270.

Lages EJ, Costa FO, Lages EM, Cota LO, Cortelli SC, Nobre-Franco GC, Cyrino RM, Cortelli JR (2012) Risk variables in the association between frequency of alcohol consumption and periodontitis. *J Clin Periodontol* 39(2): 115-122.

Lam MT, Wu JC (2012) Biomaterial applications in cardiovascular tissue repair and regeneration. *Expert Rev Cardiovasc Ther* 10(8): 1039-1049.

Langer R, Vacanti JP (1993) Tissue engineering. *Science* 260(5110): 920-926.

Lebourg M, Rochina JR, Sousa T, Mano J, Ribelles JL (2012) Different hyaluronic acid morphology modulates primary articular chondrocyte behavior in hyaluronic acid-coated polycaprolactone scaffolds. *J Biomed Mater Res A [Epub ahead of print]*.

Lee JS, Wikesjö UM, Park JC, Jang YJ, Pippig SD, Bastone P, Choi SH, Kim CK (2012) Maturation of periodontal tissues following implantation of rhGDF-5/ β -TCP in one-wall intra-bony defects in dogs: 24-week histological observations. *J Clin Periodontol* 39(5): 466-474.

Lekovic V, Kenney EB, Carranza FA Jr, Danilovic V (1990) Treatment of class II furcation defects using porous hydroxylapatite in conjunction with a polytetrafluoroethylene membrane. *J Periodontol* 61(9): 575-578.

- Lemos NL, Kamergorodsky G, Faria AL, Ribeiro PA, Auge AP, Aoki T (2009) Small intestinal submucosa patch for extensive vaginal endometriosis resection. *J Minim Invasive Gynecol* 16(6): 765-767.
- Lima LL, Gonçalves PF, Sallum EA, Casati MZ, Nociti FH Jr (2008) Guided tissue regeneration may modulate gene expression in periodontal intrabony defects: a human study. *J Periodontol* 79(4): 459-464.
- Lin NH, Gronthos S, Mark Bartold P (2009) Stem cells and future periodontal regeneration. *Periodontol* 2000 51: 239-251.
- Lindfors LT, Tervonen EA, Sándor GK, Ylikontiola LP (2010) Guided bone regeneration using a titanium-reinforced ePTFE membrane and particulate autogenous bone: the effect of smoking and membrane exposure. *Oral Surg Oral Med Oral Pathol Oral Radiol Endod* 109(6): 825-830.
- Lindhe J (2005) *Periodontología clínica e implantología odontológica* 4ª ed. Editorial Medica panamericana. Buenos Aires.
- Listgarten MA, Loomer PM (2003) Microbial identification in the management of periodontal diseases. A systematic review. *Ann Periodontol* 8: 182-192.
- Liu CG, Spizzo R, Calin GA, Croce CM (2008) Expression profiling of microRNA using oligo DNA arrays. *Methods* 44: 22-30.
- Luo JC, Chen W, Chen XH, Qin TW, Huang YC, Xie HQ, Li XQ, Qian ZY, Yang ZM (2011) A multi-step method for preparation of porcine small intestinal submucosa (SIS). *Biomaterials* 32(3): 706-13.
- Malhotra R, Kapoor A, Grover V, Kaushal S (2010) Nicotine and periodontal tissues. *J Indian Soc Periodontol* 14(1):72-79.
- Malu LP, Cheng CW, Hsieh PY, Jones AA (2012) Biological complication in guided bone regeneration with a polylactic acid membrane: a case report. *Implant Dent* 21(3): 171-174.
- Matsuyama T, Kawai T, Izumi Y, Taubman MA (2005) Expression of major histocompatibility complex class II and CD80 by gingival epithelial cells induces activation of CD4+ T cells in response to bacterial challenge. *Infect Immun* 73(2): 1044-1051.
- Mayr HO, Klehm J, Schwan S, Hube R, Südkamp NP, Niemeyer P, Salzmann G, von Eisenhardt-Rothe R, Heilmann A, Böhner M, Bernstein A (2012) Microporous calcium phosphate ceramics as tissue engineering scaffolds for the repair of osteochondral defects: Biomechanical results. *Acta Biomater* [Epub ahead of print].
- McDevitt MJ, Wang HY, Knobelmann C, Newman MG, di Giovine FS, Timms J, Duff GW, Kornman KS (2000) Interleukin-1 genetic association with periodontitis in clinical practice. *J Periodontol* 71(2): 156-163.
- Menasché P (2005) The potential of embryonic stem cells to treat heart disease. *Curr Opin Mol Ther* 7(4): 293-299.

- Michalowicz BS, Wolff LF, Klump D, Hinrichs JE, Aeppli DM, Bouchard TJ Jr, Pihlstrom BL (1999) Periodontal bacteria in adult twins. *J Periodontol* 70: 263-273.
- Miura M, Gronthos S, Zhao M, Lu B, Fisher LW, Robey PG, Shi S (2003) SHED: stem cells from human exfoliated deciduous teeth. *Proc Natl Acad Sci U S A* 100(10): 5807-5812.
- Modlich O, Prisack HB, Bojar H (2006) Breast cancer expression profiling: the impact of *microarray* testing on clinical decision making. *Expert Opin Pharmacother* 7: 2069-2078.
- Moore WE, Moore LV (1994) The bacteria of periodontal diseases. *Periodontol* 2000 5: 66-77.
- Narang S, Gupta R (2011) Evaluation of resorbable membrane in treatment of human gingival isolated buccal recession. *Indian J Dent Res* 22(6): 749-754.
- Nickles K, Schacher B, Schuster G, Valesky E, Eickholz P (2011) Evaluation of two siblings with Papillon-Lefèvre syndrome 5 years after treatment of periodontitis in primary and mixed dentition. *J Periodontol* 82(11): 1536-1547
- Nyman S, Gottlow J, Karring T, Lindhe J (1982) The regenerative potential of the periodontal ligament. An experimental study in the monkey. *J Clin Periodontol* 9(3): 257-265.
- Offenbacher S (1996) Periodontal diseases: pathogenesis. *Ann Periodontol* 1: 821-878.
- Ogawa M, Tohma Y, Ohgushi H, Takakura Y, Tanaka Y (2012) Early fixation of cobalt-chromium based alloy surgical implants to bone using a tissue-engineering approach. *Int J Mol Sci* 13: 5528-5541.
- Otomo-Corgel J, Pucher JJ, Rethman MP, Reynolds MA (2012) State of the science: chronic periodontitis and systemic health. *J Evid Based Dent Pract* 12(3 Suppl):20-28.
- Ott HC, Clippinger B, Conrad C, Schuetz C, Pomerantseva I, Ikonomou L, Kotton D, Vacanti JP (2010) Regeneration and orthotopic transplantation of a bioartificial lung. *Nat Med* 16(8): 927-33.
- Owen GR, Jackson JK, Chehroudi B, Brunette DM, Burt HM (2010) An *in vitro* study of plasticized poly (lactic-co-glycolic acid) films as possible guided tissue regeneration membranes: material properties and drug release kinetics. *J Biomed Mater Res A* 95(3): 857-869.
- Park, JB (1984) *Biomaterials science and engineering* Plenum Press New York p.1.
- Patino MG, Neiders ME, Andreana S, Noble B, Cohen RE (2002) Collagen as an implantable material in medicine and dentistry. *J Oral Implantol* 28(5): 220-225.
- Pok S, Myers JD, Madihally SV, Jacot JG (2012) A multi-layered scaffold of a chitosan and gelatin hydrogel supported by a Pcl core for cardiac tissue engineering. *Acta Biomater* pii: S1742-7061(12)00524-7 [*Epub ahead of print*].
- Prasanna SJ (2011) Causal relationship between periodontitis and chronic obstructive pulmonary disease. *J Indian Soc Periodontol* 15(4):359-365.

Price AP, England KA, Matson AM, Blazar BR, Panoskaltsis-Mortari A (2010) Development of a decellularized lung bioreactor system for bioengineering the lung: the matrix reloaded. *Tissue Eng Part A* 16(8): 2581-2591.

Rai B, Kharb S, Jain R, Anand SC (2008) Biomarkers of periodontitis in oral fluids. *J Oral Sci* 50(1): 53-56.

Ramel CF, Wismeijer DA, Hämmerle CH, Jung RE (2012) A randomized, controlled clinical evaluation of a synthetic gel membrane for guided bone regeneration around dental implants: clinical and radiologic 1- and 3-year results. *Int J Oral Maxillofac Implants* 27(2): 435-441.

Ramseier CA, Rasperini G, Batia S, Giannobile WV (2012) Advanced reconstructive technologies for periodontal tissue repair. *Periodontol* 2000 59: 185-202.

Rao, MS (2004) Stem sense: A proposal for the classification of stem cells. *Stem cells and development. Stem Cells Dev* 13(5): 452-455.

Rautemaa R, Järvensivu A, Kari K, Wahlgren J, DeCarlo A, Richardson M, Sorsa T (2004) Intracellular localization of *Porphyromonas gingivalis* thiol proteinase in periodontal tissues of chronicperiodontitis patients. *Oral Dis* 10(5): 298-305.

Regis S Jr, Soares P, Camargo ES, Guariza Filho O, Tanaka O, Maruo H (2012) Biodegradation of orthodontic metallic brackets and associated implications for friction. *Am J Orthod Dentofacial Orthop* 140(4): 501-509.

Rhodes JM, Simons M (2007) The extracellular matrix and blood vessel formation: not just a scaffold. *J Cell Mol Med* 11(2): 176-205.

Richter K, Nessling M, Lichter P (2007) Experimental evidence for the influence of molecular crowding on nuclear architecture. *J Cell Sci* 120: 1673-1680.

Roa A (2009) Identificación de genes específicos de enfermedad periodontal mediante *microarray*. Tesis Doctoral. Universidad de Granada.

Rodríguez-Lozano FJ, Bueno C, Insausti CL, Meseguer L, Ramírez MC, Blanquer M, Marín N, Martínez S, Moraleda JM (2011) Mesenchymal stem cells derived from dental tissues. *Int Endod J* 44(9): 800-806.

Ronderos M, Jacobs DR, Himes JH, Pihlstrom BL (2000) Associations of periodontal disease with femoral bone mineral density and estrogen replacement therapy: cross-sectional evaluation of US adults from NHANES III. *J Clin Periodontol* 27: 778-786.

Ross EA, Williams MJ, Hamazaki T, Terada N, Clapp WL, Adin C, Ellison GW, Jorgesen M, Batich CD (2009) Embryonic stem cells proliferate and differentiate when seeded into kidney scaffolds. *J Am Soc Nephrol* 20(11): 2338-47.

Ruppert V, Maisch B (2012) Molecular signatures and the study of gene expression profiles in inflammatory heart diseases. *Herz* 37(6): 619-626.

- Saarela M, von Troil-Lindén B, Torkko H, Stucki AM, Alaluusua S, Jousimies-Somer H, Asikainen S (1993) Transmission of oral bacterial species between spouses. *Oral Microbiol Immunol* 8: 349-354.
- Sakai K, Yamamoto A, Matsubara K, Nakamura S, Naruse M, Yamagata M, Sakamoto K, Tauchi R, Wakao N, Imagama S, Hibi H, Kadomatsu K, Ishiguro N, Ueda M (2012) Human dental pulp-derived stem cells promote locomotor recovery after complete transection of the rat spinal cord by multiple neuro-regenerative mechanisms. *J Clin Invest* 122(1): 80-90.
- Schena M, Shalon D, Davis RW, Brown PO (1995) Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA *microarray*. *Science* 270: 467-470.
- Scott JE (1995) Extracellular matrix, supramolecular organization and shape. *J Anat* 187:259-269.
- Seo BM, Miura M, Gronthos S, Bartold PM, Batouli S, Brahimi J, Young M, Robey PG, Wang CY, Shi S (2004) Investigation of multipotent postnatal stem cells from human periodontal ligament. *Lancet* 364(9429): 1491-55.
- Shanti RM, Ziccardi VB (2011) Use of decellularized nerve allograft for inferior alveolar nerve reconstruction: a case report. *J Oral Maxillofac Surg* 69(2): 550-553.
- Sonoyama W, Liu Y, Fang D, Yamaza T, Seo BM, Zhang C, Liu H, Gronthos S, Wang CY, Wang S, Shi S (2006) Mesenchymal stem cell-mediated functional tooth regeneration in swine. *PLoS One* 1: e79.
- Sood S, Gupta S, Mahendra A (2012) Gene therapy with growth factors for periodontal tissue engineering - A review. *Med Oral Patol Oral Cir Bucal* 17 (2): e301-10.
- Stedman's medical dictionary. 27th ed. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins, 2004.
- Sugano N (2012) Biological plaque control: novel therapeutic approach to periodontal disease. *J Oral Sci* 54(1):1-5.
- Suh H, Lee WK, Park JC, Cho BK (1999) Evaluation of the degree of cross-linking in UV irradiated porcine valves. *Yonsei Med J* 40(2): 159-165.
- Sukumar S, Drízhál I, Bukac J, Paulusová V, Pilathadka S (2010) Surgical treatment of periodontal intrabony defects with calcium sulphate in combination with beta tricalcium phosphate--a 12-month retrospective clinical evaluation. *Acta Medica (Hradec Kralove)* 53(4): 229-234.
- Tada H, Sugawara S, Nemoto E, Imamura T, Potempa J, Travis J, Shimauchi H, Takada H (2003) Proteolysis of ICAM-1 on human oral epithelial cells by gingipains. *J Dent Res* 82(10): 796-801.
- Traphagen SB, Fourligas N, Xylas JF, Sengupta S, Kaplan DL, Georgakoudi I, Yelick PC (2012) Characterization of natural, decellularized and reseeded porcine tooth bud matrices. *Biomaterials* 33(21): 5287-5296.
- Ueno M, Izumi Y, Kawaguchi Y, Ikeda A, Iso H, Inoue M, Tsugane S (2012) Prediagnostic plasma antibody levels to periodontopathic bacteria and risk of coronary heart disease. *Int Heart J* 53(4):209-214.

Uitto VJ, Airola K, Vaalamo M, Johansson N, Putnins EE, Firth JD, Salonen J, López-Otín C, Saarialho-Kere U, Kähäri VM (1998) Collagenase-3 (matrix metalloproteinase-13) expression is induced in oral mucosal epithelium during chronic inflammation. *Am J Pathol* 152(6): 1489-1499.

Ushiki T (2002) Collagen fibers, reticular fibers and elastic fibers. A comprehensive understanding from a morphological viewpoint. *Arch Histol Cytol* 65(2): 109-126.

Walter C, Kaye EK, Dietrich T (2012) Active and passive smoking: assessment issues in periodontal research. *Periodontol 2000* 58(1): 84-92.

Walter RJ, Matsuda T, Reyes HM, Walter JM, Hanumadass M (1998) Characterization of acellular dermal matrices (ADMs) prepared by two different methods. *Burns* 24(2): 104-113.

Wolford LM, Rodrigues DB (2011) Autogenous grafts/allografts/conduits for bridging peripheral trigeminal nerve gaps. *Atlas Oral Maxillofac Surg Clin North Am* 19(1): 91-107.

Xu C, Lei C, Meng L, Wang C, Song Y (2012) Chitosan as a barrier membrane material in periodontal tissue regeneration. *J Biomed Mater Res B Appl Biomater* 100(5): 1435-1443.

Yan C, Boyd DD (2007) Regulation of matrix metalloproteinase gene expression. *J Cell Physiol* 211(1): 19-26.

Yang F, Both SK, Yang X, Walboomers XF, Jansen JA (2009) Development of an electrospun nanoapatite/PCL composite membrane for GTR/GBR application. *Acta Biomater* 5(9): 3295-3304.

Yoshinuma N, Sato S, Fukuyama T, Murai M, Ito K (2012) Ankylosis of nonresorbable hydroxyapatite graft material as a contributing factor in recurrent periodontitis. *Int J Periodontics Restorative Dent* 32(3): 331-336.

Zhang AY, Bates SJ, Morrow E, Pham H, Pham B, Chang J (2009) Tissue-engineered intrasynovial tendons: optimization of acellularization and seeding. *J Rehabil Res Dev* 46(4): 489-498.

Zhang J, Huang C, Xu Q, Mo A, Li J, Zuo Y (2010) Biological properties of a biomimetic membrane for guided tissue regeneration: a study in rat calvarial defects. *Clin Oral Implants Res* 21(4): 392-397.

Zhang W, Chen J, Tao J, Jiang Y, Hu C, Huang L, Ji J, Ouyang HW (2013) The use of type 1 collagen scaffold containing stromal cell-derived factor-1 to create a matrix environment conducive to partial-thickness cartilage defects repair. *Biomaterials* 34(3): 713-723.

Zou Y, Zhang Y (2012) Mechanical evaluation of decellularized porcine thoracic aorta. *J Surg Res* 175(2): 359-368.

8. TABLA SUPLEMENTARIA

8. Tabla Suplementaria

Tabla S1. Genes y secuencias génicas cuya expresión absoluta fue > 2 en un grupo respecto al otro (NHG y PDHG). Junto a la referencia de cada secuencia génica se muestra la expresión media en el grupo NHG, la expresión media en el grupo PDHG, la expresión absoluta entre los dos grupos, el símbolo y nombre del gen. Marcado en verde representa los valores en los cuales la expresión génica se encuentra reducida, mientras que marcado en amarillo indica los valores que se hallan sobreexpresados en la enfermedad periodontal.

Referencia de Affymetrix	Expresión media NHG	Expresión media PDHG	Valor PDHG/NHG	Símbolo del gen	Nombre del gen
208288_at	4,08	1,97	0,48	ABCB11	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 11
206155_at	4,45	2,02	0,45	ABCC2	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 2
232862_at	9,88	4,53	0,46	ABHD5	Abhydrolase domain containing 5
1552731_at	1,63	0,70	0,43	ABRA	actin-binding Rho activating protein
206465_at	32,87	16,17	0,49	ACSBG1	acyl-CoA synthetase bubblegum family member 1
230554_at	4,70	2,17	0,46	ACSM2A	acyl-CoA synthetase medium-chain family member 2A
1552457_a_at	5,10	1,07	0,21	ADAMTSL1	ADAMTS-like 1
239909_at	9,27	3,22	0,35	ADAMTSL1	ADAMTS-like 1
237217_at	6,28	2,73	0,44	ADAMTSL1	ADAMTS-like 1
209979_at	6,45	2,90	0,45	ADARB1	adenosine deaminase, RNA-specific, B1 (RED1 homolog rat)
228182_at	16,35	7,28	0,45	ADCY5	adenylate cyclase 5
1554827_a_at	16,33	7,88	0,48	ADCY7	adenylate cyclase 7
215895_x_at	17,05	8,43	0,49	ADFP	Adipose differentiation-related protein
231703_s_at	7,72	3,52	0,46	ADH4	Alcohol dehydrogenase 4 (class II), pi polypeptide
207544_s_at	7,22	2,85	0,39	ADH6	alcohol dehydrogenase 6 (class V)
208214_at	4,08	1,92	0,47	ADRB1	adrenergic, beta-1-, receptor
220649_at	5,60	1,98	0,35	AGBL3	ATP/GTP binding protein-like 3
1569570_at	7,15	2,72	0,38	AGBL4	ATP/GTP binding protein-like 4
1555610_at	6,60	2,48	0,38	AGK	acylglycerol kinase
236743_at	5,40	2,53	0,47	AGPAT6	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 6 (lysophosphatidic acid acyltransferase, zeta)
215409_at	13,15	6,45	0,49	AGPAT7	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 7 (lysophosphatidic acid acyltransferase, eta)
210326_at	12,27	6,00	0,49	AGXT	alanine-glyoxylate aminotransferase
242698_at	3,98	0,72	0,18	AKAP14	A kinase (PRKA) anchor protein 14
227691_at	12,98	6,20	0,48	AKAP8L	A kinase (PRKA) anchor protein 8-like
207870_at	3,23	1,17	0,36	AKAP9	A kinase (PRKA) anchor protein (yotiao) 9
217626_at	23,98	10,62	0,44	AKR1C1	aldo-keto reductase family 1, member C1 (dihydrodiol dehydrogenase 1; 20-alpha (3-alpha)-hydroxysteroid dehydrogenase)
1565228_s_at	8,12	2,92	0,36	ALB	albumin
227879_at	11,02	4,98	0,45	ALKBH7	AlkB, alkylation repair homolog 7 (E. coli)
207328_at	6,02	1,97	0,33	ALOX15	arachidonate 15-lipoxygenase
1553260_s_at	4,22	0,98	0,23	ALS2CR11	amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) chromosome region, candidate 11
1553261_x_at	5,12	1,30	0,25	ALS2CR11	amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) chromosome region, candidate 11
1556757_a_at	5,20	1,62	0,31	ALS2CR11	amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) chromosome region, candidate 11

215282_at	3,88	1,03	0,27	ANAPC13	anaphase promoting complex subunit 13
239183_at	3,15	0,87	0,28	ANGPTL1	angiopoietin-like 1
223333_s_at	30,70	12,53	0,41	ANGPTL4	angiopoietin-like 4
205389_s_at	6,75	2,83	0,42	ANK1	ankyrin 1, erythrocytic
1554610_at	11,22	4,55	0,41	ANKMY1	ankyrin repeat and MYND domain containing 1
206029_at	8,15	3,55	0,44	ANKRD1	ankyrin repeat domain 1 (cardiac muscle)
235778_s_at	10,90	4,80	0,44	ANKRD44	ankyrin repeat domain 44
236189_at	4,42	2,13	0,48	ANKRD50	ankyrin repeat domain 50
219989_s_at	4,92	2,15	0,44	ANKS1B	ankyrin repeat and sterile alpha motif domain containing 1B
207064_s_at	13,53	6,67	0,49	AOC2	amine oxidase, copper containing 2 (retina-specific)
211554_s_at	11,33	5,38	0,48	APAF1	apoptotic peptidase activating factor 1
244166_at	10,35	4,35	0,42	APLN	Apelin
220478_at	7,02	2,98	0,43	APOL5	apolipoprotein L, 5
206784_at	17,45	7,72	0,44	AQP8	aquaporin 8
1560764_at	10,07	3,50	0,35	ARHGAP22	Rho GTPase activating protein 22
234542_at	4,60	1,87	0,41	ARHGEF12	Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 12
1558001_s_at	7,55	2,07	0,27	ARID5B	AT rich interactive domain 5B (MRF1-like)
223866_at	9,00	4,27	0,47	ARMC2	armadillo repeat containing 2
220754_at	2,03	0,90	0,44	ARMC9	armadillo repeat containing 9
1552327_at	7,35	3,55	0,48	ARMCX4	armadillo repeat containing, X-linked 4
233724_at	7,22	2,98	0,41	ARNT	aryl hydrocarbon receptor nuclear translocator
210971_s_at	68,55	29,23	0,43	ARNTL	aryl hydrocarbon receptor nuclear translocator-like
232423_at	63,38	24,70	0,39	ARSD	arylsulfatase D
238878_at	4,77	2,27	0,48	ARX	aristaless related homeobox
206779_s_at	6,02	2,40	0,40	ASMT	acetylserotonin O-methyltransferase
241082_at	3,52	1,45	0,41	ASNS	Asparagine synthetase
214993_at	7,12	3,38	0,48	ASPHD1	aspartate beta-hydroxylase domain containing 1
207774_at	24,90	9,08	0,36	ATG10	ATG10 autophagy related 10 homolog (S. cerevisiae)
1558612_a_at	8,67	4,02	0,46	ATP1A4	ATPase, Na ⁺ /K ⁺ transporting, alpha 4 polypeptide
204685_s_at	5,53	2,20	0,40	ATP2B2	ATPase, Ca ⁺⁺ transporting, plasma membrane 2
234714_x_at	6,78	3,38	0,50	ATP2B2	ATPase, Ca ⁺⁺ transporting, plasma membrane 2
242036_x_at	5,93	2,13	0,36	ATP2B3	ATPase, Ca ⁺⁺ transporting, plasma membrane 3
1554847_at	6,82	2,75	0,40	ATP6V1B1	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal 56/58kDa, V1 subunit B1 (Renal tubular acidosis with deafness)
233288_at	5,73	2,43	0,42	ATR	ataxia telangiectasia and Rad3 related
210507_s_at	12,53	5,38	0,43	AVIL	advillin
220829_s_at	3,68	1,20	0,33	B3GALT1	UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,3-galactosyltransferase, polypeptide 1
228439_at	15,15	6,63	0,44	BATF2	basic leucine zipper transcription factor, ATF-like 2
234191_at	6,73	3,33	0,50	BCL2L14	BCL2-like 14 (apoptosis facilitator)
1567359_at	6,23	2,42	0,39	BDNFOS	Brain-derived neurotrophic factor opposite strand
1552296_at	7,78	2,52	0,32	BEST4	bestrophin 4
1569674_at	7,58	3,25	0,43	BHLHB9	Basic helix-loop-helix domain containing, class B, 9
231591_at	10,58	4,58	0,43	BHMT	Betaine-homocysteine methyltransferase
211518_s_at	7,00	2,52	0,36	BMP4	bone morphogenetic protein 4
242579_at	42,15	20,43	0,48	BMPR1B	bone morphogenetic protein receptor, type IB

232719_at	5,70	2,03	0,36	BRUNOL4	bruno-like 4, RNA binding protein (Drosophila)
1557531_a_at	9,05	3,27	0,36	C10orf55	chromosome 10 open reading frame 55
244057_s_at	9,35	4,28	0,46	C10orf72	chromosome 10 open reading frame 72
244058_at	8,52	4,13	0,49	C10orf72	chromosome 10 open reading frame 72
1564198_a_at	3,90	1,93	0,50	C10orf90	chromosome 10 open reading frame 90
212868_x_at	11,12	4,15	0,37	C12orf47	chromosome 12 open reading frame 47
236853_at	3,82	1,47	0,38	C13orf16	chromosome 13 open reading frame 16
243884_at	9,45	1,52	0,16	C13orf26	chromosome 13 open reading frame 26
234453_s_at	3,60	1,68	0,47	C14orf166B	chromosome 14 open reading frame 166B
1561434_at	5,35	2,23	0,42	C15orf45	chromosome 15 open reading frame 45
1560751_at	12,12	3,63	0,30	C18orf16	chromosome 18 open reading frame 16
1563584_at	10,18	4,15	0,41	C18orf30	chromosome 18 open reading frame 30
1564015_at	6,33	3,13	0,49	C18orf58	chromosome 18 open reading frame 58
231163_at	9,92	3,17	0,32	C1orf111	chromosome 1 open reading frame 111
1552908_at	9,08	2,15	0,24	C1orf150	chromosome 1 open reading frame 150
1555515_a_at	11,63	5,13	0,44	C1orf2	chromosome 1 open reading frame 2
237098_at	4,17	2,03	0,49	C1orf21	Chromosome 1 open reading frame 21
1552803_a_at	12,75	5,75	0,45	C1orf215	chromosome 1 open reading frame 215
1563876_at	8,42	4,12	0,49	C1orf220	chromosome 1 open reading frame 220
1552933_at	10,68	5,20	0,49	C1orf62	chromosome 1 open reading frame 62
236710_at	8,17	3,52	0,43	C1orf87	chromosome 1 open reading frame 87
232104_at	10,18	3,35	0,33	C1orf95	chromosome 1 open reading frame 95
1562909_at	5,43	1,72	0,32	C1orf98	chromosome 1 open reading frame 98
1561263_at	8,57	3,53	0,41	C1qTNF3	C1q and tumor necrosis factor related protein 3
1569466_at	2,75	1,30	0,47	C20orf152	chromosome 20 open reading frame 152
240453_at	4,47	2,22	0,50	C20orf26	chromosome 20 open reading frame 26
233584_at	8,22	3,93	0,48	C20orf62	chromosome 20 open reading frame 62
237793_at	10,15	5,00	0,49	C20orf78 /// LOC100128496 /// LOC100133825	chromosome 20 open reading frame 78 /// similar to chromosome 20 open reading frame 78
238582_at	11,75	3,73	0,32	C21orf2	Chromosome 21 open reading frame 2
244369_at	10,95	3,85	0,35	C21orf59	chromosome 21 open reading frame 59
1552528_at	18,12	7,68	0,42	C21orf67	chromosome 21 open reading frame 67
238703_at	7,50	3,02	0,40	C21orf70 /// LOC729535	chromosome 21 open reading frame 70 /// hypothetical LOC729535
227648_at	6,20	1,85	0,30	C22orf32	chromosome 22 open reading frame 32
1563814_at	2,72	1,08	0,40	C2orf50	chromosome 2 open reading frame 50
237894_at	7,13	2,43	0,34	C3orf22	chromosome 3 open reading frame 22
232639_at	3,25	1,60	0,49	C3orf25	chromosome 3 open reading frame 25
240729_at	11,67	4,40	0,38	C3orf44	chromosome 3 open reading frame 44
238969_at	12,50	5,45	0,44	C3orf55	chromosome 3 open reading frame 55
1563208_s_at	14,35	6,45	0,45	C3orf65	Chromosome 3 open reading frame 65
236984_at	470,38	170,45	0,36	C4orf26	chromosome 4 open reading frame 26
1552373_s_at	8,42	2,92	0,35	C4orf33	chromosome 4 open reading frame 33
232492_at	10,48	3,37	0,32	C6orf112	chromosome 6 open reading frame 112
230993_s_at	4,35	1,57	0,36	C6orf118	chromosome 6 open reading frame 118
237619_at	15,65	7,42	0,47	C6orf146	chromosome 6 open reading frame 146

232152_at	9,75	4,72	0,48	C6orf182 /// C6orf182P	chromosome 6 open reading frame 182 pseudogene /// chromosome 6 open reading frame 182
1553330_at	6,25	1,58	0,25	C7orf45	chromosome 7 open reading frame 45
232326_at	19,78	4,90	0,25	C8orf56	chromosome 8 open reading frame 56
206727_at	5,45	2,47	0,45	C9	complement component 9
232868_at	8,70	3,93	0,45	C9orf11	chromosome 9 open reading frame 11
1564274_at	6,67	2,57	0,39	C9orf47	chromosome 9 open reading frame 47
220505_at	4,38	1,72	0,39	C9orf53	chromosome 9 open reading frame 53
220218_at	9,87	3,63	0,37	C9orf68	chromosome 9 open reading frame 68
1554708_s_at	11,82	4,98	0,42	C9orf68	chromosome 9 open reading frame 68
206612_at	11,95	4,75	0,40	CACNG1	calcium channel, voltage-dependent, gamma subunit 1
234220_at	5,20	1,53	0,29	CADPS	Ca ²⁺ -dependent secretion activator
207886_s_at	6,82	2,87	0,42	CALCR	calcitonin receptor
1566150_at	6,18	2,55	0,41	CALML4	Calmodulin-like 4
220414_at	1554,45	739,83	0,48	CALML5	calmodulin-like 5
213108_at	6,27	3,12	0,50	CAMK2A	calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM kinase) II alpha
229499_at	24,28	10,08	0,42	CAPN13	calpain 13
210025_s_at	11,73	3,93	0,34	CARD10	caspase recruitment domain family, member 10
238698_at	12,80	4,23	0,33	CASK	calcium/calmodulin-dependent serine protein kinase (MAGUK family)
1564736_a_at	14,07	5,92	0,42	CASP12	caspase 12 (gene/pseudogene)
240886_at	19,82	4,27	0,22	CASR	Calcium-sensing receptor (hypocalcemic hypercalcemia 1, severe neonatal hyperparathyroidism)
242524_at	6,28	1,05	0,17	CBLN4	cerebellin 4 precursor
1553886_at	5,75	1,90	0,33	CCDC108	coiled-coil domain containing 108
239508_x_at	6,87	2,43	0,35	CCDC108	coiled-coil domain containing 108
234027_at	4,95	2,15	0,43	CCDC129	coiled-coil domain containing 129
216045_at	8,23	2,90	0,35	CCDC144A	coiled-coil domain containing 144A
1564600_a_at	12,10	5,80	0,48	CCDC36	coiled-coil domain containing 36
223815_at	4,53	1,85	0,41	CCDC45	Coiled-coil domain containing 45
228475_at	12,35	5,80	0,47	CCDC61	Coiled-coil domain containing 61
205827_at	12,62	4,28	0,34	CCK	cholecystokinin
207315_at	10,30	3,52	0,34	CD226	CD226 molecule
1555689_at	4,32	1,67	0,39	CD80	CD80 molecule
211192_s_at	11,52	5,07	0,44	CD84	CD84 molecule
241120_s_at	3,15	1,43	0,46	CDC20B	Cell division cycle 20 homolog B (S. cerevisiae)
214014_at	9,17	4,33	0,47	CDC42EP2	CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 2
206517_at	5,68	1,83	0,32	CDH16	cadherin 16, KSP-cadherin
203440_at	13,47	3,52	0,26	CDH2	cadherin 2, type 1, N-cadherin (neuronal)
220679_s_at	5,15	2,35	0,46	CDH7	cadherin 7, type 2
203469_s_at	32,02	13,92	0,43	CDK10	cyclin-dependent kinase 10
220039_s_at	14,60	6,57	0,45	CDKAL1	CDK5 regulatory subunit associated protein 1-like 1
219533_at	4,38	1,95	0,44	CDKN1C	cyclin-dependent kinase inhibitor 1C (p57, Kip2)
224393_s_at	8,42	2,93	0,35	CECR6	cat eye syndrome chromosome region, candidate 6
1567687_at	6,65	3,03	0,46	CECR9	cat eye syndrome chromosome region, candidate 9
219591_at	31,88	13,00	0,41	CEND1	cell cycle exit and neuronal differentiation 1
1556850_at	8,12	3,57	0,44	CEP290	Centrosomal protein 290kDa

215105_at	12,03	4,92	0,41	CG030	hypothetical gene CG030
205937_at	7,42	2,30	0,31	CGREF1	cell growth regulator with EF-hand domain 1
231783_at	7,63	2,90	0,38	CHRM1	cholinergic receptor, muscarinic 1
242503_at	4,40	1,70	0,39	CHST13	Carbohydrate (chondroitin 4) sulfotransferase 13
231282_at	12,45	4,25	0,34	CISD1	CDGSH iron sulfur domain 1
214635_at	19,80	9,20	0,46	CLDN9 /// LOC100134406	claudin 9 /// HCTP4-binding protein
231357_at	4,43	1,62	0,36	CLEC12B	C-type lectin domain family 12, member B
210481_s_at	5,45	2,67	0,49	CLEC4M	C-type lectin domain family 4, member M
1555035_a_at	4,67	2,32	0,50	CLRN1	clarin 1
1560432_at	8,35	4,15	0,50	CLRN10S	clarin 1 opposite strand
216293_at	25,82	12,55	0,49	CLTA	Clathrin, light chain (Lca)
244632_at	4,52	2,00	0,44	CNTN5	Contactin 5
231884_at	10,50	3,65	0,35	CNTROB	centrobin, centrosomal BRCA2 interacting protein
234688_x_at	14,52	6,03	0,42	CNTROB	centrobin, centrosomal BRCA2 interacting protein
211473_s_at	10,13	3,93	0,39	COL4A6	collagen, type IV, alpha 6
239261_s_at	9,62	4,53	0,47	CORIN	corin, serine peptidase
209789_at	4,83	2,30	0,48	CORO2B	coronin, actin binding protein, 2B
231487_at	2,58	0,93	0,36	COX8C	cytochrome c oxidase subunit 8C
240930_at	5,68	2,30	0,40	CRAMP1L /// HN1L	Crn, cramped-like (Drosophila) /// hematological and neurological expressed 1-like
1552714_at	3,02	1,40	0,46	CREG2	cellular repressor of E1A-stimulated genes 2
37020_at	3,92	1,80	0,46	CRP	C-reactive protein, pentraxin-related
217510_at	6,10	2,62	0,43	CRX	cone-rod homeobox
209981_at	14,37	6,40	0,45	CSDC2	cold shock domain containing C2, RNA binding
233145_at	4,73	1,93	0,41	CSMD2	CUB and Sushi multiple domains 2
240228_at	12,02	5,50	0,46	CSMD3	CUB and Sushi multiple domains 3
204736_s_at	19,62	9,10	0,46	CSPG4	chondroitin sulfate proteoglycan 4
211674_x_at	10,43	2,07	0,20	CTAG1A /// CTAG1B	cancer/testis antigen 1B /// cancer/testis antigen 1A
210546_x_at	10,47	2,12	0,20	CTAG1A /// CTAG1B	cancer/testis antigen 1B /// cancer/testis antigen 1A
215733_x_at	21,35	5,32	0,25	CTAG2	cancer/testis antigen 2
237038_at	109,47	33,92	0,31	CXCL14	chemokine (C-X-C motif) ligand 14
239460_at	9,68	3,32	0,34	CYP19A1	Cytochrome P450, family 19, subfamily A, polypeptide 1
208327_at	9,13	3,93	0,43	CYP2A13	cytochrome P450, family 2, subfamily A, polypeptide 13
216334_s_at	3,20	1,45	0,45	CYP2A7P1	cytochrome P450, family 2, subfamily A, polypeptide 7 pseudogene 1
205765_at	167,43	62,92	0,38	CYP3A5	cytochrome P450, family 3, subfamily A, polypeptide 5
1559470_at	3,18	1,07	0,34	D21S2088E	D21S2088E
207909_x_at	3,65	1,02	0,28	DAZ1 /// DAZ2 /// DAZ3 /// DAZ4 /// LOC732447	deleted in azoospermia 1 /// deleted in azoospermia 3 /// deleted in azoospermia 2 /// deleted in azoospermia 4 /// similar to deleted in azoospermia-like
211196_at	8,10	2,93	0,36	DBT	dihydroliipoamide branched chain transacylase E2
242764_at	2,05	0,78	0,38	DCHS2	dachsous 2 (Drosophila)
204850_s_at	6,57	1,58	0,24	DCX	doublecortin; lissencephaly, X-linked (doublecortin)
1563522_at	5,00	1,42	0,28	DDX10 /// LOC401533	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 10 /// hypothetical gene supported by BC049217
226539_s_at	12,93	6,25	0,48	DDX54	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 54
1553093_a_at	4,23	1,63	0,39	DEFB119	defensin, beta 119
243311_at	9,22	3,02	0,33	DEFB132	defensin, beta 32

1560080_at	6,27	2,60	0,41	DIAPH1	diaphanous homolog 1 (Drosophila)
239727_at	4,27	2,10	0,49	DIO30S	deiodinase, iodothyronine, type III opposite strand
232854_at	3,78	1,63	0,43	DIRAS1	DIRAS family, GTP-binding RAS-like 1
240122_at	7,60	3,45	0,45	DIRAS2	DIRAS family, GTP-binding RAS-like 2
216085_at	15,92	6,88	0,43	DKFZP434C153	DKFZP434C153 protein
232832_at	3,27	1,42	0,43	DKFZp434J0226	hypothetical gene DKFZp434J0226
234525_at	12,77	5,48	0,43	DKFZP761C1711	Hypothetical protein DKFZp761C1711
244725_at	6,27	3,10	0,49	DMRTA1	DMRT-like family A1
1567862_at	3,33	1,18	0,36	DNAH14	dynein, axonemal, heavy chain 14
207453_s_at	2,93	1,23	0,42	DNAJB5	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily B, member 5
238336_s_at	13,37	6,10	0,46	DNAJC21	DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 21
226281_at	49,85	22,78	0,46	DNER	delta/notch-like EGF repeat containing
1554325_at	3,73	1,20	0,32	DOCK2	dedicator of cytokinesis 2
203716_s_at	7,77	3,00	0,39	DPP4	dipeptidyl-peptidase 4 (CD26, adenosine deaminase complexing protein 2)
241550_at	7,08	3,40	0,48	DPPA5	developmental pluripotency associated 5
1560915_at	4,00	0,82	0,20	DPY19L1	dpy-19-like 1 (C. elegans)
1553191_at	8,12	3,85	0,47	DST	dystonin
210091_s_at	4,02	1,40	0,35	DTNA	dystrobrevin, alpha
1568673_s_at	2,48	1,03	0,42	EAF2	ELL associated factor 2
233600_at	10,18	5,08	0,50	EFCAB6	EF-hand calcium binding domain 6
1556608_a_at	6,80	2,83	0,42	EHD4	EH-domain containing 4
1556350_a_at	3,72	1,65	0,44	EIF4A2	eukaryotic translation initiation factor 4A, isoform 2
206447_at	10,42	3,22	0,31	ELA2A	elastase 2A
230549_at	9,70	4,82	0,50	ELK4	ELK4, ETS-domain protein (SRF accessory protein 1)
207060_at	14,78	6,37	0,43	EN2	engrailed homeobox 2
234003_at	11,27	4,88	0,43	ENOX2	ecto-NOX disulfide-thiol exchanger 2
205065_at	4,82	2,22	0,46	ENPP1	ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1
230430_at	7,60	2,87	0,38	ENTPD2	ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 2
207372_s_at	14,08	5,38	0,38	ENTPD2	ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 2
233098_s_at	4,47	1,58	0,35	EPB41L4B	erythrocyte membrane protein band 4.1 like 4B
216999_at	5,77	1,28	0,22	EPOR	erythropoietin receptor
214053_at	17,67	8,35	0,47	ERBB4	v-erb-a erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 4 (avian)
1555299_s_at	7,82	3,83	0,49	ERVWE1	endogenous retroviral family W, env(C7), member 1 (syncytin)
211235_s_at	9,85	4,27	0,43	ESR1	estrogen receptor 1
221910_at	7,37	2,37	0,32	ETV1	ets variant gene 1
221911_at	10,50	5,00	0,48	ETV1	ets variant gene 1
214480_at	4,67	2,28	0,49	ETV3	ets variant gene 3
208298_at	6,08	1,97	0,32	EV15	ecotropic viral integration site 5
1554937_x_at	7,40	3,15	0,43	EXOC3L	exocyst complex component 3-like
235974_at	19,82	8,27	0,42	EXOC4	exocyst complex component 4
1559031_at	10,03	3,63	0,36	EXOSC10	exosome component 10
215961_at	3,20	1,10	0,34	F12	coagulation factor XII (Hageman factor)
206795_at	11,93	4,40	0,37	F2RL2	coagulation factor II (thrombin) receptor-like 2
231029_at	5,43	2,45	0,45	F5	coagulation factor V (proaccelerin, labile factor)

1558976_x_at	4,53	2,12	0,47	FAM100A	family with sequence similarity 100, member A
227800_at	6,53	2,37	0,36	FAM110B	family with sequence similarity 110, member B
1559711_at	8,70	4,25	0,49	FAM120A	family with sequence similarity 120A
241829_at	6,88	2,65	0,38	FAM124A	family with sequence similarity 124A
1553369_at	7,87	2,87	0,36	FAM129C	family with sequence similarity 129, member C
241031_at	21,90	9,27	0,42	FAM148A	family with sequence similarity 148, member A
238018_at	18,43	9,15	0,50	FAM150B	family with sequence similarity 150, member B
1562919_at	9,23	3,57	0,39	FAM45A	Family with sequence similarity 45, member A
243700_x_at	7,08	1,48	0,21	FAM47A	family with sequence similarity 47, member A
216717_at	4,08	1,20	0,29	FAM48A	Family with sequence similarity 48, member A
234945_at	7,53	3,52	0,47	FAM54A	family with sequence similarity 54, member A
231466_at	8,40	3,33	0,40	FAM71F1	family with sequence similarity 71, member F1
229843_at	26,22	12,57	0,48	FAM82B	Family with sequence similarity 82, member B
241406_at	8,42	3,78	0,45	FAM83H	family with sequence similarity 83, member H
1557218_s_at	4,88	1,33	0,27	FANCB	Fanconi anemia, complementation group B
1555412_at	3,70	1,13	0,31	FBXL21	F-box and leucine-rich repeat protein 21
1565674_at	10,08	4,53	0,45	FCGR2A /// FCGR2B /// FCGR2C	Fc fragment of IgG, low affinity IIa, receptor (CD32) /// Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor (CD32) /// Fc fragment of IgG, low affinity IIc, receptor for (CD32)
224192_at	7,65	3,62	0,47	FCRL2	Fc receptor-like 2
1555799_at	10,48	3,03	0,29	FCRL5	Fc receptor-like 5
214417_s_at	13,45	5,80	0,43	FETUB	Fetuin B
205650_s_at	15,98	7,40	0,46	FGA	fibrinogen alpha chain
231523_at	11,15	4,95	0,44	FGF14	fibroblast growth factor 14
240913_at	2,88	1,40	0,49	FGFR2	fibroblast growth factor receptor 2 (bacteria-expressed kinase, keratinocyte growth factor receptor, craniofacial dysostosis 1, Crouzon syndrome, Pfeiffer syndrome, Jackson-Weiss syndrome)
219612_s_at	8,42	1,62	0,19	FGG	fibrinogen gamma chain
240042_at	4,05	1,38	0,34	FIBCD1	fibrinogen C domain containing 1
1554965_at	5,93	1,88	0,32	FILIP1L	filamin A interacting protein 1-like
215704_at	910,25	361,02	0,40	FLG	filaggrin
1569410_at	497,52	165,20	0,33	FLG2	filaggrin family member 2
220900_at	3,57	1,20	0,34	FLJ12078	hypothetical protein FLJ12078
220916_at	10,33	4,27	0,41	FLJ13310	hypothetical protein FLJ13310
1562226_at	2,38	1,15	0,48	FLJ14712	hypothetical protein FLJ14712
224073_at	8,28	2,68	0,32	FLJ20464	hypothetical protein FLJ20464
1562914_a_at	8,52	3,32	0,39	FLJ25328	hypothetical LOC148231
239620_at	6,73	3,30	0,49	FLJ25439	hypothetical protein FLJ25439
1557342_a_at	5,42	2,35	0,43	FLJ27365 /// LOC150381	hypothetical protein LOC150381 /// FLJ27365 protein
236739_at	6,08	1,97	0,32	FLJ30594	Hypothetical locus FLJ30594
1570189_at	5,95	2,97	0,50	FLJ31222	Hypothetical LOC388387
236329_at	9,80	2,73	0,28	FLJ33996 /// LOC100127971	hypothetical protein FLJ33996 /// hypothetical protein LOC100127971
1559506_x_at	3,80	1,53	0,40	FLJ35409	FLJ35409 protein
1557206_at	6,85	3,40	0,50	FLJ35848	hypothetical protein FLJ35848
228668_x_at	5,60	2,52	0,45	FLJ36031	Hypothetical protein FLJ36031
1560654_at	13,77	6,72	0,49	FLJ37201	hypothetical protein FLJ37201
1553446_at	9,10	4,43	0,49	FLJ37396	hypothetical protein FLJ37396

1562319_at	12,53	5,43	0,43	FLJ39743	hypothetical protein FLJ39743
1566664_at	8,25	3,35	0,41	FLJ40176	hypothetical LOC121951
237659_at	9,67	2,50	0,26	FLJ40288	hypothetical protein FLJ40288
1558987_at	8,22	3,75	0,46	FLJ40473	hypothetical protein FLJ40473
1556695_a_at	9,30	2,92	0,31	FLJ42709	hypothetical gene supported by AK124699
1563369_at	6,95	2,45	0,35	FLJ42957	FLJ42957 protein
239776_at	1,82	0,45	0,25	FLJ43080	hypothetical protein LOC642987
235042_at	14,72	3,58	0,24	FLJ43080 /// XIRP1	xin actin-binding repeat containing 1 /// hypothetical protein LOC642987
229961_x_at	11,95	4,47	0,37	FLJ44968	FLJ44968 protein
234379_at	6,83	2,75	0,40	FLT4	fms-related tyrosine kinase 4
1553924_at	9,02	3,60	0,40	FM09P	flavin containing monooxygenase 9 pseudogene
214702_at	6,93	3,42	0,49	FN1	fibronectin 1
1569352_at	6,22	2,80	0,45	FNIP2	folliculin interacting protein 2
205906_at	9,95	4,52	0,45	FOXJ1	forkhead box J1
1554034_a_at	8,30	3,43	0,41	FRMD4A	FERM domain containing 4A
210933_s_at	388,93	176,32	0,45	FSCN1	fascin homolog 1, actin-bundling protein (Strongylocentrotus purpuratus)
242586_at	18,05	8,03	0,45	FSD1L	fibronectin type III and SPRY domain containing 1-like
1564511_a_at	5,97	2,17	0,36	FSTL4	folliculin-like 4
224299_x_at	14,78	5,60	0,38	FTCD	formiminotransferase cyclodeaminase
1554308_s_at	5,42	2,28	0,42	GABRA2	gamma-aminobutyric acid (GABA) A receptor, alpha 2
228303_at	27,17	10,65	0,39	GALNT6	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 6 (GalNAc-T6)
216165_at	6,20	1,77	0,28	GARNL3	GTPase activating Rap/RanGAP domain-like 3
209602_s_at	3,30	0,97	0,29	GATA3	GATA binding protein 3
235426_at	15,97	3,02	0,19	GATM	Glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)
1566861_at	2,77	1,32	0,48	GATM	glycine amidinotransferase (L-arginine:glycine amidinotransferase)
220799_at	4,12	2,02	0,49	GCM2	glial cells missing homolog 2 (Drosophila)
213343_s_at	21,50	8,57	0,40	GDPD5	glycerophosphodiester phosphodiesterase domain containing 5
205722_s_at	8,42	3,43	0,41	GFRA2	GDNF family receptor alpha 2
206195_x_at	4,82	2,33	0,48	GH2	growth hormone 2
221360_s_at	2,12	1,05	0,50	GHSR	growth hormone secretagogue receptor
243502_at	7,35	3,33	0,45	GJC1	gap junction protein, gamma 1, 45kDa
1569886_a_at	14,87	5,38	0,36	GLB1L3	galactosidase, beta 1-like 3
241564_at	2,72	1,33	0,49	GLOD5	Glyoxalase domain containing 5
221312_at	6,62	3,23	0,49	GLP2R	glucagon-like peptide 2 receptor
217271_at	8,57	2,33	0,27	GNA11	guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha 11 (Gq class)
231309_at	6,80	2,32	0,34	GNA12	Guanine nucleotide binding protein (G protein) alpha 12
239037_at	9,00	3,52	0,39	GNAS	GNAS complex locus
223563_at	11,10	5,08	0,46	GNB1L	guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 1-like
206047_at	32,17	15,02	0,47	GNB3	guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 3
1555765_a_at	14,42	6,90	0,48	GNG4	guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 4
1555199_at	5,47	2,22	0,41	GOSR1	golgi SNAP receptor complex member 1
215554_at	6,12	2,82	0,46	GPLD1	glycosylphosphatidylinositol specific phospholipase D1
1553006_at	4,62	1,92	0,42	GPR112	G protein-coupled receptor 112
221469_at	8,37	4,15	0,50	GPR32	G protein-coupled receptor 32

209631_s_at	109,42	30,40	0,28	GPR37	G protein-coupled receptor 37 (endothelin receptor type B-like)
214586_at	21,18	10,50	0,50	GPR37	G protein-coupled receptor 37 (endothelin receptor type B-like)
208600_s_at	6,83	3,25	0,48	GPR39	G protein-coupled receptor 39
240509_s_at	3,05	0,53	0,17	GREM2	gremlin 2, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis)
236538_at	2,98	1,37	0,46	GRIA2	glutamate receptor, ionotropic, AMPA 2
238663_x_at	2,52	1,23	0,49	GRIA4	glutamate receptor, ionotropic, AMPA 4
207242_s_at	7,08	3,10	0,44	GRIK1	glutamate receptor, ionotropic, kainate 1
1563754_at	10,03	2,08	0,21	GRIK2	glutamate receptor, ionotropic, kainate 2
213845_at	5,62	2,50	0,45	GRIK2	glutamate receptor, ionotropic, kainate 2
208365_s_at	25,20	12,07	0,48	GRK4	G protein-coupled receptor kinase 4
241989_at	10,47	5,22	0,50	GRK4	G protein-coupled receptor kinase 4
210939_s_at	15,87	7,92	0,50	GRM1	glutamate receptor, metabotropic 1
207235_s_at	9,95	4,55	0,46	GRM5	glutamate receptor, metabotropic 5
222102_at	34,55	16,95	0,49	GSTA3	glutathione S-transferase A3
205439_at	160,18	26,82	0,17	GSTT2	glutathione S-transferase theta 2
215915_at	6,67	2,42	0,36	GULP1	GULP, engulfment adaptor PTB domain containing 1
237967_at	4,87	2,25	0,46	HAL	Histidine ammonia-lyase
244857_at	11,85	4,77	0,40	HBEGF	heparin-binding EGF-like growth factor
1568745_at	17,85	7,15	0,40	hCG_1654703	hCG1654703
1569445_at	7,72	3,70	0,48	hCG_17241	flamingo-like
237152_at	3,43	1,45	0,42	hCG_17324	primary ciliary dyskinesia protein 1
239136_at	96,38	30,00	0,31	hCG_1818231	hCG1818231
1564327_at	7,50	1,88	0,25	hCG_1983896	hCG1983896
216667_at	9,13	2,63	0,29	hCG_1998957 /// HLA-DQB1 /// HLA-DQB2 /// HLA-DRB1 /// HLA-DRB2 /// HLA-DRB3 /// HLA-DRB4 /// HLA-DRB5 /// LOC100133484 /// LOC100133583 /// LOC100133661 /// LOC100133811 /// LOC643332 /// LOC730415 /// RNASE2 /// ZNF749	major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1 /// major histocompatibility complex, class II, DQ beta 2 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 1 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 2 (pseudogene) /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 3 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 4 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 5 /// ribonuclease, RNase A family, 2 (liver, eosinophil-derived neurotoxin) /// zinc finger protein 749 /// similar to Nonsecretory ribonuclease precursor (Ribonuclease US) (Eosinophil-derived neurotoxin) (RNase Upl-2) (Ribonuclease 2) (RNase 2) /// hypothetical protein LOC730415 /// similar to Major histocompatibility complex, class II, DR beta 4 /// similar to major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1 /// similar to HLA class II histocompatibility antigen, DR-W53 beta chain /// similar to hCG1992647
1556351_at	5,28	1,12	0,21	HCN1	hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 1
1552760_at	6,52	1,45	0,22	HDAC9	histone deacetylase 9
1560727_at	14,17	5,22	0,37	HEATR4	HEAT repeat containing 4
228169_s_at	1,75	0,78	0,45	HES6	hairy and enhancer of split 6 (Drosophila)
211111_at	6,27	2,87	0,46	HGC6.3	similar to HGC6.3
223775_at	4,72	1,87	0,40	HHIP	hedgehog interacting protein
217323_at	7,47	3,68	0,49	HLA-DRB6	major histocompatibility complex, class II, DR beta 6 (pseudogene)
217454_at	4,27	2,00	0,47	HMGB3 /// LOC203510	high-mobility group box 3 /// similar to hCG1644442
239052_at	7,28	3,27	0,45	HNRNPD	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D (AU-rich element RNA binding protein 1, 37kDa)
206289_at	6,80	1,97	0,29	HOXA4	homeobox A4
208471_at	10,17	4,07	0,40	HPR	haptoglobin-related protein
231705_at	8,17	3,20	0,39	HRSP12	Heat-responsive protein 12
239547_at	134,18	47,83	0,36	HS3ST6	heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 6
229714_at	8,42	3,88	0,46	HS6ST3	heparan sulfate 6-O-sulfotransferase 3
207882_at	14,63	5,30	0,36	HSAJ2425	p65 protein

1559518_at	5,30	2,15	0,41	HSD17B12	Hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 12
1554908_at	5,02	1,72	0,34	HYDIN	hydrocephalus inducing homolog (mouse)
215485_s_at	44,48	19,52	0,44	ICAM1	intercellular adhesion molecule 1 (CD54), human rhinovirus receptor
207817_at	5,25	2,30	0,44	IFNW1	interferon, omega 1
231148_at	16,60	5,42	0,33	IGFL2	IGF-like family member 2
229275_at	8,60	4,23	0,49	IGFN1	immunoglobulin-like and fibronectin type III domain containing 1
217169_at	12,90	3,42	0,26	IGHA1	immunoglobulin heavy constant alpha 1
207167_at	20,50	8,73	0,43	IGSF2	immunoglobulin superfamily, member 2
231179_at	8,85	1,88	0,21	IHPK3	inositol hexaphosphate kinase 3
206999_at	47,23	20,08	0,43	IL12RB2	interleukin 12 receptor, beta 2
224361_s_at	16,50	8,08	0,49	IL17RB	interleukin 17 receptor B
229263_at	11,70	5,55	0,47	IL17RD	interleukin 17 receptor D
205403_at	312,55	130,15	0,42	IL1R2	interleukin 1 receptor, type II
211372_s_at	142,70	61,02	0,43	IL1R2	interleukin 1 receptor, type II
222974_at	13,82	4,53	0,33	IL22	interleukin 22
1552917_at	20,30	8,33	0,41	IL29	interleukin 29 (interferon, lambda 1)
217489_s_at	13,90	5,30	0,38	IL6R	interleukin 6 receptor
206549_at	12,73	5,87	0,46	INSL4	insulin-like 4 (placenta)
240841_at	12,62	6,15	0,49	INSM2	insulinoma-associated 2
236767_at	10,33	3,13	0,30	IQCF2	IQ motif containing F2
236870_at	4,48	1,05	0,23	IQCF3	IQ motif containing F3
213834_at	13,40	5,42	0,40	IQSEC3 /// LOC100134209 /// LOC731035	IQ motif and Sec7 domain 3 /// similar to IQ motif and Sec7 domain 3 /// similar to IQ motif and Sec7 domain-containing protein 3
242694_at	4,85	2,32	0,48	IQSEC3 /// LOC100134209 /// LOC731035	IQ motif and Sec7 domain 3 /// similar to IQ motif and Sec7 domain 3 /// similar to IQ motif and Sec7 domain-containing protein 3
1553739_at	3,95	1,65	0,42	IRAK2	interleukin-1 receptor-associated kinase 2
228227_at	4,57	1,95	0,43	ITGB1BP1	Integrin beta 1 binding protein 1
204628_s_at	20,58	6,98	0,34	ITGB3	integrin, beta 3 (platelet glycoprotein IIIa, antigen CD61)
201187_s_at	11,25	3,83	0,34	ITPR3	inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 3
201547_at	10,48	4,43	0,42	JARID1B	jumonji, AT rich interactive domain 1B
237229_at	7,13	2,67	0,37	JMJD5	Jumonji domain containing 5
215233_at	5,52	2,37	0,43	JMJD6	jumonji domain containing 6
243679_at	5,92	2,40	0,41	JPH3	junctophilin 3
207600_at	11,37	4,53	0,40	KCNC3	potassium voltage-gated channel, Shaw-related subfamily, member 3
211427_s_at	2,18	0,60	0,27	KCNJ13	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 13
210179_at	7,50	3,33	0,44	KCNJ13	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 13
219564_at	7,82	3,42	0,44	KCNJ16	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 16
222901_s_at	3,37	1,55	0,46	KCNJ16	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 16
207142_at	3,65	1,53	0,42	KCNJ3	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 3
234554_at	10,43	4,70	0,45	KCNK16	potassium channel, subfamily K, member 16
219545_at	18,77	8,57	0,46	KCTD14	potassium channel tetramerisation domain containing 14
233234_at	10,80	4,22	0,39	KCTD16	potassium channel tetramerisation domain containing 16
244137_at	11,05	4,13	0,37	KIAA0317	KIAA0317
230232_at	10,23	4,97	0,49	KIAA0746	KIAA0746 protein
230765_at	9,27	3,52	0,38	KIAA1239	KIAA1239
232250_at	7,22	2,85	0,39	KIAA1257	KIAA1257

229628_s_at	5,30	2,12	0,40	KIAA1529	KIAA1529
220673_s_at	5,02	1,95	0,39	KIAA1622	KIAA1622
1555871_at	7,38	3,62	0,49	KIAA1648	KIAA1648 protein
1569365_a_at	10,47	4,77	0,46	KIAA1656	KIAA1656 protein
223600_s_at	11,10	3,58	0,32	KIAA1683	KIAA1683
215018_at	3,37	0,90	0,27	KIAA1731	KIAA1731
1561960_at	7,30	3,33	0,46	KIAA1920	KIAA1920 protein
234333_at	8,30	3,43	0,41	KIAA2022	KIAA2022
207313_x_at	10,12	3,55	0,35	KIR3DL2 /// LOC727787	killer cell immunoglobulin-like receptor, three domains, long cytoplasmic tail, 2 /// similar to killer cell immunoglobulin-like receptor 3DL2 precursor (MHC class I NK cell receptor) (Natural killer-associated transcript 4) (NKAT-4) (p70 natural killer cell receptor clone CL-5) (CD158k antigen)
217505_at	3,80	1,82	0,48	KLHL23	kelch-like 23 (Drosophila)
234782_at	3,22	1,53	0,48	KLHL31	kelch-like 31 (Drosophila)
1553765_a_at	1,42	0,53	0,38	KLHL32	kelch-like 32 (Drosophila)
233477_at	7,87	2,80	0,36	KLK15	kallikrein-related peptidase 15
209854_s_at	5,63	2,65	0,47	KLK2	kallikrein-related peptidase 2
1558394_s_at	6,80	2,47	0,36	KRT7	keratin 7
207816_at	8,40	3,98	0,47	LALBA	lactalbumin, alpha-
214215_s_at	6,55	3,20	0,49	LARP5	La ribonucleoprotein domain family, member 5
206309_at	15,37	6,45	0,42	LECT1	leukocyte cell derived chemotaxin 1
221557_s_at	9,82	4,43	0,45	LEF1	lymphoid enhancer-binding factor 1
220440_at	12,05	5,45	0,45	LGALS13	lectin, galactoside-binding, soluble, 13 (galectin 13)
1555043_at	3,17	1,55	0,49	LHFPL5	lipoma HMGIC fusion partner-like 5
206230_at	6,98	2,67	0,38	LHX1	LIM homeobox 1
206140_at	11,15	3,25	0,29	LHX2	LIM homeobox 2
211219_s_at	11,03	4,80	0,44	LHX2	LIM homeobox 2
207872_s_at	11,53	3,83	0,33	LILRA1	leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily A (with TM domain), member 1
219823_at	7,77	3,80	0,49	LIN28	lin-28 homolog (C. elegans)
1559650_at	2,15	1,07	0,50	LOC100128081	Similar to hCG2033532
224294_at	9,38	4,52	0,48	LOC100128185	PNAS-19
229999_at	12,17	4,92	0,40	LOC100128416	Similar to RB28
1558447_at	7,92	3,45	0,44	LOC100128439	hypothetical protein LOC100128439
239747_s_at	5,97	1,33	0,22	LOC100128570	hypothetical protein LOC100128570
1563367_at	3,33	1,13	0,34	LOC100128977	Similar to hCG1654542
244074_at	6,10	3,02	0,49	LOC100129104	similar to hydroxyproline-rich glycoprotein VSP-3
1557177_at	9,70	4,38	0,45	LOC100129386	Hypothetical protein LOC100129386
216359_at	6,28	3,02	0,48	LOC100129410	hypothetical protein LOC100129410
244635_s_at	6,17	3,03	0,49	LOC100129436	hypothetical protein LOC100129436
212883_at	12,97	6,37	0,49	LOC100129500	hypothetical protein LOC100129500
236074_at	5,78	2,45	0,42	LOC100129673	Similar to hCG2042915
224030_s_at	13,47	5,78	0,43	LOC100130415	similar to PR02751
237915_at	5,88	2,52	0,43	LOC100130460	hypothetical protein LOC100130460
243970_at	3,37	1,45	0,43	LOC100130642	hypothetical LOC100130642
239791_at	12,85	6,30	0,49	LOC100130740	similar to hCG2042068

238237_at	7,88	0,85	0,11	LOC100130964	similar to hCG2045185
231356_at	8,52	3,95	0,46	LOC100131014	similar to hCG2045213
231105_at	3,20	1,45	0,45	LOC100131056	similar to hCG2041870
1563226_at	3,68	1,38	0,38	LOC100131419	hypothetical protein LOC100131419
232442_at	3,48	1,52	0,44	LOC100131601	similar to hCG1980470
1559180_at	3,45	1,37	0,40	LOC100131860	hypothetical protein LOC100131860
227835_at	11,53	5,12	0,44	LOC100132181	Hypothetical protein LOC100132181
241317_at	4,62	1,68	0,36	LOC100132634 /// LOC283112	hypothetical protein LOC283112 /// hypothetical protein LOC100132634
224103_at	15,90	5,70	0,36	LOC100132661	PRO0419
238308_at	5,95	1,63	0,27	LOC100133236	hypothetical protein LOC100133236
219730_at	4,27	1,23	0,29	LOC100133916 /// MED18	mediator complex subunit 18 /// hypothetical protein LOC100133916
214740_at	11,43	4,35	0,38	LOC100134053 /// POLR2J /// POLR2J2 /// POLR2J3 /// POLR2J4	polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide J, 13.3kDa /// polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide J, 13.3kDa pseudogene /// DNA directed RNA polymerase II polypeptide J-related /// RPB11b2 protein /// similar to POLR2J4 protein
240424_s_at	8,42	4,05	0,48	LOC100134569 /// LOC441204	hypothetical locus LOC441204 /// similar to hCG2009921
230163_at	9,33	4,50	0,48	LOC143381	Hypothetical protein LOC143381
232577_at	15,65	7,08	0,45	LOC145945	hypothetical protein LOC145945
1559433_at	9,03	4,07	0,45	LOC149773	Hypothetical protein LOC149773
1560679_at	10,60	4,80	0,45	LOC151438	hypothetical protein LOC151438
230385_at	9,07	2,27	0,25	LOC153277	hypothetical protein LOC153277
1563821_at	5,10	2,42	0,47	LOC170425	hypothetical protein LOC170425
1552957_at	9,63	3,43	0,36	LOC200383	similar to Dynein heavy chain at 16F
233043_at	13,63	5,43	0,40	LOC221814	Hypothetical protein LOC221814
1557871_at	5,80	1,75	0,30	LOC253573	hypothetical protein LOC253573
232123_at	7,73	3,83	0,50	LOC283174	hypothetical LOC283174
1562457_at	8,32	2,67	0,32	LOC283331	hypothetical protein LOC283331
1556940_at	9,28	2,40	0,26	LOC283484	hypothetical protein LOC283484
1560676_at	2,67	1,02	0,38	LOC283514	similar to seven in absentia 2
1562682_at	6,42	2,05	0,32	LOC283666	hypothetical LOC283666
225762_x_at	68,00	29,30	0,43	LOC284801	hypothetical protein LOC284801
1563456_at	7,92	3,32	0,42	LOC285026	hypothetical protein LOC285026
1561251_at	7,75	3,28	0,42	LOC285577	hypothetical protein LOC285577
237870_at	12,40	6,08	0,49	LOC285771	hypothetical protein LOC285771
235619_at	14,13	3,88	0,27	LOC285986	hypothetical protein LOC285986
1561257_at	5,78	2,40	0,41	LOC286083	hypothetical protein LOC286083
229015_at	8,98	3,60	0,40	LOC286367	FP944
1564786_at	47,57	23,12	0,49	LOC338667	hypothetical protein LOC338667
1562908_at	12,95	6,47	0,50	LOC339468	hypothetical protein LOC339468
1562698_x_at	28,97	10,58	0,37	LOC339988	hypothetical protein LOC339988
1556667_at	20,13	9,25	0,46	LOC348751	hypothetical protein LOC348751
230445_at	6,00	2,00	0,33	LOC388419	galactin-3-binding protein-like
230439_at	14,97	5,88	0,39	LOC389458	hypothetical LOC389458
239337_at	6,45	2,37	0,37	LOC400768	hypothetical gene supported by BC051808
1557761_s_at	8,82	4,28	0,49	LOC400794	hypothetical gene supported by BC030596
1569213_at	4,70	1,98	0,42	LOC400891	similar to chromosome 14 open reading frame 166B

1557822_at	2,78	1,08	0,39	LOC401134	hypothetical gene supported by BC040544
229978_at	19,40	5,48	0,28	LOC440338	hypothetical gene supported by AJ002784
224426_s_at	8,88	2,85	0,32	LOC440888	ARP3 actin-related protein 3 homolog B pseudogene
1561471_at	9,85	4,68	0,48	LOC441009	Hypothetical LOC441009
237585_at	7,75	2,13	0,28	LOC441054	hypothetical protein LOC441054
215625_at	8,02	3,63	0,45	LOC644450	hypothetical protein LOC644450
1563462_at	3,35	1,07	0,32	LOC644624	Hypothetical LOC644624
1558724_at	4,13	1,47	0,35	LOC645478	Hypothetical LOC645478
1557919_a_at	18,28	7,23	0,40	LOC648232	Hypothetical protein LOC100128757
237182_at	5,45	2,72	0,50	LOC653479	Similar to mitochondrial ribosomal protein L45
228425_at	81,82	31,75	0,39	LOC654433	hypothetical LOC654433
217015_at	5,05	2,15	0,43	LOC727842	hypothetical LOC727842
233996_x_at	5,33	2,45	0,46	LOC727945	similar to hCG1651100
231226_at	9,12	4,12	0,45	LOC728142	hypothetical LOC728142
234133_s_at	9,02	4,15	0,46	LOC728543	hypothetical protein LOC728543
1568762_at	9,63	3,87	0,40	LOC728613	programmed cell death 6 pseudogene
1568764_x_at	22,37	9,83	0,44	LOC728613	programmed cell death 6 pseudogene
244138_at	13,38	6,13	0,46	LOC728904	hypothetical LOC728904
1555868_at	18,07	6,68	0,37	LOC729070	Similar to hCG2030186
237806_s_at	6,60	3,02	0,46	LOC729296	Similar to hCG2017976
1556204_a_at	7,03	2,90	0,41	LOC730051	Similar to hCG2044798
1563007_at	9,55	3,95	0,41	LOC730217	Hypothetical LOC730217
238529_at	7,47	2,57	0,34	LOC730631	Hypothetical LOC730631
207584_at	6,85	2,67	0,39	LPA	lipoprotein, Lp(a)
232966_at	5,50	2,35	0,43	LPIN3	lipin 3
230644_at	10,73	4,07	0,38	LRFN5	leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 5
204381_at	18,32	8,93	0,49	LRP3	low density lipoprotein receptor-related protein 3
223552_at	107,15	35,85	0,33	LRR4	leucine rich repeat containing 4
241585_at	5,20	1,78	0,34	LRR4C	leucine rich repeat containing 4C
1554398_at	6,45	2,13	0,33	LYG2	lysozyme G-like 2
210303_at	4,47	1,48	0,33	MAB21L2	mab-21-like 2 (C. elegans)
1563209_a_at	8,03	3,55	0,44	MACROD2	MACRO domain containing 2
207581_s_at	4,57	2,10	0,46	MAGEB4	melanoma antigen family B, 4
216435_at	2,37	0,68	0,29	MAP2K5	Mitogen-activated protein kinase kinase 5
239473_x_at	14,35	6,98	0,49	MAP6D1	MAP6 domain containing 1
203929_s_at	154,05	67,17	0,44	MAPT	microtubule-associated protein tau
208210_at	18,38	6,55	0,36	MAS1	MAS1 oncogene
1552459_a_at	9,55	4,05	0,42	MBD3L1	methyl-CpG binding domain protein 3-like 1
1552458_at	10,68	5,13	0,48	MBD3L1	methyl-CpG binding domain protein 3-like 1
207115_x_at	17,78	6,25	0,35	MBTD1	mbt domain containing 1
223855_s_at	13,77	6,02	0,44	MCHR1	melanin-concentrating hormone receptor 1
231529_at	9,95	3,93	0,40	MEG3	Maternally expressed 3
226210_s_at	17,68	7,15	0,40	MEG3	maternally expressed 3
219051_x_at	26,48	8,80	0,33	METRN	meteorin, glial cell differentiation regulator

205442_at	89,07	35,92	0,40	MFAP3L	microfibrillar-associated protein 3-like
210492_at	8,38	3,65	0,44	MFAP3L	microfibrillar-associated protein 3-like
213783_at	15,07	6,00	0,40	MFNG	MFNG O-fucosylpeptide 3-beta-N-acetylglucosaminyltransferase
224457_at	9,82	4,07	0,41	MGC12982	hypothetical protein MGC12982
1554195_a_at	40,95	16,97	0,41	MGC23985	similar to AVLV472
1553936_a_at	10,05	2,68	0,27	MGC2848	hypothetical protein MGC2848
238367_s_at	5,07	2,15	0,42	MGC33556	Hypothetical LOC339541
241759_at	5,22	2,53	0,49	MGC5566	Hypothetical protein LOC100128040
220930_s_at	7,07	3,17	0,45	MGC5590	hypothetical protein MGC5590
227398_s_at	3,18	1,25	0,39	MIDN	Midnolin
232291_at	31,50	15,52	0,49	MIRHG1	microRNA host gene (non-protein coding) 1
205959_at	232,18	107,57	0,46	MMP13	matrix metalloproteinase 13 (collagenase 3)
207599_at	2,88	1,02	0,35	MMP20	matrix metalloproteinase 20 (enamelysin)
207329_at	7,70	2,68	0,35	MMP8	matrix metalloproteinase 8 (neutrophil collagenase)
211836_s_at	11,22	5,05	0,45	MOG	myelin oligodendrocyte glycoprotein
238328_at	7,73	3,13	0,41	M-RIP	myosin phosphatase-Rho interacting protein
227118_s_at	4,10	1,85	0,45	MRPS26	Mitochondrial ribosomal protein S26
224101_x_at	3,82	1,50	0,39	MRS2	MRS2 magnesium homeostasis factor homolog (<i>S. cerevisiae</i>)
233083_at	9,17	3,67	0,40	MTHFD2L	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2-like
1553436_at	8,75	3,52	0,40	MUC19	mucin 19, oligomeric
204673_at	17,78	7,52	0,42	MUC2	mucin 2, oligomeric mucus/gel-forming
229160_at	8,70	1,57	0,18	MUM1L1	melanoma associated antigen (mutated) 1-like 1
1568925_at	2,43	0,55	0,23	MYLK3	myosin light chain kinase 3
1568926_x_at	6,93	3,45	0,50	MYLK3	myosin light chain kinase 3
1552578_a_at	8,97	2,58	0,29	MYO3B	myosin IIIB
1570141_at	4,62	1,27	0,27	MYO5B	myosin VB
216660_at	2,22	0,98	0,44	MYO7B	myosin VIIIB
216672_s_at	3,78	1,40	0,37	MYT1L	myelin transcription factor 1-like
211390_at	3,97	1,00	0,25	N4BP2L1	NEDD4 binding protein 2-like 1
1554504_at	5,62	2,70	0,48	NAALAD2	N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase 2
220184_at	13,00	4,10	0,32	NANOG	Nanog homeobox
204823_at	43,22	14,60	0,34	NAV3	neuron navigator 3
1562234_a_at	9,13	3,22	0,35	NAV3	neuron navigator 3
236141_at	5,62	1,70	0,30	NBLA00301	Nbla00301
215859_at	12,83	4,52	0,35	NCLN	nicalin homolog (zebrafish)
208888_s_at	9,93	4,45	0,45	NCOR2	nuclear receptor co-repressor 2
221916_at	393,27	195,07	0,50	NEFL	neurofilament, light polypeptide 68kDa
205113_at	315,93	146,80	0,46	NEFM	neurofilament, medium polypeptide 150kDa
206948_at	10,02	4,58	0,46	NEU3	sialidase 3 (membrane sialidase)
209664_x_at	4,50	2,05	0,46	NFATC1	nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 1
1560527_at	10,80	5,38	0,50	NF-E4	transcription factor NF-E4
1555142_at	5,10	2,08	0,41	NHEDC1	Na+/H+ exchanger domain containing 1
230443_at	20,25	3,03	0,15	NHP2L1	NHP2 non-histone chromosome protein 2-like 1 (<i>S. cerevisiae</i>)
221672_s_at	19,47	7,08	0,36	NIBP	trafficking protein particle complex 9

1553241_at	15,28	6,22	0,41	NKAIN3	Na ⁺ /K ⁺ transporting ATPase interacting 3
228018_at	4,77	2,23	0,47	NKAIN4	Na ⁺ /K ⁺ transporting ATPase interacting 4
1553115_at	23,87	7,32	0,31	NKD1	naked cuticle homolog 1 (Drosophila)
231235_at	12,00	5,95	0,50	NKTR	natural killer-tumor recognition sequence
211024_s_at	4,53	2,07	0,46	NKX2-1	NK2 homeobox 1
1553808_a_at	13,02	6,47	0,50	NKX2-3	NK2 transcription factor related, locus 3 (Drosophila)
205893_at	10,13	3,92	0,39	NLGN1	neuroligin 1
1554689_a_at	8,38	3,50	0,42	NLGN4X	neuroligin 4, X-linked
223508_at	14,00	5,83	0,42	NOTCH1	Notch homolog 1, translocation-associated (Drosophila)
206699_x_at	17,80	7,33	0,41	NPAS1	neuronal PAS domain protein 1
222172_at	10,05	4,67	0,46	NPAS3	neuronal PAS domain protein 3
1554299_at	8,15	3,23	0,40	NPAS4	neuronal PAS domain protein 4
224306_at	3,40	1,53	0,45	NPC1L1	NPC1 (Niemann-Pick disease, type C1, gene)-like 1
221348_at	14,40	6,78	0,47	NPPC	natriuretic peptide precursor C
205440_s_at	3,22	0,90	0,28	NPY1R	neuropeptide Y receptor Y1
1560469_at	5,95	2,58	0,43	NR5A2	nuclear receptor subfamily 5, group A, member 2
232771_at	6,47	2,47	0,38	NRK	Nik related kinase
211844_s_at	5,65	2,78	0,49	NRP2	neuropilin 2
232519_at	10,28	4,10	0,40	NSFL1C	NSFL1 (p97) cofactor (p47)
231785_at	21,38	7,38	0,35	NTF4	neurotrophin 4
233072_at	7,85	2,58	0,33	NTNG2	netrin G2
236095_at	9,20	3,23	0,35	NTRK2	neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 2
221796_at	136,20	48,37	0,36	NTRK2	neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 2
214680_at	19,83	7,93	0,40	NTRK2	neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 2
207360_s_at	14,97	7,03	0,47	NTSR1	neurotensin receptor 1 (high affinity)
1559732_at	11,98	3,25	0,27	NUB1	Negative regulator of ubiquitin-like proteins 1
226061_s_at	3,73	1,38	0,37	NUDT3	Nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 3
215818_at	10,65	4,88	0,46	NUDT7	nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 7
231301_at	2,17	0,78	0,36	NUP54	Nucleoporin 54kDa
213863_s_at	7,32	2,77	0,38	OAZ3	ornithine decarboxylase antizyme 3
220848_x_at	13,52	5,87	0,43	OBP2A	odorant binding protein 2A
210415_s_at	23,63	11,63	0,49	ODF2	outer dense fiber of sperm tails 2
1565111_x_at	3,13	1,38	0,44	OFCC1	orofacial cleft 1 candidate 1
219277_s_at	9,00	2,17	0,24	OGDHL	oxoglutarate dehydrogenase-like
1555018_at	5,80	2,38	0,41	OR2C3	olfactory receptor, family 2, subfamily C, member 3
1567241_at	8,68	3,60	0,41	OR2L1P	olfactory receptor, family 2, subfamily L, member 1 pseudogene
1567238_at	5,50	1,87	0,34	OR2L2	olfactory receptor, family 2, subfamily L, member 2
1562337_at	22,10	8,28	0,37	OR7D2	olfactory receptor, family 7, subfamily D, member 2
1567248_at	5,33	1,53	0,29	OR9A1P	olfactory receptor, family 9, subfamily A, member 1 pseudogene
238575_at	83,85	39,07	0,47	OSBPL6	oxysterol binding protein-like 6
214637_at	7,25	3,40	0,47	OSM	oncostatin M
228399_at	5,98	2,70	0,45	OSR1	odd-skipped related 1 (Drosophila)
229230_at	34,45	14,47	0,42	OSTalpha	organic solute transporter alpha
203479_s_at	26,93	10,68	0,40	OTUD4	OTU domain containing 4

242128_at	6,63	2,88	0,43	OTX2	orthodenticle homeobox 2
215326_at	18,40	8,20	0,45	PAK4	p21(CDKN1A)-activated kinase 4
1553502_a_at	8,63	3,95	0,46	PALM2 /// PALM2-AKAP2	paralemmin 2 /// PALM2-AKAP2
231397_at	3,15	0,95	0,30	PAP2D	phosphatidic acid phosphatase type 2
1558607_at	7,70	2,53	0,33	PAPPA	pregnancy-associated plasma protein A, pappalysin 1
214827_at	6,55	0,95	0,15	PARD6B	par-6 partitioning defective 6 homolog beta (C. elegans)
1553380_at	3,18	1,32	0,41	PARP15	poly (ADP-ribose) polymerase family, member 15
231279_at	6,97	2,95	0,42	PATE	expressed in prostate and testis
207680_x_at	9,52	4,60	0,48	PAX3	paired box 3
235795_at	6,20	1,62	0,26	PAX6	paired box 6
208060_at	20,63	9,68	0,47	PAX7	paired box 7
207923_x_at	16,73	8,15	0,49	PAX8	paired box 8
223399_x_at	12,78	6,08	0,48	PBRM1	polybromo 1
1557880_at	6,35	2,10	0,33	PCDH11X /// PCDH11Y	protocadherin 11 X-linked /// protocadherin 11 Y-linked
1553344_at	3,12	1,17	0,37	PCDH15	protocadherin 15
213369_at	153,47	67,28	0,44	PCDH21	protocadherin 21
1553235_at	5,12	2,23	0,44	PCDHAC1	protocadherin alpha subfamily C, 1
224539_s_at	2,42	1,13	0,47	PCDHAC1 /// PCDHAC2	protocadherin alpha subfamily C, 2 /// protocadherin alpha subfamily C, 1
231754_at	4,22	1,72	0,41	PCDHGC4	protocadherin gamma subfamily C, 4
240752_at	10,10	4,78	0,47	PCGF2	Polycomb group ring finger 2
206751_s_at	5,93	1,75	0,29	PCYT1B	phosphate cytidyltransferase 1, choline, beta
220049_s_at	3,65	1,60	0,44	PDCD1LG2	programmed cell death 1 ligand 2
236234_at	6,28	1,63	0,26	PDE1A	phosphodiesterase 1A, calmodulin-dependent
211447_s_at	11,02	3,80	0,34	PDE4A	phosphodiesterase 4A, cAMP-specific (phosphodiesterase E2 dunce homolog, Drosophila)
210305_at	13,87	4,82	0,35	PDE4DIP	phosphodiesterase 4D interacting protein (myomegalin)
1562227_at	21,05	7,92	0,38	PDE5A	phosphodiesterase 5A, cGMP-specific
210304_at	11,72	5,00	0,43	PDE6B	phosphodiesterase 6B, cGMP-specific, rod, beta (congenital stationary night blindness 3, autosomal dominant)
211093_at	0,87	0,42	0,48	PDE6C	phosphodiesterase 6C, cGMP-specific, cone, alpha prime
238592_at	5,37	1,68	0,31	PDLIM3	PDZ and LIM domain 3
211680_at	6,05	2,33	0,39	PDLIM5	PDZ and LIM domain 5
203369_x_at	14,43	5,43	0,38	PDLIM7	PDZ and LIM domain 7 (enigma)
210938_at	6,67	3,13	0,47	PDX1	pancreatic and duodenal homeobox 1
237354_at	10,55	5,23	0,50	PDXDC1	pyridoxal-dependent decarboxylase domain containing 1
219642_s_at	7,05	1,33	0,19	PEX5L	peroxisomal biogenesis factor 5-like
242817_at	9,07	4,47	0,49	PGLYRP2	peptidoglycan recognition protein 2
237202_at	16,73	8,18	0,49	PGPEP1	pyroglutamyl-peptidase 1
238837_at	5,20	2,30	0,44	PHF8	PHD finger protein 8
216019_x_at	18,78	7,80	0,42	PHLDB1	pleckstrin homology-like domain, family B, member 1
237866_at	5,15	2,12	0,41	PID1	phosphotyrosine interaction domain containing 1
1569021_at	5,08	2,52	0,50	PIK3C2A	phosphoinositide-3-kinase, class 2, alpha polypeptide
1553917_at	17,62	5,63	0,32	PIP5K3	phosphatidylinositol-3-phosphate/phosphatidylinositol 5-kinase, type III
1552924_a_at	30,93	12,97	0,42	PITPNM2	phosphatidylinositol transfer protein, membrane-associated 2
216949_s_at	22,15	10,02	0,45	PKD1	polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant)
231454_at	14,57	6,90	0,47	PLAC4	placenta-specific 4

1563933_a_at	10,95	5,45	0,50	PLD5	phospholipase D family, member 5
217265_at	2,62	1,05	0,40	PLLP	plasma membrane proteolipid (plasmolipin)
204938_s_at	2,95	1,38	0,47	PLN	phospholamban
224421_x_at	12,90	5,93	0,46	PMCHL1	pro-melanin-concentrating hormone-like 1
221022_s_at	15,00	5,48	0,37	PMFBP1	polyamine modulated factor 1 binding protein 1
215192_at	4,98	1,88	0,38	PMS2L4	postmeiotic segregation increased 2-like 4
228383_at	13,30	5,93	0,45	PNPLA7	patatin-like phospholipase domain containing 7
232857_at	9,95	3,32	0,33	POLR3H	polymerase (RNA) III (DNA directed) polypeptide H (22.9kD)
207846_at	5,08	1,67	0,33	POU1F1	POU class 1 homeobox 1
244006_at	4,85	1,97	0,41	POU2F1	POU class 2 homeobox 1
242455_at	12,27	2,60	0,21	POU3F2	POU class 3 homeobox 2
216332_at	5,75	1,93	0,34	POU6F1	POU class 6 homeobox 1
208346_at	3,90	1,57	0,40	PPBPL2	pro-platelet basic protein-like 2
214978_s_at	4,38	1,63	0,37	PPFIA4	protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (liprin), alpha 4
1555444_a_at	3,25	1,03	0,32	PPP1R12B	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 12B
233985_x_at	4,17	1,87	0,45	PPP1R9A	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 9A
223574_x_at	233,93	102,32	0,44	PPP2R2C	protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit B, gamma isoform
223573_s_at	57,93	27,87	0,48	PPP2R2C	protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit B, gamma isoform
220928_s_at	9,02	2,17	0,24	PRDM16	PR domain containing 16
227824_at	9,90	4,52	0,46	PRKCB1	Protein kinase C, beta 1
1554910_at	6,70	2,67	0,40	PRKD3	protein kinase D3
235987_at	45,13	22,15	0,49	PRKXP1	protein kinase, X-linked, pseudogene 1
207465_at	5,37	1,57	0,29	PRO0628	Putative uncharacterized protein PRO0628
224083_s_at	3,12	1,42	0,45	PRO1596	PRO1596 protein
207743_at	11,92	4,77	0,40	PRO1880	PRO1880 protein
1553546_at	3,25	1,53	0,47	PRO2012	hypothetical protein PRO2012
216696_s_at	27,72	12,63	0,46	PRODH2	proline dehydrogenase (oxidase) 2
213847_at	26,17	11,13	0,43	PRPH	peripherin
227192_at	24,38	12,02	0,49	PRRT2	proline-rich transmembrane protein 2
220024_s_at	5,20	2,33	0,45	PRX	periaxin
243752_s_at	11,12	4,72	0,42	PSCD3	pleckstrin homology, Sec7 and coiled-coil domains 3
210126_at	7,65	3,28	0,43	PSG9	pregnancy specific beta-1-glycoprotein 9
232648_at	7,47	3,43	0,46	PSMA3	proteasome (prosome, macropain) subunit, alpha type, 3
240041_at	5,87	2,57	0,44	PTCHD1	patched domain containing 1
215937_at	5,00	1,63	0,33	PTGDR	prostaglandin D2 receptor (DP)
211265_at	6,80	1,57	0,23	PTGER3	prostaglandin E receptor 3 (subtype EP3)
203111_s_at	15,68	7,83	0,50	PTK2B	PTK2B protein tyrosine kinase 2 beta
240618_at	5,97	2,93	0,49	PTPRA	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, A
216249_at	21,23	9,35	0,44	PVT1	Pvt1 oncogene homolog (mouse)
239666_at	20,07	7,88	0,39	PYG02	Pygopus homolog 2 (Drosophila)
238526_at	14,70	5,50	0,37	RAB3IP	RAB3A interacting protein (rabin3)
217267_s_at	6,87	0,68	0,10	RAB7A	RAB7A, member RAS oncogene family
226286_at	21,63	8,72	0,40	RBED1	RNA binding motif and ELMO/CED-12 domain 1
238355_at	4,07	1,15	0,28	RBM39	RNA binding motif protein 39

208307_at	5,25	2,48	0,47	RBMV1A1 /// RBMV1B /// RBMV1C /// RBMV1D /// RBMV1E /// RBMV1F /// RBMV1J /// RBMV3AP	RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member A1 /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member C /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 3, member A pseudogene /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member F /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member B /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member D /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member E /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member J
227360_at	8,32	3,67	0,44	RDH13	Retinol dehydrogenase 13 (all-trans/9-cis)
207778_at	6,58	3,22	0,49	REGL	regenerating islet-derived-like, pancreatic stone protein-like, pancreatic thread protein-like (rat)
227060_at	37,07	16,05	0,43	RELT	RELT tumor necrosis factor receptor
228815_s_at	7,93	3,95	0,50	REPIN1	Replication initiator 1
1566171_at	22,33	9,58	0,43	RFFL	ring finger and FYVE-like domain containing 1
211324_s_at	8,53	4,15	0,49	RGPD5 /// RGPD6 /// RGPD7	RANBP2-like and GRIP domain containing 5 /// RANBP2-like and GRIP domain containing 7 /// RANBP2-like and GRIP domain containing 6
1559714_at	13,27	6,45	0,49	RGR	retinal G protein coupled receptor
204338_s_at	51,47	25,48	0,50	RGS4	regulator of G-protein signaling 4
1556199_a_at	8,65	3,65	0,42	RGS9BP	regulator of G protein signaling 9 binding protein
233409_at	16,18	7,47	0,46	RHBDL3	rhomboid, veinlet-like 3 (Drosophila)
238817_at	14,30	4,93	0,34	RIMBP2	RIMS binding protein 2
229782_at	3,63	1,57	0,43	RMST	rhabdomyosarcoma 2 associated transcript (non-protein coding)
217093_at	2,77	1,32	0,48	RNASE1	ribonuclease, RNase A family, 1 (pancreatic)
239704_at	19,63	9,52	0,48	RNF144B	ring finger 144B
230143_at	16,33	7,63	0,47	RNF165	ring finger protein 165
232830_at	6,57	2,70	0,41	RNF32	ring finger protein 32
220425_x_at	14,92	6,42	0,43	ROPN1 /// ROPN1B	ropporin, rhophilin associated protein 1 /// ropporin, rhophilin associated protein 1B
228806_at	40,12	8,38	0,21	RORC	RAR-related orphan receptor C
241672_at	12,28	5,75	0,47	RP11-16L6.1	hypothetical LOC400120
232332_at	12,47	5,80	0,47	RP13-347D8.3	KIAA1210 protein
1556366_s_at	1,50	0,70	0,47	RP3-398D13.1	hypothetical protein FLJ33708
243036_at	5,98	1,47	0,25	RP4-692D3.1	hypothetical protein LOC728621
241241_at	15,80	7,40	0,47	RPS14	Ribosomal protein S14
204802_at	36,57	9,42	0,26	RRAD	Ras-related associated with diabetes
204803_s_at	63,95	28,47	0,45	RRAD	Ras-related associated with diabetes
217411_s_at	7,67	3,53	0,46	RREB1	ras responsive element binding protein 1
233071_at	6,23	2,85	0,46	RSHL3	radial spokehead-like 3
215618_at	6,15	2,93	0,48	RSU1	Ras suppressor protein 1
230700_at	40,75	18,75	0,46	RTN4RL1	reticulon 4 receptor-like 1
1554133_at	3,03	1,32	0,43	RUFY2	RUN and FYVE domain containing 2
232170_at	587,40	99,50	0,17	S100A7A	S100 calcium binding protein A7A
1554876_a_at	9,33	4,55	0,49	S100Z	S100 calcium binding protein Z
221417_x_at	4,42	2,02	0,46	S1PR5	sphingosine-1-phosphate receptor 5
228276_at	13,02	5,77	0,44	SAMD1	Sterile alpha motif domain containing 1
242626_at	24,58	11,37	0,46	SAMD5	sterile alpha motif domain containing 5
205725_at	4,95	2,30	0,46	SCGB1A1	secretoglobin, family 1A, member 1 (uteroglobin)
207910_at	5,57	2,28	0,41	SCGB1D1	secretoglobin, family 1D, member 1
210364_at	12,13	4,60	0,38	SCN2B	sodium channel, voltage-gated, type II, beta
210382_at	13,45	5,53	0,41	SCTR	secretin receptor
219499_at	21,12	9,87	0,47	SEC61A2	Sec61 alpha 2 subunit (S. cerevisiae)

233267_at	8,48	2,57	0,30	SELENBP1	Selenium binding protein 1
209880_s_at	13,75	5,97	0,43	SELPLG	selectin P ligand
210348_at	14,88	6,67	0,45	sep4	septin 4
230318_at	13,42	5,25	0,39	SERPINA1	Serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antitrypsin, antitrypsin), member 1
202376_at	55,55	10,05	0,18	SERPINA3	serpin peptidase inhibitor, clade A (alpha-1 antitrypsin, antitrypsin), member 3
206421_s_at	163,40	71,37	0,44	SERPINB7	serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 7
210632_s_at	3,68	1,58	0,43	SGCA	sarcoglycan, alpha (50kDa dystrophin-associated glycoprotein)
230287_at	14,07	6,93	0,49	SGSM1	small G protein signaling modulator 1
235238_at	7,47	3,27	0,44	SHC4	SHC (Src homology 2 domain containing) family, member 4
231701_s_at	20,53	7,75	0,38	SHMT1	Serine hydroxymethyltransferase 1 (soluble)
1554354_at	4,93	1,93	0,39	SIAE	sialic acid acetyltransferase
216537_s_at	13,62	5,57	0,41	SIGLEC7	sialic acid binding Ig-like lectin 7
220503_at	2,97	1,28	0,43	SLC13A1	solute carrier family 13 (sodium/sulfate symporters), member 1
239805_at	9,60	4,02	0,42	SLC13A2	solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 2
228844_at	72,78	35,90	0,49	SLC13A5	solute carrier family 13 (sodium-dependent citrate transporter), member 5
1554592_a_at	3,88	1,68	0,43	SLC1A6	solute carrier family 1 (high affinity aspartate/glutamate transporter), member 6
220100_at	4,07	1,87	0,46	SLC22A11	solute carrier family 22 (organic anion/urate transporter), member 11
210420_at	16,38	6,32	0,39	SLC24A1	solute carrier family 24 (sodium/potassium/calcium exchanger), member 1
231787_at	6,77	2,93	0,43	SLC25A27	solute carrier family 25, member 27
238171_at	7,07	2,88	0,41	SLC25A30	solute carrier family 25, member 30
232245_at	5,38	2,50	0,46	SLC25A34	solute carrier family 25, member 34
206529_x_at	12,33	5,73	0,46	SLC26A4	solute carrier family 26, member 4
239006_at	6,18	2,77	0,45	SLC26A7	solute carrier family 26, member 7
231187_at	5,73	1,85	0,32	SLC28A1	solute carrier family 28 (sodium-coupled nucleoside transporter), member 1
220435_at	8,35	3,37	0,40	SLC30A10	solute carrier family 30, member 10
231341_at	4,55	2,17	0,48	SLC35D3	solute carrier family 35, member D3
241078_at	4,52	2,25	0,50	SLC35E4	Solute carrier family 35, member E4
207603_at	2,97	1,42	0,48	SLC4A7	solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 7
233183_at	1,58	0,68	0,43	SLC4A9	solute carrier family 4, sodium bicarbonate cotransporter, member 9
1554728_at	3,78	1,42	0,37	SLC9A1	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 1 (antiporter, Na ⁺ /H ⁺ , amiloride sensitive)
220650_s_at	11,70	5,55	0,47	SLC9A5	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 5
203472_s_at	11,87	1,87	0,16	SLC02B1	solute carrier organic anion transporter family, member 2B1
1555677_s_at	13,43	6,50	0,48	SMC1A	structural maintenance of chromosomes 1A
229730_at	6,02	1,98	0,33	SMTNL2	smoothelin-like 2
232547_at	5,83	2,00	0,34	SNIP	SNAP25-interacting protein
229045_at	6,68	2,72	0,41	SNX20	sorting nexin 20
227311_at	11,50	3,85	0,33	SNX25	sorting nexin 25
233766_at	5,57	2,05	0,37	SOBP	Sine oculis binding protein homolog (Drosophila)
1570153_at	11,87	4,70	0,40	SOHLH2	spermatogenesis and oogenesis specific basic helix-loop-helix 2
217575_s_at	4,45	1,82	0,41	SOS2	son of sevenless homolog 2 (Drosophila)
223869_at	48,28	22,05	0,46	SOST	sclerosteosis
204915_s_at	3,88	1,93	0,50	SOX11	SRY (sex determining region Y)-box 11
207678_s_at	11,33	3,28	0,29	SOX30	SRY (sex determining region Y)-box 30
1553579_a_at	8,77	3,15	0,36	SPAG11B	sperm associated antigen 11B

220217_x_at	12,58	5,18	0,41	SPANXC	SPANX family, member C
1559747_at	20,08	6,25	0,31	SPG11	spastic paraplegia 11 (autosomal recessive)
209857_s_at	6,45	3,20	0,50	SPHK2	sphingosine kinase 2
206433_s_at	6,77	2,53	0,37	SPOCK3	sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 3
1568574_x_at	3,13	1,43	0,46	SPP1	Secreted phosphoprotein 1 (osteopontin, bone sialoprotein I, early T-lymphocyte activation 1)
217252_at	5,37	2,48	0,46	SQSTM1	sequestosome 1
1555423_at	9,28	4,50	0,48	SSH2	slingshot homolog 2 (Drosophila)
1555425_x_at	8,23	4,03	0,49	SSH2	slingshot homolog 2 (Drosophila)
214555_at	8,93	3,30	0,37	SSTR5	somatostatin receptor 5
206627_s_at	4,73	2,35	0,50	SSX1	synovial sarcoma, X breakpoint 1
207666_x_at	11,28	4,13	0,37	SSX3	synovial sarcoma, X breakpoint 3
208586_s_at	8,77	4,20	0,48	SSX4 /// SSX4B	synovial sarcoma, X breakpoint 4 /// synovial sarcoma, X breakpoint 4B
228784_at	6,15	2,15	0,35	ST3GAL2	ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 2
1555086_at	8,62	2,43	0,28	STAT5B	signal transducer and activator of transcription 5B
227634_at	29,48	11,75	0,40	STK32C	serine/threonine kinase 32C
1563496_at	9,10	3,08	0,34	STL	Six-twelve leukemia gene
203000_at	13,85	4,85	0,35	STMN2	stathmin-like 2
203001_s_at	17,33	8,28	0,48	STMN2	stathmin-like 2
1569334_at	5,97	2,87	0,48	STRA6	stimulated by retinoic acid gene 6 homolog (mouse)
1554329_x_at	6,97	2,58	0,37	STXBP4	syntaxin binding protein 4
206293_at	2,28	1,03	0,45	SULT2A1	sulfotransferase family, cytosolic, 2A, dehydroepiandrosterone (DHEA)-preferring, member 1
214954_at	8,15	3,07	0,38	SUSD5	sushi domain containing 5
1566191_at	12,55	5,48	0,44	SUZ12	Suppressor of zeste 12 homolog (Drosophila)
219552_at	8,08	3,22	0,40	SVEP1	sushi, von Willebrand factor type A, EGF and pentraxin domain containing 1
241861_at	2,23	1,05	0,47	SYCP3	Synaptonemal complex protein 3
1559979_at	12,37	4,95	0,40	SYF2	SYF2 homolog, RNA splicing factor (S. cerevisiae)
202339_at	25,22	11,88	0,47	SYMPK	symplekin
206322_at	12,32	3,62	0,29	SYN3	synapsin III
1553654_at	8,40	4,13	0,49	SYT14	synaptotagmin XIV
223901_at	8,92	4,30	0,48	SYT3	synaptotagmin III
236864_at	3,95	1,78	0,45	SYTL3	synaptotagmin-like 3
231759_at	9,40	4,45	0,47	TAL2	T-cell acute lymphocytic leukemia 2
208425_s_at	17,93	8,90	0,50	TANC2	tetratricopeptide repeat, ankyrin repeat and coiled-coil containing 2
229191_at	7,78	3,50	0,45	TBCD	tubulin folding cofactor D
213401_s_at	25,85	12,83	0,50	TBL1X	Transducin (beta)-like 1X-linked
243234_at	6,58	1,20	0,18	TBX3	T-box 3 (ulnar mammary syndrome)
213780_at	16,20	8,07	0,50	TCHH	trichohyalin
207503_at	10,88	5,10	0,47	TCP10	t-complex 10 homolog (mouse)
243766_s_at	8,43	3,53	0,42	TEAD2	TEA domain family member 2
1555540_at	5,95	2,57	0,43	TGFB3	transforming growth factor, beta 3
1566888_at	3,88	1,17	0,30	THADA	Thyroid adenoma associated
1554492_at	1,77	0,87	0,49	THADA	thyroid adenoma associated
211155_s_at	9,00	4,07	0,45	THPO	thrombopoietin (myeloproliferative leukemia virus oncogene ligand, megakaryocyte growth and development factor)
234323_at	5,80	2,38	0,41	THSD4	Thrombospondin, type I, domain containing 4

233349_at	10,23	3,98	0,39	TLK2	tousled-like kinase 2
1555071_at	14,25	6,07	0,43	TLL1	tolloid-like 1
220639_at	8,62	2,67	0,31	TM4SF20	transmembrane 4 L six family member 20
1564591_a_at	4,88	2,42	0,49	TMC1	transmembrane channel-like 1
240303_at	30,85	15,28	0,50	TMC5	Transmembrane channel-like 5
232313_at	7,85	3,13	0,40	TMEM132C	transmembrane protein 132C
219589_s_at	12,42	3,42	0,28	TMEM143	transmembrane protein 143
228981_at	13,90	6,48	0,47	TMEM169	transmembrane protein 169
231569_at	11,20	5,45	0,49	TMEM31	transmembrane protein 31
1569411_at	5,48	1,60	0,29	TMEM67	transmembrane protein 67
218368_s_at	224,42	105,17	0,47	TNFRSF12A	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 12A
216439_at	11,93	5,08	0,43	TNK2	tyrosine kinase, non-receptor, 2
213201_s_at	32,07	16,00	0,50	TNNT1	troponin T type 1 (skeletal, slow)
1558238_at	4,33	1,87	0,43	TNRC18	trinucleotide repeat containing 18
215045_at	7,02	3,02	0,43	TNRC4	trinucleotide repeat containing 4
1569098_s_at	7,10	2,78	0,39	TP53BP1	tumor protein p53 binding protein 1
1569097_at	3,30	1,62	0,49	TP53BP1	tumor protein p53 binding protein 1
240051_at	5,43	2,27	0,42	TPD52L3	tumor protein D52-like 3
1559989_at	11,80	3,88	0,33	TPM4	Tropomyosin 4
234849_at	2,43	0,58	0,24	TRA@	T cell receptor alpha locus
234427_at	4,38	1,95	0,44	TRA@	YME1-like 1 (S. cerevisiae)
1569861_at	9,33	3,92	0,42	TRAF5	TNF receptor-associated factor 5
232121_at	5,22	2,03	0,39	TRDMT1	tRNA aspartic acid methyltransferase 1
222287_at	3,43	0,92	0,27	TRDN	triadin
1557446_x_at	7,40	3,27	0,44	TREML3	triggering receptor expressed on myeloid cells-like 3
235641_at	4,58	1,82	0,40	TRIB1	Tribbles homolog 1 (Drosophila)
1553620_at	2,78	1,35	0,49	TRIM42	tripartite motif-containing 42
215047_at	20,58	9,92	0,48	TRIM58	tripartite motif-containing 58
1557677_a_at	4,25	1,83	0,43	TRIML1	tripartite motif family-like 1
216700_at	8,87	3,98	0,45	TRIO	Triple functional domain (PTPRF interacting)
220552_at	6,83	3,10	0,45	TRPC5	transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 5
237069_s_at	8,68	4,18	0,48	TRPM1	transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 1
215624_at	9,43	4,22	0,45	TSC2	tuberous sclerosis 2
220545_s_at	13,25	6,57	0,50	TSKS	testis-specific kinase substrate
242180_at	6,07	2,28	0,38	TSPAN16	tetraspanin 16
233236_at	8,92	3,48	0,39	TSPAN16	tetraspanin 16
231339_at	4,38	2,10	0,48	TSPYL6	TSPY-like 6
211694_at	4,73	1,82	0,38	TSSK1A /// TSSK1B	testis-specific serine kinase 1A pseudogene /// testis-specific serine kinase 1B
229170_s_at	13,53	5,93	0,44	TTC18	tetratricopeptide repeat domain 18
1556665_at	8,92	4,38	0,49	TTC6	tetratricopeptide repeat domain 6
1555307_at	7,92	1,67	0,21	TTF2	transcription termination factor, RNA polymerase II
1552418_at	5,53	2,63	0,48	TTL10	tubulin tyrosine ligase-like family, member 10
244199_at	3,37	1,42	0,42	TWF1	Twinfilin, actin-binding protein, homolog 1 (Drosophila)
228359_at	9,90	4,07	0,41	UBASH3B	ubiquitin associated and SH3 domain containing, B

234163_at	5,92	2,17	0,37	UBE3A	Ubiquitin protein ligase E3A (human papilloma virus E6-associated protein, Angelman syndrome)
212278_x_at	8,95	3,90	0,44	UBE3A	ubiquitin protein ligase E3A (human papilloma virus E6-associated protein, Angelman syndrome)
215636_at	8,52	3,87	0,45	UBR4	ubiquitin protein ligase E3 component n-recogin 4
233945_at	6,77	1,90	0,28	UGCGL2	UDP-glucose ceramide glucosyltransferase-like 2
219948_x_at	4,30	1,72	0,40	UGT2A3	UDP glucuronosyltransferase 2 family, polypeptide A3
206505_at	1,77	0,53	0,30	UGT2B4	UDP glucuronosyltransferase 2 family, polypeptide B4
1553183_at	3,75	1,53	0,41	UMODL1	uromodulin-like 1
228352_at	9,27	3,73	0,40	UNC13D	unc-13 homolog D (C. elegans)
224532_at	10,43	3,55	0,34	USP26	ubiquitin specific peptidase 26
216775_at	5,30	2,08	0,39	USP53	ubiquitin specific peptidase 53
219740_at	4,32	1,73	0,40	VASH2	vasohibin 2
244400_at	11,32	2,83	0,25	VPS33A	vacuolar protein sorting 33 homolog A (S. cerevisiae)
235818_at	4,42	1,05	0,24	VSTM1	V-set and transmembrane domain containing 1
236308_at	9,17	3,20	0,35	VSTM2A	V-set and transmembrane domain containing 2A
224075_s_at	3,42	1,65	0,48	VSX1	visual system homeobox 1
1561200_at	5,30	2,40	0,45	VWA3B	von Willebrand factor A domain containing 3B
244109_at	2,60	1,15	0,44	WDR38	WD repeat domain 38
230193_at	148,00	59,63	0,40	WDR66	WD repeat domain 66
218278_at	124,07	56,55	0,46	WDR74	WD repeat domain 74
1553081_at	295,40	143,33	0,49	WFDC12	WAP four-disulfide core domain 12
1554157_a_at	17,80	6,78	0,38	WFDC8	WAP four-disulfide core domain 8
224077_at	3,48	1,42	0,41	WHSC1L1	Wolf-Hirschhorn syndrome candidate 1-like 1
211312_s_at	9,42	3,10	0,33	WISP1	WNT1 inducible signaling pathway protein 1
210248_at	14,52	5,60	0,39	WNT7A	wingless-type MMTV integration site family, member 7A
237238_at	12,13	5,87	0,48	WWC1	WW and C2 domain containing 1
220057_at	5,42	2,70	0,50	XAGE1 /// XAGE1B /// XAGE1C /// XAGE1D /// XAGE1E	X antigen family, member 1D /// X antigen family, member 1C /// X antigen family, member 1E /// X antigen family, member 1 /// X antigen family, member 1B
220118_at	5,88	2,27	0,39	ZBTB32	zinc finger and BTB domain containing 32
234455_at	4,70	2,12	0,45	ZFP1	zinc finger protein 1 homolog (mouse)
207757_at	14,05	6,97	0,50	ZFP2	zinc finger protein 2 homolog (mouse)
1558184_s_at	19,60	8,52	0,43	ZNF17	zinc finger protein 17
222864_s_at	12,43	5,02	0,40	ZNF219	zinc finger protein 219
233848_x_at	8,05	3,43	0,43	ZNF221	zinc finger protein 221
1562991_at	7,90	3,17	0,40	ZNF292	zinc finger protein 292
205182_s_at	12,40	4,37	0,35	ZNF324	zinc finger protein 324
236406_at	10,75	4,72	0,44	ZNF324B	Zinc finger protein 324B
222059_at	4,28	1,80	0,42	ZNF335	zinc finger protein 335
233169_at	7,17	3,48	0,49	ZNF350	zinc finger protein 350
1555166_a_at	8,87	4,32	0,49	ZNF396	zinc finger protein 396
232228_at	11,03	4,95	0,45	ZNF530	zinc finger protein 530
238454_at	14,33	6,25	0,44	ZNF540	zinc finger protein 540
240429_at	10,80	4,63	0,43	ZNF546	zinc finger protein 546
1553911_at	8,32	3,13	0,38	ZNF663	zinc finger protein 663
1559980_at	7,92	2,57	0,32	ZNF7	zinc finger protein 7

234914_at	5,52	2,68	0,49	ZNF7	Zinc finger protein 7
1564022_at	5,98	2,93	0,49	ZNF804B	zinc finger protein 804B
234115_s_at	4,47	1,58	0,35	ZNRD1	zinc ribbon domain containing 1
207933_at	4,40	1,52	0,34	ZP2	zona pellucida glycoprotein 2 (sperm receptor)
231442_at	4,57	1,85	0,41	ZPBP2	zona pellucida binding protein 2
1568884_at	4,45	1,15	0,26	ZRF1	zuotin related factor 1
241796_x_at	4,00	0,37	0,09	---	---
1556889_s_at	5,67	0,62	0,11	---	CDNA FLJ37963 fis, clone CTONG2009689
234623_x_at	2,78	0,33	0,12	---	Metastasis related protein (MB2)
1561657_at	4,50	0,60	0,13	---	Full length insert cDNA clone YZ55H04
243381_at	6,15	0,87	0,14	---	---
1558871_at	10,68	1,65	0,15	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4105785, mRNA
1554963_at	11,13	1,77	0,16	---	CDNA clone IMAGE:5310797
1556147_at	12,45	2,10	0,17	---	CDNA clone IMAGE:5274427
234523_at	4,98	0,88	0,18	---	Interleukin-1 type I receptor mRNA, partial sequence
237374_at	3,53	0,63	0,18	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_857309.1 PREDICTED: similar to poly(rC) binding protein 2 isoform 3 [Canis familiaris]
237468_at	10,53	1,92	0,18	---	Transcribed locus
241264_at	3,18	0,58	0,18	---	Transcribed locus
1555221_at	7,45	1,42	0,19	---	---
1563116_at	6,12	1,17	0,19	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5166470, mRNA
233154_at	6,80	1,32	0,19	---	CDNA FLJ12135 fis, clone MAMMA1000307
241502_x_at	6,47	1,28	0,20	---	Transcribed locus
1562480_at	1,83	0,37	0,20	---	CDNA clone IMAGE:5269961
231679_at	6,08	1,22	0,20	---	Transcribed locus
1569959_at	9,63	1,93	0,20	---	Transcribed locus
1555601_at	4,30	0,87	0,20	---	---
1563771_a_at	7,57	1,53	0,20	---	MRNA; cDNA DKFZp434K0610 (from clone DKFZp434K0610)
235575_at	7,08	1,45	0,20	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001175065.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
234448_at	7,45	1,53	0,21	---	MRNA; cDNA DKFZp434F1872 (from clone DKFZp434F1872)
235172_at	8,32	1,78	0,21	---	Transcribed locus
233457_at	5,07	1,12	0,22	---	MRNA,partial cDNA sequence from cDNA selection, DCR1-17.0,
236903_at	10,27	2,28	0,22	---	Transcribed locus
233875_at	5,28	1,20	0,23	---	Clone IMAGE:121736 mRNA sequence
1563188_at	11,63	2,68	0,23	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5168481, mRNA
242296_x_at	5,92	1,37	0,23	---	Transcribed locus
207756_at	4,07	0,95	0,23	---	--
1557623_at	9,80	2,30	0,23	---	CDNA clone IMAGE:4793159
230953_at	7,33	1,73	0,24	---	CDNA clone IMAGE:4824446
1564128_at	2,82	0,67	0,24	---	CDNA FLJ33482 fis, clone BRAMY2002862, weakly similar to NICOTINATE-NUCLEOTIDE PYROPHOSPHORYLASE(EC 2.4.2.19)
237668_at	7,65	1,82	0,24	---	Transcribed locus
1566787_at	4,62	1,10	0,24	---	CDNA clone IMAGE:4796529
1560581_at	3,20	0,77	0,24	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5741868, mRNA
216124_at	8,05	1,93	0,24	---	CDNA FLJ14096 fis, clone MAMMA1000752
238236_at	5,40	1,30	0,24	---	Transcribed locus

240578_at	5,80	1,40	0,24	---	---
236843_at	7,97	1,95	0,24	---	Transcribed locus
1568871_at	3,60	0,88	0,25	---	---
1558372_at	2,48	0,62	0,25	---	CDNA FLJ34038 fis, clone FCBBF2005645
1566505_at	5,03	1,27	0,25	---	CDNA FLJ34475 fis, clone HLUNG2003716, moderately similar to RETROVIRUS-RELATED ENV POLYPROTEIN
230818_at	9,40	2,37	0,25	---	Transcribed locus
244203_at	4,58	1,17	0,25	---	Transcribed locus
1566169_at	4,30	1,10	0,26	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001166974.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
1568787_at	6,10	1,57	0,26	---	CDNA clone IMAGE:5552108
1560111_at	3,55	0,92	0,26	---	Transcribed locus, moderately similar to NP_005429.1 FOS-like antigen 1 [Homo sapiens]
238294_at	7,15	1,87	0,26	---	Transcribed locus
244260_at	4,02	1,05	0,26	---	Transcribed locus
1568888_at	2,92	0,77	0,26	---	CDNA clone IMAGE:4837134
234595_at	8,47	2,25	0,27	---	CATX-1
231652_at	17,03	4,57	0,27	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5744200, mRNA
1565897_at	4,27	1,15	0,27	---	CDNA clone IMAGE:5266332
241974_at	12,73	3,43	0,27	---	Transcribed locus
211781_x_at	120,22	32,82	0,27	---	---
1561437_at	5,60	1,53	0,27	---	CDNA clone IMAGE:5294936
1568902_at	8,88	2,45	0,28	---	Transcribed locus
234228_at	7,47	2,07	0,28	---	CDNA: FLJ20905 fis, clone ADSE00244
241549_at	4,60	1,28	0,28	---	CDNA FLJ12293 fis, clone MAMMA1001815
234247_at	7,98	2,23	0,28	---	MRNA; cDNA DKFZp761D1723 (from clone DKFZp761D1723)
1559685_at	3,42	0,97	0,28	---	CDNA clone IMAGE:5271474
1561362_at	4,30	1,22	0,28	---	CDNA FLJ36285 fis, clone THYMU2003470
238305_at	3,13	0,90	0,29	---	Transcribed locus
1559450_at	7,00	2,02	0,29	---	CDNA clone IMAGE:5286225
1555519_at	5,43	1,57	0,29	---	---
1563681_at	3,50	1,02	0,29	---	CDNA clone IMAGE:5265658
1561287_at	4,58	1,33	0,29	---	CDNA clone IMAGE:4830552
1557424_at	2,90	0,85	0,29	---	CDNA clone IMAGE:5277114
234105_at	6,33	1,87	0,29	---	CDNA FLJ11473 fis, clone HEMBA1001712
241232_x_at	7,45	2,20	0,30	---	---
230895_at	5,80	1,72	0,30	---	Transcribed locus
1556783_a_at	4,33	1,28	0,30	---	Full length insert cDNA clone YY49D02
1556504_at	5,23	1,55	0,30	---	CDNA clone IMAGE:4793072
244156_at	9,95	2,95	0,30	---	Transcribed locus
231655_x_at	2,13	0,63	0,30	---	---
1556445_at	14,92	4,43	0,30	---	CDNA FLJ37605 fis, clone BRCCO2010510
1563190_at	7,55	2,25	0,30	---	CDNA clone IMAGE:4828264
234492_at	11,23	3,35	0,30	---	CDNA FLJ11818 fis, clone HEMBA1006424
231494_at	10,95	3,28	0,30	---	Transcribed locus
241676_x_at	3,22	0,97	0,30	---	---
240352_at	6,85	2,07	0,30	---	Transcribed locus

222246_at	5,07	1,53	0,30	---	Clone HQ0290
237489_at	4,57	1,38	0,30	---	---
243200_at	4,12	1,25	0,30	---	Transcribed locus
1570213_at	6,35	1,93	0,30	---	CDNA clone IMAGE:4800022
1555727_at	6,62	2,02	0,30	---	---
1569947_at	4,73	1,45	0,31	---	Transcribed locus
1569809_at	4,40	1,35	0,31	---	CDNA clone IMAGE:5284314
1561575_at	3,83	1,18	0,31	---	CDNA FLJ40163 fis, clone TESTI2015830
242231_at	13,92	4,30	0,31	---	Transcribed locus
233847_x_at	2,10	0,65	0,31	---	Uncharacterized gastric protein ZA31P
1568589_at	6,57	2,03	0,31	---	Transcribed locus
231063_at	6,20	1,93	0,31	---	Transcribed locus
237941_at	7,35	2,30	0,31	---	Transcribed locus
215924_at	6,30	1,98	0,31	---	CDNA FLJ12040 fis, clone HEMBB1001944
1566637_at	9,90	3,12	0,31	---	MRNA; cDNA DKFZp761H2217 (from clone DKFZp761H2217)
239573_at	3,22	1,02	0,32	---	Transcribed locus
1563110_at	2,32	0,73	0,32	---	CDNA clone IMAGE:5311320
232477_at	4,62	1,47	0,32	---	---
1562820_at	3,23	1,03	0,32	---	CDNA clone IMAGE:5299118
233497_at	7,48	2,40	0,32	---	Clone IMAGE:116415, mRNA sequence
237135_at	8,00	2,57	0,32	---	---
244244_at	10,23	3,28	0,32	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_660316.1 CD300 molecule-like family member g [Homo sapiens]
1557520_a_at	8,52	2,73	0,32	---	Full length insert cDNA clone ZD64G08
238302_at	3,88	1,25	0,32	---	---
234172_at	6,00	1,93	0,32	---	CDNA: FLJ23200 fis, clone KAIA38871
1556003_a_at	9,77	3,15	0,32	---	Transcribed locus
1567860_at	5,27	1,70	0,32	---	B1-1 mRNA
1569785_at	6,35	2,05	0,32	---	CDNA clone IMAGE:5287047
216068_at	7,95	2,57	0,32	---	MRNA; cDNA DKFZp434N021 (from clone DKFZp434N021)
241577_at	9,23	2,98	0,32	---	---
233090_at	14,73	4,77	0,32	---	CDNA FLJ11419 fis, clone HEMBA1000985
1560769_at	7,67	2,48	0,32	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4153763, mRNA
1569885_at	7,10	2,30	0,32	---	CDNA clone IMAGE:5284861
1558968_at	8,18	2,67	0,33	---	CDNA FLJ37623 fis, clone BRCOC2014013
233269_at	11,22	3,68	0,33	---	CDNA FLJ20078 fis, clone COL02974
1566106_at	6,78	2,23	0,33	---	CDNA FLJ33958 fis, clone CTONG2018735
235445_at	7,23	2,38	0,33	---	Prostate-specific P712P mRNA sequence
1560095_s_at	13,25	4,37	0,33	---	CDNA FLJ34740 fis, clone MESAN2008729
234579_at	5,15	1,70	0,33	---	MRNA; cDNA DKFZp434E1812 (from clone DKFZp434E1812)
242262_x_at	5,75	1,90	0,33	---	CDNA clone IMAGE:5272066
1564236_at	6,30	2,08	0,33	---	CDNA FLJ20771 fis, clone COL06394
241586_at	6,45	2,13	0,33	---	---
231979_at	5,23	1,73	0,33	---	CDNA FLJ13266 fis, clone OVARC1000960
243348_at	3,67	1,22	0,33	---	---

1563950_at	9,72	3,23	0,33	---	MRNA; cDNA DKFZp56610146 (from clone DKFZp56610146)
1560929_at	3,05	1,02	0,33	---	Full length insert cDNA clone YR85E06
1561608_at	13,60	4,53	0,33	---	CDNA clone IMAGE:4826598
232917_at	8,30	2,77	0,33	---	CDNA FLJ11406 fis, clone HEMBA1000773
242909_at	4,43	1,48	0,33	---	Transcribed locus
231451_s_at	7,58	2,55	0,34	---	Transcribed locus
239326_at	5,47	1,85	0,34	---	Transcribed locus
240101_at	3,72	1,27	0,34	---	CDNA FLJ41683 fis, clone HCASM2005484
1560842_a_at	8,68	2,97	0,34	---	CDNA FLJ35846 fis, clone TESTI2006877
230798_at	13,82	4,73	0,34	---	---
241636_x_at	9,27	3,18	0,34	---	Transcribed locus
240472_at	8,00	2,75	0,34	---	Transcribed locus
1559255_a_at	10,17	3,50	0,34	---	Full length insert cDNA clone YW26C09
1561593_at	5,52	1,90	0,34	---	CDNA clone IMAGE:5266053
241085_at	6,33	2,18	0,34	---	CDNA FLJ42607 fis, clone BRACE3012806, weakly similar to Homo sapiens adrenergic, alpha-1A-, receptor (ADRA1A)
1564964_at	4,15	1,43	0,35	---	MRNA; cDNA DKFZp761M2323 (from clone DKFZp761M2323)
1569755_at	6,85	2,37	0,35	---	CDNA clone IMAGE:5263003
240943_at	19,08	6,60	0,35	---	Transcribed locus
1560832_at	9,57	3,32	0,35	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4063532, mRNA
241673_x_at	4,13	1,43	0,35	---	---
1567663_at	2,07	0,72	0,35	---	Trapped 3' terminal exon, clone B2E7
1561364_at	12,73	4,42	0,35	---	CDNA clone IMAGE:4797817
213841_at	7,85	2,73	0,35	---	MRNA, chromosome 1 specific transcript KIAA0510
244106_at	8,88	3,10	0,35	---	---
240109_at	10,65	3,72	0,35	---	Transcribed locus
216569_at	11,15	3,90	0,35	---	---
239280_at	10,13	3,55	0,35	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001140852.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
231555_at	3,57	1,25	0,35	---	Transcribed locus
1565860_at	5,18	1,82	0,35	---	Full length insert cDNA clone YP87H12
237526_at	5,08	1,78	0,35	---	---
1564795_at	2,85	1,00	0,35	---	CDNA: FLJ20858 fis, clone ADKA01561
1565890_at	6,60	2,32	0,35	---	CDNA FLJ38339 fis, clone FCBBF3027863
236315_at	8,17	2,87	0,35	---	Transcribed locus
234183_at	8,30	2,92	0,35	---	CDNA: FLJ23069 fis, clone LNG05603
217429_at	12,12	4,27	0,35	---	MRNA; cDNA DKFZp564A216 (from clone DKFZp564A216)
221625_at	6,72	2,37	0,35	---	CDNA FLJ46609 fis, clone TKIDN2010200
1562800_at	3,63	1,28	0,35	---	CDNA clone IMAGE:5285939
216406_at	7,70	2,73	0,35	---	---
1562447_a_at	10,52	3,73	0,35	---	CDNA clone IMAGE:5295490 /// CDNA FLJ38930 fis, clone NT2NE2013081
237637_at	10,42	3,70	0,36	---	Transcribed locus
241279_at	12,08	4,32	0,36	---	---
237390_at	5,27	1,88	0,36	---	Transcribed locus
240225_at	16,92	6,05	0,36	---	CDNA FLJ35959 fis, clone TESTI2012444
244204_at	7,03	2,52	0,36	---	---

242659_at	3,58	1,28	0,36	---	Transcribed locus
239610_at	4,88	1,75	0,36	---	Transcribed locus
232747_at	4,18	1,50	0,36	---	CDNA FLJ12348 fis, clone MAMMA1002299
231379_at	12,17	4,38	0,36	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001102200.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
1567706_at	4,53	1,63	0,36	---	Clone TUB2 Cri-du-chat region mRNA
1569756_at	3,88	1,40	0,36	---	CDNA clone IMAGE:4838146
244854_at	8,90	3,22	0,36	---	---
242955_x_at	3,32	1,20	0,36	---	Transcribed locus
1562112_at	7,13	2,58	0,36	---	CDNA clone IMAGE:5285293
237903_at	6,17	2,23	0,36	---	Transcribed locus
1561600_at	5,38	1,95	0,36	---	MRNA; cDNA DKFZp586O2224 (from clone DKFZp586O2224)
1563487_at	6,38	2,32	0,36	---	Transcribed locus
236639_at	3,17	1,15	0,36	---	Transcribed locus
1560483_at	5,50	2,00	0,36	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4724520, mRNA
1563396_x_at	2,38	0,87	0,36	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4281761, mRNA
241088_at	2,57	0,93	0,36	---	Transcribed locus
1564580_at	7,10	2,58	0,36	---	MRNA; cDNA DKFZp566H153 (from clone DKFZp566H153)
244125_at	7,77	2,83	0,36	---	Transcribed locus
1563386_at	11,23	4,10	0,36	---	MRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 1204612
1558595_at	7,53	2,75	0,37	---	CDNA FLJ35707 fis, clone SPLEN2020427
1556161_a_at	21,15	7,73	0,37	---	Full length insert cDNA clone ZD49G09
240833_at	11,42	4,18	0,37	---	---
1564169_at	6,18	2,27	0,37	---	CDNA FLJ40266 fis, clone TESTI2026461
234279_at	11,02	4,05	0,37	---	---
1560383_at	1,77	0,65	0,37	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5761701, mRNA
216456_at	6,92	2,55	0,37	---	MRNA; cDNA DKFZp761L0812 (from clone DKFZp761L0812); partial cds
205703_at	6,00	2,22	0,37	---	---
237074_at	3,83	1,42	0,37	---	CDNA clone IMAGE:4836780
208043_at	7,35	2,72	0,37	---	---
1563277_at	5,67	2,10	0,37	---	Full length insert cDNA YQ02E12
220837_at	1,75	0,65	0,37	---	---
1564510_at	4,22	1,57	0,37	---	Transcribed locus
241191_at	3,63	1,35	0,37	---	---
1562611_at	5,68	2,12	0,37	---	---
1565760_at	3,40	1,27	0,37	---	CDNA FLJ23653 fis, clone COL10079
1563040_s_at	2,68	1,00	0,37	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5170410, mRNA
1561161_at	5,58	2,08	0,37	---	Full length insert cDNA clone ZD94A05
236089_at	27,25	10,18	0,37	---	Transcribed locus
1569406_at	6,15	2,30	0,37	---	CDNA clone IMAGE:5300502
237315_at	5,17	1,93	0,37	---	Transcribed locus
1557617_at	8,40	3,15	0,38	---	CDNA clone IMAGE:4797324
217651_at	18,75	7,05	0,38	---	Transcribed locus
1560987_a_at	3,63	1,37	0,38	---	Full length insert cDNA clone ZE03A06
238950_at	6,88	2,60	0,38	---	Transcribed locus

1560798_at	4,98	1,88	0,38	---	CDNA FLJ14121 fis, clone MAMMA1002009
215586_at	9,12	3,45	0,38	---	CDNA FLJ14111 fis, clone MAMMA1001630
244437_at	14,80	5,62	0,38	---	Transcribed locus
1556794_at	28,27	10,73	0,38	---	CDNA FLJ33615 fis, clone BRAMY2018396
1556454_a_at	4,78	1,82	0,38	---	CDNA FLJ35971 fis, clone TESTI2013257
1561732_at	7,32	2,78	0,38	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5547271, mRNA
1569407_at	3,28	1,25	0,38	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001726594.1 PREDICTED: hypothetical protein [Homo sapiens]
243317_at	4,07	1,55	0,38	---	CDNA FLJ33492 fis, clone BRAMY2003681
234552_at	39,08	14,92	0,38	---	CDNA FLJ20083 fis, clone COL03440
241597_at	7,33	2,80	0,38	---	---
241184_x_at	7,67	2,93	0,38	---	Transcribed locus
1566893_at	5,70	2,18	0,38	---	MRNA; cDNA DKFZp667B1113 (from clone DKFZp667B1113)
1556542_a_at	16,62	6,37	0,38	---	Full length insert cDNA clone YZ60H05
231645_s_at	5,35	2,05	0,38	---	---
239639_at	5,52	2,12	0,38	---	Transcribed locus
1570300_at	6,95	2,67	0,38	---	CDNA clone IMAGE:5286779
1556133_s_at	2,17	0,83	0,38	---	CDNA clone IMAGE:5295247
1566115_at	5,15	1,98	0,39	---	Transcribed locus
244265_at	6,70	2,58	0,39	---	---
238152_at	17,85	6,88	0,39	---	---
239402_at	8,90	3,43	0,39	---	Transcribed locus
235118_at	5,48	2,12	0,39	---	CDNA clone IMAGE:4811412
230910_s_at	2,93	1,13	0,39	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_059997.2 lymphocyte antigen 6 complex, locus K [Homo sapiens]
1560576_at	13,07	5,05	0,39	---	CDNA clone IMAGE:4303615
225767_at	197,73	76,50	0,39	---	---
233099_at	8,08	3,13	0,39	---	MRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 2005220
233352_at	7,13	2,77	0,39	---	CDNA FLJ13691 fis, clone PLACE2000100
240438_at	11,60	4,50	0,39	---	---
1569461_at	17,95	6,97	0,39	---	---
1569955_at	2,53	0,98	0,39	---	Transcribed locus
237938_at	2,92	1,13	0,39	---	Transcribed locus
244748_at	7,78	3,03	0,39	---	Transcribed locus
238180_at	10,47	4,08	0,39	---	Transcribed locus
1561092_at	9,48	3,70	0,39	---	Transcribed locus
1561151_a_at	1,83	0,72	0,39	---	Full length insert cDNA clone YW28F09
1566680_at	3,67	1,43	0,39	---	CDNA FLJ37017 fis, clone BRACE2010642
243489_at	53,80	21,05	0,39	---	Transcribed locus
224172_at	10,63	4,17	0,39	---	---
1561012_at	4,93	1,93	0,39	---	Full length insert cDNA clone ZD69A07
1561300_at	7,35	2,88	0,39	---	CDNA clone IMAGE:5310903
1561100_at	5,13	2,02	0,39	---	CDNA clone IMAGE:5269545
1562860_at	5,22	2,05	0,39	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5744121, mRNA
213580_at	7,33	2,88	0,39	---	---
239686_at	8,43	3,32	0,39	---	Transcribed locus

221420_at	3,85	1,52	0,39	---	---
1563660_at	6,50	2,57	0,39	---	Transcribed locus
1554946_at	5,87	2,32	0,39	---	CDNA FLJ39613 fis, clone SKNSH2009357
239826_at	16,05	6,35	0,40	---	Transcribed locus
236098_at	14,93	5,93	0,40	---	CDNA clone IMAGE:4557810
241404_at	6,37	2,53	0,40	---	Transcribed locus
242598_at	4,98	1,98	0,40	---	Transcribed locus
236336_at	4,60	1,83	0,40	---	CDNA clone IMAGE:4796690
241007_at	16,13	6,43	0,40	---	Transcribed locus
1561250_at	3,08	1,23	0,40	---	CDNA clone IMAGE:5521417
1560989_at	5,08	2,03	0,40	---	Full length insert cDNA clone YY93H10
1560903_at	9,70	3,88	0,40	---	CDNA FLJ30214 fis, clone BRACE2001677
240463_at	4,98	2,00	0,40	---	Transcribed locus, moderately similar to NP_067289.2 transforming, acidic coiled-coil containing protein 2 isoform b [Mus musculus]
1561576_a_at	3,07	1,23	0,40	---	CDNA FLJ40163 fis, clone TESTI2015830
1568921_at	2,73	1,10	0,40	---	CDNA clone IMAGE:5266271
234288_at	12,20	4,92	0,40	---	MRNA; cDNA DKFZp434P0626 (from clone DKFZp434P0626)
233925_at	18,80	7,58	0,40	---	Transcribed locus, moderately similar to NP_002480.1 NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 4, 9kDa [Homo sapiens]
1560509_at	15,28	6,17	0,40	---	MRNA; cDNA DKFZp547H194 (from clone DKFZp547H194)
233682_at	9,25	3,73	0,40	---	---
1561855_x_at	4,50	1,82	0,40	---	Clone BGL1 mRNA sequence
239795_at	7,92	3,20	0,40	---	Transcribed locus
1570040_at	9,02	3,65	0,40	---	CDNA clone IMAGE:5267944
231546_at	6,42	2,60	0,41	---	Transcribed locus
241494_at	8,18	3,32	0,41	---	Transcribed locus
230639_at	10,60	4,30	0,41	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001085179.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
240783_at	13,92	5,65	0,41	---	Transcribed locus
1569784_at	2,33	0,95	0,41	---	CDNA clone IMAGE:4822119
1570146_at	4,13	1,68	0,41	---	CDNA clone IMAGE:4800159
1561340_at	4,87	1,98	0,41	---	CDNA clone IMAGE:4838684
1561006_at	6,50	2,65	0,41	---	Full length insert cDNA clone YI43C12
242749_at	5,38	2,20	0,41	---	Transcribed locus
243248_at	10,52	4,30	0,41	---	Transcribed locus
1561653_at	1,47	0,60	0,41	---	Full length insert cDNA clone YU21F10
1564840_at	5,25	2,15	0,41	---	MRNA; cDNA DKFZp564B236 (from clone DKFZp564B236)
241886_x_at	5,45	2,23	0,41	---	---
240909_at	5,12	2,10	0,41	---	---
216286_at	10,27	4,22	0,41	---	MRNA; cDNA DKFZp434G182 (from clone DKFZp434G182)
1562464_at	7,38	3,03	0,41	---	CDNA clone IMAGE:4792825
237329_at	7,62	3,13	0,41	---	Transcribed locus
1561493_at	7,60	3,13	0,41	---	CDNA clone IMAGE:5275275
1564014_at	3,15	1,30	0,41	---	Transcribed locus
1570291_at	9,17	3,78	0,41	---	Transcribed locus
1561386_at	11,90	4,92	0,41	---	CDNA FLJ34378 fis, clone FEBRA2018051
1559865_at	2,02	0,83	0,41	---	CDNA clone IMAGE:5272798

232731_x_at	5,48	2,27	0,41	---	Homo sapiens, clone IMAGE:3604069, mRNA
1560385_x_at	4,23	1,75	0,41	---	CDNA FLJ38270 fis, clone FCBBF3002592
236959_s_at	6,48	2,68	0,41	---	Transcribed locus
244866_at	5,92	2,45	0,41	---	Transcribed locus
1570049_at	9,45	3,92	0,41	---	MRNA; cDNA DKFZp686H1819 (from clone DKFZp686H1819)
1561351_at	3,25	1,35	0,42	---	CDNA clone IMAGE:4838391
233428_at	10,82	4,50	0,42	---	CDNA: FLJ22144 fis, clone HEP21732
240531_at	3,08	1,28	0,42	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001150596.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
1561029_at	4,68	1,95	0,42	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5547749, mRNA
240965_at	5,28	2,20	0,42	---	---
1562145_at	7,73	3,23	0,42	---	Full length insert cDNA YQ80H05
1566468_at	6,22	2,60	0,42	---	MRNA; cDNA DKFZp547E1510 (from clone DKFZp547E1510)
228643_at	9,52	3,98	0,42	---	CDNA clone IMAGE:5277380
239276_at	12,73	5,33	0,42	---	Transcribed locus
240768_x_at	4,73	1,98	0,42	---	Transcribed locus
231582_at	10,57	4,43	0,42	---	Transcribed locus
235877_at	14,65	6,15	0,42	---	Transcribed locus
241324_at	9,48	3,98	0,42	---	Transcribed locus
1567374_at	5,63	2,37	0,42	---	Trapped 3' terminal exon, clone B2E8
231308_at	11,70	4,92	0,42	---	Transcribed locus
229505_at	23,27	9,80	0,42	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001095313.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
237355_at	13,37	5,63	0,42	---	Transcribed locus
234019_at	9,13	3,85	0,42	---	Clone 24481 mRNA sequence
215615_x_at	12,77	5,38	0,42	---	CDNA FLJ14152 fis, clone MAMMA1003089
233722_at	8,05	3,40	0,42	---	Transcribed locus
1559274_at	2,17	0,92	0,42	---	CDNA FLJ40940 fis, clone UTERU2008130
234259_at	10,00	4,23	0,42	---	CDNA FLJ20788 fis, clone COL02074
1561895_at	6,85	2,90	0,42	---	CDNA clone IMAGE:4791521
1555856_s_at	20,13	8,53	0,42	---	CDNA FLJ37920 fis, clone CTONG1000181
239180_at	15,65	6,63	0,42	---	CDNA clone IMAGE:4818335
237906_at	6,58	2,80	0,43	---	---
231365_at	4,82	2,05	0,43	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_689952.1 homeobox A9 [Homo sapiens]
1559434_at	4,50	1,92	0,43	---	CDNA clone IMAGE:5310959
1556192_x_at	4,07	1,73	0,43	---	Full length insert cDNA clone YR55D08
1570290_at	9,62	4,10	0,43	---	CDNA clone IMAGE:5288437
243906_at	17,62	7,52	0,43	---	---
1562856_at	2,85	1,22	0,43	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5745251, mRNA
210161_at	11,47	4,90	0,43	---	---
240153_at	8,40	3,60	0,43	---	Transcribed locus
1559925_s_at	4,32	1,85	0,43	---	CDNA clone IMAGE:5303182
1556259_at	9,43	4,05	0,43	---	CDNA FLJ34653 fis, clone KIDNE2018287
237200_at	5,12	2,20	0,43	---	Transcribed locus
237529_at	9,30	4,00	0,43	---	CDNA clone IMAGE:4825924
1568736_s_at	9,92	4,27	0,43	---	CDNA clone IMAGE:4795078

240568_at	10,42	4,48	0,43	---	---
1566528_at	13,08	5,63	0,43	---	Transcribed locus
1562544_at	10,13	4,37	0,43	---	MRNA; cDNA DKFZp566P2324 (from clone DKFZp566P2324)
1562934_at	8,82	3,80	0,43	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5519753, mRNA
240179_at	3,75	1,62	0,43	---	---
1556832_at	5,57	2,40	0,43	---	CDNA FLJ34046 fis, clone FCBBF2007610
230463_at	5,83	2,52	0,43	---	CDNA FLJ36891 fis, clone BRACE2000368
233034_at	6,83	2,95	0,43	---	CDNA FLJ11256 fis, clone PLACE1008925
244483_at	9,98	4,32	0,43	---	Transcribed locus
233212_at	17,57	7,60	0,43	---	CDNA FLJ41104 fis, clone BLADE2006607
1562306_at	6,85	2,97	0,43	---	MRNA; cDNA DKFZp686G0952 (from clone DKFZp686G0952)
244195_at	5,12	2,22	0,43	---	Transcribed locus
1569307_s_at	6,88	2,98	0,43	---	CDNA clone IMAGE:4824710
239938_x_at	4,88	2,12	0,43	---	Transcribed locus
1558977_at	7,15	3,10	0,43	---	CDNA FLJ37263 fis, clone BRAMY2011064
239714_at	16,18	7,02	0,43	---	---
1563089_at	7,75	3,37	0,43	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5223038, mRNA
233348_at	7,13	3,10	0,43	---	CDNA FLJ12997 fis, clone NT2RP3000247
243390_at	7,28	3,17	0,43	---	Transcribed locus
244318_at	1,92	0,83	0,43	---	Transcribed locus
203326_x_at	16,25	7,07	0,43	---	---
240331_at	8,97	3,90	0,43	---	Transcribed locus
243662_at	10,95	4,77	0,44	---	Transcribed locus
234518_at	8,12	3,53	0,44	---	---
1556836_at	5,58	2,43	0,44	---	---
240364_at	9,37	4,08	0,44	---	Transcribed locus
1556374_s_at	9,43	4,12	0,44	---	CDNA clone IMAGE:5270126
240560_at	5,68	2,48	0,44	---	---
240736_at	2,40	1,05	0,44	---	---
241351_at	9,48	4,15	0,44	---	---
222178_s_at	7,62	3,33	0,44	---	---
216790_at	6,43	2,82	0,44	---	CDNA: FLJ22812 fis, clone KAIA2955
242908_x_at	8,07	3,53	0,44	---	Transcribed locus
237022_at	3,50	1,53	0,44	---	---
233821_at	1,75	0,77	0,44	---	CDNA: FLJ22837 fis, clone KAIA4417
1567000_at	6,50	2,85	0,44	---	Clone 91Aartif putative Ah-receptor mRNA, 3' region
1566638_at	6,23	2,73	0,44	---	MRNA; cDNA DKFZp761H2217 (from clone DKFZp761H2217)
1570136_at	9,92	4,35	0,44	---	Transcribed locus
1555929_s_at	64,77	28,42	0,44	---	Transcribed locus
243533_x_at	8,20	3,60	0,44	---	---
238344_at	3,03	1,33	0,44	---	CDNA FLJ41644 fis, clone FEBRA2009362
222365_at	9,43	4,15	0,44	---	Transcribed locus
240746_s_at	4,17	1,83	0,44	---	---
1560523_at	13,00	5,73	0,44	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5166342, mRNA

1560960_at	15,87	7,00	0,44	---	Full length insert cDNA clone YX25D06
237550_at	3,17	1,40	0,44	---	Transcribed locus
241441_at	1,58	0,70	0,44	---	Transcribed locus
1561554_at	5,63	2,50	0,44	---	CDNA clone IMAGE:4813826
1559259_at	6,98	3,10	0,44	---	Clone IMAGE:418054, mRNA sequence
1568785_a_at	3,72	1,65	0,44	---	CDNA clone IMAGE:5272174
1556877_at	4,47	1,98	0,44	---	CDNA clone IMAGE:4799788
1562010_x_at	9,15	4,07	0,44	---	CDNA FLJ40764 fis, clone TRACH2002954
237904_at	3,75	1,67	0,44	---	Transcribed locus
1565856_at	3,03	1,35	0,45	---	CDNA clone IMAGE:4797402
235639_at	7,45	3,32	0,45	---	Transcribed locus
240619_at	2,43	1,08	0,45	---	Transcribed locus
1559692_at	16,88	7,52	0,45	---	---
1557498_a_at	1,98	0,88	0,45	---	CDNA clone IMAGE:4838582
1563036_at	19,85	8,85	0,45	---	CDNA clone IMAGE:4795841
230260_s_at	2,32	1,03	0,45	---	---
242170_at	3,13	1,40	0,45	---	Transcribed locus
222145_at	23,55	10,53	0,45	---	CDNA: FLJ23572 fis, clone LNG12403
243853_at	12,18	5,45	0,45	---	---
1564950_at	4,77	2,13	0,45	---	CDNA clone IMAGE:4052341
233465_at	4,02	1,80	0,45	---	CDNA FLJ11300 fis, clone PLACE1009886
1563392_at	6,35	2,85	0,45	---	Chromosome 21, Down syndrome critical region transcript, T7 end of clone a-1-g12
1561609_at	14,17	6,37	0,45	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5392784, mRNA
1563721_at	1,67	0,75	0,45	---	Transcribed locus
240905_at	4,37	1,97	0,45	---	Transcribed locus
216715_at	32,05	14,45	0,45	---	---
237930_at	3,58	1,62	0,45	---	Transcribed locus
238411_x_at	3,25	1,47	0,45	---	Transcribed locus
240653_at	13,18	5,95	0,45	---	Transcribed locus
216943_at	9,60	4,33	0,45	---	---
244283_x_at	4,47	2,02	0,45	---	Transcribed locus
1566428_at	4,13	1,87	0,45	---	MRNA; cDNA DKFZp667B046 (from clone DKFZp667B046)
237978_at	2,58	1,17	0,45	---	Transcribed locus
239672_at	10,47	4,73	0,45	---	Transcribed locus
241083_at	4,72	2,13	0,45	---	Transcribed locus
217571_at	4,93	2,23	0,45	---	---
1567167_at	3,90	1,77	0,45	---	---
1567333_at	7,20	3,27	0,45	---	MRNA adjacent to 3' end of integrated HPV16 (INT421)
229809_at	15,57	7,07	0,45	---	Transcribed locus
240332_at	18,17	8,25	0,45	---	Transcribed locus
1560169_at	6,23	2,83	0,45	---	---
1565882_at	16,17	7,35	0,45	---	CDNA FLJ12064 fis, clone HEMBB1002232
1569672_at	9,93	4,52	0,45	---	CDNA clone IMAGE:4763089
1557404_at	5,93	2,70	0,46	---	CDNA clone IMAGE:5266464

220670_at	5,97	2,72	0,46	---	---
1569330_at	5,48	2,50	0,46	---	Transcribed locus
244329_at	11,10	5,07	0,46	---	---
243103_at	13,47	6,15	0,46	---	Transcribed locus
1556759_at	1,17	0,53	0,46	---	CDNA FLJ37153 fis, clone BRACE2025992
240596_at	9,55	4,37	0,46	---	Transcribed locus
240269_at	14,28	6,53	0,46	---	Transcribed locus
215970_at	10,55	4,83	0,46	---	Transcribed locus, moderately similar to NP_062056.1 actin alpha cardiac 1 [Rattus norvegicus]
227343_at	8,03	3,68	0,46	---	---
238342_at	13,27	6,08	0,46	---	---
234420_at	4,65	2,13	0,46	---	Pregnancy-induced hypertension syndrome-related protein (PIH2)
243965_at	2,83	1,30	0,46	---	CDNA clone IMAGE:5265532
239767_at	5,18	2,38	0,46	---	CDNA clone IMAGE:5261489
1561126_at	12,47	5,73	0,46	---	Transcribed locus, weakly similar to XP_900082.2 PREDICTED: similar to Zfp93 protein [Mus musculus]
217224_at	13,75	6,33	0,46	---	---
1563139_at	4,45	2,05	0,46	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5763894, mRNA
232539_at	8,42	3,88	0,46	---	MRNA; cDNA DKFZp761H1023 (from clone DKFZp761H1023)
243947_s_at	18,38	8,48	0,46	---	Transcribed locus
236340_at	5,42	2,50	0,46	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001720983.1 PREDICTED: hypothetical protein [Homo sapiens]
235642_at	3,07	1,42	0,46	---	Transcribed locus
237886_at	20,08	9,28	0,46	---	Transcribed locus
239858_at	19,72	9,12	0,46	---	CDNA FLJ42419 fis, clone BLADE2002073
1559229_at	8,78	4,07	0,46	---	CDNA clone IMAGE:3621839
237608_at	5,65	2,62	0,46	---	CDNA clone IMAGE:4830853
237530_at	3,63	1,68	0,46	---	Transcribed locus
242381_x_at	9,98	4,63	0,46	---	Transcribed locus
243474_at	11,63	5,40	0,46	---	Transcribed locus
239985_at	3,52	1,63	0,46	---	Transcribed locus
216864_at	3,05	1,42	0,46	---	---
1566767_at	15,13	7,03	0,46	---	---
221608_at	8,60	4,00	0,47	---	---
1566481_at	2,87	1,33	0,47	---	Transcribed locus
231574_at	2,90	1,35	0,47	---	Transcribed locus
1562383_at	8,52	3,97	0,47	---	CDNA clone IMAGE:4827794
231506_at	8,05	3,75	0,47	---	Transcribed locus
1568615_a_at	10,27	4,78	0,47	---	CDNA clone IMAGE:5302137
237698_at	5,65	2,63	0,47	---	Transcribed locus
1556762_a_at	5,22	2,43	0,47	---	CDNA FLJ30197 fis, clone BRACE2001423
1554214_at	8,47	3,95	0,47	---	---
233794_at	5,10	2,38	0,47	---	CDNA FLJ10176 fis, clone HEMBA1004074
1566210_at	5,02	2,35	0,47	---	CDNA clone IMAGE:4795866
1557564_at	9,28	4,35	0,47	---	CDNA FLJ40222 fis, clone TESTI2021785
236773_at	2,67	1,25	0,47	---	Transcribed locus
232100_at	11,27	5,28	0,47	---	CDNA FLJ13522 fis, clone PLACE1005884

229592_at	20,18	9,47	0,47	---	CDNA FLJ37509 fis, clone BRCAN1000065
207479_at	3,55	1,67	0,47	---	---
236575_at	6,85	3,22	0,47	---	CDNA clone IMAGE:4823793
1564872_at	8,02	3,77	0,47	---	MRNA; cDNA DKFZp434N065 (from clone DKFZp434N065)
1561625_at	9,28	4,37	0,47	---	Full length insert cDNA clone YP93A03
1561025_at	0,85	0,40	0,47	---	CDNA FLJ23762 fis, clone HEP18324
241192_at	5,38	2,53	0,47	---	Transcribed locus
1566163_at	3,12	1,47	0,47	---	Transcribed locus
244524_at	24,67	11,62	0,47	---	Transcribed locus
231351_at	8,70	4,10	0,47	---	Transcribed locus
231426_at	8,13	3,83	0,47	---	Transcribed locus
220489_s_at	16,60	7,83	0,47	---	---
242004_x_at	13,07	6,17	0,47	---	Transcribed locus
238032_at	15,17	7,17	0,47	---	Transcribed locus
231191_at	13,98	6,62	0,47	---	CDNA clone IMAGE:5296329
233765_at	10,52	4,98	0,47	---	CDNA FLJ13711 fis, clone PLACE2000379
234269_at	9,88	4,68	0,47	---	CDNA FLJ20012 fis, clone ADKA03438
1564807_at	8,65	4,10	0,47	---	CDNA clone IMAGE:4690950
241211_at	11,88	5,63	0,47	---	---
241567_at	3,23	1,53	0,47	---	---
241688_at	16,65	7,90	0,47	---	Transcribed locus
231214_at	6,22	2,95	0,47	---	Transcribed locus
237584_at	5,58	2,65	0,47	---	Transcribed locus
236412_at	2,63	1,25	0,47	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001105731.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
1559930_at	9,27	4,40	0,47	---	CDNA clone IMAGE:5278137
1567280_at	5,30	2,52	0,47	---	{3' region, probe S2} [human, 76N, mammary epithelial cells, mRNA Partial, 339 nt]
236398_s_at	3,72	1,77	0,48	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001102659.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
237505_at	5,43	2,58	0,48	---	Transcribed locus
211869_at	3,43	1,63	0,48	---	---
1562612_at	10,68	5,08	0,48	---	CDNA FLJ30250 fis, clone BRACE2002304
213690_s_at	16,00	7,62	0,48	---	---
238304_at	12,10	5,77	0,48	---	Transcribed locus
244671_at	5,80	2,77	0,48	---	Transcribed locus
241040_at	9,43	4,50	0,48	---	Transcribed locus
244100_at	11,77	5,62	0,48	---	Transcribed locus
243199_at	5,55	2,65	0,48	---	Transcribed locus
231597_x_at	75,48	36,07	0,48	---	---
241244_at	9,50	4,55	0,48	---	Transcribed locus
230853_at	21,40	10,25	0,48	---	Transcribed locus
1562793_at	7,17	3,43	0,48	---	CDNA clone IMAGE:5311285
1557060_at	12,77	6,12	0,48	---	---
1559814_at	9,18	4,40	0,48	---	CDNA clone IMAGE:6050863
241026_at	5,60	2,68	0,48	---	Transcribed locus
227952_at	114,58	54,92	0,48	---	Full length insert cDNA clone Y146G04

233390_at	5,32	2,55	0,48	---	CDNA FLJ12353 fis, clone MAMMA1002322
1561211_at	15,38	7,38	0,48	---	CDNA clone IMAGE:5265906
1562745_at	30,68	14,75	0,48	---	CDNA FLJ36372 fis, clone THYMU2008072
1559655_at	15,67	7,53	0,48	---	CDNA FLJ42132 fis, clone TESTI2034997
244713_at	9,70	4,67	0,48	---	Transcribed locus
240558_at	8,42	4,05	0,48	---	---
1565706_at	5,85	2,82	0,48	---	CDNA: FLJ21395 fis, clone COL03557
231047_at	14,60	7,03	0,48	---	Transcribed locus
1561654_at	8,40	4,05	0,48	---	Full length insert cDNA clone YT87E05
1568643_a_at	7,48	3,62	0,48	---	Transcribed locus
1568899_at	7,05	3,42	0,48	---	CDNA clone IMAGE:4824158
237695_at	14,33	6,95	0,48	---	Transcribed locus
223860_at	19,78	9,60	0,49	---	---
1563032_at	1,13	0,55	0,49	---	CDNA clone IMAGE:5311737
1570298_at	5,48	2,67	0,49	---	Transcribed locus
237295_at	10,42	5,07	0,49	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001097001.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
239880_at	9,17	4,47	0,49	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_530591.2 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
237682_at	3,35	1,63	0,49	---	Transcribed locus
238050_at	8,20	4,00	0,49	---	Transcribed locus
1569339_s_at	10,13	4,95	0,49	---	Transcribed locus
1557745_at	11,87	5,80	0,49	---	CDNA FLJ25178 fis, clone CBR09176
237877_at	3,72	1,82	0,49	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_006493.1 polymerase (DNA directed), eta [Homo sapiens]
240707_at	8,93	4,37	0,49	---	Transcribed locus
243079_x_at	18,40	9,00	0,49	---	Transcribed locus
240564_x_at	4,60	2,25	0,49	---	---
1562865_at	2,32	1,13	0,49	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4279626, mRNA
237448_at	7,18	3,52	0,49	---	Transcribed locus
1570629_at	8,00	3,92	0,49	---	Transcribed locus
1561370_at	8,20	4,02	0,49	---	CDNA clone IMAGE:5304009
216664_at	5,00	2,45	0,49	---	Transcribed locus
1560107_at	3,53	1,73	0,49	---	CDNA clone IMAGE:4818264
238659_at	4,48	2,20	0,49	---	CDNA FLJ36185 fis, clone TESTI2026936
237197_at	5,43	2,67	0,49	---	Transcribed locus
1569716_at	10,90	5,35	0,49	---	CDNA clone IMAGE:4838353
234065_at	5,60	2,75	0,49	---	CDNA FLJ11555 fis, clone HEMBA1003078
237250_at	4,88	2,40	0,49	---	Full length insert cDNA clone YZ87G11
237255_at	6,17	3,03	0,49	---	---
1558937_s_at	7,22	3,55	0,49	---	MRNA (fetal brain cDNA b2_2g)
241059_at	6,50	3,20	0,49	---	Transcribed locus
1565809_x_at	18,20	8,97	0,49	---	CDNA clone IMAGE:5301169
244793_at	3,48	1,72	0,49	---	Transcribed locus
242353_at	5,82	2,87	0,49	---	CDNA FLJ41685 fis, clone HCASM2006338
234755_x_at	2,33	1,15	0,49	---	CATX-14
229339_at	16,47	8,12	0,49	---	Transcribed locus

214947_at	7,80	3,85	0,49	---	CDNA FLJ43660 fis, clone SYNOV4004823
1555925_at	13,30	6,57	0,49	---	CDNA FLJ30680 fis, clone FCBBF2000123
238256_at	9,62	4,75	0,49	---	Transcribed locus
241971_at	11,10	5,48	0,49	---	Transcribed locus
1558757_at	4,35	2,15	0,49	---	CDNA FLJ23791 fis, clone HEP21711
216043_x_at	27,42	13,57	0,49	---	CDNA FLJ14073 fis, clone HEMBB1001812
1566043_at	4,85	2,40	0,49	---	Full length insert cDNA clone YR76A02
217233_at	4,88	2,42	0,49	---	---
1566862_at	9,12	4,52	0,50	---	CDNA clone IMAGE:5310996
1567078_x_at	10,97	5,43	0,50	---	---
1561911_at	2,08	1,03	0,50	---	CDNA clone IMAGE:5288610
233413_at	8,60	4,27	0,50	---	CDNA FLJ13457 fis, clone PLACE1003343
236602_at	4,30	2,13	0,50	---	Transcribed locus
227963_at	18,87	9,37	0,50	---	Transcribed locus
1564545_a_at	5,20	2,58	0,50	---	CDNA: FLJ20874 fis, clone ADKA02818
244724_at	8,28	4,12	0,50	---	Transcribed locus
231364_at	8,95	4,45	0,50	---	CDNA clone IMAGE:4796864
241092_at	13,53	6,73	0,50	---	---
1559134_a_at	3,42	1,70	0,50	---	Full length insert cDNA clone YW29F03
240651_at	27,77	13,82	0,50	---	Transcribed locus
1557882_at	11,65	5,80	0,50	---	CDNA FLJ30446 fis, clone BRACE2009255
215327_at	4,02	2,00	0,50	---	---
241097_at	9,70	4,83	0,50	---	---
1569263_at	5,18	2,58	0,50	---	Transcribed locus, weakly similar to NP_998415.1 casein kinase 1, delta b [Danio rerio]
236928_at	6,35	3,17	0,50	---	Transcribed locus
215196_at	8,28	4,13	0,50	---	CDNA FLJ14312 fis, clone PLACE3000322
231036_at	12,78	6,38	0,50	---	Transcribed locus
213808_at	59,37	29,67	0,50	---	Clone 23688 mRNA sequence
1570279_at	2,95	6,10	2,07	ABCA1	ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 1
211224_s_at	5,13	13,13	2,56	ABCB11	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 11
1570505_at	3,45	7,23	2,10	ABCB4	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 4
207819_s_at	3,40	8,68	2,55	ABCB4	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 4
1569072_s_at	6,27	15,55	2,48	ABCB5	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 5
207321_s_at	8,22	17,60	2,14	ABCB9	ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 9
208562_s_at	2,72	9,25	3,40	ABCC9	ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 9
232550_at	7,60	23,22	3,05	ABHD1	abhydrolase domain containing 1
1552470_a_at	6,20	16,40	2,65	ABHD11	abhydrolase domain containing 11
1564357_at	1,98	4,32	2,18	ABHD12B	abhydrolase domain containing 12B
221678_at	2,32	8,00	3,45	ABHD6	abhydrolase domain containing 6
229162_s_at	2,30	7,60	3,30	ABTB1	Ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 1
1554950_at	12,20	29,47	2,42	ACAN	Aggrecan
241949_at	1,17	3,57	3,06	ACOT6	acyl-CoA thioesterase 6
207427_at	2,23	6,20	2,78	ACR /// LOC645529	acrosin /// similar to OTTHUMP00000045489
215432_at	3,07	8,90	2,90	ACSM1	acyl-CoA synthetase medium-chain family member 1

241914_s_at	6,62	14,28	2,16	ACSM2A /// ACSM2B	acyl-CoA synthetase medium-chain family member 2A /// acyl-CoA synthetase medium-chain family member 2B
220501_at	2,50	5,95	2,38	ACTL7A	actin-like 7 ^a
203863_at	1,70	4,45	2,62	ACTN2	actinin, alpha 2
236713_at	3,47	7,07	2,04	ACTR1A	ARP1 actin-related protein 1 homolog A, cetractin alpha (yeast)
208219_at	3,32	9,40	2,83	ACVR1B	activin A receptor, type IB
226950_at	25,70	53,32	2,07	ACVRL1	activin A receptor type II-like 1
207664_at	2,17	4,35	2,01	ADAM2	ADAM metallopeptidase domain 2 (fertilin beta)
207422_at	5,30	12,83	2,42	ADAM20	ADAM metallopeptidase domain 20
208268_at	11,10	25,15	2,27	ADAM28	ADAM metallopeptidase domain 28
1552266_at	5,78	12,08	2,09	ADAM32	ADAM metallopeptidase domain 32
216276_s_at	3,53	7,87	2,23	ADAM3A	ADAM metallopeptidase domain 3A (cyritestin 1)
239079_at	3,07	7,35	2,40	ADAM7	ADAM metallopeptidase domain 7
222486_s_at	17,20	35,98	2,09	ADAMTS1	ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 1
222162_s_at	75,25	198,07	2,63	ADAMTS1	ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 1
232133_at	2,03	7,48	3,68	ADAMTS10	ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 10
1553427_at	2,98	9,58	3,21	ADAMTS15	ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 15
1553179_at	1,23	2,93	2,38	ADAMTS19	ADAM metallopeptidase with thrombospondin type 1 motif, 19
220578_at	13,77	30,22	2,19	ADAMTSL4	ADAMTS-like 4
220648_at	4,18	8,70	2,08	ADARB2	adenosine deaminase, RNA-specific, B2 (RED2 homolog rat)
217305_s_at	6,38	13,85	2,17	ADCY10	adenylate cyclase 10 (soluble)
230237_at	7,87	19,07	2,42	ADCYAP1	adenylate cyclase activating polypeptide 1 (pituitary)
209613_s_at	3,27	7,88	2,41	ADH1B	alcohol dehydrogenase 1B (class I), beta polypeptide
229409_s_at	10,93	21,95	2,01	ADO	2-aminoethanethiol (cysteamine) dioxygenase
206812_at	2,67	5,45	2,04	ADRB3	adrenergic, beta-3-, receptor
1555435_at	2,23	8,88	3,98	AFF4	AF4/FMR2 family, member 4
206840_at	3,32	7,18	2,17	AFM	afamin
1553447_at	1,88	3,98	2,12	AGBL1	ATP/GTP binding protein-like 1
239609_s_at	13,52	28,32	2,09	AGPAT7	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 7 (lysophosphatidic acid acyltransferase, eta)
224499_s_at	1,08	4,23	3,91	AICDA	activation-induced cytidine deaminase
213095_x_at	36,27	82,82	2,28	AIF1	allograft inflammatory factor 1
209901_x_at	18,43	58,98	3,20	AIF1	allograft inflammatory factor 1
237715_at	7,23	15,35	2,12	AKNA	AT-hook transcription factor
223856_at	5,57	11,80	2,12	AKR1CL2	aldo-keto reductase family 1, member C-like 2
212224_at	48,87	201,65	4,13	ALDH1A1	aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1
204704_s_at	1,15	5,28	4,59	ALDOB	aldolase B, fructose-bisphosphate
204446_s_at	108,25	252,65	2,33	ALOX5	arachidonate 5-lipoxygenase
228367_at	9,83	27,90	2,84	ALPK2	alpha-kinase 2
242661_x_at	1,48	3,25	2,19	ALS2CR12	amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) chromosome region, candidate 12
1564868_a_at	1,75	5,68	3,25	ALS2CR13	amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) chromosome region, candidate 13
1555391_a_at	4,08	8,47	2,07	ALS2CR8	amyotrophic lateral sclerosis 2 (juvenile) chromosome region, candidate 8
206837_at	2,00	11,13	5,57	ALX1	ALX homeobox 1
208220_x_at	2,07	5,90	2,85	AMELY	amelogenin, Y-linked
244685_at	2,77	7,00	2,53	ANGEL1	Angel homolog 1 (Drosophila)
1559640_at	4,38	8,80	2,01	ANKFN1	Ankyrin-repeat and fibronectin type III domain containing 1

1562292_at	1,38	3,62	2,61	ANKRD30B	ankyrin repeat domain 30B
244245_at	4,33	10,98	2,53	ANKRD9	Ankyrin repeat domain 9
234576_at	2,32	6,92	2,99	ANPEP	Alanyl (membrane) aminopeptidase (aminopeptidase N, aminopeptidase M, microsomal aminopeptidase, CD13, p150)
233011_at	294,22	974,17	3,31	ANXA1	Annexin A1
209870_s_at	5,82	28,87	4,96	APBA2	amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family A, member 2 (X11-like)
207158_at	6,60	19,23	2,91	APOBEC1	apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide 1
207262_at	2,02	4,05	2,01	APOF	apolipoprotein F
210068_s_at	1,83	4,57	2,49	AQP4	aquaporin 4
208435_s_at	2,63	7,97	3,03	AQP6	aquaporin 6, kidney specific
205568_at	13,68	41,92	3,06	AQP9	aquaporin 9
232175_at	11,05	28,87	2,61	ARF1	ADP-ribosylation factor 1
204425_at	10,38	23,27	2,24	ARHGAP4	Rho GTPase activating protein 4
1555811_at	34,60	70,40	2,03	ARHGDIB	Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) beta
1562270_at	4,17	10,08	2,42	ARHGEF7	Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 7
1558000_at	3,52	7,08	2,01	ARID5B	AT rich interactive domain 5B (MRF1-like)
1552722_at	2,78	5,97	2,14	ARPP-21	cyclic AMP-regulated phosphoprotein, 21 kD
1556598_at	1,75	4,63	2,65	ARPP-21 /// LOC100130503	cyclic AMP-regulated phosphoprotein, 21 kD /// hypothetical protein LOC100130503
210979_at	2,52	9,27	3,68	ASAH1	N-acylsphingosine amidohydrolase (acid ceramidase) 1
1564536_at	1,87	5,45	2,92	ASB10	ankyrin repeat and SOCS box-containing 10
1553039_a_at	6,20	25,40	4,10	ASB10	ankyrin repeat and SOCS box-containing 10
1564679_at	2,97	7,67	2,58	ASB15	ankyrin repeat and SOCS box-containing 15
1553253_at	5,52	17,38	3,15	ASB16	ankyrin repeat and SOCS box-containing 16
217229_at	1,00	4,83	4,83	ASB4	ankyrin repeat and SOCS box-containing 4
213768_s_at	7,35	15,25	2,07	ASCL1	achaete-scute complex homolog 1 (Drosophila)
221161_at	4,93	13,75	2,79	ASCL3	achaete-scute complex homolog 3 (Drosophila)
206743_s_at	4,00	8,33	2,08	ASGR1	asialoglycoprotein receptor 1
210551_s_at	1,43	3,27	2,28	ASMT	acetylserotonin O-methyltransferase
208201_at	2,83	8,53	3,01	ASMTL /// DUX3 /// DUX4 /// DUX4C /// HPX-2 /// LOC100133977 /// LOC441056 /// LOC651709 /// LOC652119 /// LOC652291 /// LOC653543 /// LOC653544 /// LOC653545 /// LOC653548 /// LOC728410	acetylserotonin O-methyltransferase-like /// double homeobox, 4 /// double homeobox, 3 /// similar to double homeobox 4c /// double homeobox 4c /// similar to double homeobox, 4
222764_at	4,20	8,67	2,06	ASRGL1	asparaginase like 1
232838_at	2,88	6,03	2,09	ASXL3	additional sex combs like 3 (Drosophila)
1554980_a_at	52,58	197,20	3,75	ATF3	activating transcription factor 3
202672_s_at	159,87	642,05	4,02	ATF3	activating transcription factor 3
216198_at	2,68	7,53	2,81	ATF7IP	activating transcription factor 7 interacting protein
1555754_s_at	7,63	17,93	2,35	ATN1	atrophin 1
1568743_at	4,03	8,57	2,12	ATP10A	ATPase, class V, type 10A
239996_x_at	7,67	21,75	2,84	ATP2A2	ATPase, Ca++ transporting, cardiac muscle, slow twitch 2
213036_x_at	14,98	55,72	3,72	ATP2A3	ATPase, Ca++ transporting, ubiquitous
239357_at	1,68	3,88	2,31	ATP2B2	ATPase, Ca++ transporting, plasma membrane 2
211586_s_at	0,98	2,17	2,20	ATP2B2 /// LOC100134286	ATPase, Ca++ transporting, plasma membrane 2 /// similar to ATPase, Ca++ transporting, plasma membrane 2
207026_s_at	5,92	12,57	2,12	ATP2B3	ATPase, Ca++ transporting, plasma membrane 3
207139_at	9,83	20,77	2,11	ATP4A	ATPase, H+/K+ exchanging, alpha polypeptide

207546_at	2,42	5,07	2,10	ATP4B	ATPase, H+/K+ exchanging, beta polypeptide
1569891_at	5,18	11,58	2,23	ATP5A1	ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, alpha subunit 1, cardiac muscle
201442_s_at	4,62	9,58	2,08	ATP6AP2	ATPase, H+ transporting, lysosomal accessory protein 2
1553151_at	2,25	4,98	2,21	ATP6V0D2	ATPase, H+ transporting, lysosomal 38kDa, V0 subunit d2
1557585_at	5,03	10,85	2,16	ATP6V1H	ATPase, H+ transporting, lysosomal 50/57kDa, V1 subunit H
210192_at	1,77	3,67	2,08	ATP8A1	ATPase, aminophospholipid transporter (APLT), class I, type 8A, member 1
217321_x_at	2,68	6,35	2,37	ATXN3	Ataxin 3
226427_s_at	0,92	2,20	2,40	B3GALT6	UDP-Gal:betaGal beta 1,3-galactosyltransferase polypeptide 6
224154_at	4,43	9,23	2,08	B3GNT2	UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 2
234938_at	6,28	23,97	3,81	BACH1	BTB and CNC homology 1, basic leucine zipper transcription factor 1
223633_s_at	2,15	4,70	2,19	BCAN	brevican
241640_at	31,40	63,03	2,01	BCAP29	B-cell receptor-associated protein 29
225285_at	42,82	95,85	2,24	BCAT1	branched chain aminotransferase 1, cytosolic
205681_at	22,40	54,48	2,43	BCL2A1	BCL2-related protein A1
243825_at	4,77	12,03	2,52	BCL6B	B-cell CLL/lymphoma 6, member B (zinc finger protein)
1554442_at	44,80	103,15	2,30	BEST1	bestrophin 1
1555492_a_at	1,35	2,85	2,11	BEST3	bestrophin 3
207399_at	6,73	17,25	2,56	BFSP2	beaded filament structural protein 2, phakinin
242169_at	1,72	5,13	2,99	BHMT2	Betaine-homocysteine methyltransferase 2
228691_at	7,53	32,05	4,25	BICD1	Bicaudal D homolog 1 (Drosophila)
208244_at	5,40	11,85	2,19	BMP3	bone morphogenetic protein 3 (osteogenic)
205431_s_at	8,75	20,25	2,31	BMP5	bone morphogenetic protein 5
220204_s_at	2,68	6,70	2,50	BMP8A	bone morphogenetic protein 8a
1568768_s_at	6,82	14,73	2,16	BRE	brain and reproductive organ-expressed (TNFRSF1A modulator)
1552504_a_at	7,45	19,53	2,62	BRSK1	BR serine/threonine kinase 1
231220_at	0,75	1,72	2,29	BRUNOL4	bruno-like 4, RNA binding protein (Drosophila)
223653_x_at	5,92	15,27	2,58	BRUNOL4	bruno-like 4, RNA binding protein (Drosophila)
1559971_at	3,32	13,62	4,11	BSDC1	BSD domain containing 1
204586_at	4,50	11,18	2,49	BSN	bassoon (presynaptic cytomatrix protein)
243165_at	1,73	3,65	2,11	BTF3	Basic transcription factor 3
1553279_at	7,13	35,33	4,95	BTNL9	butyrophilin-like 9
229827_at	3,00	10,12	3,37	BUB3	BUB3 budding uninhibited by benzimidazoles 3 homolog (yeast)
1553630_at	2,15	4,42	2,05	C10orf107	chromosome 10 open reading frame 107
228384_s_at	5,72	12,18	2,13	C10orf33	chromosome 10 open reading frame 33
228048_at	5,40	15,12	2,80	C10orf41 /// LOC100131213	chromosome 10 open reading frame 41 /// hypothetical protein LOC100131213
227258_at	4,05	11,35	2,80	C10orf46	chromosome 10 open reading frame 46
243896_at	2,53	6,30	2,49	C10orf79	chromosome 10 open reading frame 79
1553880_at	1,50	7,22	4,81	C10orf91	chromosome 10 open reading frame 91
220539_at	1,28	5,50	4,29	C10orf92	chromosome 10 open reading frame 92
1560781_at	2,13	4,93	2,31	C11orf47	chromosome 11 open reading frame 47
1554764_a_at	2,05	6,27	3,06	C11orf64	chromosome 11 open reading frame 64
211642_at	1,95	21,27	10,91	C12orf32 /// IGHG1	Immunoglobulin heavy chain variable region (clone Tmu25) /// Chromosome 12 open reading frame 32 /// Immunoglobulin heavy constant mu
1553424_at	1,65	7,55	4,58	C12orf40	chromosome 12 open reading frame 40

236646_at	9,85	19,88	2,02	C12orf59	chromosome 12 open reading frame 59
221231_s_at	2,77	9,57	3,46	C14orf102	chromosome 14 open reading frame 102
221101_at	1,87	3,80	2,04	C14orf113	chromosome 14 open reading frame 113
1554039_at	23,25	48,63	2,09	C14orf159	chromosome 14 open reading frame 159
243061_at	6,27	13,95	2,23	C14orf23	chromosome 14 open reading frame 23
1562299_at	4,95	11,07	2,24	C14orf25	chromosome 14 open reading frame 25
220710_at	4,02	8,62	2,15	C15orf28	chromosome 15 open reading frame 28
208254_at	3,27	7,47	2,29	C15orf31	chromosome 15 open reading frame 31
1554715_at	2,10	5,10	2,43	C15orf50	chromosome 15 open reading frame 50
221993_s_at	1,60	4,42	2,76	C16orf42	Chromosome 16 open reading frame 42
241572_at	2,72	6,63	2,44	C16orf65	chromosome 16 open reading frame 65
1553449_at	4,35	8,88	2,04	C16orf81	chromosome 16 open reading frame 81
244807_at	4,27	10,23	2,40	C17orf45	Chromosome 17 open reading frame 45
1553804_a_at	2,83	6,13	2,16	C17orf46	chromosome 17 open reading frame 46
1553626_a_at	8,42	17,82	2,12	C17orf57	chromosome 17 open reading frame 57
209573_s_at	8,35	19,67	2,36	C18orf1	chromosome 18 open reading frame 1
1553087_at	5,47	11,47	2,10	C18orf12	chromosome 18 open reading frame 12
234712_at	2,68	8,38	3,12	C18orf2	chromosome 18 open reading frame 2
231261_at	3,38	7,03	2,08	C19orf15	chromosome 19 open reading frame 15
221316_at	3,75	9,93	2,65	C19orf15	chromosome 19 open reading frame 15
1552354_at	3,32	10,52	3,17	C19orf26	chromosome 19 open reading frame 26
237990_x_at	5,07	10,63	2,10	C19orf29	Chromosome 19 open reading frame 29
241842_x_at	5,52	11,55	2,09	C19orf45	chromosome 19 open reading frame 45
237603_at	3,62	7,97	2,20	C1orf100	chromosome 1 open reading frame 100
214357_at	15,73	31,65	2,01	C1orf105	chromosome 1 open reading frame 105
222946_s_at	8,10	17,05	2,10	C1orf135	chromosome 1 open reading frame 135
220996_s_at	2,20	4,68	2,13	C1orf14	chromosome 1 open reading frame 14
231073_at	4,88	11,03	2,26	C1orf168	chromosome 1 open reading frame 168
231044_at	2,33	6,13	2,63	C1orf194	chromosome 1 open reading frame 194
217101_at	2,48	7,55	3,04	C1orf34	chromosome 1 open reading frame 34
231514_at	4,53	10,50	2,32	C1orf94	chromosome 1 open reading frame 94
1561331_at	1,53	3,55	2,32	C1orf99	chromosome 1 open reading frame 99
223708_at	1,43	6,53	4,56	C1QTNF4	C1q and tumor necrosis factor related protein 4
225224_at	27,40	58,40	2,13	C20orf112	chromosome 20 open reading frame 112
230955_s_at	3,20	7,12	2,22	C20orf112	chromosome 20 open reading frame 112
1552687_a_at	5,82	12,77	2,19	C20orf152	chromosome 20 open reading frame 152
233523_at	4,43	9,63	2,17	C20orf186	chromosome 20 open reading frame 186
233598_at	5,87	12,52	2,13	C20orf187	chromosome 20 open reading frame 187
228290_at	10,98	29,07	2,65	C20orf19	Chromosome 20 open reading frame 19
1552466_x_at	1,58	5,02	3,17	C21orf100	chromosome 21 open reading frame 100
1555048_a_at	1,30	2,67	2,05	C21orf29	chromosome 21 open reading frame 29
239968_at	2,07	6,37	3,08	C21orf84	chromosome 21 open reading frame 84
1553519_at	2,03	6,18	3,04	C21orf94	chromosome 21 open reading frame 94
1553761_at	1,68	8,83	5,25	C22orf30	chromosome 22 open reading frame 30

217668_at	5,97	13,53	2,27	C2orf36	Chromosome 22 open reading frame 36
1558756_at	1,58	5,87	3,71	C2CD3	C2 calcium-dependent domain containing 3
225799_at	181,00	395,98	2,19	C2orf59 /// LOC541471	chromosome 2 open reading frame 59 /// hypothetical LOC541471
1552747_a_at	2,87	8,92	3,11	C3orf48	chromosome 3 open reading frame 48
1569332_at	1,72	3,48	2,03	C3orf66	chromosome 3 open reading frame 66
208451_s_at	42,07	91,55	2,18	C4A /// C4B	complement component 4A (Rodgers blood group) /// complement component 4B (Chido blood group)
231565_at	1,32	4,53	3,44	C4orf22	chromosome 4 open reading frame 22
231612_at	0,73	2,35	3,20	C4orf35	chromosome 4 open reading frame 35
220088_at	15,03	37,72	2,51	C5AR1	complement component 5a receptor 1
240840_s_at	2,40	11,12	4,63	C5orf35	chromosome 5 open reading frame 35
237016_at	9,32	18,83	2,02	C6orf128	chromosome 6 open reading frame 128
233050_at	1,35	4,43	3,28	C6orf174 /// KIAA0408	KIAA0408 /// chromosome 6 open reading frame 174
231642_at	1,75	3,68	2,10	C6orf201	chromosome 6 open reading frame 201
220904_at	10,32	21,62	2,10	C6orf208	chromosome 6 open reading frame 208
211351_at	1,42	4,08	2,88	C6orf54	chromosome 6 open reading frame 54
1553927_at	3,00	6,38	2,13	C7orf33	chromosome 7 open reading frame 33
240784_at	4,45	10,23	2,30	C7orf52	chromosome 7 open reading frame 52
210109_at	10,33	22,92	2,22	C7orf54	chromosome 7 open reading frame 54
218541_s_at	24,20	80,58	3,33	C8orf4	chromosome 8 open reading frame 4
1552359_at	1,78	3,75	2,10	C8orf45	chromosome 8 open reading frame 45
229708_at	0,97	2,85	2,95	C9orf167	Chromosome 9 open reading frame 167
1552757_s_at	1,23	4,97	4,03	C9orf66	chromosome 9 open reading frame 66
1562559_at	2,23	5,35	2,40	C9orf89	chromosome 9 open reading frame 89
222542_x_at	6,95	15,10	2,17	CABC1	chaperone, ABC1 activity of bc1 complex homolog (S. pombe)
1552890_a_at	1,60	5,60	3,50	CABP4	calcium binding protein 4
228083_at	8,48	16,98	2,00	CACNA2D4	calcium channel, voltage-dependent, alpha 2/delta subunit 4
210967_x_at	5,73	13,28	2,32	CACNB1	calcium channel, voltage-dependent, beta 1 subunit
210728_s_at	2,18	5,72	2,62	CALCA	calcitonin-related polypeptide alpha
217495_x_at	2,28	10,02	4,39	CALCA	calcitonin-related polypeptide alpha
207613_s_at	4,90	12,67	2,59	CAMK2A	calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM kinase) II alpha
211483_x_at	8,03	17,62	2,19	CAMK2B	calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM kinase) II beta
213276_at	2,42	6,35	2,63	CAMK2B	calcium/calmodulin-dependent protein kinase (CaM kinase) II beta
1552801_at	3,52	8,45	2,40	CAPN13	calpain 13
211384_s_at	2,82	5,70	2,02	CASR	calcium-sensing receptor (hypocalciuric hypercalcemia 1, severe neonatal hyperparathyroidism)
211601_at	0,72	2,88	4,02	CATR1	CATR tumorigenicity conversion 1
242324_x_at	7,05	14,90	2,11	CCBE1	collagen and calcium binding EGF domains 1
220301_at	3,58	10,43	2,91	CCDC102B	coiled-coil domain containing 102B
232106_s_at	4,68	9,83	2,10	CCDC123	Coiled-coil domain containing 123
232989_s_at	6,93	14,92	2,15	CCDC136	coiled-coil domain containing 136
1557366_at	1,22	3,05	2,51	CCDC144A /// CCDC144B /// CCDC144C /// LOC100134159	coiled-coil domain containing 144A /// coiled-coil domain containing 144B /// coiled-coil domain containing 144C /// similar to Coiled-coil domain containing 144B
238101_at	2,67	5,92	2,22	CCDC4	Coiled-coil domain containing 4
1553248_at	7,57	16,93	2,24	CCDC57	coiled-coil domain containing 57
1552321_a_at	0,92	2,30	2,51	CCDC65	coiled-coil domain containing 65

1558893_a_at	0,85	2,93	3,45	CCDC67	coiled-coil domain containing 67
242430_at	1,65	4,10	2,48	CCDC69	Coiled-coil domain containing 69
243864_at	4,03	13,60	3,37	CCDC80	coiled-coil domain containing 80
233846_at	6,23	14,65	2,35	CCDC85A	coiled-coil domain containing 85A
235228_at	2,57	8,00	3,12	CCDC85A	coiled-coil domain containing 85A
211173_at	4,12	8,43	2,05	CCKAR	cholecystokinin A receptor
209924_at	72,12	146,55	2,03	CCL18	chemokine (C-C motif) ligand 18 (pulmonary and activation-regulated)
205114_s_at	28,57	58,15	2,04	CCL3 /// CCL3L1 /// CCL3L3 /// LOC728830	chemokine (C-C motif) ligand 3 /// chemokine (C-C motif) ligand 3-like 1 /// chemokine (C-C motif) ligand 3-like 3 /// similar to C-C motif chemokine 3-like 1 precursor (Small-inducible cytokine A3-like 1) (Tonsillar lymphocyte LD78 beta protein) (LD78-beta(1-70)) (G0/G1 switch regulatory protein 19-2) (G0S19-2 protein) (PAT 464.2)
204103_at	31,42	71,38	2,27	CCL4	chemokine (C-C motif) ligand 4
1560161_at	0,87	1,97	2,27	CCNB2	Cyclin B2
242105_at	3,37	7,23	2,15	CCNE1	Cyclin E1
1555827_at	26,73	54,87	2,05	CCNL1	Cyclin L1
220565_at	2,87	13,38	4,67	CCR10	chemokine (C-C motif) receptor 10
208304_at	2,48	8,32	3,35	CCR3	chemokine (C-C motif) receptor 3
206337_at	14,32	34,43	2,41	CCR7	chemokine (C-C motif) receptor 7
211434_s_at	2,50	8,27	3,31	CCRL2 /// LOC727811	chemokine (C-C motif) receptor-like 2 /// similar to chemokine (C-C motif) receptor-like 2
207840_at	6,87	20,62	3,00	CD160	CD160 molecule
215049_x_at	31,10	69,20	2,23	CD163	CD163 molecule
206749_at	5,32	12,58	2,37	CD1B	CD1b molecule
217422_s_at	1,50	4,52	3,01	CD22	CD22 molecule
210031_at	14,83	31,80	2,14	CD247	CD247 molecule
206150_at	52,53	154,73	2,95	CD27	CD27 molecule
217078_s_at	0,97	2,57	2,66	CD300A	CD300a molecule
217072_at	4,97	17,50	3,52	CD300A	CD300a molecule
1555636_at	1,72	5,65	3,29	CD300LG	CD300 molecule-like family member g
205692_s_at	22,75	67,73	2,98	CD38	CD38 molecule
209795_at	45,38	94,55	2,08	CD69	CD69 molecule
1555779_a_at	73,38	158,40	2,16	CD79A	CD79a molecule, immunoglobulin-associated alpha
205049_s_at	41,70	184,18	4,42	CD79A	CD79a molecule, immunoglobulin-associated alpha
1554758_a_at	5,32	13,70	2,58	CD99L2	CD99 molecule-like 2
1555346_at	2,35	4,87	2,07	CDC20B	cell division cycle 20 homolog B (S. cerevisiae)
210965_x_at	4,60	9,70	2,11	CDC2L5	cell division cycle 2-like 5 (cholinesterase-related cell division controller)
1554110_at	10,83	26,40	2,44	CDCP1	CUB domain containing protein 1
239485_at	1,82	5,02	2,76	CDH4	Cadherin 4, type 1, R-cadherin (retinal)
210601_at	7,10	17,75	2,50	CDH6	cadherin 6, type 2, K-cadherin (fetal kidney)
219505_at	80,53	190,45	2,36	CECR1	cat eye syndrome chromosome region, candidate 1
228878_s_at	1,55	3,28	2,12	CFC1B	Cripto, FRL-1, cryptic family 1B
207874_s_at	4,50	10,28	2,29	CFHR4	complement factor H-related 4
1555564_a_at	80,28	167,72	2,09	CFI	complement factor I
203854_at	142,35	330,40	2,32	CFI	complement factor I
206380_s_at	2,33	7,78	3,34	CFP	complement factor properdin
215318_at	9,75	20,80	2,13	CG012	hypothetical gene CG012

213965_s_at	2,45	13,03	5,32	CHD5	chromodomain helicase DNA binding protein 5
229502_at	2,63	6,28	2,39	CHDH	choline dehydrogenase
1568675_at	4,93	10,40	2,11	CHRNA10	Cholinergic receptor, nicotinic, alpha 10
217086_at	1,43	3,07	2,14	CHRNB3	cholinergic receptor, nicotinic, beta 3
207024_at	5,25	12,82	2,44	CHRNA10	cholinergic receptor, nicotinic, delta
223737_x_at	4,58	11,60	2,53	CHST9	carbohydrate (N-acetylgalactosamine 4-O) sulfotransferase 9
224400_s_at	2,87	10,40	3,63	CHST9	carbohydrate (N-acetylgalactosamine 4-O) sulfotransferase 9
1552288_at	1,60	6,27	3,92	CILP2	cartilage intermediate layer protein 2
216708_x_at	5,05	23,67	4,69	CKAP2	Cytoskeleton associated protein 2
206207_at	3,13	16,98	5,42	CLC	Charcot-Leyden crystal protein
205328_at	36,85	81,00	2,20	CLDN10	claudin 10
1556687_a_at	1,83	5,22	2,85	CLDN10	claudin 10
231600_at	0,75	2,37	3,16	CLEC12B	C-type lectin domain family 12, member B
226244_at	15,80	32,95	2,09	CLEC14A	C-type lectin domain family 14, member A
219761_at	20,58	44,05	2,14	CLEC1A	C-type lectin domain family 1, member A
1552552_s_at	2,88	7,25	2,51	CLEC4C	C-type lectin domain family 4, member C
225757_s_at	6,37	13,30	2,09	CLMN	calmin (calponin-like, transmembrane)
1561185_at	2,37	11,30	4,77	CLONE795723	hypothetical transcript 795723
1555695_a_at	7,27	15,52	2,14	CLRN1	clarin 1
230995_at	2,73	6,90	2,52	CMBL	carboxymethylglucuronidase homolog (Pseudomonas)
229967_at	12,08	29,43	2,44	CMTM2	CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 2
237981_at	3,45	7,78	2,26	CMYA5	cardiomyopathy associated 5
207261_at	0,98	4,12	4,19	CNGA3	cyclic nucleotide gated channel alpha 3
229116_at	0,92	2,40	2,62	CNKSR2	connector enhancer of kinase suppressor of Ras 2
220166_at	9,23	21,98	2,38	CNNM1	cyclin M1
1553266_at	0,67	4,03	6,05	CNOT6L	CCR4-NOT transcription complex, subunit 6-like
220323_at	36,07	88,22	2,45	CNTD2	cyclin N-terminal domain containing 2
219400_at	14,22	31,50	2,22	CNTNAP1	contactin associated protein 1
1553442_a_at	3,57	8,00	2,24	CNTNAP4	contactin associated protein-like 4
204320_at	37,27	89,05	2,39	COL11A1	collagen, type XI, alpha 1
213870_at	6,55	16,07	2,45	COL11A2	collagen, type XI, alpha 2
216866_s_at	2,98	9,88	3,31	COL14A1	collagen, type XIV, alpha 1
202311_s_at	96,05	217,48	2,26	COL1A1	collagen, type I, alpha 1
238732_at	1,27	5,47	4,32	COL24A1	collagen, type XXIV, alpha 1
224389_s_at	3,05	7,88	2,58	COL25A1	collagen, type XXV, alpha 1
211980_at	302,45	641,70	2,12	COL4A1	collagen, type IV, alpha 1
216896_at	1,62	3,45	2,13	COL4A3	collagen, type IV, alpha 3 (Goodpasture antigen)
241565_at	9,47	21,20	2,24	COL4A4	Collagen, type IV, alpha 4
216904_at	2,75	7,07	2,57	COL6A1	collagen, type VI, alpha 1
1555527_at	1,53	3,17	2,07	COL9A1	collagen, type IX, alpha 1
219873_at	5,88	17,37	2,95	COLEC11	collectin sub-family member 11
244178_at	3,82	13,67	3,58	COMMD7	COMM domain containing 7
220469_at	4,23	8,53	2,02	COPE	coatomer protein complex, subunit epsilon
243152_at	1,67	3,70	2,22	COPS8	COP9 constitutive photomorphogenic homolog subunit 8 (Arabidopsis)

227189_at	28,17	68,07	2,42	CPNE5	copine V
217552_x_at	4,73	9,72	2,05	CR1	complement component (3b/4b) receptor 1 (Knops blood group)
239205_s_at	6,47	19,12	2,96	CR1 /// CR1L	complement component (3b/4b) receptor 1 (Knops blood group) /// complement component (3b/4b) receptor 1-like
242355_at	1,77	4,53	2,57	CRAMP1L	Crn, cramped-like (Drosophila)
208593_x_at	6,13	14,48	2,36	CRHR1	corticotropin releasing hormone receptor 1
211510_s_at	2,43	5,90	2,42	CRHR2	corticotropin releasing hormone receptor 2
207802_at	144,52	339,95	2,35	CRISP3	cysteine-rich secretory protein 3
1555809_at	3,97	9,17	2,31	CRISPLD2	cysteine-rich secretory protein LCCL domain containing 2
213091_at	13,75	27,87	2,03	CRTC1	CREB regulated transcription coactivator 1
207587_at	2,88	9,95	3,45	CRYGA	crystallin, gamma A
1553082_at	2,35	5,62	2,39	CRYGN	crystallin, gamma N
207442_at	16,20	40,50	2,50	CSF3	colony stimulating factor 3 (granulocyte)
203591_s_at	13,83	30,47	2,20	CSF3R	colony stimulating factor 3 receptor (granulocyte)
1553297_a_at	58,73	131,25	2,23	CSF3R	colony stimulating factor 3 receptor (granulocyte)
1553405_a_at	3,40	14,73	4,33	CSMD1	CUB and Sushi multiple domains 1
207925_at	4,25	9,60	2,26	CST5	cystatin D
230829_at	2,38	7,62	3,20	CST9L	cystatin 9-like
210584_s_at	6,30	15,40	2,44	CTA-126B4.3 /// dj222E13.2 /// POLDIP3	CGI-96 protein /// polymerase (DNA-directed), delta interacting protein 3 /// similar to CGI-96
209101_at	81,32	273,40	3,36	CTGF	connective tissue growth factor
206085_s_at	5,38	12,73	2,37	CTH	cystathionase (cystathionine gamma-lyase)
225681_at	120,62	327,05	2,71	CTHRC1	collagen triple helix repeat containing 1
217366_at	1,75	5,80	3,31	CTNNA1	catenin (cadherin-associated protein), alpha 1, 102kDa
220815_at	2,43	5,72	2,35	CTNNA3	catenin (cadherin-associated protein), alpha 3
1554235_at	2,93	9,02	3,07	CTNNA3	catenin (cadherin-associated protein), alpha 3
227886_at	3,85	8,65	2,25	CTSD	cathepsin D
202295_s_at	286,73	661,23	2,31	CTSH	cathepsin H
202901_x_at	42,93	92,58	2,16	CTSS	cathepsin S
202902_s_at	114,75	253,58	2,21	CTSS	cathepsin S
205242_at	217,03	468,87	2,16	CXCL13	chemokine (C-X-C motif) ligand 13 (B-cell chemoattractant)
209774_x_at	90,75	204,93	2,26	CXCL2	chemokine (C-X-C motif) ligand 2
209201_x_at	32,55	80,63	2,48	CXCR4	chemokine (C-X-C motif) receptor 4
217028_at	54,72	178,10	3,25	CXCR4	chemokine (C-X-C motif) receptor 4
215142_at	2,52	8,45	3,36	CXorf27	chromosome X open reading frame 27
241538_at	2,05	9,40	4,59	CXorf30	chromosome X open reading frame 30
1554279_a_at	7,00	14,02	2,00	CXorf34	chromosome X open reading frame 34
215803_at	2,03	4,80	2,36	CXorf57	chromosome X open reading frame 57
1552872_at	1,97	6,25	3,18	CXYorf2	chromosome X and Y open reading frame 2
242902_at	8,27	21,53	2,60	CYMP	chymosin pseudogene
236694_at	55,02	115,77	2,10	CYorf15A	chromosome Y open reading frame 15A
220331_at	3,48	10,32	2,96	CYP46A1	cytochrome P450, family 46, subfamily A, polypeptide 1
210764_s_at	73,05	223,93	3,07	CYR61	cysteine-rich, angiogenic inducer, 61
201289_at	116,43	465,88	4,00	CYR61	cysteine-rich, angiogenic inducer, 61
220611_at	1,43	8,97	6,26	DAB1	disabled homolog 1 (Drosophila)
219179_at	3,92	11,75	3,00	DACT1	dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 1 (Xenopus laevis)

1562772_a_at	8,28	17,57	2,12	DAND5	DAN domain family, member 5
1555640_at	2,50	8,00	3,20	DAOA	D-amino acid oxidase activator
226953_at	1,50	3,35	2,23	DARC	Duffy blood group, chemokine receptor
220373_at	5,35	15,85	2,96	DCHS2	dachsous 2 (Drosophila)
216725_at	3,73	8,65	2,32	DCLK2	Doublecortin-like kinase 2
216724_at	2,52	12,23	4,86	DCLK2	Doublecortin-like kinase 2
205338_s_at	24,30	49,33	2,03	DCT	dopachrome tautomerase (dopachrome delta-isomerase, tyrosine-related protein 2)
216512_s_at	10,92	33,57	3,07	DCT	dopachrome tautomerase (dopachrome delta-isomerase, tyrosine-related protein 2)
205337_at	16,28	72,87	4,47	DCT	dopachrome tautomerase (dopachrome delta-isomerase, tyrosine-related protein 2)
1559953_at	2,67	5,62	2,11	DDX42	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 42
1555357_at	1,80	5,40	3,00	DDX53	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 53
205033_s_at	16,15	35,27	2,18	DEFA1 /// DEFA3 /// LOC728358	defensin, alpha 1 /// defensin, alpha 3, neutrophil-specific
1552412_a_at	1,20	5,28	4,40	DEFB106A /// DEFB106B	defensin, beta 106A /// defensin, beta 106B
231155_at	3,13	7,25	2,31	DEFB119	defensin, beta 119
1562167_a_at	2,88	6,15	2,13	DEFB122	defensin, beta 122
229772_at	2,20	8,77	3,98	DEFB123	defensin, beta 123
233160_at	5,18	10,40	2,01	DEFB129	defensin, beta 129
53991_at	11,32	23,75	2,10	DENND2A	DENN/MADD domain containing 2A
229719_s_at	3,17	10,08	3,18	DERL3	Der1-like domain family, member 3
229721_x_at	51,88	166,48	3,21	DERL3	Der1-like domain family, member 3
216285_at	2,90	7,17	2,47	DGCR14	DiGeorge syndrome critical region gene 14
215244_at	8,72	18,25	2,09	DGCR5	DiGeorge syndrome critical region gene 5 (non-coding)
216307_at	2,32	4,85	2,09	DGKB	diacylglycerol kinase, beta 90kDa
206395_at	4,60	11,12	2,42	DGKG	diacylglycerol kinase, gamma 90kDa
206463_s_at	5,25	12,08	2,30	DHRS2	dehydrogenase/reductase (SDR family) member 2
214079_at	2,20	6,75	3,07	DHRS2	dehydrogenase/reductase (SDR family) member 2
236844_at	3,38	7,08	2,09	DHX30	DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 30
1561132_at	2,10	7,72	3,67	DHX35	DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 35
1559039_at	4,37	9,67	2,21	DHX36	DEAH (Asp-Glu-Ala-His) box polypeptide 36
229579_s_at	3,38	7,77	2,30	DISP2	dispatched homolog 2 (Drosophila)
217219_at	2,55	6,80	2,67	DKFZP434A062	DKFZP434A062 protein
234905_at	5,27	10,75	2,04	DKFZP434H168	DKFZP434H168 protein
228270_at	5,13	10,82	2,11	DKFZp434j1015	hypothetical protein DKFZp434j1015
215002_at	3,23	6,70	2,07	DKFZp547E087 /// LOC100132247 /// LOC23117 /// LOC339047 /// LOC348162 /// LOC440345 /// LOC440350 /// LOC613037 /// LOC641298 /// LOC642778 /// LOC729602 /// LOC729978 /// LOC730153	KIAA0220-like protein /// hypothetical gene LOC283846 /// hypothetical protein LOC339047 /// hypothetical protein 348162 /// hypothetical protein LOC440345 /// similar to nuclear pore complex interacting protein /// nuclear pore complex interacting protein pseudogene /// PI-3-kinase-related kinase SMG-1 /// hypothetical LOC642778 /// similar to LOC339047 protein /// hypothetical LOC730153 /// similar to Uncharacterized protein KIAA0220
221594_at	6,93	14,90	2,15	DKFZP56400523	hypothetical protein DKFZp56400523
1559756_at	4,32	11,58	2,68	DKFZp667F0711	hypothetical protein DKFZp667F0711
233569_at	1,78	4,38	2,46	DKFZP761N09121	hypothetical protein DKFZp761N09121
220512_at	4,70	13,40	2,85	DLC1	deleted in liver cancer 1
1569600_at	2,18	4,60	2,11	DLEU2	Deleted in lymphocytic leukemia, 2
1566081_at	1,10	3,02	2,74	DLEU7	deleted in lymphocytic leukemia, 7
234776_at	0,97	2,65	2,74	DMBX1	diencephalon/mesencephalon homeobox 1

240313_at	2,55	7,22	2,83	DMRTB1	DMRT-like family B with proline-rich C-terminal, 1
234727_at	3,92	16,08	4,11	DNAH7	dynein, axonemal, heavy chain 7
223959_at	8,18	16,63	2,03	DNAL1	dynein, axonemal, light chain 1
227081_at	4,23	9,65	2,28	DNALI1	dynein, axonemal, light intermediate chain 1
237797_at	2,03	4,30	2,11	DNM1L	Dynamain 1-like
216024_at	1,47	9,60	6,55	DNM2	dynamain 2
1562969_at	2,12	6,08	2,87	DNMBP	dynamain binding protein
232973_at	2,43	5,65	2,32	DOCK1	Dedicator of cytokinesis 1
1561276_at	1,52	4,83	3,19	DOCK5	dedicator of cytokinesis 5
214559_at	2,20	4,97	2,26	DRD3	dopamine receptor D3
208215_x_at	0,98	5,80	5,90	DRD4	dopamine receptor D4
208430_s_at	4,95	10,75	2,17	DTNA	dystrobrevin, alpha
215565_at	13,18	61,00	4,63	DTNB	dystrobrevin, beta
219727_at	229,72	497,60	2,17	DUOX2	dual oxidase 2
201044_x_at	263,08	554,38	2,11	DUSP1	dual specificity phosphatase 1
204015_s_at	18,33	39,12	2,13	DUSP4	dual specificity phosphatase 4
241084_x_at	6,75	14,50	2,15	DYNC1H1	dynein, cytoplasmic 1, heavy chain 1
205348_s_at	14,13	28,32	2,00	DYNC1H1	dynein, cytoplasmic 1, intermediate chain 1
1554568_at	3,93	8,12	2,06	DYNLRB1	dynein, light chain, roadblock-type 1
235582_at	6,45	14,05	2,18	E2F2	E2F transcription factor 2
220392_at	5,58	11,35	2,03	EBF2	early B-cell factor 2
206758_at	11,03	22,28	2,02	EDN2	endothelin 2
211200_s_at	10,30	26,23	2,55	EFCAB2	EF-hand calcium binding domain 2
1553392_at	1,45	5,47	3,77	EFCAB3 /// LOC100133744	EF-hand calcium binding domain 3 /// similar to hypoxia-inducible protein 2
233345_at	4,08	12,52	3,07	EFCAB6	EF-hand calcium binding domain 6
1562815_at	3,65	11,23	3,08	EFCAB6	EF-hand calcium binding domain 6
1565483_at	13,65	42,28	3,10	EGFR	epidermal growth factor receptor (erythroblastic leukemia viral (v-erb-b) oncogene homolog, avian)
1565484_x_at	23,53	90,88	3,86	EGFR	epidermal growth factor receptor (erythroblastic leukemia viral (v-erb-b) oncogene homolog, avian)
205249_at	25,90	79,88	3,08	EGR2	early growth response 2 (Krox-20 homolog, Drosophila)
212225_at	51,62	110,22	2,14	EIF1	eukaryotic translation initiation factor 1
235289_at	7,53	16,83	2,23	EIF5A2	eukaryotic translation initiation factor 5A2
213712_at	9,65	22,97	2,38	ELOVL2	elongation of very long chain fatty acids (FEN1/Elo2, SUR4/Elo3, yeast)-like 2
219436_s_at	26,58	55,85	2,10	EMCN	endomucin
204163_at	3,42	12,85	3,76	EMILIN1	elastin microfibril interfacier 1
207111_at	9,05	20,25	2,24	EMR1	egf-like module containing, mucin-like, hormone receptor-like 1
215264_at	4,65	10,17	2,19	EMX1	empty spiracles homeobox 1
229088_at	3,70	9,18	2,48	ENPP1	ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1
209392_at	60,97	127,32	2,09	ENPP2	ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (autotaxin)
1552394_a_at	1,13	5,07	4,47	ENTHD1	ENTH domain containing 1
217245_at	3,82	8,27	2,17	EPAG	early lymphoid activation protein
222066_at	5,75	12,03	2,09	EPB41L1	Erythrocyte membrane protein band 4.1-like 1
1554629_at	8,30	19,27	2,32	EPHA7	EPH receptor A7
206852_at	12,93	30,22	2,34	EPHA7	EPH receptor A7
238533_at	28,15	66,47	2,36	EPHA7	EPH receptor A7

210753_s_at	6,83	20,05	2,93	EPHB1	EPH receptor B1
211165_x_at	1,63	3,57	2,18	EPHB2	EPH receptor B2
396_f_at	101,57	270,20	2,66	EPOR	erythropoietin receptor
1554272_at	0,82	3,32	4,06	ERAP2	endoplasmic reticulum aminopeptidase 2
224024_at	2,00	4,58	2,29	ERGIC1	endoplasmic reticulum-golgi intermediate compartment (ERGIC) 1
1558020_at	2,42	6,20	2,57	ERGIC3	ERGIC and golgi 3
211627_x_at	2,80	7,23	2,58	ESR1	estrogen receptor 1
217163_at	2,08	7,77	3,73	ESR1	estrogen receptor 1
211119_at	1,08	3,53	3,26	ESR2	estrogen receptor 2 (ER beta)
214447_at	9,10	20,02	2,20	ETS1	v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 1 (avian)
211742_s_at	63,03	139,50	2,21	EVI2B	ecotropic viral integration site 2B
227913_at	8,30	20,55	2,48	EXOSC3	Exosome component 3
1554844_at	2,42	6,42	2,66	EYA3	eyes absent homolog 3 (Drosophila)
1561088_at	1,27	3,88	3,07	EYA4	eyes absent homolog 4 (Drosophila)
207327_at	1,53	12,33	8,04	EYA4	eyes absent homolog 4 (Drosophila)
211310_at	1,40	8,05	5,75	EZH1	enhancer of zeste homolog 1 (Drosophila)
205620_at	6,68	14,73	2,20	F10	coagulation factor X
1563160_at	2,17	5,77	2,66	F11	coagulation factor XI (plasma thromboplastin antecedent)
204713_s_at	8,68	18,45	2,12	F5	coagulation factor V (proaccelerin, labile factor)
203980_at	139,48	359,68	2,58	FABP4	fatty acid binding protein 4, adipocyte
228428_at	4,55	13,50	2,97	FAM102A	Family with sequence similarity 102, member A
235465_at	5,00	11,17	2,23	FAM123A	family with sequence similarity 123A
214914_at	1,13	4,57	4,03	FAM13C1	family with sequence similarity 13, member C1
231570_at	2,92	5,95	2,04	FAM154A	family with sequence similarity 154, member A
1556158_at	0,75	6,00	8,00	FAM154B	family with sequence similarity 154, member B
214768_x_at	394,80	939,08	2,38	FAM20B	Family with sequence similarity 20, member B
220377_at	4,00	10,50	2,63	FAM30A	family with sequence similarity 30, member A
220306_at	17,03	49,88	2,93	FAM46C	family with sequence similarity 46, member C
226811_at	92,47	377,90	4,09	FAM46C	family with sequence similarity 46, member C
240426_at	2,80	7,88	2,82	FAM47B	family with sequence similarity 47, member B
217535_at	2,65	6,35	2,40	FAM49B	Family with sequence similarity 49, member B
236206_at	2,55	8,62	3,38	FAM53A	Family with sequence similarity 53, member A
217562_at	0,80	2,92	3,65	FAM5C	family with sequence similarity 5, member C
1570395_a_at	4,70	10,63	2,26	FAM66C	family with sequence similarity 66, member C
237320_at	5,50	11,57	2,10	FAM71F2	family with sequence similarity 71, member F2
241481_at	6,33	14,45	2,28	FAM81A	Family with sequence similarity 81, member A
240065_at	2,22	9,18	4,14	FAM81B	family with sequence similarity 81, member B
209955_s_at	30,12	61,40	2,04	FAP	fibroblast activation protein, alpha
227996_at	5,42	12,17	2,25	FARP1	FERM, RhoGEF (ARHGEF) and pleckstrin domain protein 1 (chondrocyte-derived)
207834_at	6,63	17,75	2,68	FBLN1	fibulin 1
202765_s_at	22,90	54,88	2,40	FBN1	fibrillin 1
241350_at	1,30	6,63	5,10	FBXL22	F-box and leucine-rich repeat protein 22
242829_x_at	28,07	59,48	2,12	FBXL3	F-box and leucine-rich repeat protein 3
239416_at	3,70	9,68	2,62	FBXL6	F-box and leucine-rich repeat protein 6

228427_at	12,28	29,68	2,42	FBX016	F-box protein 16
241762_at	4,12	11,08	2,69	FBX032	F-box protein 32
220164_s_at	1,45	3,70	2,55	FBX040	F-box protein 40
216951_at	2,32	5,10	2,20	FCGR1A	Fc fragment of IgG, high affinity Ia, receptor (CD64)
210889_s_at	48,15	110,67	2,30	FCGR2B	Fc fragment of IgG, low affinity IIb, receptor (CD32)
204007_at	54,07	129,40	2,39	FCGR3B	Fc fragment of IgG, low affinity IIIb, receptor (CD16b)
205237_at	20,20	43,93	2,17	FCN1	ficolin (collagen/fibrinogen domain containing) 1
1559577_at	1,82	5,48	3,02	FCN2	ficolin (collagen/fibrinogen domain containing lectin) 2 (hucolin)
221239_s_at	4,33	19,58	4,52	FCRL2	Fc receptor-like 2
224405_at	11,45	31,98	2,79	FCRL5	Fc receptor-like 5
224406_s_at	19,30	65,95	3,42	FCRL5	Fc receptor-like 5
224404_s_at	19,80	70,57	3,56	FCRL5	Fc receptor-like 5
231647_s_at	6,45	55,07	8,54	FCRL5	Fc receptor-like 5
235372_at	28,92	65,90	2,28	FCRLA	Fc receptor-like A
235401_s_at	5,87	17,02	2,90	FCRLA	Fc receptor-like A
235400_at	4,92	28,33	5,76	FCRLA	Fc receptor-like A
233972_s_at	1,33	5,62	4,21	FEZF2	FEZ family zinc finger 2
221086_s_at	1,35	6,43	4,77	FEZF2	FEZ family zinc finger 2
205649_s_at	2,30	5,30	2,30	FGA	fibrinogen alpha chain
215602_at	5,10	11,95	2,34	FGD2	FYVE, RhoGEF and PH domain containing 2
231762_at	2,27	4,63	2,04	FGF10	fibroblast growth factor 10
231382_at	7,20	15,08	2,09	FGF18	Fibroblast growth factor 18
211485_s_at	3,92	9,97	2,54	FGF18	fibroblast growth factor 18
206987_x_at	4,43	12,00	2,71	FGF18	fibroblast growth factor 18
1566814_at	5,20	10,68	2,05	FGF22	Fibroblast growth factor 22
221166_at	3,33	9,70	2,91	FGF23	fibroblast growth factor 23
211400_at	1,60	4,92	3,07	FGFR2	fibroblast growth factor receptor 2 (bacteria-expressed kinase, keratinocyte growth factor receptor, craniofacial dysostosis 1, Crouzon syndrome, Pfeiffer syndrome, Jackson-Weiss syndrome)
223648_s_at	2,65	7,42	2,80	FGFRL1	fibroblast growth factor receptor-like 1
219117_s_at	408,80	988,48	2,42	FKBP11	FK506 binding protein 11, 19 kDa
219118_at	155,33	385,12	2,48	FKBP11	FK506 binding protein 11, 19 kDa
242574_at	4,92	10,55	2,15	FKBP15	FK506 binding protein 15, 133kDa
222485_at	14,08	31,58	2,24	FKBP3	FK506 binding protein 3, 25kDa
223896_at	6,05	16,12	2,66	FKSG29	FKSG29
224271_x_at	11,33	29,03	2,56	FKSG43 /// FRMD8	FERM domain containing 8 /// FKSG43 gene
216460_at	4,72	9,80	2,08	FLJ00049	FLJ00049 protein
243047_at	7,07	15,57	2,20	FLJ10404	hypothetical protein FLJ10404
215187_at	4,17	10,97	2,63	FLJ11292	hypothetical protein FLJ11292
202851_at	4,58	10,82	2,36	FLJ11506	hypothetical protein FLJ11506
1570414_x_at	4,77	11,23	2,36	FLJ13197	hypothetical FLJ13197
220211_at	1,75	3,97	2,27	FLJ13224	hypothetical protein FLJ13224
220531_at	2,78	5,95	2,14	FLJ14126	hypothetical protein FLJ14126
1569076_a_at	3,27	8,63	2,64	FLJ16287	FLJ16287 protein
221119_at	10,42	25,08	2,41	FLJ20184	hypothetical protein FLJ20184

234627_at	3,47	8,45	2,44	FLJ21408	hypothetical gene supported by AK025061
220584_at	2,02	4,63	2,30	FLJ22184	hypothetical protein FLJ22184
222639_s_at	4,43	14,90	3,36	FLJ22662	hypothetical protein FLJ22662
233938_at	10,67	24,82	2,33	FLJ22675	hypothetical gene supported by AK026328
1553614_a_at	1,77	5,07	2,87	FLJ25694 /// LOC100128202	hypothetical protein FLJ25694 /// hypothetical protein LOC100128202
1557155_a_at	3,17	6,77	2,14	FLJ30375	Hypothetical gene supported by AK054937
1553357_at	3,67	7,77	2,12	FLJ30672	hypothetical protein FLJ30672
1569074_at	3,15	11,65	3,70	FLJ37078	hypothetical protein FLJ37078
243547_at	4,05	10,90	2,69	FLJ39639	hypothetical protein FLJ39639
1559311_at	8,70	20,43	2,35	FLJ40292	hypothetical LOC643210
231081_at	3,92	10,22	2,61	FLJ40298	hypothetical protein FLJ40298
1556183_at	26,82	73,68	2,75	FLJ40330	hypothetical LOC645784
1569040_s_at	11,22	80,58	7,18	FLJ40330 /// LOC730272	hypothetical LOC645784 /// similar to protein immuno-reactive with anti-PTH polyclonal antibodies
1553634_a_at	5,40	17,42	3,23	FLJ40852	hypothetical LOC285962
213912_at	7,03	17,57	2,50	FLJ41278 /// TBC1D30	TBC1 domain family, member 30 /// hypothetical gene supported by AK123272
244322_at	9,67	19,38	2,01	FLJ43663	Hypothetical LOC378805
1552302_at	4,22	10,00	2,37	FLJ77644 /// TMEM106A	transmembrane protein 106A /// similar to transmembrane protein 106A
235382_at	4,63	9,95	2,15	FLJ90650	laeverin
1558147_a_at	22,78	66,15	2,90	FLJ90757	hypothetical protein LOC440465
229902_at	8,10	20,43	2,52	FLT4	fms-related tyrosine kinase 4
1559244_at	2,65	7,42	2,80	FMN2	formin 2
211719_x_at	153,25	328,30	2,14	FN1	fibronectin 1
216442_x_at	131,25	288,67	2,20	FN1	fibronectin 1
212464_s_at	105,38	249,98	2,37	FN1	fibronectin 1
226930_at	13,83	29,25	2,11	FNDC1	fibronectin type III domain containing 1
242029_at	7,32	18,52	2,53	FNDC3B	Fibronectin type III domain containing 3B
202768_at	151,50	624,98	4,13	FOSB	FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog B
204667_at	6,23	14,20	2,28	FOXA1	forkhead box A1
1553613_s_at	38,72	92,72	2,39	FOXC1	forkhead box C1
228484_s_at	1,92	4,57	2,38	FOXO1	Forkhead box O1
242600_at	7,08	15,42	2,18	FRMD3	FERM domain containing 3
236688_at	10,80	25,93	2,40	FRMPD3	FERM and PDZ domain containing 3
215052_at	4,82	11,53	2,39	FRMPD4	FERM and PDZ domain containing 4
214489_at	2,45	13,83	5,65	FSHB	follicle stimulating hormone, beta polypeptide
233741_at	6,48	13,58	2,10	FTCD	formiminotransferase cyclodeaminase
1565715_at	7,47	14,95	2,00	FUS	Fusion (involved in t(12;16) in malignant liposarcoma)
207696_at	0,62	1,30	2,11	FUT9	fucosyltransferase 9 (alpha (1,3) fucosyltransferase)
216185_at	1,53	4,83	3,15	FUT9	Fucosyltransferase 9 (alpha (1,3) fucosyltransferase)
211794_at	5,63	13,03	2,31	FYB	FYN binding protein (FYB-120/130)
1557030_at	5,27	11,40	2,16	GAB1	GRB2-associated binding protein 1
230255_at	1,35	3,85	2,85	GABRD	gamma-aminobutyric acid (GABA) A receptor, delta
205044_at	1,37	2,75	2,01	GABRP	gamma-aminobutyric acid (GABA) A receptor, pi
243265_at	1,58	4,30	2,72	GAD2	glutamate decarboxylase 2 (pancreatic islets and brain, 65kDa)
1555726_at	1,52	3,68	2,43	GAF3	FGF-2 activity-associated protein 3

237183_at	23,33	51,07	2,19	GALNT5	UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 5 (GalNAc-T5)
220821_at	2,90	7,37	2,54	GALR1	galanin receptor 1
1566269_at	2,38	6,08	2,55	GARNL1	GTPase activating Rap/RanGAP domain-like 1
210446_at	13,25	26,92	2,03	GATA1	GATA binding protein 1 (globin transcription factor 1)
243692_at	6,03	13,08	2,17	GATA4	GATA binding protein 4
242634_at	2,32	9,83	4,24	GATAD1	GATA zinc finger domain containing 1
238581_at	11,02	25,20	2,29	GBP5	guanylate binding protein 5
210565_at	6,83	14,90	2,18	GCGR	glucagon receptor
234540_at	2,50	6,47	2,59	GCNT7	glucosaminyl (N-acetyl) transferase family member 7
229868_s_at	1,95	4,35	2,23	GDF15	Growth differentiation factor 15
228514_at	2,08	5,35	2,57	GFER	Growth factor, augments of liver regeneration (ERV1 homolog, <i>S. cerevisiae</i>)
205582_s_at	2,92	9,38	3,22	GGT5	gamma-glutamyltransferase 5
211544_s_at	9,42	18,95	2,01	GHRHR	growth hormone releasing hormone receptor
237647_at	4,82	11,03	2,29	GHRL	Ghrelin/obestatin preprohormone
207899_at	2,60	6,82	2,62	GIP	gastric inhibitory polypeptide
1553044_at	5,47	12,32	2,25	GJA10	gap junction protein, alpha 10, 62kDa
205491_s_at	3,83	10,27	2,68	GJB3	gap junction protein, beta 3, 31kDa
220191_at	3,00	6,03	2,01	GKN1	gastrokine 1
214085_x_at	138,05	322,62	2,34	GLIPR1	GLI pathogenesis-related 1 (glioma)
204222_s_at	104,67	271,97	2,60	GLIPR1	GLI pathogenesis-related 1 (glioma)
204221_x_at	49,25	133,53	2,71	GLIPR1	GLI pathogenesis-related 1 (glioma)
208400_at	8,58	17,50	2,04	GLP1R	glucagon-like peptide 1 receptor
207928_s_at	2,08	4,65	2,23	GLRA3	glycine receptor, alpha 3
1564707_x_at	3,50	7,30	2,09	GLS2	glutaminase 2 (liver, mitochondrial)
1564705_at	1,02	3,90	3,84	GLS2	glutaminase 2 (liver, mitochondrial)
230971_x_at	2,55	8,88	3,48	GLTPD2	glycolipid transfer protein domain containing 2
222083_at	2,37	5,38	2,27	GLYAT	glycine-N-acyltransferase
208000_at	10,13	25,47	2,51	GML	glycosylphosphatidylinositol anchored molecule like protein
231951_at	50,05	119,53	2,39	GNAO1	guanine nucleotide binding protein (G protein), alpha activating activity polypeptide 0
205042_at	94,30	196,58	2,08	GNE	glucosamine (UDP-N-acetyl)-2-epimerase/N-acetylmannosamine kinase
220806_x_at	1,62	6,25	3,87	GNG13	guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 13
214997_at	6,80	14,38	2,12	GOLGA1	Golgi autoantigen, golgin subfamily a, 1
239159_at	12,30	28,25	2,30	GOSR2	Golgi SNAP receptor complex member 2
1553879_a_at	5,47	12,37	2,26	GOT1L1	glutamic-oxaloacetic transaminase 1-like 1
214325_at	4,07	9,73	2,39	GP2	glycoprotein 2 (zymogen granule membrane)
205929_at	5,08	17,85	3,51	GPA33	glycoprotein A33 (transmembrane)
223730_at	3,00	11,25	3,75	GPC6	glypican 6
222227_at	2,62	5,40	2,06	GPED	G protein-coupled estrogen receptor 1
220265_at	4,55	9,72	2,14	GPR107	G protein-coupled receptor 107
238689_at	88,45	180,15	2,04	GPR110	G protein-coupled receptor 110
220907_at	7,93	24,23	3,05	GPR110	G protein-coupled receptor 110
1556039_s_at	5,30	11,32	2,14	GPR173	G protein-coupled receptor 173
207183_at	5,70	11,57	2,03	GPR19	G protein-coupled receptor 19
221288_at	0,90	2,12	2,35	GPR22	G protein-coupled receptor 22

214467_at	13,35	36,57	2,74	GPR65	G protein-coupled receptor 65
220404_at	4,53	12,53	2,76	GPR97	G protein-coupled receptor 97
228313_at	1,43	3,68	2,57	GPRC5B	G protein-coupled receptor, family C, group 5, member B
229922_at	4,93	10,45	2,12	GPRIN1	G protein regulated inducer of neurite outgrowth 1
206620_at	2,55	7,25	2,84	GRAP	GRB2-related adaptor protein
1570186_at	2,68	7,68	2,86	GRASPOS	GRP1-associated scaffold protein opposite strand
241172_at	4,05	8,82	2,18	GRIA2	glutamate receptor, ionotropic, AMPA 2
205358_at	1,07	2,90	2,72	GRIA2	glutamate receptor, ionotropic, AMPA 2
207454_at	1,25	2,85	2,28	GRIK3	glutamate receptor, ionotropic, kainate 3
210600_s_at	2,40	4,93	2,06	GRK4	G protein-coupled receptor kinase 4
1569949_at	6,70	18,70	2,79	GRK5	G protein-coupled receptor kinase 5
207548_at	2,60	5,70	2,19	GRM7	glutamate receptor, metabotropic 7
1552338_at	0,77	1,57	2,04	GSC	goosecoid homeobox
234791_at	3,23	12,20	3,77	GSX1	GS homeobox 1
1557289_s_at	2,92	6,58	2,26	GTF2IRD2	GTF2I repeat domain containing 2
1568822_at	2,60	8,65	3,33	GTPBP5	GTP binding protein 5 (putative)
223928_s_at	2,33	6,47	2,77	GUCA1C	guanylate cyclase activator 1C
211820_x_at	3,58	8,40	2,34	GYPA	glycophorin A (MNS blood group)
1561136_at	5,40	11,02	2,04	GYPE	glycophorin E
236876_at	4,92	10,95	2,23	H1FNT	H1 histone family, member N, testis-specific
1553064_at	3,20	7,22	2,26	H1FOO	H1 histone family, member O, oocyte-specific
214412_at	1,70	6,47	3,80	H2AFB1 /// H2AFB2 /// H2AFB3	H2A histone family, member B3 /// H2A histone family, member B2 /// H2A histone family, member B1
244865_at	9,32	19,50	2,09	HAX1	HCLS1 associated protein X-1
216063_at	6,57	13,62	2,07	HBBP1	hemoglobin, beta pseudogene 1
217683_at	6,20	21,50	3,47	HBE1	Hemoglobin, epsilon 1
220807_at	3,10	7,38	2,38	HBQ1	hemoglobin, theta 1
232848_at	1,05	3,82	3,63	hCG_1795283	hCG1818123
238900_at	8,32	17,52	2,11	hCG_1998957 /// HLA-DQB1 /// HLA-DQB2 /// HLA-DRB1 /// HLA-DRB2 /// HLA-DRB3 /// HLA-DRB4 /// HLA-DRB5 /// LOC100133484 /// LOC100133583 /// LOC100133661 /// LOC100133811 /// LOC730415 /// RNASE2 /// ZNF749	major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1 /// major histocompatibility complex, class II, DQ beta 2 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 1 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 2 (pseudogene) /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 3 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 4 /// major histocompatibility complex, class II, DR beta 5 /// ribonuclease, RNase A family, 2 (liver, eosinophil-derived neurotoxin) /// zinc finger protein 749 /// hypothetical protein LOC730415 /// similar to Major histocompatibility complex, class II, DR beta 4 /// similar to major histocompatibility complex, class II, DQ beta 1 /// similar to HLA class II histocompatibility antigen, DR-W53 beta chain /// similar to hCG1992647
1564548_at	4,53	11,83	2,61	hCG_1999814	hCG1999814
1556959_at	22,20	51,78	2,33	hCG_2007354	hCG2007354
208287_at	9,35	22,15	2,37	HCG9	HLA complex group 9
207393_at	3,97	10,35	2,61	HCRTR2	hypocretin (orexin) receptor 2
205659_at	23,98	50,25	2,10	HDAC9	histone deacetylase 9
213069_at	257,95	531,35	2,06	HEG1	HEG homolog 1 (zebrafish)
243809_at	4,15	9,73	2,35	HEL308	DNA helicase HEL308
234040_at	2,15	6,40	2,98	HELLS	helicase, lymphoid-specific
203903_s_at	46,77	98,52	2,11	HEPH	hephaestin
228621_at	3,30	7,02	2,13	HFE2	hemochromatosis type 2 (juvenile)
210998_s_at	2,77	6,87	2,48	HGF	hepatocyte growth factor (hepapoietin A; scatter factor)
1556564_at	2,28	15,78	6,91	HHIPL1	HHIP-like 1

208461_at	2,93	7,77	2,65	HIC1	hypermethylated in cancer 1
230218_at	4,92	14,28	2,91	HIC1	hypermethylated in cancer 1
222124_at	7,78	16,98	2,18	HIF3A	hypoxia inducible factor 3, alpha subunit
232669_at	1,77	5,22	2,95	HIF3A	Hypoxia inducible factor 3, alpha subunit
1569560_at	2,85	6,67	2,34	HIRA	HIR histone cell cycle regulation defective homolog A (S. cerevisiae)
207226_at	2,30	5,43	2,36	HIST1H2BN	histone cluster 1, H2bn
214562_at	2,92	8,00	2,74	HIST1H4L	histone cluster 1, H4l
206247_at	23,93	48,48	2,03	HLA-B /// HLA-C /// MICA /// MICB /// XXbac- BPG181B23.1	major histocompatibility complex, class I, B /// major histocompatibility complex, class I, C /// MHC class I polypeptide-related sequence A /// MHC class I polypeptide-related sequence B
216517_at	21,60	77,52	3,59	HLA-C /// IGKC /// IGKV1-5 /// LOC100130100 /// LOC647506 /// LOC650405 /// LOC652493 /// LOC652694	major histocompatibility complex, class I, C /// immunoglobulin kappa constant /// immunoglobulin kappa variable 1-5 /// similar to Ig kappa chain V-I region HK101 precursor /// similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor /// similar to hCG26659
211142_x_at	5,78	13,23	2,29	HLA-DOA	major histocompatibility complex, class II, DO alpha
205671_s_at	34,63	75,45	2,18	HLA-DOB	major histocompatibility complex, class II, DO beta
215666_at	5,08	21,43	4,22	HLA-DRB4	major histocompatibility complex, class II, DR beta 4
207833_s_at	6,55	20,65	3,15	HLCS	holocarboxylase synthetase (biotin-(propionyl-Coenzyme A-carboxylase (ATP-hydrolysing)) ligase)
214438_at	11,55	23,12	2,00	HLX	H2.0-like homeobox
1557148_at	7,97	16,28	2,04	HM13	Histocompatibility (minor) 13
1563532_at	2,55	7,18	2,82	HMCN2	hemicentin 2
204607_at	7,00	21,08	3,01	HMGCS2	3-hydroxy-3-methylglutaryl-Coenzyme A synthase 2 (mitochondrial)
231060_at	0,67	4,67	7,00	HNRNPAB	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B
205183_at	1,15	5,55	4,83	HNRNPD	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D (AU-rich element RNA binding protein 1, 37kDa)
1566140_at	70,07	141,05	2,01	HOPX	HOP homeobox
206847_s_at	3,83	13,92	3,63	HOXA7	homeobox A7
208224_at	4,25	15,88	3,74	HOXB1	homeobox B1
205366_s_at	1,82	5,18	2,85	HOXB6	homeobox B6
206601_s_at	4,28	11,92	2,78	HOXD3	homeobox D3
206602_s_at	2,25	8,43	3,75	HOXD3	homeobox D3
208470_s_at	1,97	4,50	2,29	HP /// HPR	haptoglobin /// haptoglobin-related protein
206024_at	1,33	4,68	3,51	HPD	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase
210013_at	3,87	21,98	5,69	HPX	hemopexin
216879_at	3,38	7,42	2,19	HR44	Hr44 antigen
216872_at	2,28	6,25	2,74	HR44	Hr44 antigen
213991_s_at	2,65	6,57	2,48	HS3ST1	Heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 1
205465_x_at	11,57	31,82	2,75	HS3ST1	heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 1
206985_at	6,77	15,63	2,31	HSD17B3	hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 3
210977_s_at	7,13	15,23	2,14	HSF4	heat shock transcription factor 4
210189_at	7,07	20,15	2,85	HSPA1L	heat shock 70kDa protein 1-like
233057_at	36,93	74,50	2,02	HSPB8	heat shock 22kDa protein 8
209327_s_at	4,68	12,27	2,62	HSPC111	hypothetical protein HSPC111
206786_at	1,22	2,77	2,27	HTN3	histatin 3
207368_at	1,38	5,38	3,89	HTR1D	5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 1D
206638_at	2,22	6,00	2,71	HTR2B	5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2B
221352_at	6,28	13,77	2,19	HUMBINDC	DNA binding protein for surfactant protein B
220098_at	4,27	8,60	2,02	HYDIN /// HYDIN2	hydrocephalus inducing homolog (mouse) /// hydrocephalus inducing homolog 2 (mouse)

204683_at	27,27	56,17	2,06	ICAM2	intercellular adhesion molecule 2
201610_at	4,98	10,43	2,09	ICMT	isoprenylcysteine carboxyl methyltransferase
210439_at	1,58	4,88	3,08	ICOS	inducible T-cell co-stimulator
210911_at	3,42	14,45	4,23	ID2B	inhibitor of DNA binding 2B, dominant negative helix-loop-helix protein
208344_x_at	7,58	27,60	3,64	IFNA1 /// IFNA13	interferon, alpha 1 /// interferon, alpha 13
244585_at	5,93	17,23	2,90	IFT140	intraflagellar transport 140 homolog (Chlamydomonas)
209542_x_at	10,07	23,18	2,30	IGF1	insulin-like growth factor 1 (somatomedin C)
202409_at	99,68	215,77	2,16	IGF2	insulin-like growth factor 2 (somatomedin A)
216493_s_at	7,77	15,85	2,04	IGF2BP3 /// LOC645468	insulin-like growth factor 2 mRNA binding protein 3 /// similar to putative RNA binding protein KOC
213910_at	5,17	13,83	2,68	IGFBP7	insulin-like growth factor binding protein 7
214916_x_at	226,60	686,77	3,03	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHD /// IGHG1 /// IGHG2 /// IGHG3 /// IGHM /// IGHV4-31 /// IGHV@ /// LOC100126583 /// LOC100133739	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 2 (G2m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable group /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// hypothetical LOC100126583 /// similar to hCG2038920
211639_x_at	100,58	284,70	2,83	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHD /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHG4 /// IGHM /// IGHV4-31 /// LOC100126583 /// LOC100133739 /// LOC100134331 /// LOC642131 /// LOC652128	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 4 (G4m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// similar to hCG1812074 /// similar to Ig heavy chain V-II region ARH-77 precursor /// hypothetical LOC100126583 /// similar to hCG2038920
217217_at	10,45	25,63	2,45	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHD /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHG4 /// IGHM /// IGHV4-31 /// LOC100126583 /// LOC100134331 /// LOC642131 /// LOC652128	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 4 (G4m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// similar to hCG1812074 /// similar to Ig heavy chain V-II region ARH-77 precursor /// hypothetical LOC100126583
211637_x_at	171,53	463,35	2,70	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHD /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHG4 /// IGHM /// IGHV4-31 /// LOC100126583 /// LOC100134331 /// LOC642131 /// LOC652128	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 4 (G4m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// similar to hCG1812074 /// similar to Ig heavy chain V-II region ARH-77 precursor /// hypothetical LOC100126583
217236_x_at	64,65	192,68	2,98	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHD /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHG4 /// IGHM /// IGHV4-31 /// LOC100126583 /// LOC100134331 /// LOC642131 /// LOC652128	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 4 (G4m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// similar to hCG1812074 /// similar to Ig heavy chain V-II region ARH-77 precursor /// hypothetical LOC100126583
211835_at	2,23	12,58	5,63	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHD /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHG4 /// IGHM /// IGHV4-31 /// LOC100126583 /// LOC100134331 /// LOC642131 /// LOC652128	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 4 (G4m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// similar to hCG1812074 /// similar to Ig heavy chain V-II region ARH-77 precursor /// hypothetical LOC100126583
217281_x_at	148,03	581,07	3,93	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHG1 /// IGHG2 /// IGHG3 /// IGHM /// IGHV4-31 /// LOC100126583 /// LOC100133739 /// LOC652494	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 2 (G2m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable 4- 31 /// similar to Ig heavy chain V-III region VH26 precursor /// hypothetical LOC100126583 /// similar to hCG2038920
211635_x_at	56,02	269,18	4,81	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHM /// IGHV4-31 /// IGHV7-81 /// LOC100133739 /// LOC642131	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable 7- 81 /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// similar to hCG1812074 /// similar to hCG2038920
211649_x_at	33,87	106,57	3,15	IGH@ /// IGHA1 /// IGHA2 /// IGHG1 /// IGHM /// LOC642131	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant alpha 2 (A2m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// similar to hCG1812074
234419_x_at	18,40	66,20	3,60	IGH@ /// IGHA1 /// IGHD /// IGHG1 /// IGHM /// IGHV@ /// LOC100133739	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable group /// similar to hCG2038920
217198_x_at	37,70	97,68	2,59	IGH@ /// IGHD /// IGHG1 /// LOC100134331 ///	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// similar to

				LOC642131 /// LOC652128	hCG1812074 /// similar to Ig heavy chain V-II region ARH-77 precursor
228518_at	8,87	34,03	3,84	IGH@ /// IGHG1 /// IGHM	immunoglobulin heavy locus /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu
211650_x_at	169,98	528,95	3,11	IGHA1 /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHM /// IGHV4-31 /// IGHV@ /// LOC100126583	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable group /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// hypothetical LOC100126583
216706_x_at	2,80	11,55	4,13	IGHA1 /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHM	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu
216510_x_at	262,32	931,68	3,55	IGHA1 /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHM /// IGHV4-31 /// IGHV@	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant delta /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable group /// immunoglobulin heavy variable 4-31
216557_x_at	294,85	732,52	2,48	IGHA1 /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHM /// IGHV4-31 /// IGHV@ /// LOC100133739	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable group /// immunoglobulin heavy variable 4-31 /// similar to hCG2038920
217360_x_at	32,03	70,65	2,21	IGHA1 /// IGHG1 /// IGHG3 /// IGHM /// LOC652494	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant gamma 3 (G3m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// similar to Ig heavy chain V-III region VH26 precursor
217084_at	7,07	22,92	3,24	IGHA1 /// IGHG1 /// IGHM /// IGHV4-31 /// IGHV@	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy constant mu /// immunoglobulin heavy variable group /// immunoglobulin heavy variable 4-31
216542_x_at	195,85	456,33	2,33	IGHA1 /// IGHG1 /// IGHV@	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// immunoglobulin heavy variable group
211640_x_at	30,88	109,45	3,54	IGHA1 /// IGHG1 /// LOC100133862	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// similar to hCG1773549
216541_x_at	21,38	86,33	4,04	IGHA1 /// IGHG1 /// LOC100133862	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// similar to hCG1773549
211648_at	4,95	21,52	4,35	IGHA1 /// IGHG1 /// LOC100133862	immunoglobulin heavy constant alpha 1 /// immunoglobulin heavy constant gamma 1 (G1m marker) /// similar to hCG1773549
217260_x_at	11,65	28,98	2,49	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
211908_x_at	139,53	351,83	2,52	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
240915_at	9,53	24,05	2,52	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
234390_x_at	10,98	28,05	2,55	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
211633_x_at	96,75	278,47	2,88	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
216892_at	13,62	52,42	3,85	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
211878_at	2,37	12,90	5,45	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
1561937_x_at	73,90	408,95	5,53	IGHG1	Immunoglobulin heavy constant mu
217035_at	10,85	30,80	2,84	IGHG1 /// LOC642131	Similar to hCG1812074 /// Immunoglobulin heavy constant mu
216491_x_at	203,42	578,22	2,84	IGHM	immunoglobulin heavy constant mu
209374_s_at	319,02	1168,68	3,66	IGHM	immunoglobulin heavy constant mu
211634_x_at	179,52	636,03	3,54	IGHM /// LOC100133862	immunoglobulin heavy constant mu /// similar to hCG1773549
215949_x_at	113,15	271,10	2,40	IGHM /// LOC652494	immunoglobulin heavy constant mu /// similar to Ig heavy chain V-III region VH26 precursor
216829_at	21,28	111,33	5,23	IGK@ /// IGKC /// IGKV1-5 /// LOC647506 /// LOC652694	immunoglobulin kappa constant /// immunoglobulin kappa variable 1-5 /// immunoglobulin kappa locus /// similar to Ig kappa chain V-I region HK101 precursor /// similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor
211644_x_at	930,70	2488,62	2,67	IGK@ /// IGKC /// IGKV3-20 /// IGKV3D-11 /// IGKV3D-15	immunoglobulin kappa constant /// immunoglobulin kappa variable 3D-15 /// immunoglobulin kappa variable 3D-11 /// immunoglobulin kappa variable 3-20 /// immunoglobulin kappa locus
217157_x_at	180,97	781,80	4,32	IGK@ /// IGKC /// LOC647506 /// LOC650405 /// LOC652493	immunoglobulin kappa constant /// immunoglobulin kappa locus /// similar to Ig kappa chain V-I region HK101 precursor /// similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor
217145_at	14,92	41,78	2,80	IGK@ /// IGKC /// LOC647506 /// LOC652694	immunoglobulin kappa constant /// immunoglobulin kappa locus /// similar to Ig kappa chain V-I region HK101 precursor /// similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor
211643_x_at	397,92	1637,30	4,11	IGK@ /// IGKV3-20 /// IGKV3D-11 /// IGKV3D-15	immunoglobulin kappa variable 3D-15 /// immunoglobulin kappa variable 3D-11 /// immunoglobulin kappa variable 3-20 /// immunoglobulin kappa locus
214669_x_at	1775,12	3950,70	2,23	IGKC	Netrin 2-like (chicken)
214836_x_at	1100,88	3586,28	3,26	IGKC	immunoglobulin kappa constant
216207_x_at	663,15	2480,68	3,74	IGKC /// IGKV1-5 /// LOC100130100 /// LOC647506 /// LOC650405 /// LOC652493 /// LOC652694	immunoglobulin kappa constant /// immunoglobulin kappa variable 1-5 /// similar to Ig kappa chain V-I region HK101 precursor /// similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor /// similar to hCG26659
216576_x_at	386,50	1701,32	4,40	IGKC /// IGKV1-5 /// LOC647506 /// LOC652694	immunoglobulin kappa constant /// immunoglobulin kappa variable 1-5 /// similar to Ig kappa chain V-I region HK101 precursor /// similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor

214777_at	253,77	1751,32	6,90	IGKV4-1	immunoglobulin kappa variable 4-1
211655_at	9,53	19,23	2,02	IGL@	Immunoglobulin lambda joining 3
234366_x_at	202,22	438,45	2,17	IGL@	immunoglobulin lambda locus
216573_at	14,55	40,10	2,76	IGL@	immunoglobulin lambda locus
215214_at	123,03	408,55	3,32	IGL@	Immunoglobulin lambda joining 3
234851_at	25,40	92,35	3,64	IGL@	Immunoglobulin lambda joining 3
217227_x_at	130,77	561,50	4,29	IGL@	immunoglobulin lambda locus
217148_x_at	804,47	3621,40	4,50	IGL@	Immunoglobulin lambda joining 3
217258_x_at	73,82	333,63	4,52	IGL@	immunoglobulin lambda locus
217138_x_at	4,83	22,58	4,67	IGL@	Immunoglobulin lambda joining 3
224342_x_at	111,83	659,07	5,89	IGL@	immunoglobulin lambda locus
216412_x_at	39,70	245,65	6,19	IGL@	immunoglobulin lambda locus
216430_x_at	17,08	108,58	6,36	IGL@	immunoglobulin lambda locus
230128_at	7,93	56,40	7,11	IGL@	Immunoglobulin lambda joining 3
216560_x_at	86,00	833,47	9,69	IGL@	immunoglobulin lambda locus
217235_x_at	386,42	1723,42	4,46	IGL@ /// IGLC1 /// IGLV2-11 /// IGLV2-18 /// IGLV2-23	immunoglobulin lambda locus /// immunoglobulin lambda constant 1 (Mcg marker) /// immunoglobulin lambda variable 2-23 /// immunoglobulin lambda variable 2-18 /// immunoglobulin lambda variable 2-11
234350_at	24,37	85,55	3,51	IGL@ /// IGLC1 /// IGLV3-12 /// IGLV3-21	immunoglobulin lambda locus /// immunoglobulin lambda constant 1 (Mcg marker) /// immunoglobulin lambda variable 3-21 /// immunoglobulin lambda variable 3-12
234764_x_at	528,43	1114,10	2,11	IGL@ /// IGLV1-36 /// IGLV1-44 /// IL8	immunoglobulin lambda locus /// interleukin 8 /// immunoglobulin lambda variable 1-44 /// immunoglobulin lambda variable 1-36
216846_at	8,23	43,23	5,25	IGL@ /// IGLV2-18 /// IGLV3-19	immunoglobulin lambda locus /// immunoglobulin lambda variable 3-19 /// immunoglobulin lambda variable 2-18
216365_x_at	65,75	316,08	4,81	IGL@ /// IGLV3-19	immunoglobulin lambda locus /// immunoglobulin lambda variable 3-19
234884_x_at	121,75	423,83	3,48	IGL@ /// RPL14	Immunoglobulin lambda variable group /// Immunoglobulin lambda joining 3
211881_x_at	184,43	794,02	4,31	IGLJ3	immunoglobulin lambda joining 3
211798_x_at	249,35	1102,03	4,42	IGLJ3	immunoglobulin lambda joining 3
215946_x_at	624,73	4582,12	7,33	IGLL3	immunoglobulin lambda-like polypeptide 3
234707_x_at	6,67	20,93	3,14	IGLV1-44	immunoglobulin lambda variable 1-44
216984_x_at	636,67	3103,83	4,88	IGLV2-11 /// IGLV2-18 /// IGLV2-23	immunoglobulin lambda variable 2-23 /// immunoglobulin lambda variable 2-18 /// immunoglobulin lambda variable 2-11
216853_x_at	135,63	491,02	3,62	IGLV3-19	immunoglobulin lambda variable 3-19
215035_at	5,78	20,38	3,52	IGLV6-57	immunoglobulin lambda variable 6-57
1565816_at	2,40	7,75	3,23	IKZF1	Hypothetical protein LOC100132224
221092_at	3,08	8,18	2,65	IKZF3	IKAROS family zinc finger 3 (Aiolos)
209827_s_at	37,40	89,90	2,40	IL16	interleukin 16 (lymphocyte chemoattractant factor)
220273_at	2,28	6,23	2,73	IL17B	interleukin 17B
206618_at	8,85	18,72	2,11	IL18R1	interleukin 18 receptor 1
220745_at	33,87	82,18	2,43	IL19	interleukin 19
39402_at	212,63	443,43	2,09	IL1B	interleukin 1, beta
205067_at	145,93	325,22	2,23	IL1B	interleukin 1, beta
216245_at	15,63	31,75	2,03	IL1RN	interleukin 1 receptor antagonist
219971_at	4,08	8,38	2,05	IL21R	interleukin 21 receptor
206148_at	4,30	12,70	2,95	IL3RA	interleukin 3 receptor, alpha (low affinity)
205207_at	23,53	64,80	2,75	IL6	interleukin 6 (interferon, beta 2)
243977_at	7,72	19,70	2,55	IL6 /// LOC541472	interleukin 6 (interferon, beta 2) /// hypothetical LOC541472
1553545_at	1,42	3,25	2,29	ILDR1	immunoglobulin-like domain containing receptor 1
232041_at	7,32	21,83	2,98	INADL	InaD-like (Drosophila)

222535_at	1,62	3,87	2,39	INF2	inverted formin, FH2 and WH2 domain containing
210511_s_at	9,37	30,27	3,23	INHBA	inhibin, beta A
221091_at	3,08	9,65	3,13	INSL5	insulin-like 5
221403_s_at	3,17	7,75	2,45	INSL6	insulin-like 6
1569254_s_at	3,85	9,27	2,41	INTS4	integrator complex subunit 4
216135_at	2,15	7,37	3,43	IQCK	IQ motif containing K
204562_at	34,67	120,62	3,48	IRF4	interferon regulatory factor 4
205468_s_at	2,72	9,15	3,37	IRF5	interferon regulatory factor 5
214265_at	12,73	27,17	2,13	ITGA8	integrin, alpha 8
210184_at	7,17	20,25	2,83	ITGAX	integrin, alpha X (complement component 3 receptor 4 subunit)
219829_at	2,50	5,45	2,18	ITGB1BP2	integrin beta 1 binding protein (melusin) 2
214020_x_at	201,60	416,85	2,07	ITGB5	Integrin, beta 5
242982_x_at	5,97	12,50	2,09	ITGB8	integrin, beta 8
221004_s_at	52,82	131,65	2,49	ITM2C	integral membrane protein 2C
217710_x_at	3,03	6,75	2,23	ITPK1	inositol 1,3,4-triphosphate 5/6 kinase
1554196_at	0,62	1,73	2,81	IZUMO1	izumo sperm-egg fusion 1
239695_at	4,05	10,87	2,68	JAK1	Janus kinase 1 (a protein tyrosine kinase)
205889_s_at	5,37	10,92	2,03	JAKMIP2	janus kinase and microtubule interacting protein 2
219213_at	46,00	97,43	2,12	JAM2	junctional adhesion molecule 2
230007_at	3,18	6,98	2,19	JMJD1C	jumonji domain containing 1C
229578_at	7,42	17,05	2,30	JPH2	junctophilin 2
229853_at	3,22	8,98	2,79	KAL1	Kallmann syndrome 1 sequence
1565832_at	3,47	7,55	2,18	KANK1	KN motif and ankyrin repeat domains 1
1555673_at	14,18	38,20	2,69	KAP2.1B /// KRTAP2-1 /// KRTAP2-4 /// LOC644350 /// LOC728285 /// LOC728934 /// LOC730755	keratin associated protein 2-1 /// keratin associated protein 2-4 /// keratin associated protein 2.1B /// hypothetical LOC644350 /// similar to keratin associated protein /// hypothetical LOC728934 /// similar to keratin associated protein 2-4
234232_at	6,95	17,93	2,58	KBTBD2	kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 2
1555044_a_at	1,13	5,22	4,60	KBTBD5	kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 5
208123_at	4,02	9,57	2,38	KCNB2	potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 2
230547_at	1,08	4,05	3,74	KCNC1	potassium voltage-gated channel, Shaw-related subfamily, member 1
242502_at	1,62	5,28	3,27	KCNH5	potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 5
211045_s_at	1,67	7,82	4,69	KCNH6	potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 6
1552742_at	4,70	11,40	2,43	KCNH8	potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 8
221307_at	8,25	17,65	2,14	KCNIP1	Kv channel interacting protein 1
221321_s_at	4,67	13,18	2,83	KCNIP2	Kv channel interacting protein 2
1555694_a_at	19,77	39,75	2,01	KCNIP3	Kv channel interacting protein 3, calsenilin
224530_s_at	2,10	4,98	2,37	KCNIP4	Kv channel interacting protein 4
240591_at	5,12	13,52	2,64	KCNIP4	Kv channel interacting protein 4
210403_s_at	2,08	5,00	2,40	KCNJ1	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 1
231740_at	2,77	6,88	2,49	KCNJ11	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 11
211451_s_at	1,88	4,08	2,17	KCNJ4	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 4
208397_x_at	3,50	27,30	7,80	KCNJ5	potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 5
220540_at	1,05	2,15	2,05	KCNK15	potassium channel, subfamily K, member 15
205903_s_at	5,93	23,67	3,99	KCNN3	potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, member 3
205902_at	2,03	6,78	3,34	KCNN3 /// LOC100133958	potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, member 3 /// similar to small conductance calcium-activated

					potassium channel protein 3
223891_at	2,83	7,97	2,81	KCNQ5	potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 5
220294_at	2,22	4,45	2,01	KCNV1	potassium channel, subfamily V, member 1
203934_at	46,72	97,67	2,09	KDR	kinase insert domain receptor (a type III receptor tyrosine kinase)
206478_at	26,35	67,50	2,56	KIAA0125	KIAA0125
206017_at	2,93	6,60	2,25	KIAA0319	KIAA0319
216000_at	6,12	16,43	2,69	KIAA0484	KIAA0484 protein
1559022_at	7,40	15,98	2,16	KIAA0494	KIAA0494
212314_at	88,22	192,02	2,18	KIAA0746 /// SERINC2	KIAA0746 protein /// serine incorporator 2
212311_at	46,53	116,75	2,51	KIAA0746 /// SERINC2	KIAA0746 protein /// serine incorporator 2
225784_s_at	23,22	47,67	2,05	KIAA1166	KIAA1166
232046_at	13,35	29,30	2,19	KIAA1217	KIAA1217
232762_at	8,55	19,75	2,31	KIAA1217	KIAA1217
243589_at	15,15	43,78	2,89	KIAA1267	KIAA1267
226248_s_at	1,67	3,82	2,29	KIAA1324	KIAA1324
241201_at	3,73	10,02	2,68	KIAA1530	KIAA1530
238885_at	11,18	25,75	2,30	KIAA1549	KIAA1549
233002_at	2,35	5,50	2,34	KIAA1622	KIAA1622
215681_at	6,07	14,65	2,41	KIAA1654	KIAA1654 protein
216781_at	1,40	3,12	2,23	KIAA1751	KIAA1751
231893_at	1,87	5,43	2,91	KIAA1755	KIAA1755
1565653_at	2,22	4,47	2,02	KIAA1833	hypothetical protein KIAA1833
243836_at	0,75	4,30	5,73	KIAA1843	KIAA1843 protein
236151_at	4,12	9,50	2,31	KIAA1853	KIAA1853
222144_at	2,50	7,75	3,10	KIF17	kinesin family member 17
204411_at	2,80	6,03	2,15	KIF21B	kinesin family member 21B
1557089_at	5,40	12,48	2,31	KIF5C	kinesin family member 5C
223778_at	4,37	11,10	2,54	KIF9	kinesin family member 9
216676_x_at	2,77	6,00	2,17	KIR2DL3 /// KIR3DL3	killer cell immunoglobulin-like receptor, two domains, long cytoplasmic tail, 3 /// killer cell immunoglobulin-like receptor, three domains, long cytoplasmic tail, 3
211242_x_at	7,70	16,75	2,18	KIR2DL4	killer cell immunoglobulin-like receptor, two domains, long cytoplasmic tail, 4
1552749_a_at	30,02	68,43	2,28	KLC3	kinesin light chain 3
1556012_at	4,43	9,10	2,05	KLHDC7A	kelch domain containing 7A
1554941_at	3,25	6,55	2,02	KLHL14	kelch-like 14 (Drosophila)
1554942_a_at	5,17	16,38	3,17	KLHL14	kelch-like 14 (Drosophila)
228167_at	18,25	50,18	2,75	KLHL6	kelch-like 6 (Drosophila)
216670_at	2,72	5,83	2,15	KLK13	kallikrein-related peptidase 13
1555545_at	9,52	20,83	2,19	KLK2	kallikrein-related peptidase 2
209855_s_at	2,22	10,00	4,51	KLK2	kallikrein-related peptidase 2
206541_at	3,52	7,77	2,21	KLKB1	kallikrein B, plasma (Fletcher factor) 1
231287_s_at	2,22	11,98	5,41	Klkb4	plasma kallikrein-like protein 4
214470_at	26,02	56,37	2,17	KLRB1	killer cell lectin-like receptor subfamily B, member 1
207795_s_at	4,43	15,95	3,60	KLRD1	killer cell lectin-like receptor subfamily D, member 1
208483_x_at	5,45	20,43	3,75	KRT33A	keratin 33A

216921_s_at	2,13	4,87	2,28	KRT35	keratin 35
1562629_a_at	1,03	4,08	3,95	KRT40 /// LOC728760	keratin 40 /// similar to type I hair keratin KA36
220976_s_at	5,23	11,58	2,21	KRTAP1-1 /// LOC728946	keratin associated protein 1-1 /// hypothetical LOC728946
233534_at	12,78	30,13	2,36	KRTAP3-2 /// LOC100128819	keratin associated protein 3-2 /// hypothetical protein LOC100128819
234683_at	5,02	12,23	2,44	KRTAP4-6	keratin associated protein 4-6
1553491_at	10,12	21,33	2,11	KSR2	kinase suppressor of ras 2
217388_s_at	337,20	850,48	2,52	KYNU	kynureninase (L-kynurenine hydrolase)
210663_s_at	153,53	488,95	3,18	KYNU	kynureninase (L-kynurenine hydrolase)
204385_at	108,88	367,70	3,38	KYNU	kynureninase (L-kynurenine hydrolase)
206823_at	5,57	13,82	2,48	L3MBTL	l(3)mbt-like (Drosophila)
207734_at	33,30	81,70	2,45	LAX1	lymphocyte transmembrane adaptor 1
1556886_a_at	5,78	12,73	2,20	LAYN	Layilin
214461_at	12,93	30,05	2,32	LBP	lipopolysaccharide binding protein
244578_at	2,95	7,07	2,40	LCP2	lymphocyte cytosolic protein 2 (SH2 domain containing leukocyte protein of 76kDa)
1563899_at	2,52	5,18	2,06	LCTL	lactase-like
1553888_at	3,95	12,63	3,20	LDHAL6A	lactate dehydrogenase A-like 6A
217103_at	0,83	6,28	7,54	LDLR	low density lipoprotein receptor (familial hypercholesterolemia)
207092_at	3,62	7,85	2,17	LEP	leptin
230813_at	3,93	13,25	3,37	LEPREL1	leprecan-like 1
207104_x_at	3,15	6,45	2,05	LILRB1	leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 1
207697_x_at	6,63	20,42	3,08	LILRB2	leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 2
206856_at	6,55	13,73	2,10	LILRB5	leukocyte immunoglobulin-like receptor, subfamily B (with TM and ITIM domains), member 5
222353_at	1,82	7,58	4,17	LIMD1	LIM domains containing 1
1561557_at	5,15	10,68	2,07	LIPA	Lipase A, lysosomal acid, cholesterol esterase (Wolman disease)
236156_at	1,68	4,05	2,41	LIPA	lipase A, lysosomal acid, cholesterol esterase (Wolman disease)
1565936_a_at	1,63	4,48	2,74	LMO3	LIM domain only 3 (rhombotin-like 2)
204424_s_at	4,53	21,85	4,82	LMO3	LIM domain only 3 (rhombotin-like 2)
211562_s_at	4,43	9,82	2,21	LMOD1	leiomodrin 1 (smooth muscle)
208487_at	3,55	7,48	2,11	LMX1B	LIM homeobox transcription factor 1, beta
240407_at	2,00	4,85	2,43	LOC100126784	hypothetical LOC100126784
1560950_at	2,28	5,00	2,19	LOC100127950	hypothetical LOC100127950
236874_at	3,65	9,88	2,71	LOC100128071	Similar to hCG41624
215140_at	4,32	8,85	2,05	LOC100128570	Hypothetical protein LOC100128570
1562783_at	3,47	8,87	2,56	LOC100128840	hypothetical protein LOC100128840
237536_at	17,07	44,87	2,63	LOC100128977	similar to hCG1654542
238088_at	1,05	3,42	3,25	LOC100129194	hypothetical protein LOC100129194
223848_at	5,45	11,17	2,05	LOC100129198	PRO2866
1564459_at	2,85	7,33	2,57	LOC100129427	Hypothetical protein LOC100129427
243545_at	5,82	13,98	2,40	LOC100129444	Hypothetical protein LOC100129444
237219_at	2,35	4,92	2,09	LOC100129546	hypothetical protein LOC100129546
1563904_at	2,17	4,57	2,11	LOC100129620	similar to hCG2028334
231203_at	14,22	34,72	2,44	LOC100129633	similar to hCG1651427
1556736_at	2,80	7,55	2,70	LOC100129858	hypothetical protein LOC100129858
232310_at	4,07	9,53	2,34	LOC100129936	hypothetical LOC100129936

235839_at	11,40	25,03	2,20	LOC100129944	Hypothetical protein LOC100129944
215176_x_at	1294,75	2774,33	2,14	LOC100130100	similar to hCG26659
217378_x_at	608,55	3698,62	6,08	LOC100130100	similar to hCG26659
236693_at	5,82	13,07	2,25	LOC100130155	Hypothetical protein LOC100130155
242193_at	1,70	4,82	2,83	LOC100130155	Hypothetical protein LOC100130155
235820_at	0,95	2,45	2,58	LOC100130219	Similar to hCG2041987
1564248_at	24,78	49,88	2,01	LOC100130544	hypothetical protein LOC100130544
1570409_x_at	3,65	8,50	2,33	LOC100130598	hypothetical protein LOC100130598
216471_x_at	3,12	6,77	2,17	LOC100130648 /// SSX2 /// SSX2B	synovial sarcoma, X breakpoint 2 /// synovial sarcoma, X breakpoint 2B /// similar to Protein SSX2 (Synovial sarcoma, X breakpoint 2) (Cancer/testis antigen 5.2) (CTS.2) (SSX) (HOM-MEL-40)
1562017_at	5,00	11,03	2,21	LOC100130654	hypothetical protein LOC100130654
240151_at	4,38	13,03	2,97	LOC100130740	similar to hCG2042068
231589_at	6,17	16,50	2,68	LOC100130940	similar to LOC100126053 protein
232992_at	2,78	5,87	2,11	LOC100131031	Similar to hCG2041190
241256_at	6,37	16,75	2,63	LOC100131283	hypothetical protein LOC100131283
1570308_at	1,93	4,78	2,47	LOC100131298	PRO1095
1564485_at	4,03	8,63	2,14	LOC100131551	hypothetical LOC100131551
231237_x_at	1,85	5,27	2,85	LOC100131637	hypothetical protein LOC100131637
209755_at	3,87	14,18	3,67	LOC100131795 /// NMNAT2	nicotinamide nucleotide adenyltransferase 2 /// hypothetical protein LOC100131795
217442_at	1,68	5,05	3,00	LOC100131825	Hypothetical protein LOC100131825
237711_at	3,23	7,63	2,36	LOC100131980 /// LOC649563	similar to gonadotropin inducible ovarian transcription factor 2 /// similar to zinc finger protein 705A
1557669_at	4,10	9,47	2,31	LOC100132005	hypothetical LOC100132005
1569522_at	66,57	177,25	2,66	LOC100132767	hypothetical protein LOC100132767
222194_at	2,72	6,18	2,28	LOC100132923	similar to hCG1993470
217384_x_at	23,78	60,12	2,53	LOC100132941 /// LOC647187 /// LOC647224	hypothetical LOC647187 /// hypothetical LOC647224 /// hypothetical protein LOC100132941
236601_at	1,90	4,93	2,60	LOC100133474	hypothetical protein LOC100133474
237266_at	11,05	22,90	2,07	LOC100133686	hypothetical protein LOC100133686
203483_at	2,30	7,02	3,05	LOC100133896 /// SEMA4G	sema domain, immunoglobulin domain (Ig), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic domain, (semaphorin) 4G /// hypothetical protein LOC100133896
244629_s_at	5,17	11,98	2,32	LOC100134081	similar to 3-phosphoinositide dependent protein kinase-1
230366_at	4,37	12,47	2,85	LOC100134119	similar to hCG2018924
210016_at	3,75	8,10	2,16	LOC100134306 /// MYT1L	myelin transcription factor 1-like /// hypothetical protein LOC100134306
1557034_s_at	6,22	12,80	2,06	LOC100134445	hypothetical protein LOC100134445
238241_at	3,60	8,62	2,39	LOC100144602	hypothetical
233582_at	17,38	35,93	2,07	LOC115110	hypothetical protein LOC115110
1562317_at	1,37	3,75	2,74	LOC121006	hypothetical protein LOC121006
1559315_s_at	5,17	12,38	2,40	LOC144481	hypothetical protein LOC144481
1558080_s_at	132,87	268,27	2,02	LOC144871	hypothetical protein LOC144871
243622_at	5,57	11,95	2,15	LOC145694	hypothetical protein LOC145694
229073_at	5,88	12,12	2,06	LOC145786	Hypothetical protein LOC145786
1562623_at	3,40	8,50	2,50	LOC146513	hypothetical protein LOC146513
1564402_at	2,10	5,90	2,81	LOC146795	hypothetical protein LOC146795
232450_at	2,90	7,12	2,45	LOC149351	hypothetical protein LOC149351
1556901_s_at	2,87	7,60	2,65	LOC149773	hypothetical protein LOC149773
230495_at	3,07	10,57	3,45	LOC150568	hypothetical LOC150568

235557_at	3,08	6,80	2,21	LOC150763	hypothetical protein LOC150763
1564838_a_at	3,37	7,68	2,28	LOC151760	hypothetical LOC151760
237731_at	2,75	8,70	3,16	LOC154092	hypothetical protein LOC154092
1568686_at	1,50	3,88	2,59	LOC158381	ATPase, Class I, type 8B family pseudogene
1558641_at	237,60	1811,03	7,62	LOC202051	hypothetical protein LOC202051
1553931_at	5,97	12,30	2,06	LOC202459	similar to RIKEN cDNA 2310008M10
235237_at	6,02	12,60	2,09	LOC203547	Hypothetical protein LOC203547
1569722_s_at	10,18	21,78	2,14	LOC219731	hypothetical protein LOC219731
239958_at	2,55	7,60	2,98	LOC253039	hypothetical LOC253039
228894_at	7,90	17,03	2,16	LOC253842 /// NR6A1	nuclear receptor subfamily 6, group A, member 1 /// hypothetical protein LOC253842
1557591_at	1,80	4,60	2,56	LOC283038	hypothetical protein LOC283038
1563916_at	6,83	17,05	2,50	LOC283089	hypothetical protein LOC283089
1562400_at	2,47	7,67	3,11	LOC283112	hypothetical protein LOC283112
1561491_at	2,13	7,07	3,31	LOC283214	hypothetical protein LOC283214
229552_at	1,60	5,85	3,66	LOC283454	hypothetical protein LOC283454
244119_at	4,35	13,17	3,03	LOC283483	hypothetical protein LOC283483
1559079_at	3,15	8,27	2,62	LOC283486	hypothetical protein LOC283486
1556855_a_at	6,60	16,57	2,51	LOC283501	hypothetical protein LOC283501
1559603_at	2,00	14,57	7,28	LOC283535	hypothetical protein LOC283535
1557821_at	1,75	8,33	4,76	LOC283547	hypothetical protein LOC283547
1569274_at	7,23	17,58	2,43	LOC283551	Hypothetical protein LOC283551
1559363_at	0,53	3,03	5,69	LOC283587	hypothetical protein LOC283587
1557328_at	2,90	6,12	2,11	LOC283665	hypothetical protein LOC283665
241760_x_at	2,62	5,60	2,14	LOC283666	Hypothetical LOC283666
1560723_at	3,60	11,48	3,19	LOC283731	hypothetical protein LOC283731
215847_at	4,43	14,13	3,19	LOC283755	hypothetical protein LOC283755
229481_at	4,43	9,25	2,09	LOC283859	hypothetical protein LOC283859
1557607_at	1,95	6,60	3,38	LOC284080	hypothetical protein LOC284080
237748_at	4,83	16,47	3,41	LOC284402	hypothetical protein LOC284402
1561280_at	0,83	2,52	3,02	LOC284576	hypothetical protein LOC284576
1559083_x_at	2,62	5,97	2,28	LOC284600	hypothetical protein LOC284600
231427_at	5,22	13,90	2,66	LOC284648	hypothetical protein LOC284648
1561383_at	3,28	14,40	4,39	LOC284661	hypothetical protein LOC284661
236854_at	4,88	10,23	2,10	LOC284749	hypothetical protein LOC284749
237670_at	1,28	3,92	3,05	LOC284801	hypothetical protein LOC284801
1558601_at	4,95	14,12	2,85	LOC285194	hypothetical LOC285194
1556447_at	1,25	3,57	2,85	LOC285370	hypothetical protein LOC285370
242447_at	18,18	49,68	2,73	LOC285382	hypothetical gene supported by AK091454
1557004_at	2,83	6,32	2,23	LOC285389	hypothetical protein LOC285389
1563685_at	1,60	6,63	4,15	LOC285422	hypothetical protein LOC285422
1562683_a_at	1,87	5,88	3,15	LOC285547	hypothetical protein LOC285547
1562739_at	1,63	4,60	2,82	LOC285593	hypothetical protein LOC285593
1561401_at	3,73	7,72	2,07	LOC285627	hypothetical protein LOC285627
1561373_at	4,53	12,38	2,73	LOC285796	hypothetical protein LOC285796

231571_at	2,37	8,00	3,38	LOC285827	hypothetical protein LOC285827
1562424_at	0,85	1,73	2,04	LOC285889	hypothetical protein LOC285889
243601_at	3,25	7,63	2,35	LOC285957	hypothetical protein LOC285957
1561671_at	5,57	11,28	2,03	LOC286121	hypothetical protein LOC286121
224158_s_at	4,80	14,57	3,03	LOC286144	hypothetical LOC286144
1559264_at	1,07	3,25	3,05	LOC286190	hypothetical protein LOC286190
1563606_a_at	3,38	8,70	2,57	LOC286359	hypothetical protein LOC286359
1561289_at	2,87	7,02	2,45	LOC286370	hypothetical protein LOC286370
1560202_at	2,07	4,23	2,05	LOC338739	hypothetical protein LOC338739
1563878_a_at	14,53	32,88	2,26	LOC338963	hypothetical protein LOC338963
241014_at	16,93	34,13	2,02	LOC339400	hypothetical protein LOC339400
217480_x_at	321,15	1170,90	3,65	LOC339562	similar to hCG1742442
1562841_at	10,32	24,88	2,41	LOC339666	hypothetical protein LOC339666
1558653_at	2,13	6,83	3,20	LOC339751	hypothetical protein LOC339751
1556887_at	5,98	12,12	2,03	LOC348808	BC048124
233879_at	3,95	11,65	2,95	LOC374491	TPTE and PTEN homologous inositol lipid phosphatase pseudogene
229626_at	4,62	11,10	2,40	LOC387856	similar to expressed sequence A1836003
1560818_at	74,20	156,35	2,11	LOC387895	Hypothetical gene supported by BC040060
244889_at	6,50	13,75	2,12	LOC388210	Similar to LD15094p
244316_at	2,67	6,98	2,62	LOC388381	hypothetical LOC388381
1568249_at	9,22	19,47	2,11	LOC388796 /// SNORA71B	small nucleolar RNA, H/ACA box 71B /// hypothetical LOC388796
1561537_at	3,95	8,42	2,13	LOC388906	hypothetical gene supported by BC039496
240937_at	2,82	5,85	2,08	LOC389662	similar to hCG1984745
1565671_a_at	2,02	4,30	2,13	LOC391142	hypothetical gene supported by AJ249778; NM_001531
213740_s_at	1,72	3,47	2,02	LOC399904	hypothetical LOC399904
241975_at	5,55	12,48	2,25	LOC399959	Hypothetical gene supported by BX647608
227885_at	7,68	17,62	2,29	LOC400236	Hypothetical LOC400236
1560513_at	1,87	4,47	2,39	LOC400568	hypothetical LOC400568
1560992_at	1,27	3,58	2,83	LOC400590	hypothetical LOC400590
1561514_at	3,53	8,58	2,43	LOC400655	hypothetical gene supported by BC013370; BC034583
1562348_at	7,20	19,03	2,64	LOC400680	hypothetical gene supported by AK097381; BC040866
1555898_at	6,47	14,27	2,21	LOC400986	Protein immuno-reactive with anti-PTH polyclonal antibodies
233971_at	4,45	15,03	3,38	LOC401565	similar to 4931415M17 protein
1555209_at	8,85	23,85	2,69	LOC439951	hypothetical LOC439951
1560128_x_at	14,15	29,83	2,11	LOC441108	MRNA; cDNA DKFZp686D10250 (from clone DKFZp686D10250) /// Hypothetical gene supported by AK128882
1563894_at	51,67	108,73	2,10	LOC441178	hypothetical LOC441178
1558688_at	157,30	425,23	2,70	LOC441461	hypothetical gene supported by BC030123
240325_x_at	8,93	32,92	3,68	LOC442142	Similar to SOX30 protein
232920_at	4,47	10,42	2,33	LOC550631	hypothetical LOC550631
1554949_at	2,92	7,30	2,50	LOC554174	hypothetical LOC554174
233147_at	1,35	3,05	2,26	LOC56251	hypothetical protein YH95C04
239802_at	5,07	13,95	2,75	LOC56755	hypothetical protein LOC56755
233942_at	2,22	5,80	2,62	LOC613126	hypothetical protein LOC613126
206522_at	3,35	7,40	2,21	LOC642103 /// MGAM	maltase-glucoamylase (alpha-glucosidase) /// similar to Maltase-glucoamylase, intestinal

234662_at	0,62	3,40	5,51	LOC642636	similar to Double-strand-break repair protein rad21 homolog (Pokeweed agglutinin-binding protein 29) (PW29) (SCC1 homolog)
243656_at	11,60	25,73	2,22	LOC642852	hypothetical LOC642852
1570445_a_at	1,15	5,43	4,72	LOC643201	hypothetical protein LOC643201
1557765_at	1,60	6,23	3,90	LOC643401	hypothetical protein LOC643401
229880_at	5,95	12,93	2,17	LOC643517	hypothetical LOC643517
240577_at	1,73	4,83	2,79	LOC643749	hypothetical LOC643749
233791_at	4,38	12,45	2,84	LOC644213	Similar to Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH)
222202_at	0,78	9,08	11,60	LOC644213	Similar to Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH)
240346_at	2,67	6,50	2,44	LOC644222	hypothetical LOC644222
244105_at	4,50	10,87	2,41	LOC644231 /// LOC652637 /// WHDC1L1 /// WHDC1L2	WAS protein homology region 2 domain containing 1-like 1 /// WAS protein homology region 2 domain containing 1-like 2 /// similar to junction-mediating and regulatory protein p300 JMY-like hypothetical protein /// similar to junction-mediating and regulatory protein
1560895_at	3,02	6,25	2,07	LOC645188	hypothetical LOC645188
1555400_at	3,42	10,87	3,18	LOC645261	PP565
1556257_at	1,68	4,07	2,42	LOC645513	Hypothetical LOC645513
229566_at	202,30	822,23	4,06	LOC645638	similar to WDNM1-like protein
1559790_at	1,85	4,75	2,57	LOC646241	hypothetical protein LOC646241
231367_s_at	3,48	9,13	2,62	LOC647131	hypothetical LOC647131
220257_x_at	9,25	26,55	2,87	LOC650686 /// NXF2 /// NXF2B	nuclear RNA export factor 2 /// similar to nuclear RNA export factor 2 /// nuclear RNA export factor 2B
216401_x_at	355,07	1594,58	4,49	LOC652493	similar to Ig kappa chain V-I region HK102 precursor
1561355_at	13,23	34,60	2,61	LOC692247	hypothetical locus LOC692247
222723_at	7,02	15,75	2,24	LOC727901	hypothetical LOC727901
1557417_s_at	1,75	7,78	4,45	LOC728194 /// RSPH10B	radial spoke head 10 homolog B (Chlamydomonas) /// radial spoke head 10 homolog B (Chlamydomonas)-like
227183_at	5,93	15,45	2,60	LOC728264	hypothetical protein LOC728264
236925_at	4,53	10,97	2,42	LOC728288	hypothetical LOC728288
216311_at	2,23	4,90	2,19	LOC728361	hypothetical LOC728361
230941_at	2,92	7,40	2,54	LOC728537	hypothetical protein LOC728537
234263_at	1,58	3,43	2,17	LOC728678	Similar to p40
1568689_at	2,75	5,63	2,05	LOC728853	similar to RIKEN cDNA 4930432E11
1566464_at	1,12	2,48	2,22	LOC728987	Hypothetical LOC728987
242518_at	6,02	12,78	2,12	LOC729029	hypothetical protein LOC729029
241714_at	3,33	7,33	2,20	LOC729143	similar to Myosin phosphatase Rho-interacting protein (Rho-interacting protein 3) (M-RIP) (RIP3) (p116Rip)
1563637_at	2,47	6,05	2,45	LOC729652	hypothetical protein LOC729652
241290_at	2,75	6,87	2,50	LOC729766	hypothetical LOC729766
235691_at	1,78	4,38	2,46	LOC729970	Hypothetical LOC729970
230327_at	13,15	26,40	2,01	LOC730098	similar to chemokine (C-C motif) ligand 27
231337_at	3,15	8,42	2,67	LOC730124	similar to hCG2041586
232111_at	3,07	9,80	3,20	LOC730125	Hypothetical LOC730125
231027_at	5,27	12,68	2,41	LOC730631	Hypothetical LOC730631
1554850_at	8,92	21,33	2,39	LOC90113	hypothetical protein BC009862
233342_at	3,68	7,72	2,10	LOC90520	hypothetical protein LOC90520
231300_at	8,83	17,98	2,04	LOC90835	hypothetical protein LOC90835
236556_s_at	2,65	8,83	3,33	LONRF1	LON peptidase N-terminal domain and ring finger 1
207762_at	1,90	4,17	2,19	LPAL2	lipoprotein, Lp(a)-like 2
242186_x_at	3,52	10,20	2,90	LPHN3	latrophilin 3

243874_at	4,67	9,83	2,11	LPP	LIM domain containing preferred translocation partner in lipoma
228119_at	4,13	8,98	2,17	LRCH3	leucine-rich repeats and calponin homology (CH) domain containing 3
35974_at	12,40	27,30	2,20	LRMP	lymphoid-restricted membrane protein
204674_at	18,57	55,57	2,99	LRMP	lymphoid-restricted membrane protein
228525_at	4,40	10,80	2,45	LRP3	low density lipoprotein receptor-related protein 3
220376_at	2,57	5,23	2,04	LRRC19	leucine rich repeat containing 19
235359_at	2,83	6,58	2,32	LRRC33	leucine rich repeat containing 33
220220_at	12,02	26,95	2,24	LRRC37A4	leucine rich repeat containing 37, member A4 (pseudogene)
1566449_at	1,27	3,97	3,13	LRRC40	Leucine rich repeat containing 40
1553730_x_at	19,30	38,67	2,00	LRRC43	leucine rich repeat containing 43
239320_at	1,53	6,87	4,48	LRRC4B	leucine rich repeat containing 4B
238840_at	4,93	14,98	3,04	LRRFIP1	leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 1
226884_at	3,78	9,32	2,46	LRRN1	leucine rich repeat neuronal 1
1560456_at	2,48	5,37	2,16	LSDP5	Lipid storage droplet protein 5
220665_at	2,48	12,32	4,96	LUZP4	leucine zipper protein 4
210370_s_at	5,65	11,90	2,11	LY9	lymphocyte antigen 9
215967_s_at	9,32	20,47	2,20	LY9	lymphocyte antigen 9
231124_x_at	16,67	37,80	2,27	LY9	lymphocyte antigen 9
1555745_a_at	58,77	150,15	2,56	LYZ	lysozyme (renal amyloidosis)
219042_at	7,32	15,57	2,13	LZTS1	leucine zipper, putative tumor suppressor 1
221719_s_at	1,90	6,78	3,57	LZTS1	leucine zipper, putative tumor suppressor 1
217447_at	3,32	9,37	2,82	MAG	myelin associated glycoprotein
217692_at	4,97	15,48	3,12	MAGOH2	mago-nashi homolog 2, proliferation-associated (Drosophila)
224559_at	85,05	192,70	2,27	MALAT1	metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-protein coding)
211083_s_at	1,95	5,55	2,85	MAP3K13	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 13
1565130_at	2,00	4,90	2,45	MAP3K2	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 2
1557703_at	1,70	4,28	2,52	MARCH7	Membrane-associated ring finger (C3HC4) 7
1557704_a_at	3,05	8,07	2,64	MARCH7	Membrane-associated ring finger (C3HC4) 7
234820_at	3,25	6,80	2,09	MAS1L	MAS1 oncogene-like
217231_s_at	8,35	34,67	4,15	MAST1	microtubule associated serine/threonine kinase 1
205813_s_at	4,82	10,38	2,16	MAT1A	methionine adenosyltransferase I, alpha
239636_at	3,73	9,22	2,47	MCF2L	MCF.2 cell line derived transforming sequence-like
237891_at	2,07	6,05	2,93	MDM2	Mdm2 p53 binding protein homolog (mouse)
1553508_at	4,07	9,00	2,21	MDS2	myelodysplastic syndrome 2 translocation associated
1559593_a_at	2,18	5,20	2,38	MED26	Mediator complex subunit 26
207078_at	12,75	25,87	2,03	MED6	mediator complex subunit 6
209199_s_at	48,73	109,75	2,25	MEF2C	myocyte enhancer factor 2C
1560334_at	3,22	6,52	2,03	MEGF11	multiple EGF-like-domains 11
206202_at	1,17	3,35	2,87	MEOX2	mesenchyme homeobox 2
206028_s_at	21,82	44,43	2,04	MERTK	c-mer proto-oncogene tyrosine kinase
1556014_at	4,03	8,43	2,09	MESP2	mesoderm posterior 2 homolog (mouse)
228419_at	32,92	68,08	2,07	METRN	meteorin, glial cell differentiation regulator
213764_s_at	0,52	3,48	6,74	MFAP5	microfibrillar associated protein 5
242372_s_at	0,85	1,83	2,16	MFSD4	major facilitator superfamily domain containing 4

223754_at	4,53	14,20	3,13	MGC13057	hypothetical protein MGC13057
1556154_a_at	5,40	13,58	2,52	MGC23284	hypothetical LOC197187
215058_at	6,28	13,85	2,20	MGC24039	hypothetical protein MGC24039
228551_at	17,88	39,82	2,23	MGC24039	hypothetical protein MGC24039
1554732_at	6,80	14,30	2,10	MGC24125	hypothetical protein MGC24125
223565_at	53,73	253,22	4,71	MGC29506	hypothetical protein MGC29506
221286_s_at	56,52	284,13	5,03	MGC29506	hypothetical protein MGC29506
210484_s_at	7,90	19,17	2,43	MGC31957 /// TNFRSF10C	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 10c, decoy without an intracellular domain /// hypothetical protein MGC31957
1553914_at	3,78	9,87	2,61	MGC34800	hypothetical protein MGC34800
1555379_at	3,68	10,65	2,89	MGC52498	hypothetical protein MGC52498
239001_at	3,03	10,47	3,45	MGST1	Microsomal glutathione S-transferase 1
1553944_at	1,85	3,88	2,10	MIA2	melanoma inhibitory activity 2
1555862_s_at	3,37	9,78	2,91	MICALL2	MICAL-like 2
1570052_at	3,25	7,30	2,25	MIPOL1	mirror-image polydactyly 1
236014_at	1,52	3,13	2,07	MKX	Mohawk homeobox
206427_s_at	14,80	39,72	2,68	MLANA	melan-A
217075_x_at	2,32	6,37	2,75	MLL4	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia 4
1554886_a_at	2,53	10,75	4,24	MLXIP	MLX interacting protein
203434_s_at	51,13	161,13	3,15	MME	membrane metallo-endopeptidase
203435_s_at	37,17	147,88	3,98	MME	membrane metallo-endopeptidase
205828_at	77,28	198,38	2,57	MMP3	matrix metallopeptidase 3 (stromelysin 1, progelatinase)
204259_at	32,33	160,68	4,97	MMP7	matrix metallopeptidase 7 (matrilysin, uterine)
224277_at	0,62	2,48	4,03	MOP-1	MOP-1
224550_s_at	11,55	25,45	2,20	MRV1	murine retrovirus integration site 1 homolog
228592_at	17,83	62,97	3,53	MS4A1	membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 1
224357_s_at	4,77	10,23	2,15	MS4A4A	membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 4
224355_s_at	3,65	8,42	2,31	MS4A8B	membrane-spanning 4-domains, subfamily A, member 8B
229662_at	1,47	5,27	3,59	MSH3	mutS homolog 3 (E. coli)
225238_at	6,88	18,45	2,68	MSI2	musashi homolog 2 (Drosophila)
230442_at	5,70	12,33	2,16	MTHFSD	methenyltetrahydrofolate synthetase domain containing
244734_at	6,03	14,53	2,41	MTHFSD	Methenyltetrahydrofolate synthetase domain containing
221390_s_at	6,90	34,02	4,93	MTMR8	myotubularin related protein 8
217110_s_at	22,18	50,33	2,27	MUC4	mucin 4, cell surface associated
217109_at	37,20	93,70	2,52	MUC4	mucin 4, cell surface associated
207632_at	1,18	4,23	3,58	MUSK	muscle, skeletal, receptor tyrosine kinase
228576_s_at	2,92	5,90	2,02	MXRA8	Matrix-remodelling associated 8
206394_at	4,57	10,50	2,30	MYBPC2	myosin binding protein C, fast type
222771_s_at	4,65	9,33	2,01	MYEF2	myelin expression factor 2
207961_x_at	4,53	16,83	3,71	MYH11	myosin, heavy chain 11, smooth muscle
214468_at	7,17	15,73	2,20	MYH6	myosin, heavy chain 6, cardiac muscle, alpha (cardiomyopathy, hypertrophic 1)
216265_x_at	5,22	14,40	2,76	MYH7	myosin, heavy chain 7, cardiac muscle, beta
1554579_a_at	7,50	21,43	2,86	MYO18B	myosin XVIIIIB
1553071_a_at	2,50	7,93	3,17	MYOZ3	myozenin 3
213955_at	2,98	10,65	3,57	MYOZ3	myozenin 3

1562236_at	2,72	5,78	2,13	MYST4	MYST histone acetyltransferase (monocytic leukemia) 4
243296_at	107,68	216,22	2,01	NAMPT	Nicotinamide phosphoribosyltransferase
239362_at	2,65	7,42	2,80	NAPA	CDNA FLJ25129 fis, clone CBR06594 /// N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, alpha
207677_s_at	17,33	35,55	2,05	NCF4	neutrophil cytosolic factor 4, 40kDa
243807_at	6,63	13,33	2,01	NCOA7	nuclear receptor coactivator 7
217095_x_at	3,58	9,03	2,52	NCR1	natural cytotoxicity triggering receptor 1
1557532_at	7,38	15,37	2,08	NDUFA7	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 7, 14.5kDa
229877_at	5,67	11,70	2,06	NEO1	Neogenin homolog 1 (chicken)
211914_x_at	6,00	14,57	2,43	NF1	neurofibromin 1 (neurofibromatosis, von Recklinghausen disease, Watson disease)
215092_s_at	2,87	7,05	2,46	NFAT5	nuclear factor of activated T-cells 5, tonicity-responsive
231801_at	5,07	11,57	2,28	NFATC2	nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 2
213345_at	18,82	42,13	2,24	NFATC4	nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic, calcineurin-dependent 4
229834_at	2,02	6,08	3,02	NFIX	nuclear factor I/X (CCAAT-binding transcription factor)
1558329_at	9,88	23,05	2,33	NFKBIL2	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor-like 2
1558330_x_at	8,78	25,55	2,91	NFKBIL2	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor-like 2
237210_at	7,22	16,23	2,25	NFRKB	nuclear factor related to kappaB binding protein
220337_at	6,28	13,45	2,14	NGB	neuroglobin
214628_at	3,58	14,25	3,98	NHLH1	nescient helix loop helix 1
242002_at	2,72	5,68	2,09	NKAIN2	Na+/K+ transporting ATPase interacting 2
230771_at	5,97	12,40	2,08	NKAIN4	Na+/K+ transporting ATPase interacting 4
207031_at	4,82	12,45	2,58	NKX3-2	NK3 homeobox 2
1554125_a_at	2,87	6,83	2,38	NLGN4Y	neuroligin 4, Y-linked
1553525_at	3,85	9,20	2,39	NLRP13	NLR family, pyrin domain containing 13
1552932_at	3,87	8,22	2,13	NLRP6	NLR family, pyrin domain containing 6
221383_at	3,00	7,23	2,41	NMUR1	neuromedin U receptor 1
231559_at	6,33	19,08	3,01	NNMT	Nicotinamide N-methyltransferase
206476_s_at	1,58	3,78	2,39	NOVA2	neuro-oncological ventral antigen 2
229281_at	3,57	9,97	2,79	NPAS3	neuronal PAS domain protein 3
231752_at	2,42	7,57	3,13	NPBWR1	neuropeptides B/W receptor 1
221358_at	2,08	7,63	3,66	NPBWR2	neuropeptides B/W receptor 2
1555502_at	3,13	9,60	3,06	NPSA	novel prostate-specific antigen
221322_at	0,92	2,40	2,62	NPVF	neuropeptide VF precursor
236860_at	4,53	14,13	3,12	NPY6R	Neuropeptide Y receptor Y6 (pseudogene)
1554375_a_at	2,55	5,58	2,19	NR1H4	nuclear receptor subfamily 1, group H, member 4
207202_s_at	1,68	5,15	3,06	NR1I2	nuclear receptor subfamily 1, group I, member 2
202340_x_at	20,10	101,42	5,05	NR4A1	nuclear receptor subfamily 4, group A, member 1
204621_s_at	57,87	157,75	2,73	NR4A2	nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2
204622_x_at	58,73	192,03	3,27	NR4A2	nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2
216248_s_at	43,12	157,80	3,66	NR4A2	nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2
208343_s_at	2,53	7,52	2,97	NR5A2	nuclear receptor subfamily 5, group A, member 2
208232_x_at	9,70	21,78	2,25	NRG1	neuregulin 1
206596_s_at	5,28	10,68	2,02	NRL	neural retina leucine zipper
210510_s_at	11,28	23,05	2,04	NRP1	neuropilin 1
210615_at	3,58	13,32	3,72	NRP1	neuropilin 1

228102_at	1,85	4,02	2,17	NRP2	Neuropilin 2
209914_s_at	5,78	12,83	2,22	NRXN1	neurexin 1
216096_s_at	2,07	11,12	5,38	NRXN1	neurexin 1
206291_at	2,05	5,60	2,73	NTS	neurotensin
1553755_at	3,45	11,18	3,24	NXNL1	nucleoredoxin-like 1
226308_at	11,88	28,17	2,37	NY-SAR-48	sarcoma antigen NY-SAR-48
233029_at	2,30	5,47	2,38	OBSCN	obscurin, cytoskeletal calmodulin and titin-interacting RhoGEF
224270_at	3,00	7,00	2,33	OCR1	ovarian cancer-related protein 1
1553051_s_at	2,08	4,97	2,38	ODF3	outer dense fiber of sperm tails 3
1555000_at	4,93	13,52	2,74	OK/SW-CL.36	OK/SW-CL.36
1554971_at	4,22	10,73	2,55	OK/SW-CL.58	OK/SW-CL.58
210924_at	5,70	12,33	2,16	OLFM1	olfactomedin 1
239911_at	1,42	5,35	3,78	ONECUT2	one cut homeobox 2
234226_at	3,90	8,37	2,15	OPN4	opsin 4
1567250_at	4,28	10,50	2,45	OR10A3	olfactory receptor, family 10, subfamily A, member 3
208543_at	1,30	2,83	2,18	OR10H2	olfactory receptor, family 10, subfamily H, member 2
234840_s_at	3,20	7,32	2,29	OR12D3 /// OR5V1	olfactory receptor, family 5, subfamily V, member 1 /// olfactory receptor, family 12, subfamily D, member 3
1567256_at	6,03	12,62	2,09	OR1J2	olfactory receptor, family 1, subfamily J, member 2
1567064_at	1,65	7,13	4,32	OR1Q1	olfactory receptor, family 1, subfamily Q, member 1
1567656_at	2,47	6,38	2,59	OR2H1	Olfactory receptor, family 2, subfamily H, member 1
208573_s_at	10,73	21,68	2,02	OR2H2	olfactory receptor, family 2, subfamily H, member 2
1554706_at	1,37	4,72	3,45	OR2L13	olfactory receptor, family 2, subfamily L, member 13
221424_s_at	2,48	6,73	2,71	OR51E2	olfactory receptor, family 51, subfamily E, member 2
232482_at	0,78	3,25	4,15	OR51E2	olfactory receptor, family 51, subfamily E, member 2
1566277_at	4,52	11,37	2,52	OR5E1P	olfactory receptor, family 5, subfamily E, member 1 pseudogene
208285_at	1,75	3,53	2,02	OR7A5	olfactory receptor, family 7, subfamily A, member 5
1567058_at	1,73	4,78	2,76	OR8G2	olfactory receptor, family 8, subfamily G, member 2
1567249_at	1,48	3,85	2,60	OR9A1P	olfactory receptor, family 9, subfamily A, member 1 pseudogene
234855_at	2,68	10,05	3,75	ORF1	hypothetical protein, clone pT-Adv JuaX22
223734_at	2,70	14,25	5,28	OSAP	ovary-specific acidic protein
1569617_at	5,95	11,95	2,01	OSBP2	Oxysterol binding protein 2
222818_at	6,62	15,15	2,29	OSBPL10	oxysterol binding protein-like 10
229527_s_at	4,37	11,18	2,56	OSBPL11	Oxysterol binding protein-like 11
214161_at	1,97	7,75	3,94	OSGIN2	Oxidative stress induced growth inhibitor family member 2
230170_at	3,27	10,60	3,24	OSM	oncostatin M
1555251_a_at	1,42	3,77	2,66	OTOF	otoferlin
220492_s_at	1,42	4,62	3,26	OTOF	otoferlin
238998_x_at	5,55	13,35	2,41	OTUD1	OTU domain containing 1
220031_at	0,95	2,92	3,07	OTUD7B	OTU domain containing 7B
210448_s_at	7,85	25,03	3,19	P2RX5	purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 5
211147_s_at	2,75	7,85	2,85	P2RX6	purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 6
235885_at	3,38	7,48	2,21	P2RY12	purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 12
229686_at	24,57	55,22	2,25	P2RY8	purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 8
1568702_a_at	7,95	16,10	2,03	PAAF1	proteasomal ATPase-associated factor 1

223739_at	96,97	208,17	2,15	PADI1	peptidyl arginine deiminase, type I
211412_at	2,02	5,47	2,71	PADI4	peptidyl arginine deiminase, type IV
206859_s_at	3,73	7,87	2,11	PAEP	progesterone-associated endometrial protein (placental protein 14, pregnancy-associated endometrial alpha-2-globulin, alpha uterine protein)
1553188_s_at	0,83	1,82	2,18	PAR3B	par-3 partitioning defective 3 homolog B (C. elegans)
228669_x_at	9,15	26,65	2,91	PARP10	Poly (ADP-ribose) polymerase family, member 10
216254_at	2,23	7,27	3,25	PARVB	parvin, beta
243468_at	3,77	9,25	2,46	PATE	expressed in prostate and testis
244342_at	6,63	14,50	2,19	PATL1	protein associated with topoisomerase II homolog 1 (yeast)
205646_s_at	10,65	22,50	2,11	PAX6	paired box 6
223899_at	4,57	10,17	2,23	PBRM1	polybromo 1
205663_at	4,40	14,80	3,36	PCBP3	poly(rC) binding protein 3
205656_at	58,02	116,80	2,01	PCDH17	protocadherin 17
227289_at	29,13	64,85	2,23	PCDH17	protocadherin 17
210572_at	1,85	4,48	2,42	PCDHA2	protocadherin alpha 2
211838_x_at	7,67	16,07	2,10	PCDHA5	protocadherin alpha 5
211811_s_at	3,12	6,75	2,17	PCDHA6	protocadherin alpha 6
211877_s_at	1,33	5,33	4,00	PCDHGA11	protocadherin gamma subfamily A, 11
210368_at	6,35	13,12	2,07	PCDHGA8	protocadherin gamma subfamily A, 8
1552662_a_at	10,75	22,00	2,05	PCDHGB7	protocadherin gamma subfamily B, 7
217096_at	4,73	10,50	2,22	PCLO	piccolo (presynaptic cytomatrix protein)
209996_x_at	5,65	11,98	2,12	PCM1	pericentriolar material 1
244706_at	7,97	17,52	2,20	PCMTD1	protein-L-isoaspartate (D-aspartate) O-methyltransferase domain containing 1
233547_x_at	4,47	9,63	2,16	PDE1A	phosphodiesterase 1A, calmodulin-dependent
236344_at	6,73	15,95	2,37	PDE1C	phosphodiesterase 1C, calmodulin-dependent 70kDa
231478_at	1,63	5,60	3,43	PDE4C	phosphodiesterase 4C, cAMP-specific (phosphodiesterase E1 dunce homolog, Drosophila)
210060_at	10,52	23,12	2,20	PDE6G	phosphodiesterase 6G, cGMP-specific, rod, gamma
235115_at	3,32	8,60	2,59	PDE8B	phosphodiesterase 8B
204200_s_at	5,87	16,48	2,81	PDGFB	platelet-derived growth factor beta polypeptide (simian sarcoma viral (v-sis) oncogene homolog)
222860_s_at	9,02	23,43	2,60	PDGFD	platelet derived growth factor D
211533_at	1,58	3,68	2,33	PDGFRA	platelet-derived growth factor receptor, alpha polypeptide
205226_at	8,87	18,90	2,13	PDGFRL	platelet-derived growth factor receptor-like
1554970_at	0,95	2,98	3,14	PDILT	protein disulfide isomerase-like protein of the testis
220555_s_at	6,78	16,45	2,43	PDZD7	PDZ domain containing 7
208982_at	296,95	600,45	2,02	PECAM1	platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 antigen)
208983_s_at	73,08	157,92	2,16	PECAM1	platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 antigen)
208981_at	149,93	332,10	2,21	PECAM1	platelet/endothelial cell adhesion molecule (CD31 antigen)
230068_s_at	2,95	8,65	2,93	PEG3	Paternally expressed 3
208518_s_at	7,72	15,67	2,03	PER2	period homolog 2 (Drosophila)
207537_at	5,98	14,08	2,35	PFKFB1	6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-bisphosphatase 1
1552559_a_at	7,47	15,02	2,01	PFTK2	PFTAIRE protein kinase 2
1555165_a_at	2,57	8,85	3,45	PGPEP1	pyroglutamyl-peptidase I
213638_at	4,77	12,90	2,71	PHACTR1	phosphatase and actin regulator 1
1560358_at	1,98	4,48	2,26	PHKA2	phosphorylase kinase, alpha 2 (liver)
218000_s_at	67,22	152,83	2,27	PHLDA1	pleckstrin homology-like domain, family A, member 1

229494_s_at	3,80	7,68	2,02	PHLDA2	Pleckstrin homology-like domain, family A, member 2
1557578_at	2,22	4,95	2,23	PHLDB2	Pleckstrin homology-like domain, family B, member 2
236082_at	4,10	19,05	4,65	PHLDB3	pleckstrin homology-like domain, family B, member 3
205325_at	4,60	18,25	3,97	PHYHIP	phytanoyl-CoA 2-hydroxylase interacting protein
214990_at	5,15	11,55	2,24	PIGO	phosphatidylinositol glycan anchor biosynthesis, class O
241304_at	3,08	10,65	3,45	PIK3C3	phosphoinositide-3-kinase, class 3
1555632_at	8,78	19,62	2,23	PIK3P1	phosphoinositide-3-kinase interacting protein 1
227645_at	13,37	29,52	2,21	PIK3R5	phosphoinositide-3-kinase, regulatory subunit 5
217477_at	8,05	18,73	2,33	PIP5K1B	phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, beta
227589_at	0,97	2,22	2,29	PITPNC1	Phosphatidylinositol transfer protein, cytoplasmic 1
221118_at	2,82	6,05	2,15	PKD2L2	polycystic kidney disease 2-like 2
1554810_at	1,60	4,48	2,80	PLA2G4C	phospholipase A2, group IVC (cytosolic, calcium-independent)
215870_s_at	1,07	4,30	4,03	PLA2G5	phospholipase A2, group V
206214_at	38,77	94,88	2,45	PLA2G7	phospholipase A2, group VII (platelet-activating factor acetylhydrolase, plasma)
235994_s_at	7,37	18,20	2,47	PLAC2	Placenta-specific 2
227519_at	3,27	10,08	3,09	PLAC4	placenta-specific 4
219014_at	310,12	839,32	2,71	PLAC8	placenta-specific 8
213309_at	12,75	32,50	2,55	PLCL2	phospholipase C-like 2
205093_at	2,65	8,10	3,06	PLEKHA6	pleckstrin homology domain containing, family A member 6
229046_s_at	3,18	9,97	3,13	PLEKHB1	Pleckstrin homology domain containing, family B (evectins) member 1
205913_at	1,82	4,98	2,74	PLIN	perilipin
206942_s_at	2,77	7,47	2,70	PMCH	pro-melanin-concentrating hormone
211589_at	9,33	18,83	2,02	PML	promyelocytic leukemia
1555713_at	18,75	38,92	2,08	PNKD	paroxysmal nonkinesigenic dyskinesia
206793_at	7,80	18,02	2,31	PNMT	phenylethanolamine N-methyltransferase
205901_at	9,05	44,27	4,89	PNOC	prepronociceptin
220675_s_at	6,17	13,83	2,24	PNPLA3	patatin-like phospholipase domain containing 3
210433_at	1,98	5,63	2,84	POFUT1	protein O-fucosyltransferase 1
207448_at	2,12	4,42	2,09	POFUT2	protein O-fucosyltransferase 2
1555546_a_at	5,93	16,22	2,73	POFUT2	protein O-fucosyltransferase 2
203783_x_at	3,68	11,20	3,04	POLRMT	polymerase (RNA) mitochondrial (DNA directed)
233639_at	5,27	11,28	2,14	POMGNT1	protein O-linked mannose beta1,2-N-acetylglucosaminyltransferase
1555778_a_at	89,30	188,23	2,11	POSTN	periostin, osteoblast specific factor
205267_at	152,00	415,12	2,73	POU2AF1	POU class 2 associating factor 1
228343_at	8,53	18,05	2,12	POU2F2	POU class 2 homeobox 2
208554_at	1,65	3,75	2,27	POU4F3	POU class 4 homeobox 3
208286_x_at	17,55	35,23	2,01	POU5F1 /// POU5F1P1 /// POU5F1P3 /// POU5F1P4	POU class 5 homeobox 1 /// POU class 5 homeobox 1 pseudogene 1 /// POU class 5 homeobox 1 pseudogene 3 /// POU class 5 homeobox 1 pseudogene 4
226553_at	98,02	197,62	2,02	PP9284 /// TMRSS2	transmembrane protease, serine 2 /// hypothetical protein LOC100130534
224506_s_at	5,80	13,22	2,28	PPAPDC3	phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 3
1563943_at	12,63	27,13	2,15	PPARGC1B	peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 beta
236142_at	4,77	12,07	2,53	PPIH	Peptidylprolyl isomerase H (cyclophilin H)
238117_at	3,58	10,22	2,85	PPOX	protoporphyrinogen oxidase
227006_at	3,10	7,10	2,29	PPP1R14A	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 14A

233813_at	1,30	3,05	2,35	PPP1R16B	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 16B
41577_at	15,83	45,83	2,89	PPP1R16B	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 16B
232211_at	4,37	13,27	3,04	PPP1R3F	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 3F
231966_at	1,23	6,50	5,27	PPP1R9A	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 9A
230455_at	2,20	5,52	2,51	PPP1R9B	protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 9B
1563690_at	2,20	4,87	2,21	PPP4R1	Protein phosphatase 4, regulatory subunit 1
208312_s_at	7,73	16,28	2,11	PRAMEF1 /// PRAMEF13 /// PRAMEF2	PRAME family member 1 /// PRAME family member 2 /// PRAME family member 13
217273_at	3,30	7,93	2,40	PRAMEF10	PRAME family member 10
207752_x_at	8,90	27,27	3,06	PRB1 /// PRB2 /// PRB4 /// PRH1 /// PRH2	proline-rich protein BstNI subfamily 1 /// proline-rich protein BstNI subfamily 4 /// proline-rich protein HaeIII subfamily 1 /// proline-rich protein HaeIII subfamily 2 /// proline-rich protein BstNI subfamily 2
216433_s_at	3,20	6,95	2,17	PRDM2	PR domain containing 2, with ZNF domain
1569508_at	3,45	9,30	2,70	PRDM5	PR domain containing 5
232518_at	4,97	12,92	2,60	PRIC285	peroxisomal proliferator-activated receptor A interacting complex 285
215231_at	2,38	8,22	3,45	PRKAG2	Protein kinase, AMP-activated, gamma 2 non-catalytic subunit
228795_at	7,03	17,77	2,53	PRKCB1	Protein kinase C, beta 1
207119_at	1,22	3,67	3,01	PRKG1	protein kinase, cGMP-dependent, type I
231805_at	2,25	8,97	3,99	PRLHR	prolactin releasing hormone receptor
232629_at	4,42	35,08	7,94	PROK2	prokineticin 2
229376_at	4,43	9,72	2,19	PROX1	prospero homeobox 1
234804_at	1,33	5,32	3,99	PROX2	prospero homeobox 2
242623_x_at	0,55	4,82	8,76	PSMG4	proteasome (prosome, macropain) assembly chaperone 4
221373_x_at	8,58	29,15	3,40	PSPN	persephin
211748_x_at	139,92	330,27	2,36	PTGDS	prostaglandin D2 synthase 21kDa (brain)
206631_at	7,75	16,08	2,08	PTGER2	prostaglandin E receptor 2 (subtype EP2), 53kDa
204897_at	122,03	285,27	2,34	PTGER4	prostaglandin E receptor 4 (subtype EP4)
1554997_a_at	13,05	32,78	2,51	PTGS2	prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
204748_at	40,08	106,32	2,65	PTGS2	prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
229517_at	7,05	14,82	2,10	PTPDC1	protein tyrosine phosphatase domain containing 1
216884_at	2,55	5,70	2,24	PTPN12	protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 12
222092_at	2,65	5,72	2,16	PTPN21	Protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 21
1555578_at	3,32	7,32	2,21	PTPRM	protein tyrosine phosphatase, receptor type, M
211534_x_at	2,68	9,67	3,60	PTPRN2	protein tyrosine phosphatase, receptor type, N polypeptide 2
206157_at	13,08	27,92	2,13	PTX3	pentraxin-related gene, rapidly induced by IL-1 beta
215517_at	4,62	13,03	2,82	PYGO1	pygopus homolog 1 (Drosophila)
216748_at	7,03	14,73	2,09	PYHIN1	pyrin and HIN domain family, member 1
240413_at	4,18	13,18	3,15	PYHIN1	pyrin and HIN domain family, member 1
235059_at	6,22	37,73	6,07	RAB12	RAB12, member RAS oncogene family
230075_at	3,90	8,25	2,12	RAB39B	RAB39B, member RAS oncogene family
227269_s_at	7,87	15,80	2,01	RAB40C	RAB40C, member RAS oncogene family
221792_at	26,73	57,02	2,13	RAB6B	RAB6B, member RAS oncogene family
213205_s_at	6,47	14,30	2,21	RAD54L2	RAD54-like 2 (S. cerevisiae)
242689_at	2,08	8,03	3,86	RALGPS1	Ral GEF with PH domain and SH3 binding motif 1
219661_at	10,28	29,28	2,85	RANBP17	RAN binding protein 17
210550_s_at	2,60	5,73	2,21	RASGRF1	Ras protein-specific guanine nucleotide-releasing factor 1

233463_at	5,28	12,05	2,28	RASSF6	Ras association (RalGDS/AF-6) domain family member 6
220680_at	3,77	8,15	2,16	RAVER2	ribonucleoprotein, PTB-binding 2
208242_at	4,38	10,75	2,45	RAX	retina and anterior neural fold homeobox
238357_at	4,47	13,32	2,98	RBM39	RNA binding motif protein 39
242516_x_at	2,05	4,22	2,06	RBM46	RNA binding motif protein 46
207207_at	5,35	13,18	2,46	RBMXL2	RNA binding motif protein, X-linked-like 2
207916_at	4,33	10,05	2,32	RBM1E /// RBMY2BP	RNA binding motif protein, Y-linked, family 2, member B pseudogene /// RNA binding motif protein, Y-linked, family 1, member E
1565320_at	5,77	13,47	2,34	RBM3AP	RNA binding motif protein, Y-linked, family 3, member A pseudogene
231290_at	1,33	3,02	2,26	RCCD1	RCC1 domain containing 1
210106_at	4,93	12,58	2,55	RDH5	retinol dehydrogenase 5 (11-cis/9-cis)
239169_at	5,90	13,15	2,23	RDM1	RAD52 motif 1
230202_at	10,48	24,32	2,32	RELA	V-rel reticuloendotheliosis viral oncogene homolog A, nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells 3, p65 (avian)
206367_at	2,67	9,03	3,39	REN	renin
206617_s_at	1,83	3,83	2,09	RENBP	renin binding protein
215922_at	4,42	11,95	2,71	REPS1	RALBP1 associated Eps domain containing 1
204535_s_at	6,27	14,42	2,30	REST	RE1-silencing transcription factor
241698_at	5,87	13,05	2,22	RFTN2	raftlin family member 2
202988_s_at	47,22	133,78	2,83	RGS1	regulator of G-protein signaling 1
216834_at	207,10	649,68	3,14	RGS1	regulator of G-protein signaling 1
1554643_at	4,13	9,32	2,25	RGS11	regulator of G-protein signaling 11
209070_s_at	81,10	195,77	2,41	RGS5	regulator of G-protein signaling 5
206146_s_at	4,43	9,50	2,14	RHAG	Rh-associated glycoprotein
220510_at	8,48	17,55	2,07	RHBG	Rh family, B glycoprotein
210429_at	2,27	7,38	3,26	RHCE /// RHD	Rh blood group, CcEe antigens /// Rh blood group, D antigen
201451_x_at	2,13	5,02	2,35	RHEB	Ras homolog enriched in brain
206454_s_at	17,18	37,60	2,19	RHO	rhodopsin
1553963_at	0,82	2,12	2,59	RHOB	ras homolog gene family, member B
238905_at	9,92	20,02	2,02	RHOJ	ras homolog gene family, member J
1555234_a_at	3,70	15,45	4,18	RHOJ	ras homolog gene family, member J
214872_at	2,85	7,12	2,50	RIF1	RAP1 interacting factor homolog (yeast)
1552922_at	1,28	4,02	3,13	RIMS1	regulating synaptic membrane exocytosis 1
1553403_at	0,90	3,38	3,76	RLN3	relaxin 3
1562633_at	4,82	9,88	2,05	RMST	rhabdomyosarcoma 2 associated transcript (non-protein coding)
213566_at	39,22	81,13	2,07	RNASE6	ribonuclease, RNase A family, k6
207280_at	1,93	4,18	2,16	RNF185	Ring finger protein 185
233203_at	4,88	11,77	2,41	ROPN1	Ropporin, rhophilin associated protein 1
233297_s_at	3,13	6,47	2,06	RP11-251J8.1	hypothetical protein LOC728591
215169_at	10,23	21,87	2,14	RP11-345P4.4 /// SLC35E2	solute carrier family 35, member E2 /// similar to solute carrier family 35, member E2
1562582_at	3,02	9,47	3,14	RP11-756A22.3	Hypothetical LOC646405
1557133_at	2,15	5,82	2,71	RP1-177G6.2	hypothetical protein LOC286411
1555245_s_at	4,82	13,50	2,80	RP1L1	retinitis pigmentosa 1-like 1
235209_at	3,65	14,35	3,93	RPESP	RPE-spondin
206768_at	1,85	6,33	3,42	RPL3L	ribosomal protein L3-like
211690_at	2,12	5,77	2,72	RPS6	ribosomal protein S6

213495_s_at	5,18	11,28	2,18	RRBP1	Ribosome binding protein 1 homolog 180kDa (dog)
223719_s_at	5,85	15,40	2,63	RTBDN	retbindin
1553823_a_at	4,78	11,82	2,47	RTP1	receptor (chemosensory) transporter protein 1
229179_at	1,68	6,82	4,05	RUFY1	RUN and FYVE domain containing 1
1554413_s_at	0,95	4,47	4,70	RUNDC2B /// RUNDC2C	RUN domain containing 2B /// RUN domain containing 2C
213066_at	9,90	19,98	2,02	RUSC2	RUN and SH3 domain containing 2
207557_s_at	1,97	15,23	7,75	RYR2	ryanodine receptor 2 (cardiac)
207885_at	3,03	8,02	2,64	S100G	S100 calcium binding protein G
214456_x_at	53,23	108,77	2,04	SAA1 /// SAA2	serum amyloid A1 /// serum amyloid A2
208607_s_at	33,02	70,48	2,13	SAA1 /// SAA2	serum amyloid A1 /// serum amyloid A2
220793_at	2,05	5,88	2,87	SAGE1	sarcoma antigen 1
243239_at	1,63	3,88	2,38	SAMM50	sorting and assembly machinery component 50 homolog (S. cerevisiae)
237689_at	1,08	2,57	2,37	SARS	Seryl-tRNA synthetase
215591_at	4,25	9,22	2,17	SATB2	SATB homeobox 2
234241_at	3,57	9,82	2,75	SCAMP5	secretory carrier membrane protein 5
237137_at	3,33	9,22	2,77	SCARNA2	small Cajal body-specific RNA 2
206799_at	1,67	3,82	2,29	SCGB1D2	secretoglobin, family 1D, member 2
204722_at	6,12	12,62	2,06	SCN3B	sodium channel, voltage-gated, type III, beta
206981_at	2,07	4,55	2,20	SCN4A	sodium channel, voltage-gated, type IV, alpha subunit
229199_at	3,45	7,72	2,24	SCN9A	sodium channel, voltage-gated, type IX, alpha subunit
221026_s_at	4,37	8,90	2,04	SCRT1	scratch homolog 1, zinc finger protein (Drosophila)
1565738_at	1,52	4,43	2,92	SCTR	Secretin receptor
1554864_a_at	8,80	18,53	2,11	SDC3	syndecan 3
243963_at	6,78	23,27	3,43	SDCCAG8	Serologically defined colon cancer antigen 8
234256_at	1,60	3,22	2,01	SEBOX	SEBOX homeobox
234018_s_at	1,32	3,05	2,32	SEL1L2	sel-1 suppressor of lin-12-like 2 (C. elegans)
204563_at	31,12	78,82	2,53	SELL	selectin L (lymphocyte adhesion molecule 1)
223610_at	6,93	15,17	2,19	SEMA5B	sema domain, seven thrombospondin repeats (type 1 and type 1-like), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic domain, (semaphorin) 5B
233882_s_at	8,92	19,35	2,17	SEMA6D	sema domain, transmembrane domain (TM), and cytoplasmic domain, (semaphorin) 6D
217276_x_at	5,32	13,35	2,51	SERHL /// SERHL2	serine hydrolase-like /// serine hydrolase-like 2
1568765_at	7,10	19,37	2,73	SERPINE1	serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 1
204052_s_at	7,28	19,17	2,63	SFRP4	secreted frizzled-related protein 4
204051_s_at	20,00	65,47	3,27	SFRP4	secreted frizzled-related protein 4
243361_at	4,92	12,27	2,49	SFRS12	splicing factor, arginine/serine-rich 12
243818_at	2,97	8,03	2,71	SFTPF	surfactant associated protein F
228979_at	1,23	2,65	2,15	SFTPH	surfactant associated protein H
207302_at	4,92	12,15	2,47	SGCG	sarcoglycan, gamma (35kDa dystrophin-associated glycoprotein)
1552971_at	2,25	4,70	2,09	SGCZ	sarcoglycan zeta
211211_x_at	3,73	8,88	2,38	SH2D1A	SH2 domain protein 1A, Duncan's disease (lymphoproliferative syndrome)
1553177_at	18,92	42,52	2,25	SH2D1B	SH2 domain containing 1B
1552667_a_at	11,17	24,17	2,16	SH2D3C	SH2 domain containing 3C
205751_at	2,52	7,98	3,17	SH3GL2	SH3-domain GRB2-like 2
215689_s_at	2,13	5,80	2,72	SHBG	sex hormone-binding globulin

226674_at	3,62	8,40	2,32	SHISA4	shisa homolog 4 (<i>Xenopus laevis</i>)
243653_at	3,88	7,93	2,04	SHROOM3	Shroom family member 3
1552806_a_at	6,62	15,35	2,32	SIGLEC10	sialic acid binding Ig-like lectin 10
1552910_at	5,32	11,60	2,18	SIGLEC11	sialic acid binding Ig-like lectin 11
210569_s_at	2,62	6,50	2,48	SIGLEC9	sialic acid binding Ig-like lectin 9
232686_at	5,07	17,57	3,47	SIGLECP3	sialic acid binding Ig-like lectin, pseudogene 3
1559034_at	4,65	9,48	2,04	SIRPB2	signal-regulatory protein beta 2
217661_x_at	2,07	5,67	2,74	SIX5	SIX homeobox 5
222838_at	72,63	198,88	2,74	SLAMF7	SLAM family member 7
1553769_at	5,57	11,30	2,03	SLAMF9	SLAM family member 9
208409_at	7,98	18,05	2,26	SLC14A2	solute carrier family 14 (urea transporter), member 2
229503_at	1,50	3,37	2,24	SLC15A4	Solute carrier family 15, member 4
230494_at	38,33	92,13	2,40	SLC20A1	Solute carrier family 20 (phosphate transporter), member 1
210421_s_at	2,75	6,50	2,36	SLC24A1	solute carrier family 24 (sodium/potassium/calcium exchanger), member 1
229081_at	5,93	12,78	2,15	SLC25A13	Solute carrier family 25, member 13 (citric)
222705_s_at	3,85	9,12	2,37	SLC25A15	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; ornithine transporter) member 15
209910_at	15,87	32,33	2,04	SLC25A16	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; Graves disease autoantigen), member 16
1569793_at	5,43	14,50	2,67	SLC25A18	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier), member 18
206603_at	2,78	7,97	2,86	SLC2A4	solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 4
232678_at	8,60	17,72	2,06	SLC2A9	solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 9
231003_at	18,12	46,00	2,54	SLC35B3	solute carrier family 35, member B3
238345_at	4,45	12,22	2,75	SLC38A10	Solute carrier family 38, member 10
222935_x_at	1,67	3,63	2,18	SLC39A8	solute carrier family 39 (zinc transporter), member 8
209266_s_at	2,20	8,12	3,69	SLC39A8	solute carrier family 39 (zinc transporter), member 8
1555203_s_at	1,70	4,02	2,36	SLC44A4	solute carrier family 44, member 4
210810_s_at	2,12	5,07	2,39	SLC6A5	solute carrier family 6 (neurotransmitter transporter, glycine), member 5
1564985_a_at	3,75	7,57	2,02	SLC8A1	solute carrier family 8 (sodium/calcium exchanger), member 1
1562403_a_at	6,30	16,55	2,63	SLC8A3	solute carrier family 8 (sodium-calcium exchanger), member 3
1554988_at	3,00	6,50	2,17	SLC9A11	solute carrier family 9, member 11
233051_at	2,45	5,08	2,07	SLITRK2	SLIT and NTRK-like family, member 2
231144_at	1,45	3,12	2,15	SMARCD3	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 3
219480_at	6,88	14,15	2,06	SNAI1	snail homolog 1 (<i>Drosophila</i>)
202508_s_at	6,15	16,50	2,68	SNAP25	synaptosomal-associated protein, 25kDa
214592_s_at	2,37	7,35	3,11	SNAPC5	small nuclear RNA activating complex, polypeptide 5, 19kDa
213488_at	16,87	39,77	2,36	SNED1	sushi, nidogen and EGF-like domains 1
1554798_at	6,08	17,23	2,83	SNED1	sushi, nidogen and EGF-like domains 1
1554759_at	4,38	14,37	3,28	SNIP	SNAP25-interacting protein
1566339_at	1,90	4,38	2,31	SNORD8	small nucleolar RNA, C/D box 8
220487_at	1,03	2,15	2,08	SNTG2	syntrophin, gamma 2
1552828_at	8,00	19,55	2,44	SNX18	sorting nexin 18
233885_at	2,78	6,05	2,17	SNX26	sorting nexin 26
231194_at	7,47	18,27	2,45	SNX32	sorting nexin 32
229646_at	3,25	9,92	3,05	SOBP	Sine oculis binding protein homolog (<i>Drosophila</i>)
210000_s_at	2,70	5,43	2,01	SOCS1	suppressor of cytokine signaling 1

1561403_at	10,27	23,93	2,33	SOHLH1	spermatogenesis and oogenesis specific basic helix-loop-helix 1
225728_at	40,87	113,00	2,77	SORBS2	sorbin and SH3 domain containing 2
204288_s_at	50,88	142,73	2,81	SORBS2	sorbin and SH3 domain containing 2
228194_s_at	2,43	5,30	2,18	SORCS1	sortilin-related VPS10 domain containing receptor 1
208574_at	7,58	16,03	2,11	SOX14	SRY (sex determining region Y)-box 14
211736_at	3,48	8,65	2,48	SP2	Sp2 transcription factor
1552340_at	1,80	6,58	3,66	SP7	Sp7 transcription factor
211381_x_at	1,27	3,03	2,39	SPAG11B	sperm associated antigen 11B
219888_at	13,98	58,28	4,17	SPAG4	sperm associated antigen 4
237188_x_at	12,67	25,35	2,00	SPAG4L	sperm associated antigen 4-like
234504_at	1,18	5,15	4,35	SPAG4L	sperm associated antigen 4-like
220922_s_at	2,93	6,37	2,17	SPANXA1 /// SPANXA2 /// SPANXB1 /// SPANXB2 /// SPANXC /// SPANXE /// SPANXF1	sperm protein associated with the nucleus, X-linked, family member A1 /// SPANX family, member C /// SPANX family, member E /// SPANX family, member F1 /// SPANX family, member B1 /// SPANX family, member A2 /// SPANX family, member B2
224032_x_at	5,52	13,87	2,51	SPANXA1 /// SPANXA2 /// SPANXC /// SPANXE	sperm protein associated with the nucleus, X-linked, family member A1 /// SPANX family, member C /// SPANX family, member E /// SPANX family, member A2
1556601_a_at	2,45	5,28	2,16	SPATA13	Spermatogenesis associated 13
1552269_at	3,32	8,23	2,48	SPATA17	spermatogenesis associated 17
214478_at	5,53	12,30	2,22	SPP2	secreted phosphoprotein 2, 24kDa
214026_s_at	1,18	4,65	3,93	SPRED2	Sprouty-related, EVH1 domain containing 2
220983_s_at	5,38	11,75	2,18	SPRY4	sprouty homolog 4 (Drosophila)
228246_s_at	2,23	5,23	2,34	SPTBN1	Spectrin, beta, non-erythrocytic 1
214856_at	3,23	8,97	2,77	SPTBN1	spectrin, beta, non-erythrocytic 1
1554473_at	3,57	9,20	2,58	SRGAP1	SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 1
201858_s_at	176,62	364,67	2,06	SRGN	serglycin
1554676_at	6,18	17,90	2,89	SRGN	serglycin
208482_at	1,93	5,12	2,65	SSTR1	somatostatin receptor 1
1555171_at	4,45	11,35	2,55	ST3GAL3	ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 3
201998_at	82,37	222,33	2,70	ST6GAL1	ST6 beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 1
230482_at	6,25	13,08	2,09	ST6GALNAC5	ST6 (alpha-N-acetyl-neuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1,3)-N- acetylgalactosaminide alpha-2,6-sialyltransferase 5
221285_at	1,18	2,92	2,46	ST8SIA2	ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 2
208065_at	2,92	7,87	2,70	ST8SIA3	ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 3
242943_at	15,08	32,95	2,18	ST8SIA4	ST8 alpha-N-acetyl-neuraminide alpha-2,8-sialyltransferase 4
237567_at	1,60	3,70	2,31	STAB2	stabilin 2
231891_at	4,27	11,08	2,60	STAMBPL1	STAM binding protein-like 1
1554343_a_at	7,35	16,55	2,25	STAP1	signal transducing adaptor family member 1
220059_at	8,38	19,57	2,33	STAP1	signal transducing adaptor family member 1
238911_at	2,25	5,28	2,35	STARD10	StAR-related lipid transfer (START) domain containing 10
204595_s_at	31,10	66,63	2,14	STC1	stanniocalcin 1
204597_x_at	22,32	49,20	2,20	STC1	stanniocalcin 1
230746_s_at	29,48	150,82	5,12	STC1	Stanniocalcin 1
243797_at	2,23	5,18	2,32	STK17B	serine/threonine kinase 17b
222094_at	15,98	32,37	2,03	SULT1A3 /// SULT1A4	sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-preferring, member 3 /// sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-preferring, member 4
205342_s_at	5,37	12,88	2,40	SULT1C2	sulfotransferase family, cytosolic, 1C, member 2
219934_s_at	16,52	40,10	2,43	SULT1E1	sulfotransferase family 1E, estrogen-preferring, member 1

222940_at	12,12	37,07	3,06	SULT1E1	sulfotransferase family 1E, estrogen-preferring, member 1
219425_at	4,03	11,37	2,82	SULT4A1	sulfotransferase family 4A, member 1
233084_s_at	2,70	7,18	2,66	SYCE1	synaptonemal complex central element protein 1
210315_at	5,70	11,93	2,09	SYN2	synapsin II
1562255_at	2,30	6,45	2,80	SYTL3	synaptotagmin-like 3
221393_at	1,50	4,32	2,88	TAAR3	trace amine associated receptor 3 (gene/pseudogene)
1553094_at	3,88	9,85	2,54	TAC4	tachykinin 4 (hemokinin)
1553011_at	9,43	23,55	2,50	TAF1L	TAF1 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 210kDa-like
221616_s_at	8,30	19,95	2,40	TAF9B	TAF9B RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor, 31kDa
229723_at	72,02	172,65	2,40	TAGAP	T-cell activation RhoGTPase activating protein
221456_at	1,12	2,28	2,04	TAS2R3	taste receptor, type 2, member 3
221396_at	2,65	5,45	2,06	TAS2R7	taste receptor, type 2, member 7
221398_at	2,63	5,43	2,06	TAS2R8	taste receptor, type 2, member 8
230377_s_at	1,55	3,40	2,19	TBC1D2B	TBC1 domain family, member 2B
1554391_at	4,92	15,20	3,09	TBK1	TANK-binding kinase 1
220025_at	5,38	11,48	2,13	TBR1	T-box, brain, 1
207662_at	5,62	14,52	2,58	TBX1	T-box 1
227705_at	5,25	15,15	2,89	TCEAL7	transcription elongation factor A (SII)-like 7
238667_at	3,43	7,37	2,15	TCF20	Transcription factor 20 (AR1)
219839_x_at	3,13	6,30	2,01	TCL6	T-cell leukemia/lymphoma 6
219840_s_at	4,65	12,12	2,61	TCL6	T-cell leukemia/lymphoma 6
239964_at	10,00	26,07	2,61	TCL6	T-cell leukemia/lymphoma 6
1569206_at	45,45	91,98	2,02	TCP11L2	t-complex 11 (mouse)-like 2
1565000_a_at	6,80	16,87	2,48	TCP11L2	T-complex 11 (mouse)-like 2
1554401_a_at	2,08	4,52	2,17	TCTE3	t-complex-associated-testis-expressed 3
1554400_at	11,22	30,68	2,74	TCTE3	t-complex-associated-testis-expressed 3
1553494_at	2,67	6,92	2,59	TDH	L-threonine dehydrogenase
221018_s_at	3,48	7,77	2,23	TDRD1	tudor domain containing 1
215356_at	2,43	9,57	3,93	TDRD12	tudor domain containing 12
238323_at	5,28	10,95	2,07	TEAD2	TEA domain family member 2
236904_x_at	3,45	7,62	2,21	TECTA	tectorin alpha
221296_at	3,73	9,02	2,42	TECTA	tectorin alpha
1553488_at	3,05	10,15	3,33	TEKT5	tektin 5
240553_at	2,45	5,28	2,16	TESC	Tescalcin
221429_x_at	4,98	14,40	2,89	TEX13A	testis expressed 13A
221035_s_at	4,00	8,58	2,15	TEX14	testis expressed 14
220109_at	2,62	5,40	2,06	TF	transferrin
1566932_x_at	1,92	5,42	2,83	TFB2M	transcription factor B2, mitochondrial
1567704_at	9,37	20,73	2,21	TFE3	Transcription factor binding to IGHM enhancer 3
209278_s_at	1,20	4,42	3,68	TFPI2	tissue factor pathway inhibitor 2
208291_s_at	1,50	3,75	2,50	TH	tyrosine hydroxylase
239336_at	2,68	5,63	2,10	THBS1	Thrombospondin 1
201107_s_at	2,08	5,62	2,70	THBS1	thrombospondin 1
229477_at	7,28	15,95	2,19	THRSP	thyroid hormone responsive (SPOT14 homolog, rat)

229159_at	6,67	14,25	2,14	THSD7A	Thrombospondin, type I, domain containing 7A
217500_at	4,08	13,08	3,20	TIAL1	TIA1 cytotoxic granule-associated RNA binding protein-like 1
232089_at	5,02	11,45	2,28	TIGD7	Tigger transposable element derived 7
240480_at	2,23	4,67	2,09	TINAG	tubulointerstitial nephritis antigen
213412_at	13,12	27,35	2,09	TJP3	tight junction protein 3 (zona occludens 3)
236482_at	11,02	24,85	2,26	TMC6	Transmembrane channel-like 6
242644_at	5,33	12,63	2,37	TMC8	transmembrane channel-like 8
234589_at	3,78	7,87	2,08	TMEM106A	Transmembrane protein 106A
229634_at	5,07	13,28	2,62	TMEM139	transmembrane protein 139
220169_at	6,57	14,20	2,16	TMEM156	transmembrane protein 156
220532_s_at	88,38	183,42	2,08	TMEM176B	transmembrane protein 176B
242782_x_at	5,57	17,22	3,09	TMEM198	transmembrane protein 198
222896_at	7,68	17,68	2,30	TMEM38A	transmembrane protein 38A
229771_at	5,50	16,58	3,02	TMEM41A	Transmembrane protein 41A
238429_at	6,73	25,02	3,72	TMEM71	transmembrane protein 71
211689_s_at	70,20	140,82	2,01	TMPRSS2	transmembrane protease, serine 2
204933_s_at	13,22	29,52	2,23	TNFRSF11B	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 11b (osteoprotegerin)
204932_at	19,32	43,47	2,25	TNFRSF11B	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 11b (osteoprotegerin)
206641_at	15,18	105,00	6,92	TNFRSF17	tumor necrosis factor receptor superfamily, member 17
1555557_a_at	2,92	8,62	2,95	TNK2	tyrosine kinase, non-receptor, 2
216695_s_at	4,37	9,08	2,08	TNKS	tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase
217121_at	5,68	17,02	2,99	TNKS	tankyrase, TRF1-interacting ankyrin-related ADP-ribose polymerase
205388_at	5,08	10,40	2,05	TNNC2	troponin C type 2 (fast)
227397_at	2,42	7,05	2,92	TPM2	tropomyosin 2 (beta)
220339_s_at	6,48	13,38	2,06	TPSG1	tryptase gamma 1
217056_at	5,42	12,00	2,22	TRA@	YME1-like 1 (S. cerevisiae) /// T cell receptor, clone IGRA15 /// T-cell receptor alpha chain V-region /// T-cell antigen receptor-alpha (TCRA) mRNA, partial putative cds
217143_s_at	20,08	53,68	2,67	TRA@ /// TRD@	T cell receptor alpha locus /// T cell receptor delta locus
205804_s_at	6,85	17,23	2,52	TRAF3IP3	TRAF3 interacting protein 3
234860_at	4,70	9,97	2,12	TRAV20	T cell receptor alpha variable 20
217326_x_at	5,65	13,78	2,44	TRBC1 /// TRBV19	T cell receptor beta variable 19 /// T cell receptor beta constant 1
219434_at	10,93	26,77	2,45	TREM1	triggering receptor expressed on myeloid cells 1
214249_at	3,85	7,75	2,01	TRIM2	tripartite motif-containing 2
210159_s_at	4,18	9,38	2,24	TRIM31	tripartite motif-containing 31
231014_at	2,20	4,83	2,20	TRIM50	tripartite motif-containing 50
211700_s_at	4,37	9,67	2,21	TRO	trophinin
211602_s_at	4,20	9,33	2,22	TRPC1	transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 1
224219_s_at	1,07	2,92	2,73	TRPC4	transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 4
220817_at	0,97	3,40	3,52	TRPC4	transient receptor potential cation channel, subfamily C, member 4
1555252_a_at	1,68	3,65	2,17	TRPM3	transient receptor potential cation channel, subfamily M, member 3
215442_s_at	2,48	7,62	3,07	TSHR	thyroid stimulating hormone receptor
220544_at	3,70	8,38	2,27	TSKS	testis-specific kinase substrate
233617_at	1,28	2,70	2,10	TSPYL3	TSPY-like 3 (pseudogene)
1552395_at	5,82	13,27	2,28	TSSK3	testis-specific serine kinase 3

1554295_x_at	1,90	5,75	3,03	TTBK2	tau tubulin kinase 2
210539_at	5,92	12,35	2,09	TTL5	tubulin tyrosine ligase-like family, member 5
230924_at	3,77	7,72	2,05	TTL6	tubulin tyrosine ligase-like family, member 6
241791_at	2,15	6,23	2,90	TTN	titin
209660_at	4,70	12,55	2,67	TTR	transthyretin (prealbumin, amyloidosis type I)
1565668_at	4,90	10,97	2,24	TUBA1B	tubulin, alpha 1b
212664_at	10,00	20,30	2,03	TUBB4	tubulin, beta 4
224170_s_at	2,37	6,15	2,60	TULP4	tubby like protein 4
205694_at	65,98	250,28	3,79	TYRP1	tyrosinase-related protein 1
1569262_x_at	2,12	4,72	2,23	UBE2CBP	ubiquitin-conjugating enzyme E2C binding protein
1554763_at	4,18	9,70	2,32	UBE2DNL	ubiquitin-conjugating enzyme E2D N-terminal like
215558_at	6,28	13,10	2,08	UBR2	Ubiquitin protein ligase E3 component n-recognin 2
207245_at	4,83	19,45	4,02	UGT2B17	UDP glucuronosyltransferase 2 family, polypeptide B17
1556095_at	1,92	4,02	2,10	UNC13C	unc-13 homolog C (C. elegans)
243833_at	3,67	7,68	2,10	UNC5A	Unc-5 homolog A (C. elegans)
1555342_a_at	1,83	4,72	2,57	UNC5C	unc-5 homolog C (C. elegans)
1555341_at	0,42	1,35	3,24	UNC5C	unc-5 homolog C (C. elegans)
1562601_at	5,73	21,22	3,70	UNQ6975	NGNL6975
231376_at	4,42	9,48	2,15	UPP2	uridine phosphorylase 2
231768_at	2,48	7,55	3,04	USF1	upstream transcription factor 1
230004_at	9,02	18,55	2,06	USP24	ubiquitin specific peptidase 24
226172_at	7,20	14,83	2,06	USP42	Ubiquitin specific peptidase 42
237247_at	4,58	12,30	2,68	USP51	ubiquitin specific peptidase 51
241025_at	2,52	5,28	2,10	UTP6	UTP6, small subunit (SSU) processome component, homolog (yeast)
216501_at	1,35	4,05	3,00	VAC14	Vac14 homolog (S. cerevisiae)
207100_s_at	4,67	12,48	2,68	VAMP1	vesicle-associated membrane protein 1 (synaptobrevin 1)
242566_at	2,42	4,90	2,03	VASH1	vasohibin 1
215646_s_at	43,37	88,02	2,03	VCAN	versican
211571_s_at	37,13	80,08	2,16	VCAN	versican
207376_at	2,43	5,50	2,26	VENTX	VENT homeobox homolog (Xenopus laevis)
229759_s_at	4,03	9,45	2,34	VEPH1	ventricular zone expressed PH domain homolog 1 (zebrafish)
215729_s_at	2,53	18,82	7,43	VGLL1	vestigial like 1 (Drosophila)
205506_at	2,03	8,15	4,01	VIL1	villin 1
211598_x_at	5,18	12,52	2,41	VIPR2	vasoactive intestinal peptide receptor 2
1553549_at	1,55	3,67	2,37	VN1R2	vomer nasal 1 receptor 2
205922_at	10,22	33,30	3,26	VNN2	vanin 2
1553513_at	3,58	14,28	3,99	VNN3	vanin 3
235569_at	5,07	10,52	2,08	VPS37D	vacuolar protein sorting 37 homolog D (S. cerevisiae)
210936_at	15,20	32,70	2,15	WDR1	WD repeat domain 1
235485_at	3,65	7,63	2,09	WDR44	WD repeat domain 44
229008_at	2,12	4,97	2,35	WDR60	WD repeat domain 60
1563874_at	4,53	9,58	2,11	WDR72	WD repeat domain 72
1552999_a_at	2,92	9,30	3,19	WFDC10B	WAP four-disulfide core domain 10B
1554156_a_at	1,47	4,33	2,95	WFDC8	WAP four-disulfide core domain 8

244344_at	2,40	4,90	2,04	WNK4	WNK lysine deficient protein kinase 4
221455_s_at	7,05	14,92	2,12	WNT3	wingless-type MMTV integration site family, member 3
216953_s_at	2,13	6,40	3,00	WT1	Wilms tumor 1
1554511_at	3,08	6,68	2,17	WWC1	WW and C2 domain containing 1
224588_at	528,82	1068,32	2,02	XIST	X (inactive)-specific transcript (non-protein coding)
219704_at	6,87	27,43	4,00	YBX2	Y box binding protein 2
213999_at	9,87	19,82	2,01	YIPF4	Yip1 domain family, member 4
213996_at	7,72	16,22	2,10	YPEL1	yippee-like 1 (Drosophila)
1555550_at	6,15	14,42	2,34	ZACN	zinc activated ligand-gated ion channel
237776_at	2,60	6,13	2,36	ZADH2	Zinc binding alcohol dehydrogenase, domain containing 2
224265_s_at	9,08	20,45	2,25	ZAN	zonadhesin
208087_s_at	2,25	5,67	2,52	ZBP1	Z-DNA binding protein 1
242020_s_at	2,45	9,55	3,90	ZBP1	Z-DNA binding protein 1
233843_at	4,23	10,87	2,57	ZBTB12	zinc finger and BTB domain containing 12
205883_at	10,37	21,90	2,11	ZBTB16	zinc finger and BTB domain containing 16
220243_at	7,20	14,52	2,02	ZBTB44	zinc finger and BTB domain containing 44
230709_x_at	3,92	8,60	2,20	ZBTB7A	Zinc finger and BTB domain containing 7A
229234_at	3,10	11,88	3,83	ZC3H12B	zinc finger CCCH-type containing 12B
213277_at	3,35	6,77	2,02	ZFP36L1	zinc finger protein 36, C3H type-like 1
219877_at	2,93	6,83	2,33	ZMAT4	zinc finger, matrin type 4
223683_at	4,95	9,97	2,01	ZMYND15	zinc finger, MYND-type containing 15
207130_at	2,68	10,48	3,91	ZMYND8	zinc finger, MYND-type containing 8
217242_at	2,50	5,47	2,19	ZNF154	zinc finger protein 154
229765_at	33,53	75,58	2,25	ZNF207	zinc finger protein 207
225382_at	21,08	44,65	2,12	ZNF275	zinc finger protein 275
229360_at	7,77	19,68	2,53	ZNF280B	zinc finger protein 280B
232497_at	5,57	11,35	2,04	ZNF3	zinc finger protein 3
1558887_at	2,03	4,60	2,26	ZNF321	zinc finger protein 321
1555800_at	3,82	12,13	3,18	ZNF385B	zinc finger protein 385B
215523_at	3,57	9,67	2,71	ZNF391	zinc finger protein 391
213559_s_at	3,90	8,10	2,08	ZNF467	Zinc finger protein 467
1557616_at	5,43	10,90	2,01	ZNF496	zinc finger protein 496
243195_s_at	3,18	6,50	2,04	ZNF551	zinc finger protein 551
232328_at	1,53	6,65	4,34	ZNF552	Zinc finger protein 552
1556513_at	4,05	10,17	2,51	ZNF573	zinc finger protein 573
1558941_at	4,23	9,85	2,33	ZNF704	zinc finger protein 704
234575_at	9,47	31,22	3,30	ZNF71	zinc finger protein 71
219782_s_at	0,93	2,82	3,02	ZNF771	zinc finger protein 771
228294_s_at	2,13	4,78	2,24	ZNF775	Zinc finger protein 775
229931_at	4,47	17,62	3,94	ZNF775	Zinc finger protein 775
1557888_at	2,03	6,30	3,10	ZNF787	zinc finger protein 787
216482_x_at	7,87	17,43	2,22	ZNF79	zinc finger protein 79
1560853_x_at	5,70	12,35	2,17	ZNF826	zinc finger protein 826
1553885_x_at	2,68	6,05	2,25	ZNF99	zinc finger protein 99

1553875_s_at	8,47	17,65	2,08	ZSCAN10	zinc finger and SCAN domain containing 10
217098_s_at	3,00	7,43	2,48	ZSCAN12	zinc finger and SCAN domain containing 12
1556402_at	9,20	18,42	2,00	---	CDNA FLJ36234 fis, clone THYMU2001314
233773_at	7,93	15,88	2,00	---	CDNA FLJ12265 fis, clone MAMMA1001604
237104_at	6,22	12,45	2,00	---	Transcribed locus
1556494_at	4,53	9,08	2,00	---	CDNA clone IMAGE:5269171
1557758_at	3,20	6,42	2,01	---	CDNA clone IMAGE:4826286
1557843_at	2,93	5,88	2,01	---	CDNA clone IMAGE:5298708
228218_at	5,02	10,07	2,01	---	CDNA clone IMAGE:5284125
233723_at	2,35	4,72	2,01	---	IMAGE Consortium ID 839832, mRNA sequence
1565677_at	2,10	4,22	2,01	---	Transcribed locus
241126_at	1,92	3,85	2,01	---	Transcribed locus
239751_at	8,90	17,88	2,01	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_531062.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
231346_s_at	1,47	2,95	2,01	---	Transcribed locus
1558343_at	6,73	13,55	2,01	---	Full length insert cDNA clone Y154B09
1569765_at	16,07	32,33	2,01	---	CDNA clone IMAGE:4812570
243640_x_at	9,48	19,10	2,01	---	---
1559458_at	3,43	6,92	2,01	---	(clone NCD18) tumor necrosis factor receptor related protein mRNA, complete exon and repeat region
236237_at	7,42	14,95	2,02	---	Transcribed locus
240598_at	5,25	10,58	2,02	---	---
1556289_at	1,00	2,02	2,02	---	CDNA clone IMAGE:5269189
1560725_at	3,73	7,53	2,02	---	CDNA FLJ39842 fis, clone SPLEN2014293
241190_at	4,53	9,15	2,02	---	Transcribed locus
234229_at	4,43	8,95	2,02	---	CDNA: FLJ20914 fis, clone ADSE00646
241470_x_at	12,58	25,42	2,02	---	Transcribed locus
228871_at	18,45	37,30	2,02	---	---
238200_at	6,05	12,23	2,02	---	Transcribed locus
1562016_at	2,95	5,97	2,02	---	Transcribed locus, weakly similar to XP_001112608.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
242144_at	16,40	33,18	2,02	---	---
241657_at	7,12	14,40	2,02	---	Transcribed locus
240693_at	4,22	8,53	2,02	---	Transcribed locus
237809_at	2,80	5,67	2,02	---	Transcribed locus
240738_at	2,62	5,30	2,03	---	Transcribed locus
230515_at	8,88	18,03	2,03	---	---
233869_x_at	10,30	20,92	2,03	---	Transcribed locus
210500_at	3,18	6,47	2,03	---	---
229462_at	2,07	4,20	2,03	---	---
1564778_at	3,05	6,20	2,03	---	MRNA; cDNA DKFzp434D2122 (from clone DKFzp434D2122)
239967_at	10,45	21,25	2,03	---	Transcribed locus
238646_at	11,17	22,72	2,03	---	Transcribed locus
235523_at	6,13	12,48	2,04	---	Transcribed locus
1556297_a_at	0,93	1,90	2,04	---	CDNA clone IMAGE:5295605
237371_at	1,32	2,68	2,04	---	Transcribed locus
233116_at	19,35	39,45	2,04	---	CDNA FLJ25090 fis, clone CBL08887

1556401_a_at	1,28	2,62	2,04	---	CDNA FLJ30146 fis, clone BRACE2000256
1562684_at	2,07	4,22	2,04	---	MRNA; cDNA DKFZp586H0718 (from clone DKFZp586H0718)
243425_at	3,23	6,60	2,04	---	Transcribed locus
233581_at	4,00	8,17	2,04	---	Clone 24850 mRNA sequence
240297_at	7,05	14,40	2,04	---	Transcribed locus
234052_at	4,13	8,45	2,04	---	CDNA FLJ11638 fis, clone HEMBA1004323
237538_at	1,82	3,72	2,05	---	---
215469_at	2,88	5,90	2,05	---	Clone IMAGE:26186, mRNA sequence
1559788_at	7,55	15,45	2,05	---	CDNA: FLJ23388 fis, clone HEP17008
1566837_at	5,70	11,67	2,05	---	CDNA clone IMAGE:5302735
239943_x_at	6,28	12,87	2,05	---	MRNA; cDNA DKFZp667D1513 (from clone DKFZp667D1513)
231082_at	8,33	17,07	2,05	---	Transcribed locus
1562487_at	4,52	9,27	2,05	---	CDNA clone IMAGE:4838261
243767_at	1,28	2,63	2,05	---	Transcribed locus
243184_at	23,92	49,08	2,05	---	---
224026_at	4,40	9,03	2,05	---	---
1567986_at	1,23	2,53	2,05	---	MRNA activated in tumor suppression, clone TSAP20
243962_at	8,88	18,25	2,05	---	Transcribed locus
1567181_x_at	2,12	4,35	2,06	---	---
242202_at	3,00	6,17	2,06	---	CDNA clone IMAGE:5302136
241173_at	9,83	20,22	2,06	---	Transcribed locus
242046_at	5,63	11,58	2,06	---	Transcribed locus
1561199_at	6,75	13,88	2,06	---	CDNA clone IMAGE:4831149
236343_at	5,73	11,80	2,06	---	Transcribed locus
1561662_at	1,13	2,33	2,06	---	Transcribed locus
1561084_at	1,13	2,33	2,06	---	CDNA clone IMAGE:5268539
232582_at	2,25	4,63	2,06	---	CDNA FLJ12128 fis, clone MAMMA1000175
220884_at	2,77	5,70	2,06	---	---
230781_at	4,62	9,52	2,06	---	---
238359_at	2,70	5,57	2,06	---	---
241753_at	4,00	8,25	2,06	---	Transcribed locus
1557551_at	3,72	7,67	2,06	---	CDNA FLJ13866 fis, clone THYRO1001213
241551_at	1,85	3,82	2,06	---	---
237384_x_at	3,17	6,53	2,06	---	CDNA clone IMAGE:5262496
1557439_at	2,63	5,43	2,06	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5166375, mRNA
233717_x_at	3,67	7,57	2,06	---	CDNA FLJ14036 fis, clone HEMBA1004709
243415_at	0,78	1,62	2,06	---	---
1560856_at	5,70	11,77	2,06	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5742065, mRNA
1561273_at	6,47	13,35	2,06	---	---
243726_at	1,28	2,65	2,06	---	Transcribed locus
1568846_at	3,77	7,78	2,07	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001153616.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
1559924_at	15,90	32,87	2,07	---	CDNA clone IMAGE:5303182
1563351_at	1,48	3,07	2,07	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4297230, mRNA
237561_x_at	32,05	66,30	2,07	---	Transcribed locus

240497_at	7,03	14,55	2,07	---	---
236520_at	7,43	15,38	2,07	---	(clone 33) macronuclear mRNA
1569816_at	8,87	18,35	2,07	---	CDNA clone IMAGE:4827494
1566658_at	5,43	11,25	2,07	---	CDNA clone IMAGE:4825100
243494_at	1,15	2,38	2,07	---	Transcribed locus
234856_at	1,15	2,38	2,07	---	---
1557413_a_at	2,27	4,70	2,07	---	CDNA FLJ32328 fis, clone PROST2004481
240477_at	5,33	11,07	2,08	---	Transcribed locus
215811_at	10,78	22,40	2,08	---	Clone GLSH-3 similar to gliadin mRNA sequence
1561509_at	3,65	7,58	2,08	---	CDNA clone IMAGE:5267361
216568_x_at	3,63	7,55	2,08	---	---
231410_at	4,03	8,38	2,08	---	Transcribed locus
240400_at	6,97	14,48	2,08	---	Transcribed locus
1562454_at	7,23	15,05	2,08	---	Transcribed locus
244573_at	6,15	12,80	2,08	---	MRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 200247
1566044_at	4,08	8,50	2,08	---	Full length insert cDNA clone YR76A02
216637_at	4,07	8,47	2,08	---	MRNA; cDNA DKFZp586A0617 (from clone DKFZp586A0617)
241561_at	8,12	16,90	2,08	---	Transcribed locus
1554403_a_at	1,40	2,92	2,08	---	CDNA clone IMAGE:4623222
1564836_at	4,38	9,13	2,08	---	CDNA clone IMAGE:4248887
239003_at	1,98	4,13	2,08	---	Transcribed locus
224346_at	3,35	6,98	2,08	---	---
241737_x_at	10,23	21,33	2,08	---	Transcribed locus
234209_at	3,88	8,10	2,09	---	CDNA: FLJ21495 fis, clone COL05614
1562431_x_at	1,93	4,03	2,09	---	---
1562817_at	1,35	2,82	2,09	---	CDNA clone IMAGE:5303547
216065_at	6,90	14,40	2,09	---	Transcribed locus
229108_at	3,23	6,75	2,09	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001090363.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
241891_at	7,18	15,00	2,09	---	Transcribed locus
242958_x_at	3,18	6,65	2,09	---	Transcribed locus
1559353_at	1,12	2,33	2,09	---	Full length insert cDNA YQ09C04
215612_at	5,77	12,07	2,09	---	CDNA FLJ12349 fis, clone MAMMA1002308
239520_at	2,88	6,03	2,09	---	Transcribed locus
232999_at	4,30	9,00	2,09	---	MRNA; cDNA DKFZp564M1563 (from clone DKFZp564M1563)
239448_at	12,53	26,23	2,09	---	Transcribed locus
243736_at	14,78	30,95	2,09	---	Transcribed locus
1561422_at	2,83	5,93	2,09	---	CDNA FLJ35895 fis, clone TESTI2009400
236709_at	3,15	6,60	2,10	---	Transcribed locus
237497_at	9,33	19,57	2,10	---	Transcribed locus
241789_at	8,43	17,68	2,10	---	CDNA FLJ36544 fis, clone TRACH2006378
232790_at	9,97	20,92	2,10	---	Homo sapiens, clone IMAGE:6058191, mRNA
235895_at	2,83	5,95	2,10	---	Transcribed locus
1560862_at	3,98	8,37	2,10	---	MRNA; cDNA DKFZp434I235 (from clone DKFZp434I235)
1563073_at	4,13	8,68	2,10	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5170056, mRNA

1557450_s_at	58,55	123,07	2,10	---	I.M.A.G.E. clone 241447, mRNA sequence
1570221_at	2,77	5,82	2,10	---	CDNA clone IMAGE:5552651
208007_at	3,87	8,13	2,10	---	---
231507_at	2,40	5,05	2,10	---	Transcribed locus
232712_at	1,90	4,00	2,11	---	CDNA FLJ13446 fis, clone PLACE1002968
241958_at	9,65	20,32	2,11	---	Transcribed locus
234037_s_at	4,73	9,97	2,11	---	CDNA: FLJ22846 fis, clone KAIA555
1562093_at	1,73	3,65	2,11	---	CDNA clone IMAGE:5303808
1561427_at	5,93	12,50	2,11	---	CDNA clone IMAGE:4830402
1561555_at	6,28	13,27	2,11	---	CDNA clone IMAGE:5284522
237358_at	4,85	10,25	2,11	---	---
243132_at	6,02	12,72	2,11	---	---
239955_at	6,05	12,80	2,12	---	Transcribed locus
234527_at	3,45	7,30	2,12	---	---
1557403_s_at	4,72	9,98	2,12	---	CDNA FLJ36685 fis, clone UTERU2008018
242419_at	8,42	17,82	2,12	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_530243.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
241761_at	3,85	8,15	2,12	---	---
236191_at	4,68	9,92	2,12	---	Transcribed locus
238260_at	10,17	21,53	2,12	---	---
1564227_at	7,53	15,97	2,12	---	CDNA: FLJ21299 fis, clone COL02041
236996_at	6,32	13,42	2,12	---	Transcribed locus
1559645_at	10,90	23,17	2,13	---	Non-coding RNA HANC
239589_at	2,65	5,63	2,13	---	---
241415_at	12,33	26,25	2,13	---	---
1557456_a_at	1,17	2,48	2,13	---	Full length insert cDNA YN75A10
1565587_at	6,22	13,23	2,13	---	CDNA clone IMAGE:4828283
1564244_a_at	1,68	3,58	2,13	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5170410, mRNA
215964_at	2,58	5,50	2,13	---	EST clone 22453 mariner transposon Hsmar1 sequence
237927_at	3,73	7,95	2,13	---	---
237169_at	3,20	6,82	2,13	---	Transcribed locus
241155_at	1,53	3,27	2,13	---	---
1560791_at	4,08	8,70	2,13	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5221301, mRNA
237854_at	12,10	25,78	2,13	---	Transcribed locus
216431_at	2,28	4,87	2,13	---	---
237307_at	4,65	9,92	2,13	---	Transcribed locus
1556054_at	4,52	9,63	2,13	---	Full length insert cDNA clone ZD45C02
238377_s_at	1,87	3,98	2,13	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001091806.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
231350_at	2,98	6,37	2,13	---	Clone IMAGp998C217408Q2 mRNA sequence
1566966_at	4,22	9,00	2,13	---	CDNA: FLJ20864 fis, clone ADKA01825
237500_at	4,58	9,78	2,13	---	Transcribed locus
239091_at	10,32	22,03	2,14	---	Transcribed locus
228271_at	15,33	32,75	2,14	---	CDNA FLJ41736 fis, clone HLUNG2019058
223929_s_at	4,03	8,62	2,14	---	---
243330_at	4,92	10,52	2,14	---	---

1557463_at	3,58	7,67	2,14	---	CDNA clone IMAGE:4814849
215635_at	5,23	11,20	2,14	---	MRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 239714
237965_at	3,20	6,85	2,14	---	---
1569681_at	6,00	12,85	2,14	---	CDNA clone IMAGE:5209417
235657_at	3,83	8,22	2,14	---	Transcribed locus
217439_at	5,25	11,27	2,15	---	---
244827_at	4,20	9,02	2,15	---	---
243890_at	4,85	10,42	2,15	---	Transcribed locus
243503_at	3,25	6,98	2,15	---	Transcribed locus
231687_at	2,78	5,98	2,15	---	Transcribed locus, moderately similar to NP_001002912.3 hypothetical protein LOC127254 [Homo sapiens]
232939_at	7,45	16,02	2,15	---	CDNA FLJ10742 fis, clone NT2RP3001629
244423_at	3,55	7,63	2,15	---	Transcribed locus
238225_at	6,97	14,98	2,15	---	---
243366_s_at	7,48	16,12	2,15	---	Transcribed locus
233691_at	3,43	7,40	2,16	---	CDNA: FLJ21706 fis, clone COL09945
232236_at	3,00	6,47	2,16	---	CDNA: FLJ22146 fis, clone HEP22153
233363_at	2,55	5,50	2,16	---	MRNA; cDNA DKFZp564A156 (from clone DKFZp564A156)
236489_at	15,95	34,43	2,16	---	Transcribed locus
1560510_at	3,03	6,55	2,16	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5171331, mRNA
233283_at	4,15	8,97	2,16	---	CDNA FLJ14025 fis, clone HEMBA1003667
231314_at	2,27	4,90	2,16	---	Transcribed locus
216423_at	6,78	14,67	2,16	---	CDNA: FLJ23041 fis, clone LNG02288
1560893_at	2,57	5,55	2,16	---	Full length insert cDNA clone ZB97E03
234224_at	1,83	3,97	2,16	---	MRNA; cDNA DKFZp43400919 (from clone DKFZp43400919)
1561926_at	2,63	5,70	2,16	---	Full length insert cDNA clone YT85D04
1563031_at	3,73	8,08	2,17	---	Homo sapiens, clone IMAGE:3681561, mRNA
1569698_s_at	6,03	13,07	2,17	---	CDNA clone IMAGE:4824433
240935_at	2,40	5,20	2,17	---	---
234600_at	1,20	2,60	2,17	---	CDNA: FLJ21209 fis, clone COL00396
1570158_at	5,28	11,45	2,17	---	CDNA clone MGC:35458 IMAGE:5192697
233180_at	9,57	20,73	2,17	---	CDNA FLJ12088 fis, clone HEMBB1002545
234658_at	4,78	10,37	2,17	---	CDNA: FLJ22748 fis, clone KAIA0249
215401_at	7,72	16,73	2,17	---	CDNA FLJ12248 fis, clone MAMMA1001408
1561739_at	5,82	12,62	2,17	---	MRNA; cDNA DKFZp667P184 (from clone DKFZp667P184)
237105_at	6,67	14,47	2,17	---	CDNA FLJ46701 fis, clone TRACH3014063
238388_x_at	5,35	11,62	2,17	---	Transcribed locus
1569515_a_at	7,77	16,87	2,17	---	CDNA clone IMAGE:5164530
1564351_at	4,75	10,32	2,17	---	CDNA: FLJ23048 fis, clone LNG02550
234597_at	2,03	4,42	2,17	---	CDNA: FLJ20914 fis, clone ADSE00646
239865_at	2,12	4,60	2,17	---	Transcribed locus
243706_at	8,65	18,80	2,17	---	Transcribed locus
232979_at	4,52	9,82	2,17	---	CDNA FLJ20832 fis, clone ADKA03033
1557581_x_at	4,25	9,25	2,18	---	CDNA clone IMAGE:3923254
234160_at	2,55	5,55	2,18	---	CDNA: FLJ21671 fis, clone COL09015

214996_at	7,27	15,82	2,18	---	MRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 146729
1561409_at	3,48	7,58	2,18	---	CDNA FLJ40393 fis, clone TESTI2036922
204782_at	4,10	8,93	2,18	---	---
228116_at	5,47	11,92	2,18	---	Clone IMAGE:120162 mRNA sequence
1556173_a_at	17,13	37,35	2,18	---	Transcribed locus
230859_at	5,85	12,77	2,18	---	Transcribed locus
1555817_s_at	2,28	4,98	2,18	---	---
215488_at	2,82	6,15	2,18	---	Clone 23911 mRNA sequence
1558845_at	2,25	4,92	2,19	---	CDNA FLJ40376 fis, clone TESTI2035121
234460_at	3,60	7,87	2,19	---	---
229314_at	6,73	14,72	2,19	---	---
215928_at	6,62	14,47	2,19	---	CDNA FLJ12130 fis, clone MAMMA1000251
237971_at	4,18	9,15	2,19	---	---
220568_at	2,65	5,80	2,19	---	---
244720_at	1,85	4,05	2,19	---	---
1561595_x_at	3,85	8,43	2,19	---	Full length insert cDNA YN57B01
243125_x_at	4,88	10,70	2,19	---	Transcribed locus
221159_at	6,53	14,32	2,19	---	---
240404_at	3,48	7,63	2,19	---	Transcribed locus
239918_at	5,38	11,80	2,19	---	CDNA FLJ25946 fis, clone JTH14258
1570230_at	8,05	17,65	2,19	---	Transcribed locus
1558874_a_at	3,62	7,93	2,19	---	Full length insert cDNA YP97H11
233279_at	3,78	8,30	2,19	---	CDNA FLJ12322 fis, clone MAMMA1002093
237000_at	4,28	9,40	2,19	---	Transcribed locus
239296_at	7,53	16,53	2,19	---	Transcribed locus
234439_at	4,95	10,87	2,20	---	CDNA FLJ10235 fis, clone HEMBB1000339
227838_at	7,33	16,10	2,20	---	CDNA FLJ12425 fis, clone MAMMA1003104
1562730_a_at	3,73	8,20	2,20	---	CDNA clone IMAGE:4110098
1556796_at	12,03	26,43	2,20	---	CDNA FLJ32776 fis, clone TESTI2002048
233701_at	6,65	14,62	2,20	---	CDNA: FLJ20927 fis, clone ADSE01007
228215_at	6,82	14,98	2,20	---	---
237902_at	2,50	5,50	2,20	---	Transcribed locus
1561584_at	2,00	4,40	2,20	---	CDNA clone IMAGE:4824588
1559437_at	2,08	4,58	2,20	---	CDNA FLJ40815 fis, clone TRACH2010600
239778_x_at	5,27	11,60	2,20	---	Transcribed locus
1567009_at	2,13	4,70	2,20	---	Full length insert cDNA clone YU51G05
1560743_a_at	3,00	6,62	2,21	---	CDNA FLJ33673 fis, clone BRAWH2001862
243399_at	5,40	11,92	2,21	---	Transcribed locus
222278_at	3,38	7,47	2,21	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001091338.1 PREDICTED: similar to solute carrier family 29 (nucleoside transporters), member 1 [Macaca mulatta]
1559538_at	14,25	31,47	2,21	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5188742, mRNA
232804_at	2,00	4,42	2,21	---	CDNA: FLJ22133 fis, clone HEP20529
1560047_s_at	2,63	5,82	2,21	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_036702.1 glutamate dehydrogenase 1 [Rattus norvegicus]
223957_at	8,63	19,08	2,21	---	P25

242063_s_at	1,33	2,95	2,21	---	Transcribed locus
240154_at	6,08	13,47	2,21	---	Transcribed locus
236252_at	4,12	9,12	2,21	---	Transcribed locus
1563635_at	3,85	8,53	2,22	---	CDNA clone IMAGE:5266862
236942_at	10,32	22,87	2,22	---	---
216891_at	4,67	10,35	2,22	---	---
244026_at	79,70	176,85	2,22	---	Transcribed locus
1560109_s_at	2,28	5,07	2,22	---	CDNA FLJ30757 fis, clone FEBRA2000468
229979_x_at	6,05	13,45	2,22	---	Transcribed locus
237186_at	3,43	7,63	2,22	---	MRNA; cDNA DKFZp779F2345 (from clone DKFZp779F2345)
1563345_at	9,47	21,05	2,22	---	---
234462_at	6,53	14,53	2,22	---	---
242796_x_at	3,08	6,87	2,23	---	Transcribed locus
234069_at	6,70	14,93	2,23	---	CDNA FLJ10227 fis, clone HEMBB1000103
239166_at	8,07	17,98	2,23	---	Transcribed locus
233331_at	4,28	9,55	2,23	---	Unknown mRNA sequence
1559375_s_at	2,47	5,50	2,23	---	Full length insert cDNA clone Y145C08
1562719_at	22,67	50,58	2,23	---	CDNA clone IMAGE:5297905
237049_at	1,42	3,17	2,24	---	Transcribed locus
1561868_at	9,02	20,18	2,24	---	MRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 592473
1561451_a_at	5,17	11,57	2,24	---	CDNA FLJ35945 fis, clone TESTI2011915
1559723_s_at	8,02	17,95	2,24	---	CDNA clone IMAGE:4830182
244095_at	6,22	13,93	2,24	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_511898.2 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
1558623_at	3,08	6,92	2,24	---	CDNA clone IMAGE:5744795
237157_at	8,88	19,93	2,24	---	Transcribed locus
234891_at	1,50	3,37	2,24	---	---
1559316_at	4,35	9,77	2,25	---	CDNA FLJ36043 fis, clone TESTI2017582
1567010_at	3,25	7,30	2,25	---	MRNA; cDNA DKFZp4340142 (from clone DKFZp4340142)
243860_at	3,50	7,87	2,25	---	---
236397_at	5,25	11,80	2,25	---	Transcribed locus
236868_at	2,82	6,33	2,25	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5200213, mRNA
1562364_at	1,90	4,28	2,25	---	---
1560630_at	21,98	49,57	2,25	---	CDNA clone IMAGE:4838137
211388_s_at	8,92	20,12	2,26	---	---
244548_at	4,73	10,68	2,26	---	Full length insert cDNA clone YP77A07
236774_at	1,17	2,63	2,26	---	Transcribed locus
234012_at	8,77	19,82	2,26	---	MRNA, chromosome 1 specific transcript KIAA0497
237598_at	2,17	4,90	2,26	---	Transcribed locus
237115_at	4,63	10,48	2,26	---	Transcribed locus
232677_at	4,28	9,72	2,27	---	CDNA FLJ11862 fis, clone HEMBA1006900
237508_at	1,92	4,35	2,27	---	---
1566442_at	3,77	8,55	2,27	---	---
1561686_at	3,20	7,27	2,27	---	---
1556497_a_at	3,87	8,78	2,27	---	Full length insert cDNA clone YW20C06

221117_at	1,90	4,32	2,27	---	Ncam1
1566203_at	1,90	4,32	2,27	---	CDNA FLJ35929 fis, clone TESTI2010833
237775_x_at	3,30	7,50	2,27	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_596869.3 titin isoform N2-A [Homo sapiens]
220898_at	6,77	15,38	2,27	---	---
1562607_at	3,30	7,52	2,28	---	MRNA; cDNA DKFZp564A242 (from clone DKFZp564A242)
237546_at	2,75	6,27	2,28	---	Transcribed locus
216141_at	8,48	19,33	2,28	---	---
240968_at	1,97	4,48	2,28	---	Transcribed locus
1563886_at	5,42	12,35	2,28	---	MRNA; cDNA DKFZp313G1022 (from clone DKFZp313G1022)
243593_s_at	10,20	23,27	2,28	---	Transcribed locus
240810_at	10,43	23,80	2,28	---	CDNA FLJ40412 fis, clone TESTI2037976
243307_at	2,13	4,87	2,28	---	Transcribed locus
1560864_at	3,78	8,63	2,28	---	Full length insert cDNA clone YO02C07
242254_at	3,73	8,53	2,29	---	Transcribed locus
1555415_at	3,58	8,20	2,29	---	---
233111_at	12,72	29,13	2,29	---	CDNA FLJ13886 fis, clone THYRO1001559
1556479_at	8,75	20,05	2,29	---	CDNA FLJ40474 fis, clone TESTI2042928
1555157_at	6,40	14,70	2,30	---	---
1566142_at	7,52	17,27	2,30	---	CDNA FLJ37949 fis, clone CTONG2009156
240093_x_at	1,23	2,83	2,30	---	Transcribed locus
242479_s_at	4,92	11,30	2,30	---	---
238317_x_at	8,82	20,28	2,30	---	---
243233_at	7,13	16,42	2,30	---	Transcribed locus
235617_x_at	4,75	10,93	2,30	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4293240, mRNA
1562035_at	1,43	3,30	2,30	---	CDNA FLJ30902 fis, clone FEBRA2005787
216465_at	4,45	10,25	2,30	---	MRNA; cDNA DKFZp586N2022 (from clone DKFZp586N2022)
241595_at	10,05	23,15	2,30	---	---
1564595_at	3,70	8,53	2,31	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5745181, mRNA
233690_at	16,72	38,57	2,31	---	CDNA: FLJ23090 fis, clone LNG07119
233222_at	6,72	15,50	2,31	---	Clone IMAGE:212461, mRNA sequence
222317_at	2,42	5,58	2,31	---	Transcribed locus
221973_at	10,73	24,80	2,31	---	Transcribed locus, weakly similar to XP_537456.2 PREDICTED: similar to LINE-1 reverse transcriptase homolog [Canis familiaris]
233745_at	2,08	4,82	2,31	---	CDNA FLJ34894 fis, clone NT2NE2017982
240923_at	4,97	11,48	2,31	---	Transcribed locus
234862_at	5,38	12,45	2,31	---	---
1569941_at	2,42	5,60	2,32	---	Transcribed locus
241003_at	4,03	9,35	2,32	---	---
233258_at	2,62	6,07	2,32	---	---
1562595_at	3,40	7,90	2,32	---	CDNA clone IMAGE:5269957
1569942_at	1,80	4,18	2,32	---	CDNA clone IMAGE:4796629
241341_at	3,73	8,68	2,33	---	---
1562944_at	3,12	7,25	2,33	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5171052, mRNA
237562_at	1,27	2,95	2,33	---	CDNA FLJ42361 fis, clone UTERU2025366
242637_at	1,32	3,07	2,33	---	Transcribed locus

211459_at	2,73	6,37	2,33	---	---
244263_at	2,93	6,83	2,33	---	---
1557017_at	1,57	3,65	2,33	---	CDNA clone IMAGE:5312582
1557402_at	1,77	4,12	2,33	---	CDNA clone IMAGE:4838183
1565585_at	1,87	4,35	2,33	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5181355, mRNA
236375_at	3,80	8,87	2,33	---	Transcribed locus
230517_at	1,65	3,85	2,33	---	---
234086_at	1,93	4,52	2,34	---	CDNA FLJ14037 fis, clone HEMBA1004860
238751_at	4,18	9,78	2,34	---	CDNA clone IMAGE:4791597
1560424_at	1,92	4,48	2,34	---	CDNA FLJ40944 fis, clone UTERU2008705
1557325_at	1,72	4,02	2,34	---	CDNA clone IMAGE:4801141
230794_at	2,20	5,15	2,34	---	Transcribed locus
216169_at	3,88	9,10	2,34	---	---
234180_at	2,37	5,55	2,35	---	CDNA: FLJ23078 fis, clone LNG05870
240671_at	3,62	8,48	2,35	---	Transcribed locus
238288_at	5,17	12,13	2,35	---	Transcribed locus
237007_at	0,67	1,57	2,35	---	Transcribed locus
234817_at	3,55	8,35	2,35	---	---
239764_at	4,38	10,32	2,35	---	Transcribed locus
1562727_at	3,57	8,40	2,36	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4724389
237602_at	4,02	9,47	2,36	---	Transcribed locus
243731_at	3,92	9,23	2,36	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_036386.1 solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 5 [Homo sapiens]
242104_at	7,33	17,30	2,36	---	Transcribed locus
236293_at	8,12	19,15	2,36	---	Transcribed locus
236287_at	1,48	3,50	2,36	---	Transcribed locus
1561026_a_at	6,25	14,77	2,36	---	CDNA FLJ23762 fis, clone HEP18324
1560182_at	1,88	4,45	2,36	---	CDNA FLJ34023 fis, clone FCBBF2003083
215144_at	4,27	10,08	2,36	---	Transcribed locus
1561487_at	3,93	9,30	2,36	---	CDNA clone IMAGE:4821877
1566854_at	6,07	14,35	2,37	---	MRNA; cDNA DKFZp667H1521 (from clone DKFZp667H1521)
232478_at	1,50	3,55	2,37	---	CDNA clone IMAGE:4815026
1563391_at	10,93	25,88	2,37	---	CDNA clone IMAGE:5270327
243121_x_at	21,87	51,78	2,37	---	---
237961_at	1,90	4,50	2,37	---	CDNA FLJ41955 fis, clone PROST2019398
237976_at	4,12	9,75	2,37	---	---
1569810_at	1,27	3,00	2,37	---	CDNA clone IMAGE:5271710
216225_at	1,70	4,03	2,37	---	Clone IMAGE 25997
1563881_at	4,52	10,73	2,38	---	MRNA; cDNA DKFZp5470108 (from clone DKFZp5470108)
231333_at	11,40	27,12	2,38	---	---
1569063_at	1,93	4,60	2,38	---	CDNA clone IMAGE:4106796
1566535_at	3,47	8,25	2,38	---	CDNA FLJ40701 fis, clone THYMU2025909
240397_x_at	2,15	5,12	2,38	---	Transcribed locus
238954_at	1,88	4,48	2,38	---	Transcribed locus
1559152_at	3,37	8,02	2,38	---	Transcribed locus

1562260_at	0,92	2,18	2,38	---	MRNA; cDNA DKFZp667M0710 (from clone DKFZp667M0710)
1565923_at	1,38	3,30	2,39	---	CD77 protein
1562747_at	0,73	1,75	2,39	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5219794, mRNA
236280_at	10,67	25,47	2,39	---	Transcribed locus
243395_at	102,17	243,97	2,39	---	Transcribed locus
1568795_at	2,10	5,02	2,39	---	CDNA clone IMAGE:5193442
235841_at	3,78	9,05	2,39	---	Transcribed locus
239822_at	0,85	2,03	2,39	---	CDNA clone IMAGE:4816129
1569482_at	4,03	9,65	2,39	---	CDNA clone IMAGE:5262617
1564821_at	2,12	5,07	2,39	---	CDNA: FLJ20959 fis, clone ADSE02064
1568662_at	1,27	3,03	2,39	---	CDNA clone IMAGE:5266772
237801_at	2,15	5,15	2,40	---	---
1565563_at	2,32	5,55	2,40	---	Full length insert cDNA YI31B02
238892_at	3,70	8,87	2,40	---	Transcribed locus
1559354_a_at	4,48	10,75	2,40	---	Full length insert cDNA YQ09C04
211910_at	1,92	4,60	2,40	---	Death adaptor molecule RAIDD-2
241109_at	0,75	1,80	2,40	---	Transcribed locus
237055_at	4,75	11,40	2,40	---	Transcribed locus, weakly similar to XP_524364.2 PREDICTED: zinc finger protein 649 [Pan troglodytes]
1569670_at	2,45	5,88	2,40	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001143755.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
242495_at	1,65	3,97	2,40	---	---
217018_at	2,02	4,85	2,40	---	---
224349_at	3,10	7,47	2,41	---	---
236956_at	12,28	29,60	2,41	---	Transcribed locus
237499_at	1,65	3,98	2,41	---	Transcribed locus
1557849_at	0,60	1,45	2,42	---	CDNA clone IMAGE:5267587
224258_at	3,18	7,70	2,42	---	Endozepine-like protein type 1 mutant
220697_at	2,47	5,97	2,42	---	CDNA clone IMAGE:40003562
237773_at	8,07	19,52	2,42	---	Transcribed locus
240460_at	4,77	11,53	2,42	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001142613.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
241186_at	1,58	3,83	2,42	---	Transcribed locus
240469_at	2,88	6,98	2,42	---	Transcribed locus
239543_s_at	4,27	10,35	2,43	---	Transcribed locus
228560_at	3,60	8,73	2,43	---	Full length insert cDNA clone YY51E04
237843_at	4,45	10,82	2,43	---	Transcribed locus
237267_at	3,93	9,57	2,43	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001085521.1 PREDICTED: hypothetical protein [Macaca mulatta]
1559880_at	4,05	9,87	2,44	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5172739, mRNA
1557533_at	2,13	5,20	2,44	---	CDNA FLJ12006 fis, clone HEMBB1001585
1569933_at	7,65	18,65	2,44	---	CDNA clone IMAGE:4547814
237705_at	3,77	9,18	2,44	---	Transcribed locus
235454_at	3,00	7,32	2,44	---	Transcribed locus
243469_at	8,23	20,10	2,44	---	Transcribed locus
224487_at	3,13	7,65	2,44	---	---
1568898_at	2,22	5,42	2,44	---	Transcribed locus
213817_at	13,68	33,48	2,45	---	CDNA FLJ13601 fis, clone PLACE1010069

243204_at	1,12	2,73	2,45	---	Transcribed locus
1561780_at	3,05	7,47	2,45	---	Murine retrovirus readthrough RNA sequence
240948_at	4,02	9,83	2,45	---	Transcribed locus
233590_at	4,57	11,18	2,45	---	CDNA FLJ10696 fis, clone NT2RP3000484
217402_at	1,97	4,82	2,45	---	---
237341_at	4,03	9,88	2,45	---	---
1559707_at	1,18	2,90	2,45	---	MRNA; cDNA DKFZp434j0927 (from clone DKFZp434j0927)
239932_at	1,73	4,25	2,45	---	Transcribed locus
1556172_at	9,77	23,97	2,45	---	Transcribed locus
1559770_at	2,53	6,22	2,45	---	CDNA FLJ39665 fis, clone SMINT2007294
235732_at	4,62	11,33	2,45	---	Transcribed locus
233127_at	6,00	14,73	2,46	---	CDNA FLJ12412 fis, clone MAMMA1003004
239605_x_at	4,95	12,17	2,46	---	Transcribed locus
216691_at	2,63	6,48	2,46	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_855284.1 PREDICTED: similar to glutamate receptor KA2 precursor [Canis familiaris]
241147_at	2,77	6,82	2,46	---	Transcribed locus
243830_at	4,17	10,27	2,46	---	Transcribed locus
240675_at	1,90	4,68	2,46	---	Transcribed locus
221382_at	7,05	17,40	2,47	---	---
219721_at	2,55	6,30	2,47	---	---
235965_at	32,15	79,45	2,47	---	Transcribed locus
232472_at	7,72	19,08	2,47	---	CDNA FLJ12399 fis, clone MAMMA1002780
1566265_at	2,25	5,57	2,47	---	Full length insert cDNA YQ80D07
216936_at	16,07	39,77	2,48	---	---
240347_at	1,28	3,18	2,48	---	Transcribed locus
1568691_at	10,77	26,75	2,48	---	CDNA clone IMAGE:3613441
224354_at	1,88	4,68	2,49	---	---
1566763_at	4,45	11,07	2,49	---	CDNA clone IMAGE:5277680
241530_at	0,68	1,70	2,49	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_077144.2 RIO kinase 3 [Mus musculus]
1561924_at	0,85	2,12	2,49	---	Full length insert cDNA clone YU27B01
234887_at	1,90	4,73	2,49	---	---
230014_at	7,45	18,57	2,49	---	Transcribed locus
244733_at	2,33	5,82	2,49	---	---
1562269_at	1,22	3,03	2,49	---	MRNA; cDNA DKFZp686G1636 (from clone DKFZp686G1636)
237103_at	6,63	16,55	2,49	---	Transcribed locus
230088_at	5,23	13,07	2,50	---	CDNA FLJ38345 fis, clone FCBBF3028671 /// CDNA: FLJ22322 fis, clone HRC05532
241509_at	4,75	11,87	2,50	---	---
238072_at	18,98	47,45	2,50	---	CDNA FLJ38016 fis, clone CTONG2012724
230980_x_at	2,77	6,92	2,50	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_001028866.1 sterol regulatory element binding factor 2 [Rattus norvegicus]
236062_at	11,17	27,93	2,50	---	Transcribed locus
217382_at	6,62	16,57	2,50	---	---
1556909_at	4,20	10,52	2,50	---	CDNA clone IMAGE:4830327
1559987_at	2,50	6,27	2,51	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5585678, mRNA
1566080_at	2,33	5,85	2,51	---	Transcribed locus
241289_at	1,37	3,43	2,51	---	---

213790_at	7,17	18,02	2,51	---	CDNA FLJ31066 fis, clone HSYRA2001153
240747_at	1,55	3,90	2,52	---	Transcribed locus
244223_at	0,48	1,22	2,52	---	---
235995_at	4,18	10,53	2,52	---	---
215742_at	2,32	5,83	2,52	---	CDNA FLJ12157 fis, clone MAMMA1000500
243810_at	4,85	12,22	2,52	---	Transcribed locus
1563480_at	5,07	12,77	2,52	---	MRNA; cDNA DKFZp547F064 (from clone DKFZp547F064)
237972_at	1,60	4,03	2,52	---	---
202280_at	1,95	4,92	2,52	---	---
1566276_at	4,18	10,55	2,52	---	---
233207_at	3,28	8,28	2,52	---	---
1560917_at	3,77	9,52	2,53	---	Full length insert cDNA clone ZD17D11
237644_at	3,37	8,53	2,53	---	Full length insert cDNA YU36C09
1564012_at	13,02	33,00	2,54	---	CDNA FLJ38229 fis, clone FCBBF2004256
236086_at	2,98	7,57	2,54	---	Transcribed locus
234869_at	3,85	9,77	2,54	---	---
1556828_at	1,08	2,75	2,54	---	CDNA FLJ36457 fis, clone THYMU2014500
234218_at	2,80	7,13	2,55	---	---
234185_at	3,62	9,22	2,55	---	CDNA: FLJ23170 fis, clone LNG09984
234909_at	2,58	6,58	2,55	---	MRNA; cDNA DKFZp547G144 (from clone DKFZp547G144)
235701_at	4,88	12,45	2,55	---	Transcribed locus
231457_at	2,33	5,95	2,55	---	Transcribed locus
242816_at	1,62	4,13	2,56	---	---
1559966_a_at	7,95	20,33	2,56	---	CDNA clone IMAGE:4811567
1558720_at	3,90	9,98	2,56	---	---
1558481_s_at	6,48	16,60	2,56	---	CDNA FLJ45897 fis, clone OCBBF3025131
217472_at	4,78	12,25	2,56	---	---
230373_at	4,95	12,70	2,57	---	CDNA clone IMAGE:5274141
243113_at	4,88	12,53	2,57	---	Transcribed locus
232292_at	2,55	6,55	2,57	---	CDNA FLJ13509 fis, clone PLACE1005108
237697_at	1,05	2,70	2,57	---	Transcribed locus
1570192_at	263,15	677,52	2,57	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_060337.2 hypothetical protein LOC54969 [Homo sapiens]
1562604_at	3,18	8,20	2,58	---	CDNA FLJ37024 fis, clone BRACE2010837
234398_at	1,97	5,07	2,58	---	T-cell receptor active alpha-chain V-region (V-J-C) mRNA, partial cds, clone AB21
230501_at	1,82	4,68	2,58	---	CDNA: FLJ21923 fis, clone HEP04081
1566778_at	1,90	4,90	2,58	---	CDNA clone IMAGE:5294798
1557117_at	4,73	12,22	2,58	---	CDNA clone IMAGE:4812643
244542_at	1,95	5,03	2,58	---	CDNA FLJ30580 fis, clone BRAWH2006996
220701_at	5,07	13,12	2,59	---	---
1560349_at	2,08	5,40	2,59	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5497723, mRNA
231401_s_at	6,92	17,95	2,60	---	---
1560298_at	3,33	8,67	2,60	---	CDNA clone IMAGE:4814133
241054_at	7,37	19,17	2,60	---	Transcribed locus
241170_at	1,63	4,25	2,60	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001717407.1 PREDICTED: similar to hCG1786685 [Homo sapiens]

1560946_at	3,30	8,60	2,61	---	CDNA FLJ32698 fis, clone TESTI2000427
237112_at	3,10	8,08	2,61	---	---
237445_at	4,65	12,13	2,61	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_976054.1 HEAT repeat containing 4 [Homo sapiens]
215642_at	2,43	6,35	2,61	---	Clone HQ0085
240081_at	3,83	10,02	2,61	---	---
216413_at	1,25	3,27	2,61	---	---
239786_at	3,12	8,15	2,61	---	Transcribed locus
216472_at	2,62	6,85	2,62	---	Chromosome 21q22.1 anonymous mRNA sequence
1556655_s_at	2,98	7,82	2,62	---	CDNA FLJ38740 fis, clone KIDNE2011782
239931_at	2,07	5,42	2,62	---	Transcribed locus
1561158_at	2,95	7,73	2,62	---	Full length insert cDNA clone ZD71D04
241128_at	1,63	4,28	2,62	---	---
233964_at	4,60	12,07	2,62	---	MRNA; cDNA DKFZp564H092 (from clone DKFZp564H092)
240309_at	5,23	13,73	2,62	---	Transcribed locus
1557599_a_at	2,33	6,13	2,63	---	CDNA clone IMAGE:5274693
1570013_at	2,57	6,75	2,63	---	CDNA clone IMAGE:4827119
1556531_at	2,88	7,58	2,63	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5579213, mRNA
1569603_at	4,05	10,67	2,63	---	Transcribed locus
233401_at	6,15	16,20	2,63	---	CDNA FLJ11892 fis, clone HEMBA1007281
243811_at	4,78	12,62	2,64	---	Transcribed locus
1560813_at	3,50	9,23	2,64	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4043849, mRNA
1569387_at	8,47	22,37	2,64	---	CDNA clone IMAGE:4818243
237269_at	2,23	5,90	2,64	---	Transcribed locus
233442_at	11,47	30,30	2,64	---	CDNA FLJ12196 fis, clone MAMMA1000867
232855_at	0,98	2,60	2,64	---	MRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 980547
230984_s_at	1,73	4,58	2,64	---	Transcribed locus
241302_at	6,08	16,10	2,65	---	Transcribed locus
230917_at	15,33	40,60	2,65	---	CDNA FLJ45450 fis, clone BRSTN2002691
237876_at	2,47	6,53	2,65	---	Transcribed locus
1568905_at	2,57	6,80	2,65	---	CDNA clone IMAGE:4795773
234348_at	3,67	9,72	2,65	---	---
1566082_at	2,82	7,47	2,65	---	CDNA FLJ33330 fis, clone BRACE2000441
238707_at	2,25	5,97	2,65	---	Transcribed locus
240323_at	3,17	8,42	2,66	---	Transcribed locus
240811_at	1,13	3,02	2,66	---	Transcribed locus
240678_at	2,77	7,37	2,66	---	Transcribed locus
244422_at	2,83	7,55	2,66	---	Transcribed locus
207737_at	3,25	8,67	2,67	---	---
241521_at	3,17	8,45	2,67	---	Transcribed locus
217244_at	3,38	9,03	2,67	---	---
1559923_at	1,37	3,65	2,67	---	CDNA clone IMAGE:5311313
1568848_at	2,85	7,62	2,67	---	CDNA clone IMAGE:5275266
230614_at	2,82	7,53	2,67	---	Transcribed locus
229249_at	9,35	25,02	2,68	---	Transcribed locus

241239_at	2,02	5,40	2,68	---	---
1557335_at	1,82	4,87	2,68	---	Full length insert cDNA clone Y164B12
241058_at	4,00	10,72	2,68	---	---
1557658_at	2,70	7,25	2,69	---	CDNA FLJ33670 fis, clone BRAMY2028783
1558193_at	2,18	5,87	2,69	---	CDNA clone IMAGE:3931276
1570593_at	1,88	5,07	2,69	---	Transcribed locus
1567386_at	1,40	3,77	2,69	---	---
232944_at	3,40	9,15	2,69	---	CDNA FLJ14070 fis, clone HEMBB1001619
243220_at	6,08	16,38	2,69	---	Transcribed locus
1563341_at	5,93	15,98	2,69	---	CDNA clone IMAGE:4831161
244600_at	5,53	14,92	2,70	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001157267.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
234200_at	2,05	5,53	2,70	---	CDNA: FLJ21633 fis, clone COL08187
1562715_at	2,20	5,95	2,70	---	Clone 23850 mRNA sequence
237635_at	5,28	14,37	2,72	---	CDNA FLJ41016 fis, clone UTERU2018784
1559037_a_at	7,50	20,42	2,72	---	CDNA FLJ32512 fis, clone SMINT1000075
214803_at	9,68	26,37	2,72	---	Transcribed locus, weakly similar to NP_608540.1 CG2839 CG2839-PA [Drosophila melanogaster]
232776_at	9,28	25,28	2,72	---	CDNA FLJ11646 fis, clone HEMBA1004394
240466_at	4,90	13,35	2,72	---	Transcribed locus
243419_at	1,63	4,45	2,72	---	CDNA clone IMAGE:4801360
237498_at	4,70	12,82	2,73	---	---
237943_at	3,68	10,05	2,73	---	---
1566841_at	4,67	12,73	2,73	---	MRNA; cDNA DKFZp547E193 (from clone DKFZp547E193)
236944_at	4,37	11,93	2,73	---	Transcribed locus
234033_at	5,08	13,92	2,74	---	Clone IMAGE:110218 mRNA sequence
238352_s_at	7,80	21,40	2,74	---	Transcribed locus
236827_at	2,15	5,90	2,74	---	Transcribed locus
241286_at	2,03	5,58	2,75	---	Transcribed locus
224034_at	2,83	7,80	2,75	---	Transcribed locus, weakly similar to NP_060312.1 hypothetical protein LOC55652 [Homo sapiens]
1562766_at	1,42	3,90	2,75	---	CDNA clone IMAGE:5288938
234535_at	2,80	7,72	2,76	---	MRNA; cDNA DKFZp761G241 (from clone DKFZp761G241)
238758_at	7,92	21,88	2,76	---	Transcribed locus
237198_at	3,75	10,37	2,76	---	Transcribed locus
AFFX-TrpnX-3_at	2,63	7,28	2,77	---	---
1557865_at	1,15	3,18	2,77	---	CDNA clone IMAGE:5299063
235811_at	3,15	8,73	2,77	---	---
234139_s_at	0,73	2,03	2,77	---	CDNA FLJ13320 fis, clone OVARC1001611
238276_at	5,88	16,32	2,77	---	Transcribed locus
240763_at	2,73	7,58	2,77	---	Transcribed locus
244217_at	6,22	17,28	2,78	---	Transcribed locus
217444_at	5,22	14,53	2,79	---	MRNA; cDNA DKFZp564J1762 (from clone DKFZp564J1762)
237593_at	1,48	4,13	2,79	---	Transcribed locus
1561817_at	0,95	2,65	2,79	---	CDNA FLJ35294 fis, clone PROST2008724
236958_at	15,53	43,33	2,79	---	CDNA FLJ25271 fis, clone STM05584
1565578_at	0,72	2,00	2,79	---	CDNA FLJ34486 fis, clone HLUNG2004217

241288_at	1,47	4,10	2,80	---	---
237581_at	1,23	3,45	2,80	---	Transcribed locus
1566114_at	0,97	2,72	2,81	---	Transcribed locus
1560861_at	1,97	5,53	2,81	---	THRA1/BTR=fusion gene (3' region, deletion/fusion rearrangement) [human, breast cancer cell line BT474, mRNA Partial Mutant, 543 nt]
234649_at	2,90	8,18	2,82	---	CDNA: FLJ22606 fis, clone HSI04766
233944_at	1,98	5,60	2,82	---	CDNA FLJ12079 fis, clone HEMBB1002458
1563245_at	5,87	16,57	2,82	---	CDNA clone IMAGE:4798612
235448_at	3,10	8,78	2,83	---	CDNA FLJ37830 fis, clone BRSSN2009395
1556170_at	1,73	4,92	2,84	---	CDNA clone IMAGE:4830306
229288_at	44,33	125,88	2,84	---	Transcribed locus
237677_at	1,83	5,22	2,85	---	Transcribed locus
1562509_at	6,47	18,42	2,85	---	CDNA clone IMAGE:5284659
237018_at	11,32	32,30	2,85	---	Transcribed locus
242388_x_at	16,93	48,40	2,86	---	Transcribed locus
220879_at	5,53	15,82	2,86	---	---
240741_x_at	1,67	4,77	2,86	---	Transcribed locus
1569764_at	2,23	6,40	2,87	---	CDNA clone IMAGE:5268720
239817_at	2,90	8,32	2,87	---	---
237645_at	3,30	9,48	2,87	---	Transcribed locus
240725_at	4,17	12,02	2,88	---	CDNA FLJ42381 fis, clone UTERU2036512
235102_x_at	33,57	96,82	2,88	---	Transcribed locus
244845_at	2,37	6,83	2,89	---	Transcribed locus
1557816_a_at	3,70	10,68	2,89	---	Homo sapiens, clone IMAGE:3453782, mRNA
233612_at	3,53	10,22	2,89	---	CDNA FLJ12420 fis, clone MAMMA1003049
233508_at	2,57	7,43	2,90	---	Transcribed locus
240858_at	2,02	5,87	2,91	---	Transcribed locus
241645_at	2,03	5,92	2,91	---	Transcribed locus
235586_at	3,55	10,33	2,91	---	Transcribed locus
240764_at	2,50	7,28	2,91	---	Transcribed locus
241338_at	4,65	13,55	2,91	---	---
239755_at	1,98	5,78	2,92	---	Transcribed locus
222069_s_at	2,40	7,00	2,92	---	---
1561041_at	2,42	7,05	2,92	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5534210, mRNA
1569750_at	5,05	14,75	2,92	---	CDNA clone IMAGE:4822123
241806_at	1,13	3,32	2,93	---	Transcribed locus
224116_at	2,57	7,52	2,93	---	CDNA clone IMAGE:2822107
1557475_at	2,40	7,03	2,93	---	CDNA clone IMAGE:5274197
238221_at	6,02	17,63	2,93	---	Transcribed locus
229136_s_at	6,93	20,35	2,94	---	Transcribed locus
215316_at	3,10	9,10	2,94	---	MRNA; cDNA DKFZp434M091 (from clone DKFZp434M091)
243232_at	1,57	4,60	2,94	---	Transcribed locus
1560869_a_at	2,42	7,10	2,94	---	Full length insert cDNA clone YQ50C11
233491_at	2,65	7,80	2,94	---	---
1561546_at	4,00	11,78	2,95	---	CDNA clone IMAGE:4827685

1558466_at	2,57	7,57	2,95	---	Clone IMAGE:125405, mRNA sequence
237369_at	3,93	11,60	2,95	---	Transcribed locus
216151_at	1,78	5,27	2,95	---	CDNA FLJ11547 fis, clone HEMBA1002934
242896_at	1,47	4,33	2,95	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001102174.1 PREDICTED: similar to CG18437-PA [Macaca mulatta]
1563332_at	1,97	5,83	2,97	---	Homo sapiens, clone IMAGE:4697589, mRNA
1566623_at	5,43	16,13	2,97	---	Transcribed locus
1561278_at	3,43	10,20	2,97	---	CDNA clone IMAGE:4829538
243558_at	2,02	6,00	2,98	---	Transcribed locus
1562902_at	2,90	8,63	2,98	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5176738, mRNA
1557833_at	2,38	7,12	2,99	---	Transcribed locus
232828_at	5,38	16,12	2,99	---	CDNA: FLJ22153 fis, clone HRC00149
242801_at	2,85	8,55	3,00	---	Transcribed locus
222378_at	2,70	8,12	3,01	---	Transcribed locus
236093_at	6,00	18,05	3,01	---	CDNA FLJ32483 fis, clone SKNMC2001503, weakly similar to P-SELECTIN GLYCOPROTEIN LIGAND 1 PRECURSOR
238544_at	5,70	17,15	3,01	---	Transcribed locus
224031_at	5,40	16,25	3,01	---	---
229728_at	3,55	10,68	3,01	---	---
243006_at	7,08	21,32	3,01	---	CDNA FLJ30333 fis, clone BRACE2007262
1567702_at	1,65	4,97	3,01	---	---
239972_at	2,03	6,13	3,02	---	Transcribed locus
240981_at	1,77	5,33	3,02	---	---
1565921_a_at	4,22	12,73	3,02	---	MRNA from chromosome 5q21-22, clone:LI26
233683_at	2,18	6,60	3,02	---	CDNA: FLJ23085 fis, clone LNG06916
1552974_at	1,23	3,73	3,03	---	---
234517_at	6,55	19,83	3,03	---	---
1563179_at	1,10	3,35	3,05	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5749042, mRNA
232923_at	3,98	12,13	3,05	---	CDNA FLJ10075 fis, clone HEMBA1001815
1567387_at	0,67	2,03	3,05	---	---
233243_at	3,33	10,17	3,05	---	CDNA FLJ11533 fis, clone HEMBA1002678
229148_at	4,47	13,65	3,06	---	CDNA FLJ12777 fis, clone NT2RP2001720
234657_at	2,83	8,68	3,06	---	CDNA: FLJ23521 fis, clone LNG04928
236464_at	3,07	9,43	3,08	---	Transcribed locus
240758_at	2,50	7,73	3,09	---	---
216214_at	1,22	3,77	3,10	---	Clone 24504 mRNA sequence
231606_at	2,78	8,65	3,11	---	CDNA FLJ20198 fis, clone COLF1083
233309_at	3,83	11,92	3,11	---	CDNA FLJ11759 fis, clone HEMBA1005616
244238_at	5,97	18,57	3,11	---	Transcribed locus, moderately similar to XP_001137143.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
1559147_at	1,30	4,05	3,12	---	CDNA: FLJ23328 fis, clone HEP12645
1570331_at	3,03	9,47	3,12	---	---
1560979_a_at	1,60	5,03	3,15	---	Full length insert cDNA clone YY74C08
1566824_at	4,45	14,08	3,16	---	CDNA FLJ31010 fis, clone HLUNG2000174
237527_at	1,82	5,75	3,17	---	Transcribed locus
1560550_at	13,18	41,75	3,17	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5180210, mRNA
237446_at	2,77	8,77	3,17	---	Transcribed locus

237089_at	2,65	8,40	3,17	---	---
243422_at	1,82	5,77	3,17	---	Transcribed locus
1562631_at	3,55	11,32	3,19	---	CDNA FLJ35846 fis, clone TESTI2006877
1566582_x_at	3,05	9,73	3,19	---	MRNA; cDNA DKFZp667C1424 (from clone DKFZp667C1424)
1559563_at	2,00	6,42	3,21	---	Transcribed locus
240555_at	2,92	9,37	3,21	---	---
243131_x_at	16,73	53,77	3,21	---	---
243126_x_at	1,22	3,92	3,22	---	---
1561354_at	3,33	10,73	3,22	---	CDNA clone IMAGE:4829680
1567304_at	2,18	7,03	3,22	---	Cell line Ad-312/SV40 ectopic sequence from HMGI-C fusion mRNA, 3' sequence
1557504_at	2,40	7,77	3,24	---	Full length insert cDNA YQ11E04
241063_at	2,82	9,12	3,24	---	Transcribed locus
1561196_at	2,77	9,00	3,25	---	CDNA clone IMAGE:4827713
229330_at	3,22	10,48	3,26	---	CDNA FLJ77664 complete cds
1560744_at	4,72	15,38	3,26	---	---
235825_at	2,85	9,33	3,27	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_001145544.1 PREDICTED: hypothetical protein [Pan troglodytes]
230222_at	2,47	8,12	3,29	---	Transcribed locus
244267_at	4,13	13,62	3,29	---	Transcribed locus
1562696_at	0,95	3,15	3,32	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5166435, mRNA
1563069_at	2,32	7,68	3,32	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5170503, mRNA
232177_at	2,97	9,85	3,32	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5415705
1566803_at	2,33	7,82	3,35	---	CDNA: FLJ20901 fis, clone ADSE00109
236889_at	1,78	5,98	3,36	---	Transcribed locus
1558947_at	2,23	7,50	3,36	---	Full length insert cDNA clone ZD90B10
1565876_x_at	0,88	2,98	3,38	---	Full length insert cDNA clone YP86C01
229226_at	3,95	13,38	3,39	---	MRNA; cDNA DKFZp547M059 (from clone DKFZp547M059)
233223_at	7,40	25,23	3,41	---	CDNA FLJ20843 fis, clone ADKA01954
217115_at	2,65	9,05	3,42	---	---
1563002_at	1,00	3,43	3,43	---	CDNA clone IMAGE:5303039
1561488_at	1,63	5,65	3,46	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5575984, mRNA
233756_at	2,92	10,10	3,46	---	CDNA FLJ12031 fis, clone HEMBB1001874
243467_at	4,73	16,48	3,48	---	CDNA FLJ46553 fis, clone THYMU3038879
1561596_at	1,78	6,22	3,49	---	CDNA clone IMAGE:5288527
1561778_at	2,43	8,48	3,49	---	MRNA upregulated during camptothecin-induced apoptosis of U937 cells
237615_at	1,35	4,72	3,49	---	---
233059_at	3,88	13,58	3,50	---	CDNA: FLJ22731 fis, clone HSI15841
241853_at	2,30	8,05	3,50	---	Transcribed locus
240443_at	8,62	30,17	3,50	---	Transcribed locus
217013_at	3,53	12,53	3,55	---	Transcribed locus, strongly similar to XP_519279.2 PREDICTED: alpha-2-glycoprotein 1, zinc [Pan troglodytes]
234614_at	1,67	5,92	3,55	---	---
235873_at	1,60	5,70	3,56	---	Transcribed locus
244036_at	3,22	11,47	3,56	---	Transcribed locus
239361_at	1,27	4,52	3,57	---	Transcribed locus
1567696_at	1,20	4,28	3,57	---	{differentially expressed fragment DC3} [human, blood, polymorphonuclear cells, myelodysplastic syndrome patient, mRNA Partial, 195 nt]

1561375_at	2,08	7,45	3,58	---	CDNA FLJ37338 fis, clone BRAMY2020466
239509_at	1,07	3,82	3,58	---	Transcribed locus
241639_at	1,77	6,35	3,59	---	Transcribed locus
234645_at	2,40	8,67	3,61	---	CDNA: FLJ21664 fis, clone COL08890
1558806_at	1,38	5,00	3,61	---	CDNA FLJ39495 fis, clone PROST2016499
220726_at	1,57	5,67	3,62	---	---
233016_at	1,97	7,12	3,62	---	CDNA clone IMAGE:4817097
237345_at	10,45	38,08	3,64	---	---
1559288_at	0,98	3,60	3,66	---	CDNA clone IMAGE:5246577
1557427_at	1,30	4,78	3,68	---	CDNA FLJ39803 fis, clone SPLEN2007794
1568732_at	0,55	2,03	3,70	---	Transcribed locus, weakly similar to XP_001716443.1 PREDICTED: hypothetical protein, partial [Homo sapiens]
236542_at	2,05	7,62	3,72	---	CDNA FLJ44744 fis, clone BRACE3028241
237859_at	1,73	6,47	3,73	---	Transcribed locus
1569663_at	0,83	3,12	3,74	---	CDNA clone IMAGE:5263792
1559280_a_at	2,45	9,22	3,76	---	CDNA FLJ35259 fis, clone PROST2004251
1564631_at	0,65	2,45	3,77	---	CDNA clone IMAGE:4077364
217577_at	1,27	4,78	3,78	---	Transcribed locus
1558784_at	15,95	60,32	3,78	---	---
241638_at	1,53	5,82	3,79	---	Transcribed locus
244480_at	1,07	4,07	3,81	---	Transcribed locus
1566517_at	2,15	8,25	3,84	---	---
231053_at	2,00	7,68	3,84	---	Transcribed locus
242122_at	0,97	3,72	3,84	---	Transcribed locus, strongly similar to NP_001037853.1 zinc finger protein 557 isoform b [Homo sapiens]
241182_at	2,25	8,68	3,86	---	Transcribed locus
1557709_at	1,68	6,52	3,87	---	MRNA; cDNA DKFZp686F1127 (from clone DKFZp686F1127)
1570206_at	1,45	5,65	3,90	---	CDNA clone IMAGE:3922312
240802_at	1,17	4,62	3,96	---	Transcribed locus
234274_at	1,58	6,27	3,96	---	Transcribed locus
237625_s_at	15,75	62,48	3,97	---	Immunoglobulin kappa light chain precursor, variable and constant regions (IGK gene), isolate FRA
231250_at	2,72	10,78	3,97	---	---
1559245_at	9,48	37,88	3,99	---	Clone IMAGE:121018 mRNA sequence
1564525_at	2,85	11,42	4,01	---	---
1556970_at	1,97	7,92	4,03	---	CDNA clone IMAGE:5272053
211645_x_at	550,82	2218,45	4,03	---	Immunoglobulin kappa light chain (IGKV) mRNA variable region, joining region, and constant region
243073_at	1,60	6,52	4,07	---	Transcribed locus
240782_at	2,38	9,75	4,09	---	Transcribed locus
240207_at	1,35	5,53	4,10	---	Transcribed locus
237220_at	1,52	6,23	4,11	---	Transcribed locus
243872_at	1,32	5,43	4,13	---	Transcribed locus
233744_at	1,57	6,47	4,13	---	Uncharacterized gastric protein ZG33P
1559695_a_at	1,92	7,92	4,13	---	Full length insert cDNA clone ZC64D07
1557515_at	2,65	10,97	4,14	---	Full length insert cDNA clone YA81F02
231127_at	0,92	3,82	4,16	---	Transcribed locus
234508_at	6,97	29,10	4,18	---	---

240952_at	1,77	7,38	4,18	---	Transcribed locus
240575_at	1,17	4,97	4,26	---	---
228275_at	5,83	24,87	4,26	---	CDNA FLJ32438 fis, clone SKMUS2001402
217179_x_at	160,93	687,08	4,27	---	Anti-thyroglobulin light chain variable region
1556914_at	1,98	8,48	4,28	---	CDNA clone IMAGE:4838482
240083_at	1,53	6,57	4,28	---	Transcribed locus
240866_at	1,50	6,43	4,29	---	Transcribed locus
1560836_at	2,45	10,57	4,31	---	Homo sapiens, clone IMAGE:5171361, mRNA
238991_at	0,93	4,05	4,34	---	---
238938_at	0,83	3,63	4,36	---	Full length insert cDNA clone YR56G08
1566896_at	1,25	5,45	4,36	---	Transcribed locus
1561670_at	1,67	7,28	4,37	---	---
1570601_at	1,45	6,37	4,39	---	CDNA clone IMAGE:4213015
1568558_x_at	2,35	10,35	4,40	---	---
1555816_at	1,58	7,02	4,43	---	---
237717_x_at	1,23	5,55	4,50	---	---
239901_at	7,87	35,45	4,51	---	Transcribed locus
1570607_at	4,73	21,47	4,54	---	CDNA clone IMAGE:4544718
1560943_s_at	4,10	18,67	4,55	---	---
241390_at	0,78	3,57	4,55	---	Transcribed locus
1561446_at	2,78	12,68	4,56	---	CDNA clone IMAGE:4829179
1563591_at	1,55	7,07	4,56	---	Transcribed locus
234272_at	1,72	7,83	4,56	---	MRNA; cDNA DKFZp434D1229 (from clone DKFZp434D1229)
1560226_at	2,70	12,35	4,57	---	CDNA FLJ40487 fis, clone TEST12043869
1565616_at	1,07	4,95	4,64	---	CDNA FLJ34061 fis, clone FCBBF3000462
230978_at	1,62	7,52	4,65	---	Transcribed locus
1564820_at	1,08	5,10	4,71	---	MRNA; cDNA DKFZp564E012 (from clone DKFZp564E012)
1565740_at	0,63	3,00	4,74	---	Acetyl-CoA carboxylase beta mRNA, 5' UTR
241335_at	0,52	2,47	4,77	---	---
237356_at	1,58	7,93	5,01	---	Transcribed locus
243197_at	1,10	5,65	5,14	---	Transcribed locus
216856_s_at	2,33	12,07	5,17	---	---
1556713_at	1,03	5,40	5,23	---	CDNA FLJ11969 fis, clone HEMBB1001142
1566445_at	0,98	5,22	5,31	---	Transcribed locus
234075_at	0,70	3,72	5,31	---	CDNA FLJ11204 fis, clone PLACE1007810
1562588_at	1,80	9,57	5,31	---	CDNA FLJ12101 fis, clone HEMBB1002683
240654_at	2,20	12,23	5,56	---	Transcribed locus
216130_at	1,95	10,90	5,59	---	CDNA FLJ11571 fis, clone HEMBA1003328
243177_at	1,40	7,95	5,68	---	---
216974_at	0,53	3,05	5,72	---	Stem cell factor [alternatively spliced] [human, preimplantation embryos, blastocysts, mRNA Partial, 180 nt]
1561463_at	1,65	9,62	5,83	---	---
241161_at	1,38	8,28	5,99	---	Transcribed locus
244621_x_at	0,60	3,70	6,17	---	Transcribed locus
1564134_at	1,77	11,15	6,31	---	Transcribed locus

236414_at	1,35	9,92	7,35	---	Transcribed locus
1559492_at	0,40	3,35	8,38	---	CDNA clone IMAGE:5268696
1564144_at	0,72	8,23	11,49	---	CDNA FLJ35206 fis, clone PLACE6018843
217320_at	20,02	297,53	14,86	---	Rheumatoid factor RF-ET12