

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES PARA EL No de Radicación: 13-297842-0004						
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA						
Palabras clave utilizadas		GLP-1 coagonist				
CLASIFICACIONES INTERNACIONALES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		A61K 38/26				
BASES DE DATOS CONSULTADAS.						
NCBI		The Lens		Espacenet		
INFORMES DE EXÁMENES REALIZADOS EN OTRAS OFICINAS						
Oficina	Fecha del examen o de reporte de búsqueda de documentos	Anterioridades encontradas para el examen o reportados en el examen de búsqueda(relacionarios todos)	Reiv. afectadas	RELEVANCIA (requisito que afecta)	FUERON TENIDOS EN CUENTA PARA EL EXAMEN EN LA OFICINA COLOMBIANA	
					SI	NO
EUROPEA	27/11/14	WO2009155528			X	
		WO2010071807			X	
	21/02/13	US20100190701				X
		WO2009155527				X
		WO2000042026				X
USPTO	20/11/14	US20120165503				X
DOCUMENTOS ADICIONALES ENCONTRADOS POR EL EXAMINADOR DE ACUERDO A LOS CRITERIOS DE BÚSQUEDA.						
WO2010096142						
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	
12		WO2010071807 SEQ ID 1707				
		96,6% identidad				
13	GI: 223509					
	86% de identidad					
14		WO2010071807 SEQ ID 1724				
		100% identidad				
15		WO2010071807 SEQ ID 1707				
		93,1% identidad				
16		WO2010071807 SEQ ID 1724				
		93,1% identidad				
17		WO2010096142 SEQ ID 50				
		93,3% identidad				

CRITERIOS DE BÚSQUEDA / UNIDAD DE INVENCIÓN

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2012_177443_12	100.00	96.77	93.55	93.55	90.32	77.42
2: WO_2012_177443_17	96.77	100.00	90.32	90.32	87.10	74.19
3: WO_2012_177443_15	93.55	90.32	100.00	96.77	87.10	74.19
4: WO_2012_177443_16	93.55	90.32	96.77	100.00	90.32	77.42
5: WO_2012_177443_14	90.32	87.10	87.10	90.32	100.00	80.65
6: WO_2012_177443_13	77.42	74.19	74.19	77.42	80.65	100.00

SEQ ID 12

Patent Application WO 2010/071807 A1VIEW DOCUMENT

SEQUENCE LISTING INFORMATION

SEQ ID NO 1707

Referenced in claims

SEQUENCE TYPEAA

SEQUENCE LENGTH29 aa

ORGANISMArtificial

Alignment 1

EVALUE 8.06E-11 LENGTH 29 aa

Query S 96.6%

Hit C 93.5%

SummaryAlignments

ALIGNMENT 1

IDENTITIES 28 / 29 (96.6%)

SCORE 58.15 bits (139)

POSITIVES 28 / 29 (96.6%)

Query 1HXQGTFTSDK SKYLDXRAAQ DFVQWLMDT 29

HXQGTFTSDK SKYLD RAAQ DFVQWLMDT

Hit 1HXQGTFTSDK SKYLDERRAAQ DFVQWLMDT 29

SEQ ID 13

DownloadGenPeptGraphics

glucagon 37

Sequence ID: prf|I0810207A Length: 37 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 30GenPeptGraphics

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Positives	Gaps
75.3 bits(165)	1e-14	23/30(77%)	26/30(86%)	0/30(0%)
Query 1	HXQGTFTSDYSKYLDERRAXEFVCLWLDTK 30			
H	QGTFTSDYSKYLD RRA +FV WL++TK			
Sbjct 1	HSQGTFTSDYSKYLDSRRAQDFVQWLMDTK 30			

SEQ ID No 14

Patent Application WO 2010/071807 A1VIEW DOCUMENT

SEQUENCE LISTING INFORMATION

SEQ ID NO 1724

SEQUENCE TYPEAA

SEQUENCE LENGTH30 aa

ORGANISMArtificial

Alignment 1

EVALUE 2.94E-12 LENGTH 29 aa

Query S 100%

Hit C 93.5%

SummaryAlignments

ALIGNMENT 1

IDENTITIES 29 / 29 (100%)

SCORE 62 bits (149)

POSITIVES 29 / 29 (100%)

Query 1HSQGTFTSDK SKYLDERRAAQ DFVQWLMDT 29

HSQGTFTSDK SKYLDERRAAQ DFVQWLMDT

Hit 1HSQGTFTSDK SKYLDERRAAQ DFVQWLMDT 29

SEQ ID 15

SEQUENCE LISTING INFORMATION

SEQ ID NO 1707



Referenced in claims

SEQUENCE TYPE AA

SEQUENCE LENGTH 29 aa

ORGANISM Artificial

Alignment 1

E VALUE 8.09E-10 LENGTH 29 aa

Query S 93.1%

Hit C 93.5%

Summary

Alignments

ALIGNMENT 1

IDENTITIES 27 / 29 (93.1%)

SCORE 55.45 bits (132)

POSITIVES 27 / 29 (93.1%)

Query 1 HXQGTFTSDK SKYLDXRAAQ DFVQWLXDT 29
HXQGTFTSDK SKYLD RAAQ DFVQWL DT
Hit 1 HXQGTFTSDK SKYLDERAAQ DFVQWLMOT 29

SEQ ID 16

SEQUENCE LISTING INFORMATION

SEQ ID NO 1724



SEQUENCE TYPE AA

SEQUENCE LENGTH 30 aa

ORGANISM Artificial

Alignment 1

E VALUE 1.16E-10 LENGTH 29 aa

Query S 93.1%

Hit C 93.5%

Summary

Alignments

ALIGNMENT 1

IDENTITIES 27 / 29 (93.1%)

SCORE 57.77 bits (138)

POSITIVES 27 / 29 (93.1%)

Query 1 HXQGTFTSDK SKYLDXRAAQ DFVQWLLDT 29
H QGTFTSDK SKYLD RAAQ DFVQWLLDT
Hit 1 HSQGTFTSDK SKYLDERAAQ DFVQWLLDT 29

SEQ ID 17

SEQUENCE LISTING INFORMATION

SEQ ID NO 1724



SEQUENCE TYPE AA

SEQUENCE LENGTH 30 aa

ORGANISM Artificial

Alignment 1

E VALUE 1.16E-10 LENGTH 29 aa

Query S 93.1%

Hit C 93.5%

Summary

Alignments

ALIGNMENT 1

IDENTITIES 27 / 29 (93.1%)

SCORE 57.77 bits (138)

POSITIVES 27 / 29 (93.1%)

Query 1 HXQGTFTSDK SKYLDXRAAQ DFVQWLLDT 29
H QGTFTSDK SKYLD RAAQ DFVQWLLDT
Hit 1 HSQGTFTSDK SKYLDERAAQ DFVQWLLDT 29