

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la  
Propriété Intellectuelle  
Bureau international



WIPO | PCT



(10) Numéro de publication internationale  
**WO 2012/080591 A1**

(43) Date de la publication internationale  
21 juin 2012 (21.06.2012)

(51) Classification internationale des brevets :  
C12N 15/10 (2006.01)

(21) Numéro de la demande internationale :  
PCT/FR2011/000634

(22) Date de dépôt international :  
5 décembre 2011 (05.12.2011)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :  
1004835 13 décembre 2010 (13.12.2010) FR

(72) Inventeur; et

(71) Déposant : MILED, Chaouki [TN/FR]; 15, avenue de la  
Résidence, F-92160 Antony (FR).

(81) États désignés (sauf indication contraire, pour tout titre  
de protection nationale disponible) : AE, AG, AL, AM,  
AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BR, BW, BY, BZ,  
CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO,  
DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN,  
HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KM, KN, KP, KR,  
KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD, ME,  
MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ,  
OM, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SC, SD,

SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR,  
TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW.

(84) États désignés (sauf indication contraire, pour tout titre  
de protection régionale disponible) : ARIPO (BW, GH,  
GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, SZ, TZ,  
UG, ZM, ZW), eurasiatique (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU,  
TJ, TM), européen (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE,  
DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU,  
LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK,  
SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ,  
GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Déclarations en vertu de la règle 4.17 :

— relative au droit du déposant de demander et d'obtenir un  
brevet (règle 4.17.ii)

— relative au droit du déposant de revendiquer la priorité de  
la demande antérieure (règle 4.17.iii)

— relative à la qualité d'inventeur (règle 4.17.iv)

Publiée :

— avec rapport de recherche internationale (Art. 21(3))

— avec la partie de la description réservée au listing des sé-  
quences (règle 5.2.a)

(54) Title : MULTIPLEXED ANCHOR SCANNING PARALLEL END TAG SEQUENCING

(54) Titre : SÉQUENÇAGE "MULTIPLEXED ANCHOR SCANNING PARALLEL END TAG"

Fig. 1

RF



FP



(57) Abstract : The present invention relates to a novel method and to a kit for preparing nucleic-acid libraries, in particular for high-throughput sequencing. Said method is useful for simultaneously preparing multiple nucleic-acid libraries for sequencing, each library being characterized by a specific sequence of barcodes. In other words, instead of preparing, in parallel, a plurality of libraries that will be barcoded, the method of the invention enables the simultaneous preparation of a plurality of barcoded libraries by carrying out the step of preparing a single library. The inventor provides a means for inserting the barcodes at the beginning of the method for preparing the library. The libraries provided with the method described herein can be used for any high-throughput sequencing platform, such as the 454 Genome Sequencer, the Illumina Genome Analyzer, or the SoLiD platform.

(57) Abrégé : La présente invention concerne une nouvelle méthode et un kit de préparation de bibliothèques d'acides nucléiques et en particulier destinées au séquençage à haut débit. Cette méthode est utile pour préparer simultanément une multitude de bibliothèques d'acide nucléique destinées au séquençage, chaque bibliothèque est caractérisée par une séquence de code-barres spécifique. En d'autres termes, au lieu de préparer en parallèle plusieurs bibliothèques qui seront barre-codées, la méthode de l'invention permet la préparation simultanée de plusieurs bibliothèques barre-codées en effectuant l'étape de préparation d'une seule bibliothèque. L'inventeur fournit des moyens pour introduire les code-barres au début de la méthode de préparation de la bibliothèque. Les bibliothèques fournies avec la méthode décrite ici peuvent être utilisées sur n'importe quelle plate-forme de séquençage à haut débit, tels que le 454 Genome Sequencer, l'Illumina Genome Analyzer ou la plate-forme SOLiD.



WO 2012/080591 A1