

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES				
N° de solicitud: 13-233174				
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA				
Palabras clave utilizadas		Gene expression, detecting, model disease, data set, substance		
CLASIFICACIONES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		CIP: G01N 33/15, G01N 33/50, G06F 19/12.		
		CPC: G01N 33/15, G01N 33/50, G06F 19/12.		
DOCUMENTOS CONSIDERADOS RELEVANTES (documentos patentes, literatura no patente, etc...)				
Informes/Base de datos	N° de solicitud/ Autor**	Fecha de Publicación/Presentación (DD/MM/AAAA)	Reiv. afectadas (Con indicación, si procede, de las partes relevantes o números de secuencias)	Categorías especiales de los documentos citados***
SIPI	CO 13-278989	27/11/2013 - 10/02/2014	NA	A
ISA/IPEA (US)	US 2008/208784 A1 / GENE NETWORK SCIENCES INC [US]	28/08/2008	1, 4 a 18, 21 a 32	Y
	[1]	2007	NA	A
	[2]	2011	NA	A
	[3]	2003	NA	A
	[4]	2002	NA	A
	[5]	2010	NA	A
EPO	US 2008/208784 A1 / GENE NETWORK SCIENCES INC [US]	28/08/2008	1, 4 a 18, 21 a 32	Y
	[1]	2007	NA	A
	[3]	2003	NA	A
	[4]	2002	NA	A
SIPO	US 2008/208784 A1 / GENE NETWORK SCIENCES INC [US]	28/08/2008	1, 4 a 18, 21 a 32	Y
	CN 1714371 A / GNI USA [US]	28/12/2005	NA	A
	[1]	2007	NA	A
	[3]	2003	NA	A
	[4]	2002	NA	A
JPO	US 2008/208784 A1 / GENE NETWORK SCIENCES INC [US]	28/08/2008	1, 4 a 18, 21 a 32	Y
	WO 2006/079092 / UNIV THE BOARD OF TRUSTEES OF [US]	27/07/2006	1 a 12, 14 a 30, 32	Y
	WO 99/53953 / UNIV VERMONT [US]	28/10/1999	NA	A
	WO 2007/086515	02/08/2007	NA	A

	A1 / TAKEDA PHARMACEUTICAL [JP] WO 2009/114185 / UNIV ROCKEFELLER [US] [6] [7] [2] [5]	17/09/2009	NA	A
		2006	NA	A
		2011	NA	A
		2011	NA	A
		2010	NA	A
Australia	US 2008/208784 A1 / GENE NETWORK SCIENCES INC [US] [1]	28/08/2008	1, 4 a 18, 21 a 32	Y
		2007	NA	A
Patbase	US 2005/042224 / UNIV VERMONT	24/02/2005	NA	A
	US 2003/017445 / BIOSEEK LLC	23/01/2003	NA	A
	US 2003/124548 / ASHNI NATURAC EUTIC ALS INC	03/07/2003	NA	A
	US 2004/106156 / UNIV LELAND STANFORD JUNIOR	03/06/2004	NA	A
EPOQUE NET	WO 2015/054266 / UNIV CALIFORNIA [US]	16/04/2015	NA	A
	TW 2004/15524 / UNIV DUKE [US]	16/08/2004	NA	A
Google scholar	[8]	2010	NA	A
	[9]	2010	NA	A

*** Categorías especiales de documentos citados:

“A” documento que define el estado general de la técnica no considerado como particularmente relevante. “E” solicitud de patente o patente anterior pero publicada en la fecha de presentación internacional o en fecha posterior. “P” documento publicado antes de la fecha de presentación internacional pero con posterioridad a la fecha de prioridad reivindicada.	“X” documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse nueva o que implique una actividad inventiva por referencia al documento aisladamente considerado. “Y” documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse que implique una actividad inventiva cuando el documento se asocia a otro u otros documentos de la misma naturaleza, cuya combinación resulta evidente para un experto en la materia.
--	--

Literatura no patente

**Se incluye entre otros, toda la referencia de la literatura no patente.

- [1] Wu, M., Neilson, A., Swift, A. L., Moran, R., Tamagnine, J., Parslow, D., ... & Chomicz, S. (2007). Multiparameter metabolic analysis reveals a close link between attenuated mitochondrial bioenergetic function and enhanced glycolysis dependency in human tumor cells. *American Journal of Physiology-Cell Physiology*, 292(1), C125-C136.
- [2] Xing, H., McDonagh, P. D., Bienkowska, J., Cashorali, T., Runge, K., Miller, R. E., ... & Carulli, J. (2011). Causal modeling using network ensemble simulations of genetic and gene expression data predicts genes involved in rheumatoid arthritis. *PLoS Comput Biol*, 7(3),

	e1001105. [3] Shannon, P., Markiel, A., Ozier, O., Baliga, N. S., Wang, J. T., Ramage, D., ... & Ideker, T. (2003). Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. <i>Genome research</i>, 13(11), 2498-2504. [4] De Jong, H. (2002). Modeling and simulation of genetic regulatory systems: a literature review. <i>Journal of computational biology</i>, 9(1), 67-103. [5] Gill, R., Datta, S., & Datta, S. (2010). A statistical framework for differential network analysis from microarray data. <i>BMC bioinformatics</i>, 11(1), 95. [6] Tomshine, J., & Kaznessis, Y. N. (2006). Optimization of a stochastically simulated gene network model via simulated annealing. <i>Biophysical journal</i>, 91(9), 3196-3205. [7] Valcárcel, B., Würtz, P., al Basatena, N. K. S., Tukiainen, T., Kangas, A. J., Soininen, P., ... & de Iorio, M. (2011). A differential network approach to exploring differences between biological states: an application to prediabetes. <i>PLoS One</i>, 6(9), e24702. [8] Alterovitz, G., & Ramoni, M. (Eds.). (2011). <i>Knowledge-based bioinformatics: from analysis to interpretation</i>. John Wiley & Sons. [9] de la Fuente, A. (2010). From 'differential expression' to 'differential networking'—identification of dysfunctional regulatory networks in diseases. <i>Trends in genetics</i>, 26(7), 326-333.
--	---

Fecha del reporte de búsqueda:	05/04/2017
---------------------------------------	------------