

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 11-180682- -00005-0000

Fecha: 2013-08-08 16:39:16 Dep. 2020 DIR.NUEVASCR
Tra. 11 PATENTEIYII Eve: 378 FASENACIONALI
Act. 523 RESPUESTA Folios: 16

Señor Director
DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES
Superintendencia de Industria y Comercio
E. S. D.

Trámite : 011
Evento : 378
Actuación : 444

Referencia : Expediente No. **11.180.682**
Asunto : Solicitud de patente para: **QUIMERA DE ADN**
POLIMERASA DEL FAGO Φ29
Solicitante : CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES
CIENTIFICAS
Fecha de solicitud : 29 de diciembre de 2011

1. Yo, Luz Clemencia DE PÁEZ, en mi condición de apoderada de la sociedad solicitante de la patente de la referencia, me refiero al oficio No. **8593** notificado por fijación en lista el 14 de mayo de 2013.

2. Mediante oficio No. **8593** se puso en conocimiento del solicitante el informe que contiene las observaciones hechas por su Despacho sobre la presente solicitud de patente. Las observaciones realizadas en el oficio se refieren a la claridad del pliego reivindicatorio, a la reivindicación 14 relativa a usos o segundos usos, y a la claridad del capítulo descriptivo.

3. Respuesta a las objeciones

De este modo y con el objeto de atender las objeciones arriba mencionadas, se desea presentar las siguientes modificaciones, aclaraciones y argumentos:

3.1 Modificación de una solicitud en trámite

De acuerdo con el artículo 34 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, donde se establece que la modificación de una solicitud es posible en cualquier

"EXCELENCIA LEGAL EN UN MUNDO SIN FRONTERAS"

BOGOTÁ - Edificio Siski - Carrera 4 No. 72 - 35 - Tel. (57-1) 347 3611 - Fax (57-1) 211 8650 - Fax in U.S.A: (1-305) 675 7743 - COLOMBIA
MEDELLÍN - San Fernando Plaza - Carrera 43 A No. 1 - 50 - Torre Protección Oficina 652 - Tel: (57-4) 604 4794 Ext. 6729 / 6731 - Fax: (57-4) 604 4731- COLOMBIA

www.cavelier.com
cavelier@cavelier.com

momento del trámite mientras no implique una ampliación de la solicitud inicial, me permito presentar un nuevo pliego reivindicatorio conformado por 3 reivindicaciones, junto con un nuevo listado de secuencias.

Se han introducido las siguientes modificaciones al capítulo reivindicatorio:

- La nueva reivindicación 1 ha sido modificada mediante la incorporación del objeto de las reivindicaciones 4 a 6 y 10 originales.
- La expresión “*al menos*” de la parte (c) de la reivindicación 1 ha sido reemplazada por la palabra “*un*”.
- La nueva reivindicación 2 (original 44) ha sido modificada mediante la incorporación de la expresión de la anterior reivindicación 15, que corresponde a “*replicación, amplificación o secuenciación de un ADN molde*”.
- La nueva reivindicación 2 (original 44) también ha sido modificada mediante la especificación de la presencia de un paquete/contenedor, un cebador y el manual de instrucciones. El soporte para esta modificación se encuentra en la descripción de la presente solicitud. La reivindicación 2 (original 44) se refiere ahora explícitamente a un ADN molde como se ha mencionado en la anterior reivindicación 15.
- La nueva reivindicación 3 (original 49) ha sido modificada mediante la incorporación de la del objeto de la reivindicación 38 original, que corresponde a “*en donde el cebador es arbitrario y está protegido contra la acción de exonucleasas*”. El soporte para esta modificación se encuentra en la descripción de la presente solicitud, en la cual se especifica que *en una realización más preferida, el cebador es un cebador arbitrario que está protegido contra la acción de exonucleasa 3'-5'*. El alcance de la reivindicación no ha cambiado.

Por lo anterior, las objeciones formuladas por el Examinador en cuanto a la claridad y concisión del pliego reivindicatorio se ven superadas. En consecuencia, se solicita atentamente tener en cuenta este nuevo pliego reivindicatorio para el nuevo análisis de patentabilidad.

3.2 Descripción

Con respecto a la memoria descriptiva, señalamos que hemos notado que ha habido un error en la SEC ID NO: 5 en la lista de secuencias. De esta forma, se presenta como documento adjunto a esta respuesta una nueva lista de secuencias corregida.

La SEQ ID NO: 5 codifica un enlazador o secuencia de “aminoácido de conexión” que puede estar presente entre el dominio $\Phi 29$ polimerasa y el(los) dominio(s) HhH. La estructura de la quimera se muestra en la Figura 6 de la presente solicitud, en donde la secuencia de aminoácidos de conexión de la SEQ ID NO: 5 se da como AYDVGA. Esta secuencia de aminoácidos de conexión está codificada por el cebador 1 (SEQ ID NO: 8) (Figura 6 de la presente solicitud).

En la lista de secuencias, la secuencia de SEQ ID NO: 5 se da como AYVDGA, no AYDVGA. Es obvio que se ha producido un error, debido a que la secuencia difiere entre la Figura 6 y la lista de secuencias.

La corrección de este error también es obvia. La secuencia correcta se produce cuatro veces en la Figura 6, y la secuencia incorrecta se produce sólo una vez en el listado de secuencias. Además, la secuencia del cebador dada en SEQ ID NO: 8 codifica la secuencia correcta AYDVGA:

SEQ ID NO: 8	gcgatatgatgtgggcgcgg
Encoded sequence	A Y D V G A

En consecuencia, respetuosamente indicamos que para una persona del oficio normalmente versada en la materia, sería obvio que habría ocurrido un error, y que dicho error se encontraba en la lista de secuencias en SEQ ID NO: 5, y que la secuencia correcta se muestra en la Figura 6 y está codificada por la SEC ID NO: 8.

Así, se considera que la descripción de la presente solicitud cumple con los requerimientos establecidos en el Artículo 28 de la Decisión 486 y que la objeción formulada por el Examinador se ve superada.

3.2 Conclusión

Por todo lo anterior, las objeciones elevadas en cuanto a claridad del pliego reivindicatorio y la reivindicación 14 relativa a un uso o segundo uso se ven superadas y por lo tanto, ahora dichas objeciones carecen de validez.

4. Puesto que se ha dado respuesta a todas las objeciones formuladas por el Examinador, se solicita atentamente proceder al otorgamiento de la solicitud de patente. En este sentido, respetuosamente recordamos al Examinador que la patente no podrá ser negada con base en objeciones diferentes a las expuestas en la acción oficial No. 8593, toda vez que al no haber sido trasladadas a mi representada, dicha decisión violaría tanto el tenor literal del artículo 45 de la Decisión 486 como el derecho constitucional al debido proceso. En este evento, y con base en el inciso 2 del artículo 45, respetuosamente solicitamos al Examinador expedir una nueva acción oficial que permita a mi representada contra argumentar las mismas o modificar la solicitud con el fin de cumplir los requisitos de patentabilidad.

5. Anexos

- Nuevo pliego reivindicatorio conformado por 3 reivindicaciones
- Listado de Secuencias

Señor Director,


LUZ CLEMENCIA DE PÁEZ

C.C. 35.456.344 de Usaquén

T.P.A. No. 23.555

COLO-19036-0841-001-4
SGD\SGD\ID-248713\WPC19036
No. M-2013-248713\SGD

REIVINDICACIONES

1. Quimera de ADN polimerasa que comprende:
 - a) una secuencia aminoacídica que codifica para una ADN polimerasa del tipo Φ 29, en donde la ADN polimerasa del tipo Φ 29 tiene la secuencia aminoacídica SEQ ID NO: 1, unida por su extremo C-terminal a
 - b) una secuencia aminoacídica conectora, en donde la secuencia aminoacídica conectora es SEQ ID NO: 5 o SEQ ID NO: 6, unida por su extremo C-terminal a
 - c) una secuencia aminoacídica que comprende, un dominio hélice-gancho-hélice (HhH), en donde la secuencia aminoacídica es la SEQ ID NO: 3, o en donde la secuencia aminoacídica es SEQ ID NO: 3 unida por su extremo C-terminal a la SEQ ID NO: 4.

2. Kit para replicación, amplificación o secuenciación de un ADN molde que comprende un envase/contenedor caracterizado porque comprende:
 - a) la quimera de ADN polimerasa según cualquiera de reivindicación 1,
 - b) un tampón,
 - c) un cebador, e
 - c) instrucciones para llevar cabo la reacción.

3. Kit según la reivindicación 2, en donde el cebador es arbitrario y está protegido contra la acción de exonucleasas.

P057712CO Sequence Listing - corrected.txt
Sequence Listing

<110> Consejo Superior De Investigaciones Cientificas (CSIC)

<120> PHAGE PHI 29 DNA POLYMERASE CHIMERA

<130> 53044

<160> 19

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 572

<212> PRT

<213> Bacteriophage phi-29

<400> 1

Met Pro Arg Lys Met Tyr Ser Cys Asp Phe Glu Thr Thr Thr Lys Val
1 5 10 15

Glu Asp Cys Arg Val Trp Ala Tyr Gly Tyr Met Asn Ile Glu Asp His
20 25 30

Ser Glu Tyr Lys Ile Gly Asn Ser Leu Asp Glu Phe Met Ala Trp Val
35 40 45

Leu Lys Val Gln Ala Asp Leu Tyr Phe His Asn Leu Lys Phe Asp Gly
50 55 60

Ala Phe Ile Ile Asn Trp Leu Glu Arg Asn Gly Phe Lys Trp Ser Ala
65 70 75 80

Asp Gly Leu Pro Asn Thr Tyr Asn Thr Ile Ile Ser Arg Met Gly Gln
85 90 95

Trp Tyr Met Ile Asp Ile Cys Leu Gly Tyr Lys Gly Lys Arg Lys Ile
100 105 110

His Thr Val Ile Tyr Asp Ser Leu Lys Lys Leu Pro Phe Pro Val Lys
115 120 125

Lys Ile Ala Lys Asp Phe Lys Leu Thr Val Leu Lys Gly Asp Ile Asp
130 135 140

Tyr His Lys Glu Arg Pro Val Gly Tyr Lys Ile Thr Pro Glu Glu Tyr
145 150 155 160

Ala Tyr Ile Lys Asn Asp Ile Gln Ile Ile Ala Glu Arg Leu Leu Ile
165 170 175

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

Gln	Phe	Lys	Gln	Gly	Leu	Asp	Arg	Met	Thr	Ala	Gly	Ser	Asp	Ser	Leu
			180					185					190		
Lys	Gly	Phe	Lys	Asp	Ile	Ile	Thr	Thr	Lys	Lys	Phe	Lys	Lys	Val	Phe
		195					200					205			
Pro	Thr	Leu	Ser	Leu	Gly	Leu	Asp	Lys	Glu	Val	Arg	Tyr	Ala	Tyr	Arg
	210					215					220				
Gly	Gly	Phe	Thr	Trp	Leu	Asn	Asp	Arg	Phe	Lys	Glu	Lys	Glu	Ile	Gly
225					230					235					240
Glu	Gly	Met	Val	Phe	Asp	Val	Asn	Ser	Leu	Tyr	Pro	Ala	Gln	Met	Tyr
				245					250					255	
Ser	Arg	Leu	Leu	Pro	Tyr	Gly	Glu	Pro	Ile	Val	Phe	Glu	Gly	Lys	Tyr
			260					265					270		
Val	Trp	Asp	Glu	Asp	Tyr	Pro	Leu	His	Ile	Gln	His	Ile	Arg	Cys	Glu
		275					280					285			
Phe	Glu	Leu	Lys	Glu	Gly	Tyr	Ile	Pro	Thr	Ile	Gln	Ile	Lys	Arg	Ser
	290					295					300				
Arg	Phe	Tyr	Lys	Gly	Asn	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Ser	Gly	Gly	Glu	Ile
305					310					315					320
Ala	Asp	Leu	Trp	Leu	Ser	Asn	Val	Asp	Leu	Glu	Leu	Met	Lys	Glu	His
				325					330					335	
Tyr	Asp	Leu	Tyr	Asn	Val	Glu	Tyr	Ile	Ser	Gly	Leu	Lys	Phe	Lys	Ala
			340					345					350		
Thr	Thr	Gly	Leu	Phe	Lys	Asp	Phe	Ile	Asp	Lys	Trp	Thr	Tyr	Ile	Lys
		355					360					365			
Thr	Thr	Ser	Glu	Gly	Ala	Ile	Lys	Gln	Leu	Ala	Lys	Leu	Met	Leu	Asn
	370					375					380				
Ser	Leu	Tyr	Gly	Lys	Phe	Ala	Ser	Asn	Pro	Asp	Val	Thr	Gly	Lys	Val
385					390					395					400
Pro	Tyr	Leu	Lys	Glu	Asn	Gly	Ala	Leu	Gly	Phe	Arg	Leu	Gly	Glu	Glu
				405					410					415	
Glu	Thr	Lys	Asp	Pro	Val	Tyr	Thr	Pro	Met	Gly	Val	Phe	Ile	Thr	Ala
			420					425					430		

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

Trp Ala Arg Tyr Thr Thr Ile Thr Ala Ala Gln Ala Cys Tyr Asp Arg
 435 440 445

Ile Ile Tyr Cys Asp Thr Asp Ser Ile His Leu Thr Gly Thr Glu Ile
 450 455 460

Pro Asp Val Ile Lys Asp Ile Val Asp Pro Lys Lys Leu Gly Tyr Trp
 465 470 475 480

Ala His Glu Ser Thr Phe Lys Arg Val Lys Tyr Leu Arg Gln Lys Thr
 485 490 495

Tyr Ile Gln Asp Ile Tyr Met Lys Glu Val Asp Gly Lys Leu Val Glu
 500 505 510

Gly Ser Pro Asp Asp Tyr Thr Asp Ile Lys Phe Ser Val Lys Cys Ala
 515 520 525

Gly Met Thr Asp Lys Ile Lys Lys Glu Val Thr Phe Glu Asn Phe Lys
 530 535 540

Val Gly Phe Ser Arg Lys Met Lys Pro Lys Pro Val Gln Val Pro Gly
 545 550 555 560

Gly Val Val Leu Val Asp Asp Thr Phe Thr Ile Lys
 565 570

<210> 2
 <211> 984
 <212> PRT
 <213> Methanopyrus kandleri

<400> 2

Met Ala Leu Val Tyr Asp Ala Glu Phe Val Gly Ser Glu Arg Glu Phe
 1 5 10 15

Glu Glu Glu Arg Glu Thr Phe Leu Lys Gly Val Lys Ala Tyr Asp Gly
 20 25 30

Val Leu Ala Thr Arg Tyr Leu Met Glu Arg Ser Ser Ser Ala Lys Asn
 35 40 45

Asp Glu Glu Leu Leu Glu Leu His Gln Asn Phe Ile Leu Leu Thr Gly
 50 55 60

Ser Tyr Ala Cys Ser Ile Asp Pro Thr Glu Asp Arg Tyr Gln Asn Val
 65 70 75 80

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

Ile Val Arg Gly Val Asn Phe Asp Glu Arg Val Gln Arg Leu Ser Thr
 85 90 95
 Gly Gly Ser Pro Ala Arg Tyr Ala Ile Val Tyr Arg Arg Gly Trp Arg
 100 105 110
 Ala Ile Ala Lys Ala Leu Asp Ile Asp Glu Glu Asp Val Pro Ala Ile
 115 120 125
 Glu Val Arg Ala Val Lys Arg Asn Pro Leu Gln Pro Ala Leu Tyr Arg
 130 135 140
 Ile Leu Val Arg Tyr Gly Arg Val Asp Leu Met Pro Val Thr Val Asp
 145 150 155 160
 Glu Val Pro Pro Glu Met Ala Gly Glu Phe Glu Arg Leu Ile Glu Arg
 165 170 175
 Tyr Asp Val Pro Ile Asp Glu Lys Glu Glu Arg Ile Leu Glu Ile Leu
 180 185 190
 Arg Glu Asn Pro Trp Thr Pro His Asp Glu Ile Ala Arg Arg Leu Gly
 195 200 205
 Leu Ser Val Ser Glu Val Glu Gly Glu Lys Asp Pro Glu Ser Ser Gly
 210 215 220
 Ile Tyr Ser Leu Trp Ser Arg Val Val Val Asn Ile Glu Tyr Asp Glu
 225 230 235 240
 Arg Thr Ala Lys Arg His Val Lys Arg Arg Asp Arg Leu Leu Glu Glu
 245 250 255
 Leu Tyr Glu His Leu Glu Glu Leu Ser Glu Arg Tyr Leu Arg His Pro
 260 265 270
 Leu Thr Arg Arg Trp Ile Val Glu His Lys Arg Asp Ile Met Arg Arg
 275 280 285
 Tyr Leu Glu Gln Arg Ile Val Glu Cys Ala Leu Lys Leu Gln Asp Arg
 290 295 300
 Tyr Gly Ile Arg Glu Asp Val Ala Leu Cys Leu Ala Arg Ala Phe Asp
 305 310 315 320
 Gly Ser Ile Ser Met Ile Ala Thr Thr Pro Tyr Arg Thr Leu Lys Asp
 325 330 335

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

Val Cys Pro Asp Leu Thr Leu Glu Glu Ala Lys Ser Val Asn Arg Thr
340 345 350

Leu Ala Thr Leu Ile Asp Glu His Gly Leu Ser Pro Asp Ala Ala Asp
355 360 365

Glu Leu Ile Glu His Phe Glu Ser Ile Ala Gly Ile Leu Ala Thr Asp
370 375 380

Leu Glu Glu Ile Glu Arg Met Tyr Glu Glu Gly Arg Leu Ser Glu Glu
385 390 395 400

Ala Tyr Arg Ala Ala Val Glu Ile Gln Leu Ala Glu Leu Thr Lys Lys
405 410 415

Glu Gly Val Gly Arg Lys Thr Ala Glu Arg Leu Leu Arg Ala Phe Gly
420 425 430

Asn Pro Glu Arg Val Lys Gln Leu Ala Arg Glu Phe Glu Ile Glu Lys
435 440 445

Leu Ala Ser Val Glu Gly Val Gly Glu Arg Val Leu Arg Ser Leu Val
450 455 460

Pro Gly Tyr Ala Ser Leu Ile Ser Ile Arg Gly Ile Asp Arg Glu Arg
465 470 475 480

Ala Glu Arg Leu Leu Lys Lys Tyr Gly Gly Tyr Ser Lys Val Arg Glu
485 490 495

Ala Gly Val Glu Glu Leu Arg Glu Asp Gly Leu Thr Asp Ala Gln Ile
500 505 510

Arg Glu Leu Lys Gly Leu Lys Thr Leu Glu Ser Ile Val Gly Asp Leu
515 520 525

Glu Lys Ala Asp Glu Leu Lys Arg Lys Tyr Gly Ser Ala Ser Ala Val
530 535 540

Arg Arg Leu Pro Val Glu Glu Leu Arg Glu Leu Gly Phe Ser Asp Asp
545 550 555 560

Glu Ile Ala Glu Ile Lys Gly Ile Pro Lys Lys Leu Arg Glu Ala Phe
565 570 575

Asp Leu Glu Thr Ala Ala Glu Leu Tyr Glu Arg Tyr Gly Ser Leu Lys

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

580

585

590

Glu Ile Gly Arg Arg Leu Ser Tyr Asp Asp Leu Leu Glu Leu Gly Ala
595 600 605

Thr Pro Lys Ala Ala Ala Glu Ile Lys Gly Pro Glu Phe Lys Phe Leu
610 615 620

Leu Asn Ile Glu Gly Val Gly Pro Lys Leu Ala Glu Arg Ile Leu Glu
625 630 635 640

Ala Val Asp Tyr Asp Leu Glu Arg Leu Ala Ser Leu Asn Pro Glu Glu
645 650 655

Leu Ala Glu Lys Val Glu Gly Leu Gly Glu Glu Leu Ala Glu Arg Val
660 665 670

Val Tyr Ala Ala Arg Glu Arg Val Glu Ser Arg Arg Lys Ser Gly Arg
675 680 685

Gln Glu Arg Ser Glu Glu Glu Trp Lys Glu Trp Leu Glu Arg Lys Val
690 695 700

Gly Glu Gly Arg Ala Arg Arg Leu Ile Glu Tyr Phe Gly Ser Ala Gly
705 710 715 720

Glu Val Gly Lys Leu Val Glu Asn Ala Glu Val Ser Lys Leu Leu Glu
725 730 735

Val Pro Gly Ile Gly Asp Glu Ala Val Ala Arg Leu Val Pro Gly Tyr
740 745 750

Lys Thr Leu Arg Asp Ala Gly Leu Thr Pro Ala Glu Ala Glu Arg Val
755 760 765

Leu Lys Arg Tyr Gly Ser Val Ser Lys Val Gln Glu Gly Ala Thr Pro
770 775 780

Asp Glu Leu Arg Glu Leu Gly Leu Gly Asp Ala Lys Ile Ala Arg Ile
785 790 795 800

Leu Gly Leu Arg Ser Leu Val Asn Lys Arg Leu Asp Val Asp Thr Ala
805 810 815

Tyr Glu Leu Lys Arg Arg Tyr Gly Ser Val Ser Ala Val Arg Lys Ala
820 825 830

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

Pro Val Lys Glu Leu Arg Glu Leu Gly Leu Ser Asp Arg Lys Ile Ala
835 840 845

Arg Ile Lys Gly Ile Pro Glu Thr Met Leu Gln Val Arg Gly Met Ser
850 855 860

Val Glu Lys Ala Glu Arg Leu Leu Glu Arg Phe Asp Thr Trp Thr Lys
865 870 875 880

Val Lys Glu Ala Pro Val Ser Glu Leu Val Arg Val Pro Gly Val Gly
885 890 895

Leu Ser Leu Val Lys Glu Ile Lys Ala Gln Val Asp Pro Ala Trp Lys
900 905 910

Ala Leu Leu Asp Val Lys Gly Val Ser Pro Glu Leu Ala Asp Arg Leu
915 920 925

Val Glu Glu Leu Gly Ser Pro Tyr Arg Val Leu Thr Ala Lys Lys Ser
930 935 940

Asp Leu Met Arg Val Glu Arg Val Gly Pro Lys Leu Ala Glu Arg Ile
945 950 955 960

Arg Ala Ala Gly Lys Arg Tyr Val Glu Glu Arg Arg Ser Arg Arg Glu
965 970 975

Arg Ile Arg Arg Lys Leu Arg Gly
980

<210> 3
<211> 56
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223> dominio H de la topoisomerasa V de Methanopyrus kandleri
<400> 3

Trp Lys Glu Trp Leu Glu Arg Lys Val Gly Glu Gly Arg Ala Arg Arg
1 5 10 15

Leu Ile Glu Tyr Phe Gly Ser Ala Gly Glu Val Gly Lys Leu Val Glu
20 25 30

Asn Ala Glu Val Ser Lys Leu Leu Glu Val Pro Gly Ile Gly Asp Glu
35 40 45

Ala Val Ala Arg Leu Val Pro Gly

50

<210> 4
<211> 51
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> dominio I de la topoisomerasa V de Methanopyrus kandleri

<400> 4
Tyr Lys Thr Leu Arg Asp Ala Gly Leu Thr Pro Ala Glu Ala Glu Arg
1 5 10 15

Val Leu Lys Arg Tyr Gly Ser Val Ser Lys Val Gln Glu Gly Ala Thr
20 25 30

Pro Asp Glu Leu Arg Glu Leu Gly Leu Gly Asp Ala Lys Ile Ala Arg
35 40 45

Ile Leu Gly
50

<210> 5
<211> 6
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> secuencia aminoacídica conectora

<400> 5

Ala Tyr Asp Val Gly Ala
1 5

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> secuencia aminoacídica conectora

<400> 6

Gly Thr Gly Ser Gly Ala
1 5

<210> 7
<211> 34
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> cebador 3

<400> 7
ggcgggatcc ttaatgatga tgatgatgat ggcc 34

<210> 8
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> cebador 1

<400> 8
gcgtatgatg tgggcgccgg 20

<210> 9
<211> 38
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> cebador 2

<400> 9
ggcaccggct ctggcgctg gaaagaatgg ctggaacg 38

<210> 10
<211> 6
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> secuencia aminoacídica conectora

<400> 10
Gly Thr Gly Ser Gly Ala
1 5

<210> 11
<211> 22
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> cebador 4

<400> 11
ccgtctccgg gagctgcatg tg 22

<210> 12
<211> 43
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> cebador 5

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

<400> 12		
ggcgcccaca tcatacgctt tgattgtgaa tgtgtcatca acc		43
<210> 13		
<211> 43		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		
<223> cebador 6		
<400> 13		
ggcgccagag ccggtgcctt tgattgtgaa tgtgtcatca acc		43
<210> 14		
<211> 15		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		
<223> oligonucleótido de 15 pares de bases		
<400> 14		
gatcacagtg agtac		15
<210> 15		
<211> 21		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		
<223> oligonucleótido de 21 pares de bases		
<400> 15		
tctattgtac tcactgtgat c		21
<210> 16		
<211> 17		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		
<223> cebador		
<400> 16		
gttttcccag tcacgac		17
<210> 17		
<211> 22		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		
<223> cebador pT7-N		
<400> 17		
ccgtctccgg gagctgcatg tg		22

1/6

P057712CO Sequence listing - corrected.txt

<210> 18
<211> 26
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> cebador sp4+10

<400> 18
ccggatgaca gcaggcagtg acagtc 26

<210> 19
<211> 25
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> cebador sp10+7

<400> 19
ggtaagttag tagaaggtag tccag 25