

# ЕЖЕМЕСЯЧНЫЙ ОБЗОР

патентов Российской Федерации,  
касающихся генетических  
технологий и опубликованных

в сентябре 2025 года

# СТАТИСТИЧЕСКАЯ ИНФОРМАЦИЯ<sup>1</sup>

## А. Патентная активность на территории Российской Федерации за сентябрь 2025 года

Общее количество выданных в сентябре 2025 года патентов на изобретения	Количество выданных в сентябре 2025 года патентов на изобретения, <b>касающиеся генетических технологий</b>	Патенты на изобретения, касающиеся генетических технологий	
		патентообладатель-резидент	патентообладатель-нерезидент
<b>1061</b>	<b>35</b>	<b>13</b>	<b>12</b>

## Патентная активность с учетом направленности генетической технологии (лечение/диагностика) на территории Российской Федерации за сентябрь 2025 года

Патенты на изобретения, касающиеся генетических технологий			
патентообладатель-резидент		патентообладатель-нерезидент	
лечение	диагностика	лечение	диагностика
<b>5</b>	<b>8</b>	<b>10</b>	<b>2</b>

## Патентная активность отечественных хозяйствующих субъектов, получивших патенты на изобретения, касающиеся генетических технологий, в сентябре 2025 года

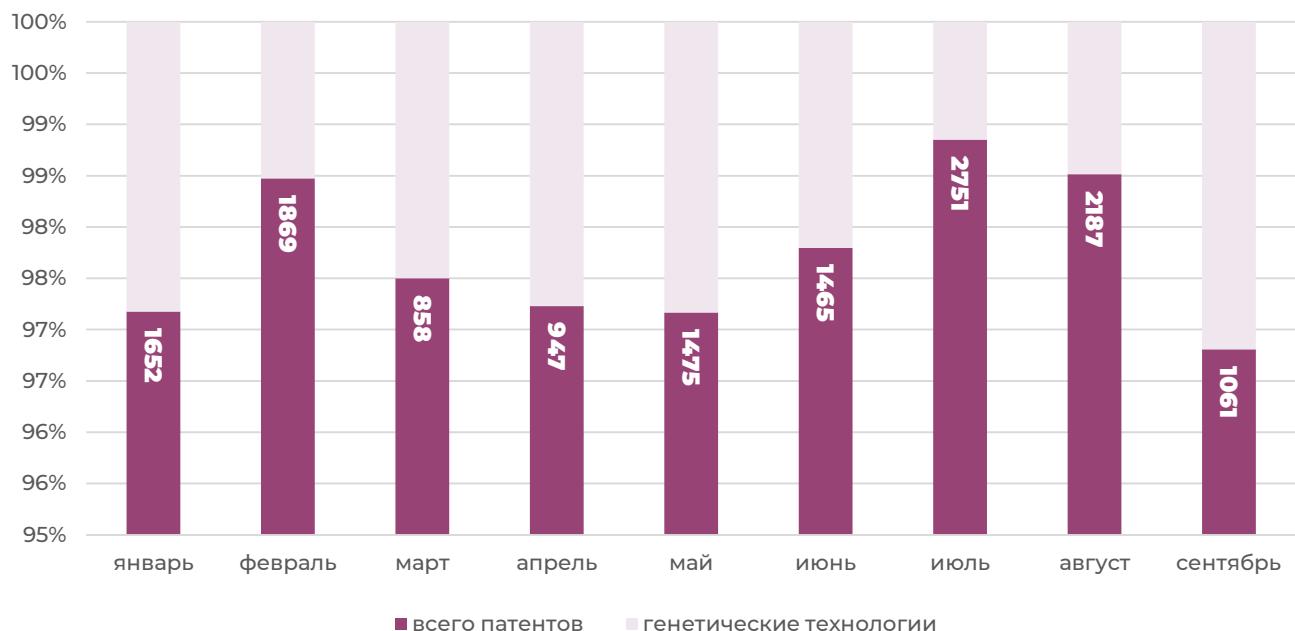
Физические лица, количество патентов	Юридические лица, количество патентов	НИИ/научные учреждения, количество патентов	Образовательные учреждения/ВУзы, количество патентов
<b>0</b>	<b>0</b>	<b>5</b>	<b>3</b>

## Страновая принадлежность патентообладателей-нерезидентов, получивших патенты на изобретения, касающиеся генетических технологий, в сентябре 2025 года

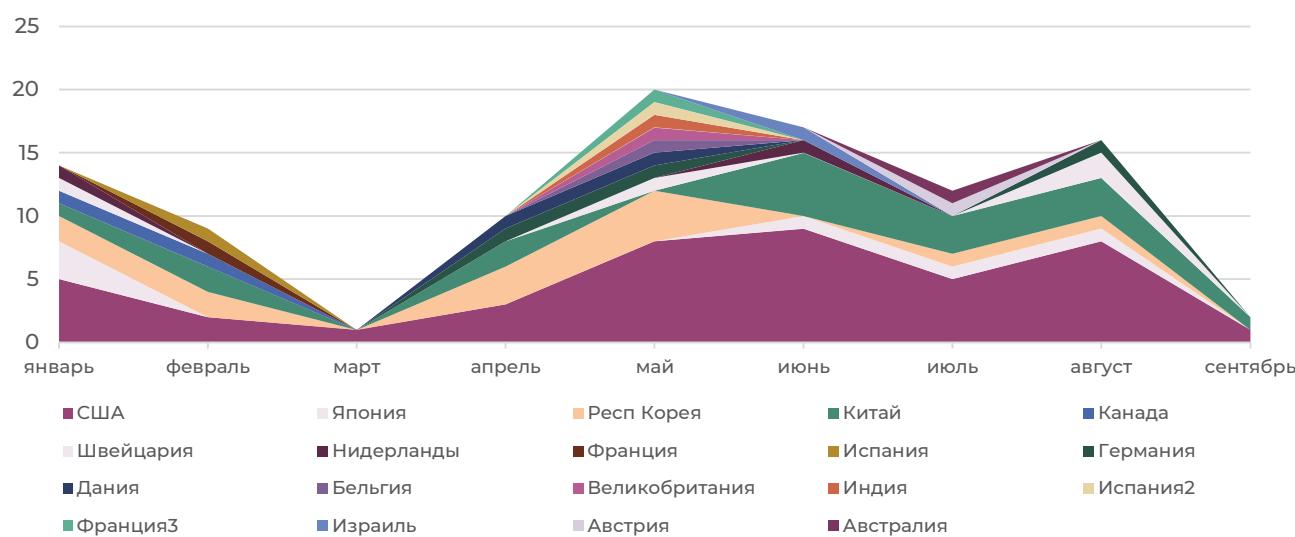
Нерезиденты, количество патентов	
страны ближнего зарубежья	страны дальнего зарубежья
<b>0</b>	<b>США – 1, Китай – 1</b>

## Данные за 9 месяцев

### Доля изобретений, касающихся генетических технологий в общем количестве выданных патентов РФ за 9 месяцев



### Распределение иностранных патентообладателей изобретений, касающихся генетических технологий за 9 месяцев



### Странами-лидерами по количеству патентов РФ на изобретения в области генетических технологий за 9 месяцев 2025 года являются:

США —  
**42 патента РФ**

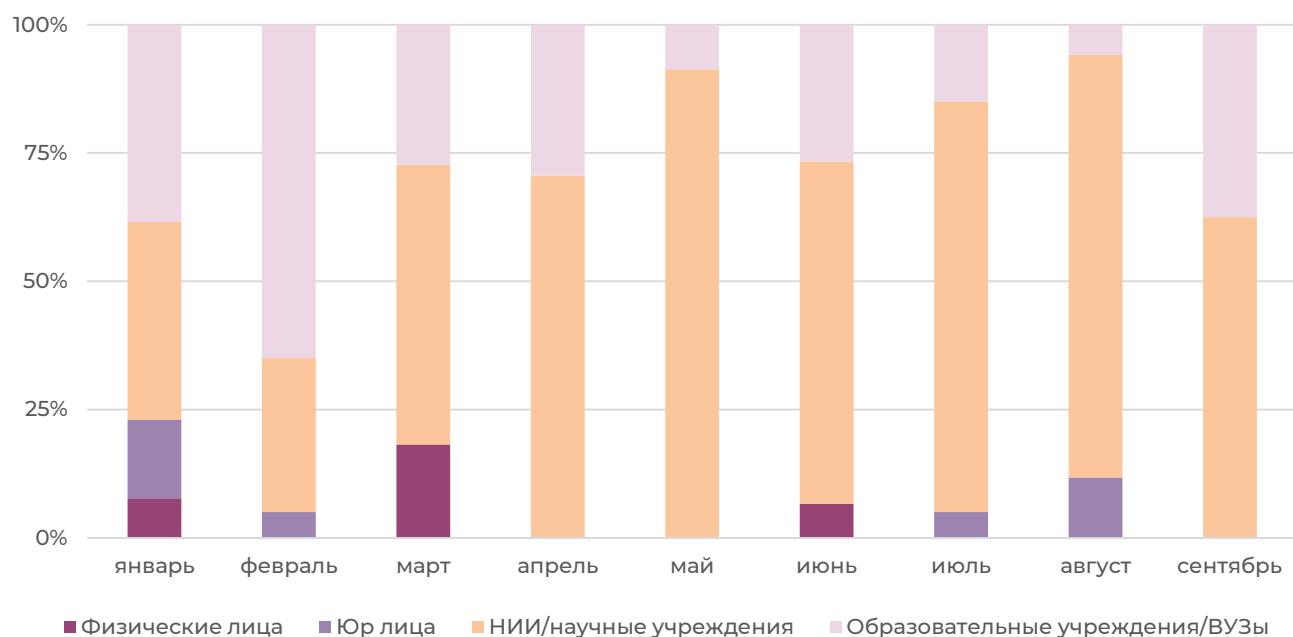
Китай —  
**17 патентов РФ**

Южная Корея —  
**13 патентов РФ**

Япония —  
**6 патентов РФ**

Швейцария —  
**4 патента РФ**

## Распределение российских патентообладателей по типу хозяйствующих субъектов (за 9 месяцев)



Наибольшее количество патентов в течение 9 месяцев получали вузы и НИИ.

## Медицинские области интереса в запатентованных изобретениях



## Предмет патентования в области диагностической генетики за 9 месяцев



## Стратегия патентования, используемая резидентами



## Стратегия патентования, используемая нерезидентами



Коммерчески привлекательной стратегией является патентование продукта (под «продуктом» в данном случае понимается «тест-система», диагностический реагент, ИТ-система и т.п.) или продукта совместно с технологией его получения или применения. В большинстве случаев патентование одной лишь технологии является уязвимой тактикой с точки зрения «обхода патента».

**Б. Патентная активность в мире за сентябрь 2025 года на примере диагностических технологий, основанных на секвенировании<sup>2,3</sup>**

**Всего в сентябре 2025 года в мире опубликовано**

**в 2448 патентных документов,**

**из них 482 патентных документа, касаются секвенирования.**



**Страны-патентообладателей с наибольшим количеством патентных документов, опубликованных в мире в сентябре 2025 года**

**139 ед.**

— США

**51 ед.**

— Китай

**12 ед.**

— Великобритания

**10 ед.**

— Швейцария

**8 ед.**

— Южная Корея

**Патентообладатели-лидеры с наибольшим количеством патентных документов, опубликованных в мире в сентябре 2025 года**

**11 ед.**

— ILLUMINA INC

**9 ед.**

— BGI SHENZHEN

**7 ед.**

— MGI TECH CO LTD

**6 ед.**

— ELEMENT BIOSCIENCES INC

**3 ед.**

— MASSACHUSETTS GEN HOSPITAL

<sup>2</sup><https://worldwide.espacenet.com/patent/search?q=c%20any%20%22C12N15%20%20C12Q%20G16%20G06%20C12R%22%20AND%20ctxt%20%3D%20%22%20sequencing%22%20AND%20pd%20%3E%3D%20%2220250901%22>

<sup>3</sup>Под секвенированием в данном случае понимаются – сам технологический процесс, комплектующие для осуществления секвенирования, ИТ-средство для его осуществления, использования секвенирования для решения конкретной прикладной задачи

**Патентная активность в мире  
за сентябрь 2025 года на примере диагностических технологий,  
основанных на секвенировании<sup>12</sup>**

Всего в сентябре 2025 года в мире опубликовано в 2448 патентных документов, из них 482 патентных документа, касаются секвенирования.

**Страны-патентообладателей с наибольшим количеством патентных документов,  
опубликованных в мире в сентябре 2025 года**

США – 139 ед.

Китай – 51 ед.

Великобритания – 12 ед.

Швейцария – 10 ед.

Южная Корея – 8 ед.

**Патентообладатели-лидеры с наибольшим количеством патентных документов,  
опубликованных в мире в сентябре 2025 года**

1. ILLUMINA INC – 11 ед.

2. BGI SHENZHEN – 9 ед.

3. MGI TECH CO LTD – 7 ед.

4. ELEMENT BIOSCIENCES INC – 6 ед.

5. MASSACHUSETTS GEN HOSPITAL – 3 ед.

**I. Перечень опубликованных патентов РФ<sup>3</sup>, касающихся генетических исследований/диагностики (перечень патентов включает только диагностику заболеваний людей, исключены растения и животные)**

**Номер патента 2846477**

**Название** Набор сайтспецифичных биотинилированных олигонуклеотидов для обогащения целевых участков генов методом гибридизации, предназначенный для оценки рисков развития кардиомиопатий, 20 генов

**Патентообладатель** ФГБОУ ВО "Самарский государственный медицинский университет" Министерства здравоохранения Российской Федерации (RU)

**Авторы**

Сустретов Алексей Сергеевич (RU),  
Милюткина Юлия Сергеевна (RU),

---

1

<https://worldwide.espacenet.com/patent/search?q=cl%20any%20%22C12N15%20%20C12Q%20G16%20G06%20C12R%22%20AND%20ctx%20%3D%20%22sequencing%22%20AND%20pd%20%3E%3D%20%2220250901%22>

<sup>2</sup> Под секвенированием в данном случае понимаются – сам технологический процесс, комплектующие для осуществления секвенирования, ИТ-средство для его осуществления, использования секвенирования для решения конкретной прикладной задачи

<sup>3</sup> с полным текстом патентов можно ознакомиться на сайте: <https://www.fips.ru/registers-web/action?acName=clickRegister&regName=RUPAT>, используя номер патента

Залевский Игорь Витальевич (BY),  
Кокорев Даниил Андреевич (RU),  
Бикбаева Гузель Рунаровна (RU),  
Улиanova Виктория Александровна (RU),  
Шафигуллина Лилия Ринатовна (RU),  
Абрамова Анастасия Алексеевна (RU),  
Данилова Олеся Евгеньевна (RU)

### **Реферат/формула изобретения**

*Изобретение относится к области молекулярной биологии и может быть использовано для выявления генетических рисков развития кардиомиопатий (КМП) в клинической диагностике или в научно-исследовательских целях. Получен набор сайтспецифичных биотинилированных олигонуклеотидов для обогащения целевых участков генов BAG3, DSP, FLNC, LMNA, RBM20, TTN, DSC2, DSG2, PKP2, MYH7, MYBPC3, TNNI3, TNNI2, TPM1, MYL2, MYL3, ACTC1, PRKAG2, LAMP2, GLA методом гибридизации. Набор характеризуется тем, что при его использовании происходит таргетное обогащение полной нуклеотидной последовательности экзонов анализируемых генов, служащее основой для анализа клинически значимых генетических вариантов. Техническим результатом применения изобретения является получение ДНК-библиотек длиной 360-460 п.о., предназначенных для изучения методом высокопроизводительного секвенирования нового поколения (NGS).*

### **Формула изобретения (фрагмент)**

*Набор, предназначенный для оценки рисков развития кардиомиопатий, состоящий из сайтспецифичных биотинилированных олигонуклеотидов для обогащения целевых участков генов: BAG3, DSP, FLNC, LMNA, RBM20, TTN, DSC2, DSG2, PKP2, MYH7, MYBPC3, TNNI3, TNNI2, TPM1, MYL2, MYL3, ACTC1, PRKAG2, LAMP2, GLA, методом гибридизации, при этом олигонуклеотиды:*

*для секвенирования экзонной последовательности нуклеотидов гена BAG3 имеют последовательности с SEQ ID NO: 19 по SEQ ID NO: 53;*

*для секвенирования экзонной последовательности нуклеотидов гена DSP имеют последовательности с SEQ ID NO: 206 по SEQ ID NO: 330;*

*для секвенирования экзонной последовательности нуклеотидов гена FLNC имеют последовательности с SEQ ID NO: 331 по SEQ ID NO: 440;*

*для секвенирования экзонной последовательности нуклеотидов гена LMNA имеют последовательности с SEQ ID NO: 564 по SEQ ID NO: 608;*

### **Номер патента 2847080**

**Название** Способ и прибор для выявления хромосомной анеуплоидии, устройство и носитель данных

**Патентообладатель** ДжэнМайнд Биосаенс Кампани Лимитед (CN)

**Авторы** ЛЮ, Сянькэ (CN)

### **Реферат/формула изобретения**

*Изобретение относится к биотехнологии. Описан способ выявления хромосомной анеуплоидии, который включает определение последовательности бинов хромосомы тестируемой хромосомы согласно данным нуклеиновой кислоты эталонного генома для эталонного генома человека, где последовательность бинов хромосомы включает по*

меньшей мере одно соотношение числа бинов; определение последовательности глубины секвенирования тестируемой хромосомы согласно данным полногеномного секвенирования тестируемого образца нуклеиновой кислоты, при этом последовательность глубины секвенирования включает по меньшей мере один параметр глубины секвенирования ; и согласно последовательности бинов хромосомы и последовательности глубины секвенирования выполнение непараметрического теста для определения результата выявления анеуплоидии тестируемой хромосомы в тестируемом образце нуклеиновой кислоты. Достигнута относительно высокая точность выявления, решена проблема зависимости способа выявления хромосомной анеуплоидии от распределения индикаторов в нормальном образце и снижены затраты на выявление и сопровождение в отношении хромосомной анеуплоидии.

**Номер патента 2847043**

**Название** Программно ускоренное картирование геномных ридов

**Патентообладатель ИЛЛЮМИНА, ИНК. (US)**

**Авторы** РИЗК, Гийом Александр Паскаль (US)

**Реферат/формула изобретения**

Изобретение относится к биотехнологии. Описан способ генерации хеш-таблицы для программно ускоренного картирования ридов геномных данных, включающий: прием геномных данных посредством одного или более компьютеров, причем геномные данные получают из исходных геномных данных; генерацию первого набора значений посредством одного или более компьютеров на основе геномных данных; генерацию подмножества геномных данных посредством одного или более компьютеров на основе первого набора значений; вычисление сигнатуры для каждого  $k$ -мера подмножества геномных данных посредством одного или более компьютеров, причем сигнатуру вычисляют на основе первой хеш-функции; вычисление посредством одного или более компьютеров первого атрибута для каждого  $k$ -мера подмножества геномных данных, причем первый атрибут содержит позицию заданного  $k$ -мера геномных данных в последовательности геномных данных; вычисление индекса для каждого  $k$ -мера подмножества геномных данных посредством одного или более компьютеров, причем индекс вычисляют на основе второй хеш-функции; и сохранение посредством одного или более компьютеров сигнатуры и первого атрибута каждого  $k$ -мера из подмножества геномных данных в структуре хешированных данных на основе индекса каждого  $k$ -мера подмножества геномных данных. Описана соответствующая система для генерации хеш-таблицы для программно ускоренного картирования ридов геномных данных. Раскрыт машиночитаемый носитель, на котором хранятся команды, которые при исполнении одним или более компьютерами инициируют выполнение одним или более компьютерами операций для генерации хеш-таблицы для программно ускоренного картирования ридов геномных данных. Изобретение позволяет ускорить картирование ридов геномных данных.

**Номер патента 2846787**

**Название** Способ выявления циркулирующих клеток в крови больных раком легкого с помощью проточной цитометрии с использованием опухолеспецифичных ДНК-аптамеров

**Патентообладатель** ФГБОУ ВО Красноярский государственный медицинский университет имени профессора В.Ф. Войно-Ясенецкого Министерства здравоохранения Российской Федерации (RU)

**Авторы**

Замай Татьяна Николаевна (RU),  
Замай Галина Сергеевна (RU),  
Кичкайло Анна Сергеевна (RU),  
Кириченко Дарья Александровна (RU),  
Коловская Ольга Сергеевна (RU),  
Артюшенко Полина Владимировна (RU),  
Щугорева Ирина Андреевна (RU),  
Глазырин Юрий Евгеньевич (RU),  
Кошманова Анастасия Андреевна (RU),  
Крат Алексей Васильевич (RU),  
Зуков Руслан Александрович (RU),  
Сидоров Семен Александрович (RU)

### **Реферат/формула изобретения**

*Изобретение относится к биотехнологии. Предложен способ выявления циркулирующих клеток (ЦОК) в крови больных раком легкого с помощью проточной цитометрии с использованием опухолеспецифичных ДНК-аптамеров, заключающийся в том, что из образца периферической крови больных РЛ выделяют с помощью градиента плотности лейкоциты и ЦОК, отмывают в фосфатном буфере, инкубируют с дрожжевой РНК для блокировки неспецифических сайтов связывания и окрашивают ДНК-аптамерами; полученный образец исследуют проточной цитометрией, окрашивают аптамерами, специфичными к клеткам рака легкого, красителем для ядер и антителами к CD45. При количестве ЦОК от 0 до 2 определяют невысокий риск рецидива заболевания, при ЦОК от 3 до 20 определяют умеренный риск рецидива, а при количестве ЦОК выше 20 - высокий риск рецидива заболевания раком легкого. Изобретение обеспечивает повышение точности определения ЦОК в крови больных раком легкого.*

**Номер патента 2847118**

**Название Способ определения иммунокомпрометированности у работников, подвергающихся воздействию углерода пыли**

**Патентообладатель ФБУН Екатеринбургский медицинский-научный центр профилактики и охраны здоровья рабочих промпредприятий Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (RU)**

### **Авторы**

Бушуева Татьяна Викторовна (RU),  
Рослая Наталья Алексеевна (RU),  
Карпова Елизавета Павловна (RU),  
Грибова Юлия Витальевна (RU),  
Сахаутдинова Рената Рашидовна (RU),  
Лабзова Алла Константиновна (RU),  
Федорук Анна Алексеевна (RU)

### **Реферат/формула изобретения**

*Изобретение относится к медицине, а именно к медицине труда, и может быть использовано для определения иммунокомпрометированности у работников, подвергающихся воздействию углерода пыли. Отбирают пробы слюны и мазков со слизистой оболочки зева. При наличии в соскобах со слизистой оболочки зева ДНК *Streptococcus pneumoniae* и уровня секреторного иммуноглобулина A в слюне  $\leq 119,7$  мкг/мл определяют иммунокомпрометированность у работников, подвергающихся воздействию*

углерода пыли. Способ обеспечивает возможность отбора иммунокомпрометированных работников, подвергающихся воздействию углерода пыли, для первоочередной вакцинации против пневмококковой инфекции на этапе периодического медицинского осмотра за счет определения уровня секреторного иммуноглобулина A в слюне и ДНК *Streptococcus pneumoniae* в мазках со слизистой оболочки зева.

### **Номер патента 2846880**

**Название** Тест-система для экспресс-выявления и идентификации *Mycobacterium avium*

**Патентообладатель** ФГБУ Национальный медицинский исследовательский центр фтизиопульмонологии и инфекционных заболеваний Министерства здравоохранения Российской Федерации (RU)

### **Авторы**

Панова Анна Евгеньевна (RU),  
Грачева Александра Николаевна (RU),  
Винокуров Анатолий Сергеевич (RU),  
Меренкова Алена Игоревна (RU),  
Олейник Ирина Константиновна (RU),  
Казюлина Анастасия Александровна (RU),  
Самойлова Анастасия Геннадьевна (RU),  
Васильева Ирина Анатольевна (RU)

### **Реферат/формула изобретения**

Изобретение относится к области биотехнологии, в частности к тест-системе для обнаружения *Mycobacterium avium*. Указанная тест-система включает праймеры, специфичные к последовательности инсерционного элемента IS1311 и содержащие нуклеотидные последовательности SEQ ID NO: 1 и SEQ ID NO: 2, а также зонд, содержащий нуклеотидную последовательность SEQ ID NO: 3. Кроме того, изобретение относится к набору реагентов для обнаружения *Mycobacterium avium*, включающему указанную тест-систему и реакционную смесь, а также к способу обнаружения *Mycobacterium avium*. Настоящее изобретение обеспечивает выявление в биоматериале ДНК возбудителя микобактериозов *Mycobacterium avium* методом ПЦР в реальном времени со специфично-подобранными праймерами и флуоресцентно-меченным зондом при использовании в качестве мишени многокопийного гена IS1311, встречающегося только у *M. avium*.

### **Номер патента 2846219**

**Название** Тест-система и способ выявления геномной нестабильности локусов 9p24.1 и 16p13.13 при первичной медиастинальной В-клеточной крупноклеточной лимфоме

**Патентообладатель** ФГБУ Национальный медицинский исследовательский центр гематологии Министерства здравоохранения Российской Федерации (RU)

### **Авторы**

Абдурашидова Руниза Равильевна (RU),  
Сурин Вадим Леонидович (RU),  
Рисинская Наталья Владимировна (RU),  
Мангасарова Яна Константиновна (RU),  
Никулина Елена Евгеньевна (RU),  
Абрамова Татьяна Валерьевна (RU),

Звонков Евгений Евгеньевич (RU),  
Судариков Андрей Борисович (RU)

## Реферат/формула изобретения

Изобретение относится к области молекулярной биологии. Описана тест-система для определения геномной нестабильности в регионах генов *PD-L1/PD-L2* локус *9p24.1* и *СИТА* локус *16p13.13* методом полимеразной цепной реакции (ПЦР), включающая пул олигонуклеотидных пар разработанных праймеров. Также описан способ выявления неблагоприятного течения первичной медиастинальной В-клеточной крупноклеточной лимфомы с применением указанной тест-системы. Технический результат заключается в определении прогноза ПМВКЛ в дебюте заболевания путем выявления прогностически неблагоприятных генетических аномалий в опухолевой ткани и идентификации значимых маркеров эффективности/резистентности к иммунотерапии.

**Номер патента 2846460**

**Название** Способ обнаружения нуклеиновых кислот патогенов

**Патентообладатель** ФГАОУ ВО Национальный исследовательский университет ИТМО (RU)

## Авторы

Шкоденко Любовь Алексеевна (RU),  
Рубель Мария Сергеевна (RU),  
Кошель Елена Ивановна (RU)

## Реферат/формула изобретения

Изобретение относится к области молекулярной биологии. Описан способ обнаружения нуклеиновых кислот патогенов, включающий выявление участков генов патогенов диагностируемых инфекционных заболеваний в растворенной в воде или в буфере ТЕ выделенной ДНК из образца биологической жидкости человека воздействием ДНК-наносенсоров на основе G-квадруплекса с использованием красителя. Технический результат заключается в создании достоверного способа диагностирования возбудителей инфекций нижних дыхательных путей.

## Формула изобретения

Способ обнаружения нуклеиновых кислот патогенов, включающий выявление участков генов патогенов диагностируемых инфекционных заболеваний в растворенной в воде или в буфере ТЕ выделенной ДНК из образца биологической жидкости человека воздействием ДНК-наносенсоров на основе G-квадруплекса с использованием красителя, отличающийся тем, что ДНК-наносенсоры являются трехкомпонентными, каждый компонент из которых комплементарен участку гена патогена, перед воздействием ДНК-наносенсорами выделенную ДНК добавляют в заранее заготовленные 19 пробирок с амплификационными смесями, в которых находятся праймеры, в том числе петлевые, участков генов патогенов *cfb* *S. agalactiae*, *gyrA* *S. aureus*, *porA* *N. meningitidis*, *hpd* *H. Influenza*, *lytA* *S. pneumoniae*, *gyrB* *A. baumannii*, *copB* *M. catarrhalis*, *phoE* *K. pneumoniae*, *oprL* *P. aeruginosa*, *cprb60* *S. anginosus*, *ptsI* *S. pyogenes* и маркеров антибиотикорезистентности *rpb* патогена *S. pneumoniae*, *blaOXA-24* патогена *A. Baumannii*, *KPC*, *OXA-48* и *NDM* патогена *K. pneumoniae*, *rpb* патогена *N. meningitidis*, *blaZ* и *tesA* патогена *S. aureus*, и проводят реакцию изотермической амплификации в течение 30 минут при температуре 65°C, по 1 мкл продуктов изотермической амплификации, а также по 1 мкмоль каждого компонента трехкомпонентного ДНК-наносенсора добавляют для детекции в заранее заготовленные

другие 19 пробирок со смесью в составе 50 ммоль НЕРЕС с рН 7,4, 70 ммоль хлорида калия, 160 ммоль хлорида натрия, 50 ммоль хлорида магния, 1% ДМСО, 0,03% трилон X-100, при этом во время воздействия ДНК-наносенсорами в качестве красителя используют флуоресцентный краситель тиофлавин Т, полученные смеси инкубируют в течение 5 минут при комнатной температуре, подвергают облучению светом с длиной волны 450 нм и при наличии флуоресцентного сигнала с длиной волны 520 нм определяют наличие патогена.

**Номер патента 2846268**

**Название Способ оценки точности результатов высокопроизводительного секвенирования биоинформационной обработки генома человека**

**Патентообладатель ФГБУ Центр стратегического планирования и управления медико-биологическими рисками здоровью Федерального медико-биологического агентства (RU)**

**Авторы**

Иванов Михаил Вячеславович (RU),  
Митрофанов Сергей Игоревич (RU),  
Голубникова Лилия Андреевна (RU),  
Светличный Дмитрий Владимирович (RU),  
Снигирь Екатерина Андреевна (RU),  
Каштанова Дарья Андреевна (RU),  
Некрасова Александра Игоревна (RU),  
Иващечкин Алексей Александрович (RU),  
Юдин Владимир Сергеевич (RU),  
Макаров Валентин Владимирович (RU),  
Кескинов Антон Артурович (RU),  
Юдин Сергей Михайлович (RU),  
Скворцова Вероника Игоревна (RU)

**Реферат/формула изобретения**

Изобретение относится к области высокопроизводительного секвенирования биоматериала и биоинформационной обработки генома человека. Разработан способ оценки точности результатов высокопроизводительного секвенирования и биоинформационной обработки генома человека в условиях различных лабораторий, который позволяет проводить оценку точности получаемых результатов с применением различных технологий секвенирования, протоколов пробоподготовки и способов биоинформационного анализа и, таким образом, исключить случайные ошибки, связанные с приборной базой, особенностями пробоподготовки или биоинформационной обработкой. Разработанный способ валидации подходит для всех доступных платформ высокопроизводительного секвенирования, основанных как на коротких, так и на длинных прочтениях, в том числе для анализа полного генома, экзома и таргетного секвенирования.

**Формула изобретения**

Способ оценки точности результатов высокопроизводительного секвенирования и биоинформационной обработки генома человека, предусматривающий секвенирование и биоинформационную обработку эталонного образца с использованием референсного генома человека GRCh38.d1.vd1, по результатам коллинга малых генетических вариантов для полученного VCF-файла (Variant Call Format) производится оценка точности выбранных протоколов по следующей формуле:

$$F = \frac{\Omega|GT_e| (gt \in GT_e) \mathbb{I}(gt_e = gt) \mathbb{I}(gq > gqThreshold) \mathbb{I}(cov > covThreshold) \mathbb{I}(gtPass)}{\Omega|GT_e| (gt \in GT_e) \mathbb{I}(gq > gqThreshold) \mathbb{I}(cov > covThreshold) \mathbb{I}(gtPass)}$$

где  $\Omega$  - мера множества, которая в данном случае обозначает число вариантов, удовлетворяющих условиям в скобках,  
 $GT_e$  - множество вариантов, входящих в эталонный набор генетических вариантов,  
 $\in$  - принадлежит, то есть совпадает по четырем полям  $CHR, POS, REF, ALT$ ,  
 $=$  - совпадает по всем пяти полям  $CHR, POS, REF, ALT, GT$ ,  
 $gt$  - генотип, обнаруженный при опытном секвенировании эталонного образца,  
 $gt_e$  - генотип, входящий в эталонный набор генетических вариантов,  
 $gq$  - показатель качества в поле  $GQ$  по результатам биоинформатической обработки результатов опытного секвенирования эталонного образца,  
 $cov$  - показатель покрытия, определенный как  $sum(AD)$ , по результатам биоинформатической обработки результатов опытного секвенирования эталонного образца,  
 $gtPass$  - внутренняя бинарная метрика контроля качества коллера, определенная как «PASS» или любое другое значение,  
 $gqThreshold$  - пороговый показатель качества ( $GQ$ ), который используется при фильтрации результатов биоинформатической обработки данных высокопроизводительного секвенирования,  
 $covThreshold$  - пороговый показатель покрытия ( $sum(AD)$ ), который используется при фильтрации результатов биоинформатической обработки данных высокопроизводительного секвенирования,  
 $F$  - значение метрики точности, для которой установлены пороговые значения при анализе точности результатов обработки высокопроизводительного секвенирования, при этом значение метрики точности  $F$  более 99,9% указывает на высокое качество результатов лабораторного анализа полного генома человека методами высокопроизводительного секвенирования, а значение метрики точности  $F$  менее 99,9% указывает на низкое качество результатов лабораторного анализа полного генома человека методами высокопроизводительного секвенирования.

## **II. Перечень опубликованных патентных документов в мире <sup>4</sup>, касающихся секвенирования <sup>5</sup>**

### **1. Патентные документы компании ILLUMINA INC (US)**

#### **Номер и название документа**

[US2025283163A1](#) *A circuit design to measure small current variation in nanopore sequencing*

#### **Реферат**

*In one aspect, the disclosed technology relates to systems and methods for sequencing polynucleotides. In one embodiment, the disclosed system for sequencing polynucleotides includes: a sequencing cell comprising a nanopore for sensing a polynucleotide; an electronic circuit configured to measure an electrical response in the sequencing cell, the electronic circuit comprising a feedback capacitor; and a current source operably connected to the electronic circuit via a gate.*

<sup>4</sup> Под патентными документами понимаются опубликованные патентные заявки или патенты

<sup>5</sup> Номер каждого документа является гиперссылкой, позволяющей открыть полный текст патентного документа

**Номер и название документа**

[WO2025193747A1](#) *Machine-learning models for ordering and expediting sequencing tasks or corresponding nucleotide-sample slides*

**Реферат**

*This disclosure describes methods, non-transitory computer readable media, and systems that can analyze features of sequencing tasks and/or nucleotide-sample-slides and generate task ordering scores or nucleotide-sample-slide-ordering scores upon which a computing system can order the processing of sequencing tasks and/or nucleotide-sample-slides. For instance, the sequencing ordering system may generate task ordering scores, utilizing a sequencing-task ordering machine-learning model, indicating a relative order of the set of sequencing tasks, and slide ordering scores, utilizing a nucleotide-sample-slide ordering machine-learning model, indicating a relative order of the nucleotide-sample-slides, based on available computing resources and the set of sequencing task features and perform the set of sequencing tasks according to the task ordering scores. Furthermore, in some implementations, the disclosed system determines where and when to distribute sample-specific base-call-data files from a sequencing device during a sequencing run based on the processing parameters for the base-call-data files for the ordered sequencing tasks.*

**Номер и название документа**

[WO2025183909A1](#) *RIBOSE-MEDIATED CYCLIC LOOP OPENING FOR NANOPORE SEQUENCING*

**Реферат**

In one aspect, the disclosed technology relates to nanopore sequencing with a polynucleotide including a plurality of ribonucleotides, wherein each ribonucleotide comprises a cyclic loop between two positions of the ribonucleotide, wherein the cyclic loop comprises a spacer or reporter moiety corresponding to the identity of the ribonucleotide, one or more linkers, and optionally one or more arresting constructs. The cyclic loop may be selectively cleaved in a ribose-mediated pathway to cause cleavage at the 5' P-O bond of the phosphate backbone.

**Номер и название документа**

[WO2025184183A1](#) *DESIGNER PEPTIDE CYCLIC LOOPS FOR NANOPORE SEQUENCING*

**Реферат**

In one aspect, the disclosed technology relates to nanopore sequencing with a polynucleotide comprising a plurality of nucleotides, wherein each nucleotide comprises a cleavable cyclic loop between two positions of the nucleotide, wherein the cyclic loop comprises reporter moiety corresponding to the identity of the nucleotide. The reporter may be comprised of an amino acid sequence. The cyclic loop may further comprise modifications or arresting constructs for slowing or halting the polynucleotide translocation through a nanopore. Also disclosed are methods of detecting nucleotides and a kit for determining the sequence of nucleotides.

**Номер и название документа**

[WO2025190902A1](#) *Improving base calling quality scores*

**Реферат**

A method for determining the quality of a base call, wherein the base call is based upon a signal generated in a current sequencing cycle of a sequencing run based upon the incorporation of a

nucleobase into a plurality of polynucleotide sequence portions forming a cluster, the method comprising: accessing a plurality of features associated with the cluster; and determining a quality score of the base call based upon the plurality of features and a non-linear machine learning algorithm.

**Номер и название документа**

[US2025290137A1](#) *Substituted coumarin dyes and uses as fluorescent labels*

**Реферат**

*The present application relates to substituted coumarin derivatives and their uses as fluorescent labels. These compounds may be used as fluorescent labels for nucleotides in nucleic acid sequencing applications.*

**Дополнительный комментарий:**

Этот патентный документ также подан в Австралию, Бразилию, Канаду, Китай, Европейское патентное ведомство, Израиль, Японию, Южную Корею, Мексику, США, ЮАР, что указывает на востребованность описанной в патентном документе технологии и перспективность ее коммерциализации.

**Номер и название документа**

[WO2025188906A1](#) *Modified adenosine nucleotides*

**Реферат**

*Embodiments of the present disclosure relate to modified adenosine nucleosides and nucleotides. Also provided herein are methods and kits for sequencing applications using such nucleotides.*

**Номер и название документа**

[WO2025184226A1](#) *Nucleotides with terminal phosphate capping*

**Реферат**

*Embodiments of the present disclosure relate to nucleotides with modified terminal phosphate capping groups. Also provided herein are methods and kits for sequencing applications using such nucleotides having modified terminal phosphate capping groups.*

**Номер и название документа**

[WO2025184044A1](#) *Methods and compositions to compare nucleic acid samples*

**Реферат**

Disclosed herein are methods and systems for comparing nucleic acids samples. Some embodiments include confirming a nucleic acid sample identity. Some embodiments include obtaining a nucleic acid sample from a human biological sample, determining sequence information for the nucleic acid sample at a plurality of sites, and based on the sequence information at each of the plurality of sites, confirming the nucleic acid sample identity. Further disclosed herein are kits for confirming a nucleic acid sample identity, and systems for confirming a nucleic acid sample identity. Further disclosed herein are methods of amplifying a human nucleic acid sample.

**Номер и название документа**

[EP4614146A2](#) *Detection of analytes using targeted epigenetic assays, proximity-induced tagmentation, strand invasion, restriction, or ligation*

## Реферат

*Detecting analytes using proximity-induced tagmentation, strand invasion, restriction, or ligation is provided herein. In some examples, detecting an analyte includes coupling a donor recognition probe to a first portion of the analyte. The donor recognition probe includes a first recognition element specific to the first portion of the analyte, a first oligonucleotide corresponding to the first portion, and a transposase coupled to the first recognition element and the first oligonucleotide. An acceptor recognition probe is coupled to a second portion of the analyte. The acceptor recognition probe includes a second recognition element specific to the second portion of the analyte and a second oligonucleotide coupled to the second recognition element and corresponding to the second portion. The transposase is used to generate a reporter polynucleotide including the first and second oligonucleotides. The analyte is detected based on the reporter including comprising the first and second oligonucleotides.*

### Номер и название документа

[AU2025226824A1](#) *Major histocompatibility complex single nucleotide polymorphisms*

## Реферат

*A method of identifying a transplant donor for a recipient in need of a transplant, the method comprising:*

- a) determining the presence of one or more single nucleotide polymorphism alleles in the MHC gamma block of the recipient in need of a transplant;*
- b) determining the presence of one or more single nucleotide polymorphism alleles in the MHC gamma block of one or more potential transplant donors; and c) identifying a transplant donor based on the presence of one or more single nucleotide polymorphism alleles in the MHC gamma block of both the transplant donor and the recipient in need of a transplant.*

### Дополнительный комментарий:

Этот патентный документ также подан в Австралию, Канаду, Китай, Данию, Европейское патентное ведомство, Испанию, Финляндию, Японию, США, что указывает на востребованность описанной в патентном документе технологии и перспективность ее коммерциализации.

## 2. Патентные документы компании BGI SHENZHEN (CN)

### Номер и название документа

[WO2025179458A1](#) *Gene sequencing data compression method and apparatus, and gene sequencing data decompression method and apparatus*

## Реферат

*Provided are a gene sequencing data compression method and apparatus, and a gene sequencing data decompression method and apparatus. The gene sequencing data compression method comprises: on the basis of a sequence prediction model obtained by jointly training a sample base sequence and a corresponding sample quality value sequence, performing sequence prediction on at least one of a base sequence and a quality value sequence in gene sequencing data to be compressed, and performing entropy encoding on at least one of the base sequence and the quality value sequence on the basis of a sequence prediction result and a corresponding ground truth label to obtain compressed data of said gene sequencing data. The gene sequencing data decompression method comprises: on the basis of a sequence prediction model obtained by jointly training a sample base sequence and a corresponding sample quality value sequence, performing sequence*

*prediction on gene sequencing data to be decompressed, and on the basis of a prediction result, obtaining decompressed data corresponding to said gene sequencing data.*

### **Номер и название документа**

[WO2025184871A1](#) *Filtering processing method and apparatus for gene sequencing signals, device, and storage medium*

### **Реферат**

*A filtering processing method and apparatus for gene sequencing signals, a device, and a storage medium. The method comprises: on the basis of current changes generated by different bases passing through a nanopore, obtaining a plurality of sets of raw gene sequencing signals; in a first-stage pipeline, performing filtering processing on each set of raw gene sequencing signals at the current time point to obtain preliminary gene sequencing signals; in a second-stage pipeline, storing the preliminary gene sequencing signals in a preset register, and performing filtering processing on the raw gene sequencing signals at the next time point to obtain candidate gene sequencing signals; and in a third-stage pipeline, storing the candidate gene sequencing signals in the register, and outputting the preliminary gene sequencing signals to a superordinate computer. The method can improve the filtering efficiency of gene sequencing signals.*

### **Номер и название документа**

[EP4613874A1](#) *Sequencing linker, sequencing linker complex, method for multiple amplifications of target nucleic acid sequence, and method for nanopore sequencing*

### **Реферат**

*Disclosed in the present disclosure are a sequencing adapter, a sequencing adapter complex, a method for multiple amplifications of a target nucleic acid sequence, and a method for nanopore sequencing. The sequencing adapter includes a first strand and a second strand. The first strand sequentially includes, from the 5' end to the 3' end, a sequencing guide sequence, a helicase binding sequence, a restriction structure, a first complementary sequence, and a first primer sequence; the restriction structure prevents a helicase from moving; the first strand has a 3' free end; the second strand sequentially includes, from the 5' end to the 3' end, a second complementary sequence, and a constraining sequence or a sequence complementary to the nucleic acid sequence of the constraining sequence; the constraining sequence includes the nucleic acid sequence modified with a hydrophobic molecule at an end; the first complementary sequence is reversely complementary to the second complementary sequence, and the sequencing adapter is formed by annealing the first strand and the second strand; and the sequencing adapter further includes a structure that prevents the second strand from being displaced by a polymerase. The sequencing adapter and sequencing adapter complex of the present disclosure are simple in construction process, and high in yield.*

### **Номер и название документа**

[WO2025194453A1](#) *Method for constructing MTSCCAT-SEQ sequencing library on the basis of droplet microfluidics*

### **Реферат**

*Provided is a method for constructing an mtscCAT-seq sequencing library on the basis of droplet microfluidics, the method comprising: fixing and permeabilizing a cell by using a fixative and a lysing agent, respectively; use a transposase to treat the cell which has been subjected to fixation and permeabilization, which transposase is embedded with a first specific tag sequence, so as to obtain gDNA and mtDNA which are linked to the first specific tag sequence, the gDNA being*

derived from an open chromatin region; treating the cell by using a transcriptome capture sequence, which transcriptome capture sequence comprises a second specific tag sequence, so as to obtain, by means of reverse transcription, cDNA linked to the second specific tag sequence; generating a droplet on the basis of droplet microfluidics so as to encapsulate the cell and a first microbead within the droplet, wherein the gDNA, the mtDNA and the cDNA are captured by the first microbead; and obtaining a sequencing library for mtscCAT-seq on the basis of the captured gDNA, mtDNA and cDNA.

#### **Номер и название документа**

[EP4621053A1](#) *Nucleic acid sequencing sample pretreatment device and method*

#### **Реферат**

*Provided are a sample pretreatment device and method for nucleic acid sequencing. The sample pretreatment device for nucleic acid sequencing includes a carrier, a first electrode, a second electrode, and a controller. The carrier is provided with a pretreatment chamber. The carrier is provided with a fluid inlet and a fluid outlet that communicate with the pretreatment chamber. The first electrode is disposed on the top wall of the pretreatment chamber. The second electrode is disposed on the bottom wall of the pretreatment chamber. The first electrode and the second electrode are electrically connected to the controller.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025194322A1](#) *Method for constructing spatial proteomics sequencing library from paraffin-embedded tissue sections and sequencing method*

#### **Реферат**

*Provided is a method for constructing a spatial proteomics sequencing library from paraffin-embedded tissue sections. The method comprises: providing a solid-phase carrier and an antibody-nucleic acid conjugate; attaching a paraffin-embedded tissue section sample to the solid-phase carrier and carrying out baking, dewaxing, hydration, de-crosslinking, and blocking treatments to obtain a blocked solid-phase carrier; incubating the antibody-nucleic acid conjugate and the blocked solid-phase carrier to obtain a protein-captured solid-phase carrier; carrying out a permeabilization treatment and DNA synthesis on the protein-captured solid-phase carrier to obtain cDNA; and releasing the cDNA from the solid-phase carrier, collecting the cDNA, and amplifying the cDNA to obtain a sequencing library.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025184872A1](#) *Transcription factor activity inferring method, apparatus, storage medium, and computer device*

#### **Реферат**

*Provided are a transcription factor activity inferring method, an apparatus, a storage medium, and a computer device, relating to the field of transcription factor activity inference. Provided is a method for performing transcription factor activity inference for spatial transcriptome sequencing data. The method specifically comprises: combining spatial position information of genes in the spatial transcriptome sequencing data with a single-cell transcription factor activity analysis method to perform transcription factor activity inference on the spatial transcriptome sequencing data. The method can improve the accuracy of performing transcription factor activity inference on the basis of spatial transcriptome sequencing technology.*

#### **Номер и название документа**

**Реферат**

*The present application provides a porin monomer, a porin, and a mutant and application thereof. The porin monomer includes: (a) a protein having an amino acid sequence shown in SEQ ID NO: 1; or (b) a protein mutant, where an amino acid sequence of the protein mutant is subjected to substitution, deletion and/or addition of one or more amino acids at at least one of the following sites in SEQ ID NO: 1: 77, 81, 82, and the like, and the mutant has a function of forming a pore channel structure by means of polymerization; or (c) a protein having at least 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, or 99% homology to the protein in the (a) or the (b), where the mutant has the function of forming the pore channel structure by means of polymerization. Therefore, the problem in the prior art of a low capture rate of a nano porin to a library can be solved, and the present application is applicable to the field of single-molecule sequencing.*

**Номер и название документа**

[FI13565905T4](#) Nucleic acid sequencing using affinity reagents

**Реферат**

*The invention provides compositions and methods for sequencing nucleic acids and other applications. In sequencing by synthesis, unlabeled reversible terminators are incorporated by a polymerase in each cycle, then labeled after incorporation by binding to the reversible terminator a directly or indirectly labeled antibody or other affinity reagent.*

**Дополнительный комментарий:**

Этот патентный документ также подан в Австралию, Бразилию, Канаду, Китай, Данию, Европейское патентное ведомство, Испанию, Финляндию, Венгрию, Израиль, Японию, США, Южную Корею, Мексику, Польшу, Португалию, Сербию, что указывает на востребованность описанной в патентном документе технологии и перспективность ее коммерциализации.

**3. Патентные документы компании MGI TECH CO LTD (CN)**

**Номер и название документа**

[US2025297306A1](#) Sequencing method

**Реферат**

*Provided is a hydrogel-based sequencing method suitable for a flowcell sequencing system and also supporting open-source sequencing system, and which can effectively reduce costs while ensuring sequencing efficiency and accuracy.*

**Номер и название документа**

[EP4617382A1](#) Synthesis method for second strand in dnb paired-end sequencing, sequencing method, and related products

**Реферат**

*The present invention provides a synthesis method for a second strand in DNB paired-end sequencing, a sequencing method and a related product. The synthesis method for the second strand comprises: after a first-strand sequencing on the DNB is completed, performing a second-strand synthesis using a second-strand synthesis primer, wherein the second-strand synthesis primer is a primer capable of being anchored on the surface of a sequencing chip. Second-strand*

*synthesis is performed by the second-strand synthesis primer anchored to a surface of a sequencing carrier, so that the process of the second-strand synthesis is relatively more stable, and the synthesized second-strand template strand is anchored to the sequencing carrier and subsequently the second-strand template strand anchored to the sequencing carrier is sequenced, so that a relatively higher quality of the second-strand sequencing can be obtained.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025179510A1](#) *Long-read and short-read co-sequencing device and bioinformatics sequencing method*

#### **Реферат**

*The present invention relates to the technical field of gene detection. Provided are a long-read and short-read co-sequencing device and a bioinformatics sequencing method. The method comprises: performing first base sequencing processing on a test object, so as to obtain a long base sequence of the test object; and performing second base sequencing processing on the test object, so as to obtain at least one short base sequence of the test object; and on the basis of the long base sequence and the at least one short base sequence, determining a target base sequence corresponding to the test object. Obtaining an accurate target base sequence while ensuring the base detection efficiency is achieved on the basis of maintaining the base detection efficiency of the acquiring of the long base sequence in combination with the base information accuracy of the short base sequence, such that the target base sequence can conform to the actual situation of the test object.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025189364A1](#) *Adapter addition method and use thereof in preparation of high-throughput sequencing library*

#### **Реферат**

*Provided are an adapter addition method, and a use thereof in the preparation of a high-throughput sequencing library. First, provided is a method for adding an adapter to a blunt-ended double-stranded DNA fragment, comprising: contacting the blunt-ended double-stranded DNA fragment with an enzyme having a terminal transferase activity and/or function and an adapter, wherein the enzyme is used for adding a nucleotide fragment 1 to the 3'-end of each strand of the double-stranded DNA fragment, and the nucleotide fragment 1 is reversely complementary to a nucleotide fragment 2 at the 3'-end of the adapter, so that the adapter is combined with the double-stranded DNA fragment, to obtain a double-stranded DNA fragment to which the adapter has been added. Furthermore, fragmentation, end repair, and adapter addition are carried out in one reaction system, thereby greatly reducing the operation complexity of library preparation. The problems of excessive steps, a high technical use threshold, a low template utilization rate, etc., in high-throughput sequencing library construction are solved.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025189419A1](#) *Method for acquiring full-length transcript mRNA sequence*

#### **Реферат**

*The present invention relates to a method for acquiring a full-length transcript sequence. The method comprises: performing reverse transcription treatment on the mRNA to be tested; performing second-strand synthesis treatment on a product after the reverse transcription treatment; performing digestion treatment on a product after the second-strand synthesis treatment in the presence of endonuclease, wherein the endonuclease specifically recognizes a nucleic acid*

fragment with universal bases; performing polymerase chain reaction treatment on a product after the digestion treatment; and performing sequencing treatment on a product after the polymerase chain reaction treatment, so as to obtain a full-length sequence of the mRNA to be tested. The reverse transcription treatment or the second-chain synthesis treatment is performed in the presence of universal bases.

#### **Номер и название документа**

[EP4613875A1](#) Method for efficiently and quickly constructing nucleic acid library

#### **Реферат**

*The present invention relates to the technical field of library construction, and particularly relates to a method for efficiently and quickly constructing a nucleic acid library. The present invention provides an adaptor composition. The adaptor composition can simultaneously attach a 5' end adaptor and a 3' end adaptor to a single-stranded template nucleic acid in a same reaction system by means of the 5' end adaptor, a first ligase, the 3' end adaptor, and a second ligase, without the need to add the 5' end adaptor and the 3' end adaptor in separate steps, thereby greatly reducing the reaction steps and the library construction time, and improving the adaptor attachment efficiency; moreover, the adaptor attachment directionality can be guaranteed, the template nucleic acid loss is reduced, and the utilization rate of original template nucleic acids is increased; no additional fixed sequence is added onto the template, the sequencing quality is not affected, there is no need to perform additional truncation by a certain length of a sequence requiring sequencing, and adaptors will not be attached to each other.*

#### **Номер и название документа**

[EP4621066A1](#) Multi-template nucleic acid synchronous sequencing method and use thereof

#### **Реферат**

*Provided are a multi-template nucleic acid synchronous sequencing method and use thereof. The method includes: providing a plurality of composite nucleic acid template spots, with a plurality of nucleic acid templates being arranged in the plurality of composite nucleic acid template spots; hybridizing the plurality of nucleic acid templates with corresponding sequencing primers thereof; performing, by use of the sequencing primers, a plurality of sequencing reaction cycles on each of the plurality of nucleic acid templates hybridized with the sequencing primers, wherein in each of the plurality of sequencing reaction cycles, signal intensities generated by the plurality of nucleic acid templates exhibit variations from one another; and classifying sequencing channel signals into the plurality of nucleic acid templates based on the variations in the signal intensities for each of the plurality of sequencing reaction cycles.*

### **4. Патентные документы компании ELEMENT BIOSCIENCES INC (US)**

#### **Номер и название документа**

[US2025285709A1](#) Phasing and prephasing correction of base calling in next generation sequencing

#### **Реферат**

*The present disclosure includes methods, systems, and media for performing a phasing and prephasing correction in sequencing analysis, comprising: determining corrected image intensities of a plurality of polonies,  $Ipc(N)$ , based on a cycle  $N-1$  phasing coefficient,  $pN-1$ , a cycle  $N-1$  prephasing coefficient,  $ppN-1$ , or both; obtaining base calls in the cycle  $N$  based on the corrected image intensities of the plurality of polonies in the cycle  $N$ ,  $Ipc(N)$ ; selecting, by the processor, polonies from the plurality of polonies based on the base calls; determining a cycle  $N$*

*phasing coefficient,  $pN$ , a cycle  $N$  prephasing coefficient,  $ppN$ , or both; and updating image intensities of the plurality of polonies in cycle  $N$ ,  $I(N)$ , using updated and corrected image intensities,  $Ipc\_n(N)$ , wherein  $Ipc\_n(N)$  is obtained based on the cycle  $N$  phasing coefficient,  $pN$ , the cycle  $N$  prephasing coefficient,  $ppN$ , or both.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025191535A1](#) PARTIALLY DOUBLE-STRANDED SPLINT ADAPTORS AND METHODS OF USE

#### **Реферат**

*The present disclosure provides compositions comprising nucleic acid partially double-stranded splint adaptors, and methods for preparing nucleic acid libraries using the partially double-stranded splint adaptors. The partially double-stranded splint adaptors can be ligated to double stranded nucleic acid fragments to form library-splint complexes having double stranded nicks, where the nicks can be ligated to form covalently closed circular molecules, which can then be subjected to downstream amplification and sequencing workflows.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025196731A1](#) Polymeric multivalent conjugates and related uses

#### **Реферат**

*The present disclosure provides polymeric molecules (e.g., compositions of Formula (I), an ionized form thereof, an isomer thereof, or a salt thereof. The present disclosure further provides methods for the use of the compositions, e.g. in the sequencing of poly-nucleic acid molecules.*

#### **Номер и название документа**

[WO2025196727A1](#) Macromolecular multivalent conjugates and related uses

#### **Реферат**

*The present disclosure provides multivalent molecules (e.g., compositions of Formula (I), an ionized form thereof, an isomer thereof, or a salt thereof. The present disclosure further provides methods for the use of the compositions, e.g. in the sequencing of poly-nucleic acid molecules.*

#### **Номер и название документа**

[WO2024158927A3](#) Illumination systems for nucleic acid sequencing

#### **Реферат**

*The present disclosure describes illumination methods and systems for illumination and sequencing applications that can be utilized for, for example, microscopy and sequencing platforms. The methods and systems of the present disclosure can provide wide area, flat illumination, which can reduce error and improve system throughputs.*

#### **Номер и название документа**

[WO2024159166A1](#) Compositions and methods for sequencing multiple regions of a template molecule using enzyme-based reagents

#### **Реферат**

*The present disclosure provides compositions comprising enzyme-based reagents, and methods using the enzyme-based reagents, for nucleic acid sequencing. The enzyme-based reagents*

*efficiently remove sequencing read products from a first sequenced region of a template molecule, thereby reducing residual signals in a second sequenced region on the same template molecule.*

## **5. Патентные документы компании MASSACHUSETTS GEN HOSPITAL (US)**

### **Номер и название документа**

[US2025297245A1](#) *Compositions and methods for single-cell RNA sequencing*

### **Реферат**

*Methods for single-cell sequencing of mitochondrial RNA are described. In some embodiments, the methods further involve the identification of malignant cells and/or characterization of tumor subclones in a biological sample.*

### **Номер и название документа**

[US2025290139A1](#) *Diagnosis and prognosis of richter's syndrome*

### **Реферат**

*Disclosed herein are methods and devices for use in early detection of Richter's Syndrome. The methods include sequencing a panel of regions in cell-free DNA molecules and detecting one or more markers that are indicative of Richter's Syndrome.*

### **Номер и название документа**

[WO2025199147A1](#) *Methods and systems for massively scalable drug discovery through chemical imaging and machine learning*

### **Реферат**

*Provided herein are methods of using a machine learning model to analyze a combination of imaging data and sequencing data to characterize cellular phenotypes and evaluate perturbation effects of drugs and genetic perturbation effects.*