

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES PARA EL RADICADO N° 14 - 075370 - 00001 - 0000						
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA (anexar pantallazo o reporte en PDF, junto con los booleanos utilizados)						
Palabras clave utilizadas		Anticuerpo anti-αβTCR, agentes inmunosupresores linfocitos T, complejo αβTCR/CD3 humano, cadena alfa/beta del complejo receptor TCR/CD3				
CLASIFICACIONES INTERNACIONALES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		C07K 16/28.				
BASES DE DATOS CONSULTADAS.						
Patentscope		Google/patents				
NCBI		Sciencedirect				
Espacenet		Researchgate.				
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	28/06/2013	EP0403156 A1	1 – 28	Nivel inventivo	X	
		SHEARMAN C. W. <i>et al.</i> , 1991. "CONSTRUCTION, EXPRESSION AND CHARACTERIZATION OF HUMANIZED ANTIBODIES DIRECTED AGAINST THE HUMAN ALPHA/BETA T CELL RECEPTOR"	1 – 28	Nivel inventivo		X
		WRIGHT A <i>et al.</i> , 1992. "GENETICALLY ENGINEERED ANTIBODIES: PROGRESS AND PROSPECTS"	1 – 28	Nivel inventivo		X
		WO2010027797	1 - 28	Nivel inventivo	X	
		US2008038260	1 - 28	Nivel inventivo		X
DOCUMENTOS ADICIONALES ENCONTRADOS POR EL EXAMINADOR DE ACUERDO A LOS CRITERIOS DE BÚSQUEDA.						
Chouaib <i>et al.</i> , 1996. TCRAlphaBeta and TCRGamma/Delta CD47CDK HLA-DR Alloreactive CTL Clones Do Not Use FASIFAS Ligand Pathway to Lyse Their Specific Target Cells						
Sazinsky <i>et al.</i> , 2008. Aglycosylated immunoglobulin G1 variants productively engage activating Fc receptors						
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: 7		SEQ ID NO: 1 con un 85% de identidad WO2010/027797A1				
SEQ ID NO: 15		SEQ ID NO: 6 96% de identidad WO2010/027797A1				

Búsqueda de SEQ ID NO: 7

Query: SEQ ID NO: 1
Sbjct: SEQ ID NO: 7

unnamed protein product
Sequence ID: lcl|Query_3247 Length: 120 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 120 [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

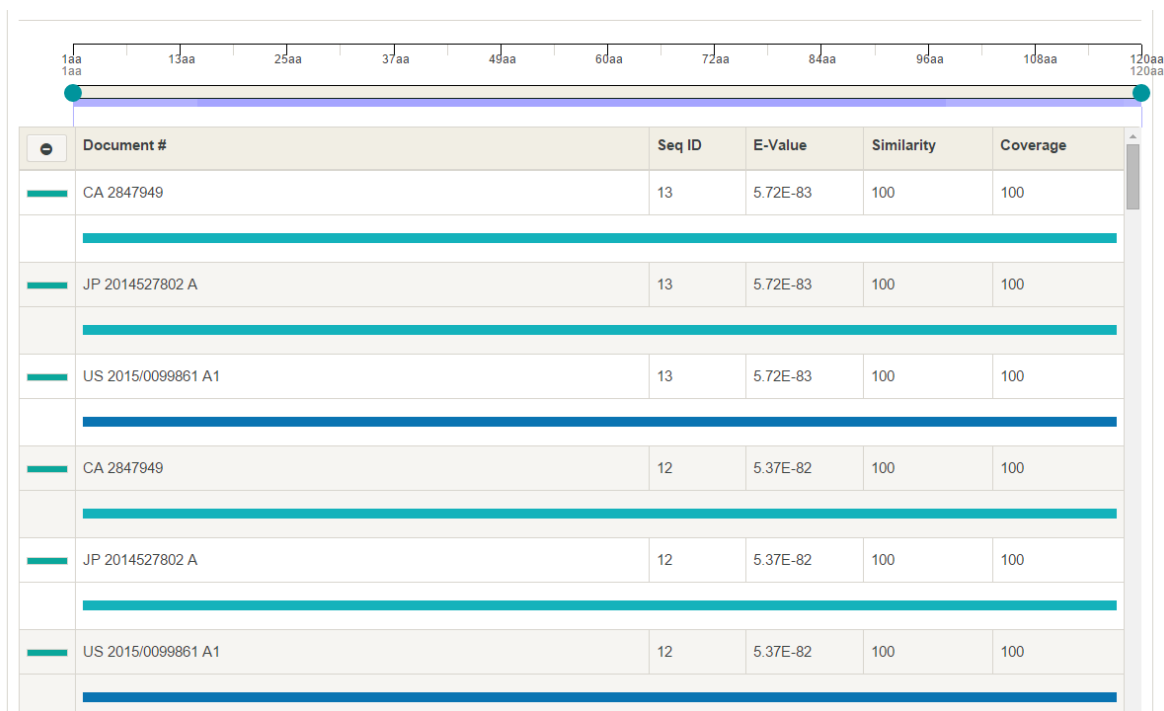
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
225 bits(574)	2e-81	Compositional matrix adjust.	104/120(87%)	114/120(95%)	0/120(0%)
Query 1	EVQLQQSGPELVKPGASVKMSCKASGYKFTSYVMHWKQKPGQGLEWIGYINPYNDVTKY				60
Sbjct 1	EVQLQQSGPELVKPGASVKMSCKASGYKFTSYVMHWKQ PG+GLEWIGYINPYNDVTKY				60
Query 61	NEKFKGKATLTS DKSSSTAYMELSSLTSEDSAVHYCARGSYDYDGFVYWGQGLVTVSA				120
Sbjct 61	NEKFKGKATL+ D S +T Y+++SL +ED+AVHYCARGSYDYDGFVYWGQGLVTVS+				120

Búsqueda de SEQ ID NO: 12

1aa1aa13aa25aa37aa49aa60aa72aa84aa96aa108aa120aa120aa

Document #	Seq ID	E-Value	Similarity	Coverage
CA 2847949	12	5.42E-83	100	100
JP 2014527802 A	12	5.42E-83	100	100
US 2015/0099861 A1	12	5.42E-83	100	100
CA 2847949	13	5.37E-82	100	100
JP 2014527802 A	13	5.37E-82	100	100
US 2015/0099861 A1	13	5.37E-82	100	100

Búsqueda de SEQ ID NO: 13



Búsqueda de SEQ ID NO: 15

Query: SEQ ID NO: 6

Sbjct: SEQ ID NO: 15

unnamed protein product

Sequence ID: lcl|Query_30503 Length: 120 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 120 [Graphics](#)

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
238 bits(608)	1e-86	Compositional matrix adjust.	115/120(96%)	117/120(97%)	0/120(0%)
Query 1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYKFTSYVMHWVRQAPGQGLEWIGYINPYNDVTKY 60				
Sbjct 1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYKFTSYVMHW+QAPGQGLEWIGYINPYNDVTKY 60				
Query 61	NEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDYAVHYCARGSYDDYDGFVYWGQGLTVTVSS 120				
Sbjct 61	NEKFKGRVTIT D S STAYMELSSLRSEDYAV+YCARGSYDDYDGFVYWGQGLTVTVSS 120				

1aa

120aa

Document #	Seq ID	E-Value	Similarity	Coverage
CA 2847949	15	1.99E-82	100	100
JP 2014527802 A	15	1.99E-82	100	100
US 2015/0099861 A1	15	1.99E-82	100	100
CA 2847949	16	4.66E-82	100	100
JP 2014527802 A	16	4.66E-82	100	100
US 2015/0099861 A1	16	4.66E-82	100	100
CA 2847949	24	2.12E-81	99.2	100

Búsqueda de SEQ ID NO: 16

1aa

13aa

25aa

37aa

49aa

60aa

72aa

84aa

96aa

108aa

120aa

120aa

1aa

120aa

Document #

Seq ID

E-Value

Similarity

Coverage

CA 2847949

16

1.27E-82

100

100

JP 2014527802 A

16

1.27E-82

100

100

US 2015/0099861 A1

16

1.27E-82

100

100

CA 2847949

15

4.66E-82

100

100

JP 2014527802 A

15

4.66E-82

100

100

US 2015/0099861 A1

15

4.66E-82

100

100

CA 2847949

24

4.51E-81

99.2

100

Búsqueda de SEQ ID NO: 14

Patent Application WO 2010/027797 A1

VIEW DOCUMENT

SEQUENCE LISTING INFORMATION

SEQ ID NO 12

Referenced in claims

SEQUENCE TYPEAA

SEQUENCE LENGTH106 aa

ORGANISMArtificial

Alignment 1

E VALUE: 6.06E-53 LENGTH 106 aa

Query S 96.2%

Hit C 100%

Summary

Alignments

ALIGNMENT 1

IDENTITIES 96 / 106 (90.6%)

SCORE 171.4 bits (433)

POSITIVES 102 / 106 (96.2%)

Query 1 EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCSATSSVS YMHWYQKPG QAPRRLIYDT 50

EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCSATSSVS YMHWYQKPG +AP+R IYDT

Hit 1 EIVLTQSPAT LSLSPGERAT LSCSATSSVS YMHWYQKPG KAPKRWIYDT 50

Query 51 SKLASGVPAR FXXXXXXXXX XXXXXXLEPE DFAVYQCQW SSNPLTFGGG 100

SKLASGVP+R FSGSGSGT + TLTISL+PE DFA YQCQW SSNPLTFG G

Hit 51 SKLASGVP+R FSGSGSGTEF TLTISLQPE DFATYQCQW SSNPLTFGQG 100

Query 101 TKVEIK 106

TK+EIK

Hit 101 TKLEIK 106

Similarity

Coverage

3.2 100

3.2 100

3.2 100

3.2 100

3.3 100