

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO	
RAD: 12-507- -2	FECHA: 2013-12-27 08:57:45
DEP: 2020 DIRECCION DE NUEVAS CREACIONES	EVE: 378 FASE NACIONAL INCLUIDO CAPITULO I
TRA: 11 PCT-PATENTE DE INVENCION CAPITULOS I Y II	FOLIOS: 7
ACT: 519 PRESENTACION	

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

2020
Bogotá, D.C.,

Abogado(a)/Señor(a)
LUZ CLEMENCIA DE PAEZ

Asunto: Radicación: 12-507- -2
 Trámite: 11
 Evento: 378
 Actuación: 519
 Oficio: 23698
 Folios: 7

Patente de Invención	X			Patente de Modelo de Utilidad	
Vía Nacional					
Vía PCT (Fase Nacional)	X	Capítulo I	X	Capítulo II	
No. Solicitud Internacional	PCTUS2010/037192				
Fecha de Presentación Internacional	03/06/2010				

Como resultado del examen de fondo realizado, con fundamento en el Artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se comunica:

1. Documentos estudiados

Descripción:	Radicado No 12-000507 00000-0000	03 /Enero/2012
Reivindicaciones:	Radicado No 12-000507 00000-0000	03 /Enero/2012
Dibujos:	Radicado No 12-000507 00000-0000	03 /Enero/2012
Prioridad:	US 61 183 777	03/Junio/2009

2. Análisis de la Prioridad

Se acepta la reivindicación de prioridad porque ésta solicitud fue presentada dentro del plazo establecido (Art. 9 D 486) y su contenido técnico corresponde con el de la prioridad reivindicada.

3. Objeto de la invención

De acuerdo con lo establecido en el numeral 1.2.2.2 del capítulo primero del Título 10 de la Circular Única para efectos del examen de patentabilidad, se tendrá en cuenta la tasa pagada por el solicitante al momento de comenzar el examen para las reivindicaciones adicionales; esto es que cuando la solicitud contenga más de diez (10) reivindicaciones y no se haya pagado la tasa complementaria, sólo se estudiarán las cubiertas por la tasa pagada.

En el presente caso se estudiarán las reivindicaciones 1 a 20 Radicado No 12-000507-00000-0000.

Título de la solicitud: “Análisis multiplex de proteína transgénica apilada”

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de proporcionar un método para detectar y cuantificar la presencia de productos de expresión transgénica en plantas que no requiera proteína purificada o altamente expresada, o reactivos específicos del método.

Para resolver este problema técnico la solicitud en estudio proporciona métodos para análisis multiplex de muestras de proteína compleja de plantas utilizando espectrometría de masa.

El objeto de la presente solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): B01D 59/44; C07K 1/36; C12P 21/60.

4. De la solicitud de patente

Reivindicaciones (Art 30 D 486, Art 22 PCT)

- 1- En la reivindicación 1 se refiere a un método en el que se va a obtener datos simultáneos de espectrometría de masas para los péptidos y poder determinar la presencia o ausencia de las dos o más proteínas de interés que es un resultado a alcanzar y no definen al método, puesto que la reivindicación incluiría no sólo la solución propuesta por el solicitante, sino todas las alternativas presentes o futuras que lleguen a ese resultado. Se sugiere reemplazarlo por las características esenciales, que contribuyen a la obtención de ese efecto.
- 2- En la reivindicación 12 el término “alto” es relativo por lo cual no permite distinguir la invención del estado de la técnica. Se sugiere sustituirlo por un término o rango concreto.
- 3- En las reivindicaciones 1 a 20 se define un método a partir de proteínas de interés, lo cual no es aceptable. Se sugiere hacerlo a partir de su secuencia peptídica, indicando SEQ ID NO.
- 4- En las reivindicaciones 1-20 se menciona una planta transgénica sobre la cual no se tiene claridad. Se sugiere describirla a partir de sus características técnicas esenciales.

5. Determinación del Estado de la Técnica

El estado de la técnica se determinó con base en la fecha de presentación de la solicitud de prioridad: junio 03 de 2009, y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación
D1	US2005153380	"Methods for mass spectrometry detection and quantification of specific target proteins in complex biological samples"	14/Julio/2005

El documento D1¹ divulga un método para detectar proteínas en una muestra biológica que comprende: (Pág.2, Párr. 0015), digerir las proteínas para obtener los péptidos (Pág.2, Párr.0019), Proteínas que pueden ser sometidas a cromatografía para la separación de los péptidos (Pág.5, Párr.0062), proteínas sometidas a cromatografía para la obtención de péptidos separados (Pág.5, Párr.0062), ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr.0071), detección de la presencia de fragmentos de péptidos. También divulga que la cromatografía es de columna líquida

6. Examen de Patentabilidad (Art 14 D486)

Nivel inventivo (Art18 D486)

La reivindicación 1 consiste en *"un método de alta productividad para detectar la presencia de dos o más proteínas de interés con secuencias de aminoácidos conocidas en una muestra basada en una planta, método que incluye: (i) proveer péptidos obtenidos digiriendo las proteínas de la muestra basada en una planta; (ii) Separar los péptidos (iii) ionizar los péptidos y (iv) obtener datos simultáneos de espectrometría de masas para los péptidos y determinar la presencia o ausencia de las dos o más proteínas de interés"*.

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D1
Un método de alta productividad para detectar la presencia de dos o más proteínas de interés, que incluye:	Método para detectar proteínas en una muestra biológica que comprende: (Pág.2, Párr. 0015)
proveer péptidos obtenidos digiriendo las proteínas de la muestra basada en una planta	Digerir las proteínas para obtener los péptidos (Pág.2, Párr.0019)
separar los péptidos	Péptidos sometidos a separacion. (Pág.5, Párr.0062)
ionizar los péptidos	Ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr.0071)
Obtener datos simultáneos de espectrometría de masas para los péptidos y determinar la presencia o ausencia de las dos o más proteínas de interés.	Detección de la presencia de fragmentos de péptidos vía espectrometría de masa (Pág. 2,Párr.0020)

El documento D1 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 1 porque divulga un método para detectar proteínas en una muestra biológica que comprende: (Pág.2, Párr. 0015), digerir las proteínas para obtener los péptidos (Pág.2, Párr.0019), proteínas que pueden ser sometidas a cromatografía para la separación de los péptidos (Pág.5, Párr.0062), Proteínas sometidas a cromatografía para la obtención de péptidos separados (Pág.5, Párr.0062), ionizar los péptidos (Pág.

¹¹http://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/biblio?DB=EPODOC&II=0&ND=4&adjacent=true&locale=en_EP&FT=D&date=20050714&CC=US&NR=2005153380A1&KC=A1

6 Párr.0071), detección de la presencia de fragmentos de péptidos. También divulga que la cromatografía es de columna líquida

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 1 y el método de D1 consiste en incluir específicamente el paso de la separación de los péptidos en el método de detección.

El efecto que logra el incluir en el método de detección un paso de separación de péptidos es que se detecta la presencia o ausencia de las proteínas de interés.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: cómo modificar el un método para detectar proteínas en una muestra biológica procedimiento conocido en D1 para que se detecte la presencia o ausencia de las proteínas de interés.

Sin embargo, la separación de péptidos en un método de detección de proteínas, ya está divulgada en el documento D1 que se refiere a un método para detectar proteínas en una muestra biológica que comprende: (Pág.2, Párr. 0015), Digerir las proteínas para obtener los péptidos (Pág.2, Párr.0019), Proteínas que pueden ser sometidas a cromatografía para la separación de los péptidos (Pág.5, Párr.0062), Proteínas sometidas a cromatografía para la obtención de péptidos separados (Pág.5, Párr.0062), Ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr.0071), Detección de la presencia de fragmentos de péptidos. También divulga que la cromatografía puede ser de columna líquida (Pág.5, Párr.0062).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría el paso de separación de péptidos del documento D1 en el procedimiento divulgado en la solicitud para llegar así al objeto de la reivindicación 1 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 2-11 no mencionan características técnicas adicionales, por lo cual no tienen nivel inventivo.

Conclusión:

Las reivindicaciones 1 - 11 cumplen el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumplen con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

La reivindicación 12 consiste en *“un método de alta productividad para detectar la presencia de dos o más proteínas de interés con secuencias de aminoácidos conocidas en una muestra basada en una planta, método que incluye: (i) proveer datos de espectros para dos o más proteínas de interés. (ii) proveer una primera inyección de una muestra compleja basada en una planta que contiene proteínas (iii) digerir las proteínas de una muestra compleja basada en una planta en péptidos. (iv) separar los péptidos, (v) ionizar los péptidos. (vi) obtener datos simultáneos de espectrometría de masas para los péptidos ; y (vii) comparar los datos simultáneos de espectrometría de masas con los datos de espectros de masas provistos para los dos o más proteínas de interés, determinando de esta forma la presencia o ausencia de las dos o más proteínas de interés”*.

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D1
Un método de alta productividad para detectar la presencia de dos o más proteínas de interés, que incluye:	Método para detectar proteínas en una muestra biológica que comprende: (Pág.2, Párr. 0015)

Proveer datos de espectros para dos o más proteínas de interés.	Proveer datos espectrométricos (Pág.7, Párr.0081)
proveer una primera inyección de una muestra compleja basada en una planta que contiene proteínas	Inyección a la muestra biológica. (Pág.7, Párr.0081)
ionizar los péptidos	Ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr.0071)
Obtener datos simultáneos de espectrometría de masas para los péptidos.	Detección espectral de la masa peptídica (Pág. 7, Párr.0078)
Comparar los datos simultáneos de espectrometría de masas con los datos de espectros de masas provistos para los dos o más proteínas de interés, determinando de esta forma la presencia o ausencia de las dos o más proteínas de interés.	Comparación de la masa espectral para determinar presencia o ausencia de proteína de interés. (Pág.2 Párr. 0021)

El documento D1 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 1 porque divulga método para detectar proteínas en una muestra biológica que comprende: (Pág.2, Párr. 0015), proveer datos espectrométricos (Pág.7, Párr.0081), inyección a la muestra biológica. (Pág.7, Párr.0081), Ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr.0071), detección espectral de la masa peptídica (Pág. 7, Párr.0078), comparación de la masa espectral para determinar presencia o ausencia de proteína de interés. (Pág.2 Párr. 0021).

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 12 y el método de D1 consiste en incluir el paso (i) proveer datos de espectros para dos o más proteínas de interés específicamente en el método de detección.

El efecto que logra el incluir en el método de detección como primer paso el proveer datos de espectros para dos o más proteínas de interés es el detectar la presencia o ausencia de las proteínas en el estudio.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “cómo modificar un método para detectar proteínas en una muestra biológica” y que sea más eficiente.

Sin embargo, proveer datos de espectros para dos o más proteínas en un método de detección de proteínas, ya está divulgada en el documento D1 que se refiere a Método para detectar proteínas en una muestra biológica que comprende: (Pág.2, Párr. 0015), proveer datos espectrométricos (Pág.7, Párr.0081), inyección a la muestra biológica. (Pág.7, Párr.0081), Ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr.0071), detección espectral de la masa peptídica (Pág. 7, Párr.0078), comparación de la masa espectral para determinar presencia o ausencia de proteína de interés. (Pág.2 Párr. 0021). También divulga que la muestra es extraída de una planta transgénica.

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría el paso proveer datos de espectros para dos o más proteínas del documento D1 en el procedimiento divulgado en la solicitud para llegar así al objeto de la reivindicación 12 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 13-16 no mencionan características técnicas adicionales, por lo cual no tienen nivel inventivo.

Conclusión:

Las reivindicaciones 12 - 16 cumplen el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumplen

con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

La reivindicación 17 consiste en “un método para mantener el genotipo de una variedad de planta transgénica, método que incluye: (i) proveer datos de espectros de masa para uno o más producto(s) esperado(s) de expresión transgénica en la variedad de planta transgénica; (ii) proveer una primera inyección de una muestra compleja que contiene proteínas de una primera generación de la variedad de planta transgénica; (iii) digerir la muestra compleja de proteínas basada en una planta en péptidos; (iv) separar los péptidos; (v) ionizar los péptidos; (vi) obtener datos simultáneos de espectrometría de masas para los péptidos y comparar los datos de espectros de masas provistos para los productos esperados de expresión transgénica, determinando en esas forma la presencia o ausencia de los productos esperados de expresión transgénica en la primera generación de la variedad de planta transgénica; (vii) proveer una primera inyección de una muestra compleja que contiene proteínas de una segunda generación de la variedad de planta transgénica; (viii) repetir los pasos (iii)-(vi) con la muestra compleja que contiene proteínas de la segunda generación de la variedad de planta transgénica y (ix) no propagar la segunda generación de la variedad de la planta transgénica si la presencia del producto(s) esperado(s) de expresión transgénica no puede confirmarse en los datos de espectros de masas para los péptidos de la muestra de proteína compleja en la segunda generación de la variedad de planta transgénica, manteniendo en esa forma el genotipo de la variedad de planta transgénica”.

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características esenciales	D1
Método para mantener el genotipo de una variedad de planta transgénica, método que incluye:	Método que comprende: (Pág.2, Párr. 0015)
proveer una primera inyección de una muestra compleja que contiene proteínas de una primera generación de la variedad de planta transgénica	Proveer datos espectrométricos (Pág.7, Párr.0081)
digerir la muestra compleja de proteínas basada en una planta en péptidos;	Digerir las proteínas para obtener los péptidos (Pág.2, Párr.0019)
separar los péptidos	Péptidos sometidos a separación. (Pág.5, Párr.0062)
ionizar los péptidos	Ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr. 0071).
obtener datos simultáneos de espectrometría de masas para los péptidos y comparar los datos de espectros de masas provistos para los productos esperados de expresión transgénica, determinando en esas forma la presencia o ausencia de los productos esperados de expresión transgénica en la primera generación de la variedad de planta transgénica	Detección espectral de la masa peptídica (Pág. 7, Párr.0078)
proveer una primera inyección de una muestra compleja que contiene proteínas de una segunda generación de la variedad de planta transgénica	Inyección a la muestra biológica. (Pág.7, Párr.0081)

El documento D1 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 1 porque divulga un método que comprende: (Pág.2, Párr. 0015), proveer datos espectrométricos (Pág.7, Párr.0081), digerir las proteínas para obtener los péptidos (Pág.2, Párr. 0019), péptidos sometidos a separación. (Pág. 5, Párr.0062), ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr. 0071), detección espectral de la masa peptídica (Pág. 7, Párr.0078), inyección a la muestra biológica (Pág.7, Párr.0081).

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 17 y el método de D1 consiste en que el método está dirigido a mantener el genotipo de una variedad de planta transgénica.

No se evidencia un efecto técnico mejorado en el método para mantener el genotipo de una variedad de planta transgénica, puesto que en el documento D1 se divulga dicho método para la detección de proteínas de una planta transgénica y no para mantener el genotipo de la misma.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “cómo modificar el método para detectar proteínas en una muestra biológica procedimiento conocido en D1 para mantener el genotipo de una planta transgénica.

Sin embargo, un método de detección de proteínas, ya está divulgado en el documento D1 que se refiere un método que comprende: (Pág.2, Párr. 0015), proveer datos espectrométricos (Pág.7, Párr.0081), digerir las proteínas para obtener los péptidos (Pág.2, Párr. 0019), péptidos sometidos a separación. (Pág. 5, Párr.0062), ionizar los péptidos (Pág. 6 Párr. 0071), detección espectral de la masa peptídica (Pág. 7, Párr.0078), inyección a la muestra biológica (Pág.7, Párr.0081).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría el método de detección de proteínas del documento D1 en el procedimiento divulgado en la solicitud para llegar así al objeto de la reivindicación 17 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 18-20 no mencionan características técnicas adicionales, por lo cual no tienen nivel inventivo.

Conclusión:

Las reivindicaciones 17 - 20 cumplen el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumplen con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

7. Conclusión

Los requisitos de Patentabilidad de la presente solicitud están afectados así:

Item	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	US2005153380	1 – 20	Nivel inventivo

En cumplimiento del artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se le indica que debe dar respuesta dentro del término de sesenta (60) días contados a partir del día siguiente de la fecha de notificación de la presente comunicación. En caso de no dar respuesta al presente requerimiento, o si a pesar de la respuesta subsistieran los impedimentos para la concesión, se denegará la patente.

Se invita al solicitante se sirva indicar, si así lo considera, su renuncia al término faltante de sesenta (60) días para dar respuesta a este requerimiento y presentarla por escrito.

Finalmente, se le recuerda al solicitante que si como respuesta a este requerimiento llegara a modificar el capítulo reivindicatorio y éste contenga más de diez (10) reivindicaciones, no pagará la tasa de modificación voluntaria pero sí la correspondiente al pago por reivindicación adicional.

Notifíquese el presente oficio conforme a lo dispuesto en el numeral 5.2, literal e), del capítulo quinto del título primero de la Circular Única No. 10 de 2001.



JOSÉ LUIS SALAZAR LÓPEZ
Director de Nuevas Creaciones (c)

El anterior requerimiento fue notificado por fijación en lista, de fecha 2013-12-31

Elaboró: Edna Milena Bautista Rodriguez
Revisó: Jeny Paola Villate Becerra