

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO	
RAD: 14-42269- -4	FECHA: 2015-11-09 18:10:42
DEP: 2020 DIRECCION DE NUEVAS CREACIONES	EVE: 378 FASE NACIONAL INCLUIDO CAPITULO I
TRA: 11 PCT-PATENTE DE INVENCION CAPITULOS I Y II	FOLIOS: 10
ACT: 519 TRASLADOINFORME	

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

2020
Bogotá, D.C.,

Abogado(a)/Señor(a)
CARLOS R. OLARTE GARCIA

Asunto: Radicación: 14-42269- -4
 Trámite: 11
 Evento: 378
 Actuación: 519
 Oficio: 13325
 Folios: 10

Patente de Invención	X			Patente de Modelo de Utilidad	
Vía Nacional					
Vía PCT (Fase Nacional)	X	Capítulo I	X	Capítulo II	
No. Solicitud Internacional	PCT/EP2012/065940				
Fecha de Presentación Internacional	15/08/2012				

Como resultado del examen de fondo realizado, con fundamento en el Artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se comunica:

1. Documentos estudiados

Descripción:	Radicado N° 14-42269-00000-0000	27/Febrero/2014
Reivindicaciones:	Radicado N° 14-42269-00000-0000	27/Febrero/2014
Dibujos:	Radicado N° 14-42269-00000-0000	27/Febrero/2014
Secuencias:	Radicado N° 14-42269-00000-0000	27/Febrero/2014
Prioridad:	US 61/523,772	15/Agosto/2011

2. Análisis de la Prioridad

Se acepta la reivindicación de prioridad porque ésta solicitud fue presentada dentro del plazo establecido (Art. 9 D 486) y su contenido técnico corresponde con el de la prioridad reivindicada.

3. Objeto de la invención

De acuerdo con lo establecido en el numeral 1.2.2.2 del Título 10 de la Circular Única para efectos del examen de patentabilidad, se tendrá en cuenta la tasa pagada por el solicitante al momento de comenzar el examen para las reivindicaciones adicionales; esto es que cuando la solicitud contenga más de diez (10) reivindicaciones y no se haya pagado la tasa complementaria, sólo se estudiarán las cubiertas por la tasa pagada. En el presente caso se estudiarán las reivindicaciones 1 a 40 del capítulo reivindicatorio del Radicado N° 14-42269-00000-0000.

Título de la solicitud: “PROTEÍNAS H5, DE H5N1 PARA UN NUEVO USO MEDICINAL”

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de proporcionar vacunas mejoradas para controlar las infecciones de gripe y tener un impacto positivo sobre la carga de la enfermedad, con el objetivo de lograr una inducción simple, efectiva y fácil de manejar, preferentemente con una vacunación simple, una respuesta inmune protectora clado-cruzada a los virus de la influenza con H5N1 HA.

Para resolver este problema técnico la solicitud en estudio proporciona una proteína H5 (1) del virus H5N1 clado 1, útil en tratamiento o prevención de las infecciones con el virus H5N1.

El objeto de la presente solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): A61K 39/145.

4. Excepción a la Patentabilidad (Art 20 D 486 literal (d))

El objeto de las reivindicaciones 18, 24, 32 – 34, 38 y 40 no es patentable de acuerdo con el art citado, debido a que hacen referencia a un método para el tratamiento o profilaxis de las infecciones por el virus de la gripe causadas por el virus H5N1 de un clado distinto del clado 1, en donde el método comprende la administración de una cantidad terapéuticamente efectiva de la proteína H5 (1) a un sujeto necesitado de dicho tratamiento.

5. Reivindicaciones relativas a un uso o a un segundo uso (Art 14 y 21 D 486)

El uso de las reivindicaciones 1, 18, 19, 24, 31, 37, 39 y 40 no es patentable, de acuerdo con el Art 14.

6. De la solicitud de patente

Título

El título de la solicitud de la patente de invención contiene la palabra “uso” y de acuerdo con el Art. 14 D 486, los usos no son patentables, por lo cual se sugiere a la solicitante hacer la corrección necesaria.

Reivindicaciones (Art 30 D 486, Art 22 PCT)

- 1- La reivindicación 1 no es clara porque hace referencia al uso de la proteína H5 (1) en un método de tratamiento o prevención de las infecciones con el virus H5N1, lo cual se encuentra dentro del campo de la excepción a la patentabilidad. Se le sugiere a la solicitante retirar de la reivindicación dichas referencias.
- 2- Las reivindicaciones 1 – 7 no son claras porque no definen una proteína H5 (1) del virus H5N1 clado 1 a partir de sus características técnicas esenciales, es decir su estructura aminoácida completa con su respectivo SEQ ID NO, lo cual no permite distinguir la invención del estado de la técnica.
- 3- Las reivindicaciones 3 – 7 no son claras porque definen una proteína H5 (1) a partir de los resultados que se pretenden alcanzar con la modificación estructural, indicando que

dicha proteína presenta modificaciones de aminoácidos específicas o grupos de aminoácidos seleccionados de un grupo que consta de siete opciones, según la posición de aminoácidos dada por la SEQ ID NO: 2, y no se especifica la secuencia de aminoácidos específica que comprende dichas modificaciones puntuales estructurales, especificando las posiciones de aminoácidos que han sido sustituidos o suprimidos por lo cual no es posible distinguir la invención del estado de la técnica.

- 4- Las reivindicaciones 1, 2, 8, 15, 17 y 21 no tienen sustento en la descripción ya que hacen referencia a porcentajes de similitud de las secuencias de aminoácidos que caracterizan la proteína H5 (1) del virus H5N1, sin embargo la descripción de la solicitud no divulga que cualquier modificación en cualquier posición resulte en una estructura con la actividad deseada. Se sugiere a la solicitante caracterizar las posibles variantes estructurales de las secuencias citadas en estas reivindicaciones por sus secuencias completas, las cuales además deben ser adjuntadas en un listado aparte con su respectivo SEQ ID NO, dichas variantes deben estar completamente sustentadas en la descripción. Por último se recuerda al solicitante que no es correcto definir una proteína indicando porcentajes de similitud, puesto que esta definición no permite establecer la secuencia de aminoácidos exacta a la que se refiere.
- 5- Las reivindicaciones 8, 10, 16, 19 - 23 no son claras porque definen una proteína H5 (1) en términos de un resultado alcanzar que da cuenta de su mecanismo de acción, al indicar que dicha proteína comprende un péptido que genera inhibición de hemaglutinina en un estudio estándar de inhibición de hemaglutinina; y que se expresa de forma recombinante y/o produce mediante el sistema de expresión baculovirus, preferentemente en cultivos de células de insectos. En este caso las reivindicaciones incluirían no sólo la solución propuesta por el solicitante, sino todas las alternativas presentes o futuras que lleguen a ese resultado, por lo cual se sugiere a la solicitante definir la materia a partir de sus características técnicas estructurales, es decir, su secuencia.
- 6- Las reivindicaciones 41, 35 y 36 no se ajustan a las características de una invención de combinación por cuanto se definen en términos de la presencia de una proteína H5 (1), una combinación, la vacuna, y un prospecto de envase que indica el uso de dicha proteína H5 (1), en el tratamiento o profilaxis de infecciones causadas por el virus H5N1. Se recuerda a la solicitante que un kit-de-partes corresponde a la asociación de unidades funcionales que incluyen composiciones de agentes terapéuticos, que los envases forman parte de un campo técnico diferente al del diseño de una proteína y que el uso de esta en un método de tratamiento está exceptuado de patentabilidad.
- 7- Las reivindicaciones 1, 2, 7, 8, 15 – 17, 21 y 36 no son claras porque los términos “por lo menos”, “preferentemente”, “uno o más” y “cualquier” son imprecisos y no limitativos, por lo cual no permiten distinguir la invención del estado de la técnica. Se sugiere sustituirlo por un término o rango concreto.

7. Determinación del Estado de la Técnica

El estado de la técnica se determinó con base en la fecha de presentación de la solicitud de prioridad: 15 de agosto de 2011, y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación
D1	Hessel A. <i>et al.</i> , 2011. Plos ONE, Vol. 6, Issue 1, e16247.	“Vectors Based on Modified Vaccinia Ankara Expressing Influenza H5N1 Hemagglutinin Induce Substantial Cross-Clade Protective Immunity”	24/Enero/2011
D2	US20080193471	“Novel h5 proteins, nucleic acid molecules and vectors encoding for those, and their medicinal use”	14/Agosto/2008

D3	US7981428	"Flu vaccines and methods of use thereof"	19/Julio/2011
D4	US2007184526	"Functional influenza virus like particles (VLPs)"	09/Agosto/2007

El documento D1¹ divulga un estudio que investiga el potencial de protección cruzada de las proteínas hemaglutininas (HAs) más distantes relacionadas con el virus H5 que incluyen los caldos 2.2 y 2.3.4 representados por las cepas A/pavo/Turquía/01/05, A/Pollo/Egipto/3/06 (clado 2.2) y A/Anhui/1/2005 (clado 2.3.4) (Pág. 2, Col. 1).

El documento D2² divulga proteínas hemaglutininas H5, ácidos nucleicos que codifican dichas proteínas y vectores de expresión, útiles en el desarrollo de vacunas para uso médico en humanos y animales (Abstract).

El documento D3³ divulga polinucleótidos, polipéptidos, vectores, células y composiciones de los mismos, útiles en la patogénesis viral ocasionada por el virus de la influenza (Abstract).

El documento D4⁴ divulga partículas del tipo virus (VLPs) que expresan y/o comprenden proteínas del virus de la influenza estacional y proteínas del virus de influenza aviar con potencial pandémico. Se incluyen vectores de expresión que comprenden dichas proteínas, células que comprenden dichos vectores, formulaciones y vacunas que comprenden VLPs (Abstract).

8. Examen de Patentabilidad (Art 14 D486)

Novedad (Art 16 D486)

La reivindicación 1 consiste en *"Una proteína H5 (1) del virus H5N1 clado 1 para ser usado en un método de tratamiento o prevención de las infecciones con el virus H5N1 de un clado diferente, en donde dicha proteína H5 (1) comprende o conste de una secuencia polipéptida que contiene por lo menos 98% de identidad de secuencia con la secuencia de polipéptidos de SEQ ID NO: 1".* (Radicado N° 14-42269-00000-0000)

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D2
Proteína H5 (1) del virus H5N1 clado 1	Proteína H5 del virus de influenza (Pág. 25, Rv. 1).
Comprende una secuencia polipéptida que contiene por lo menos 98% de identidad con la secuencia de polipéptidos de SEQ ID NO:1	Comprende la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 1, la cual presenta un 98% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 1 de la solicitud.

Las características esenciales de la reivindicación 1 habían sido divulgadas previamente en el documento D2, en el cual se divulga una proteína H5 del virus de influenza, en donde dicha proteína comprende el aminoácido 223N y la modificación 328k+, en donde dicha modificación significa que en la posición de aminoácidos 328 de la proteína H5 se inserta una segunda lisina (Pág. 25, Rv. 1). Además se afirma que la proteína H5 comprende el aminoácido 94N, 120N, 155N (Pág. 25, Rv. 2 - 4); presenta uno o más de los siguientes grupos de aminoácidos seleccionados del grupo que consta de: a. aa 93 - 95: GNF, b. aa 123 - 125: SDH, c. aa 128 - 130: SSG, d. aa 138 - 140: GSS, e. aa 226 - 228: MDF, f. aa 270 - 272: EVE y g. aa 309 - 311: NKL (Pág. 25, Rv. 5); y comprende i. las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NO:5; SEQ ID NO:6 o SEQ ID NO:7; o ii. cualquier péptido que tenga por lo menos 85% de homología de secuencia con el polipéptido de i) y que comprende inhibición de hemaglutinina en un estudio estándar de inhibición de hemaglutinina; o iii.

1 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21283631>

2 <http://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/biblio?CC=US&NR=2008193471A1&KC=A1&FT=D>

3 <http://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/biblio?CC=US&NR=7981428B2&KC=B2&FT=D>

4 <http://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/biblio?CC=US&NR=2007184526A1&KC=A1&FT=D>

cualquier parte de los polipéptidos de i) o ii) que comprenda por lo menos 8 aminoácidos contiguos de cualquiera de dichos péptidos de i) o ii) y en donde cualquiera de dichos péptidos comprenda inhibición de la hemaglutinina en un estudio estándar de inhibición de hemaglutinina; o iv. cualquier péptido de i), ii) o iii) que tiene uno de los aminoácidos 36T, 36K, 83A, 83T, 83D, 86A, 86V, 120S, 155S, 156A, 156T, 189R, 189K, 212K, 212R, 212E, 263A o 263T; o v. cualquier péptido de i), ii), iii) o iv) que tiene uno o más de los siguientes agrupamientos de aminoácidos seleccionados entre el grupo que consiste en: a. aa 93-95: GNF, b. aa 123-125: SDH, c. aa 128-130: SSG, d. aa 138-140: GSS, e. aa 226- 228: MDF, f. aa 270-272: EVE y g. aa 309-311: NKL (Pág. 25, Rv. 6).

Adicionalmente el documento D2 divulga una vacuna que comprende la proteína H5 (1), y un excipiente y/o vehículo farmacéutico aceptable (Pág. 25, Rv. 11 - 16); y un kit de partes que comprende la proteína H5 (1), y un recipiente que indica el uso de dicha proteína H5 (1), para el tratamiento o profilaxis de infecciones causadas por el virus H5N1 (Pág. 25, Rv. 40).

En consecuencia, la reivindicación 1 no es nueva, según lo divulgado en el documento D2.

Las reivindicaciones 2 – 8, 25 – 30, 35 y 36 no mencionan características novedosas para la proteína H5 (1) de la reivindicación 1, por lo cual se considera que tampoco son nuevas.

Nivel inventivo (Art18 D486)

La reivindicación 9 consiste en “La proteína H5 (1) de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, en donde dicha proteína H5 (1) comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 5”. (Radicado N° 14-42269-00000-0000)

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D1	D3
Proteína H5 (1)	Expresión de la proteína hemoglutina H5 (Pág. 4, Col. 1). Genes que expresan hemoglutininas del virus de influenza (HA) de clado I (Abstract).	Proteína hemoglutina HA (Pág. 2, Fig. 2).
Comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:5	No registra	Secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 7 (Col. 89, Rv. 4).

El documento D1 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 9 porque divulga proteínas de la superficie del virus de la influenza denominadas hemoglutininas (HA), las cuales fueron expresadas en vectores MVA (comprenden vacunas de virus vivos atenuados modificados) recombinantes, con el objetivo de realizar una comparación directa de la capacidad protectora cruzada de antígenos de HA de diferentes clados. Específicamente se estableció que la proteína H5 induce una respuesta celular inmune específica (Pág. 10, Col. 2).

En cuanto al documento D3, divulga polinucleótidos recombinantes que comprenden hemoglutininas (HA), útiles en el desarrollo de vacunas contra diferentes cepas del virus H5N1 (Pág. 9, Fig. 9A y 9B). Adicionalmente se divulga que la vacuna puede comprender virus vivos, debilitados o atenuados; una o mas proteínas virales, virus quiméricos, y combinarse con otras vacunas que generen respuestas inmune protectoras contra otros patógenos aviares (Col. 32, párr. 2)

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 9 y la proteína H5 (1) del virus H5N1 clado 1 divulgada en el documento D1, consiste en la secuencia de aminoácidos que caracteriza dicha proteína.

El efecto que logra el incluir una proteína H5 (1) del virus H5N1 clado 1 que comprenda una secuencia de aminoácidos específica, es inducir una respuesta inmune protectora de clados cruzados a los virus de la gripe con H5N1 HA.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “Como proveer una proteína H5 (1) del virus H5N1 clado 1 que genere una respuesta inmune protectora de clados cruzados a los virus de la gripe con H5N1 HA”.

Sin embargo, el documento D3 ya divulgaba la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 7 (Col. 89, Rv. 4), la cual presenta un 98% de identidad y un 100% de cobertura respecto a la SEQ ID NO: 5 reclamada en la solicitud (ver alineamientos), con el objetivo de desarrollar una vacuna útil en el tratamiento de la infección generada por el virus H5N1 (Pág. 9, Fig. 9A y 9B).

Query: SEQ ID NO: 5 de la solicitud

Sbjct: SEQ ID NO: 7 de D3

US_7981428_B2_7

Sequence ID: Icl|Query_163363 Length: 568 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 568 Graphics					Next Match Previous Match	
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	
1170 bits(3026)	0.0	Compositional matrix adjust.	557/568(98%)	563/568(99%)	0/568(0%)	
Query 1	MEKTVLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTYTHAQDILEKTHNGKLCDL					60
Sbjct 1	MEK VLLAIVSLVKSQDQICIG HANNSTEQVDTIMEKNVTYTHAQDILEKTHNGKLCDL					60
Query 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDEFINVPWEYSIVEKANPANDLCYPGNFNDYEELKHL					120
Sbjct 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDEFINVPWEYSIVEKANPANDLCYPGNFNDYEELKHL					120
Query 121	LSRINHFEKIQIIPKNSWSDHEASSGVSSACPYQGSSEFFRNVLKKNAYPTIKRSY					180
Sbjct 121	LSRINHFEKIQIIPK+SWSDHEASSGVSSACPYQG SSFFRNVLKKN+ YPTIKRSY					180
Query 181	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQNG					240
Sbjct 181	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQ+G					240
Query 241	RMDFFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSEVEYGNCNTKQTPMGA					300
Sbjct 241	RM+FFWTILKPNDAINFESNGNFIAPYAYKIVKKGDS IMKSE+EYGNCNTKQTPMGA					300
Query 301	INSSMPFHNHPLTIGECFKYVKNLVLATGLRNSPQRERRRKKGLFGAIGFIEGW					360
Sbjct 301	INSSMPFHNHPLTIGECFKYVKN+LVLATGLRNSPQRERRRKKGLFGAIGFIEGW					360
Query 361	QGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE					420
Sbjct 361	QGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLE					420
Query 421	RRHENLNKMKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDAKELG					480
Sbjct 421	RRHENLNKMKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDAKELG					480
Query 481	NGCFEYHKCDNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA					540
Sbjct 481	NGCFEYHKCDNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA					540
Query 541	SSLALAIMVAGLSLWMCNSGSLQCRICI					568
Sbjct 541	SSLALAIMVAGLSLWMCNSGSLQCRICI					568

Adicionalmente el documento D1 afirma que la utilización de vacunas experimentales basadas en MVA, permite analizar las propiedades protectoras cruzadas de antígenos de HA de diferentes clados relacionados con diferentes antígenos HA, estableciendo que las respuestas inmunes celulares fueron fuertes pero uniformes entre los diferentes antígenos H5, independientemente del grado de homología entre clados; sugiriendo que los vectores MVA que expresan HA son capaces de desencadenar una respuesta inmune celular fuerte y muy amplia contra los virus de la gripe de diferentes clados (Pág. 12, Col. 2), motivando a una persona normalmente versada en la materia a expresar proteínas H5 como una herramienta útil para el desarrollo de vacunas recombinantes contra el virus de la gripe, especialmente en una situación pre-pandémica. También se afirma que la vacuna candidata MVA-HA-VN que comprende un virus H5N1 de origen vietnamita genera una excelente protección contra todos los clados (Tabla 3A, Fig. 2A).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría la secuencia de aminoácidos derivada de antígenos HA del virus H5N1 divulgada en el documento D3, en el procedimiento para la producción de proteínas H5 (1) del virus H5N1, que generan una respuesta inmune protectora de clados cruzados a los virus de la gripe con H5N1, divulgado en el documento D1 para llegar así al objeto de la reivindicación 9 de la solicitud, por lo cual se considera obvia.

En conclusión, la reivindicación 9 cumple el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumple con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

Las reivindicaciones dependientes 10 – 14, 19 - 23 no mencionan características adicionales para la proteína de la reivindicación 9, por lo cual se considera que tampoco tienen nivel inventivo.

La reivindicación 15 consiste en “La proteína H5 (1) de acuerdo con la reivindicación 14, en donde dicho virus H5N1 de origen norafricano es un virus H5N1 que comprende una proteína H5 (2) del virus de la gripe, donde dicha proteína H5 (2) tiene” (Radicado N° 14-42269-00000-0000)

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D1	D4
Proteína H5 (1)	Expresión de la proteína hemoglutina H5 (Pág. 4, Col. 1). Genes que expresan hemoglutininas del virus de influenza (HA) de clado I (Abstract).	Proteína hemoglutina H5 del virus de la influenza (Pág. 91, Rv. 25).
Proteína H5 (2) comprende un 97% de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:9	No registra	Secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 53 que codifica proteínas HA (Pág. 10, párr. [0112]).

El documento D1 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 9 porque divulga proteínas de la superficie del virus de la influenza denominadas hemoglutininas (HA), las cuales fueron expresadas en vectores MVA (comprenden vacunas de virus vivos atenuados modificados) recombinantes, con el objetivo de realizar una comparación directa de la capacidad protectora cruzada de antígenos de HA de diferentes clados. Específicamente se estableció que la proteína H5 induce una respuesta celular inmune específica (Pág. 10, Col. 2).

En cuanto al documento D4, divulga partículas del tipo virus (VLPs) que comprenden proteínas hemoglutininas (HA) del virus H5N1, útiles en el desarrollo de vacunas que inducen inmunidad contra la infección generada por el virus de la influenza en un animal susceptible de contagio por dicho virus (Pág. 90, Rv. 1 - 8).

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 15 y la proteína H5 (1) del virus H5N1 divulgada en el documento D1, consiste en la secuencia de aminoácidos que caracteriza dicha proteína.

El efecto que logra el incluir una proteína H5 (1) del virus H5N1 que comprenda una secuencia de aminoácidos específica, es inducir una respuesta inmune protectora de clados cruzados a los virus de la gripe con H5N1 HA.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “Como proveer una proteína H5 (1) del virus H5N1 que genere una respuesta inmune protectora de clados cruzados a los virus de la gripe con H5N1 HA”.

Sin embargo, el documento D4 ya divulgaba las secuencias de aminoácidos SEQ ID NO: 34 y 53 (Pág. 10, párr. [0112]), las cuales presentan 96 y 97% de identidad y 99 y 100% de cobertura respecto a las SEQ ID NO: 15 y 9, reclamadas en la solicitud (ver alineamientos), con el objetivo de desarrollar una vacuna útil en el tratamiento de la infección generada por el virus H5N1 (Pág. 90, Rv. 1 - 8).

Query: SEQ ID NO: 9 de la solicitud

Sbjct: SEQ ID NO: 53 de D4

US20070184526A1 53

Sequence ID: lcl|Query_164903 Length: 564 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 564 Graphics						Next Match Previous Match	
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps		
1139 bits(2945)	0.0	Compositional matrix adjust.	549/568(97%)	555/568(97%)	5/568(0%)		
Query 1	MEKIMLLLAIVSLVSKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCNL				60		
Sbjct 1	MEKI+LLLAIVSLVSKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLC+L				60		
Query 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCMDEFNLNPEWSYIVEKINPANDLCYPGKFNDEELKHL				120		
Sbjct 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCMDEFNLNPEWSYIVEKINPANDLCYPG FNDYEELKHL				120		
Query 121	LSRINFHEKIQIIPRNSWSDHE-TSGVSSACQYQGRSSFFRNVLTKKDNAYSTIKRSY				179		
Sbjct 121	LSRINFHEKIQIIP++SWSDE +SGVSSAC YQGRSSFFRNVLV KK+NAY TIKRSY				180		
Query 180	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSG				239		
Sbjct 181	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSG				240		
Query 240	RMEFFWTILKSNDAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELEYGNCNTKCQTPIGA				299		
Sbjct 241	RMEFFWTILK NDAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELEYGNCNTKCQTPIGA				300		
Query 300	INSSMPFHNHPLTIGECPKYVKSNNRLVATGLRNSPQERRRRKRGFGAIAGFIEGGW				359		
Sbjct 301	INSSMPFHNHPLTIGECPKYVKSNNRLVATGLRNSPQ E RGLFGAIAGFIEGGW				356		
Query 360	QGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLE				419		
Sbjct 357	QGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLE				416		
Query 420	RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELG				479		
Sbjct 417	RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELG				476		
Query 480	NGCFEYHRCNDECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA				539		
Sbjct 477	NGCFEYHRCNDECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA				536		
Query 540	SSLALAIMVAGLFLWMCNGLQCRICI 567						
Sbjct 537	SSLALAIMVAGL LWMCNGLQCRICI 564						

Query: SEQ ID NO: 15 de la solicitud
Sbjct: SEQ ID NO: 34 de US2007184526

US_2007_0184526_A1_34

Sequence ID: lcl|Query_111719 Length: 572 Number of Matches: 1

Range 1: 15 to 553 Graphics						Next Match Previous Match	
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps		
1080 bits(2793)	0.0	Compositional matrix adjust.	517/539(96%)	526/539(97%)	1/539(0%)		
Query 3	VSIVKSDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCNL				62		
Sbjct 15	VS DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLC+LDGVKPLILRD				74		
Query 63	CSVAGWLLGNPMCMDEFNLNPEWSYIVEKINPTNDLCYPGNFNDYEELKHL				122		
Sbjct 75	CSVAGWLLGNPMCMDEF+NVPEWSYIVEK NP NDLCYPG+FNDYEELKHL				134		
Query 123	QIIPKNSWSDHEAS-GVSSACPYQGRSSFFRNVLTKKNNAYPTIKKSYNNTNQEDLLV				181		
Sbjct 135	QIIPKNSWS HEAS GVSSACPYQG+SSFFRNVLV KKNAYPTIK+SYNNTNQEDLLV				194		
Query 182	LWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSGRMEFFWTILK				241		
Sbjct 195	LWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSGRMEFFWTILK				254		
Query 242	SNDAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELEYGDCNTKCQTPIGAINSSMPFHNH				301		
Sbjct 255	NDAINFESNGNFIAP EAYKIVKKGDS IMKSELEYG+CNTKCQTP+GAINSSMPFHNH				314		
Query 302	HPLTIGECPKYVKSNNRLVATGLRNSPQERRRRKRGFGAIAGFIEGGWQGMVDGWYGY				361		
Sbjct 315	HPLTIGECPKYVKSNNRLVATGLRNSPQ ERRRRKRGFGAIAGFIEGGWQGMVDGWYGY				374		
Query 362	HHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKKM				421		
Sbjct 375	HHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKKM				434		
Query 422	EDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEYHRC				481		
Sbjct 435	EDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEYHRC				494		
Query 482	DNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMV				540		
Sbjct 495	DNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMV				553		

Adicionalmente el documento D1 afirma que la utilización de vacunas experimentales basadas en MVA, permite analizar las propiedades protectoras cruzadas de antígenos de HA de diferentes clados relacionados con diferentes antígenos HA, estableciendo que las respuestas inmunes celulares fueron fuertes pero uniformes entre los diferentes antígenos H5, independientemente del grado de homología entre clados; sugiriendo que los vectores MVA que expresan HA son capaces de desencadenar una respuesta inmune celular fuerte y muy amplia contra los virus de influenza de diferentes clados (Pág. 12, Col. 2), motivando a

una persona normalmente versada en la materia a expresar proteínas H5 como una herramienta útil para el desarrollo de vacunas recombinantes contra el virus de la influenza, especialmente en una situación pre-pandémica. También se afirma que la vacuna candidata MVA-HA-VN que comprende un virus H5N1 de origen vietnamita genera una excelente protección contra todos los clados (Tabla 3A, Fig. 2A).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría la secuencia de aminoácidos que codifica proteínas HA del virus H5N1 divulgada en el documento D4, en el procedimiento para la producción de proteínas H5 (1) del virus H5N1, que generan una respuesta inmune protectora de clados cruzados a los virus de la gripe con H5N1, divulgado en el documento D1 para llegar así al objeto de la reivindicación 15 de la solicitud, por lo cual se considera obvia.

En conclusión, la reivindicación 15 cumple el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumple con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

Las reivindicaciones dependientes 16, 17 no mencionan características adicionales para la proteína de la reivindicación 15, por lo cual se considera que tampoco tienen nivel inventivo.

9. Conclusión

Los requisitos de Patentabilidad de la presente solicitud están afectados así:

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	Hessel A. <i>et al.</i> , 2011. Plos ONE, Vol. 6, Issue 1, e16247.	9 - 17	Nivel inventivo
D2	US20080193471	1 – 8, 25 – 30, 35 y 36	Novedad
D3	US7981428	9 – 14, 19 - 23	Nivel inventivo
D4	US2007184526	15 - 17	Nivel inventivo

En cumplimiento del artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se le indica que debe dar respuesta dentro del término de sesenta (60) días contados a partir del día siguiente de la fecha de notificación de la presente comunicación. En caso de no dar respuesta al presente requerimiento, o si a pesar de la respuesta subsistieran los impedimentos para la concesión, se denegará la patente.

Se invita al solicitante se sirva indicar, si así lo considera, su renuncia al término faltante de sesenta (60) días para dar respuesta a este requerimiento y presentarla por escrito.

Finalmente, se le recuerda al solicitante que si como respuesta a este requerimiento llegara a modificar el capítulo reivindicatorio y éste contenga más de diez (10) reivindicaciones, no pagará la tasa de modificación voluntaria pero sí la correspondiente al pago por reivindicación adicional.

Notifíquese el presente oficio conforme a lo dispuesto en el numeral 5.2, literal e), del capítulo quinto del título primero de la Circular Única No. 10 de 2001.



JOSÉ LUIS SALAZAR LÓPEZ
Director de Nuevas Creaciones (c)

El anterior requerimiento fue notificado por fijación en lista, de fecha 2015-11-17

Elaboró: Mario Andres Forero
Revisó: Sandra Carolina Crespo

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES PARA EL Radicado N° 14-42269-00000-0000						
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA (anexar pantallazo o reporte en PDF, junto con los boleanos utilizados)						
Palabras clave utilizadas		H5 protein clade 1, H5N1 virus, infections H5N1, H5 protein (2), Newcastle disease virus, vaccine				
CLASIFICACIONES INTERNACIONALES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		A61K 039/012.				
BASES DE DATOS CONSULTADAS.						
Patentscope		Google/patents				
NCBI		PatBase				
Espacenet		Sciencedirect				
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
PCT INTERNATIONAL SEARCH REPORT EPO	26/noviembre/2012	Hessel A. <i>et al.</i> , 2011. "Vectors Based on Modified Vaccinia Ankara Expressing Influenza H5N1 Hemagglutinin Induce Substantial Cross – Clade Protective Immunity"	1 - 40	Novedad/ Nivel inventivo	X	
		WO2008/052173	1 - 40	Nivel inventivo		X
		WO2007/053446	1 – 18, 24 - 40	Nivel inventivo		X
DOCUMENTOS ADICIONALES ENCONTRADOS POR EL EXAMINADOR DE ACUERDO A LOS CRITERIOS DE BÚSQUEDA.						
CN1781553						
US7981428						
US2008193471						
US2007184526						
US2005009008						
US2010278834						
US2009169505						
US2011305748						
WO15099609						
US2014234357						
US2014314777						
US2014199337						
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	dbj BAE07201.1 Secuencia de	US2008193471 Secuencia de				

	aminoácidos presenta un 100% de identidad y cobertura	aminoácidos SEQ ID NO: 1, presenta un 98% de identidad y 100% cobertura			
SEQ ID NO: 2	gblAAR99628.1 Secuencia de aminoácidos presenta un 100% de identidad y cobertura				
SEQ ID NO: 5	US7981428 SEC ID NO: 7. Secuencia de aminoácidos presenta un 98% de identidad				
SEQ ID NO: 6	gblAAT39066.1 Secuencia de aminoácidos presenta un 100% de identidad y cobertura				
SEQ ID NO: 7	gblAAR99628.1 Secuencia de aminoácidos presenta un 100% de identidad y cobertura				
SEQ ID NO: 8	gblACA29672.1 Secuencia de aminoácidos presenta un 100% de identidad y cobertura				
SEQ ID NO: 9	US2007184526 SEC ID NO: 53. Secuencia de aminoácidos presenta un 97% de identidad y 100% y cobertura				
SEQ ID NO: 15	US2007184526 SEC ID NO: 34. Secuencia de aminoácidos presenta un 97% de identidad y 99% y cobertura				

7) Family number: 49578587 (US2011305748A)

PatBase

Title: VACCINES FOR PANDEMIC INFLUENZA

Abstract: Source: US2011305748A Pharmaceutical and vaccine compositions comprise recombinant hemagglutinin from a pre-pandemic or pandemic influenza virus and an adjuvant comprising GLA. A particularly relevant pre-pandemic influenza virus is H5N1. Kits and methods of using the compositions are also provided.

Classifications:

International (IPC 8-9): A61K A61K39/145 A61K39/39 A61K9/127 A61P31/16 A61P37/04 (Advanced/Invention)

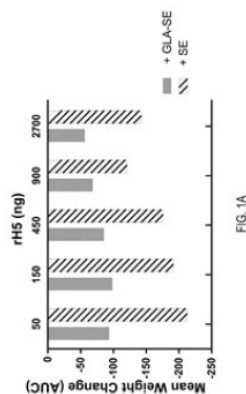
CPC: A61K39/12 A61K2039/55511 A61K2039/55583 C12N2760/16134 C12N2760/16234

European: A61K39/12 A61K39/145 K61K39/555B K61K39/555B15 M12N760/16134 M12N760/16234

US: 424/192.1 424/192.100S 424/210.1 424/210.100S 424/450 424/450P

PatBase - US2011305748_AA

Patent Application Publication Dec. 15, 2011 Sheet 1 of 12 US 2011/0305748 A1



11) Family number: 53080580 (US2014199337A)

PatBase

Title: INFLUENZA H5 VACCINES

Abstract: Source: US2014199337A The present invention is based on the surprising finding that H5 protein of **clade 1** H5N1 induces, in particular by a single-shot vaccination, a cross-**clade** protective immune response to influenza viruses with H5N1 HA. In one aspect, the invention is thus directed to H5 protein of **clade 1** H5N1 virus for use in a method of treating or preventing infections with H5N1 virus of a different **clade**, namely of a **clade** different from **clade 1** or from any **clade** with the exception of **clade 1**, respectively.

Classifications:

International (IPC 8-9): A61K A61K35/76 A61K39/00 A61K39/145 A61K39/17 A61K39/295 A61P31/12 A61P31/16 C07K14/005 C07K14/11 C07K14/115 C07K14/125 C07K14/285 C12N7/00 C12N7/04 (Advanced/Invention)

CPC: A61K2039/5256 A61K2039/55566 C12N2760/16134 C07K14/005 A61K39/17 A61K39/145 A61K2039/55555 A61K2039/70 C12N2710/14043 C12N2760/18134 A61K39/12

US: 424/186.1 530/350

PatBase - US2014199337_A1

1

1. INFLUENZA VIRUS

2. H5N1 VIRUS

3. H5N1 VIRUS

4. H5N1 VIRUS

5. H5N1 VIRUS

6. H5N1 VIRUS

7. H5N1 VIRUS

8. H5N1 VIRUS

9. H5N1 VIRUS

10. H5N1 VIRUS

11. H5N1 VIRUS

12. H5N1 VIRUS

13. H5N1 VIRUS

14. H5N1 VIRUS

15. H5N1 VIRUS

16. H5N1 VIRUS

17. H5N1 VIRUS

18. H5N1 VIRUS

19. H5N1 VIRUS

20. H5N1 VIRUS

21. H5N1 VIRUS

22. H5N1 VIRUS

23. H5N1 VIRUS

24. H5N1 VIRUS

25. H5N1 VIRUS

26. H5N1 VIRUS

27. H5N1 VIRUS

28. H5N1 VIRUS

29. H5N1 VIRUS

30. H5N1 VIRUS

31. H5N1 VIRUS

32. H5N1 VIRUS

33. H5N1 VIRUS

34. H5N1 VIRUS

35. H5N1 VIRUS

36. H5N1 VIRUS

37. H5N1 VIRUS

38. H5N1 VIRUS

39. H5N1 VIRUS

40. H5N1 VIRUS

41. H5N1 VIRUS

42. H5N1 VIRUS

43. H5N1 VIRUS

44. H5N1 VIRUS

45. H5N1 VIRUS

46. H5N1 VIRUS

47. H5N1 VIRUS

48. H5N1 VIRUS

49. H5N1 VIRUS

50. H5N1 VIRUS

51. H5N1 VIRUS

52. H5N1 VIRUS

53. H5N1 VIRUS

54. H5N1 VIRUS

55. H5N1 VIRUS

56. H5N1 VIRUS

57. H5N1 VIRUS

58. H5N1 VIRUS

59. H5N1 VIRUS

60. H5N1 VIRUS

61. H5N1 VIRUS

62. H5N1 VIRUS

63. H5N1 VIRUS

64. H5N1 VIRUS

65. H5N1 VIRUS

66. H5N1 VIRUS

67. H5N1 VIRUS

68. H5N1 VIRUS

69. H5N1 VIRUS

70. H5N1 VIRUS

71. H5N1 VIRUS

72. H5N1 VIRUS

73. H5N1 VIRUS

74. H5N1 VIRUS

75. H5N1 VIRUS

76. H5N1 VIRUS

77. H5N1 VIRUS

78. H5N1 VIRUS

79. H5N1 VIRUS

80. H5N1 VIRUS

81. H5N1 VIRUS

82. H5N1 VIRUS

83. H5N1 VIRUS

84. H5N1 VIRUS

85. H5N1 VIRUS

86. H5N1 VIRUS

87. H5N1 VIRUS

88. H5N1 VIRUS

89. H5N1 VIRUS

90. H5N1 VIRUS

91. H5N1 VIRUS

92. H5N1 VIRUS

93. H5N1 VIRUS

94. H5N1 VIRUS

95. H5N1 VIRUS

96. H5N1 VIRUS

97. H5N1 VIRUS

98. H5N1 VIRUS

99. H5N1 VIRUS

100. H5N1 VIRUS

10) Family number: 50951268 (US2013288338A)

Title: RECOMBINANT VACCINIA VIRUS HAVING HEMAGGLUTININ **PROTEIN** GENES DERIVED FROM NOVEL INFLUENZA VIRUSES

Abstract: Source: US2013288338A Provided are a highly-safe recombinant vaccinia virus that is effective in preventing the onset of symptoms due to infection by novel influenza viruses, and a vaccine for the novel influenza viruses containing the recombinant vaccinia virus. This recombinant vaccinia virus is capable of expressing the hemagglutinin **protein** genes of the novel influenza virus. This novel influenza vaccine contains the recombinant vaccinia virus.

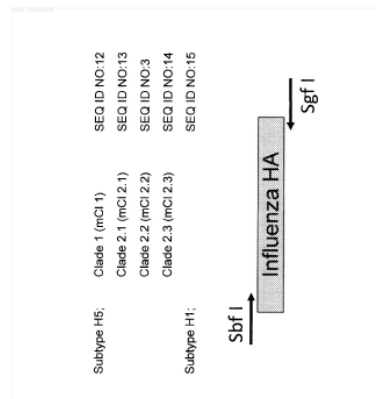
Classifications:

International (IPC 8-9): A61K31/711 A61K35/76 A61K39/145 A61K48/00 A61P31/16 C12N15/09 C12N15/44 C12N7/01 C12N7/04 (Advanced/Invention)

CPC: A61K2039/5256 A61K2039/545 C12N2710/24143 C12N2760/16134 A61K39/145 A61K31/711 A61K39/12 C07K14/005 C12N2760/16122

European: A61K31/711

US: 435/235.1



13) Family number: 57224005 (US2014234357A)

Title: H5 **PROTEINS** OF H5N1 INFLUENZA VIRUS FOR USE AS A MEDICAMENT

Abstract: Source: US2014234357A The present invention is based on the surprising finding that H5 **protein** of **clade** 1 H5N1 induces, in particular by a single-shot vaccination, a cross-**clade** protective immune response to influenza viruses with H5N1 HA. In one aspect, the invention is thus directed to H5 **protein** of **clade** 1 H5N1 virus for use in a method of treating or preventing infections with H5N1 virus of a different **clade**, wherein the H5N1 virus of a different **clade** comprises a particular polynucleotide and/or H5 **protein**.

Classifications:

International (IPC 8-9): A61K39/145 C07K14/005 (Advanced/Invention)

CPC: A61K39/145 C07K14/005 A61K2039/5256 A61K2039/55566 C12N2760/16134 A61K39/155 A61K2039/5252 A61K2039/55555 A61K2039/58 A61K2039/70 C12N2760/18134 A61K39/12

US: 424/186.1 530/350

Family:

Publication number	Publication date	Application number	Application date
US2014234357 AA	20140821	US20140184919	20140220
WO14127825 A1	20140828	WO2013EP53505	20130221

Priority:

WO2013EP53505 20130221

Probable Assignee: BOEHRINGER INGELHEIM VETMEDICA GMBH

Assignee(s): BOEHRINGER INGELHEIM VETMED ; MUNDT EGBERT SIEGFRIED

Assignee(s): BOEHRINGER INGELHEIM VETMEDICA GMBH

Inventor(s): MUNDT EGBERT ; MUNDT EGBERT SIEGFRIED

Agent(s): SIMON ELKE ET AL

Designated states: AE AG AL AM AO AT AU AZ BA BB BE BF BG BH BJ BN BR BW BY BZ CA CF CG CH CI CL CM CN CO CR CU CY CZ DE DK DM DO DZ EC EE EG ES FI FR GA GB GD GE GH GM GN GQ GR GT GW HN HR HU ID IE IL IN IS IT JP KE KG KM KN KP KR KZ LA LC LK LR LS LT LU LV LY MA MC MD ME MG MK ML MN MR MT MW MX MY MZ NA NE NG NI NL NO NZ OM PA PE PG PH PL PT QA RO RS RU RW SC SD SE SG SI SK SL SM SN ST SV SY SZ TD TG TH TJ TM TN TR TT TZ UA UG US UZ VC VN ZA ZM ZW

14) Family number: 59636088 (WO15099609A1)

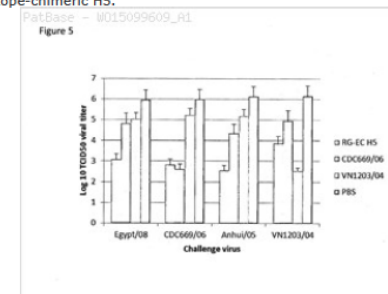
Title: MONOVALENT H5 VACCINE

Abstract: The present invention relates to a monovalent H5N1 vaccine. More specifically, the present invention relates to the development of a monovalent H5 vaccine strain using hemagglutinin (HA) engineering to elicit cross-**clade** protection. The present invention also relates to an epitope-chimeric H5 and to a reverse genetics (RG) influenza virus expressing the epitope-chimeric H5.

Classifications:

International (IPC 8-9): A61K39/145 A61P31/16 C07H21/04 C07K14/11 C12N15/44 C12N7/01 (Advanced/Invention)

CPC: A61K39/145 C07K14/11



Búsqueda de secuencias

SEQ ID NO: 1

hemagglutinin [Influenza A virus (A/Hong Kong/213/2003(H5N1))]
Sequence ID: [dbj|BAE07201.1](#) Length: 568 Number of Matches: 1
[► See 1 more title\(s\)](#)

Range 1: 17 to 568 [GenPept](#) [Graphics](#) [▼](#) Next Match [▲](#) Previous Match

Score	Expect	Identities	Positives	Gaps
1879 bits(4265)	0.0	552/552(100%)	552/552(100%)	0/552(0%)
Query 1	DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDLGVKPLILRDCSVAGW			60
Sbjct 17	DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDLGVKPLILRDCSVAGW			76
Query 61	LLGNPMCDEFINVPWESIYEKANPANDLCYPGDPNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKN			120
Sbjct 77	LLGNPMCDEFINVPWESIYEKANPANDLCYPGDPNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKN			136
Query 121	SWSSHEASLGVSACPYQGSFFFRNVVWL IKKNAYPTIKRSYNNTNQEDLLVLWGIHH			180
Sbjct 137	SWSSHEASLGVSACPYQGSFFFRNVVWL IKKNAYPTIKRSYNNTNQEDLLVLWGIHH			196
Query 181	PNDAAEQTRLVQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQNGRMEFFWTILKPNDAIN			240
Sbjct 197	PNDAAEQTRLVQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGQNGRMEFFWTILKPNDAIN			256
Query 241	FESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNHPLTIG			300
Sbjct 257	FESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSELEYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNHPLTIG			316
Query 301	ECPKYVKSRLVLATGLRNSPQRERRRRKGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWGYGHSNEQ			360
Sbjct 317	ECPKYVKSRLVLATGLRNSPQRERRRRKGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWGYGHSNEQ			376
Query 361	GSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKKMEDGFLD			420
Sbjct 377	GSYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKKMEDGFLD			436
Query 421	WVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEYHKCDNECME			480
Sbjct 437	WVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEYHKCDNECME			496
Query 481	SVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLSLWM			540
Sbjct 497	SVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLSLWM			556
Query 541	CSNGSLQCRICI 552			
Sbjct 557	CSNGSLQCRICI 568			

SEQ ID NO: 2

hemagglutinin subtype H5 [Influenza A virus (A/duck/China/E319-2/03(H5N1))]
Sequence ID: [gb|AAR99628.1](#) Length: 567 Number of Matches: 1

Range 1: 17 to 567 [GenPept](#) [Graphics](#) [▼](#) Next Match [▲](#) Previous Match

Score	Expect	Identities	Positives	Gaps
1874 bits(4253)	0.0	551/551(100%)	551/551(100%)	0/551(0%)
Query 1	DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDLGVKPLILRDCSVAGW			60
Sbjct 17	DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDLGVKPLILRDCSVAGW			76
Query 61	LLGNPMCDEFINVPWESIYEKANPANDLCYPGNPNDEELKHLISRINHFEKIQIIPKS			120
Sbjct 77	LLGNPMCDEFINVPWESIYEKANPANDLCYPGNPNDEELKHLISRINHFEKIQIIPKS			136
Query 121	SWSDHEASSGVSSACPYQGSFFFRNVVWL IKKNDAYPTIKRSYNNTNQEDLLVLWGIHH			180
Sbjct 137	SWSDHEASSGVSSACPYQGSFFFRNVVWL IKKNDAYPTIKRSYNNTNQEDLLVLWGIHH			196
Query 181	PNDAAEQTRLVQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGSQSRMDFFWTILKPNDAIN			240
Sbjct 197	PNDAAEQTRLVQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATR SKVNGSQSRMDFFWTILKPNDAIN			256
Query 241	FESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSEVEYGNCTKCQTPMGAINSSMPFHNHPLTIG			300
Sbjct 257	FESNGNFIAPYAYKIVKKGDSAIMKSEVEYGNCTKCQTPMGAINSSMPFHNHPLTIG			316
Query 301	ECPKYVKSRLVLATGLRNSPQRERRRRKGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWGYGHSNEQG			360
Sbjct 317	ECPKYVKSRLVLATGLRNSPQRERRRRKGLFGAIAGFIEGGWQGMVDGWGYGHSNEQG			376
Query 361	SGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKKMEDGFLDV			420
Sbjct 377	SGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKKMEDGFLDV			436
Query 421	WVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEYHKCDNECMES			480
Sbjct 437	WVTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEYHKCDNECMES			496
Query 481	VRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLSLWMC			540
Sbjct 497	VRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLSLWMC			556
Query 541	SNGSLQCRICI 551			
Sbjct 557	SNGSLQCRICI 567			

SEQ ID NO: 5

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) [Selected:0](#)

Alignments

Download

GenPept

Graphics

Distance tree of results

Multiple alignment

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Sequence 4 from patent US 8202967	1929	1929	100%	0.0	100%	AFN93795.1
Sequence 2 from patent US 8202967	1912	1912	100%	0.0	99%	AFN93793.1
Sequence 3 from patent US 8202967	1893	1893	100%	0.0	98%	AFN93794.1
unnamed protein product (synthetic construct)	1892	1892	100%	0.0	98%	CDI30189.1
Sequence 7 from patent US 7981428	1887	1887	100%	0.0	98%	AEL90875.1
Sequence 34 from patent US 8815522	1883	1883	100%	0.0	98%	AJIM65712.1
Sequence 24 from patent US 7910112	1883	1883	100%	0.0	98%	AED70851.1
Sequence 112 from patent US 8192927	1882	1882	99%	0.0	98%	AFL38733.1
Sequence 1 from patent US 8900585	1879	1879	100%	0.0	98%	AJIN67426.1
Sequence 5 from patent US 7981428	1876	1876	100%	0.0	98%	AEL90874.1

US_7981428_B2_7
Sequence ID: [Id|Query_163363](#) Length: 568 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 568 [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps				
1170 bits(3026)	0.0	Compositional matrix adjust.	557/568(98%)	563/568(99%)	0/568(0%)				
Query 1	MEKTVLLLAIVSLVKS	DQICIGYHANNSTEQ	VDTIMEKNVTVTHAQD	ILEKTHNGKLC	DL 60				
Sbjct 1	MEK VLLLAIVSLVKS	DQICIG HANNSTEQ	VDTIMEKNVTVTHAQD	ILEKTHNGKLC	DL 60				
Query 61	DGVKPLILRDCSVAGW	LLGNP	MCDEFINVP	EWYSYIVEKANP	ANDLCYPGNFNDYEELKHL 120				
Sbjct 61	DGVKPLILRDCSVAGW	LLGNP	MCDEFINVP	EWYSYIVEKANP	ANDLCYPGNFNDYEELKHL 120				
Query 121	LSRINHFEKIQIIPK	+SWS	DHEASSGVSSACPYQ	GSSSFFRN	VVWLKKN	NAYPTIKRSY 180			
Sbjct 121	LSRINHFEKIQIIPK	+SWS	DHEASSGVSSACPYQ	GSSSFFRN	VVWLKKN	NAYPTIKRSY 180			
Query 181	NNINQEDLLVLWGI	HHPNDAAEQ	TRLYQNPTTYISV	GTSTLNQRLVP	KIATRSK	VNGQNG 240			
Sbjct 181	NNINQEDLLVLWGI	HHPNDAAEQ	TRLYQNPTTYISV	GTSTLNQRLVP	KIATRSK	VNGQNG+G 240			
Query 241	RMDFFWTILKPNDA	INFESNGN	FIAP	EYAYKIVK	KGDSAIMKSE	VEYGN	CNTKCQTPMGA 300		
Sbjct 241	RMDFFWTILKPNDA	INFESNGN	FIAP	EYAYKIVK	KGDSIMKSE	VEYGN	CNTKCQTPMGA 300		
Query 301	INSSMPFHNIHPLT	IG	CEPKYVKS	NKLVLATGLR	NSPQRR	RRRKRGLFGA	IAGFIEGGW 360		
Sbjct 301	INSSMPFHNIHPLT	IG	CEPKYVKS	NKLVLATGLR	NSPQRR	RRRKRGLFGA	IAGFIEGGW 360		
Query 361	QGMVDGWYGYHHS	NEQSG	YAADKE	STQKAIDG	VTNKVNSIIDKM	NTQFE	AVGREFN	NLE 420	
Sbjct 361	QGMVDGWYGYHHS	NEQSG	YAADKE	STQKAIDG	VTNKVNSIIDKM	NTQFE	AVGREFN	NLE 420	
Query 421	RRIENLNKKMEDG	FLDVW	TYN	AEALLVLMEN	ERTLDFH	DSNVKN	LYDKVRLQ	LRD	NAKELG 480
Sbjct 421	RRIENLNKKMEDG	FLDVW	TYN	AEALLVLMEN	ERTLDFH	DSNVKN	LYDKVRLQ	LRD	NAKELG 480
Query 481	NGCFEFYHKCDNE	CME	SVRNGTYDYPQ	YSEEARLKREEIS	GVKLESIGTYQ	ILSIYSTVA 540			
Sbjct 481	NGCFEFYHKCDNE	CME	SVRNGTYDYPQ	YSEEARLKREEIS	GVKLESIGTYQ	ILSIYSTVA 540			
Query 541	SSLALAIMVAGLSL	WMCSNGSLQCRICI 568							
Sbjct 541	SSLALAIMVAGLSL	WMCSNGSLQCRICI 568							

SEQ ID NO: 6

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments

Download

GenPept

Graphics

Distance tree of results

Multiple alignment

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Sequence 7 from patent US 883123	899	899	100%	0.0	100%	AJN51992.1
☐	Sequence 5 from patent US 8202967	899	899	100%	0.0	100%	AFN93796.1
☐	Sequence 668 from patent US 8287859	891	891	100%	0.0	99%	AGB59029.1
☐	Sequence 667 from patent US 8287859	891	891	100%	0.0	99%	AGB59028.1
☐	Sequence 3 from patent US 8202967	891	891	100%	0.0	99%	AFN93794.1
☐	Sequence 35 from patent US 8080255	891	891	100%	0.0	99%	AEF16632.1
☐	Sequence 34 from patent US 8080255	891	891	100%	0.0	99%	AEF16631.1
☐	Sequence 13 from patent US 7981428	891	891	100%	0.0	99%	AEL90880.1
☐	Sequence 13 from patent US 7504109	891	891	100%	0.0	99%	ACP82361.1
☐	Sequence 111 from patent US 8512711	867	867	100%	0.0	97%	AGV94261.1

Download GenPept Graphics

hemagglutinin, partial [Influenza A virus (A/Hong Kong/213/2003(H5N1))]
Sequence ID: [gb|AAT39066.1](#) Length: 531 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 263 [GenPept](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Positives	Gaps
899 bits(2037)	0.0	263/263(100%)	263/263(100%)	0/263(0%)
Query 1	HANNWTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDLGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMC	60		
Sbjct 1	HANNWTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDLGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMC	60		
Query 61	DEFINVPWSYIVEKANPANDLCYPGDFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKNSWSHEA	120		
Sbjct 61	DEFINVPWSYIVEKANPANDLCYPGDFNDYEELKHLISRINHFEKIQIIPKNSWSHEA	120		
Query 121	SLGVSSACPYQKSSFFRNVVWLKKNNAIPTIKRSYNNNTQEDLLVLWGIHHPNDAAEQ	180		
Sbjct 121	SLGVSSACPYQKSSFFRNVVWLKKNNAIPTIKRSYNNNTQEDLLVLWGIHHPNDAAEQ	180		
Query 181	TRLQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNGQNGRMEFFWTILKPDAINFESNGNF	240		
Sbjct 181	TRLQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNGQNGRMEFFWTILKPDAINFESNGNF	240		
Query 241	IAPEYAYKIVKKGDSAIMKSELE	263		
Sbjct 241	IAPEYAYKIVKKGDSAIMKSELE	263		

SEQ ID NO: 7

Download GenPept Graphics

hemagglutinin subtype H5 [Influenza A virus (A/duck/China/E319-2/03(H5N1))]
Sequence ID: [gb|AAR99628.1](#) Length: 567 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 286 [GenPept](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Positives	Gaps
970 bits(2199)	0.0	286/286(100%)	286/286(100%)	0/286(0%)
Query 5	MEKTVLLLAIVSLVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDL	64		
Sbjct 1	MEKTVLLLAIVSLVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDDL	60		
Query 65	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDEFINVPWSYIVEKANPANDLCYPGNFNDYEELKHL	124		
Sbjct 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDEFINVPWSYIVEKANPANDLCYPGNFNDYEELKHL	120		
Query 125	LSRINHFEKIQIIPKSSWSDEASSGVSSACPYQGSSTFFRNVVWLKKNDAIPTIKRSY	184		
Sbjct 121	LSRINHFEKIQIIPKSSWSDEASSGVSSACPYQGSSTFFRNVVWLKKNDAIPTIKRSY	180		
Query 185	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNGQSG	244		
Sbjct 181	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNGQSG	240		
Query 245	RMDFFWTILKPDAINFESNGNFIAPAYKIVKKGDSAIMKSEVE	290		
Sbjct 241	RMDFFWTILKPDAINFESNGNFIAPAYKIVKKGDSAIMKSEVE	286		

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

[Alignments](#) [Download](#) [GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#)

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Sequence 6 from patent US 8202967	981	981	100%	0.0	100%	AFN93797.1
☐	Sequence 2 from patent US 8202967	970	970	98%	0.0	100%	AFN93793.1
☐	Sequence 4 from patent US 8202967	962	962	98%	0.0	99%	AFN93795.1
☐	unnamed protein product [synthetic construct]	950	950	98%	0.0	98%	CDI30189.1
☐	Sequence 114 from patent US 8192927	947	947	98%	0.0	98%	AFL38735.1
☐	Sequence 112 from patent US 8192927	947	947	98%	0.0	98%	AFL38733.1
☐	Sequence 18 from patent US 7981428	946	946	96%	0.0	100%	AEL90885.1
☐	Sequence 44 from patent US 8658354	942	942	98%	0.0	97%	AHL65190.1
☐	Sequence 24 from patent US 7910112	940	940	98%	0.0	98%	AED70851.1
☐	unnamed protein product [synthetic construct]	940	940	98%	0.0	98%	CBX55726.1

SEQ ID NO: 8

hemagglutinin [Influenza A virus (A/chicken/Egypt/07202-NLQP/2007(H5N1))]

Sequence ID: [gb|ACA29672.1](#) Length: 568 Number of Matches: 1

[See 7 more title\(s\)](#)

Range 1: 1 to 562 [GenPept](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Positives	Gaps
1904 bits(4322)	0.0	562/562(100%)	562/562(100%)	0/562(0%)
Query 1	MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDL	60		
Sbjct 1	MEKIVLLLAIVSLVKSQDQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDL	60		
Query 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDLFLNVSEWSYIVEKINPANDLCYPGNFNNYEELKHL	120		
Sbjct 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDLFLNVSEWSYIVEKINPANDLCYPGNFNNYEELKHL	120		
Query 121	LSRINRFEKIQIIPKSSWPDHEASSGVSSACPYQGGPSFYRNVVWLIKKNAYPTIKKSY	180		
Sbjct 121	LSRINRFEKIQIIPKSSWPDHEASSGVSSACPYQGGPSFYRNVVWLIKKNAYPTIKKSY	180		
Query 181	HNTNQEDLLVLWGIHHPNDEAEQTRLYQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSG	240		
Sbjct 181	HNTNQEDLLVLWGIHHPNDEAEQTRLYQNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSG	240		
Query 241	RVEFFWTILKSNDAINFESNGFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELEYGNCNTKQCTPIGA	300		
Sbjct 241	RVEFFWTILKSNDAINFESNGFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELEYGNCNTKQCTPIGA	300		
Query 301	INSSMPFHHIPLTIGECPKYVKSNNRLVLATGLRNSPQGERRRKKRGLFGAIGFIEGGW	360		
Sbjct 301	INSSMPFHHIPLTIGECPKYVKSNNRLVLATGLRNSPQGERRRKKRGLFGAIGFIEGGW	360		
Query 361	QGMVDGWYGYHHSNEQSGGYAADKESTQKALDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLE	420		
Sbjct 361	QGMVDGWYGYHHSNEQSGGYAADKESTQKALDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLE	420		
Query 421	RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELG	480		
Sbjct 421	RRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELG	480		
Query 481	NGCFEFYHRCDNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA	540		
Sbjct 481	NGCFEFYHRCDNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA	540		
Query 541	SSLALAIMVAGLFLWMCSNGSL	562		
Sbjct 541	SSLALAIMVAGLFLWMCSNGSL	562		

SEQ ID NO: 9

SEQ ID NO: 53 de US2007184526

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

[Alignments](#) [Download](#) [GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#)

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Sequence 99 from patent US 8512711	1875	1875	100%	0.0	98%	AGV94249.1
☐	Sequence 8 from patent US 8394384	1871	1871	100%	0.0	98%	AGM89008.1
☐	Sequence 116 from patent US 8512711	1865	1865	100%	0.0	97%	AGV94286.1
☐	Sequence 4 from patent US 8086887	1865	1865	100%	0.0	97%	AKK41327.1
☐	Sequence 48 from patent US 8658354	1864	1864	100%	0.0	97%	AHL65192.1
☐	Sequence 118 from patent US 8512711	1860	1860	100%	0.0	97%	AGV94288.1
☐	Sequence 6 from patent US 8794819	1850	1850	100%	0.0	96%	AJM35741.1
☐	Sequence 53 from patent US 8080255	1847	1847	100%	0.0	97%	AEX16638.1
☐	Sequence 17 from patent US 8871220	1846	1846	100%	0.0	97%	AJM42919.1
☐	Sequence 40 from patent US 8815622	1842	1842	99%	0.0	97%	AJM85718.1

Query: SEQ ID NO: 9 de la solicitud
Sbjct: SEQ ID NO: 53 de US2007184526

US20070184526A1 53

Sequence ID: lc|Query_164903 Length: 564 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 564		Graphics				Next Match	Previous Match
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps		
1139 bits(2945)	0.0	Compositional matrix adjust.	549/568(97%)	555/568(97%)	5/568(0%)		
Query 1	MEKIMLLLAIVSLVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCNL				60		
Sbjct 1	MEKI+LLLAIVSLVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLC+L				60		
Query 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDLFLNVPWSYIVEKINPANDLCYPGKFNDEELKHL				120		
Sbjct 61	DGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDLFLNVPWSYIVEKINPANDLCYPG FNDYEELKHL				120		
Query 121	LSRINHFEKIQIIPRNSWSDHE-TSGVSSACQYQGRSSFFRNVVWLTKKDNYSTIKRSY				179		
Sbjct 121	LSRINHFEKIQIIP++SWSDHE +SGVSSAC YQGRSSFFRNVVWL KK+NAY TIKRSY				180		
Query 180	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSG				239		
Sbjct 181	NNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSG				240		
Query 240	RMEFFWTILKSNDAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELYGNCNTKCQTPIGA				299		
Sbjct 241	RMEFFWTILK NDAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELYGNCNTKCQTPIGA				300		
Query 300	INSSMPFHNHPLTIGECPKYVKSRLVLATGLRNSPQEERRRKRGLFGAAGFIEGGW				359		
Sbjct 301	INSSMPFHNHPLTIGECPKYVKSRLVLATGLRNSPQ E RGLFGAAGFIEGGW				356		
Query 360	QGMVDGWGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLE				419		
Sbjct 357	QGMVDGWGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLE				416		
Query 420	RRRIENLNKMKEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELG				479		
Sbjct 417	RRRIENLNKMKEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELG				476		
Query 480	NGCFEFYHRCDCNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA				539		
Sbjct 477	NGCFEFYHRCDCNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVA				536		
Query 540	SSLALAIMVAGLFLWMCSSNGSLQCRICI 567						
Sbjct 537	SSLALAIMVAGL LWMCSNGSLQCRICI 564						

Query: SEQ ID NO: 15 de la solicitud
Sbjct: SEQ ID NO: 34 de US2007184526

US_2007_0184526_A1_34

Sequence ID: lc|Query_111719 Length: 572 Number of Matches: 1

Range 1: 15 to 553		Graphics				Next Match	Previous Match
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps		
1080 bits(2793)	0.0	Compositional matrix adjust.	517/539(96%)	526/539(97%)	1/539(0%)		
Query 3	VSIVKSQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCNL				62		
Sbjct 15	VS DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLC+LDGVKPLILRD				74		
Query 63	CSVAGWLLGNPMCDLFLNVPWSYIVEKINPTNDLCYPGKFNDEELKHL				122		
Sbjct 75	CSVAGWLLGNPMCDLFLNVPWSYIVEK NP NDLCYPG+FNDEELKHL				134		
Query 123	QIIPKNSWSDHEAS-GVSSACPYQGRSSFFRNVVWLTKKNNAYPTIKSYNNTNQEDLLV				181		
Sbjct 135	QIIPKNSWS HEAS GVSSACPYQG+SSFFRNVVWL KKNNAAYPTIK+SYNNTNQEDLLV				194		
Query 182	LWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSGRMEFFWTILK				241		
Sbjct 195	LWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSGRMEFFWTILK				254		
Query 242	SNDAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSIMKSELYGDCNTKCQTPIGAINSSMPFHNH				301		
Sbjct 255	PNDAINFESNGNFIAPAYAYKIVKKGDSAIMKSELYGNCNTKCQTPMGAINSSMPFHNH				314		
Query 302	HPLTIGECPKYVKSRLVLATGLRNSPQERRRKRGLFGAAGFIEGGWQGMVDGWYGY				361		
Sbjct 315	HPLTIGECPKYVKSRLVLATGLRNSPQERRRKRGLFGAAGFIEGGWQGMVDGWYGY				374		
Query 362	HHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKMK				421		
Sbjct 375	HHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNLERRIENLNKMK				434		
Query 422	EDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHRC				481		
Sbjct 435	EDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNKELGNGCFEFYHRC				494		
Query 482	DNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMV				540		
Sbjct 495	DNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMV				553		

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Alignments  GenPept  Distance tree of results 								
		Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Sequence 99 from patent US 8512711		1107	1107	99%	0.0	98%	AGV94249.1
☐	Sequence 8 from patent US 8394384		1106	1106	99%	0.0	98%	AGM89008.1
☐	Sequence 48 from patent US 8658354		1106	1106	99%	0.0	98%	AHL65192.1
☐	Sequence 4 from patent US 8986987		1105	1105	99%	0.0	98%	AKX41327.1
☐	Sequence 116 from patent US 8512711		1104	1104	99%	0.0	98%	AGV94266.1
☐	Sequence 24 from patent US 8784819		1102	1102	99%	0.0	98%	AJM35759.1
☐	Sequence 118 from patent US 8512711		1102	1102	99%	0.0	98%	AGV94268.1
☐	Sequence 6 from patent US 8784819		1095	1095	99%	0.0	97%	AJM35741.1
☐	Sequence 40 from patent US 8815522		1093	1093	99%	0.0	98%	AJM65718.1
☐	Sequence 17 from patent US 7981428		1091	1091	97%	0.0	98%	AEL90884.1
☐	Sequence 3 from patent US 8202967		1091	1091	99%	0.0	96%	AFN93794.1
☐	Sequence 112 from patent US 8192927		1091	1091	99%	0.0	96%	AFL38733.1
☐	Sequence 7 from patent US 7981428		1091	1091	99%	0.0	96%	AEL90875.1