



Recherche-Service für Sequenzrecherchen



Biosequenzinformationen sind ein wichtiger Teil des geistigen Eigentums. Recherchen in den Sequenzdatenbanken auf STN® zeichnen sich durch eine einmalige Abdeckung im Bereich der Patente und zeitnahe Verfügbarkeit im Vergleich zu frei zugänglichen Datenbanken aus.

Unser Angebot

Wir sind Experten auf dem Gebiet der Biosequenzrecherche und bieten:

- exakte Sequenzsuchen (Sequence Code Match)
- Homologiesuchen (BLAST, FASTA)

Wir recherchieren für Sie:

- Protein- und Nukleotidsequenzen
- translatierte Sequenzen

Standardmäßig recherchieren wir in folgenden Datenbanken*:

- DGENE (Derwent Geneseq™)
- USGENE (USPTO Genetic Sequence Database)
- PCTGEN (World Patent Application Biosequences)
- REGISTRYSM/CAplusSM (Chemical Abstracts Service Registry file)

Wir prüfen die erhaltenen Antworten auf Relevanz und entfernen Dubletten.

Weiterführend sind ergänzende Schlagwortrecherchen inklusive Eliminierung der Dubletten zwischen Sequenz- und Schlagwortsuche möglich. Gerne recherchieren wir für Sie auch nach zusätzlich benötigten Informationen wie Familien-oder Rechtsstandsinfos der gefundenen Dokumente.

* mehr zu den Datenbanken unter www.stn-international.de

Ihre Vorteile

Unsere hochwertigen Rechercheergebnisse enthalten den aussagekräftigen Recherchebericht mit einer Zusammenfassung des Themas aus Sicht des Recherchers, einer genauen Beschreibung der Strategie, einem Ergebnisteil mit den relevanten und kategorisierten Antworten sowie einer Übersicht über die genutzten Datenbanken.

Zusätzlich werden Übersichtstabellen der Ergebnisse, auf Wunsch inklusive der Sequenzalignments, ausgeliefert.

Alle Rechercheschritte werden eng mit unseren Kunden per Telefon, E-Mail oder Webkonferenz abgesprochen. Wir recherchieren mit dem von Ihnen gewünschten Aufwand.

Die Kosten setzen sich aus Bearbeitungszeit plus Datenbankkosten zusammen.

Selbstverständlich sichern wir Ihnen für alle Recherchen absolute Vertraulichkeit zu.

Zur Qualitätskontrolle wird die Recherchestrategie von einem zweiten Rechercher geprüft.

Beispielrecherche: BLAST-Suche mit der Proteinsequenz des „eukaryotic translation elongation factor 1 gamma“ (NP_001395)

- Es sind ausschließlich Patentdokumente von Interesse.
- Von einer Patentfamilie wird jeweils nur eine Schrift geprüft, pro Patentschrift wird jeweils nur das beste Alignment geprüft.
- Die Recherche wird in den Datenbanken DGENE, USGENE, PCTGEN und REGISTRYSM/CAplusSM durchgeführt.

Relevante Antworten nach Dublettenentfernung:

Datenbank	DGENE	USGENE	PCTGEN	REGISTRY SM /CAplus SM	gesamt
Treffer	26	9	1	16	52

Übersichtstabelle mit Alignments

	A	B	C	D	E	F	G
	Full-Text	Patent Assignee	Title	Patent Number	PK	PSL	BLASTt - Alignment
1	<p>Full-Text</p> <p>(ONCO)N ONCOTHERAPY SCI INC.</p>		New isolated double-stranded molecule that, when introduced into cell inhibits in vivo expression of e.g. cyclin-dependent kinase inhibitor 3 and comprises sense strand and antisense strand complementary to it, used to treat cancers.	WO 2009/028580	A1	Disclosure; SEQ ID NO 33	<p>Query = 437 letters Length = 437 Score = 302 bits (2331), Expect = 0.0 Identities = 259/259 (100%), Positives = 259/259 (100%)</p> <p>Query: 1 MAAGTLYTFEENRRAFKALIAQZIGACQVRLGAFPHFPGQNRTEFLRFKRFAGVFA MAAGTLYTFEENRRAFKALIAQZIGACQVRLGAFPHFPGQNRTEFLRFKRFAGVFA MAAGTLYTFEENRRAFKALIAQZIGACQVRLGAFPHFPGQNRTEFLRFKRFAGVFA Query: 61 FEGDGGCFVESALATYVNSLIGSTFEAAQVQWVFSADSDVFPASVWVFFLGI FEGDGGCFVESALATYVNSLIGSTFEAAQVQWVFSADSDVFPASVWVFFLGI Query: 61 FEGDGGCFVESALATYVNSLIGSTFEAAQVQWVFSADSDVFPASVWVFFLGI Query: 121 DTLSVALTFPEHFPOKQDLNLSYTFRFEELTQTNCSLITGMQRLLKRNARASV DTLSVALTFPEHFPOKQDLNLSYTFRFEELTQTNCSLITGMQRLLKRNARASV Query: 181 ILFGTNSSSISQWVFRQGLAFFLSPQWVYESTYWRKLDPSGETYLIVREYFME ILFGTNSSSISQWVFRQGLAFFLSPQWVYESTYWRKLDPSGETYLIVREYFME Query: 241 GAFQVGFAPQKQIKF 259 GAFQVGFAPQKQIKF Query: 241 GAFQVGFAPQKQIKF 259</p>
2	<p>Full-Text</p> <p>(APPL)N APPLERA CORP</p>		New detection reagent, useful for detecting single nucleotide polymorphisms associated with human diseases.	US 2007/0037165	A1	Disclosure; SEQ ID NO 10598	<p>Query = 437 letters Length = 443 Score = 302 bits (2331), Expect = 0.0 Identities = 259/259 (100%), Positives = 259/259 (100%)</p> <p>Query: 1 MAAGTLYTFEENRRAFKALIAQZIGACQVRLGAFPHFPGQNRTEFLRFKRFAGVFA MAAGTLYTFEENRRAFKALIAQZIGACQVRLGAFPHFPGQNRTEFLRFKRFAGVFA MAAGTLYTFEENRRAFKALIAQZIGACQVRLGAFPHFPGQNRTEFLRFKRFAGVFA Query: 7 MAAGTLYTFEENRRAFKALIAQZIGACQVRLGAFPHFPGQNRTEFLRFKRFAGVFA Query: 61 FEGDGGCFVESALATYVNSLIGSTFEAAQVQWVFSADSDVFPASVWVFFLGI FEGDGGCFVESALATYVNSLIGSTFEAAQVQWVFSADSDVFPASVWVFFLGI Query: 121 RHINQATNKRKVEPRILGLLDLADLKTFLVIGSEVFLADLTVCCVLLKLVGLVSEF RHINQATNKRKVEPRILGLLDLADLKTFLVIGSEVFLADLTVCCVLLKLVGLVSEF Query: 181 ILFGTNSSSISQWVFRQGLAFFLSPQWVYESTYWRKLDPSGETYLIVREYFME ILFGTNSSSISQWVFRQGLAFFLSPQWVYESTYWRKLDPSGETYLIVREYFME Query: 187 ILFGTNSSSISQWVFRQGLAFFLSPQWVYESTYWRKLDPSGETYLIVREYFME Query: 241 GAFQVGFAPQKQIKF 259 GAFQVGFAPQKQIKF Query: 241 GAFQVGFAPQKQIKF 259</p>

FIZ Karlsruhe - Leibniz-Institut für Informationsinfrastruktur ist Dienstleister und Servicepartner für Informationstransfer und Wissensmanagement in Wissenschaft und Forschung.

Als gemeinnützige Serviceeinrichtung in der Leibniz-Gemeinschaft (WGL) hat FIZ Karlsruhe den Auftrag, weltweit publizierte wissenschaftlich-technische Information öffentlich zugänglich zu machen und entsprechende Dienstleistungen zur Verfügung zu stellen. Zielgruppen sind Wissenschaftler in Wirtschaft und Industrie sowie in Forschungseinrichtungen und Universitäten.

Kontakt

FIZ Karlsruhe – Leibniz-Institut für Informationsinfrastruktur
Hermann-von-Helmholtz-Platz 1
76344 Eggenstein-Leopoldshafen

Tel: 07247 808 555

Fax: 07247 808 259

searchservice@fiz-karlsruhe.de

www.fiz-karlsruhe.de/search_service.html

Kontaktieren Sie uns mit Ihrer konkreten Recherchefrage. Wir beraten Sie gerne ausführlich und schätzen Zeit- und Kostenbedarf für Sie ab.

Juli 2012