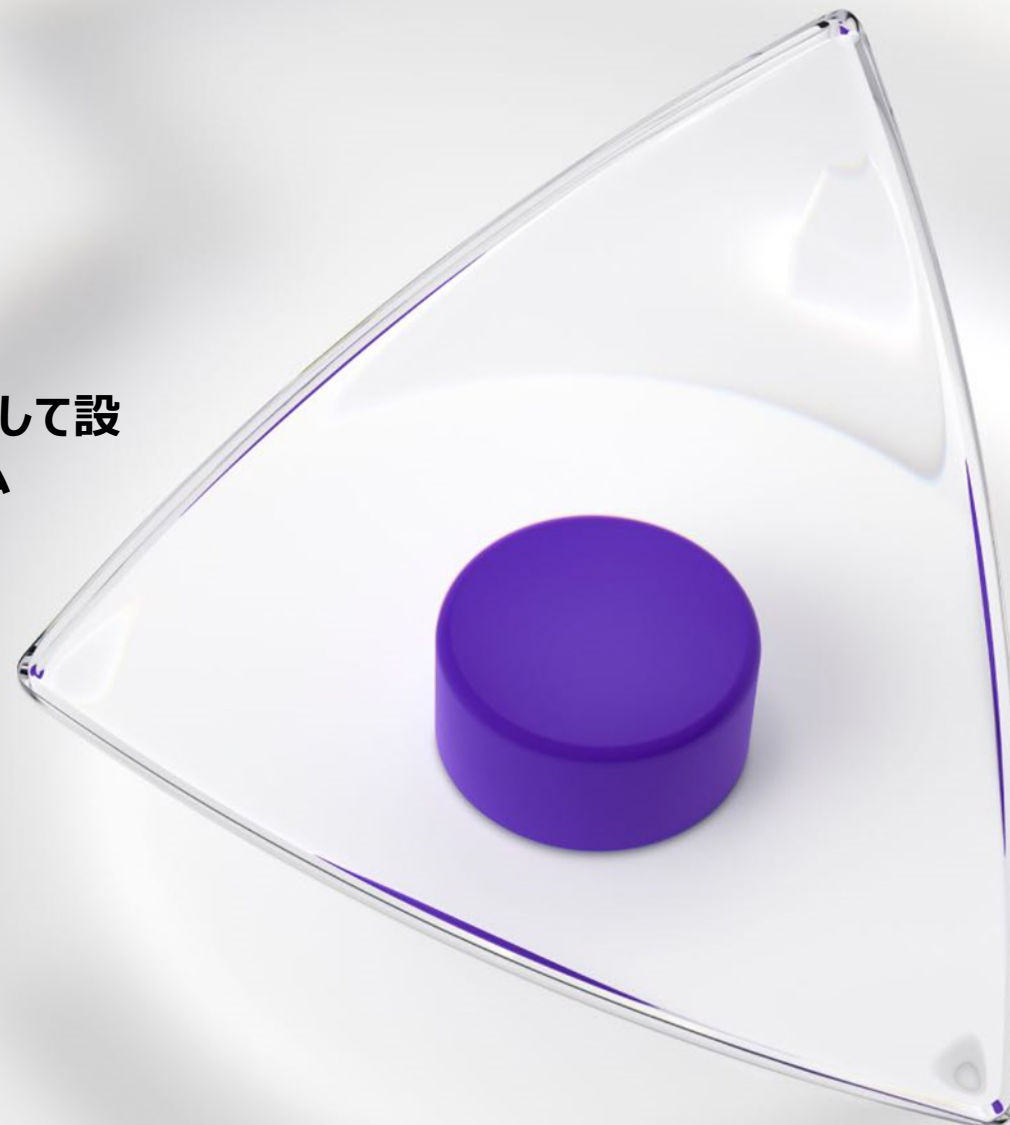




SequenceBase トレーニング

知財とライフサイエンス研究のワークフローにフォーカスして設計された塩基・アミノ酸配列データ検索プラットフォーム



Clarivate

2023年 8月

Agenda

- ✓ SequenceBaseの特徴
- ✓ コンテンツ紹介
- ✓ 検索の種類
- ✓ 機能紹介
- ✓ 配列検索の基本操作
- ✓ 事例紹介
- ✓ Appendix

SequenceBaseの特長

- 包括的な配列コンテンツ
- 目的に応じた検索アルゴリズム
- 配列と特許情報の閲覧し易い

SequeneceBase コンテンツ

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。 DWPIアクセッション番号、DPCIデータ収録 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：毎週火曜日/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を中心に欧州、日本、韓国、ドイツ等で公開された特許の配列データも収録。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	特許出願されていない配列も網羅的に検索

GENESEQ とは 世界の特許の遺伝子配列データベース。人手で注釈を付け、特許の内容と生物学的重要性をまとめています。ゲノムベースの発見を知る必要があるあらゆる組織にとって不可欠なコンテンツです。

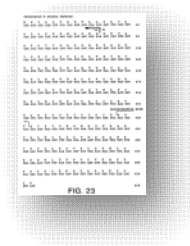
◆ Global な収録範囲

- ✓ 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。
- ✓ 158,522,567件の配列データ（623,514件のベーシック特許）を収録（2021年5月24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。

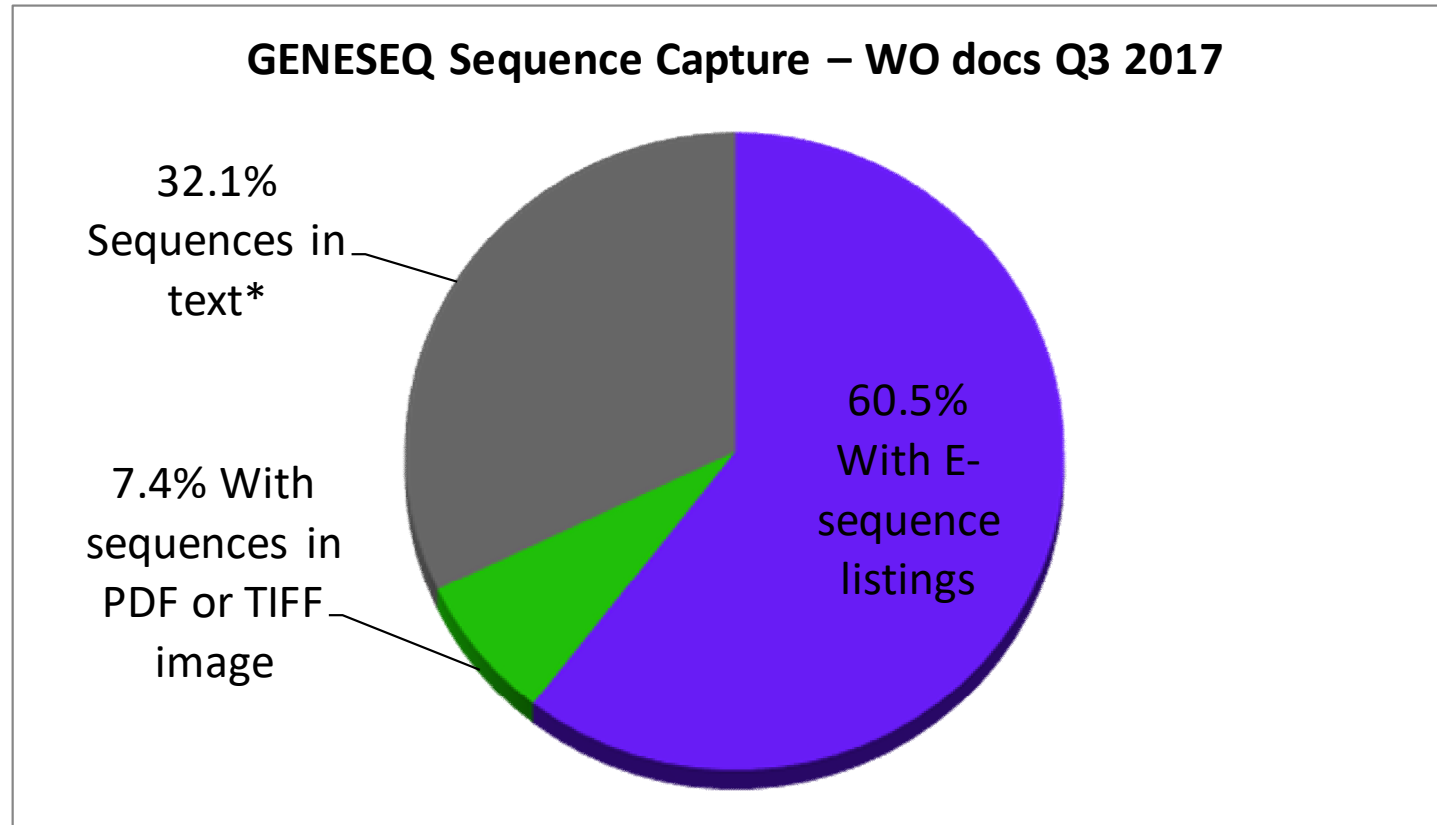


◆ Manualによる注釈

- ✓ 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（特許情報）

 **WO2021220199 A1**
Published: 2021-11-04 Total Document Sequences: 631

GENESEQ

[Bibliography](#) [Abstract](#) [Claims](#) [Family](#) [Sequences](#)

Bibliography

DWPI Enhanced Title

Treating cancer e.g. follicular lymphoma that expresses CC-chemokine receptor 7 or relapsed or refractory follicular lymphoma, chronic lymphocytic leukemia and peripheral T cell lymphomas, by administering antibody drug conjugate.

DWPI Accession Number

WPI 2021-C2297Y/093

Assignee/Applicant

NOVARTIS AG

Inventor(s)

Askoxylakis V; Coulson M; Dang A; Duan Y; Makofske J; Rottmann S; Wang X

Authority

WIPO

Publication information

WO2021220199 A1 2021-11-04 ([Download XML](#), [Derwent Innovation](#), [PatentScope](#))

Application information

APPLICATION NUMBER	APPLICATION DATE
WO2021-1853547	2021-04-28

Priority information

PRIORITY NUMBER	PRIORITY DATE
US2020-18351P	2020-04-30

DWPIタイトル：オリジナル特許タイトルよりも有益な情報になるように書かれています。

情報源への相互参照：Derwent Innovationレコードなどへリンク

Further information

[Legal status](#) | [WO2021220199A1](#)

Cross references

WPI 2021-C2297Y/093

Patent Status

Alive

Citations

Citing Patents (0), Cited Patents (147), DPCI Citing Patents (0), DPCI Cited Patents (147)

Patent status (特許の Alive / Dead の推定)

各特許公報の引用特許とパテントファミリーでまとめた引用特許（DPCI）

Abstract

The present invention relates to a novel method for treating cancer. The method comprises administering a CC-chemokine receptor 7 (CCR7, EBI1, BLR2, CC-CKR-7, CMKBR7, CD197 and CDw19) antibody drug conjugates for treating cancer. The invention further relates to: (1) a composition comprises the antibody drug conjugate for treating cancer in a subject; (2) a method for using the antibody drug conjugate in the manufacture of a medication for the cancer is follicular lymphoma that expresses CCR7, in a subject; (3) a method for using the antibody drug conjugate in the manufacture of a medication for the cancer is chronic lymphocytic leukemia e.g., adult T-cell leukemia, Burkitt's lymphoma, diffuse large B-cell lymphoma, mantle cell lymphoma, and peripheral T cell lymphoma.

各配列のミニ抄録：シーケンスの知財と生物学的背景を理解するために時間を節約できます。必要に応じて、特異（例外的）な事を記録しています。GENESEQの抄録。

Claims

We claim:

1. A method of treating cancer in a patient in need thereof, comprising administering to said patient an antibody drug conjugate, wherein the cancer is follicular lymphoma (FL) that expresses CCR7, wherein the antibody drug conjugate comprises the formula Ab—(L—(D)m)n or a pharmaceutically acceptable salt thereof; wherein Ab is an antibody or antigen binding fragment thereof that binds human CCR7 protein; L is a linker; D is a drug moiety; m is an integer from 1 to 8; and n is an integer from 1 to 12.
2. A composition comprising an antibody drug conjugate for treating cancer, wherein the cancer is follicular lymphoma (FL) that expresses CCR7, in a subject; (3) a method for using the antibody drug conjugate in the manufacture of a medication for the cancer is follicular lymphoma that expresses CCR7, in a subject; (4) a method for using the antibody drug conjugate in the manufacture of a medication for the cancer is chronic lymphocytic leukemia e.g., adult T-cell leukemia, Burkitt's lymphoma, diffuse large B-cell lymphoma, mantle cell lymphoma, and peripheral T cell lymphoma.
3. The method, composition or use of any one of claims 1-2, wherein the antibody drug conjugate comprises the formula Ab—(L—(D)m)n or a pharmaceutically acceptable salt thereof; wherein Ab is an antibody or antigen binding fragment thereof that binds human CCR7 protein; L is a linker; D is a drug moiety; m is an integer from 1 to 8; and n is an integer from 1 to 12.
4. Use of an antibody drug conjugate for treating cancer in a subject in need thereof, wherein the cancer is follicular lymphoma (FL) that expresses CCR7, in a subject; (5) a method for using the antibody drug conjugate in the manufacture of a medication for the cancer is follicular lymphoma that expresses CCR7, in a subject; (6) a method for using the antibody drug conjugate in the manufacture of a medication for the cancer is chronic lymphocytic leukemia e.g., adult T-cell leukemia, Burkitt's lymphoma, diffuse large B-cell lymphoma, mantle cell lymphoma, and peripheral T cell lymphoma.
5. The method, composition or use of any one of claims 1-4, wherein the antibody drug conjugate comprises the formula Ab—(L—(D)m)n or a pharmaceutically acceptable salt thereof; wherein Ab is an antibody or antigen binding fragment thereof that binds human CCR7 protein; L is a linker; D is a drug moiety; m is an integer from 1 to 8; and n is an integer from 1 to 12.
6. The method, composition or use of any one of claims 1-5, wherein the antibody drug conjugate comprises the formula Ab—(L—(D)m)n or a pharmaceutically acceptable salt thereof; wherein Ab is an antibody or antigen binding fragment thereof that binds human CCR7 protein; L is a linker; D is a drug moiety; m is an integer from 1 to 8; and n is an integer from 1 to 12.
7. The method, composition or use of any one of claims 1-6, where in the antibody drug conjugate is in a non-salt form.

Claimに記載のSEQ ID NOから
該当の配列へジャンプも可能

Family

[+ Expand INPADOC Family \(11\)](#)

[+ Expand DWPI Family \(11\)](#)

GENESEQデータ：付加価値コンテンツ（配列情報）

 **WO2021220199 A1**
Published: 2021-11-04 Total Document Sequences: 631

GENESEQ

Bibliography Abstract Claims Family **Sequences**

Total SEQs: 631

Hit SEQs: 5

Nucleotides: 82

Amino acids: 549

BKE99895	BKF00075	BKF00267	BKF00299	BKF00459															

Sequence number

BKE99865

Sequence key

SBNP0000NKNC

配列の説明：配列が何であるか一目で理解できます。

Sequence description

Humanized anti-CCR7 506E15 CysMab DAPA VH region CDR1, SEQ ID 1.

Keywords

BLR2; CC-CKR-7; CCR7 chemokine; CCR7 protein; CD197; CDw197; CMKBR7; EBI1; burkitts lymphoma; cancer; cytostatic; diffuse large lymphoma; follicle center lymphoma; heavy chain variable region; hematological-gen.; hum antibody; immunoconjugate; immunomodulator; leukemia; mantle cell lymphoma; metastatic non small cell lung cancer; non-h lymphoma; pharmaceutical; prophylactic to disease; t-cell lymphoma; therapeutic

Sequence location

Disclosure; SEQ ID NO 1; 298pp; English.

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す。



Molecule type

peptide

Organism

Mus sp

生物種：検索とフィルタリングが可能です。

Length

10

電子配列表、公報PDFまたはTIFF画像の配列、または特許全文に埋め込まれている配列のすべてを収録しています。

Sequence

BLAST

>GENESEQ|BKE99865|peptide|sequence 1 from WO2021220199
GFTFSSYAMS

Counts

Sequence 10 AA; 1 A; 0 R; 0 N; 0 D; 0 B; 0 C; 0 Q; 0 E; 0 Z; 1 G; 0 H; 0 I; 0 L; 0 K; 1 M; 2 F; 0 P; 3 S; 1 T; 0 W; 1 Y; 0 V; 0 Others;

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。

Feature table

KEY	LOCATION	FEATURE
CDS	1..1260	*tag: a product: "Human G-protein- coupled receptor (hARE-3) protein"

参考：特許データベースの収録内容

	GENESEQ	WOGENE	USGENE
書誌事項（出願日、優先権主張日、特許発行国/日、公報番号、出願番号、出願人、発明者）	○	○	○
Sequence description	○	○	○
Keywords	○		
Sequence location	○	△未記載多い	△未記載多い
Tile	○DWPIタイトル	○公報タイトル	○公報タイトル
Patent status（Dead/Alive/Indeterminate）	○	○	○
Citations	○	○	○
Abstract	○（GENESEQ編集チームのコメント）		○（特許公報のabstract）
Claims	○	○	○
Description(特許公報の詳細な説明)			○
Molecule type	○	○	○
Organism	○	○	○
Length	○	○	○
Sequence	○	○	○
Feature table	○	○	○

検索の種類

SequenceBaseの検索アルゴリズム

ご利用目的に合わせて柔軟に対応

◆ 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	局地的相同性に基づいて、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）に基づいたランキング。	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	局地的相同性に基づいて、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 包括的 に行い、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）に基づいたランキング。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 ）に基づいて最もフィット（%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

最低限必要なクエリー配列の長さ
アミノ酸：10残基
塩基：4塩基

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。 アミノ酸置換の種類の幅を考慮したMOTIF検索	特定の位置で残基の選択肢があるバリエーション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。 ワイルドカード（? : 任意1文字、* : 任意文字列）の使用可 AND/OR/NOT検索	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

参考：BLAST検索のタイプ

検索タイプ	機能	Query	検索結果
BlastN	塩基配列のQueryに類似した塩基配列を検索	塩基配列	塩基配列 塩⇒塩
BLastP	アミノ酸配列のQueryに類似したアミノ酸配列を検索	アミノ酸配列	アミノ酸配列 ア⇒ア
TBlastN	データベース中の塩基配列をアミノ酸に翻訳した配列の中からアミノ酸配列のQueryに類似した配列を検索	アミノ酸配列	塩基配列 ア⇒ア=塩
BlastX	塩基配列のQueryをアミノ酸配列に翻訳して、これに類似したアミノ酸配列を検索	塩基配列	アミノ酸配列 塩=ア⇒ア
TBlastX	塩基配列のQueryをアミノ酸配列に翻訳して、これに類似したアミノ酸配列に翻訳された塩基配列を検索	塩基配列	塩基配列 塩=ア⇒ア=塩

機能紹介

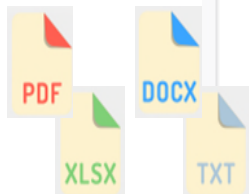
シンプルで使いやすい検索画面



閲覧

Filter

ダウンロード



Summary Search Evaluate Documents Reports

Search a protein database using a protein query

BlastP ▾ Smith-Waterman ▾ MOTIF ▾ MSS ▾ Keyword BESTSeq® ▾

New search Nucleotide Protein

Query

Enter sequence(s) upload from file, select previously used or choose from My Patents

DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLOQGPDTIKRLIYATSSLDGVPKRFSGSRSDYYCLQYVSSPPTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFPPDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNDSTYSLSSLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

Target Sequence Length Min Max

Subsequence From To

☐ Low-complexity filter ☒ Automatically adjust parameters for short input sequences

Algorithm parameters

Additional search options

Search

① 検索アルゴリズムを選択

② 配列を貼り付ける

③ Search

ヒット件数の上限等の設定変更

配列コンテンツ等の設定変更 (デフォルトはGENESEQ, USGENE, WOGENE)

6種類の検索アルゴリズム

BLAST検索に加えて、検索時間に妥協せず、より正確な結果を得るために、迅速に実行するよう最適化された **Smith-Waterman** アルゴリズムが選択可能です。

SequenceBase独自の **BESTseq** は最もフィットする配列のみを調べたい時に役立ちます。

MSS (Multiple Sequence Search) により、融合遺伝子、二重特異性抗体、ベクターなどの特許を調べるために2~6個の配列を同時に検索することが可能です。

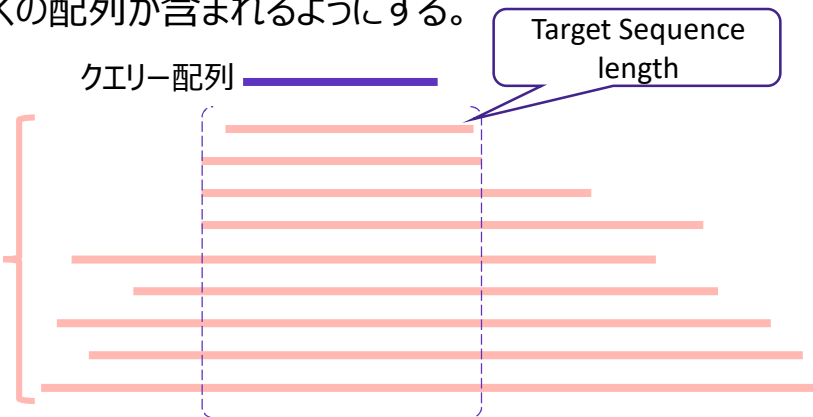
検索の設定

◆ クエリー配列が短いと、ヒット件数が多くなり、目的の配列が検索結果に含まれないことがあります。その場合、

- ✓ Target Sequence Lengthで検索対象の配列の長さの範囲を指定し、ノイズを少なくする。
 - ✓ Max target sequencesの上限を上げて、検索結果により多くの配列が含まれるようにする。
- など調整します。

The screenshot shows the BLAST search interface. At the top, there are tabs for different search methods: BLAST, Smith-Waterman Nucleotide, MOTIF, MSS (CDR), Keyword, and BESTSeq. Below these is a 'New search name' field and a 'Templates' button. The 'Query' section has a text area with the sequence 'GUGCAAUCCAUGCAAAACUGA' and buttons for 'Delete illegal Characters' and 'Clear'. Below the query is a 'Database' section with 'Select all' and 'Clear all' buttons, and a list of databases: GENSEQ, a Cla, USGENE, WOGENE, and GenBank. At the bottom, there are input fields for 'Target Sequence Length Min' (set to 25) and 'Max' (set to 50). A callout box points to the 'Target Sequence Length' fields with the text: 'Target Sequence Lengthで検索対象の配列の長さの範囲を指定します。' (Specify the range of target sequence lengths for the search target sequences.)

ターゲット配列：
件数の上限を上げ
ると多くヒットする



Max target sequencesの上限を上げて、検
索結果により多くの配列が含まれるようにします。

The screenshot shows the 'Algorithm parameters' section of the BLAST interface. It is divided into 'General Parameters' and 'Scoring Parameters'. In the 'General Parameters' section, the 'Max target sequences' dropdown menu is open, showing a list of values from 10 to 250. The value 250 is selected. In the 'Scoring Parameters' section, the 'Matrix' dropdown menu is also open, showing a list of values from 1000 to 20000. The value 2500 is selected.

☐ Low-complexity filter ☒ Automatically adjust parameters for short input sequences

BLASTではこちらをチェックを付けておきます。クエリー配列が短くても、自動的に広範囲に検索できるように調整されます。

Search

- ◆ 特許文献毎、ファミリー毎、ヒット配列（スコア別）毎に表示
- ◆ 生物学的特徴、請求項、特許のステータス（dead/alive）を参照可能

- ◆ 特許の詳細はDerwent Innovationにアクセスして確認
- ◆ 非特許文献の詳細はNCBIのGenBankにアクセスして確認

ヒット件数

Seqs: 配列の数

Redundant: データベース毎の配列の数の合計
(配列の重複あり)

Docs: 特許の数

Families: INPADOCファミリーの数

結果の表示形式：

Ordered by Score: ヒット配列

Document : ヒットした配列の記載特許

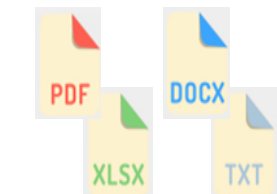
INPADOC family : ヒットした配列の記載特許 (ファミリー単位)

DWPI family : ヒットした配列の記載特許
(ファミリー単位)

詳細な注釈を調べるために GENESEQレコードを開く

特許番号をクリックしてDerwent
Innovationに直接リンク

ダウンロード



検索結果の絞り込み

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制限するなど。

Search



閲覧

Filter

ダウンロード



Example 1 **SWP** Show search parameters Select another search Update results

Filters

Add selected Add all Export results

Showing 1 to 5 of 5 results

Filters Show available filters Reset

Add filter Patent Sequence Location Add or Select saved filter

Patent Sequence Location: Equals Claim Remove

Apply Save filter parameters

絞り込み項目

- 生物種
- 配列の長さ・カバレッジ・Percent ID
- 配列の特許記載箇所
- Molecule Type (DNA、RNAなど)
- 文献当たりのクエリ配列数 (MSS)

- 特許発行国
- キーワード)
- 日付
- 発明者
- 出願人
- etc.

Sequence	
Database	検索対象のデータベース
Sequence Key	SequenceBase上の配列番号
Molecule Type	Protein, Peptide, DNA, RNAなど
Organism	Homo sapiens, Mus musculusなど
Sequence Length	ヒットした配列の長さ
Sequence Count	各特許の収録配列数
Patent Sequence Location	配列の記載箇所
My Alignment Folders	My Alignment Foldersに保存したもの
My Publication Folders	My Publication Foldersに保存したもの
Patent authority	特許発行国・機関
Document Status	登録特許または公開特許
Family best hit	ファミリー内の配列で最もスコアの高いもの
New results	Monitorの検索で新規にヒットしたもの
Update History	Monitorの検索で各更新時にヒットしたもの

絞り込み : Filtering項目

Alignment	
Query percent Identity	クエリー配列の何%が一致しているか。
Alignment percent Identity	アラインメントの何%が一致しているか。
Subject percent Identity	ヒットした配列の何%が一致しているか。
Query Coverage	アラインメントの長さ / クエリー配列の長さ
Subject Coverage	アラインメントの長さ / ヒット配列の長さ
Alignment Length	アラインメントの長さ
E-value	値が小さいほど、類似度が高い。BLASTのみ。

CDR search	
CDR matching sequences	MSS検索後、Graphical Representationのベン図のエリアを指定
CDR matching documents	

MSS Specific	MSS検索専用
Queries per document	一つの特許につきヒットしたクエリー配列の数
Mandatory queries	各クエリー配列でヒットしたものに限定

Text	
Title	特許のタイトル・GenBankのタイトル
All text	テキストデータ
Patent Claims	特許の請求項

Status	
INPADOC Status	INPADOCファミリーの特許の有効/無効/不確定
DWPI Status	DWPIファミリーの特許の有効/無効/不確定

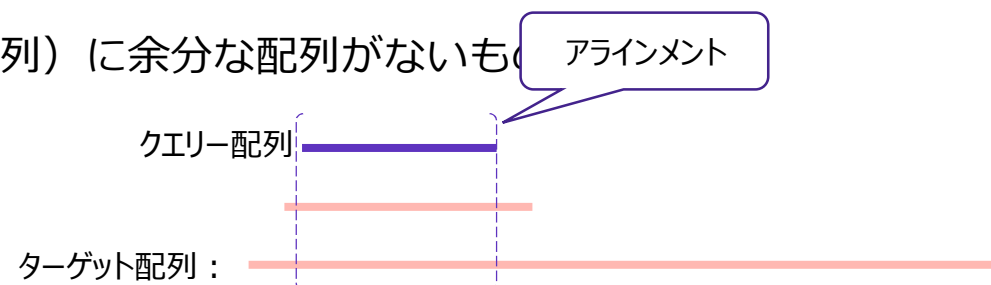
Dates	
Priority Date	優先権主張日
Application Date	出願日
Publication Date	公報発行日

Names	
Inventor	発明者
Assignee	出願人

参考：検索後のデータ参照について

◆ 絞り込み (Filters)

- ✓ Query percent Identity : なるべくクエリー配列に一致しているもの
- ✓ Alignment percent Identity : なるべくアラインメントが一致しているもの
- ✓ Subject percent Identity : ターゲットの配列 (ヒットした配列) に余分な配列がないもの
- ✓ Organization (Homo sapiens かMus musculus かなど)
- ✓ Claim記載 (Location情報)



- ◆ Scoreの高いものを参照する
- ◆ SequenceBase上でスクリーニング・判断
- ◆ Excelなどにエクスポートしてスクリーニング・判断
- ◆ Derwent InnovationへエクスポートしDerwent Innovationのコンテンツ (DWPI抄録、特許公報など) でスクリーニング・判断 (Derwent InnovationのIDが必要)

Search

Derwent Innovationに
エクスポート

Excelにエクスポート

```
>SequenceBase|SBN003ZU2BH
UGUGCAAAUUGAUGCAAAACUGAUGUGCAAAUUGCAUGCAAAACUGA
>SequenceBase|SBN003Z7CNA
CAAAGTGGTCAAGTGGAGGTAGTATGTGCATCTACTGCGAAGGCGACTGTAG
AATTGTTGACAGCTGCTCGGGAAGCAAGTTGGGCTTTAAAGTGCAGGGCGTGGT
TGTGAGTGCTTTTTGTCTAGGATGCATCTAGTGCAGATGTGAAGTAGATAGCATCT
CTCGCCCAAGTGGCTCCTCTCGGCAATAGAAGAGTTATGTATCATCAATTAATCAAGC
CAAGATATATAGTGTGTTAAATAGTTTGTGGTGCAGTCCCTGTAGTTTGTGCATAGTT
GCATCAAGAAGAATGTAGTTGTGCAAACTGTGCAAAAGTGAATGGTGCGCTGCATATT
CCTTCAATGAATGATTTTACTAATTTTGTGTGCTACTTTTATTTGTGTCGATAGAACTG
CTGTGTTCTCTGATGTGACAGCTTCTGTAGCACTAAAGTGGTTATAGTGCAGGTAGT
TTAGTTATCTACTGCATATGAGCACCTTAAAGTACTGCTAGCTGTAGAACTCCAGCTTC
GCTGTGCGCCCAATCAAACTGCTGTGTTACTGAACACTGTTCTATGTTAGTTTGTGAG
TTTGTGATCCAGCTGTGTGATATCTCTGTGTGCAAACTCCATGCAAAACGTACTGTAGT
GAAAAGTCTGCTAGAAAAGTAGGGAAGCTCAAAACCGCTTTCTACACAGTTGGGATGG
TGCAATGCTGTGTTCTGTATGGATGTGCACATTTGCCCGGCTGTTTGGATTGG
```

										Highlighting	Manage columns	Advanced sort	
☒	#	PUBLICATION NUMBER	IP-CASES	INDEX	PDF	DRAWINGS	DWY TITLE	TITLE	PUBLICATION DATE	OPTIMIZED ASSIGNEE	ASSIGNEE/APPLICANT	DEADLINE	DWY CASES
☒	1	US20110631209A1	-	☐			Modulating fibroblast accumulation and collagen deposition in tissue by modulating amount or activity of thymic stromal lymphopoietin in tissue, where activity is reduced by contacting tissue with thymic stromal lymphopoietin antagonist	Method of Modulating Fibroblast Accumulation or Collagen Deposition	2010-07-04	AMGEN INC	AMGEN INC	 Dead	2010-07-04
☒	2	WO2011063120A1	-	☐			New bispecific antibody construct comprises 1st domain which binds to mucin (MUC)17, and 2nd domain which binds to an extracellular epitope of human and Macaca cluster of differentiation (CD)3-epsilon chain, for treating cancer	BISPECIFIC ANTIBODY CONSTRUCT DIRECTED TO MUC17 AND CD3	2010-07-04	AMGEN INC	AMGEN INC	 Alive	2010-07-04
☒	3		-	☐			Isolated antibody or antigen binding fragment for treating human subject having autoimmune, inflammatory, or allergic condition, metabolic disorder such as diabetes, is one that binds to one or more residues present in extracellular domain	ANTI-MCT1 ANTIBODIES AND USES THEREOF	2010-07-11	IMMUNEXT INC	IMMUNEXT INC	 Alive	2010-07-11

Generate Report

Report name:

Templates

Group By:

Grouped by Document

Available fields: 32

Document specific

☒ Database

☒ No. of Sequences

☒ Document Type

☒ Inventor(s)

☒ INPADOC Family

☒ DWPI Family

☒ Document

☒ Authority

☒ Application

☒ Title

☒ Claims

☒ Assignee(s)

☒ Published

☒ Filed

☒ Earliest Priority

☒ Name of the Search

☒ Align % ID

☒ Subject Coverage

☒ Score

☒ Expect

Sequence specific

Options:

☐ Export search parameters
 ☐ Exclude duplicates indexed in:

5 items selected

Selected fields: 32

Database

No. of Sequences

Document Type

Inventor(s)

INPADOC Family

DWPI Family

Document

Authority

Cancel

Generate

検索結果のエクスポート

- ◆ ヒットした配列データを特許公報（Document）毎、INPADOCファミリー / DWPIファミリーでまとめてエクスポート可能
- ◆ データベースの種類による重複結果を除去することでレビュープロセスの合理化
- ◆ エクスポートのテンプレートを作成でき、項目の選択を省略

The screenshot shows the 'Generate Report' window with various fields and options. Annotations highlight key features:

- Report name:** Enter report name
- Group By:** Document
- Available fields: 32**
 - Document specific:** Database, Inventor(s), Document, Title, Published, Name of the Search, Score
 - Sequence specific:** (partially visible)
 - INPADOC Family:** Authority, Claims, Filed, Align % ID, Expect
 - DWPI Family:** Application, Assignee(s), Earliest Priority, Subject Coverage
- Options:**
 - ☒ Export search parameters
 - ☒ Export filtered results
 - ☒ Exclude duplicates indexed in: ?
- 5 items selected**
- Templates:** A dropdown menu showing 'Default' and '塩基配列調査 (XLSX)'. An annotation states: 'エクスポートのテンプレートを作成可' (Can create export template).
- 塩基配列調査 (XLSX):** A button to save the template.
- 次のエクスポート時にテンプレートを選択可** (Can select template for next export): An annotation pointing to the '塩基配列調査 (XLSX)' option in the 'Templates' dropdown.
- 複数データベースでヒットした、同じ特許の同じ配列は重複除去** (Exclude duplicates of the same patent sequence hit in multiple databases): An annotation pointing to the 'Exclude duplicates indexed in: ?' option.
- Search parameterのエクスポート** (Export search parameters): An annotation pointing to the 'Export search parameters' option.
- Filter後の結果をエクスポート** (Export results after filter): An annotation pointing to the 'Export filtered results' option.
- Generate** button

参考：PDF、Word、Excel、TXT形式でダウンロードする場合はデータを「Alignment Folder」へ追加

The screenshot displays the Clarivate interface with the 'Alignment Folders' tab selected. A modal titled 'Add results to the folder' is open, showing options to add results to 'Alignment folders' or 'Publication folders'. The 'Alignment folders' option is highlighted. Below this, a 'Select Folder' dropdown is set to 'default'. A text box labeled '+ New Folder' is visible, with a note indicating that the default folder or a new folder name can be entered. The main interface shows a table of results with columns for document type, document ID, priority, and publication date. The 'Add selected' button is highlighted, with a note indicating that selected items can be moved to a folder. The 'Add all' button is also highlighted, with a note indicating that all items can be moved to a folder.

Summary Search Evaluate **Alignment Folders** Publication Folders Reports

Analyze and select for export

Untitled Search SWN Show search parameters Select another search Update results Rerun

Filters

Table View Graphical Representation

Add selected Add all Export results

Showing 1 to 50 of 1

一部を選択（チェック）してフォルダへ移動させる場合

全件をフォルダへ移動させる場合

Add results to the folder フォルダへ移動

Alignment folders Publication folders

Select Folder

default

+ New Folder

default フォルダまたは New Foldersでフォルダ名を入力

	DOCUMENT	PRIORITY	PUBLIS
GENESEQ FASTAlert	US20220177889 A1	Aug 5, 2011	Jun 9, 2022
USGENE	US20220177882 A1	Feb 1, 2019	Jun 9, 2022
USGENE	US20220175845 A1	Dec 8, 2020	Jun 9, 2022

参考：エクスポート（Generate report）：PDF、Word、Excel、TXT形式

Selected Project: 20220405 (created on: Apr 5, 2022)

Summary Search Evaluate Alignment Folders Publication Folders Reports

Manage and export project results

Selected documents: 5 of 1875 **Select all** Deselect all

Export **Generate Report**

Showing 1 to 25 of 1,875 entries

	DB	APPLICATION
☒	GENESEQ FASTAlert	US20220175845 A1
☒	GENESEQ FASTAlert	US20220177889 A1
☒	USGENE	US20220175845 A1
☒	US	7889 A1
☒	USGENE	US20220177882 A1

①Alignment Foldersへ移動

②全件ダウンロードする場合

③Generate report
(ダウンロード)

②一部を選択（チェック）し
てダウンロードする場合

◆ 分析に必要なフィールドをWord、Excel、またはPDFにエクスポートできます。

◆ TXTオプションは、Derwent Innovationなどのツールからのフルテキスト特許情報の検索を容易にするために、特許番号のリストを生成できます。

Generate Report

*Report name: Enter report name **Templates**

Export as: XLSX Group By: Document

Available: PDF, DOCX, **XLSX**, TXT

④形式選択

Selected fields: 33

- Database
- No. of Sequences
- Document Type
- Inventor(s)
- INPADOC Family
- DWPI Family
- Document
- Authority

Options:

☐ Exclude duplicates indexed in: 5 items selected

Generate

⑤エクスポート

SequenceBaseからDerwent Innovationへ連携： ヒットした特許をDerwent Innovationへ自動アップロード

◆ 検索後にヒットした特許をDerwent Innovationへアップロードする場合

Summary	Search	Evaluate	Alignment Folders	Publication Folders	Reports
---------	--------	----------	-------------------	---------------------	---------

Analyze and select for export

Untitled Search SWN Show search parameters Select another search Update results R

Filters

Table View

Graphical Representation

Add selected

Add all

Export results ▼

Showing 1 to 50 of 1,875 entries

	DB	DOCUMENT	OPINION CITING PATENTS	DPCI CITED PATENTS	SC
☒	USGENE	US202201000001A1		0	500
☒	GENESEQ FASTAlert	US202201000001A1		0	500
☒	USGENE	US202201000001A1		0	500
☒	USGENE	US202201000001A1		0	500

Export resultsメニューの
「Export Selected to Derwent Innovation」（予め特定の特許を選択）
または
「Export All to Derwent Innovation」を選択

Derwent Innovation

Export Selected to Derwent Innovation

Export All to Derwent Innovation

Excel Reports

Export Selected results to Excel

Export All results to Excel

Export alignments

Export sequences in FASTA



ヒットした特許をDerwent Innovationへ自動アップロード

- ◆ アップデートされた特許がDerwent Innovationの検索結果画面に表示されます。これにより、SequenceBaseの配列検索の結果について、各特許の公報PDFの取得、DWPI抄録・請求項・法的状況などの参照、特許分析などを効率的に行えるようになります。

Highlighting

Manage columns

Advanced sort

☒	#	PUBLICATION NUMBER	IP CASES	MARK	PDF	DRAWINGS	DWPI TITLE	TITLE	PUBLICATION DATE	OPTIMIZED ASSIGNEE	ASSIGNEE/APPLICANT	DEAD/ALIVE	DWPI ACCESSIO
☒	1	US20190203209A1	-				Modulating fibroblast accumulation and collagen deposition in tissue by modulating amount or activity of thymic stromal lymphopoietin in tissue, where activity is reduced by contacting tissue with thymic stromal lymphopoietin antagonist	Method of Modulating Fibroblast Accumulation or Collagen Deposition	2019-07-04	AMGEN INC	AMGEN INC	Dead	2019-57490P
☒	2	WO2019133961A1	-				New bispecific antibody construct comprises 1st domain which binds to mucin (MUC)17, and 2nd domain which binds to an extracellular epitope of human and Macaca cluster of differentiation (CD)3-epsilon chain, for treating cancer	BISPECIFIC ANTIBODY CONSTRUCT DIRECTED TO MUC17 AND CD3	2019-07-04	AMGEN INC	AMGEN INC	Alive	2019-57880A
☒	3	WO2019136300A2	-				Isolated antibody or antigen-binding fragment for treating human subject having autoimmune, inflammatory, or allergic condition, metabolic disorder such as diabetes, is one that binds to one or more residues present in extracellular domain	ANTI-MCT1 ANTIBODIES AND USES THEREOF	2019-07-11	IMMUNEXT INC	IMMUNEXT INC	Alive	2019-60761Y

検索結果の保存：

画面上部のタブやMY FOLDERSに保存

Add selected

全件をフォルダへ移動させる場合

一部を選択（チェック）してフォルダへ移動させる場合

defaultフォルダは
こちらにも表示

保存先のフォルダはこちら

保存先のフォルダに名前を付ける場合は「New Folder」をクリックしフォルダ作成

フォルダへ移動

配列データや特許番号などを保存

特許番号などを保存

保存先のフォルダ選択

MY FOLDERS:データの保存先

DerwentTM SequenceBase

PROJECTS MY FOLDERS MY QUERIES MONITOR SETTINGS

Selected Folder: default (Project: 20220405)

View Folders Compare Folders

Folders ? +

General Folder

Project Folders

20220405 ▾

default ▾

Export ▾

Selected documents: 0 of 1875 Select all | Deselect all

Sequences: 47978934 Documents: 1875

Actions ▾ Toggle visible columns ▾

Publication folders ▾

Alignment folders

Publication folders

Publicationか Alignmentに切り替え

Showing 1 to 25 of 1,875 entries

	DB	DOCUMENT	AUTHORITY	PUBLISHED	EARLIEST PRIORITY	SEQUENCES	DOWNLOAD LINKS	EXTERNAL LINKS	DATE ADDED	ACTIONS
☐	GENESEQ FASTAlert	US20220175845	US	Jun 9, 2022	Dec 8, 2020	9	XML; ASCII; FASTA (nucleotides)	Derwent Innovation; Espacenet; USPTO	Jun 30, 2022 06:26	☐ ☆
☐	GENESEQ FASTAlert	US20220177889	US	Jun 9, 2022	Aug 5, 2011	159	XML; ASCII; FASTA (nucleotides)	Derwent Innovation; Espacenet; USPTO	Jun 30, 2022 06:26	☐ ☆
☐	GENESEQ FASTAlert	US20220175845	US	Jun 9, 2022	Dec 8, 2020	9	XML; ASCII; FASTA (nucleotides)	Derwent Innovation; Espacenet; USPTO	Jun 30, 2022 06:26	☐ ☆
☐	USGENE	WO2020055900A1 WO2020055768A1 WO202005597A1 WO2020054871A1 WO2020053321A1 WO2020053239A1 WO2020052875A1	US	Jun 9, 2022	Aug 5, 2011	156	XML; ASCII; FASTA (nucleotides)	Derwent Innovation; Espacenet; USPTO	Jun 30, 2022 06:26	☐ ☆
☐	USGENE	WO2020054871A1 WO2020053321A1 WO2020053239A1 WO2020052875A1	US	Jun 9, 2022	Feb 1, 2019	48	XML; ASCII; FASTA (nucleotides)	Derwent Innovation; Espacenet; USPTO	Jun 30, 2022 06:26	☐ ☆
☐	USGENE	WO2020055900A1 WO2020055768A1 WO202005597A1 WO2020054871A1 WO2020053321A1 WO2020053239A1 WO2020052875A1	US	May 31, 2022	Apr 14, 2016	191	XML; ASCII; FASTA (nucleotides, proteins or both)	Derwent Innovation; Espacenet; USPTO	Jun 30, 2022 06:26	☐ ☆
☐	FASTAlert	CN114517178	CN	May 20, 2022	Feb 25, 2022	6	XML; ASCII; FASTA (nucleotides)	Derwent Innovation; Espacenet	Jun 30, 2022 06:26	☐ ☆

Add Patent ?

By Pub. Num. Add

特許公報番号一件ずつ追加

Browseでテキストファイル選択し、Upload

From file Upload

予めテキストファイルにまとめて特許公報番号を一括インポートも可

list.txt - メモ帳

ファイル(F) 編集(E)

WO2020055900A1
WO2020055768A1
WO202005597A1
WO2020054871A1
WO2020053321A1
WO2020053239A1
WO2020052875A1

検索結果間の演算 (AND、OR、NOT)

検索結果を保存したフォルダの比較



活用場面

◆ AND演算

Derwent Innovationの検索結果の特許番号リストとSequenceBaseの相同性検索

◆ OR演算

- ・MOTIF AまたはMOTIF Bを含むアミノ酸配列の取得
- ・相同性検索Aの結果と相同性検索Bの重複除去

◆ NOT演算

今日の検索結果から3ヶ月前の検索結果を差し引き、直近3ヶ月の最新データだけ取得

- ◆ 別々のフォルダに保存した検索結果を比較できるようになりました。これにより、

結果はエクスポートへ

- ✓ 両方の検索結果（フォルダ）にあるdocumentsの特定する (AND)
例えば、Smith watermanの相同性検索の結果とMOTIF検索の結果で比べて、両方に含まれる特許を特定する場合に利用
- ✓ 比較したいフォルダの少なくとも一つにはあるdocumentsの特定する(OR)
- ✓ 一方のフォルダにあるdocumentsを検索結果から除く (NOT)
例えば、本日の結果と半年前の結果を比べて、直近半年の期間で追加された配列特許を特定する場合に利用

などが可能になりました。

- ◆ 比較後に結果はエクスポート可能です。

参考：Derwent InnovationからSequenceBaseへ連携：検索またはアップロード

- ◆ Derwent Innovationの公報番号をSequenceBaseで検索またはアップロードして、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。

公報番号で検索し配列を確認

公報番号をフォルダにアップロードし配列を確認

BLAST ▾ Smith-Waterman ▾ MOTIF ▾ MSS (CDR) ▾ **Keyword** ▾ BLSTSeq ▾

New search name: Templates ▾

Enter search terms

Publication terms

AND NOT Sequence terms

ALL= (US20220177882A1 US20220177889A1 US20220175845A1)

Database:

- ☒ GENESEQ, a Clarivate brand
- ☒ USGENE[®]
- ☒ WOGENE
- ☐ GenBank[®]

☐ Exclude mega published applications (10,000 or more sequences)

Exclude publication folder documents:

Sequences type:

Max documents per DB: 250

Patent Record View - WO2004050867A1

WO2004050867A1

Key summary data

Bibliography

DWPI title

Original Title

PROJECTS **MY FOLDERS** MY QUERIES MONITOR SETTINGS

Selected Folder: 20210208 (Project: 20210201)

View Folders Compare Folders

Folders Showing

General Folder

Project Folders

20210201 ▾

20210208 ▾

Add Patent

By Pub. Num.

From file

list.txt - メモ帳

ファイル(F) 編集(E) 書

WO2020055900A1

WO2020055768A1

WO2020055597A1

WO2020054871A1

WO2020053321A1

WO2020053239A1

WO2020052675A1

WO2020052581A1

予めテキストファイルにまとめて一括インポート

Browseでテキストファイル選択し、Upload

Keyword searchで一括検索

配列検索の基本操作

クエリー配列を入力し検索する

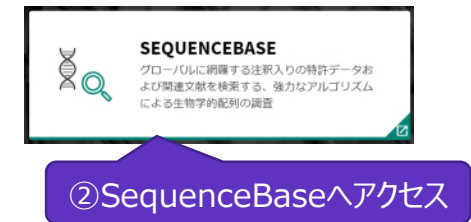
1. SequenceBaseへログイン
<https://www.derwentinnovation.com/login/>

Derwent Innovation にログイン

Email:

パスワード:

[パスワードを忘れましたか？](#)



2. Projectの作成

① 検索結果を保管する Projectを作成

Title:

Author:

Created for:

② ProjectのTitleを入力しCreate

Manage projects

↑↓ TITLE
20230428

③ 作成したProjectをクリック

3. クエリー配列の入力

Search a nucleotide database using a nucleotide query

New search name:

Query

Enter sequence(s) **upload from file, select previously used** or **choose from Project Folders**

DIQMTQSPSSLSASLGERSVLTCSRASQDIGSSLNWLQQGPDGTIKRLIYATSSLDGVPKRFSGSRSGSDYSL
TISSLESEDFVDYYCLQYVSSPPTFGAGTKLELKRADAAPSVEIFPPDEQLKSGTASVVCCLNNFYPREAKVQ
WKY...LQSGNSQESVTEQDSKDYSLSSLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

③ クエリー配列を張り付ける

④ 検索実行

① 相同性検索はSmith-WatermanまたはBlastを選択

クエリー配列に合わせて、Nucleotide（塩基配列）またはProtein（アミノ酸配列）を選択

複数の配列で相同性検索する場合はMSS

モチーフ配列で検索する場合はMOTIF

② Search nameを入力

多くヒットさせたい場合、ParametersのMax target sequencesの上限数を上げる

Algorithm parameters

Additional search options

500

10

25

50

75

100

150

250

500

1000

2500

5000

検索結果を閲覧する

Project searches

Showing 1 to 1 of 1 entries 4 rows selected

☐	TITLE	TYPE	DATABASES	STATUS	SEQS	DOCS	CREATED	ACTIONS
☐	Smith protein	SWP	USGENE; GENESEQ; GENESEQ FASTAlert; WOGENE	Viewed	500	1848	May 01, 2023 02:48	Open

Filters

Table View Graphical Representation

Add selected Add all Export results

検索結果（ヒットした配列の特許一覧）

Showing 1 to 50 of 1,908 entries

☐	DB	DOCUMENT	PRIORITY	PUBLISHED	SCORE	ALIGN % ID	QUERY % ID	SUBJECT % ID	QUERY COVERAGE	SUBJECT COVERAGE	POSITIVES %	SEQ	HIT SEQ	EXTERNAL LINKS
☐	USGENE	US20230051860	Nov 16, 2016	Feb 16, 2023	507	99.53%	100.00%	99.53%	100.00%	100.00%	99.53%	34	1	Derwent Innovation; Cortellis Competitive Intelligence
☐	USGENE	US20220389449	Apr 29, 2016	Dec 8, 2022	507	99.53%	100.00%	99.53%	100.00%	100.00%	99.53%	17941	17	Derwent Innovation; Cortellis Drug Discovery Intelligence

Grouped by:

Ordered by Score

Document

INPADOC Family

DWPI Family

② ヒットした配列を表示するには、Ordered by Score を選択

- Ordered by Score: ヒットした配列の表示
- Document: ヒットした配列の特許を表示
- INPADOC family: ヒットした配列の特許をINPADOC family単位で表示
- DWPI family: ヒットした配列の特許をDWPI family単位で表示

Add selected Add all Export results

検索結果（ヒットした配列の一覧）

Showing 1 to 50 of 500 entries

☐	ALIGNMENT	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	ALIGN % ID	QUERY % ID	SUBJECT % ID	QUERY COVERAGE	SUBJECT COVERAGE	POSITIVES %	DOCUMENTS	EXPAND ALL	EXPAND ALL
☐		SBNP000JH4W9	Protein	Artificial Sequence; Homo sapiens; Not provided; Synthetic; synthetic construct; Unidentified	214	1080	99.53%	100.00%	99.53%	100.00%	100.00%	99.53%			
☐		SBNP000FY4AU	protein	Unidentified	323	1080	99.53%	100.00%	65.94%	100.00%	100.00%	99.53%			
☐		SBNP000OIVDW	protein	Artificial Sequence; Mus sp; Homo sapiens; Chimeric	214	1040	96.26%	96.71%	96.26%	100.00%	100.00%	96.73%	7	Documents	Alignment

③ 完全にマッチした配列を優先的に見るには、Subject %IDをクリックし、高い順に並べ替え

Showing 1 to 50 of 500 entries

☐	ALIGNMENT	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	ALIGN % ID	QUERY % ID	SUBJECT % ID	QUERY COVERAGE	SUBJECT COVERAGE	POSITIVES %	DOCUMENTS	EXPAND ALL	EXPAND ALL
☐		SBNP000JH4W9	Protein	Artificial Sequence; Homo sapiens; Not provided; Synthetic; synthetic construct; Unidentified	214	1080	99.53%	100.00%	99.53%	100.00%	100.00%	99.53%	24	Documents	Alignment
☐		SBNP000M0WHS	protein	Artificial Sequence; Not provided; unidentified; Unidentified	208	1037	96.73%	97.18%	99.52%	100.00%	102.88%	96.73%	16	Documents	Alignment
☐		SBNP000N2Z79	Other Protein	Artificial Sequence; Synthetic; Unidentified; synthetic construct	214	1027	97.65%	98.11%	97.20%	99.53%	99.53%	97.65%	4	Documents	Alignment



詳細情報を見る

Showing 1 to 50 of 500 entries

☐	ALIGNMENT	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	ALIGN % ID	QUERY % ID	SUBJECT % ID	QUERY COVERAGE	SUBJECT COVERAGE	POSITIVES %	DOCUMENTS	EXPAND ALL	EXPAND ALL
☐		SBNP000JH4W9	Protein	Artificial Sequence; Homo sapiens; Not provided; Synthetic construct; Unidentified	214	1080	99.53%	100.00%	99.53%	100.00%	100.00%			Documents	Alignment
☐		SBNP000MOWHS	protein	Artificial Sequence; Not provided; unidentified; Unidentified	208	1037	96.73%	97.18%	99.52%	100.00%	102.88%	96.73%	16	Documents	Alignment
☐		SBNP000N2Z79	Other Protein	Artificial Sequence; Synthetic; Unidentified; synthetic construct	214	1027	97.65%	98.11%	97.20%	99.53%	99.53%	97.65%	4	Documents	Alignment

詳細情報の確認

Documents

Alignment

アラインメントの確認

Identical Sequence Appears in 24 documents (22 Applications + 2 Patents + 0 Unknown).

ALIGNMENT LENGTH	SCORE	IDENTITIES	POSITIVES	GAPS	ALIGNMENT	REVERSE ALIGNMENT
214	1080	213	213	1	Query: 1 DIQMTQSFSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQGGPDGDIKRLIYATSSLDGVPK 60 DIQMTQSFSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQGGPDGDIKRLIYATSSLDGVPK Sbjct: 1 DIQMTQSFSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQGGPDGDIKRLIYATSSLDGVPK 60 Query: 61 RFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFVYYCLQYVSSPFTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFFP 120 RFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFVYYCLQYVSSPFTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFFP Sbjct: 61 RFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFVYYCLQYVSSPFTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFFP 120 Query: 121 FEQLKSGTASVCLLNIFYPREAKVQKQVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSTLT 179 FEQLKSGTASVCLLNIFYPREAKVQKQVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSTLT Sbjct: 121 FEQLKSGTASVCLLNIFYPREAKVQKQVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSTLT 180 Query: 180 LSKADYEKKHKVYACEVTHQGLSSPFTKSFNRGEC 213 LSKADYEKKHKVYACEVTHQGLSSPFTKSFNRGEC Sbjct: 181 LSKADYEKKHKVYACEVTHQGLSSPFTKSFNRGEC 214	Query: 213 CEGRNFSKTVFSSSLGQHTVECAVVKHKEYDAKSLTSSLSYTS 154 CEGRNFSKTVFSSSLGQHTVECAVVKHKEYDAKSLTSSLSYTS Sbjct: 214 CEGRNFSKTVFSSSLGQHTVECAVVKHKEYDAKSLTSSLSYTS 155 Query: 153 LANDVMQVQKGERPFYNNLLCVVSATGSKLQEC PFFIFVSPAAD RKLELKTGAGFTFP 95 LANDVMQVQKGERPFYNNLLCVVSATGSKLQEC PFFIFVSPAAD RKLELKTGAGFTFP Sbjct: 154 LANDVMQVQKGERPFYNNLLCVVSATGSKLQEC PFFIFVSPAAD RKLELKTGAGFTFP 95 Query: 94 SSVYQLCYVDVDESELSSITLSYDSGSRSGSFRKPVGSDLSSTA ILRKITGDPGQQLW 35 SSVYQLCYVDVDESELSSITLSYDSGSRSGSFRKPVGSDLSSTA ILRKITGDPGQQLW Sbjct: 94 SSVYQLCYVDVDESELSSITLSYDSGSRSGSFRKPVGSDLSSTA ILRKITGDPGQQLW 35 Query: 34 NLSSGIDQSARCTLSVREGLSASLSSPQTMQID 1 NLSSGIDQSARCTLSVREGLSASLSSPQTMQID Sbjct: 34 NLSSGIDQSARCTLSVREGLSASLSSPQTMQID 1

Identical Sequence Appears in 24 documents (22 Applications + 2 Patents + 0 Unknown).

DB	INPADOC FAMILY	DOCUMENT	AUTHORITY	ASSIGNEE(S)	PUBLISHED	FILED	EARLIEST PRIORITY	SEQUENCE NUMBER	LOCATION	EXTERNAL LINKS	ACTIONS	EXPAND ALL
USGENE	CA3082779A1	US20230051860	United States	PRIMEVAX IMMUNO-ONCOLOGY, INC. (Orange, CA)	Feb 16, 2023	Jun 10, 2022	Nov 16, 2016	20230051860.21	SEQ ID NO 21	Derwent Innovation; Cortellis Competitive Intelligence	☐ ☆	More
USGENE	WO2017189959A1	US20220389449	United States	Voyager Therapeutics, Inc. (Cambridge, MA)	Dec 8, 2022	Apr 26, 2022	Apr 29, 2016	20220389449.7884	Claim 72 ID NO 78		☐ ☆	More
USGENE	CA3082779A1		United States	PRIMEVAX IMMUNO-ONCOLOGY INC.,,US	Jun 14, 2022	May 14, 2020	Nov 16, 2016		SEQ ID NO 21	Derwent Innovation; Cortellis Competitive	☐ ☆	More
GENESEQ	WO2020227515A1	WO2020227515	WIPO	VOYAGER THERAPEUTICS INC.,,US	Nov 12, 2020	May 7, 2020	May 7, 2019	BIP64537	Claim 5; SEQ ID NO 9810; 1226pp; English.	Derwent Innovation; Cortellis Drug Discovery Intelligence	☐ ☆	More

特許情報

配列情報

グローバル特許データベース
Derwent Innovationへ

関連する医薬品の
名称

詳細情報を見る

特許情報

PDF

WO2020227515 A1

Published: 2020-11-12 Total Document Sequences: 32695

GENESEQ

Bibliography

Abstract

Claims

Sequences

Bibliography

DWPI Enhanced Title

Vector-based system of augmenting protein destruction, expression and regulation in pharmaceutical composition and treating migraine, comprises first component comprising nucleic acid vector or plasmid sequence encoding payload.

DWPI Accession Number

WPI 2020-B03491/096

Assignee/Applicant

VOYAGER THERAPEUTICS

Inventor(s)

Ren X; Hou J; Paul S; Ba

Authority

WIPO

Publication info

WO2020227515 A1

特許のタイトル

Application information

APPLICATION NUMBER	APPLICATION DATE
WO2020-US31853	2020-05-07

Priority information

PRIORITY NUMBER	PRIORITY DATE
US2020-984875P	2020-03-04
US2019-844433P	

Abstract

要約

The present invention relates to a vector-based system of augmenting protein destruction, expression and regulation (VA-DER system). The system comprises: a first component comprising a nucleic acid vector or plasmid sequence encoding a payload; a second component comprising a tripartite motif-containing protein 21 (TRIM21) protein or a nucleic acid sequence encoding a TRIM21 protein; and optionally a third component comprising a biomolecule selected from a nucleic acid sequence, a protein sequence, a lipid, a small molecule and a vitamin. Also described: (1) an adeno-associated virus (AAV) viral genome comprising a sequence selected from **SEQ ID NO:32672-32675** (see BIP87399-BIP87402); (2) an AAV particle comprising the viral genome and a capsid; (3) a pharmaceutical composition comprising the AAV particle; and (4) a method for treating a disease, disorder or condition in a subject, which involves administering the AAV particle to the subject. The pharmaceutical composition can be used for treating migraine, stroke, pain, cancer, ocular diseases and psychiatric disorder. The VA-DER system generates viral expression vectors, inhibits polynucleotide expression and excretion, improves bioavailability, reduces metabolism, and modifies distribution within body.

Claims

請求項

- CLAIMS
1. A vector-based system of augmenting protein destruction, expression and/or regulation comprising a. a first component comprising a nucleic acid vector or plasmid sequence encoding a payload, b. a second component comprising a TRIM21 protein or a nucleic acid sequence encoding a TRIM21 protein, and c. optionally a third component comprising a biomolecule selected from the group consisting of a nucleic acid sequence, a protein sequence, a lipid, a small molecule and a vitamin.
 2. The vector-based system of claim 1, wherein said first component is an AAV' vector and the serotype of said AAV vector is selected from any of those listed in Table 1.
 3. The vector-based system of claim 1, wherein said second component comprises a TRIM21 protein encoded in an AAV vector and the serotype of said AAV vector is selected from any of those listed in Table 1.
 4. The vector-based system of any of claims 1-3, wherein the payload of said first component is an antibody.

配列情報

WO2020227515 A1
Published: 2020-11-12 Total Document Sequences: 32695

特許に記載のアミノ酸配列は27829件あり、
そのうち174件が相同性検索でヒット

Bibliography Abstract Claims Sequences

Total SEQs: 32695 Hit SEQs: 174 Nucleotides: 4866 Amino acids: 27829

<	BIP58841	BIP58842	BIP59627	BIP59650	BIP59700	BIP59701	BIP60293	BIP60294	BIP60674	BIP60675	BIP60676	BIP60680	BIP60681	BIP60683	BIP60685	>
<	BIP60711	BIP60712	BIP61017	BIP61018	BIP61085	BIP61469	BIP63985	BIP64008	BIP64042	BIP64161	BIP64162	BIP64242	BIP64251	BIP64284	BIP64285	>
<	BIP64291	BIP64293	BIP64297	BIP64301	BIP64304	BIP64353	BIP64364	BIP64371	BIP64374	BIP64382	BIP64440	BIP64455	BIP64462	BIP64479	BIP64480	>

Sequence number

BIP64537

Sequence key

SBNP000JH4W9

Sequence description

CI13454 antibody amino acid sequence, SEQ ID 9810.

Keywords

VA-DER system; analgesic; antibody; cancer; cerebroprotective; cytostatic; migraine; ocular disease; ophthalmological; pain; psychological; regulation

Sequence location

Claim 5; SEQ ID NO 9810; 1226pp; English.

Molecule type

protein

配列の説明

配列の特許記載箇所

Organism

Synthetic

Length

214

Sequence

BLAST
>GENESEQ|BIP64537|protein|sequence 9810 from WO2020227515
DIQHTQSPSSL SASLGERVSLT CRASQDTIGSSLNLWLQGGPDGTIKRLIYATSSLD SGVPK
RFGSGRS GSDYSLTISSESEDFVDYCLQYVSSPPTFGAGTKLELRADAAPSVFIFPP
SDEQLKSGTASVCLLNFFYPREAKVQMKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSTLT
LSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

Counts

Sequence 214 AA; 12 A; 8 R; 6 N; 13 D; 0 B; 5 C; 12 Q; 11 E; 0 Z; 13 G; 2 H; 6 I; 20 L; 12 K; 1 M; 7 F; 10 P; 38 S; 14 T; 2 W; 9 Y; 13 V; 0 Others;

Source

GENESEQ; PROTEIN

検索結果をエクスポートする

Add selected Add all **Export results**

Showing 1 to 50 of 5,000 entries

	ALIGNMENT
☐	
☒	
☒	
☒	

Derwent Innovation
Export Selected to Derwent Innovation
Export All to Derwent Innovation

Excel Reports
Export Selected results to Excel
Export All results to Excel

Export alignments
Export sequences in FASTA

SBNP000N2Z79 protein

① 選択したものをエクスポートする場合 :
Export Selected results to Excel

すべてをエクスポートする場合 : Export
All results to Excel

Generate Report

*Report name: Enter report name Templates

Enter report annotation

Group By: Document

Available fields: 43

必要な項目を選択

Document specific

- ☒ Database
- ☒ No. of Sequences
- ☒ Document Type
- ☒ Inventor(s)
- ☒ INPADOC Family
- ☒ DWPI Family
- ☒ Document
- ☒ DWPI Accession
- ☒ Authority
- ☒ Patent Status
- ☒ Application
- ☒ Title
- ☒ Claims
- ☒ Assignee(s)
- ☒ Cited Patents
- ☒ DPCI Citing Patents
- ☒ DPCI Cited Patents
- ☒ Citing Patents
- ☒ Filed
- ☒ Earliest Priority
- ☒ Published
- ☒ Score
- ☒ Expect
- ☒ Name of the Search

Options:

☐ Export search parameters ☐ Exclude duplicates indexed in: 5 items selected

Selected fields: 43

- ☒ Database
- ☒ No. of Sequences
- ☒ Document Type
- ☒ Inventor(s)
- ☒ INPADOC Family
- ☒ DWPI Family
- ☒ Document
- ☒ DWPI Accession

Deselect all Clear all

Cancel Generate

②エクスポート

✓ Your report will be available on Reports tab as soon as it is ready.

Report ready
Project: 20230428
Untitled Report

③クリックし、Excelファイルをダウンロード

My Projects / 20230428 (created on: Apr 28, 2023)

Search Evaluate Alignment Folders Publication Folders **Reports 1**

Download project results

Showing 1 to 9 of 9 entries

TYPE	FILE	SOURCE	STATUS	DATE	SIZE	ACTION
xlsx	Untitled Report	Documents	Completed	May 01, 2023 05:30	4.3 MB	Download

③ReportsタブのDownloadでもダウンロード可能

検索事例

ログイン : <https://www.derwentinnovation.com/login/>

EmailとPasswordを入力し、ログイン

Derwent Innovation にログイン

Email:

パスワード:

パスワードを忘れましたか? [🔗](#)

ログイン

SSO でサインイン [→](#)

SequenceBase ユーザー: SequenceBase のログインページが新しくなりました。Derwent Innovation および SequenceBase の両方を購読している場合、Derwent のユーザー名とパスワードでログインしてください。

SequenceBase のみを購読している場合、最近、パスワードのリセットに関する Email を受け取られたかと思いますが、Email に記載されている手順に従ってリセットを行い、現在のユーザー名と新しいパスワードでログインしてください。

ログインした後、ホームページの SequenceBase のタイルをクリックすると SequenceBase にアクセスできます。



特許検索

正確な検索条件と広範囲でワールドワイドのフルテキストデータにより、グローバルな特許をリサーチ。

[→](#)



日本特許検索（日本語）

公開済みの日本特許公報を元の日本語テキストで検索および調査。

[→](#)



文献検索

学術誌や会議文書などの科学文献に出版された最先端情報を調査。

[→](#)



検索履歴

以前使用した特許検索条件の再調査および管理。

[→](#)

SequenceBase リサーチポータルは、包括的な特許配列の調査のための、最も信頼できる Web ベースの検索サイトです。



SEQUENCEBASE

グローバルに網羅する注釈入りの特許データおよび関連文献を検索する、強力なアルゴリズムによる生物学的配列の調査

[🔗](#)

こちらをクリック

ログイン後

Documentation

ユーザーマニュアル

保存した特許

i.namba@clarivate.com

登録したQueryで最新の配列データをヒット。Eメールで通知。

Derwent™SequenceBase

PROJECTS

MY PATENTS

MY QUERIES

MONITOR

ACCOUNT

検索クエリの履歴

ユーザー登録情報、パスワード、デフォルトなどの変更

Manage projects

③作成されたProjectをクリックし、検索画面へ

↑ TITLE	↑ SEQUENCES	↑ QUERIES	↑ DOCUMENTS	↓ CREATED	ACTIONS
20200128	96	1	526	January 28, 2020 04:18	Open ▾
20191225	15089	10	867	December 25, 2019 02:56	Open ▾
20191217	1	1	0	December 17, 2019 06:01	Open ▾
20191204	819	5	208	December 04, 2019 04:20	Open ▾
20191125	224	1	0	November 25, 2019 08:12	Open ▾
20191122	93	1	0	November 21, 2019 09:49	Open ▾
20191119	3255	15	933	November 19, 2019 05:02	Open ▾
20191118	1151	6	202	November 19, 2019 00:39	Open ▾
20190913	5	0		September 13, 2019 00:52	Open ▾
20190904	616	3	358	September 04, 2019 08:16	Open ▾

Add a Project

Premium license (includes GENESEQ, FASTAlert, USGENE, WOGENE and GenBank)

Started at: March 11, 2020 09:46

Expires at: April 10, 2022 23:59

Title: 20200128

Author: Takeshi Namba

Created for:

Create Back

②Projectに名前を記入、「Create」をクリック

Add a project

①検索結果を保管するスペース (Project)を新規追加

First Previous 1 2 3 4 Next Last

検索例 1- BLASTP

BLASTはクエリーの数に上限なし

- >GENESEQ|BDN08719|protein|sequence 2093 from WO2017011773
DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQGPDGTIKRLIYATSSLD SGV PKRFSGSRSGSDYSLTISSESEDFVDYYCLQYVSSPPTFGAGTKLEL
KRADAAPSVFIFPPDEQLKSGTASVVCLLNNFYPPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF
NRGEC

The screenshot shows the BLASTP search interface. The 'Query' section contains the protein sequence: DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQGPDGTIKRLIYATSSLD SGV PKRFSGSRSGSDYSLTISSESEDFVDYYCLQYVSSPPTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFPPDEQLKSGTASVVCLLNNFYPPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSYSLSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC. The 'Algorithm parameters' section shows 'General Parameters' with 'Max target sequences' set to 250. The 'Database' section shows 'GENESEQ, a Clarivate Analytics brand', 'USGENE', and 'WOGENE' checked, while 'GenBank' is unchecked. Annotations include: a callout for the query sequence stating '入力する配列は、残基番号などを除いてください。'; a callout for the multiple queries stating '複数のクエリーを一括で検索する場合は1行空けて入力'; a callout for the 'Max target sequences' setting stating 'ヒット件数の増やすには上限（10000まで）を変更します。デフォルトは250件'; and a callout for the database selection stating 'デフォルトの検索対象データは特許データです。GenBankも検索する場合、チェックします。'. A note at the bottom right states: '※複数データをチェックした場合と単独のデータをチェックした場合の検索結果は、複数は少なく、単独は多くなる傾向があります。複数の場合、複数データをまとめて上限まで検索した後、ヒット配列の重複を除去しているためです。'

入力する配列は、残基番号などを除いてください。

複数のクエリーを一括で検索する場合は1行空けて入力

ヒット件数の増やすには上限（10000まで）を変更します。デフォルトは250件

デフォルトの検索対象データは特許データです。GenBankも検索する場合、チェックします。

※複数データをチェックした場合と単独のデータをチェックした場合の検索結果は、複数は少なく、単独は多くなる傾向があります。複数の場合、複数データをまとめて上限まで検索した後、ヒット配列の重複を除去しているためです。

検索結果：

SummarySearchEvaluate1DocumentsReports

Project searches

Showing 1 to 10 of 10 entries 4 rows selected

☐	TITLE	TYPE	DATABASES	STATUS	SEQS	DOCS	CREATED	ACTIONS
☐	Untitled Search	BLASTP	USGENE; GENESEQ; FASTALERT; WOGENE	Completed	95	447	April 09, 2020 08:28	Open

Untitled SearchBLASTPShow search parametersSelect results

Filters

Add selectedAdd allExport results

Showing 1 to 50 of 95 entries

配列単位でScoreの高い順に表示

結果の表示形式：
Ordered by Score: ヒット配列
Document： ヒットした配列の記載特許
INPADOC family： ヒットした配列の記載特許（ファミリー単位）
DWPI family： ヒットした配列の記載特許（ファミリー単位）

表示形式をOrdered by Scoreに変えると
スコアの高い順にヒット配列が表示されます。

特許を表示

アラインメントを表示

配列を表示

Derwent
Innovationへ

GENESEQの注釈へ

Grouped by: Document
Ordered by Score
Document
INPADOC Family
DWPI Family

447 Families: 200 Details

Toggle visible columns

☐	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	QUERY % ID	ALIGN % ID	POSITIVES %	QUERY COVERAGE	E VALUE	DOCUMENTS	FAMILIES	EXPAND ALL	EXPAND ALL
☐	SBNP000CY4AU	protein	Unidentified	323	431	100.00%	99.53%	99.53%	100.00%	4.1e-152	1	1	Hide	Alignment
Identical Sequence Appears in 1 document (1 Application + 0 Patents + 0 Unknown).														
☐	DB	FAMILY	DOCUMENT	AUTHORITY	ASSIGNEE(S)	PUBLISHED	FILED	EARLIEST PRIORITY	SEQUENCE NUMBER	LOCATION	EXPAND ALL			
	GENESEQ	396670	CN104974261 A	China	SHANGHAI CP GUOJIAN PHARM CO LTD	October 14, 2015	April 1, 2014	April 1, 2014	BCQ42186	Claim 4; SEQ ID NO 4; 24pp; Chinese.	More			
☐	SBNP000JH4W9	Protein	Unidentified	214	430	100.00%	99.53%	99.53%	100.00%	153	Documents	Alignment		
☐	Other	Artificial Sequence; Synthetic;												

検索結果：

Grouped by: Ordered by Score

Ordered by Score

Document

INPADOC Family

DWPI Family

QUERY

Showing 1 to 50 of 447 entries

特許公報単位でScoreの高い順に表示

☐	DB	FAMILY	DOCUMENT	TITLE	AUTHORITY	ASSIGNEE(S)	FILED	PRIORITY	PUBLISHED	SCORE	ALIGN % ID	POSITIVES %	QUERY COVERAGE	SEQUENCES	EXPAND ALL
☐	USGENE	495102	US20200023076 A1	RNA ENCODING AN ANTIBODY	United States	CureVac AG (Tbingen, DE)	April 28, 2017	April 29, 2016	January 23, 2020	202	99.53%	99.53%	100.00%	5	More
☐	USGENE	518635	US20190298764 A1	COMBINATION IMMUNOTHERAPIES FOR TREATMENT OF CANCER	United States	PRIMEVAX IMMUNO-ONCOLOGY, INC. (Orange, CA)	May 15, 2019	November 16, 2016	October 3, 2019	202	99.53%	99.53%	100.00%	1	More

Grouped by: Ordered by Score

Ordered by Score

Document

INPADOC Family

DWPI Family

QUERY

Showing 1 to 50 of 200 entries

DWPI/INPADOCファミリー単位でScoreの高い順に表示

☐	DB	FAMILY	DOCUMENT	AUTHORITY	PRIORITY	PUBLISHED	SCORE	ALIGN % ID	QUERY COVERAGE	DOCUMENTS	SEQUENCES	EXPAND ALL
☐	WOGENE	4318813	EP3541417 A1	EPO	September 25, 2019	September 25, 2019	202	99.53%	100.00%	1	1	More
☐	WOGENE	4330301	CN110139671	China	August 16, 2019	August 16, 2019	202	99.53%	100.00%	1	1	More
☐	WOGENE	547494	EP3448874 A1	EPO	March 6, 2019	March 6, 2019	202	99.53%	100.00%	1	11	More
☐	GENESEQ	518635	WO2018093907 A1	WIPO	November 16, 2016	May 24, 2018	202	99.53%	100.00%	3	3	More
☐	GENESEQ	495095	WO2017189959 A1	WIPO	April 29, 2016	November 2, 2017	202	99.53%	100.00%	3	33	More

検索例 2- Smith-Waterman protein

- >GENESEQ|BDN08719|protein|sequence 2093 from WO2017011773
DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQGPDGTIKRLIYATSSLDGVPKRFSGSRSGSDYSLTISSESEDFVDYYCLQYVSSPPTFGAGTKLEL
KRADAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKS
FNRGEC

Summary Search Evaluate Documents Reports

Search a protein database using the Smith-Waterman algorithm by a protein query

BLAST ▾ Smith-Waterman Protein ▾ MOTIF ▾ MSS ▾ Keyword BESTSeq® ▾

New search name:

Query

Enter sequence(s) [upload from file](#), [select previously used](#) or [choose from My Patents](#) ?

DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQGPDGTIKRLIYATSSLDGVPKRFSGSRSGSDYSLTISSESEDFV
DYYCLQYVSSPPTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDS
KDSTYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

Target Sequence Length Min: Max:

Algorithm parameters

Additional search options

検索例 3- BESTSeq Protein

- >GENESEQ|BDN08719|protein|sequence 2093 from WO2017011773
MSTITQFPSGNTQYRIEFDYLARTFVVVTLVNSSNPTLNRVLEVGRDYRFLNPTMIEMLADQSGFDIVRIHRQTGTDLVVDFRNGSVLTASDLTNSSELQAI
HIAEEGRDQTVDLAKEYADAAGSSAGNAKDSEDESRRIAASIKAAGKIGYITRRSFEKGFNVTTWNEVLLWEEDGDYYRWDGTLPKNVPAGSTPESGGI
GLSAWVSVGDAASLRANLADSDGAKYIGSGERTLLEHNNDVLHSHKDFPTLQAAIDASLQKNDLLVSPGNYTEKVTIGNAQLKGVGGATVLKTPADFTNTV

Summary

Search

Evaluate

Documents

Reports

Search a protein database using the BESTSeq® Search algorithm by a protein query

BLAST

Smith-Waterman

MOTIF

MSS

Keyword

BESTSeq® Protein

New search name:

Query

Clear

Enter sequence(s) [upload from file](#), [select previously used](#) or [choose from My Patents](#)

DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLOQGPDTIKRLIYATSSLDGVPKRFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFV
DYVCLQYVSSPPTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDS
KDSYSLSSLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

Target Sequence Length Min: Max:

Algorithm parameters

Defaults

Additional search options

My Patents

Defaults

Search

検索例 4 – MSS（複数配列検索）：抗体のCDRを検索

- CDR1 : GFTFDDYAMH
- CDR2 : AITWNSGHIDYADSVEG
- CDR3 : VSYLSTASSLD

Summary Search Evaluate Documents Reports

Search for multiple protein queries against the protein database using the Smith-Waterman algorithm ?

BLAST ▾ Smith-Waterman ▾ MOTIF ▾ MSS Protein ▾ Keyword BESTSeq® ▾

New search name:

Query

Enter 1st sequence [select previously used](#)

Enter 2nd sequence [select previously used](#)

Enter 3rd sequence [select previously used](#)

▼Algorithm parameters

General Parameters

Max target sequences:

検索は各配列ごとに行い、検索結果は総合的なスコアの高い順に表示されます。

ヒット件数の上限はデフォルトで5000件に設定されています

検索例 4 – MSS（複数配列検索）：

Project searches

Showing 1 to 10 of 11 entries

☐	TITLE	TYPE	DATABASES	STATUS	SEQS	DOCS	CREATED	ACTIONS
☐	Untitled Search	SWP MSS	USGENE; GENESEQ; FASTALERT; WOGENE	Viewed	882	1399	April 09, 2020 07:54	Open

Rerun Untitled Search SWN MSS Show search parameters Select another search Update results Rerun

Filters

Seqs: 9788 Redundant: 30941 Docs: 4083 Families: 1478 Details

Add selected Add all Export results

Grouped by: Ordered by Score Toggle visible columns

Showing 1 to 50 of 9,846 entries

クエリー配列毎にScoreの高い順に表示

☐	QUERY	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	QUERY % ID	ALIGN % ID	QUERY COVERAGE	DOCUMENTS
☐	Q2	SBNN003Z6O2A	Nucleic acid	Not provided; Penicillium roqueforti	29939	60	100.00%	100.00%	100.00%	2
☐	Q2	SBNN003YB8QA	RNA	Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2; COVID-19; Synthetic	23	60	100.00%	100.00%	100.00%	1
☐	Q2	SBNN003XN6JC	DNA	Artificial Sequence; Mus sp	4525	60	100.00%	100.00%	100.00%	2

Grouped by:

Ordered by Score
Sequence Key
Document
INPADOC Family
DWPI Family

Showing 1 to 50 of 3,045 entries

ヒット配列単位でScoreの高い順に表示

☐	QUERIES LIST	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	ALIGN % ID	QUERY COVERAGE	DOCUMENTS	FAMILIES	QUERIES	EXPAND ALL	EXPAND ALL
☐	Q1 Q2 Q3	SBNP000Z08XN	Protein	Artificial Sequence; Not provided	712	1597	100.00%	100.00%	2	2	3	Documents	Alignment
☐	Q1 Q2 Q3	SBNP000YNY3I	Protein	Artificial Sequence; Not provided	488	1597	100.00%	100.00%	2	1	3	Documents	Alignment
☐	Q1 Q2 Q3	SBNP000YNY2N	Protein	Artificial Sequence; Not provided	300	1597	100.00%	100.00%	2	1	3	Documents	Alignment



MSS検索後のFiltering：必須の配列、ヒット配列数で絞り込み

- ◆ 必須の配列を含むものだけに絞り込むことができます。

例：3つのクエリー配列で検索した際、クエリー1と3を含む配列に絞り込む。

The screenshot shows the 'Filters' section of the MSS search results. The filter is set to 'Mandatory Query' with the operator 'Equals' and '2 items selected'. A dropdown menu is open, showing a list of MSS entries with checkboxes. The entries are 'Q1 MSS', 'Q2 MSS', and 'Q3 MSS'. 'Q1 MSS' and 'Q3 MSS' are checked, while 'Q2 MSS' is not. The interface includes buttons for 'Add filter', 'Add', 'Remove', 'Apply', 'Save filter parameters', 'Add selected', 'Add all', and 'Download'. There are also links for 'Show available filters' and 'Reset'.

Filter	Operator	Value	Items Selected
Mandatory Query	Equals	2 items selected	2

Item	Selected
Q1 MSS	✓
Q2 MSS	
Q3 MSS	✓

Showing 151 to 200 of 882 entries

- ◆ 特許一件当たりのヒットクエリー配列数で絞り込むことができます。

例：3つのクエリー配列で検索した際、少なくとも2つの配列が記載された特許に絞り込む。

The screenshot shows the 'Filters' section of the MSS search results. The filter is set to 'Queries per document' with the operator 'Greater than or equal to' and the value '2'. The interface includes buttons for 'Add filter', 'Add', 'Remove', 'Apply', and 'Save filter parameters'. There are also links for 'Show available filters' and 'Reset'.

Filter	Operator	Value
Queries per document	Greater than or equal to	2

MSS検索後のFiltering :

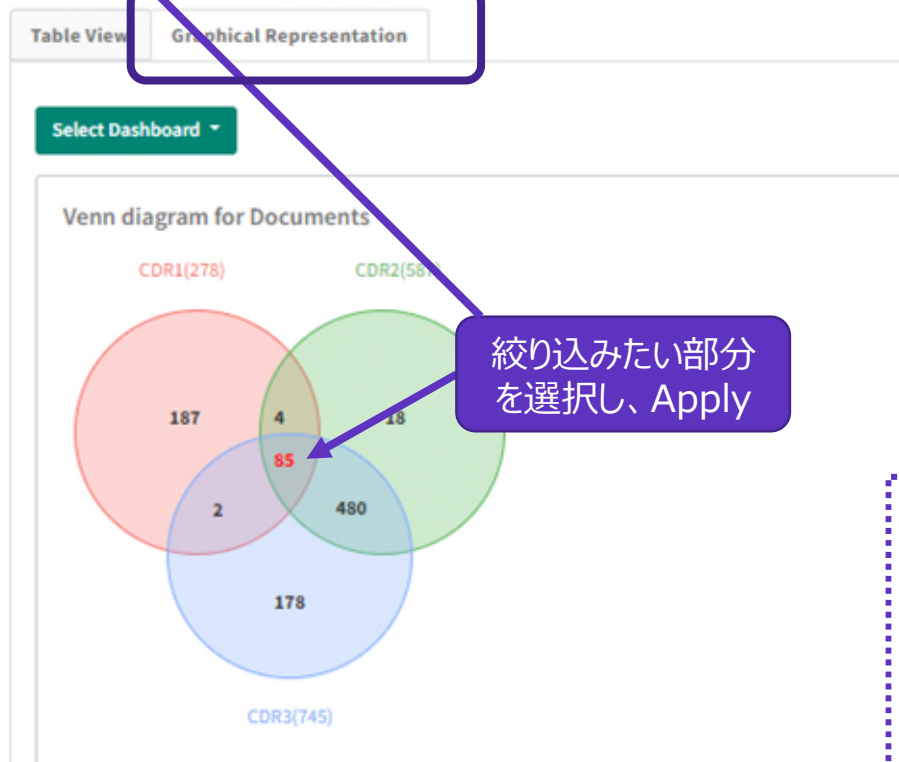
ベン図を利用して複数クエリーでヒットした配列（重なり部分）に絞り込み

▼Filters Show available filters Reset

Add filter CDR matching documents Add or Select saved filter

CDR matching documents: Equals CDR1 ∩ CDR2 ∩ CDR3 Remove

Apply Save filter parameters

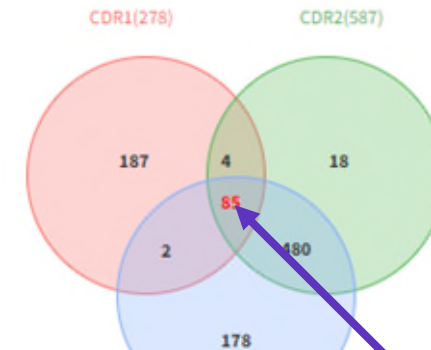


絞り込みたい部分
を選択し、Apply

Select Dashboard ▼

- CDR Matching Venn Diagram for Documents
- CDR Matching Venn Diagram for Sequences
- Documents matching all CDRs
- Sequences and Documents Pie Charts

Venn diagram for Documents



ドキュメントの重なり具合

Documents matching all CDRs



ドキュメントが重なる部分

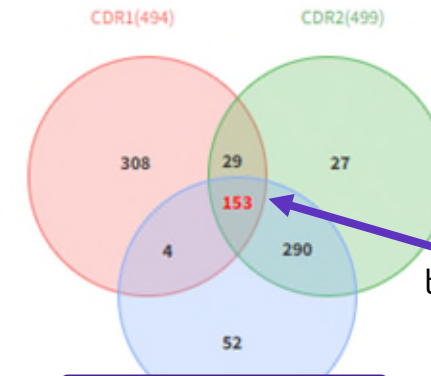
特許A

特許B

クエリー配列

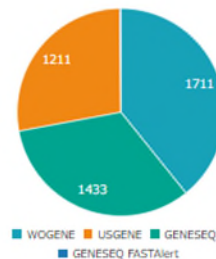
ヒットした配列

Venn diagram for Sequences

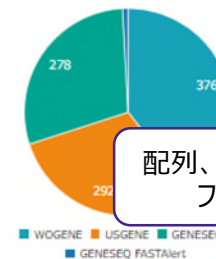


配列の重なり具合

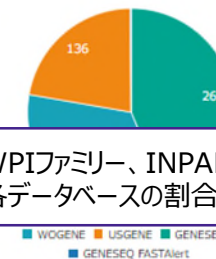
Sequences



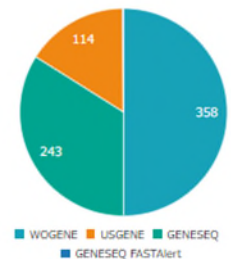
Documents



DWPI Families



INPADOC Families



配列、ドキュメント、DWPIファミリー、INPADOC
ファミリーについて各データベースの割合

検索例 5 – MOTIF（配列内の特定残基のオプション指定）でバリエーションの検索

Summary Search Evaluate Documents Reports

Search for protein motifs against the protein datab

BLAST ▾ Smith-Waterman ▾ MOTIF

New search name: Example5

Query

Enter MOTIF query [select previously used](#)

SAIS[LVQ]EP

Target Sequence Length Min:

検索結果は配列の長さ順（短い配列から長い配列へ）に表示されます。

演算子	利用目的	クエリー例	検索結果
[]	残基の選択	SAIS[LVQ]EP	SAISQEP SAISVEP SAISLEP
[-] or [~]	1つ以上の残基を除外	SAIS[-]EP	SAISVEP SAISEEP
^	配列の初めか終わりで検索	^ATGCGK DATGC^ ^ATGCGK^	ATGCGKTTI EDEL DATGC ATGCGK
.	ギャップがある配列	RPVQ.RI	RPVQARI RPVQGRI
	残基の選択	SSLS NAIS A(SSLS NAIS)G	NAIS ASSLSG
?	繰り返し残基が0または1回	NSK(VV)?	NSK NSKVV
+	繰り返し残基が1回以上	NSK(VV)+	NSKVV NSKVVVV
*	繰り返し残基が0回以上	NSK(VV)*	NSK NSKVV NSKVVVV
{x}	X回繰り返し	AT(GC){2}	ATGCGC
{x1,x2,x3}	1回または2回または3回繰り返し	AT(GC){1,3,4}	ATGCGCGC
{x1-x2}	1回から2回繰り返し	AT(GC){3-5}	ATGCGCGCGC
&	複数の配列をジョイント	RSVK&KPLS&KFK	RSVK...KPLS... KFK

アミノ酸置換の種類の幅を考慮したMOTIF検索（ワイルドカード）

◆ アミノ酸置換の種類の幅を考慮してMOTIF検索することができます。また置換位置は好きな色に設定できます。

BLAST ▾Smith-Waterman ▾MOTIF Protein ▾MSS ▾Keyword ▾BESTSeq® ▾

New search name: Rerun Untitled Search

Templates ▾

Query

Clear

Enter MOTIF query [upload from file](#), [select previously used](#)

X1HX2TLX2X2X2X2QX2X2DE

例：X1HX2TLX2X2X2X2QX2X2DE

Query length: 0

Database: [Select all](#) | [Clear all](#)

☒ GENESSEQ, a Clarivate Analytics brand

☒ USGENE®

☒ WOGENE

☐ GenBank®

☐ Exclude mega published applications (10,000 or more sequences)

Exclude folder documents:

Select Folder ▾

Target Sequence Length Min:

▼Amino acid substitutions

X1

3 items selected

▾

+

X2

20 items selected

▾

+

Add new substitution

例 X1 : W / Y / T
X2 : すべてのアミノ酸

Select All

Deselect All

Sulphur-containing

Cysteine C

Methionine M

Aromatic

Phenylalanine F

Tryptophan W ✓

Tyrosine Y ✓

Hydroxylic

Serine S

Threonine T ✓

3 items selected

50

参考：配列クエリを登録して新規配列をモニタリング（Monitor機能）

Monitorメール

NT

Namba, Takeshi

Namba, Takeshi

FW: [SequenceBase] There are new results of 1 previously created search

Dear SequenceBase searcher,

This message is to inform you that there are new results of previously created searches.

One search from project 20190326 test was updated:

Blast 2a

Search **Blast 2a** was updated once since August 04, 2019 08:01

New Sequences: +21; Redundant sequences: +1199; Documents: +485; Families: +220;

[View results](#)

Kind regards,
Technical Support
SequenceBase Corporation
www.sequencebase.com

最新結果閲覧リンク

Blast 2a

BLASTP

Show search parameters

Select another search

Update results

Rerun

Since April 21, 2019 08:00 search results were updated 18 times

Show new results

Mark all as viewed

Filters

Add selected

Add all

Download

全てのヒット配列

Showing 1 to 50 of 398 entries

	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	QUERY % ID	ALIGN % ID	POSITIVES %	QUERY COVERAGE	E VALUE	DOCUMENTS	NEW	FAMILIES	EXPAND ALL	EXPAND ALL
☐	SBNP000FY4AU	protein	Unidentified	323	437	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	1.14e-152	1	n/a	1	Documents	Alignment

新規ヒット配列

	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	SCORE	QUERY % ID	ALIGN % ID	POSITIVES %	QUERY COVERAGE	E VALUE	DOCUMENTS	NEW	FAMILIES	EXPAND ALL	EXPAND ALL
☐	SBNP000JH4W9	Protein	Artificial Sequence; synthetic construct	214	436	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	3.37e-154	2	2	2	Documents	Alignment
☐	SBNP000OIVDW	protein	Mus sp	214	421	96.73%	96.73%	97.20%	100.00%	5.82e-148	1	1	1	Documents	Alignment
☐	SBNP000N2Z79	Protein	Artificial Sequence	214	421	98.12%	98.12%	98.12%	99.00%	3.52e-148	1	1	1	Documents	Alignment
☐	SBNP000M970S	Other Protein	synthetic construct	214	416	94.86%	94.86%	97.20%	100.00%	3.15e-146	1	1	1	Documents	Alignment
☐	SBNP0002XJAE	Protein	Artificial Sequence	234	414	95.33%	95.33%	96.73%	100.00%	2.48e-145	1	1	1	Documents	Alignment

新規ヒット分だけ参照可

クリック

Seqs: 399

21

Redundant: 6572

1199

Docs: 3433

485

Families: 1544

220

Details

Display mode: basic

Toggle visible columns

サマリー：SequenceBaseができること

- 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。
- 侵害予防（FTO）調査
 - ✓ GENESEQに収録された見つけ難い配列、およびUSGENEの米国公開・登録、WOGENEの最新情報など含むグローバルな特許収録は重要な特許を見逃すリスクを軽減します。
- 特許の先行技術を評価する
 - ✓ 世界中の主要な特許庁の審査官は、特許先行技術調査でGENESEQを頼りにしています。
 - ✓ グローバルな特許の配列に加えて、非特許文献（GenBank）のパブリックな配列を検索により徹底した特許性検索を可能にします。

Appendix

検索

キーワードのAND/OR/NOT検索

◆ キーワード検索でAND/OR/NOTの演算子が使えます。複数の条件を自由に組み合わせることで検索できます。AND/OR/NOTは大文字で入力します。

Search for text against patent and sequence databases

BLAST ▾ Smith-Waterman ▾ MOTIF ▾ MSS ▾ Keyword ▾ BEST ▾

New search name:

Templates ▾

Enter search terms

AND OR NOT

All Text ▾

AND OR NOT

All Text ▾

AND OR NOT

All Text ▾

Database:

Select all | Clear all

☒ ▶ GENESEQ, a Clarivate Analytics brand

☒ ▶ USGENE®

☒ ▶ WOGENE

☐ ▶ GenBank®

Sequences type:

Both ▾

Search

BLAST ▾ Smith-Waterman ▾ MOTIF ▾ MSS ▾ Keyword ▾ BESTSeq® ▾

New search name:

Templates ▾

Enter search terms

All Text ▾

+ -

AND OR NOT

Title ▾

+ -

ALL=((string1 OR (string2 AND string3)) AND string4) OR TI=((string1 OR string2 OR string4) AND (NOT string3 AND NOT string5))

Enter search terms

Assignee ▾

+ -

AND OR NOT

Assignee ▾

+ -

AND OR NOT

Assignee ▾

+ -

PA=(MONSANTO TECHNOLOGY) OR PA=(Novartis) OR PA=(SAMSUNG)



56

キーワードのワイルドカード

- ◆ アスタリスク * で0個以上の任意の文字列
- *マークは0個以上の任意の文字列を表します。*は単語内にも使用できます。

Enter search terms

Publication terms ?

Title

inhibitor*

	DB	DOCUMENT	TITLE	PRIORITY	
☐					
☐	GENESEQ	WO2023028238	New 1,3-thiazole compounds are eukaryotic initiation factor 4E inhibitors used to treat e.g. cancer comprising breast cancer, colorectal cancer, lung cancer, glioblastoma, sarcomas, melanoma, or lymphomas, and viral infection.	Aug 25, 2021	
☐	GENESEQ	WO2022217026	Treating cancer such as small cell lung cancer, and urothelial cancer, involves administering anti-T-cell immunoglobulin and immunoreceptor tyrosine-based inhibitory motif domain (TIGIT) antibody, and anti-programmed cell death-1 (PD-1) antibody or anti-programmed cell death ligand1 (PD-L1) antibody.	Apr 9, 2021	

- ◆ クエスチョンマーク ?で任意の 1 文字
- ?マークは任意の 1 文字を表します。特定の文字数を指定する場合は必要数の ?を入力します。??で任意の2文字を表します。?は単語内にも使用できます。

MOTIF検索：アミノ酸置換の種類の幅を考慮

◆ アミノ酸置換の種類の幅を考慮してMOTIF検索することができます。また置換位置は好きな色に設定できます。

BLAST ▾Smith-Waterman ▾MOTIF Protein ▾MSS ▾Keyword ▾BESTSeq® ▾

New search name: Rerun Untitled Search

Templates ▾

Query

Clear

Enter MOTIF query [upload from file](#), [select previously used](#)

X1HX2TLX2X2X2X2QX2X2DE

例：X1HX2TLX2X2X2X2QX2X2DE

Query length: 0

Database: [Select all](#) | [Clear all](#)

☒ GENESQ, a Clarivate Analytics brand

☒ USGENE®

☒ WOGENE

☐ GenBank®

☐ Exclude mega published applications (10,000 or more sequences)

Exclude folder documents:

Select Folder ▾

Target Sequence Length Min:

▼Amino acid substitutions

X1

3 items selected

▾

+

X2

20 items selected

▾

+

Add new substitution

例 X1：W / Y / T
X2：すべてのアミノ酸

Select All

Deselect All

Sulphur-containing

Cysteine C

Methionine M

Aromatic

Phenylalanine F

Tryptophan W ✓

Tyrosine Y ✓

Hydroxylic

Serine S

Threonine T ✓

3 items selected

58

MOTIF検索：アミノ酸置換の種類の幅を考慮

◆ 置換位置はハイライトされます。

Showing 1 to 18 of 18 entries

☐	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	DOCUM
☐	SBNP0004EAU9	Protein	Dictyostelium discoideum	99	7
Identical Sequence Appears in 7 documents (6 Applications + 1 Patent + 0 Unknown).					
ALIGNMENT LENGTH		ALIGNMENT			
14		Sbjct: 45 YHATL YQNQ LDE 58		Sbjct: 58 ED FQNOYLT QHY 45	
☐	SBNP0002PHQ6	Protein	Brassica napus	103	9
Identical Sequence Appears in 9 documents (7 Applications + 2 Patents + 0 Unknown).					
ALIGNMENT LENGTH		ALIGNMENT			
14		Sbjct: 78 YHATL QHVQ QDS DE 91		Sbjct: 91 ED SQQVHQ LTHY 78	
☐	SBNP0002PI1A	Protein	Brassica napus	114	9
Identical Sequence Appears in 9 documents (7 Applications + 2 Patents + 0 Unknown).					
ALIGNMENT LENGTH		ALIGNMENT			
14		Sbjct: 78 YHATL QHVQ QDS DE 91		Sbjct: 91 ED SQQVHQ LTHY 78	

MOTIF検索：パラメータにランダム mismatchesを追加

- ◆ クエリー内の mismatches をランダムで最大 4 つまで許容できるようになりました。これにより、 mismatches の位置を事前に指定せずに検索できるようになります。

BLAST ▾ Smith-Waterman ▾ **MOTIF Protein ▾** MSS

New search name: Motif [Templates ▾](#)

Query

Enter MOTIF query [upload from file](#), [select previously used](#)

SAISLEP

▼ Algorithm parameters

Max target sequences: 250

Maximum mismatches: **Off**

Off
0
1
2
3
4

▶ Additional search options ?

Search

☐	ALIGNMENT	SEQUENCE KEY	MOLECULE TYPE	ORGANISM	LENGTH	ALIGN % ID	QUERY % ID
☐		SBNP000Y7QJB	Protein	Alphaproteobacteria bacterium; Not provided	480	100.00%	100.00%
Identical Sequence Appears in 3 documents (3 Applications + 0 Pa							
ALIGNMENT LENGTH		ALIGNMENT					REVERSE AL
7		Sbjct: 348 SAISLEP 354					Sbjct:

mismatches なしの配列がヒット

☐		SBNP000029G5	protein	Enterococcus faecalis; Enterococcus faecalis; strain 14336	346	85.71%	85.71%
Identical Sequence Appears in 4 documents (2 Applications + 2 Pa							
ALIGNMENT LENGTH		ALIGNMENT					REVERSE AL
7		Sbjct: 229 SAISLEP 235					Sbjct:

mismatches 一つの配列もヒット

クエリー配列の入力：張り付けた配列から数字を自動的に削除

- ◆ クエリーの配列に数字が含まれている場合、それらを削除できます。

The image shows a screenshot of the NCBI BLAST search interface. At the top, there are tabs for different search methods: BLAST, Smith-Waterman Protein, MOTIF, MSS, Keyword, and BESTSeq. Below these is a field for 'New search name:' and a 'Templates' button. The main section is titled 'Query' and contains a text area for entering sequence(s). A callout box with a purple border and a speech bubble pointing to the 'Delete Illegal Characters' button contains the text 'クリック' (Click). A large blue arrow points from the top 'Query' section to the bottom 'Query' section, indicating a transition or action. The bottom 'Query' section shows the same sequence input, but with the numbers removed, demonstrating the automatic deletion of digits.

BLAST ▾ Smith-Waterman Protein ▾ MOTIF ▾ MSS ▾ Keyword BESTSeq® ▾

New search name: Templates ▾

Query

Enter sequence(s) **upload from file, select previously used** or **choose from Project Folders**

1 metpaqlfl lllwlpdtg diqmtqspss lsaslgervs ltrcasqdig
51 gnlywlqagp dgtikriya tssldsgvpk rfsgsrsgd ysltissles
101 edfvdyyclq yssspwtfgg gtleikrtv aapsvfifpp sdeqlksgta
151 svvcllnfy preakvqkv dnalqsgnsq esvteqdsd styslsstlt
201 lskadyekhk vyacevthqg lsspvtksfm rgec

Query length: 0/10000

Delete Illegal Characters

クリック

Query

Enter sequence(s) **upload from file, select previously used** or **choose from Project Folders**

metpaqlfl lllwlpdtg diqmtqspss lsaslgervs ltrcasqdig
gnlywlqagp dgtikriya tssldsgvpk rfsgsrsgd ysltissles
edfvdyyclq yssspwtfgg gtleikrtv aapsvfifpp sdeqlksgta
svvcllnfy preakvqkv dnalqsgnsq esvteqdsd styslsstlt
lskadyekhk vyacevthqg lsspvtksfm rgec

Query length: 0/10000

Max Target Sequencesの上限を20000へ増加

- ◆ BLAST、Smith-Waterman、MOTIF、BestseqのMax Target Sequencesは20000件まで

▼Algorithm parameters

General Parameters

Max target sequences: 250

Alignment identities percent threshold: 10

Query coverage threshold: 25

Scoring Parameters

Matrix: 50

Minimum score: 75

Cost to open a gap: 100

Cost to extend a gap: 150

20000

- ◆ MSSのMax Target Sequencesは各クエリー配列ごとに10000件まで

▼Algorithm parameters

General Parameters

Max Target Sequences (per query sequence): 1000

Alignment identities percent threshold: 10

Query coverage threshold: 25

Scoring Parameters

Matrix: 50

Minimum score: 75

Cost to open a gap: 10000

11

Antibody (CDR) search(Beta)をリリース

◆ SequenceBase の新しい CDR 検索

Antibody (CDR) search(ベータ版)で関連性の高い抗体を見つけください。癌、遺伝性疾患、自己免疫疾患などの幅広い疾患を治療するための新しい治療用抗体の拡大に伴い、特定の抗体を取り巻く特許状況を理解することは、初期段階の医薬品開発において重要な役割を果たします。すべての SequenceBase ユーザーが新しい CDR (相補性決定領域) 検索ベータ版をご利用頂けます。

検索アルゴリズムはMOTIF検索と同様です。

BLAST ▾ Smith-Waterman ▾ MOTIF ▾ MSS ▾ Antibody proteins^{beta} ▾ Keyword ▾ BESTSeq® ▾

New search name: CDR Template Feedback Clean

Antibody Protein Search

Heavy chain of CDR

LCDR1: RASQGIRNYLA Exact match ▾

LCDR2: AASTLQS Exact match ▾

LCDR3: HHYHRAPYT Exact match ▾

Light chain of CDR

Heavy Chain: 80% identity ▾

Light Chain: 80% identity ▾

EVQLVESGGGLVQPGRSRLRLSCAASGFTFDDYAMHWVRQAPGKLEWVSAITWNS
GHIDYADSVGRFTISRDNKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKUSVSTASSLDY
WGQGLTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAAAGC
ALTSQVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYI
PKSCDKTHTCPPCPAPELLG

DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRASQGIRNYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASLTQ
SCURPSFSGSGSGTDFTLTISLQPEDVATYYCHHYHRAPYTFGQGTKVEIKRTV
ELLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTE
IEKHKVYACEVTHQGLSPVTKSFNRGEC

Databases: GENESEQ GENESEQ FASTAlert USGENE Patents USGENE Applications WOGENE

Search

Mismatchの設定可

Exact match ▾
Exact match
1 mismatch
2 mismatches
3 mismatches
4 mismatches

ヒットする配列を可変領域の配列などの同一性で限定することも可能です

フィードバックのご協力をお願い

Antibody (CDR) searchベータ版は皆様のご評価・ご意見を伺って改良いたします。是非、忌憚のないご意見をお寄せください。

検索結果

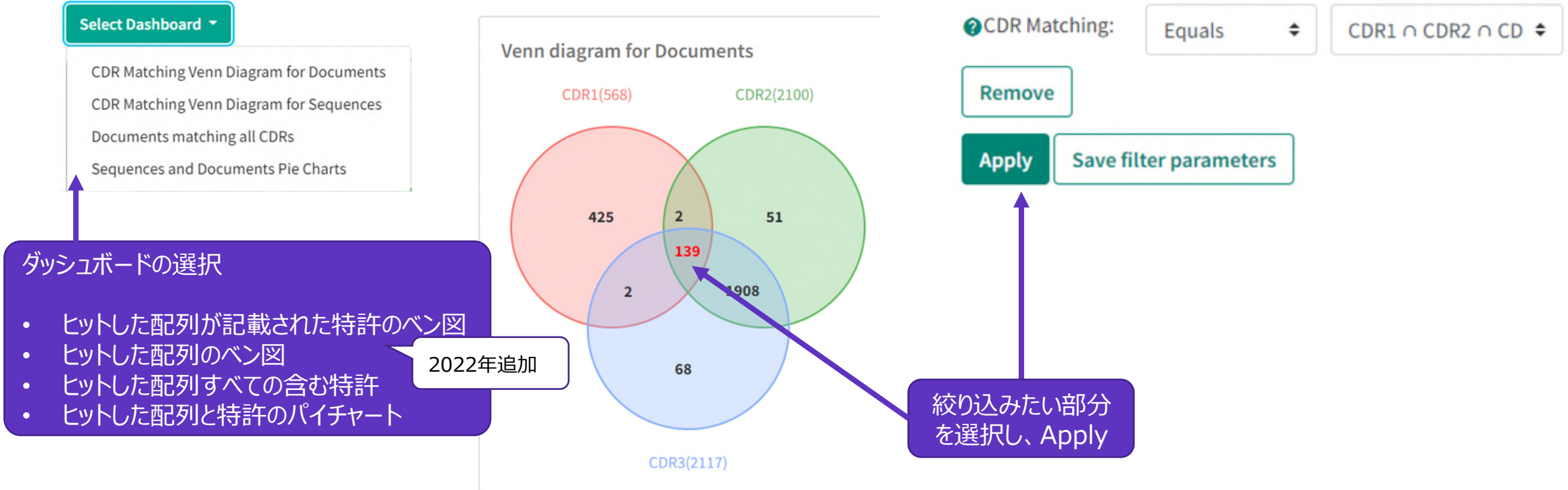
バイオ配列特許に関連するDrug nameとシノニムを表示

- ◆ バイオ配列特許に関連するDrug nameとSynonymを表示します。Drug nameとSynonymはCortellis Competitive Intelligence (CCI) およびCortellis Drug Discovery Intelligence (CDDI) から提供されています。Cortellisのサブスクリプションを持つSequenceBaseユーザーの方はSequenceBaseに表示されているDrug nameから直接Cortellis Drug reportにアクセスすることもできます。

☐	DB	DOCUMENT	PRIORITY	PUBLISHED	SCORE	ALIGN % ID	QUERY % ID	SUBJECT % ID	QUERY COVERAGE	SUBJECT COVERAGE	POSITIVES %	SEQ	HIT SEQ 	EXTERNAL LINKS						
☐	GENESEQ	WO2023018677	Aug 10, 2021	Drug List - WO2023018675 A1 							100%	303	1	Derwent Innovation; Cortellis Drug Discovery Intelligence						
☐	GENESEQ	WO2023018675	Aug 10, 2021	<table><tr><th>DRUG NAME</th><th>SYNONYMS</th></tr><tr><td>lenvatinib mesylate</td><td>lenvatinib mesylate, E-7080, ER-203492-00, MK-7902, Kispilix, Lenvima</td></tr><tr><td>pembrolizumab</td><td>lambrolizumab, pembrolizumab, MK-3475, SCH-900475, h409A11, Keytruda</td></tr></table>							DRUG NAME	SYNONYMS	lenvatinib mesylate	lenvatinib mesylate, E-7080, ER-203492-00, MK-7902, Kispilix, Lenvima	pembrolizumab	lambrolizumab, pembrolizumab, MK-3475, SCH-900475, h409A11, Keytruda	100%	303	1	Derwent Innovation; Cortellis Drug Discovery Intelligence
DRUG NAME	SYNONYMS																			
lenvatinib mesylate	lenvatinib mesylate, E-7080, ER-203492-00, MK-7902, Kispilix, Lenvima																			
pembrolizumab	lambrolizumab, pembrolizumab, MK-3475, SCH-900475, h409A11, Keytruda																			
☐	GENESEQ	WO2023011654	Aug 6, 2021	Cortellis Drug Discovery Intelligenceへアクセス (要契約)							100%	20	1	Derwent Innovation; Cortellis Drug Discovery Intelligence						
☐	GENESEQ	US20230037639	Jul 10, 2018	Powered by Cortellis Drug Discovery Intelligence							100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	312	1	Derwent Innovation; Cortellis Drug Discovery Intelligence			
☐	GENESEQ	WO2023010032	Jul 28, 2021	Feb 2, 2023	534	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	360	10	Derwent Innovation; Cortellis Competitive Intelligence						
☐	GENESEQ	WO2023009716	Jul 28, 2021	Drug List - WO2023009434 A1 							100%	234	1	Derwent Innovation; Cortellis Competitive Intelligence; Cortellis Drug Discovery Intelligence						
☐	GENESEQ	WO2023009434	Jul 28, 2021	<table><tr><th>DRUG NAME</th><th>SYNONYMS</th></tr><tr><td>anti-ILT3 antibodies</td><td>LILRB4 targeting antibody (cancer), Merck; anti-ILT3 mAb (cancer), Merck</td></tr><tr><td>pembrolizumab</td><td>Keytruda; MK-3475; PD-1 checkpoint inhibitor (cancer), Merck & Co; SCH-900475; lambrolizumab; lambrolizumab, Merck; pnenborlizumab</td></tr></table>							DRUG NAME	SYNONYMS	anti-ILT3 antibodies	LILRB4 targeting antibody (cancer), Merck; anti-ILT3 mAb (cancer), Merck	pembrolizumab	Keytruda; MK-3475; PD-1 checkpoint inhibitor (cancer), Merck & Co; SCH-900475; lambrolizumab; lambrolizumab, Merck; pnenborlizumab	100%	249	1	Derwent Innovation; Cortellis Competitive Intelligence; Cortellis Drug Discovery Intelligence
DRUG NAME	SYNONYMS																			
anti-ILT3 antibodies	LILRB4 targeting antibody (cancer), Merck; anti-ILT3 mAb (cancer), Merck																			
pembrolizumab	Keytruda; MK-3475; PD-1 checkpoint inhibitor (cancer), Merck & Co; SCH-900475; lambrolizumab; lambrolizumab, Merck; pnenborlizumab																			
☐	GENESEQ	WO2023004368	Jul 21, 2021	Cortellis Competitive Intelligenceへアクセス (要契約)							100%	963	1	Derwent Innovation; Cortellis Competitive Intelligence						
☐	GENESEQ	WO2023004074	Jul 22, 2021	Powered by Cortellis Competitive Intelligence							100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	246	1	Derwent Innovation; Cortellis Competitive Intelligence			

MSS検索後のFiltering :

ベン図を利用して複数クエリーでヒットした配列（重なり部分）に絞り込み



Agro PFA abstractを持つレコードについてExternal linkに明示

☐	DB	DOCUMENT	PRIORITY	PUBLISHED	SEQ	HIT SEQ ?	EXTERNAL LINKS	ACTIONS	EXPAND ALL
☐	GENESEQ	US20200080101	Sep 12, 2018	Mar 12, 2020	26	1	Derwent Innovation; Agro PFA	More	
☐	USGENE	US20200080101	Sep 12, 2018	Mar 12, 2020	25	1	Derwent Innovation; Agro PFA	More	
☐	GENESEQ	WO2020010428	Jul 13, 2018	Jan 16, 2020	94	1	Derwent Innovation; Agro PFA	More	
☐	WOGENE	WO2020010428	Jan 16, 2020	Jan 16, 2020	94	1	Derwent Innovation; Agro PFA	More	

Agro PFA(Patent Fast Alerts)は植物のバイオ配列特許にフォーカスした抄録で、アクション（バイオテクニク）、ターゲット（生物/細胞）などについて、専門家チームによって作成された情報です。

Agro PFA - [US20200080101 A1](#)

Action: Protein biosynthesis modulator

Target: Maize

Technology: Gene; Peptide; Transformation; Transgenic plant

Agro Novelty: A method of producing a protective response to Porcine Epidemic Diarrhea Virus (PEDV) in an animal is claimed, comprising orally administering a composition comprising plant or plant product comprising the Spike (S1) protein of PEDV. A vaccine comprising the plant-produced polypeptide of the S1 protein, the vaccine comprising the plant or plant product are also claimed. A method of expressing the polypeptide of S1 protein of PEDV by introducing into a plant the construct comprising a promoter preferentially directing expression to seed tissue of the plant, a nucleic acid molecule encoding the S1 polypeptide of PEDV, a nucleic acid molecule targeting expression of the polypeptide in the endoplasmic reticulum and expressing said S1 polypeptide in said plant at levels of at least 1 mg/kg of seed of said plant are finally claimed.

Agro Biology: Maize transformation using *Agrobacterium* strain containing the vector pSB1 by a triparental mating procedure¹⁸ was done. Plants from events selected on bialaphos were grown to maturity in the greenhouse and pollinated with Hill to produce T1 generation seed. Constructs coding for the PEDV S protein S1 subunit labeled PDA, PDB, PDC, PDD, PDK AND PDM were prepared and transformed into maize to produce the subunit vaccine for administration to pigs in order to treat PEDV. Three constructs, PDC, PDK, and PDM, showed the highest levels of expression of PEDV S1 (>20 ug/g seed), based on Western blot analysis of single seeds, indicating high levels of expression of a recalcitrant antigen, PEDV spike protein, in transgenic maize (examples 2 and 3, pages 13-17). Pigs fed the transformed maize showed a statistically significant increase in serum neutralizing antibodies (animal study, page 17). Sequences are provided in the source document.

Powered by Agro Pfa

レコード表示

植物分野のバイオ配列特許に特化した情報（Agro Patent Fast Alert）の収録

バイオ配列研究をより効率的にするために強化されました。

- 植物のバイオ配列特許にAgro Patent Fast Alerts (PFAs)を表示
- Agro Patent Fast Alertsは植物分野の専門家チームによって作成された非常に価値のある情報です。アクション（バイオテクニク）、ターゲット（生物/細胞）、新規性、優位性などについて、対象分野の専門家チームによって作成された非常に価値のある情報を提供します。

DWPI Accession Number	WPI 2010-Q35940/01
Sequence number	First << AYM90983 >> Last
Sequence key	First << SBN000UAZ4G >> Last
Sequence description	Zea mays phosphoenolpyruvate carboxykinase (PEPC) promoter, SEQ ID 1.
Keywords	PEPC gene; Phosphoenolpyruvate carboxykinase; ds; gene expression; plant; promoter
Sequence location	Example 1; SEQ ID NO 1; 80pp; English.
DWPI Enhanced Title	Transiently expressing nucleotide sequence in monocot plant involves agro-infiltration of expression cassette comprises nucleotide sequence linked to promoter; and transiently express the nucleotide sequence in the plant part.

Agro PFA	Action:	Gene expression control
	Target:	Barley; Maize; Millet; Oat; Rice; Sorghum; Sugarcane; Wheat
	Technology:	Transgenic plant
	Agro Novelty:	A method of transiently expressing a nucleotide sequence in a plant part of a monocot in planta comprising (a) agro-infiltration of an expression cassette comprising at least one nucleotide sequence operably linked to a promoter into the plant part of the monocot plant in planta, where the plant part is young plant leaf tissue, and (b) transiently expressing the nucleotide sequence in the plant part is claimed. The monocot plant is also claimed to be selected from maize, wheat, sorghum, barley, millet, oat, sugarcane, and rice. A method of creating a gene expression predictive model that qualitatively or quantitatively predicts relative performance of at least one gene in stable transgenic plant lines is further claimed. The quantitative data are additionally claimed to consist of measuring protein expression levels, insect bioassays, ELISA analysis, PCR analysis, Northern blot, Southern blot, or Western blot.
	Agro Biology:	A method for the rapid transient analysis of the downregulation of a maize R1 gene was carried out using binary constructs 17305, 17308, and 18286. The results showed that all RNAi constructs were successful in downregulation of the R1, when compared to wild-type (uninfiltrated) tissue (example 6, pages 70 and 71, table 8). Sequence data are presented.

Powered by Agro Pfa

新しいレコード表示

- ◆ 特許情報と配列情報を一つのウィンドウ内で一体化
- ◆ 他の配列データを効率的に参照可能に

PDF WO2022216898 A1
Published: 2022-10-13 Total Document Sequences: 32 GENESEQ

Bibliography Abstract Claims Sequences

特許情報 (Bibliography, Abstract, Claims) と配列情報 (Sequences) を1つのウィンドウ内で切り替え

Bibliography

DWPI Enhanced Title

Treating subject having cancer characterized by mutated mitogen-activated protein kinase (MAPK) signaling pathway e.g. melanoma by administering therapy comprising RAF inhibitor and programmed cell death-1 axis inhibitor to subject.

DWPI Accession Number

WPI 2022-C89279/09

Assignee/Applicant

GENENTECH INC; HAN

Inventor(s)

Dela Cruz D; Malek S; S

Authority

WIPO

Publication in

WO2022216898 A1

Application information

APPLICATION NUMBER	APPLICATION DATE
WO2022-US23775	2022-04-07

Priority information

PRIORITY NUMBER	PRIORITY DATE
US2021-173207P	2021-04-09

Abstract

The present invention relates to a novel method for treating a subject having cancer. The subject having cancer characterized by mutated mitogen-activated protein kinase (MAPK) signaling pathway e.g., melanoma by administering a therapy comprising a RAF inhibitor and PD-1 axis inhibitor e.g., antibody to the subject. The cancer is chosen from melanoma, lung, breast, colorectal (CRC), bladder, gallbladder, neuroblastoma, gastrointestinal stromal tumor (GIST), prostate, glioblastoma, myeloid leukemia, multiple myeloma, thyroid, biliary, adenocarcinoma, choriocarcinoma, sarcoma, and combinations.

Claims

WHAT IS CLAIMED IS:

1. A method of treating a subject having cancer characterized by a mutated MAPK signaling pathway, the method comprising: (i) administering to said subject a therapy consisting essentially of (ii) a therapeutically effective amount of a RAF inhibitor and (iii) a therapeutically effective amount of a PD-1 axis inhibitor.
2. The method of claim 1, wherein the cancer is selected from melanoma, lung, breast, colorectal (CRC), bladder, gallbladder, neuroblastoma, gastrointestinal stromal tumor (GIST), prostate, glioblastoma, myeloid leukemia, multiple myeloma, thyroid, biliary, adenocarcinoma, choriocarcinoma, sarcoma, and combinations thereof.
3. The method of claim 2, wherein the cancer is selected from melanoma, neuroblastoma, GIST, CRC, sarcoma, gallbladder cancer, bladder cancer, and combinations thereof.
4. The method of any one of claims 1 to 3, wherein the cancer carries a RAF mutation.

Bibliography Abstract Claims Sequences

Total SEQs: 32 Hit SEQs: 1 Nucleotides: 0 Amino acids: 32

BLX37125

Sequence number
BLX37125

Sequence key
SBNP0003WDLO

Sequence description
Anti-PD-1 nivolumab antibody heavy chain, SEQ ID 1.

Keywords
CD279; PD-1 protein; SLEB2; antibody therapy; cancer; cell signaling; cytostatic; heavy antibody; nivolumab; therapeutic

Sequence location
Disclosure; SEQ ID NO 1; 75pp; English.

Molecule type
protein

配列情報 (Sequences) をクリックし、ヒット配列を表示

同一特許内の他の配列データへのリンクも表示

Total SEQs: 32		Hit SEQs: 1		Nucleotides: 0		Amino acids: 32	
BLX37125	BLX37126	BLX37127	BLX37128	BLX37129	BLX37130	BLX37131	BLX37132
BLX37133	BLX37134	BLX37135	BLX37136	BLX37137	BLX37138	BLX37139	BLX37140
BLX37141	BLX37142	BLX37143	BLX37144	BLX37145	BLX37146	BLX37147	BLX37148

植物のバイオ配列特許に、Plant biotechnologyに特化したAgro PFA(Patent Fast Alerts)を表示

- Agro PFA(Patent Fast Alerts)は、アクション（バイオテクニク）、ターゲット（生物/細胞）などについて、専門家チームによって作成された価値のある情報を提供します。


US20200080101 A1 [GENESEQ record](#)
 Published: 2020-03-12 Total Document Sequences: 25

USGENE®

[Bibliography](#)
[Description](#)
[Abstract](#)
[Claims](#)
[Agro Pfa](#)
[Sequences](#)

Agro PFA

Action:	Protein biosynthesis modulator	アクション、ターゲット、技術内容
Target:	Maize	
Technology:	Gene; Peptide; Transformation; Transgenic plant	
Agro Novelty:	A method of producing a protective response to Porcine Epidemic Diarrhea Virus (PEDV) in an animal is claimed, comprising orally administering a composition comprising plant or plant product comprising the Spike (S1) protein of PEDV. A vaccine comprising the plant-produced polypeptide of the S1 protein, the vaccine comprising the plant or plant product are also claimed. A method of expressing the polypeptide of S1 protein of PEDV by introducing into a plant the construct comprising a promoter preferentially directing expression to seed tissue of the plant, a nucleic acid molecule encoding the S1 polypeptide of PEDV, a nucleic acid molecule targeting expression of the polypeptide in the endoplasmic reticulum and expressing said S1 polypeptide in said plant at levels of at least 1 mg/kg of seed of said plant are finally claimed.	
Agro Biology:	Maize transformation using <i>Agrobacterium</i> strain containing the vector pSB1 by a triparental mating procedure¹⁸ was done. Plants from events selected on bialaphos were grown to maturity in the greenhouse and pollinated with Hill to produce T1 generation seed. Constructs coding for the PEDV S protein S1 subunit labeled PDA, PDB, PDC, PDD, PDK AND PDM were prepared and transformed into maize to produce the subunit vaccine for administration to pigs in order to treat PEDV. Three constructs, PDC, PDK, and PDM, showed the highest levels of expression of PEDV S1 (>20 ug/g seed), based on Western blot analysis of single seeds, indicating high levels of expression of a recalcitrant antigen, PEDV spike protein, in transgenic maize (examples 2 and 3, pages 13-17). Pigs fed the transformed maize showed a statistically significant increase in serum neutralizing antibodies (animal study, page 17). Sequences are provided in the source document.	

Powered by Agro Pfa

Abstract & Claims 内で配列データ表示（マウスオーバー）

- ◆ SEQ ID NOにカーソル合わせる（マウスオーバー）と配列データが表示され、FASTA形式でエクスポートも可能です。


US20200255528 A1 GENESEQ record
 Published: 2020-08-13 Total Document Sequences: 469

Bibliography Description **Abstract** Claims Family Sequences

The present disclosure provides antibodies and antigen-binding fragments thereof that specifically bind to human B7-H4 (and optionally cynomolgus monkey, mouse, or non-human primate) antibodies or antigen-binding fragments thereof. In a specific aspect, the antibodies or antigen-binding fragments thereof that specifically bind to human B7-H4 production, and/or deplete B7-H4 expressing cells via ADCC activity. The present disclosure also provides methods for treating disorders, such as cancer, by administering an antibody or antigen-binding fragment thereof that specifically binds to human B7-H4.

Claims

US20200255528 A1: 1. An isolated IgG antibody or antigen-binding fragment thereof that specifically binds to human B7-H4, comprising a heavy chain variable region (VH), a VH CDR3 and a light chain variable region (VL) CDR1, a VL CDR2, and a VL CDR3 wherein the VH CDR1, VH CDR2, VH CDR3, VL CDR1, VL CDR2, and VL CDR3 comprise amino acid sequences of: (a) **SEQ ID NOs:458-463**, respectively; (b) **SEQ ID NOs:5-10**, respectively; (c) **SEQ ID NOs:15-20**, respectively; (d) **SEQ ID NOs:25-30**, respectively; (e) **SEQ ID NOs:35-40**, respectively; (f) **SEQ ID NOs:45-50**, respectively; (g) **SEQ ID NOs:55-60**, respectively; (h) **SEQ ID NOs:65-70**, respectively; (i) **SEQ ID NOs:75-80**, respectively; (j) **SEQ ID NOs:85-90**, respectively; (k) **SEQ ID NOs:95-100**, respectively; (l) **SEQ ID NOs:105-110**, respectively; (m) **SEQ ID NOs:115-120**, respectively; (n) **SEQ ID NOs:125-130**, respectively; (o) **SEQ ID NOs:135-140**, respectively; (p) **SEQ ID NOs:145-150**, respectively; (q) **SEQ ID NOs:155-160**, respectively; (r) **SEQ ID NOs:165-170**, respectively; (s) **SEQ ID NOs:175-180**, respectively; (t) **SEQ ID NOs:185-190**, respectively; and (u) **SEQ ID NOs:195-200**, respectively.

2. A composition comprising the IgG antibody or antigen-binding fragment thereof of claim 1, wherein the IgG antibody or antigen-binding fragment thereof is conjugated to a solid support.

3. The composition of claim 2, wherein the IgG antibody or antigen-binding fragment thereof is conjugated to a solid support via a covalent bond.

4. The IgG antibody or antigen-binding fragment thereof of claim 1, wherein the IgG antibody or antigen-binding fragment thereof comprises a heavy chain variable region (VH) comprising the amino acid sequences of: (a) **SEQ ID NOs:151, 161, 171, 181, 191, or 201** and/or comprises a VL comprising the amino acid sequences of: (a) **SEQ ID NOs:151, 161, 171, 181, 191, or 201**.

5. An isolated IgG antibody or antigen-binding fragment thereof that specifically binds to human B7-H4, comprising a heavy chain variable region (VH) and a light chain variable region (VL) wherein the VH and VL comprise amino acid sequences of: (a) **SEQ ID NOs:464 and 42**, respectively; (b) **SEQ ID NOs:11 and 12**, respectively; (c) **SEQ ID NOs:21 and 22**, respectively; (d) **SEQ ID NOs:31 and 32**, respectively; (e) **SEQ ID NOs:41 and 42**, respectively; (f) **SEQ ID NOs:51 and 52**, respectively; (g) **SEQ ID NOs:61 and 62**, respectively; (h) **SEQ ID NOs:71 and 72**, respectively; (i) **SEQ ID NOs:81 and 82**, respectively; (j) **SEQ ID NOs:91 and 92**, respectively; (k) **SEQ ID NOs:101 and 102**, respectively; (l) **SEQ ID NOs:111 and 112**, respectively; (m) **SEQ ID NOs:121 and 122**, respectively; (n) **SEQ ID NOs:131 and 132**, respectively; (o) **SEQ ID NOs:141 and 142**, respectively; (p) **SEQ ID NOs:151 and 152**, respectively; (q) **SEQ ID NOs:161 and 162**, respectively; (r) **SEQ ID NOs:171 and 172**, respectively; (s) **SEQ ID NOs:181 and 182**, respectively; (t) **SEQ ID NOs:191 and 192**, respectively; and (u) **SEQ ID NOs:201 and 202**, respectively.

SEQ ID NO: 21




```

>USGENE|20200255528.21|Protein|sequence 21 from US20200255528
QLQLQESGPGPLVKPSETLSLTCTVSGGSIKSGSHYWGNIQPPGKLEWIGNIYYSGSTY
YNPSLRSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVVYCCAREGSYPNMFDPWGQTLTVTSS

```

FASTA形式でエクスポート

ファミリー情報の表示

◆ ファミリー情報を表示して、Derwent Innovationへジャンプし、各国の法的状況などを確認できます。

WO2017189959 A1
Published: 2017-11-02 Total Document Sequences: 17941

[Bibliography](#) [Abstract](#) [Claims](#) [Family](#) [Sequences](#)

4. The AAV particle of claim 3, wherein the promoter is selected from the group consisting of human elongation factor 1a-subunit (EF 1a), cytomegalovirus (CMV) immediate-early and its derivative CAG, β glucuronidase (GUSB), or ubiquitin C (UBC). Tissue-specific expression elements can be used to restrict expression to certain cell types such as, but not limited to, brain promoters, monocyte promoters, leukocyte promoters, macrophage promoters, pancreatic acinar cell promoters, endothelial cell promoters, lung tissue promoters, astrocyte promoters, or oligodendrocytes.

Family

[+ Expand INPADOC Family \(6\)](#)

[- Collapse DWPI Family \(6\)](#)

PUBLICATION NUMBER	PUBLICATION DATE
WO2017189959A1	2017-11-02
EP3448874A1	2019-03-06
US20190153471A1	2019-05-23
EP3448874A4	2020-04-22
US11326182B2	2022-05-10
US20220389449A1	2022-12-08

Derwent Innovation

特許レコード表示 - US11326182B2

新しいレコード表示

ワークファイルに追加 マークリストに追加 監視レコード ダウンロード 翻訳 ハイライト 印刷

レコード表示: オリジナルのレコード表示 - US11326182B2

ワークファイルに追加 マークリストに追加 監視レコード ダウンロード 翻訳 ハイライト 印刷

主要データ

特許	有効	公報発行日	2022-05-10
DWPI ファミリー	有効 詳細表示	有効期限	2037-04-28 (推定) 詳細を表示
INPADOC ファミリー	有効 詳細表示	残存期間	5038 日 (13 年, 9 か月)
オリジナルの譲受人	Voyager Therapeutics Inc., Cambridge, MA, US, V...		
技術分野での重要度	62.71		

移動先: 書誌事項 抄録 クラス/インデックス 法的状況 ファミリー 請求項 明細書 引用 その他 カスタムフィールド

法的状況

予測分析

予測タイプ	データ
登録の可能性	100.00
早期失効の可能性	67.60
失効後の回復の可能性	-

INPADOC 法的状況

公報日	コード	説明
2022-04-20	STCF	INFORMATION ON STATUS: PATENT GRANT PATENTED CASE
2022-03-28	STPP	INFORMATION ON STATUS: PATENT APPLICATION AND GRANTING PROCEDURE IN GENERAL PUBLICATIONS -- ISSUE FEE PAYMENT VERIFIED
2022-03-25	STPP	INFORMATION ON STATUS: PATENT APPLICATION AND GRANTING PROCEDURE IN GENERAL PUBLICATIONS -- ISSUE FEE PAYMENT RECEIVED

画像 1/4

図 1

AAV Particle

図 1

その他

検索する際、Search nameの入力が必須になりました

- ◆ 検索する際、search nameを入力して下さい。

Search a protein database using a protein query

BlastP ▾	Smith-Waterman ▾	MOTIF ▾	MSS (CDR) ▾	Keyword	BESTSeq® ▾
----------	------------------	---------	-------------	---------	------------

New search name: ❗ Templates ▾

Query

Please enter a name for this search and re-submit your request.

Enter sequence(s) [upload from file](#), [select previously used](#) or [choose from Project Folders](#)

```
DIQMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQGPDGTIKRLIYATSSLD SGVPKRFGSRSG  
VSSPPTFGAGTKLELKRADAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS  
KADYEEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
```



サービス全般に関するお問い合わせ

Tel: 03-4589-3101

〒107-6118 東京都港区赤坂5丁目2番20号
赤坂パークビル18階

カスタマーケア（ヘルプデスク）

Tel (フリーコール) : 0800-170-5577

Tel : 03-4589-3107

Email: ts.support.jp@clarivate.com

サービス時間：月～金（祝祭日を除く）
午前9時30分～午後5時30分