



Registerauszug zum Aktenzeichen 10 2004 018 655.3

Stand am 02.06.2024
(letzte Aktualisierung in DPMAregister am 26.01.2013)

Es bestehen folgende Eintragungen:

Stammdaten

- [-----] **Schutzrechtsart:** Patent
- [-----] **Status:** Nicht anhängig/erloschen
- [21] **Aktenzeichen DE:** 10 2004 018 655.3
- [54] **Bezeichnung/Titel:** Verfahren zur Identifizierung von Peptiden aus massenspektrometrischen Daten in genomischen Datenbanken
- [51] **IPC-Hauptklasse:** C12Q 1/68 (2006.01)
- [22] **Anmeldetag DE:** 15.04.2004
- [43] **Offenlegungstag:** 23.06.2005
- [71/
73] **Anmelder/Inhaber:** Friedrich-Schiller-Universität Jena, 07743 Jena, DE
- [-----] **Erfinder:** Hippler, Michael, Dr., 07745 Jena, DE; Allmer, Jens, Dipl.-Biol., 48231 Warendorf, DE;
- [10] **Veröffentlichte DE-Dokumente:** DE102004018655A1
- [-----] **Zustellanschrift:** Friedrich-Schiller-Universität Jena Büro für Forschungstransfer Sachgebiet Schutzrechte, 07743 Jena, DE
- [-----] **Inländische Priorität:** 2003-11-07: 103525211
- [-----] **Zuständige Patentabteilung:** 41
- [63] **Stammanmeldung Aktenzeichen:** 103 41 595.5
- [57] **Zusammenfassung:** Aufgabe war es, mit vertretbarem Aufwand möglichst die Gesamtheit von Peptiden mit hoher Ergebnissicherheit erkennen zu können, insbesondere auch Peptide, welche durch sog. Introns auf genomischer Ebene getrennt sind.\$A Erfindungsgemäß werden die nach der Haupterfindung anhand von ausgewählten Sequenzfragmenten ermittelten Peptide in einer gesonderten Datenbank abgelegt. Das Massenspektrum zur "DeNovo" Aminosäure-Sequenzierung des aufzufindenden

Peptides wird jeweils mit dem Inhalt dieser gesonderten Datenbank durch ein Programm, wie "SEQUEST" oder "MASCOT", zur Software-gestützten Identifizierung von Peptiden auf Grundlage von MS-Daten korreliert. Damit wird die Sicherheit, mit welcher das gefundene Peptid als solches interpretiert werden kann, erhöht.\$A Bevorzugtes Anwendungsgebiet ist die Datenbank-gestützte Proteomforschung. Des Weiteren sind alle Bereiche in Medizin und Biotechnologie relevant, in denen Peptide massenspektrometrisch einem Genom zugeordnet werden müssen.

[43] Erstveröffentlichungstag: 23.06.2005

[-----] Anzahl der Bescheide: 0

[-----] Anzahl der Erwiderungen: 0

[-----] Erstmalige Übernahme in DPMaregister: 26.05.2011

[-----] Tag der (letzten) Aktualisierung in DPMaregister: 26.05.2011; 14.07.2011; 26.01.2013

Verfahrensdaten

Verwaltungsverfahren

[-----] Verfahrensart: Verwaltungsverfahren

[-----] Verfahrensstand: Zusatzanmeldung zu

[-----] Verfahrensstandstag: 05.09.2003

Vorverfahren

[-----] Verfahrensart: Vorverfahren

[-----] Verfahrensstand: Die Anmeldung befindet sich in der Vorprüfung

[-----] Verfahrensstandstag: 15.04.2004

Vorverfahren

[-----] Verfahrensart: Vorverfahren

[-----] Verfahrensstand: Das Vorverfahren ist abgeschlossen

[-----] Verfahrensstandstag: 15.06.2004

Publikationen

[-----] Verfahrensart: Publikationen

[-----] Verfahrensstand: Offenlegungsschrift

[-----] Verfahrensstandstag: 23.06.2005

[-----] Heftnummer: 25

[-----] Jahr: 2005

[-----] Veröffentlichungsdatum: 23.06.2005

[-----] Publikationsart: Schriften

[-----] Teil: Teil 2

[10] Veröffentlichte DE-Dokumente: DE102004018655A1

Klassifikationsänderung

[-----] Verfahrensart: Klassifikationsänderung

[-----] **Verfahrensstand:** Änderung der IPC-Hauptklasse

[-----] **Verfahrensstandstag:** 17.10.2005

[51] **IPC-Hauptklasse:** C12Q 1/68 (2006.01)

[51] **Frühere IPC-Hauptklasse:** C12Q 1/68 (2000.01)

Vorverfahren

[-----] **Verfahrensart:** Vorverfahren

[-----] **Verfahrensstand:** Die Anmeldung gilt wegen Nichtstellung des Prüfungsantrages als zurückgenommen

[-----] **Verfahrensstandstag:** 16.04.2011

[-----] **Heftnummer:** 28

[-----] **Jahr:** 2011

[-----] **Veröffentlichungsdatum:** 14.07.2011

[-----] **Publikationsart:** Bibliografiedaten

[-----] **Teil:** Teil 2