

OLARTE RAISBECK
OLARTE RAISBECK FRIERI MOURE & CASTRO LTDA.

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 06-129578- -00001-0000

Fecha: 2007-08-17 16:58:43 Dep. 2020 NUECREACION
Tra. 11. FASENACIONALII Eve: 579 FASENACIONALII
Act. 533 PETICION Folios: 2

Señores

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

DIVISION DE NUEVAS CREACIONES

E. _____ S. _____ D. _____

Ref: Expediente No. 06-129.578

Solicitud de patente de invención titulada: "METODOS RELACIONADOS CON UN UNICO POLIMORFISMO NUCLEOTIDICO DEL RECEPTOR ACOPLADO A LA PROTEINA G, GPR40".

Solicitante: PFIZER PRODUCTS INC.

SOLICITUD DE EXAMEN DE PATENTABILIDAD SEGÚN
EL ARTÍCULO 44 DE LA DECISION 486, GACETA No. 578

CARLOS R. OLARTE, mayor de edad y vecino de Bogotá, D.C., identificado tal como aparece al pie de mi firma, en mi condición de apoderado del solicitante, respetuosamente me permito solicitar que se examine si la invención reúne los requisitos de patentabilidad previstos en la misma, dando cumplimiento a lo establecido en el artículo 44 de la Decisión 486 de la comisión de la Comunidad Andina de Naciones. Adjunto recibo por el monto de \$202.000 pesos para cubrir la tasa correspondiente, según la Resolución 36155 del año 2006.

Atentamente,

CARLOS R. OLARTE
C.C. 79.782.747 de Bogotá
T.P. 74.295

Anexo: Recibo por \$202.000 pesos

LMB P2006-000260-070816

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 06-129578-00001-0000

FECHA DE EMISIÓN: 15/08/2007
 VALOR: 3,220,000.00
 MONEDA: COP
 TIPO DE PAGAMENTO: TRANSFERENCIA

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT : 800176009-2

RECIBO OFICIAL DE CAJA : 07 - 65,731
 FECHA : AGOSTO 15 DE 2007

***** CONSIGNACION *****

DEPOSITANTE	TIPO PAGO	BANCO	CUENTA	No. PAGO	FECHA PAGO	VR. PAGO
CLARIS RAISBEK	CONSIGNACION	BANCO POPULAR	050-00110-6	65287833	15/08/2007	3,220,000.00

***** CONCEPTO *****

CANT.	RENTISTAS	CONCEPTO	TOTAL CONCEPTO
1	50005-01-01	SOLICITUDES	
		114 PTO CAP-II EXAMEN DE PATENTIBILIDAD	202,000.00
		TOTAL :	\$ 202,000.00

CANT. LOSCIENTOS DOS MIL PESOS

RESPONSABLE : _____

RECIBO DE CAJA APLICADO AL EXPEDIENTE No. _____

DIVISIÓN DE NUEVAS CREACIONES

RADICACIÓN EXPEDIENTE No. 06-129578

EL EXTRACTO DE LA PRESENTE SOLICITUD DE **PATENTE DE INVENCION**

FUE PUBLICADO EN LA GACETA DE PROPIEDAD INDUSTRIAL No **578** DE

FECHA **31 DE JULIO DE 2007** EL TÉRMINO HÁBIL SEÑALADO POR LA LEY

EXPIRA EL **26 DE OCTUBRE DE 2007**

NOTA: Dentro del plazo de los seis (6) meses siguientes a partir de la fecha de publicación en la gaceta de Propiedad Industrial, deberá solicitar y cancelar el examen de patentabilidad so pena de que la solicitud caiga en abandono, de acuerdo con lo establecido en el Artículo 44 de la Decisión 486/2000.

SE PRESENTARON OPOSICIONES POR PARTE DE TERCEROS.

SI _____

NO X

ORIGINAL ARTICLE

Hisanori Haga · Ryo Yamada · Yozo Ohnishi
Yusuke Nakamura · Toshihiro Tanaka

Gene-based SNP discovery as part of the Japanese Millennium Genome Project: identification of 190 562 genetic variations in the human genome

Received: August 22, 2002 / Accepted: August 27, 2002

Abstract To construct an infrastructure for genome-wide association studies of common diseases or drug sensitivities, we have been systematically exploring common variants by resequencing genomic regions containing genes in DNA from 24 Japanese individuals. We have analyzed a total of 154 Mb, corresponding to approximately 5% of the human genome, and so far have identified 174 269 single-nucleotide polymorphisms and 16 293 insertion/deletion polymorphisms within gene regions, i.e., one polymorphism in 807 bp on average. Our data are freely available via our web site (<http://snp.ims.u-tokyo.ac.jp>) and will facilitate studies to identify genes associated with susceptibility to common diseases and genes involved in sensitivity to therapeutic drugs.

Key words Single-nucleotide polymorphism (SNP) · Japanese population · Genetic marker · Association study · Common diseases

Introduction

During the past several years, knowledge of the human genomic sequence has accumulated to the point that millions of single-nucleotide polymorphisms (SNPs) are now registered in publically available databases such as dbSNP (Sherry et al. 2001). However, the quality of the dbSNP

database has been questioned because a considerable portion of the archived information does not truly reflect polymorphism, but simply represents sequencing errors; SNPs in the database are often defined as sequence differences in clusters of overlapping expressed sequence tags, or differences among large-insert clones such as bacterial artificial chromosomes assembled by computer algorithms (Altshuler et al. 2000; Sachidanandam et al. 2001; Venter et al. 2001). Moreover, elements deposited in the dbSNP database are not, for the most part, located within genomic regions that contain genes. Although extragenetic SNPs can serve as markers to identify loci for susceptibility to common diseases or loci defining drug sensitivity, they might not be appropriate for such studies if the goal is ultimately to identify the genes involved.

There are two approaches to construction of SNP databases: one is genome-wide screening, and the other is gene-based screening. The former, the “whole-genome shotgun method,” involves sequencing of genomic clones prepared from a number of individuals; this approach does not require synthesis of oligonucleotide primers for polymerase chain reaction (PCR) amplification or knowledge of genomic sequence (Altshuler et al. 2000; Sachidanandam et al. 2001; Venter et al. 2001). However, to avoid spurious SNPs, the quality of results depends heavily on the accuracy of detection algorithms; such accuracy is technically difficult to achieve, and, furthermore, most SNPs identified in this way inevitably will be located in intergenic regions. The second method is based on locus-specific PCR amplification and direct sequencing of the products, but it requires millions of oligonucleotide primers and extensive genomic sequence information to cover the whole genome. However, the latter approach can focus on specific regions of interest to explore for variations, i.e., promoter regions or coding elements. Because gene-based variations should have greater usefulness for identifying loci containing genes of medical or biological importance by means of association studies, we have adopted this strategy and describe here a large-scale discovery of genetic variations within gene-containing regions as one of the Japanese Millennium Genome projects.

H. Haga · R. Yamada · Y. Ohnishi · Y. Nakamura (✉) · T. Tanaka
Laboratory of Molecular Medicine, Human Genome Center,
Institute of Medical Science, University of Tokyo, 4-6-1
Shirokanedai, Minato-ku, Tokyo 108-8639, Japan
Tel. +81-3-5449-5372; Fax +81-3-5449-5433
e-mail: yusuke@ims.u-tokyo.ac.jp

**SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO
DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES**

Abogado
Carlos R. Olarte

ASUNTO	Radicación	06-129578
	Trámite	002
	Evento	001
	Actuación	430
	Oficio	109545
	Folios	006

Patente de Invención	☒	Patente de Modelo de Utilidad	☐
Vía Nacional	☐		
Vía PCT (fase nacional)	☒	Cap. I	☐ Cap. II ☒
No. Sol. Internacional		PCT/IB2005/001962	

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 le comunica:

1. Documentos estudiados

<u>Descripción:</u>	Folios: 78 a 115 como se radicó inicialmente.
<u>Reivindicaciones:</u>	Folios: 116 a 118 como se radicó inicialmente.
<u>Figuras:</u>	Folios: 120 a 127 como se radicó inicialmente.
<u>Prioridad:</u>	30/06/2004, Estado Unidos, US 60/584.686 28/01/2005, Estados Unidos, US 11/046.020

2. Objeto de la invención

Título de la solicitud: "Métodos relacionados con un único polimorfismo nucleotídico del receptor acoplado a la proteína G, GPR40".

El objeto de la presente solicitud de patente de invención consiste en suministrar un método de genotipado para discriminar las variantes que codifican el aminoácido 211 del gen GPR40 y que alteran o modifican la activación de la proteína GPR40 por ácidos grasos libres ó fármacos antidiabéticos.

El problema planteado en esta solicitud es suministrar un método de diagnóstico para determinar la(s) variante(s) que posee un individuo en el gen GPR40 y que pueden determinar la activación del mismo en el metabolismo de los ácidos grasos y el tratamiento con fármacos antidiabéticos.

De esta manera y de acuerdo a lo establecido en el artículo 20 de la Decisión 486 el contenido de las reivindicaciones 11 a 13 deberá excluirse.

5. Determinación del Estado de la Técnica

La fecha que se ha tenido en cuenta para determinar el Estado de la Técnica es:
Fecha de presentación de la solicitud prioritaria 30/06/2004 y 28/01/2005.

Teniendo en cuenta la fecha indicada se realizó la búsqueda en el estado de la técnica de documentos relacionados con la solicitud encontrándose los siguientes documentos más relevantes:

Nº	Documento	Título	Fecha de publicación
D1	Haga H., <i>et al.</i> Journal of Human Genetics, vol 47 (11): 605-610.	"Gene-based SNP discovery as part of the Japanese Millenium genome Project: identification of 190562 genetic variations in the human genome"	Ago 2002

6. Análisis de patentabilidad (artículo 14 D486)

6.1. Novedad (artículo 16 D486)

La solicitud en su reivindicación 1 trata sobre un método de genotipado que comprende determinar el aminoácido que está codificado por el gen GPR40 de un paciente humano en el aminoácido número 211.

Teniendo en cuenta que:

- En el estado del arte se conoce un método de genotipación para determinar el aminoácido 211 del gen GPR40, tal como divulga el documento de Haga H., *et al.* denominado D1 (ver resumen, pág 611 – métodos y sitio web citado en el resumen);
- Este método también permite determinar los alelos (2 alelos) presentes en un individuo;
- El método permite discriminar a partir de la secuencia nucleotídica si el aminoácido codificado en la posición número 211 es histidina o arginina;

Por tanto, el documento D1 contiene todas las características esenciales de la invención caracterizada en la reivindicación 1 y dependientes. De esta manera, las reivindicaciones citadas carecen de novedad e incumplen el artículo 16 de la D486.

6.2. Nivel inventivo (artículo 18 D486)

La reivindicación 6 y dependientes de la solicitud tratan sobre un método de genotipado de la reivindicación 1, que comprende además:

- aislar el ácido nucleico procedente de un paciente humano;
 - ampliar una secuencia contigua de dicho ácido nucleico, en el que dicha secuencia contigua comprende los nucleótidos de GPR40 que codifican el aminoácido 211, o su secuencia complementaria;
 - tratar dicha secuencia contigua con una sonda nucleotídica que permite la determinación del aminoácido en la posición 211 del gen GPR40 de dicho paciente;
- y