

バイオ医薬特許・論文を塩基・アミノ酸配列で容易に調査し、 情報プロ並みの結果を得る ー配列検索ツールSequenceBaseと グローバル特許データベースDerwent Innovationの連携

2020年7月30日(木)13:30~

クラリベイト・アナリティクス・ジャパン株式会社 ソリューション コンサルタント 難波 剛志

アジェンダ

- ウェビナーの背景と配列特許のトレンド
- SequenceBaseのご紹介
- SequenceBaseのデモンストレーション

本日のウェビナーの背景

- ◆アミノ酸配列・塩基配列の技術は、抗体医薬や遺伝子治療薬などのバイオ医薬、遺伝子診断、微生物・ウイルス検出、 CRISPRなど遺伝子組み換え技術など多岐に渡ります。また、その研究の発展は欧米中心に進んでいるのではなく、中 国も躍進しています。
- ◆配列技術をグローバルに調べる際に、どのようなシステムをご利用でしょうか。パブリックなデータベースでしょうか。または操作の難しい商用データベースでしょうか。
- ◆本日は弊社のツールを使って、バイオ医薬特許・論文を塩基・アミノ酸配列で容易に調査する方法をご紹介します。

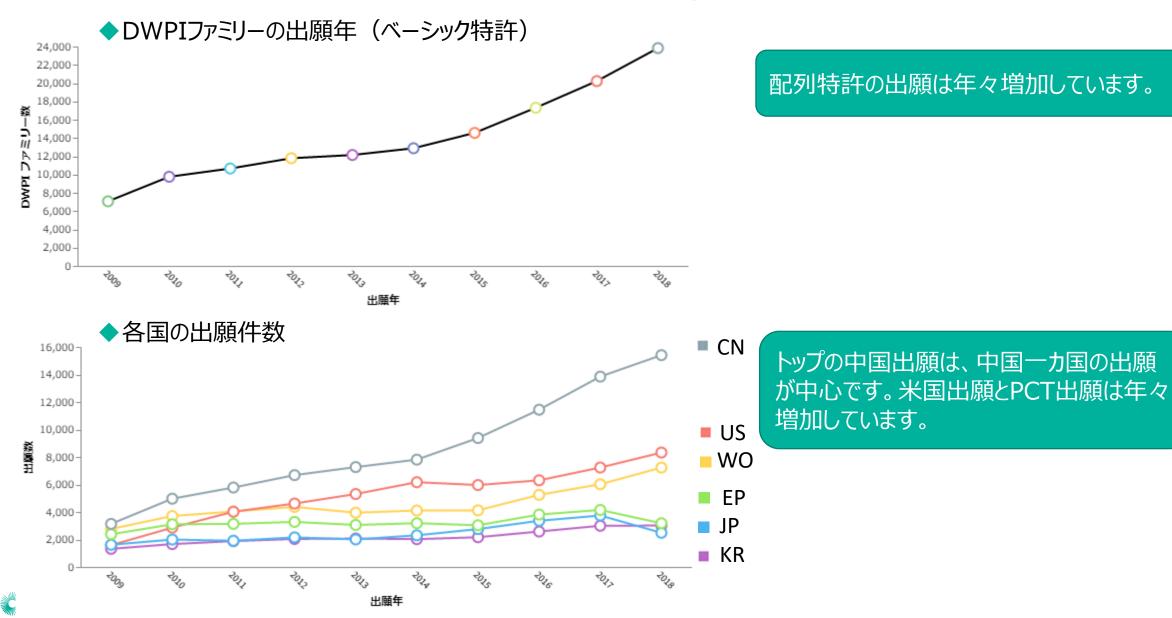


クラリベイトのデータ・情報を使用したバイオ医薬・特許に関する情報発信

- ◆COVID-19との戦い: BIO Europe conferenceからのインサイト(Blog, 2020年04月15日, Clarivate)
- ◆COVID-19: 科学的イノベーションがこのウイルスを制圧する一助になる(Blog, 2020年04月03日, Clarivate)
- ◆2019年第4四半期のバイオ医薬品のM&Aは前年第4四半期に比べ47%増加(Blog,2020年03月24日, Clarivate)
 - □ 開示されたバイオ医薬品のM&A総額は2019年第4四半期においては増加しました。バイオ医薬品M&Aの上位10件の開示総額は、2018年第4四半期の169億ドルから47%増加して249億ドルとなりました。
- ◆2019年第2四半期のバイオ医薬品ライセンシングは330億ドルを突破 (Blog, 2019年10月29日, Clarivate)
 - □ 開示された2019年第2四半期におけるバイオ医薬品のライセンス供与総額は、世界的に支出が大幅に増加したこともあり、2018年 同時期の228億ドルから335億ドルへと前年同期比46%の増加を示しました。
- ◆Trends in Biotechnology Innovation (White paper, 2019年12月, Clarivate)
- ◆Global Patent Trends in Biologics Innovation (Webinar, 2020年2月, Clarivate)



配列特許の出願トレンド(出願年: 2009-2018, Derwent Innovation)



配列特許の出願トレンド (出願年: 2016-2018, Derwent Innovation)



DWPI ファミリー数

特許の配列を検索する際の課題



どのように検索したらよいだろうか?これまで検索した経験が少ない。



検索アルゴリズムはBLASTでよいだろうか?パラメータを正しく調整できているか自信がない。



特許に記載のすべての配列を検索できるだろうか?



グローバルに検索できるだろうか?



パブリックなデータベースで検索する際、セキュリティが気になる。



沢山ヒットした配列のどこまでを調査したらよいのだろうか?



特許の詳細を確認するにはどうしたらよいだろうか?



SequenceBaseのご紹介

IPプロフェッショナルのワークフローを中心に設計されたWebプラットフォームで配列データを検索します



SequenceBase Derwent Innovation

配列情報に関するニーズ

SequenceBase

Derwent Innovation

基礎研究を行う大 学·研究機関



知財や戦略関連の

依頼を受ける

特許事務所

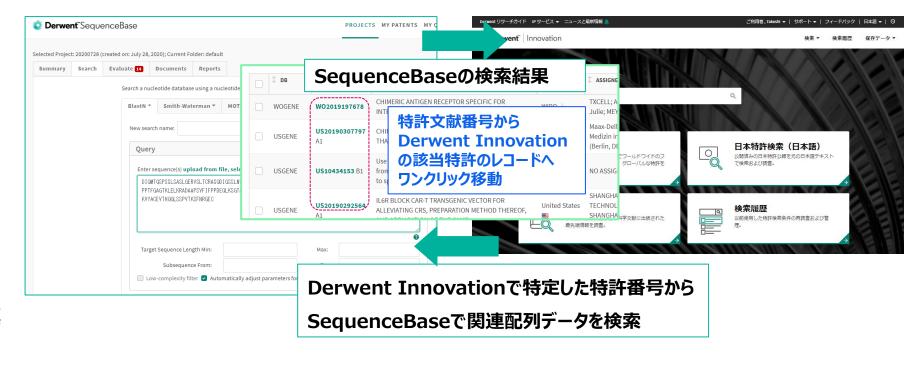






配列特許の審査業 務を行う各国特許庁







SequenceBaseの配列コンテンツ: グローバル特許・文献の配列データをシームレスに検索

データベース	収録内容	利用のヒント
GENESEQ (Clarivate)	WIPO、米国、欧州、日本、中国、韓国などを含む56カ国の特許(DWPIファミリーのベーシック特許)の配列データを全て収録(SEQ IDリスト(電子配列表)だけでなく)し、人手による注釈(英語)が付けられています。 収録期間は1981年以降 更新頻度:2週間に一度	グローバルの配列検索に必須。 ベーシック特許は公開特許のケー スが多いため、特許登録時の変更 (請求項など)に対応できないこ ともある。
GENESEQ FASTAlert (Clarivate)	GENESEQの速報版のため、人手注釈は未収録。 特許発行後2週間以内に、Clarivateの人手による編集プロセスによって取得された、グローバル特許からの最新配列データのローリングファイル(収録期間が進行)	グローバルの最新配列を検索。 GENESEQと一緒に検索する。 Monitorでヒットする。
USGENE (SequenceBase)	米国公開・登録特許(分割、一部継続、登録など含む)の配列データを収録。 収録期間は 1981年以降 更新頻度:毎週木曜日	米国の最新配列を検索。 分割、一部継続、特許登録時の変 更請求項など)にも対応できる。
WOGENE (SequenceBase)	WIPO、欧州、日本、韓国、ドイツ等で公開された特許の配列データを収録。 収録期間は 1964年以降 中国(2017年以降)とカナダ(2003年以降)特許も収録。 更新頻度:毎週木曜日	主要国の最新配列を検索。
GenBank (NCBI)	GenBank、ENAおよびDDBJの配列データを収録 非特許文献の配列データ	特許出願されてない配列も網羅的 に検索



GENESEQ とは

◆ Global な収録範囲

- ✓ DWPIのベーシック特許(56特許発行機関)の配列データを収録しています。
- ✓ 140,415,246件の配列データ(474,354件のベーシック特許)を収録(2019年4月18日現在)
- ✓ DWPIファミリーの対応特許すべてを考慮にすると、 これは100万を超える特許をカバーしていることになります。
- ✓ 2週間毎の更新により、生物学的な配列情報を含むベーシック特許は平均1,000件収録しています。

◆Manualによるデータ収録

他のどこでも見つからない配列も見つけることができます。

- ✓ 他の特許配列データベースは、電子(記録媒体で提出された)配列表にある配列のみを収録しています。
- ✓ 電子配列表を有する特許でさえも、出願データに多くの追加の配列を記載することができるため、配列を人手 で収録する必要があります。
- ✓ 特許公報のテキストや図表中の配列は人手プロセスによってのみ捕捉することができます。特にGENESEQはこれらの配列をよく収録しています。

habbilitation ha

◆Manualによる注釈

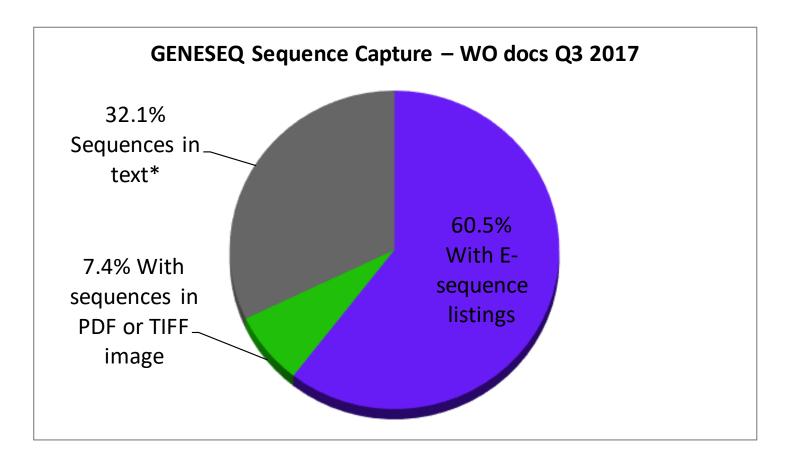
✓ GENESEQの編集チームが行ってきた100%のマニュアルキュレーション(人手注釈)による弊社独自の豊富なコンテンツの価値をご提供します



主要な特許庁の審査官は、先行技術の特許性調査について GENESEQを信頼しています。



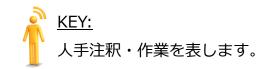
補足:電子的な配列表に頼るリスク



^{*}for some of the patents in the 'Sequences in text' only category, sequence listings files are available via manual searching using the patent number on WIPO, but are not present in the auto-download of Sequence Listing data from WIPO.



GENESEQデータ:付加価値コンテンツ





Clarivateの専門チームは、ヒットした配列の関連性を理解す るために役立つ情報を追加しています。

> 配列の説明:配列が何であ るか一目で理解できます。

統制された語彙に基づい た検索可能なキーワー ド:より信頼性の高い 検索を行ったり、最も関 連性の高いものにフォー カスするために結果を フィルタリングするなど に利用します。



Sequence number Sequence key Sequence description Keywords Sequence location Title DWPIタイトル:オリジ ナル特許タイトルよりも

First << AYN23057 >> Last

First << SBNN0000WK64 >> Last

Human G-protein- coupled receptor (hARE-3) coding sequence, SEQ ID 1.

ARE-3; G-protein coupled receptor gene; GPCR; diagnostic test; drug discovery; drug screening; gene; ss; therapeutic

Example 1; SEQ ID NO 1; 146pp; English.

Screening candidate compound to identify pharmaceutical age endogenous human, involves contacting candidate compounds compound. (Published application)

明細書内の配列の位置:配列が請求項にある かどうかを知ることは重要です。 また、正し いページに直接進むことで時間を節約できま



有益な情報になるように

書かれています。

Chen R; Lowitz K; Behan DP; Liaw CW; Chalmers DT

Assignee(s)

Publication information [More]

EP2264068 A1

ARENA PHARM INC.

EPO

2010-12-22

(Download XML, DERWENT INNOVATION, Espacenet)

Cross references

PC ENCPRO:NCBI gi15321724; PC:NCBI gi15321723; GENBANK AL033379; P-PSDB AYN23058; WPI 2010-Q55957/01

Comments [More]

社外の情報源への相互参照: Derwent Innovationレコード に簡単にリンクして、パテント ファミリー全体を確認できます。

The present invention relates to a method for screening candidate compounds to identify a pharmaceutical agent for decreasing camptothecin (cAMP) in cells endogenous T-cell death-associated gene 8 (TDAG8), a G-protein- coupled receptor (GPCR). The method involves: (a) contacting thecandidate compounds with host cell or their membrane comprising ligand-independent active hTDAG8; and (b) measuring the ability of the compound or compounds to mhibit functionality of the receptor, where the method involves identifying an inverse agonist of the receptor. The host cell isa mammalian host cell or a yeast host cell. The method of the invention is useful: for the direct identification of candidate compounds as receptor agonists, inverse agonists or partial agonists having potential applicability as therapeutic agents; to determine related disease/disorder states which are associated with the expression and/or over-expression of the receptor; for treating diseases related to human Gprotein-coupled receptor; for the ...

各配列のミニ抄録: シーケンスの知財と 牛物学的背景を理解 するために時間を節 約できます。





GENESEQデータ:付加価値コンテンツ

Comments [Less]	The present invention relates to a method for screening candidate compounds to identify a pharmaceutical agent for decreasing camptothecin (cAMP) in cells endogenous T-cell death-associated gene 8 (TDAG8), a G-protein- coupled receptor (GPCR). The method involves: (a) contacting thecandidate compounds with host cell or their membrane comprising ligand-independent active hTDAG8; and (b) measuring the ability of the compound or compounds to inhibit functionality of the receptor, where the method involves identifying an inverse agonist of the receptor. The host cell isa mammalian host cell or a yeast host cell. The method of the invention is useful: for the direct identification of candidate compounds as receptor agonists, inverse agonists or partial agonists having potential applicability as therapeutic agents; to determine related disease/disorder states which are associated with the expression and/or over-expression of the receptor; for treating diseases related to human Gprotein-coupled receptor; for the development of pharmaceutical compositions against diseases and disorders associated with the G protein-coupled receptor (GPCR). The present sequence is a human orphan G-protein- coupled receptor (GPCR) mutein sequence used in the invention. Note: The present sequence given in the sequence listing (see AYN23064), and the information provided in example 2 of the specification.				
Molecule type	protein	生物種: 検索と			
Organism	Homo sapiens; Synthetic	フィルタリング			
Length	335	が可能です。		電子配列表、ダウンロード	

電子配列表、ダウンロード されたPDFまたはTIFF画像 を介した配列、または特許 に埋め込まれている配列は すべてGENESEQで収録さ



編集者のメモ:

しています。

必要に応じて、特異 (例外的) な事を記録

>GENESEQ|AYN23213|protein|sequence from EP2264068
MESSFSFGVILAVLASLIIATNTLVAVAVLLLIHKNDGVSLCFTLNLAVADTLIGVAISG
LLTDQLSSPSRPTQKTLCSLRMAFVTSSAAASVLTVMLITFDRYLAIKQPFRYLKIMSGF
VAGACIAGLWLVSYLIGFLPLGIPMFQQTAYKGQCSFFAVFHPHFVLTLSCVGFFPAMLL
FVFFYCDMLKIASMHSQQIRKMEHAGAMAGGYRSPRTPSDFKAKRTVSVLIGSFALSWTP
FLITGIVQVACQECHLYLVLERYLWLLGVGNSLLNPLIYAYWQKEVRLQLYHMALGVKKV

Feature table Key Location Feature

Misc-difference 224 note: "Wild-type Leu substituted by Lys"

Counts Sequence 335 AA; 29 A; 13 R; 6 N; 7 D; 0 B; 10 C; 12 Q; 8 E; 0 Z; 21 G; 8 H; 20 I; 49 L; 12 Y; 27 V; 0 Others;

LTSFLLFLSARNCGPERPRESSCHIVTISSSEFDG

Source GENESEQ; PROTEIN

機能表:特に新規性に関連 する、配列中の生物学的に 重要な領域を提示します。

れています。





Save to PDF

Sequence

BLAST

Back to Projects

SequenceBaseの検索アルゴリズム

◆1つの配列について相同性検索

検索アルゴリズム	仕組み	長所・短所	利用場面
BLAST	局地的相同性に基いて、類似した配列を検索します。検索のオプションは5つある。生物研究において標準的な検索アルゴリズム。 相同性のスコア(一致、不一致、類似性)に基いたランキング。	検索精度は高くないかもしれないが、短時間で済む。	短時間で検索を済ませたい。
Smith- Waterman	局地的相同性に基いて、類似した配列を検索します。配列の比較をダイナミックに <mark>包括的に</mark> 行い、BLASTより検索に少し時間が掛かります。 相同性のスコア(一致、不一致、類似性)に基いたランキング。 再生可能な検索。	包括的に検索し、BLASTより 少し時間が掛かる。 短い配列も検索可。	重要な配列を見逃すリスクを最小限にするために使われる。ライフサイエンス分野の知的財産部の方によく使われる。 siRNAのような短い配列で検索することも可。
BESTSeq ®	SequenceBaseが開発したアルゴリズム。相同性の測定は、配列の違いの数(配列ペアのミスマッチ、挿入・欠失)を計算。同じ配列で検索すれば、以前ヒットした配列を含め、新しくヒットした配列を追加して提示。相同性のスコア(一致した残基の数)に基いて最もフィット(%IDの上位)する配列を提示。	包括的に検索し、BLASTより 若干時間が掛かる。 短い配列も検索可。 最もフィットする配列を提示	重要な配列を見逃すリスクを最小限にするために使われる。ライフサイエンス分野の知的財産部の方によく使われる。 siRNAのような短い配列で検索することも可。 完全一致する配列を検索したい場合に有効



SequenceBaseの検索アルゴリズム

◆複数の配列で相同性検索

検索アルゴリズム	仕組み	長所・短所	利用場面
MSS (Multiple Sequence Search)	Smith-Watermanを用いて、複数の配列クエリーで検索します。最大6つの配列で検索し、それら全てを含む特許文献を探します。検索結果には特許文献が表示されます。	複数の配列指定	同じ文献に記載されている抗体のCDR、融合/キメラ体、 組み換えプラスミド、二種特異性抗体などの配列を複数、 検索する場合

◆指定した配列を含む配列を検索

検索アルゴリズム	仕組み	長所・短所	利用場面
MOTIF	複数個所で置換された様々な配列を検索します。	特定の位置で残基の選択肢 があるバリアントを見つけるのに 便利	例: <u>アミノ酸指定(括弧で指定)</u> SAIS[LQ]EP ⇒SAISLEPまたはSAISQEPがヒット <u>何らかのアミノ酸(ピリオド)</u> RPVQ.RI⇒RPVQARI、RPVQGRIなど

◆キーワード検索

検索アルゴリズム	仕組み	長所·短所	利用場面
Keyword	Patent number, sequence key, assignee, inventor, dateなどで検索します。	特定の配列、特許だけを検索	特定の配列、特許だけをノイズなく検索したい場合





SequenceBaseの配列検索

IPプロフェッショナルのワークフローを考慮して設計されたWebプラットフォームで配列データを検索します



デモンストレーション

- 1. 配列特許の簡単検索
 - 1-1. クエリ配列 1 つの相同性検索: 抗体医薬のアミノ酸配列
 - 1-2.クエリ配列複数の相同性検索: 抗体のCDRを検索

SequenceBaseで検索後 ⇒ Derwent Innovationへ

2. 注目テーマ・競合他社・提携候補・注目発明者・疾患名・適応症 等の特許の配列確認

Derwent Innovationで検索後 ⇒ SequenceBaseへ

デモンストレーション

1. 配列特許の簡単検索

1-1. クエリ配列 1つの相同性検索: 抗体医薬のアミノ酸配列

DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQGPDGTIKRLIYATSSLDSGVPKRFSGSRSGSDYSLTISSLE SEDFVDYYCLQYVSSPPTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFPPDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGN SQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

1-2. クエリ配列複数の相同性検索: 抗体のCDRを検索

CDR1: GFTFDDYAMH

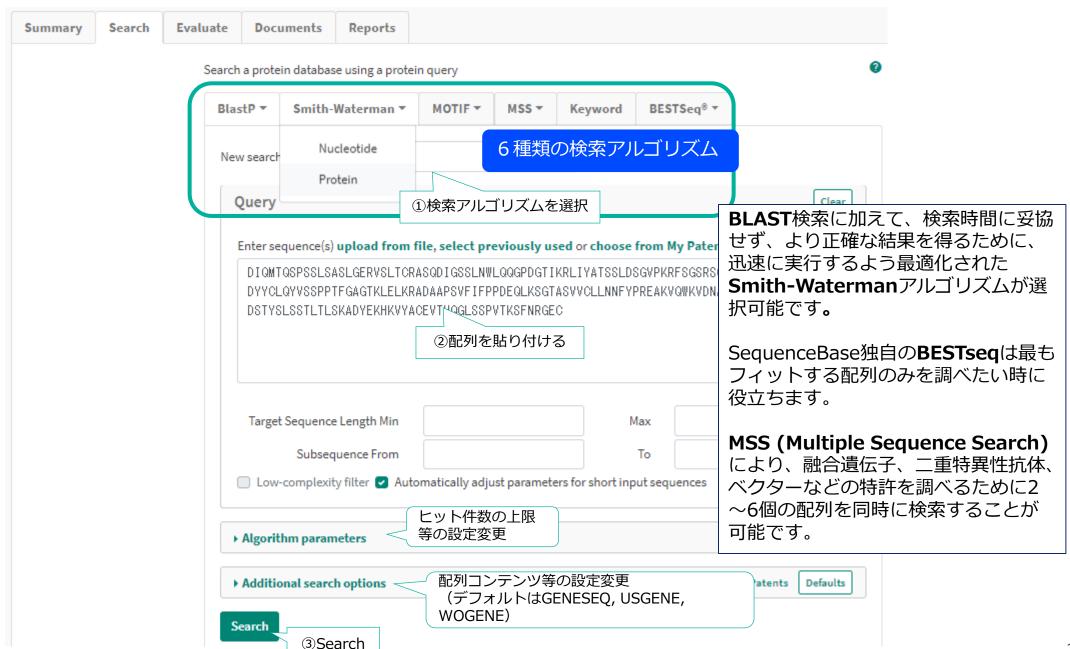
CDR2: AITWNSGHIDYADSVEG

CDR3: VSYLSTASSLD

 注目テーマ・競合他社・提携候補・注目発明者・疾患名・適応症等の特許の配列確認 Covid-19関連の特許をDerwent Innovationで検索⇒SequenceBaseで配列確認

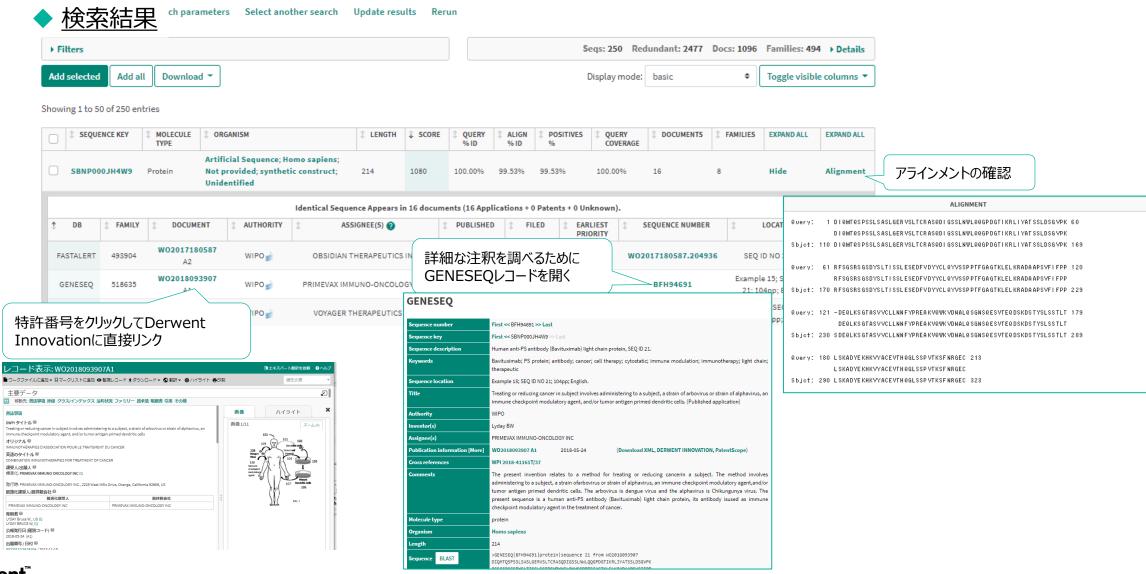


シンプルで使いやすい検索画面



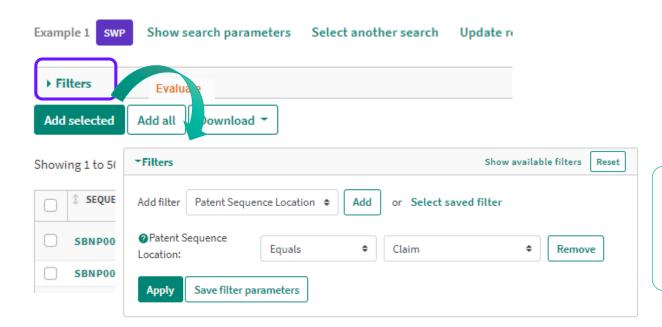
検索結果は相同性スコアの高い順にヒット配列を提示:

アラインメント、特許情報、生物学的な注釈などを簡単にアクセス、見易く表示





検索結果の絞り込み:配列の記載場所、ヒットした配列の数、生物学的なキーワードなど



研究にとって最も重要な結果にフォーカスするために、複数のフィルタリングオプションから最適なフィルタを選択してください。例えば、請求項にある配列に絞り込むなど。

- ◆ 絞り込み (Filters条件)
 - ✓ 配列の記載場所
 - ✓ 生物種
 - ✓ 配列の長さ・数
 - ✓ キーワード
 - ✓ スコア
 - ✓ 日付

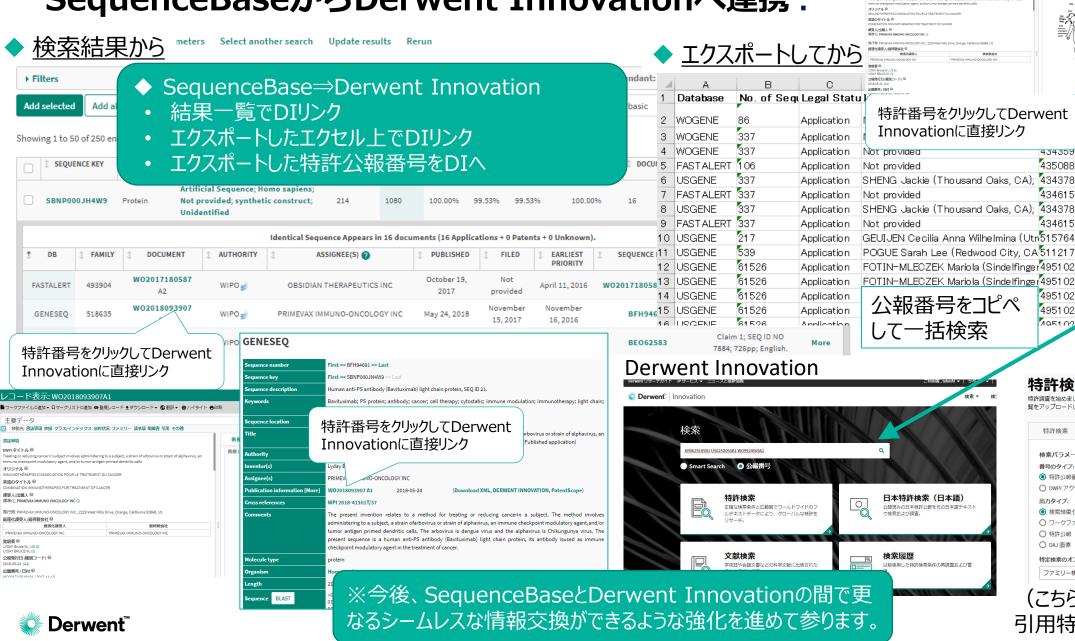
- ✓ 発明者
- ✓ 出願人
- ✓ 特許1件当たりのクエリ配列
- ✓ 必須のクエリ配列

等々



ダウンロード(レポート作成):Excel、PDF、Word、テキスト形式 エクスポート項目 Sequence Key (配列のID) Document (特許番号) Database No. Legal Statu Inventor(s) Family Document Authority Application Title Sequence Description Loc Molecule Type (DNA, RNA等のタイプ) Family (INPADOCファミリーID) GENESEQ 13 Application Pardridge WM 407328 AU2016202625A1 Australia AU2016-2026 Treating alpha-L-iduronidase Anti-insulin receptor Boado RJ deficiency in central nervous antibody light chain Organism(s)(生物種) Database(収録データベース) SEQ ID 分析に必要なフィールドをExcel、PDF、Word、テキ ◆ Excel形式 Title(公報タイトル・DWPIタイトル) Length (配列の長さ) スト形式にエクスポートできます。 WOGENE 71 Application Not provided Authority(公報発行国·機関) Score (スコア) ht chain; sequence 11 of 71 Query % ID Assignee(s)(出願人) 特許番号をクリックしてDerwent CA2458464 Not provided | BIOLOGICAL PRODUCTS Artificial protein: Amino SEQ Canada Align % ID Legal Status (公開·登録) acid sequence encoded Innovationに直接リンク by SEQ ID NO:56: Filed (出願日) sequence 70 of 71 Query Coverage WOGENE 76 Application Not provided 458609 Earliest Priority (最先優先権主張日) CA2481074 Canada Not provided Human Anti-OPGL Neutralizing Homo sapiens protein; SEQ Positives Percent Antibodies As Selective OPGL | sequence 36 of 76 Pathway Inhibitors Subject Identity Published(公報発行日) Derwent SequenceBase П Intitled Report.txt - 火モ帳 No. of Sequences (特許に記載の配列の Subject Coverage A ファイル(F) 編集(E) 書式(O) 表示(V) ヘルプ(H) EQ ID NO 21 Q0010010000141 H01007E001E0 H00000000000 PDF形式·Word形式 E value Inventor(s))(発明者) ntitled Search (BLAST) 1122.0 1106.0 報番号のみ) Application (出願番号) Title: Combination immunotherapies for treatment of cano 142A1 Sequence Description(配列の説明) .06e-156 Abstract: 1.12e-153 Described herein are compositions and methods for treating a disease, particularly a cancer, with an immuand a strain of an Arbovirus or a strain of an Alphavirus. Also provided herein are also methods for combinal 100.00% ⇒Derwent administration of an immune checkpoint modulatory agent, tumor antigen primed dendritic cells and an Alph 100.00% Location (配列の記載箇所) Abstract 214 (100 00% / 100 00% 13 (100.00% / 99.53%) Innovationの公報番 214 (100.00% |855A1 Sequence Number (配列の番号) The method of claim 1, wherein the tumor antigen primed dendritic cells target cancer cells. 13 (99.53%) Claims 3. The method of claim 1, wherein the tumor antigen primed dendritic cells are cultured on a hard surface 号検索へ 4. The method of claim 1, wherein the tumor antigen primed dendritic cells are autologous 5. The method of claim 1, wherein the tumor antigen primed dendritic cells produce about 6.5 ng/mL to about Matches/Alignments Description 436.0 bits (1122) 5.06e-156 This application is a continuation of International Application No. PCT/US2017/061810, filed Nov. 15, 2017 US20070160585A1 US10538589B2 US20160208006A1 US20190389975A1 US20080171055A1 US20080170994A1 Provisional Application No. 62/423,119, filed Nov. 16, 2016, which are herein incorporated by reference in the SECUENCE LISTING The instant application contains a Sequence Listing which has been submitted electronically in ASCII forma-Query Number (クエリ配列の番号) Comments US7741446B2 US20080152645A1 US20170114152A1 reference in its entirety. Said ASCII copy, created on Nov. 13, 2017, is named 48253-705 301 SL.bt and is US20120269807A1 US20090156498A1 US20090053219A1 BACKGROUND mmunotherapy, unlike cytotoxic drugs, radiation, and surgery, stimulates the immune syst JS20100098693A1 US20100261647A1 US20100290985A1 attempts have been made in stimulating the immune system to recognize and destroy tumor cells. These have US20110110935A1 US8124095B2 US8497246B2 US8486399B2 Query(クエリ配列) Keywords JS8715661B2 US8741260B2 US8753610B2 US8759297B2 BRIEF SLIMMARY JS20140193409A1 US8834874B2 US20140288273A1 430.0 bits (1106) 1.12e-153 Provided herein is a method for treatment or reduction of cancer, comprising; administering a strain of an Al US20140294822A1 US20130142794A1 US20130287773A1 Alphavirus to a subject in need thereof; and administering an immune checkpoint modulatory agent to the su Name of the Search (Searchの名前) of administrations provides for treatment or reduction of a cancer. Further provided is an Arbovirus that is a I US20150004160A1 US8920801B2 US20150023956A1 here are methods wherein the Dengue virus is present in an amount of about 102 to about 108 plaque-for US20150064184A1 US8974791B2 US20150203586A1 provided here are methods wherein the Dengue virus is present in an amount of Dengue virus can be adm Further provided here are methods wherein the Dengue virus is present in an amount of from about 10,000 is 等々 Hit Sequences (ヒットした配列) provided herein are methods wherein the amount of a Dengue virus can be about 30,000 PFU/mL. Further virus that is in a volume of about 0.01, 0.02, 0.03, 0.04, 0.05, or 0.1 mL. Further provid.

SequenceBaseからDerwent Innovationへ連携:



4343785 US20200002417A1 434615 US2020002417 4343785 US20200002417A1 US2020002417 US2020001 7595 A1 US2020001 0544A1 US20200023076A US20200023076A 495102 US20200023076A 495102 US20200023076A 特許検索 特許調査を始めましょう。特許コレクションを設けし検索条件(クエリー)を 覧をアップロードして検索します。詳細につい tは使用開始ガイド 2 を参照 特許検索 検索パラメータ 番号を入力/アップロード 番号のタイプ: WO2020037225 ● 特許公報番号 WO2020033577 WO202003357 ○ DWPI アクヤッション番号 WO202003357 WO2020019232 WO2020017629 検索結果セット WO2020013170 ○ ワークファイル WO2020006516 〇 特許公報 WO2020006516 WO2019241315A O DAJ 画像 WO2019241315A1 WO2019241315A1 特定検索のオプション WO2019241315A1 (こちらはファミリー取得・

Document

WO2020013170

WO2020006516

WO2020006516

WO2020013170

Aι

開催1/11

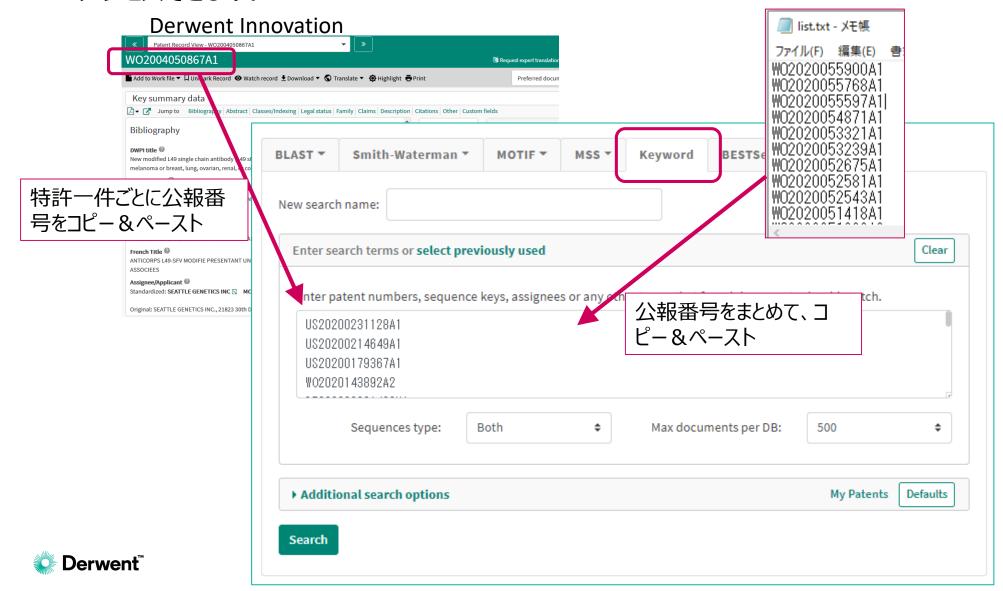
4343598

4350888

引用特許取得可能

Derwent InnovationからSequenceBaseへ:

Derwent Innovationの公報番号をSequenceBaseで検索して、該当の配列データや生物学的な注釈に アクセスできます。



サマリー: SequenceBaseができること

- 誰でも簡単に、関心のある配列について生物学的および知財情報を探る。
 - ✓ GENESEQで特別に書かれた分かり易い英語の説明と要約は、オリジナル特許の言語に関係なく、重要な特許を特定するための時間と労力を節約します。
- グローバルな特許調査・先行技術調査
 - ✓ GENESEQに人手収録された配列、USGENEの米国公開・登録、WOGENEの主要国の特許などのグローバルな特許情報、GenBankの非特許情報は重要な技術を見逃すリスクを軽減します。
- グローバル特許データベースDerwent Innovationと連携
 - ✓ シンプルな配列検索機能と特許検索の専門機能により、バイオ分野の特許調査・分析を強力にサポートします。

SequenceBaseを実際に試されたい方は、 お気軽にアンケートにご記入下さい。





サービス全般に関するお問い合わせ

Tel:03-4589-3101

Email: marketing.jp@clarivate.com

〒107-6119 東京都港区赤坂5丁目2番20号 赤坂パークビル19階

カスタマーサービス (ヘルプデスク) Tel (フリーコール): 0800-888-8855

Tel: 03-4589-3107

Email: <u>ts.support.jp@clarivate.com</u>

サービス時間:月一金(祝祭日を除く)

午前9時30分~午後5時30分

