

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES PARA EL RADICADO N° 13 - 146307 - 00000 - 0000						
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA (anexar pantallazo o reporte en PDF, junto con los boleanos utilizados)						
Palabras clave utilizadas		Composición inmunogénica, vacunas, antígenos <i>Mycobacterium tuberculosis</i> , antígeno M72				
CLASIFICACIONES INTERNACIONALES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		A61K 39/04				
BASES DE DATOS CONSULTADAS.						
Patentscope		Google/patents				
NCBI						
Espacenet						
Lens						
INFORMES DE EXÁMENES REALIZADOS EN OTRAS OFICINAS (documentos patentes, literatura no patente etc...)						
Oficina	Fecha del examen o de reporte de búsqueda de documentos	Anterioridades encontradas para el examen o reportados en el examen de búsqueda(relacionarlos todos)	Reiv. afectadas	RELEVANCIA (requisito que afecta)	FUERON TENIDOS EN CUENTA PARA EL EXAMEN EN LA OFICINA COLOMBIANA	
					SI	NO
EUROPEA	18/06/2013	US6869607	1 - 30	Nivel Inventivo	X	
		Evaluation of the Safety and Immunogenicity of Two Antigen Concentrations of the Mtb72F/AS02A Candidate Tuberculosis Vaccine in Purified Protein Derivative-Negative Adults	1 - 30	Nivel Inventivo	X	
		WO2009/088255 A2	1 - 30	Nivel Inventivo		X
USPTO	03/03/2014	US6869607	1 - 30	Nivel Inventivo	X	
		WO2009/088255 A2	1 - 30	Nivel Inventivo		X
		WO2010/142685	X,P			X
		WO2010/142686	X,P			X
		Evaluation of the Safety and Immunogenicity of Two Antigen Concentrations of the Mtb72F/AS02A Candidate Tuberculosis Vaccine in Purified Protein Derivative-Negative Adults	1 - 30	Nivel Inventivo	X	
DOCUMENTOS ADICIONALES ENCONTRADOS POR EL EXAMINADOR DE ACUERDO A LOS CRITERIOS DE BÚSQUEDA.						
US 7691993 B2						
WO 01/24820						
BÚSQUEDA DE SECUENCIAS						
Número de depósito / patente y N° de secuencia % de identidad						
SEQ ID NO (de la solicitud)	NCBI	The Lens	EMBL-EBI	DDJB	Genome Quest	
SEQ ID NO: 1		US 7691993 B2/SEQ ID NO: 17				
		99% de identidad				

SEQ ID NO: 3		US 7691993 B2/SEQ ID NO: 15			
		99% de identidad			

Query SEQ ID NO: 17 de D1
Sbjct SEQ ID NO: 1 de la solicitud

Range 1: 2 to 723 [Graphics](#)

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
1406 bits(3640)	0.0	Compositional matrix adjust.	721/722(99%)	722/722(100%)	0/722(0%)
Query 8	TAASDNFQLSQGGQGF AIPIGQAMAIAGQIRSGGGSPTVHIGPTAFLGLGVVDNNGNGAR				67
Sbjct 2	TAASDNFQLSQGGQGF AIPIGQAMAIAGQIRSGGGSPTVHIGPTAFLGLGVVDNNGNGAR				61
Query 68	VQRVVGSAPAASLGISTGDVITAVDGA PINSATAMADALNGHHPGDVISVTWQTKSGGTR				127
Sbjct 62	VQRVVGSAPAASLGISTGDVITAVDGA PINSATAMADALNGHHPGDVISVTWQTKSGGTR				121
Query 128	TGNVTLAEGPPAEFMVDFGALPPEINSARMYAGPGSASLVAAAQMNDSVASDLFSAASAF				187
Sbjct 122	TGNVTLAEGPPAEFMVDFGALPPEINSARMYAGPGSASLVAAAQMNDSVASDLFSAASAF				181
Query 188	QSVVWGLTVGSGWIGSSAGLMVAAA SPYVAWMSVTAGQAELTAAQVRVAAAAYETAYGLTV				247
Sbjct 182	QSVVWGLTVGSGWIGSSAGLMVAAA SPYVAWMSVTAGQAELTAAQVRVAAAAYETAYGLTV				241
Query 248	PPPVIAENRAELMIL IATNLLGQNTPAIAVNEAEYGE MWAQDAAMFGYAAATATATATL				307
Sbjct 242	PPPVIAENRAELMIL IATNLLGQNTPAIAVNEAEYGE MWAQDAAMFGYAAATATATATL				301
Query 308	LPFEEAPEMTSAGGLLEQAAAVEEASDTAAANQLMNNVPQALQQLAQPTQGTTPSSKLGG				367
Sbjct 302	LPFEEAPEMTSAGGLLEQAAAVEEASDTAAANQLMNNVPQALQQLAQPTQGTTPSSKLGG				361
Query 368	LWKTVSPHRSPISNMVSMANNHMSMTNSGVSMNTLSSMLKGFAPAAAAQAVQTAAQNGV				427
Sbjct 362	LWKTVSPHRSPISNMVSMANNHMSMTNSGVSMNTLSSMLKGFAPAAAAQAVQTAAQNGV				421
Query 428	RAMSSLGSSLGSSGLGGGVAANLGRAASVGSLSVPQAWAAANQAVTPAARALPLTSLTSA				487
Sbjct 422	RAMSSLGSSLGSSGLGGGVAANLGRAASVGSLSVPQAWAAANQAVTPAARALPLTSLTSA				481
Query 488	AERGPQGM LGGLPVGMGARAGGGLSGVLRVPPRPYVMPHSPAAGDIAPPALSQDRFADF				547
Sbjct 482	AERGPQGM LGGLPVGMGARAGGGLSGVLRVPPRPYVMPHSPAAGDIAPPALSQDRFADF				541
Query 548	PALPLDPSAMVAQVGPQVNNINTKLGYNNAVAGAGTGIVIDPNGVLTNNHVIAGATDINA				607
Sbjct 542	PALPLDPSAMVAQVGPQVNNINTKLGYNNAVAGAGTGIVIDPNGVLTNNHVIAGATDINA				601
Query 608	FSVSGSQTYGVDVVG YDRTQDVAVLQLRGAGGLPSAAIGGGVAVGEPVVAMGNSGGQGGT				667
Sbjct 602	FSVSGSQTYGVDVVG YDRTQDVAVLQLRGAGGLPSAAIGGGVAVGEPVVAMGNSGGQGGT				661
Query 668	PRAVPGRVVALGQTVQASDSL TGAEE TLNGLIQFDAAIQPGDSGGPVVNLGQVVMNTA				727
Sbjct 662	PRAVPGRVVALGQTVQASDSL TGAEE TLNGLIQFDAAIQPGD+GGPVVNLGQVVMNTA				721
Query 728	AS	729			
Sbjct 722	AS	723			

Query SEQ ID NO: 15 de D1
Sbjct SEQ ID NO: 3 de la solicitud

Range 1: 2 to 725		Graphics		▼ Next Match ▲ Previous Match	
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
1413 bits(3657)	0.0	Compositional matrix adjust.	723/724(99%)	724/724(100%)	0/724(0%)
Query 6	HHTAASDNFQLSQGGQGF	AIPIGQAMAIAGQIRSGGGSPTVHIGPTAFLGLGVVDNNGNG	65		
Sbjct 2	HHTAASDNFQLSQGGQGF	AIPIGQAMAIAGQIRSGGGSPTVHIGPTAFLGLGVVDNNGNG	61		
Query 66	ARVQRVVGSAPAASLGISTGDVITAVD	GAPINSATAMADALNGHHPGDVISVTWQTKSGG	125		
Sbjct 62	ARVQRVVGSAPAASLGISTGDVITAVD	GAPINSATAMADALNGHHPGDVISVTWQTKSGG	121		
Query 126	TRTGNVTLAEGPPAEFMVDFGALPPE	INSARMYAGPGSASLVAAQMWDSVASDLFSAAS	185		
Sbjct 122	TRTGNVTLAEGPPAEFMVDFGALPPE	INSARMYAGPGSASLVAAQMWDSVASDLFSAAS	181		
Query 186	AFQSVVWGLTVGSWIGSSAGLMVAAA	SPYVAMMSVTAGQAEATAAQVRVAAAAYETAYGL	245		
Sbjct 182	AFQSVVWGLTVGSWIGSSAGLMVAAA	SPYVAMMSVTAGQAEATAAQVRVAAAAYETAYGL	241		
Query 246	TVPPPPIAENRAELMILIATNLLGQNT	PAIAVNEAEYEMWAQDAAMFGYAAATATATA	305		
Sbjct 242	TVPPPPIAENRAELMILIATNLLGQNT	PAIAVNEAEYEMWAQDAAMFGYAAATATATA	301		
Query 306	TLLPFEEAPEMTSAGGLLEQAAAVEE	ASDTAAANQLMNNVPQALQQLAQPTQGTTPSSKL	365		
Sbjct 302	TLLPFEEAPEMTSAGGLLEQAAAVEE	ASDTAAANQLMNNVPQALQQLAQPTQGTTPSSKL	361		
Query 366	GGLWKTVSPHRSPISNMVSMANNHMS	MNTNSGVSMTNTLSSMLKGFAPAAAAQAVQTAAQN	425		
Sbjct 362	GGLWKTVSPHRSPISNMVSMANNHMS	MNTNSGVSMTNTLSSMLKGFAPAAAAQAVQTAAQN	421		
Query 426	GVRAMSSLGSSLGSSGLGGGVAANL	GRAASVGSLSVPQAWAAANQAVTPAARALPLTSLT	485		
Sbjct 422	GVRAMSSLGSSLGSSGLGGGVAANL	GRAASVGSLSVPQAWAAANQAVTPAARALPLTSLT	481		
Query 486	SAAERGPQMLGGLPVGQMGARAGGGL	SGVLRVPPRPYVMPHSPAAGDIAPPALSQDRFA	545		
Sbjct 482	SAAERGPQMLGGLPVGQMGARAGGGL	SGVLRVPPRPYVMPHSPAAGDIAPPALSQDRFA	541		
Query 546	DFPALPLDPSAMVAQVGPQVVNINTK	LGYNNAVAGAGTGIVDPNGVVLNNHVIAGATDI	605		
Sbjct 542	DFPALPLDPSAMVAQVGPQVVNINTK	LGYNNAVAGAGTGIVDPNGVVLNNHVIAGATDI	601		
Query 606	NAFSVGSQTYGVDVVGVDRTQDVAVL	QLRGAGGLPSAAIGGGVAVGEPVVAMGNSGGQG	665		
Sbjct 602	NAFSVGSQTYGVDVVGVDRTQDVAVL	QLRGAGGLPSAAIGGGVAVGEPVVAMGNSGGQG	661		
Query 666	GTPRAVPGRVVALGQTVQASDSL	TGAEETLNGLIQFDAAIQPGDSGGPVVNLGQVVGMM	725		
Sbjct 662	GTPRAVPGRVVALGQTVQASDSL	TGAEETLNGLIQFDAAIQPGDAGGPVVNLGQVVGMM	721		
Query 726	TAAS	729			
Sbjct 722	TAAS	725			