

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES				
N° de solicitud: NC2016/0001634				
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		DNA profile, DNA library, nucleic acid library, DNA multiplex, DNA typing, SNP, STR, Short tandem repeats, single nucleotide polymorphism, primer set, primer plurality, melting temperature, AT rich		
CLASIFICACIONES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		CIP: C12Q 1/68		
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	Categorías especiales de los documentos citados***
SIPI	No se encontraron documentos que puedan afectar la patentabilidad de la solicitud	-	-	-
ISA (EPO)	WO 2006/004659	12/01/2006	1-41, 59	Y
	WO 2012/155054	15/11/2012	-	A
	Rook <i>et al.</i> (2004)	01/01/2004	-	A
	Fraige <i>et al.</i> (2013)	03/2013	-	A
	Kivioja <i>et al.</i> (2012)	20/11/2011	-	A
	Liu <i>et al.</i> (2012)	24/08/2012	-	A
	Phillips <i>et al.</i> (2013)	04/2013	-	A
	Bornman <i>et al.</i> (2012)	01/04/2012	-	A
The Lens	WO 2011/091046 (Búsqueda de secuencias 3, 4, 7, 8)	28/07/2011	1-41, 44-66	X, Y
*** 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	Rook, M. S., Delach, S. M., Deyneko, G., Worlock, A., Wolfe, J. L. 2004. Whole Genome Amplification of DNA from Laser Capture-Microdissected Tissue for High-Throughput Single Nucleotide Polymorphism and Short Tandem Repeat Genotyping Antibody engineering. <i>American Journal of Pathology</i>, Vol 164, No. 1: 23-33 Fraige, K., Travensolo, R. F., Carrilho, E. 2013. Analysis of Seven STR Human loci for Paternity Testing by Microchip Electrophoresis. <i>Braz. Arch. Biol. Technol.</i>, Vol 56, No. 2: 213-221 Kivioja, T., Vähärautio, A., Karlsson, K., Bonke, M., Linnarsson, S., Taipale, J. 2011. Counting absolute number of molecules using unique
-----------------------	--

molecular identifiers. *Nat Methods*, Vol 9(1): 72-74

Liu, J., Huang, S., Sun, M., Liu, S., Liu, Y., Wang, W. et al. 2012. An improved allele-specific PCR primer design method for SNP marker analysis and its application, *Plant Methods*, 8: 34

Phillips, C., Fernandez-Formoso, L., Gelabert-Besada, M., Garcia-Magariños, M., Santos, C., Fondevila, M. et al. 2013, Development of a novel forensic STR multiplex for ancestry analysis and extended identity testing, *Electrophoresis*, Vol. 34: 1151-1162

Bornman, D.M, Hester, M. E., Schuetter, J. M., Kasoji, M. D., Minard-Smith, A. et al. 2012. Short-read, high-throughput sequencing technology for STR genotyping, *Biotech Rapid Dispatches*, 1-6

Fecha del reporte de búsqueda:

02/Febrero/2018

Búsqueda en PatBase



Username: SiC3@patbase.com
Subaccount: Tatiana Vargas

Menu - Search - History - Session - Folder - Order - Help - Logoff

#	Search query	Results	Options
11	SFT=(9 and ((low melt* temperatur*) or (AT near rich*) or (nucleotid* near (24 or 30 or 38 or length or long*))))	102	View Browse Hits Optimise more...
10	TAC=(9 and ((snp or single nucleotide polymorphism) and (STR or ITR or tandem repeat*)))	1	View Browse Hits Optimise more...
9	TAC=(2 and (primer* near (set or plurality or collection or group or multipl*)))	150	View Browse Hits Optimise more...
8	[SP: 1-86. (canceled) 87. a method for constructing a dna profile comprising: providing a nucleic acid sample, amplifying the nucleic acid sample with a plurality of primers that specifically hybridize to at least one target sequence comprising a single nucleotide polymorphism (snp) and at least one target sequence comprising a tandem repeat in a multiplex reaction to generate amplification products, and determining the genotypes of the at least one snp and the at least one tandem repeat i... show full search	8	View Browse Hits Optimise more...
7	TAC=(2 and ((snp or single nucleotide polymorphism) and (STR or ITR or tandem repeat*)))	11	View Browse Hits Optimise more...
6	TAC=(dna genotyp*)	31	View Browse Hits Optimise more...
5	TAC=(dna typi*)	86	View Browse Hits Optimise more...
4	TAC=(dna profil*)	194	View Browse Hits Optimise more...
3	TAC=(dna multiplex*)	7	View Browse Hits Optimise more...
2	TAC=((dna profil*) or (dna multiplex) or (dna librar*) or (nucleic acid librar*))	2022	View Browse Hits Optimise more...
1	TAC=((dna profil*) or (dna librar*) or (nucleic acid librar*))	2018	View Browse Hits Optimise more...

Information | Shortcuts

Command Reference

[Bibliographic data](#)
[Textual data](#)
[Update commands](#)
[Operators](#)
[Navigation / shortcuts](#)

Search tools

[Patent number formats](#)
[PatBase Thesaurus](#)
[Classification finder](#)

[News and Enhancements](#)

[Request online training](#)

[Video tutorials](#)