

(12) 按照专利合作条约所公布的国际申请

(19) 世界知识产权组织
国际局

(43) 国际公布日
2024 年 12 月 19 日 (19.12.2024)



(10) 国际公布号
WO 2024/254882 A1

- (51) 国际专利分类号:
G16B 30/00 (2019.01)
- (21) 国际申请号: PCT/CN2023/100855
- (22) 国际申请日: 2023 年 6 月 16 日 (16.06.2023)
- (25) 申请语言: 中文
- (26) 公布语言: 中文
- (71) 申请人: 深圳华大生命科学研究院 (BGI SHENZHEN) [CN/CN]; 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼, Guangdong 518083 (CN)。
- (72) 发明人: 平质 (PING, Zhi); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼, Guangdong 518083 (CN)。
刘德瑞霖 (LIU, Deruilin); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼, Guangdong 518083 (CN)。
陈宇婷 (CHEN, Yuting); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼, Guangdong 518083 (CN)。

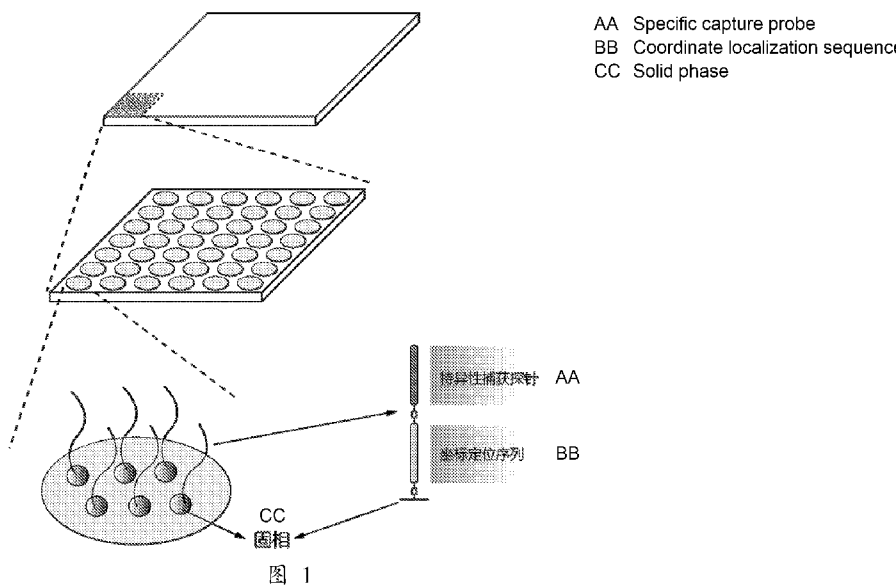
沈玥 (SHEN, Yue); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼, Guangdong 518083 (CN)。章文蔚 (ZHANG, Wenwei); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼, Guangdong 518083 (CN)。

(74) 代理人: 北京汇知杰知识产权代理有限公司 (IP MARCH); 中国北京市海淀区知春路 63 号卫星大厦 1506 室, Beijing 100190 (CN)。

(81) 指定国 (除另有指明, 要求每一种可提供的国家保护): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CV, CZ, DE, DJ, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IQ, IR, IS, IT, JM, JO, JP, KE, KG, KH, KN, KP, KR, KW, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, MG, MK, MN, MU, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD,

(54) Title: READING METHOD AND SYSTEM FOR DNA DATA STORAGE

(54) 发明名称: DNA 数据存储的读取方法和系统



(57) Abstract: Disclosed in the present invention are a DNA sequence library for continuous data storage, a method for continuous data storage, and a corresponding reading method and reading system. The reading method comprises: 1) capturing a DNA sequence in a DNA sequence library using a capture localization region, wherein the capture localization region corresponds to spatial information of continuous data; and 2) performing sequencing on a data region of the DNA sequence, wherein the data region corresponds to continuous data content, and restoring the continuous data content as the sequencing proceeds. The present invention innovates a reading mode for DNA data storage to realize instantaneous decoding, and solves the problem of low information reading efficiency in DNA data storage, thereby increasing the possibility of large-scale application of DNA data storage.



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

(84) 指定国(除另有指明, 要求每一种可提供的地区
保护): ARIPO (BW, CV, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ,
NA, RW, SC, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), 欧亚
(AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), 欧洲 (AL, AT, BE,
BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR,
HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, ME, MK, MT, NL, NO,
PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF,
CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN,
TD, TG)。

本国际公布:
— 包括国际检索报告(条约第21条(3))。

(57) 摘要: 本发明公开了一种用于连续数据存储的DNA序列文库、连续数据存储的方法以及相应的读取方
法和读取系统。所述读取方法包括: 1)利用捕获定位区捕获DNA序列文库的DNA序列, 所述捕获定位区
对应于连续数据的空间信息; 2)对所述DNA序列的数据区进行测序, 所述数据区对应于连续数据内容, 随
着所述测序的进行还原连续数据内容。本发明将DNA数据存储的读取方式进行革新实现即时解码, 解决
了DNA数据存储中的信息读取效率问题, 从而提升了DNA数据存储的大规模应用可能性。

DNA 数据存储的读取方法和系统

技术领域

5 本发明涉及生物技术和信息领域，具体涉及一种 DNA 数据存储的读取方法和系统。

背景技术

10 随着现代科技，尤其是互联网的发展，全球的数据呈现指数级攀升的态势。不断增长的数据量对存储技术提出越来越高的要求。传统的存储技术，比如磁带以及光碟存储，因为存储密度和时间有限越来越无法满足当前的数据需求。近年来，发展起来的 DNA 存储技术为解决这些问题提供了一条新的途径。与传统的存储介质相比，DNA 作为介质进行信息存储具有存储时间长（可以到几千年以上，是现有磁带和光盘介质的百倍以上）、存储密度高（达到 $\sim 10^9$ Gb/mm³，是现有磁带和光盘介质的千万倍以上）以及存储安全性好等特点。

15 DNA 数据存储通常包括以下步骤：1）编码：将电脑信息的二进制 0/1 代码转换为 A/T/C/G 的 DNA 序列信息；2）合成：利用 DNA 合成技术合成相应的 DNA 序列，并将获得的化学 DNA 分子保藏在离体介质或者活体细胞内；3）测序：利用测序技术读取存储的 DNA 分子的 DNA 序列；4）解码：利用步骤 1 中与编码过程相对应的方式，将
20 测序获得的 DNA 序列转换为二进制 0/1 代码，进一步转换为电脑信息。

目前，DNA 存储存在问题之一是信息无法被即时读取，需要将序列进行完全测序后数据才能下机解码。尽管测序通量非常高，但对于单一文件来说，其绝对读取速度远低于现有存储介质。因此，为了解决 DNA 存储中的信息读取效率问题，需要开发一种类似互联网网页内容
25 缓冲加载的“即时”读取手段。

发明内容

本发明的目的是提供一种 DNA 数据存储的读取方法，利用特异性序列定位待测序的碱基，结合高通量测序单轮测序输出数据与编码方

案，在每轮测序后获得部分原始数据并进行对应解码。在测序过程中，实现较快速地获得部分数据。

为实现上述目的，采用以下技术方案：

一种用于连续数据存储的 DNA 序列文库，所述 DNA 序列包括捕
5 获定位区和数据区，所述捕获定位区对应于所述连续数据的空间信息，
所述数据区对应于所述连续数据内容。

进一步地，所述 DNA 序列的两端还包括引物区。

一种连续数据存储的方法，所述方法包括：

1) 对于连续数据生成 DNA 序列文库，所述 DNA 序列包括捕获
10 定位区和数据区，所述捕获定位区对应于所述连续数据的空间信息，所
述数据区对应于所述连续数据内容；

2) 合成所述 DNA 序列文库。

一种 DNA 数据存储的读取方法，所述方法包括：

1) 利用捕获定位区捕获 DNA 序列文库的 DNA 序列，所述捕获
15 定位区对应于连续数据的空间信息；

2) 对所述 DNA 序列的数据区进行测序，所述数据区对应于连续
数据内容，随着所述测序的进行还原连续数据内容。

进一步地，所述捕获 DNA 序列是通过测序芯片实现的。

进一步地，所述捕获 DNA 序列是通过带有特定标记的磁珠实现
20 的。

进一步地，所述测序芯片每个微阵列上通过固相载体连接特异性
DNA 序列捕获探针并搭配坐标定位序列。

进一步地，所述捕获定位区是一部分与所述坐标定位序列相匹配
以及能被所述捕获探针捕获的特异性序列。

25 一种 DNA 数据存储的读取系统，所述系统包括：

捕获单元，被配置用于捕获存储连续数据的 DNA 序列；

测序单元，被配置用于对所述捕获的 DNA 序列进行测序；

解码单元，被配置用于对 DNA 序列测序数据进行解码；

存储单元，被配置用于所述测序数据以及解码数据的存储。

5 进一步地，所述 DNA 序列包括捕获定位区和数据区，所述捕获定位区对应于所述连续数据的空间信息，所述数据区对应于所述连续数据内容。

采用上述方案，本发明的有益效果是：将 DNA 数据存储的读取方式进行革新实现即时解码，解决了 DNA 数据存储中的信息读取效率问题，从而提升了 DNA 数据存储的大规模应用可能性。

10 附图说明

图 1 为根据本发明的一个实施方案中捕获芯片示意图。

图 2 为根据本发明的一个实施方案中存储数据的 DNA 序列示意图。

15 图 3 为根据本发明的一个实施方案的视频数据按照本发明编码的流程示意图。

图 4 为根据本发明的一个实施方案的存储在 DNA 序列中的视频数据按照本发明进行测序读取及解码的流程示意图。

图 5 为本发明的实施例中数据测序解码的示意图。

具体实施方式

20 以下结合附图和具体实施例，对本发明进行详细说明。

本发明提供了一种用于连续数据存储的 DNA 序列文库，DNA 序列包括捕获定位区和数据区，捕获定位区对应于连续数据的空间信息，数据区对应于连续数据内容。

DNA 序列的两端还包括引物区。

25 本发明还提供一种连续数据存储的方法，包括：

1) 对于连续数据生成 DNA 序列文库，DNA 序列包括捕获定位

区和数据区，捕获定位区对应于连续数据的空间信息，数据区对应于连续数据内容；

2) 合成 DNA 序列文库。

本发明还提供一种 DNA 数据存储的读取方法，包括：

5 1) 利用捕获定位区捕获 DNA 序列文库的 DNA 序列，捕获定位区对应于连续数据的空间信息；

2) 对 DNA 序列的数据区进行测序，数据区对应于连续数据内容，随着测序的进行还原连续数据内容。

在本发明中，连续数据是指有前后顺序的连续的一组数据，可以是时间上的也可以是空间上的，例如连续数据可以是图片、视频、细胞在组织中的位置等。具体地，将图片划分为不同部分，图片的多个不同部分在空间上是连续数据；视频本质上由不同画面组成，视频的多个画面在时间上是连续数据；细胞在生物体内特定的空间位置与微环境协同，发挥其特有的生物学功能，一段时间内细胞在组织中的位置是连续数据。

在本发明中，捕获 DNA 序列可以通过测序芯片实现。具体的测序芯片如图 1 所示，原始测序芯片基于华大时空组学测序芯片，每个微阵列上通过固相载体连接特异性 DNA 序列捕获探针并搭配坐标定位序列（图 1）。

20 捕获 DNA 序列也可以通过带有特定标记的磁珠实现。

在 DNA 序列设计、合成过程中，每条序列（图 2）需要携带一部分与坐标定位序列相匹配以及能被捕获探针捕获的特异性序列。

以视频存储为例，编码时结合坐标定位进行矩阵化编码（图 3），每个信息矩阵编码一帧画面，形成一个碱基矩阵。多个碱基矩阵相连，形成一个 DNA 序列文库。读取数据时，如图 4 所示，首先将合成的 DNA 文库经过扩增后倾倒在芯片表面并充分反应，此时，特异性捕获探针将捕获带有相应定位序列的 DNA 序列。此后进行建库测序，每轮测序获得一个矩阵的碱基信息，每个碱基矩阵通过解码可以获得部分数

据（如第 N 帧图像）。如此重复，直至所有信息在测序全部完成后完全恢复。

如果利用单分子测序的方式，可以使用单位时间内读出碱基数据作为数据块进行半即时解码。

5 实施例：

本实施例以华大 logo 图片为例说明本发明公开的建库方法、数据存储方法以及数据读取方法。

1. 编码：在缓冲读取的编码过程中，我们将待存储文件（华大 logo 图片）的比特序列分段后不直接编码，而是将每段比特序列升维，形成二维比特矩阵，相邻矩阵之间进行叠加，最终生成深度为分段序列总数的连续数据。再通过编码形成 DNA 序列文库，连续数据的长度乘以宽度为 DNA 分子总数，深度为 DNA 分子的长度，长度不足的部分用随机序列补足并标记文件大小，使得解码时可以区分哪些碱基是多余的。同时返回原始文件类型对应的必要参数，以便于在即时读取阶段判断读取序列对应恢复的文件类型。

2. 合成与保存：利用包括但不限于柱式合成法、电化学合成法、基于芯片的喷墨打印合成法、基于分选的芯片合成法、光脱保护合成法等方式，根据步骤 1 编码所得的 DNA 序列进行合成，合成长度与序列长度一致，合成产物以体外寡核苷酸/基因片段或体内形式进行存储，存储环境包括但不限于密封胶囊、无机封装、活细胞等。

3. 测序：将保存的 DNA 序列进行扩增（可选），其后根据选用的测序技术进行建库，测序技术包括但不限于高通量测序、单分子测序等。测序过程中根据每轮测序或单位时间内产出的碱基矩阵输出测序结果。

4. 解码：根据输出的测序结果按轮次或单位时间进行序列解码，逐渐完成源文件的解码，如图 5 所示。

本发明还提供一种 DNA 数据存储的读取系统，所述系统包括捕获单元，被配置用于捕获存储连续数据的 DNA 序列；

测序单元，被配置用于对捕获的 DNA 序列进行测序；

解码单元，被配置用于对 DNA 序列测序数据进行解码；

存储单元，被配置用于测序数据以及解码数据的存储。

5 读取系统中的 DNA 序列包括捕获定位区和数据区，捕获定位区对应于连续数据的空间信息，数据区对应于连续数据内容。

以上仅为本发明的较佳实施例而已，并不用于限制本发明，凡在本发明的精神和原则之内所作的任何修改、等同替换和改进等，均应包含在本发明的保护范围之内。

权 利 要 求 书

1. 一种用于连续数据存储的 DNA 序列文库，其特征在于，所述 DNA 序列包括捕获定位区和数据区，所述捕获定位区对应于所述连续数据的空间信息，所述数据区对应于所述连续数据内容。
5
2. 根据权利要求 1 所述的 DNA 序列文库，其特征在于，所述 DNA 序列的两端还包括引物区。
3. 一种连续数据存储的方法，其特征在于，所述方法包括：
10
1) 对于连续数据生成 DNA 序列文库，所述 DNA 序列包括捕获定位区和数据区，所述捕获定位区对应于所述连续数据的空间信息，所述数据区对应于所述连续数据内容；
2) 合成所述 DNA 序列文库。
4. 一种 DNA 数据存储的读取方法，其特征在于，所述方法包括：
15
1) 利用捕获定位区捕获 DNA 序列文库的 DNA 序列，所述捕获定位区对应于连续数据的空间信息；
2) 对所述 DNA 序列的数据区进行测序，所述数据区对应于连续数据内容，随着所述测序的进行还原连续数据内容。
5. 根据权利要求 4 所述的方法，其特征在于，所述捕获 DNA 序列是通过测序芯片实现的。
20
6. 根据权利要求 4 所述的方法，其特征在于，所述捕获 DNA 序列是通过带有特定标记的磁珠实现的。
7. 根据权利要求 5 所述的方法，其特征在于，所述测序芯片每个微阵列上通过固相载体连接特异性 DNA 序列捕获探针并搭配坐标定位序列。
25
8. 根据权利要求 7 所述的方法，其特征在于，所述捕获定位区是一部分与所述坐标定位序列相匹配以及能被所述捕获探针捕获的特异性序列。
9. 一种 DNA 数据存储的读取系统，其特征在于，所述系统包括：
30
捕获单元，被配置用于捕获存储连续数据的 DNA 序列；

测序单元，被配置用于对所述捕获的 DNA 序列进行测序；

解码单元，被配置用于对 DNA 序列测序数据进行解码；

存储单元，被配置用于所述测序数据以及解码数据的存储。

- 5 10. 根据权利要求 9 所述的系统，其特征在于，所述 DNA 序列包括捕获定位区和数据区，所述捕获定位区对应于所述连续数据的空间信息，所述数据区对应于所述连续数据内容。

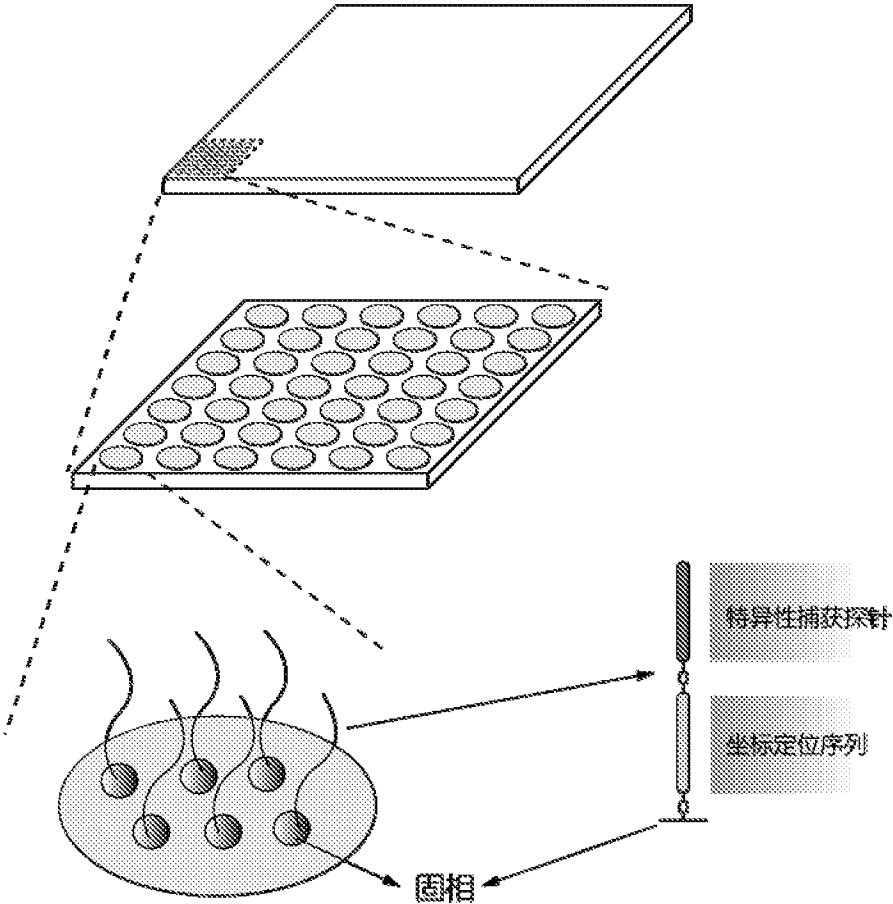


图 1

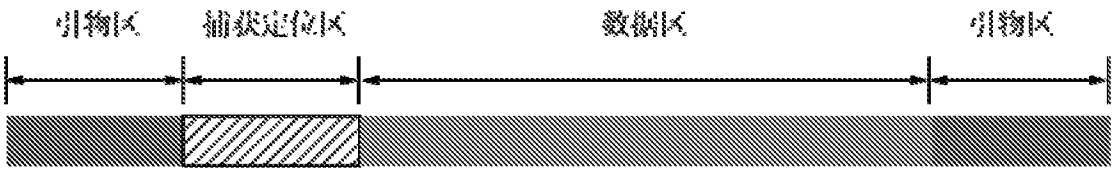


图 2

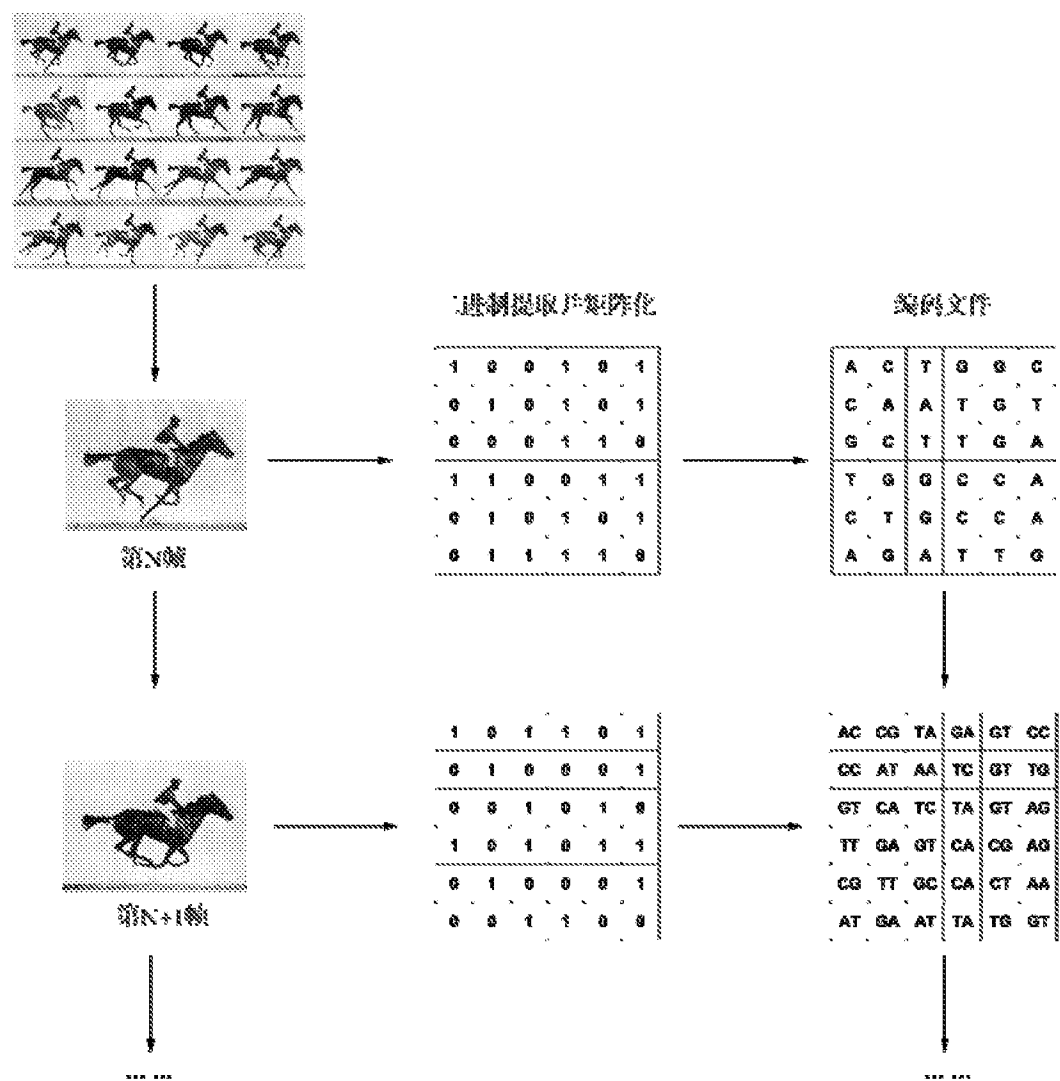


图 3

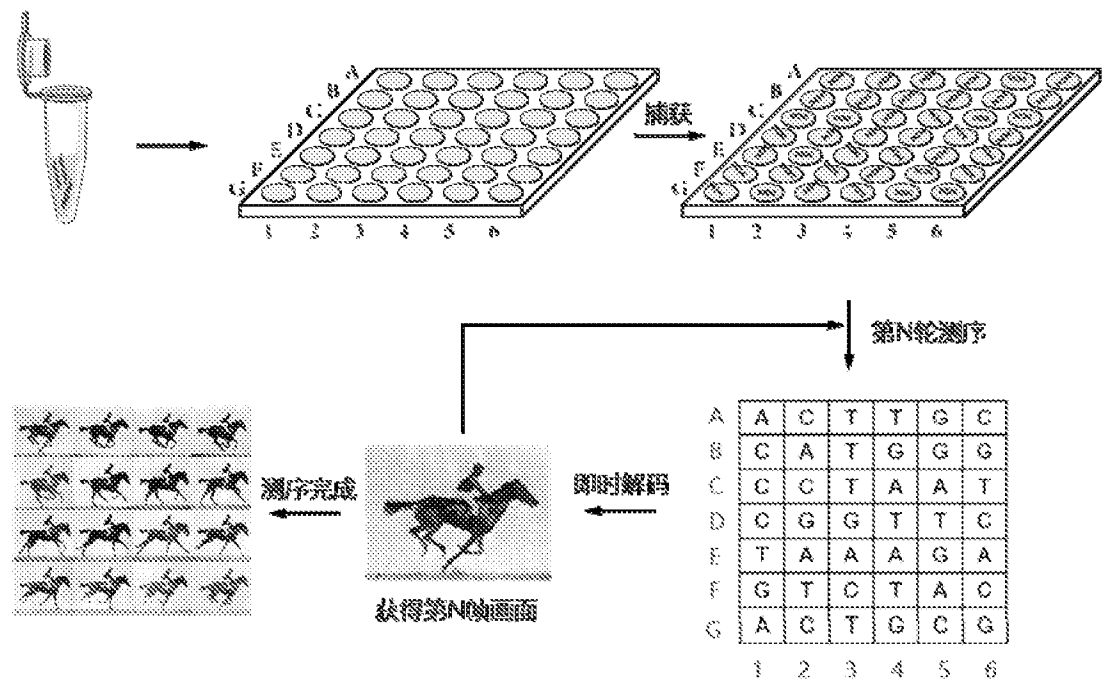


图 4

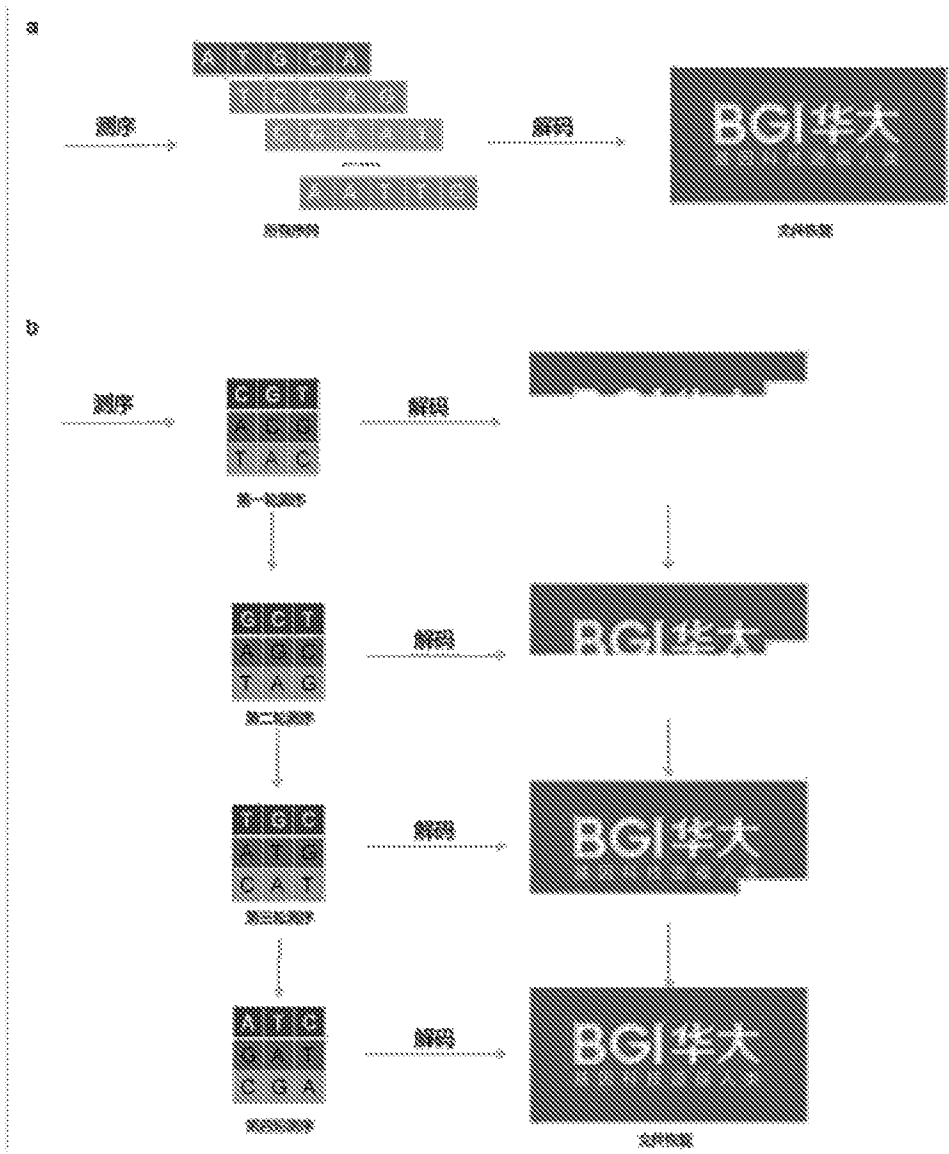


图 5

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/CN2023/100855

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

G16B 30/00(2019.01)i

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC: G16B30/-, G16B 50/-, G06F, G06N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

DWPI, CNABS, WPABS, CNTXT, ENTXT, CJFD, CNKI: 基因, 存储, 解码, 定位, 序列, 空间, 测序, 芯片, 磁珠, 探针, 引物, 转录, 逆转录, 反转录, 还原, DNA, gene, storage, decoding, localization, sequence, space, sequencing, chip, magnetic bead, probe, primer, transcription, reverse transcription, reduction

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	CN 115461469 A (CANCER RESEARCH TECHNOLOGY LTD.) 09 December 2022 (2022-12-09) description, paragraphs 11-530	1-3
Y	CN 115461469 A (CANCER RESEARCH TECHNOLOGY LTD.) 09 December 2022 (2022-12-09) description, paragraphs 11-530	4-10
Y	CN 114743602 A (TIANJIN UNIVERSITY) 12 July 2022 (2022-07-12) description, paragraphs 21-30	4-10
A	CN 109983125 A (HARVARD COLLEGE) 05 July 2019 (2019-07-05) entire document	1-10
A	WO 2018183897 A1 (GRAIL INC.) 04 October 2018 (2018-10-04) entire document	1-10



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

“A” document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
 “D” document cited by the applicant in the international application
 “E” earlier application or patent but published on or after the international filing date
 “L” document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
 “O” document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
 “P” document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

“T” later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

“X” document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

“Y” document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

“&” document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

28 February 2024

Date of mailing of the international search report

29 February 2024

Name and mailing address of the ISA/CN

China National Intellectual Property Administration (ISA/
CN)
China No. 6, Xitucheng Road, Jimenqiao, Haidian District,
Beijing 100088

Authorized officer

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT
Information on patent family members

International application No.

PCT/CN2023/100855

Patent document cited in search report			Publication date (day/month/year)	Patent family member(s)			Publication date (day/month/year)
CN	115461469	A	09 December 2022	EP	4073265	A1	19 October 2022
				US	2023032082	A1	02 February 2023
				GB	201918340	D0	29 January 2020
				WO	2021116715	A1	17 June 2021

CN	114743602	A	12 July 2022	None			

CN	109983125	A	05 July 2019	JP	2023071872	A	23 May 2023
				US	2019177718	A1	13 June 2019
				US	11085072	B2	10 August 2021
				US	2019330617	A1	31 October 2019
				EP	3507364	A1	10 July 2019
				EP	3507364	A4	20 May 2020
				WO	2018045181	A1	08 March 2018
				GB	201904349	D0	15 May 2019
				GB	2570412	A	24 July 2019
				JP	2019533432	A	21 November 2019
JP	7239465	B2	14 March 2023				

WO	2018183897	A1	04 October 2018	US	2018327831	A1	15 November 2018
				US	11118222	B2	14 September 2021

A. 主题的分类

G16B 30/00(2019.01)i

按照国际专利分类(IPC)或者同时按照国家分类和IPC两种分类

B. 检索领域

检索的最低限度文献(标明分类系统和分类号)

IPC: G16B30/-, G16B 50/-, G06F, G06N

包含在检索领域中的除最低限度文献以外的检索文献

在国际检索时查阅的电子数据库(数据库的名称, 和使用的检索词(如使用))

DWPI, CNABS, WPABS, CNTXT, ENTXT, CJFD, CNKI: 基因, 存储, 解码, 定位, 序列, 空间, 测序, 芯片, 磁珠, 探针, 引物, 转录, 逆转录, 反转录, 还原, DNA, gene, storage, decoding, localization, sequence, space, sequencing, chip, magnetic bead, probe, primer, transcription, reverse transcription, reduction

C. 相关文件

类型*	引用文件, 必要时, 指明相关段落	相关的权利要求
X	CN 115461469 A (癌症研究技术有限公司) 2022年12月9日 (2022 - 12 - 09) 说明书第11-530段	1-3
Y	CN 115461469 A (癌症研究技术有限公司) 2022年12月9日 (2022 - 12 - 09) 说明书第11-530段	4-10
Y	CN 114743602 A (天津大学) 2022年7月12日 (2022 - 07 - 12) 说明书第21-30段	4-10
A	CN 109983125 A (哈佛学院董事及会员团体) 2019年7月5日 (2019 - 07 - 05) 全文	1-10
A	WO 2018183897 A1 (GRAIL INC) 2018年10月4日 (2018 - 10 - 04) 全文	1-10

☐ 其余文件在C栏的续页中列出。

☒ 见同族专利附件。

* 引用文件的具体类型:

“A” 认为不特别相关的表示了现有技术一般状态的文件

“D” 申请人在国际申请中引证的文件

“E” 在国际申请日的当天或之后公布的在先申请或专利

“L” 可能对优先权要求构成怀疑的文件, 或为确定另一篇引用文件的公布日而引用的或者因其他特殊理由而引用的文件(如具体说明的)

“O” 涉及口头公开、使用、展览或其他方式公开的文件

“P” 公布日先于国际申请日但迟于所要求的优先权日的文件

“T” 在申请日或优先权日之后公布, 与申请不相抵触, 但为了理解发明之理论或原理的在后文件

“X” 特别相关的文件, 单独考虑该文件, 认定要求保护的发明不是新颖的或不具有创造性

“Y” 特别相关的文件, 当该文件与另一篇或者多篇该类文件结合并且这种结合对于本领域技术人员为显而易见时, 要求保护的发明不具有创造性

“&” 同族专利的文件

国际检索实际完成的日期

2024年2月28日

国际检索报告邮寄日期

2024年2月29日

ISA/CN的名称和邮寄地址

中国国家知识产权局
中国北京市海淀区蓟门桥西土城路6号 100088

授权官员

田竞

电话号码 (+86) 62411749

PCT/ISA/210 表(第2页) (2022年7月)

国际检索报告
关于同族专利的信息

国际申请号

PCT/CN2023/100855

检索报告引用的专利文件			公布日 (年/月/日)	同族专利			公布日 (年/月/日)
CN	115461469	A	2022年12月9日	EP	4073265	A1	2022年10月19日
				US	2023032082	A1	2023年2月2日
				GB	201918340	D0	2020年1月29日
				WO	2021116715	A1	2021年6月17日

CN	114743602	A	2022年7月12日	无			

CN	109983125	A	2019年7月5日	JP	2023071872	A	2023年5月23日
				US	2019177718	A1	2019年6月13日
				US	11085072	B2	2021年8月10日
				US	2019330617	A1	2019年10月31日
				EP	3507364	A1	2019年7月10日
				EP	3507364	A4	2020年5月20日
				WO	2018045181	A1	2018年3月8日
				GB	201904349	D0	2019年5月15日
				GB	2570412	A	2019年7月24日
				JP	2019533432	A	2019年11月21日
				JP	7239465	B2	2023年3月14日

WO	2018183897	A1	2018年10月4日	US	2018327831	A1	2018年11月15日
				US	11118222	B2	2021年9月14日
