

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES				
N° de solicitud: NC2016/0001495				
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA (Anexar pantallazo o reporte en PDF, junto con los boléanos utilizados*. Para el caso de secuencias, anexar alineamientos)				
Palabras clave utilizadas		UTI OR ""Urinary Trypsin Inhibitor" FUSION PROTEIN		
CLASIFICACIONES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		CIP: A61K38/17, C07K14/81		
DOCUMENTOS CONSIDERADOS RELEVANTES (documentos patentes, literatura no patente, etc...)				
Informes/Base de datos	N° de solicitud/ Autor**	Fecha de Publicación/Presentación (DD/MM/AAAA)	Reiv. afectadas (Con indicación, si procede, de las partes relevantes o números de secuencias)	Categorías especiales de los documentos citados***
SIPI (Obligatoria)	NA			
ISA(EPO)	CN103044554	17/04/2013	NA	A
	JP2013253079	19/12/2013	NA	A
NCBI (seq id No. 1,2)	NA			
Lens (seq id No. 1,2)	NA			
*** Categorías especiales de documentos citados:				
“A” documento que define el estado general de la técnica no considerado como particularmente relevante. “E” solicitud de patente o patente anterior pero publicada en la fecha de presentación internacional o en fecha posterior. “P” documento publicado antes de la fecha de presentación internacional pero con posterioridad a la fecha de prioridad reivindicada.		“X” documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse nueva o que implique una actividad inventiva por referencia al documento aisladamente considerado. “Y” documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse que implique una actividad inventiva cuando el documento se asocia a otro u otros documentos de la misma naturaleza, cuya combinación resulta evidente para un experto en la materia.		
**** Indicar entre paréntesis la Autoridad que realizó la búsqueda o el informe preliminar Ejs: EPO, JP, INAPI.				

Literatura no patente **Se incluye entre otros, toda la referencia de la literatura no patente.	
--	--

Fecha del reporte de búsqueda:	29/01/2018
--------------------------------	------------

Ncbi

Database	Nucleotide collection (nt)
SEQ ID:	1

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Chain A, Crystallographic Structure Of The Human IgG1 Alpha 2-6 Siallated Fc-fragment	472	472	60%	2e-165	99%	4CDH_A
☐	Fc IgG1 heavy chain constant region [Homo sapiens]	470	470	60%	4e-165	100%	AEV43323.1
☐	Chain A, Fc Heterodimer Design 5.1 T366v + Y407f	469	469	60%	9e-165	99%	5DJD_A
☐	recombinant IgG1 heavy chain [Homo sapiens]	473	473	60%	1e-164	100%	AAG00909.1
☐	immunoglobulin heavy chain [Homo sapiens]	473	473	60%	1e-164	100%	AEL33691.1
☐	Chain A, Fc Heterodimer Design 2.9 L368m/k370e + E357a/s364g	468	468	60%	1e-164	99%	5DJX_A
☐	Hepatitis B virus receptor binding protein [Homo sapiens]	473	473	60%	1e-164	100%	AAS88328.1
☐	Chain A, Fc Heterodimer Design 9.1 Y407m + T366i	468	468	60%	1e-164	99%	5DJA_A
☐	immunoglobulin gamma heavy chain 3 [Homo sapiens]	469	469	60%	2e-164	99%	AAW65947.1
☐	Chain A, Fc Heterodimer Design 7.4 Y407A + T366V/K409V	468	468	60%	2e-164	99%	5DJ2_A
☐	Chain A, Aglycosylated Human IgG1 Fc Fragment	468	468	60%	2e-164	99%	3S7G_A
☐	Chain A, Fc Knob-Hole Heterodimer T366W + T366S/L368A/Y407V	467	467	60%	3e-164	99%	5DI8_A
☐	Chain A, Crystal Structure Of A Ge-GiFC COMPLEX	467	467	60%	5e-164	99%	2GJ7_A

Database	Nucleotide collection (nt)
SEQ ID:	2

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Synthetic construct Leu16-28-z gene, complete cds	769	769	57%	0.0	88%	KX055829.1
☐	Synthetic construct Leu16-28-BB-z-2A-tEGFR gene, complete cds	769	769	57%	0.0	88%	KX055828.1
☐	Synthetic construct bi-specific chimeric antigen receptor 20-19 Long gene, partial cds	769	769	57%	0.0	88%	KX000907.1
☐	Synthetic construct bi-specific chimeric antigen receptor 19-20 Long gene, partial cds	769	769	57%	0.0	88%	KX000905.1
☐	Synthetic construct erythropoietin-IgG1 fusion protein codon gene, complete cds	756	756	58%	0.0	87%	KC329647.1
☐	Synthetic construct Bevacizumab heavy chain gene, complete cds	568	568	58%	2e-157	82%	KX119517.1
☐	Human ORFeome Gateway entry vector pENTR223-AMBP, complete sequence	366	366	38%	7e-97	82%	LT738723.1
☐	Synthetic construct Homo sapiens clone ccsbBroadEn_00060 AMBP gene, encodes complet	366	366	38%	7e-97	82%	KJ890666.1
☐	Synthetic construct Homo sapiens clone IMAGE:100071868; CCSD013590_03 alpha-1-microg	366	366	38%	7e-97	82%	HQ448440.1
☐	Synthetic construct DNA, clone: pF1KB6464, Homo sapiens AMBP gene for alpha-1-microgl	366	366	38%	7e-97	82%	AB463406.1
☐	Homo sapiens alpha-1-microglobulin/bikunin precursor (AMBP), mRNA	366	366	38%	7e-97	82%	NM_001633.3
☐	Synthetic construct Homo sapiens gateway clone IMAGE:100022428 3' read AMBP mRNA	366	366	38%	7e-97	82%	CU692003.1
☐	Homo sapiens cDNA FLJ75351 complete cds, highly similar to Homo sapiens alpha-1-microg	366	366	38%	7e-97	82%	AK290837.1
☐	Homo sapiens growth-inhibiting protein 19 mRNA, complete cds	366	366	38%	7e-97	82%	AY544123.1

Database	Protein sequences derived from the Patent division of GenBank
Entrez terms	uti OR "Urinary Trypsin Inhibitor"
SEQ ID:	1

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Sequence 76 from Patent US 5409895	144	196	34%	1e-46	100%	AAA70572.1
☐	Sequence 86 from Patent US 5409895	144	196	34%	1e-46	100%	AAA70574.1
☐	Sequence 3 from Patent US 5409895	142	191	31%	4e-46	100%	AAA70539.1
☐	Sequence 8 from Patent US 5409895	142	190	31%	5e-46	100%	AAA70544.1
☐	Sequence 103 from Patent US 5409895	142	190	34%	1e-45	98%	AAA70579.1
☐	Sequence 106 from Patent US 5409895	142	190	34%	1e-45	98%	AAA70580.1
☐	Sequence 89 from Patent US 5409895	141	192	34%	2e-45	98%	AAA70575.1
☐	Sequence 6 from Patent US 5409895	139	190	30%	4e-45	98%	AAA70542.1
☐	Sequence 18 from Patent US 5409895	139	184	31%	6e-45	98%	AAA70547.1
☐	Sequence 19 from Patent US 5409895	139	184	31%	6e-45	98%	AAA70548.1
☐	Sequence 5 from Patent US 5409895	139	187	31%	8e-45	98%	AAA70541.1
☐	Sequence 93 from Patent US 5409895	139	195	33%	1e-44	98%	AAA70576.1
☐	Sequence 96 from Patent US 5409895	120	170	29%	2e-37	100%	AAA70577.1

Database	Nucleotide sequences derived from the Patent division of GenBank
Entrez terms	uti OR "Urinary Trypsin Inhibitor"
SEQ ID:	2

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	KR 1020160141718-A/2: UTI FUSION PROTEINS	2078	2078	100%	0.0	100%	LY408799.1
☐	JP 2017512058-A/1: UTI FUSION PROTEINS	2078	2078	100%	0.0	100%	LX251318.1
☐	Sequence 2 from Patent WO2015127391	2078	2078	100%	0.0	100%	LQ059304.1
☐	KR 1020160141718-A/4: UTI FUSION PROTEINS	1984	1984	100%	0.0	98%	LY408800.1
☐	JP 2017512058-A/2: UTI FUSION PROTEINS	1984	1984	100%	0.0	98%	LX251319.1
☐	Sequence 4 from Patent WO2015127391	1984	1984	100%	0.0	98%	LQ059306.1
☐	KR 1020160141718-A/10: UTI FUSION PROTEINS	1973	1973	100%	0.0	98%	LY408803.1
☐	JP 2017512058-A/5: UTI FUSION PROTEINS	1973	1973	100%	0.0	98%	LX251322.1
☐	Sequence 10 from Patent WO2015127391	1973	1973	100%	0.0	98%	LQ059312.1
☐	KR 1020160141718-A/22: UTI FUSION PROTEINS	1951	1951	100%	0.0	98%	LY408809.1
☐	JP 2017512058-A/11: UTI FUSION PROTEINS	1951	1951	100%	0.0	98%	LX251328.1
☐	Sequence 22 from Patent WO2015127391	1951	1951	100%	0.0	98%	LQ059324.1
☐	KR 1020160141718-A/16: UTI FUSION PROTEINS	1930	1930	100%	0.0	97%	LY408806.1