



ФИПС

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИНСТИТУТ ПРОМЫШЛЕННОЙ СОБСТВЕННОСТИ

«Перечень последовательностей нуклеотидов и аминокислот в характеристике изобретений в области биотехнологии»

ГОРЕТОВА ИРИНА, главный эксперт отдела Биотехнологии и Пищевой Промышленности ФИПС

Разделы презентации

- Типичные биотехнологические объекты изобретения
- Последовательности и их использование в характеристике изобретений в формуле
- Пример поиска последовательности в Базах Данных
- Требования к Перечню последовательностей в заявке на патент
- Перечень последовательностей по действующему Стандарту 25 ВОИС
- Перечень последовательностей по рекомендуемому Стандарту 26 ВОИС

Типичные биотехнологические объекты изобретения

ПРОДУКТ:

- ▶ Устройство (ДНК-чип)
- ▶ Вещество (белок, нуклеиновая кислота)
- ▶ Композиция (фармацевтическая, диагностическая или пищевая композиция)
- ▶ Штамм микроорганизма (штамм вируса или бактерии)
- ▶ Линия клеток (линия растительных или животных клеток)
- ▶ Генетическая конструкция (экспрессионная кассета или вектор, трансформированная клетка/организм)
- ▶ Белковая конструкция (химерный, гибридный или слитый белок)

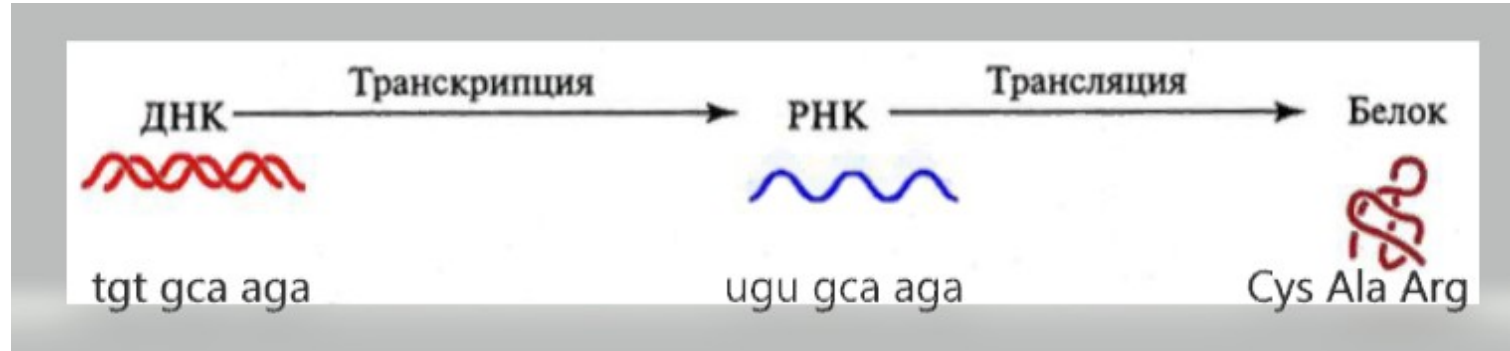
СПОСОБ:

- ▶ Методы рекомбинантной продукции веществ в фармацевтике и пищевой промышленности
- ▶ Диагностические методики с использованием генов, микроорганизмов, клеток в качестве маркеров
- ▶ Способы генной терапии, в том числе редактирование генома
- ▶ Способы производства биотоплива
- ▶ Биологические методики утилизации токсичных отходов

ПРИМЕНЕНИЕ:

- ▶ Применение известных продуктов или способов по новому назначению

Типы последовательностей



ДНК – носитель генетической информации, последовательность состоит из цепочек повторяющихся нуклеотидов, обозначаемых **a** (аденин), **t** (тимин), **g** (гуанин) и **c** (цитозин);

РНК – копирует последовательность ДНК для синтеза белка, использует те же нуклеотиды **a**, **g** и **c**, но **t** заменяется на **u** (урацил);

БЕЛОК – синтезируется на матрице РНК, последовательность белка определяется последовательностью нуклеотидов в РНК и состоит из набора аминокислот, обозначаемых **Cys** (C), **Ala**₃ (A), **Arg** (R), **Ser** (S)...

Требования к характеристике изобретения в формуле с использованием последовательности

Согласно п.53(13) Требований*, если структура последовательности нуклеотидов или аминокислот установлена, то ее номер включается в формулу изобретения, характеризующую нуклеиновую кислоту, белок, полипептид или пептид, выделяемые из природного источника или получаемые иным путем с той же или направленно измененной биологической функцией.

В соответствии с п.53(6) Требований* последовательность нуклеотидов или аминокислот в случае использования ее для характеристики признака в формуле изобретения представляется путем указания ее номера в перечне последовательностей в виде «SEQ ID NO ...».

*Требования к документам заявки на выдачу патента на изобретение утвержденные приказом Минэкономразвития России от 25 мая 2016 года № 316, зарегистрированные Министерством юстиции Российской Федерации 11 июля 2016 г. № 42800

Какая характеристика изобретения в формуле с использованием последовательности соответствует требованиям?

- + 1. Полипептид инсулина с аминокислотной последовательностью SEQ ID NO:1.
- 2. Иммуномодуляторный пептид, состоящий из последовательности аланин-серин-аргинин-валин.
- 3. Нуклеотидный зонд структуры gggtttcctaactat.
- 4. Вектор экспрессии с нуклеотидной последовательностью, приведенной на фиг.3.
- 5. Способ лечения инсульта с использованием пептида с активностью бета-галактозидазы (UniProt № Y 08557).

Последовательности в текстовом формате для поиска в БД

- ▶ ДНК

taaacaataggggttccgscgacatttccccgaaaagtgccacctgacgtctaagaaccattattatcatg
acattcctataaaaa

- ▶ РНК

uaaacaauaggggdiusscgsgggdiugggdiuasaau

- ▶ Белок

MKILKPYMRNTSISCY

Поиск по БД BLAST®/NCBI

шаг 1

U.S. National Library of Medicine | NCBI National Center for Biotechnology Information | Sign in to NCBI

BLAST >> blastn suite | Home | Recent Results | Saved Strategies | Help

Standard Nucleotide BLAST

blastn | blastp | blastx | tblastn | tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. [more...](#) | [Reset page](#) | [Bookmark](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [Clear](#) | Query subrange [From](#) [To](#)

`taaacaaatagggttccgcacatttccccgaaaagtccacctgacgtcctaagaaaccattattatcagaca
ttccataaaaa`

Or, upload file | | Файл не выбран

Job Title
Enter a descriptive title for your BLAST search

Align two or more sequences

Choose Search Set

Database
 Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):
Nucleotide collection (nr/nt)

Organism Optional
 exclude
Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown

Exclude Optional
 Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Limit to Optional
 Sequences from type material

Entrez Query [YouTube](#) [Create custom database](#)

BLAST results will be displayed in a new format by default
You can always switch back to the Traditional Results page.

Поиск по БД BLAST®/NCBI шаг 2

Sequences producing significant alignments Download Manage Columns Show 100 ?

select all 100 sequences selected GenBank Graphics Distance tree of results

	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 287 from patent US 10385352	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO327849.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 517 from patent US 10385345	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO327445.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 515 from patent US 10385345	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO327443.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 514 from patent US 10385345	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO327442.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 513 from patent US 10385345	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO327441.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 512 from patent US 10385345	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO327440.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 511 from patent US 10385345	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO327439.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 15 from patent US 10385327	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO325535.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 7 from patent US 10385132	154	308	100%	4e-35	97.78%	MO324950.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 25 from patent US 10385112	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO324731.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 24 from patent US 10385112	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO324730.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 23 from patent US 10385112	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO324729.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 104 from patent US 10385101	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO309570.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 102 from patent US 10385101	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO309569.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 100 from patent US 10385101	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO309568.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 98 from patent US 10385101	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO309567.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 91 from patent US 10385101	154	154	100%	4e-35	97.78%	MO309564.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 89 from patent US 10385101	154	154	100%	4e-35	97.78%	
<input checked="" type="checkbox"/>	Sequence 87 from patent US 10385101	154	154	100%	4e-35	97.78%	

Feedback

Поиск по БД BLAST®/NCBI шаг 3

Sequence 287 from patent US 10385352
Sequence ID: [MO327849.1](#) Length: 10207 Number of Matches: 1

Range 1: 8230 to 8319 [GenBank](#) [Graphics](#) [▼ Next Match](#) [▲ Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
154 bits(83)	4e-35	88/90(98%)	2/90(2%)	Plus/Minus
Query 1	TAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAAC	60		
Sbjct 8319	TAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAAC	8260		
Query 61	CATTATTATCATGACATT--CCTATAAAAA	88		
Sbjct 8259	CATTATTATCATGACATTAACCTATAAAAA	8230		

[Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [▼ Next](#) [▲ Previous](#) [◀ Descriptions](#)

Sequence 517 from patent US 10385345
Sequence ID: [MO327445.1](#) Length: 3704 Number of Matches: 1

Range 1: 3322 to 3411 [GenBank](#) [Graphics](#) [▼ Next Match](#) [▲ Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
154 bits(83)	4e-35	88/90(98%)	2/90(2%)	Plus/Plus
Query 1	TAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAAC	60		
Sbjct 3322	TAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAAC	3381		
Query 61	CATTATTATCATGACATT--CCTATAAAAA	88		
Sbjct 3382	CATTATTATCATGACATTAACCTATAAAAA	3411		

[Feedback](#)

Требования к Перечню последовательностей в заявке на патент

- ▶ Согласно п.11 Требований* Перечень последовательностей нуклеотидов и (или) аминокислот, представляемый в печатной форме, должен быть оформлен в соответствии со стандартом Всемирной организации интеллектуальной собственности, размещенным на официальном сайте Роспатента в информационно-телекоммуникационной сети "Интернет" (далее - интернет-сайт Роспатента).
- ▶ Копия перечня последовательностей нуклеотидов и (или) аминокислот, представляемая в машиночитаемой форме (на машиночитаемом носителе), должна быть идентична перечню последовательностей, представленному в печатной форме (п.11 Требований*).
- ▶ Исходя из п.30 Требований* перечень последовательностей относится к одному из разделов описания.
- ▶ В соответствии с п.13 Требований* текстовые файлы ("Формула", "Реферат", "Описание" и так далее) на машиночитаемом носителе выполняются в формате RTF, DOC .

*Требования к документам заявки на выдачу патента на изобретение утвержденные приказом Минэкономразвития России от 25 мая 2016 года № 316, зарегистрированные Министерством юстиции Российской Федерации 11 июля 2016 г. № 42800

Действующий Стандарт 25 ВОИС



РУКОВОДСТВО ПО ИНФОРМАЦИИ И ДОКУМЕНТАЦИИ В ОБЛАСТИ ПРОМЫШЛЕННОЙ СОБСТВЕННОСТИ

Стандарты . ST.25

Страница: 3.25.1

СТАНДАРТ ST.25

СТАНДАРТ ПО ПРЕДСТАВЛЕНИЮ ПЕРЕЧНЕЙ НУКЛЕОТИДНЫХ И АМИНОКИСЛОТНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В ЗАЯВКАХ НА ПАТЕНТ

Пересмотренный текст, одобренный Рабочей группой по стандартам и документации Постоянного Комитета по информационным технологиям на её одиннадцатой сессии 30 октября 2009г.

Рекомендуется, чтобы Ведомства по промышленной собственности применяли положения «Стандарта по представлению перечней нуклеотидных и аминокислотных последовательностей в международных заявках, поданных в соответствии с договором о патентной кооперации (РСТ)», как они изложены в Приложении С к Административной Инструкции к РСТ, внося необходимые изменения, ко всем заявкам на патент, а не только к международным заявкам по РСТ, с учетом того, что отдельные положения, специфические для процедур и требований РСТ, могут применяться только к международным заявкам РСТ (*). Текст этого стандарта РСТ воспроизводится на последующих страницах.

Вид Перечня последовательностей по Ст. 25 ВОИС

<110> Smith, John; Smithgene Inc.
<120> Example of a Sequence Listing
<130> 01-00001
<140> PCT/EP98/00001
<141> 1998-12-31
<150> US 08/999,999
<151> 1997-10-15
<160> 4
<170> PatentIn version 2.0
<210> 1
<211> 389
<212> DNA
<213> Paramecium sp.
<220>
<221> CDS
<222> (279)...(389)
<300>
<301> Doe, Richard
<302> Isolation and Characterization of a Gene Encoding a Protease
from Paramecium sp.
<303> Journal of Genes
<304> 1
<305> 4
<306> 1-7
<307> 1988-06-31
<308> 123456
<309> 1988-06-31
<400> 1
agctgtagtc attcctgtgt cctcttctct ctgggcttct caccctgcta atcagatctc 60
agggagagtg tcttgacct cctctgcctt tgcagcttca caggcaggca ggcaggcagc 120
tgatgtggca attgctggca gtgccacagg ctcttcagcc aggetttaggg tgggttccgc 180
cgcggcgcgg cggccctct cgcgctctc tcgcctct ctctctct cctctctc 240

Рекомендуемый Стандарт 26 ВОИС



СПРАВОЧНИК ПО ИНФОРМАЦИИ И ДОКУМЕНТАЦИИ
В ОБЛАСТИ ПРОМЫШЛЕННОЙ СОБСТВЕННОСТИ

Стандарты – ST.26

страница: 3.26.1

СТАНДАРТ ST. 26

Рекомендуемый Стандарт представления перечней нуклеотидных и аминокислотных последовательностей с использованием языка XML (Расширяемого языка разметки)

Версия 1.2

*Одобен Комитетом по Стандартам ВОИС (КСВ)
на своей шестой сессии 19 октября 2018*

Редакционное примечание подготовлено Международным бюро

На своей пятой сессии Комитет по Стандартам ВОИС (КСВ) согласился с тем, что переход от Стандарта ВОИС ST.25 к Стандарту ST.26 состоится в январе 2022 года. До того момента следует продолжать использовать Стандарт ST.25.

Стандарт публикуется с целью информирования Ведомств по промышленной собственности и других заинтересованных сторон.

Вид Перечня последовательностей по Ст. 26 ВОИС

```
<INSDFeature_key>modified_base</INSDFeature_key>
<INSDFeature_location>22</INSDFeature_location>
<INSDFeature_quals>
  <INSDQualifier>
    <INSDQualifier_name>mod_base</INSDQualifier_name>
    <INSDQualifier_value>OTHER</INSDQualifier_value>
  </INSDQualifier>
  <INSDQualifier>
    <INSDQualifier_name>note</INSDQualifier_name>
    <INSDQualifier_value>xanthine</INSDQualifier_value>
  </INSDQualifier>
</INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
<INSDFeature>
  <INSDFeature_key>variation</INSDFeature_key>
  <INSDFeature_location>60</INSDFeature_location>
  <INSDFeature_quals>
    <INSDQualifier>
      <INSDQualifier_name>replace</INSDQualifier_name>
      <INSDQualifier_value>c</INSDQualifier_value>
    </INSDQualifier>
  </INSDFeature_quals>
</INSDFeature>
</INSDSeq_feature-table>
<INSDSeq_sequence>
atgaaattaaaacanaaaaggnatgataaaatgagatttgatataaaaaaggttttagagtttagcagagaaggattttgaga
cggcattggagagagacaagggcattaataaaggataaacatattgacaata</INSDSeq_sequence>
</INSDSeq>
</SequenceData>
<SequenceData sequenceIDNumber="6">
  <INSDSeq>
    <INSDSeq_length>29</INSDSeq_length>
    <INSDSeq_moltype>AA</INSDSeq_moltype>
    <INSDSeq_division>PAT</INSDSeq_division>
    <INSDSeq_feature-table>
      <INSDFeature>
        <INSDFeature_key>SOURCE</INSDFeature_key>
        <INSDFeature_location>1..29</INSDFeature_location>
        <INSDFeature_quals>
```



ФИПС

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИНСТИТУТ ПРОМЫШЛЕННОЙ СОБСТВЕННОСТИ

Благодарю за внимание!

otd1331@rupto.ru

otd1334@rupto.ru

Тематическая встреча 6 ноября
2019