

OLARTE RAISBECK

OLARTE RAISBECK MOURE

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 07-021338-00002-0000

Fecha: 2009-03-31 17:13:26 Dep: 2020 NULORACIONE
Ita: 11 PATENTILYI Lve: 378 FASINACIONAL
Act: 329 CIONINFORMACION Folios: 45

Industria y Comercio
SUPERINTENDENCIA

FORMULARIO ÚNICO DE CORRECCIONES Y MODIFICACIONES

P2006/000278

SOLICITUD DE:

1

☐

Corrección de Error Material.

☒

Modificación a una Solicitud.

2

SOLICITANTE
(71)

Nombre: TRANSTECH PHARMA, INC.

Dirección: 4170 Mendenhall Oaks Parkway,
Suite 110, High Point, North Carolina

Nacionalidad o Domicilio: Estadounidense

Lugar de Constitución: Estados Unidos de
America

Teléfono: _____ Fax: _____

E-mail: _____

IDENTIFICACIÓN

C.C. ☐ NIT ☐

C.E. ☐ Otro ☐

Cual _____

Número _____

3

REPRESENTANTE
O APODERADO

Nombre: J. IAN RAISBECK

Dirección: World Trade Center Torre A
Calle 100 No. 8A-37 Piso 10. Bogotá

Teléfono: 601-7700 Fax: 601-7799

E-mail: office@olarteraisbeck.com

IDENTIFICACIÓN

C.C. ☒ NIT ☐

C.E. ☐ Otro ☐

Cual _____

Número 79.376.996 Bta
TP 135.799

4

Número de expediente:
07-021.338

5

Descripción de la corrección o modificación solicitada VER PAGINA ADJUNTA

6

Comprobante de pago No. 09-22,742

Fecha Marzo 24 de 2009

7

Anexos

☒

Comprobante de pago de la tasa y Secuencias Modificadas.

☐

Poderes, si fuere el caso. Documento que soporta la cesión de Derechos.

☐

Documento que acredita la existencia y representación legal de las partes, cuando sean personas jurídicas.

8

NOMBRE: J. IAN RAISBECK

FIRMA: _____

C.C. 79.376.996 Bta T.P. 135.799

352 R
351

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT : 800176089-2

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 07-021338- -00002-0000

Fecha: 2009-03-31 17:13:26 Dep. 2020 NUECREACIONE
Tm 11 PATENTELIYI Lvs. 378 FASE NACIONAL
Act 329 C/OINFORMACION Folios. 45

BOLETO OFICIAL DE CAJA : 07 - 22,42
: MARZO 24 DE 2009

CONSIGNACION

DEPOSITANTE	TIPO PAGO	BANCO	CUENTA	No. PAGO	FECHA PAGO	VR. PAGO
CLARTE RAISBER	CONSIGNACION	BANCO DE BOGOTA	062754387	110361134	20/03/2009	3,684,000.00

CONCEPTO

CANT.	CONCEPTO	TOTAL CONCEPTO
1	50005-01-03 CAMBIO DE MODALIDAD Y MODIFICA	
	12 MARCAS Y LEMAS COMERCIALES	111,000.00
	TOTAL :	5 111,000.00

SOM: CIENTO ONCE MIL PESOS

RESPONSABLE : _____

RECIBO DE CAJA APLICADO AL EXPEDIENTE No. _____

353
352

ANEXO EXPLICATIVO DE LAS MODIFICACIONES

En las secuencias No. 30 hasta 37, el numeral <223> se ha eliminado la frase "homo sapiens" y se ha colocado en su lugar la frase "Artificial = construcción sintética"

En el numeral <110> se ha eliminado la frase "TransTech Pharma, Inc" y se ha colocado en su lugar lo siguiente "Mjalli, Adnan M. M; Webster, Jeffrey C; Rothlein, Robert y Tian, Ye E."

En el numeral <130> se ha eliminado el número "41305-318492" y se ha colocado en su lugar el número "57739-337984"

Los numerales <140> y <141> han sido creados, en los cuales se colocan el número del expediente en la SIC y la fecha de radicación.

354
283

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Mjalli, Adnan M. M.
Webster, Jeffrey C.
Rothlein, Robert
Tian, Ye Z.

<120> Proteínas de Fusión RAGE Y Métodos de Uso

<130> 57739-337984

<140> 07-021.338

<141> 2005-08-03

<150> US 60/598,555

<151> 2004-08-03

<160> 44

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 404

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Ala Ala Gly Thr Ala Val Gly Ala Trp Val Leu Val Leu Ser Leu
1 5 10 15

Trp Gly Ala Val Val Gly Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu
20 25 30

Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg
35 40 45

Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu
50 55 60

Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro
65 70 75 80

Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile
85 90 95

Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn
100 105 110

Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp

355
9/8/84

115	120	125
Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys 130 135 140		
Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp 145 150 155 160		
Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln 165 170 175		
Thr Arg Arg His Pro Glu Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu 180 185 190		
Met Val Thr Pro Ala Arg Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys 195 200 205		
Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro 210 215 220		
Ile Gln Pro Arg Val Trp Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu 225 230 235 240		
Val Val Glu Pro Glu Gly Gly Ala Val Ala Pro Gly Gly Thr Val Thr 245 250 255		
Leu Thr Cys Glu Val Pro Ala Gln Pro Ser Pro Gln Ile His Trp Met 260 265 270		
Lys Asp Gly Val Pro Leu Pro Leu Pro Pro Ser Pro Val Leu Ile Leu 275 280 285		
Pro Glu Ile Gly Pro Gln Asp Gln Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Thr 290 295 300		
His Ser Ser His Gly Pro Gln Glu Ser Arg Ala Val Ser Ile Ser Ile 305 310 315 320		
Ile Gln Pro Gly Glu Glu Gly Pro Thr Ala Gly Ser Val Gly Gly Ser 325 330 335		
Gly Leu Gly Thr Leu Ala Leu Ala Leu Gly Ile Leu Gly Gly Leu Gly 340 345 350		

35
355

Thr Ala Ala Leu Leu Ile Gly Val Ile Leu Trp Gln Arg Arg Gln Arg
355 360 365

Arg Gly Glu Glu Arg Lys Ala Pro Glu Asn Gln Glu Glu Glu Glu
370 375 380

Arg Ala Glu Leu Asn Gln Ser Glu Glu Pro Glu Ala Gly Glu Ser Ser
385 390 395 400

Thr Gly Gly Pro

<210> 2
<211> 382
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 2

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu
50 55 60

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr
100 105 110

Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr
115 120 125

357
256

Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro
130 135 140

Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu
145 150 155 160

Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg
165 170 175

Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu
180 185 190

Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp
195 200 205

Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly
210 215 220

Gly Ala Val Ala Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Glu Val Pro
225 230 235 240

Ala Gln Pro Ser Pro Gln Ile His Trp Met Lys Asp Gly Val Pro Leu
245 250 255

Pro Leu Pro Pro Ser Pro Val Leu Ile Leu Pro Glu Ile Gly Pro Gln
260 265 270

Asp Gln Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Thr His Ser Ser His Gly Pro
275 280 285

Gln Glu Ser Arg Ala Val Ser Ile Ser Ile Ile Glu Pro Gly Glu Glu
290 295 300

Gly Pro Thr Ala Gly Ser Val Gly Gly Ser Gly Leu Gly Thr Leu Ala
305 310 315 320

Leu Ala Leu Gly Ile Leu Gly Gly Leu Gly Thr Ala Ala Leu Leu Ile
325 330 335

Gly Val Ile Leu Trp Gln Arg Arg Gln Arg Arg Gly Glu Glu Arg Lys
340 345 350

Ala Pro Glu Asn Gln Glu Glu Glu Glu Glu Arg Ala Glu Leu Asn Gln

358
357

355

360

365

Ser Glu Glu Pro Glu Ala Gly Glu Ser Ser Thr Gly Gly Pro
370 375 380

<210> 3
<211> 381
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 3

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
85 90 95

Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala
100 105 110

Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro
115 120 125

Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn
130 135 140

Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu Thr
145 150 155 160

Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg Gly
165 170 175

359
OK 358

Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro
180 185 190

Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp Glu
195 200 205

Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly Gly
210 215 220

Ala Val Ala Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Glu Val Pro Ala
225 230 235 240

Gln Pro Ser Pro Gln Ile His Trp Met Lys Asp Gly Val Pro Leu Pro
245 250 255

Leu Pro Pro Ser Pro Val Leu Ile Leu Pro Glu Ile Gly Pro Gln Asp
260 265 270

Gln Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Thr His Ser Ser His Gly Pro Gln
275 280 285

Glu Ser Arg Ala Val Ser Ile Ser Ile Ile Glu Pro Gly Glu Glu Gly
290 295 300

Pro Thr Ala Gly Ser Val Gly Gly Ser Gly Leu Gly Thr Leu Ala Leu
305 310 315 320

Ala Leu Gly Ile Leu Gly Gly Leu Gly Thr Ala Ala Leu Leu Ile Gly
325 330 335

Val Ile Leu Trp Gln Arg Arg Gln Arg Arg Gly Glu Glu Arg Lys Ala
340 345 350

Pro Glu Asn Gln Glu Glu Glu Glu Arg Ala Glu Leu Asn Gln Ser
355 360 365

Glu Glu Pro Glu Ala Gly Glu Ser Ser Thr Gly Gly Pro
370 375 380

<210> 4
<211> 339
<212> PRT
<213> Homo sapiens

360
384

<400> 4

Met Ala Ala Gly Thr Ala Val Gly Ala Trp Val Leu Val Leu Ser Leu
1 5 10 15

Trp Gly Ala Val Val Gly Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu
20 25 30

Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg
35 40 45

Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu
50 55 60

Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro
65 70 75 80

Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile
85 90 95

Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn
100 105 110

Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp
115 120 125

Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys
130 135 140

Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp
145 150 155 160

Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln
165 170 175

Thr Arg Arg His Pro Glu Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu
180 185 190

Met Val Thr Pro Ala Arg Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys
195 200 205

Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro
210 215 220

Ile Gln Pro Arg Val Trp Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu
225 230 235 240

Val Val Glu Pro Glu Gly Gly Ala Val Ala Pro Gly Gly Thr Val Thr
245 250 255

Leu Thr Cys Glu Val Pro Ala Gln Pro Ser Pro Gln Ile His Trp Met
260 265 270

Lys Asp Gly Val Pro Leu Pro Leu Pro Pro Ser Pro Val Leu Ile Leu
275 280 285

Pro Glu Ile Gly Pro Gln Asp Gln Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Thr
290 295 300

His Ser Ser His Gly Pro Gln Glu Ser Arg Ala Val Ser Ile Ser Ile
305 310 315 320

Ile Glu Pro Gly Glu Glu Gly Pro Thr Ala Gly Ser Val Gly Gly Ser
325 330 335

Gly Leu Gly

<210> 5
<211> 317
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 5

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu
50 55 60

362 361
XZ

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr
100 105 110

Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr
115 120 125

Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro
130 135 140

Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu
145 150 155 160

Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg
165 170 175

Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu
180 185 190

Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp
195 200 205

Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly
210 215 220

Gly Ala Val Ala Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Glu Val Pro
225 230 235 240

Ala Gln Pro Ser Pro Gln Ile His Trp Met Lys Asp Gly Val Pro Leu
245 250 255

Pro Leu Pro Pro Ser Pro Val Leu Ile Leu Pro Glu Ile Gly Pro Gln
260 265 270

Asp Gln Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Thr His Ser Ser His Gly Pro
275 280 285

Gln Glu Ser Arg Ala Val Ser Ile Ser Ile Ile Glu Pro Gly Glu Glu

290

295

300

Gly Pro Thr Ala Gly Ser Val Gly Gly Ser Gly Leu Gly
 305 310 315

<210> 6
 <211> 316
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 6

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
 1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
 20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
 35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
 50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
 65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
 85 90 95

Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala
 100 105 110

Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro
 115 120 125

Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn
 130 135 140

Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu Thr
 145 150 155 160

Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg Gly
 165 170 175

364 263

[Handwritten signature]

Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro
180 185 190

Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp Glu
195 200 205

Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly Gly
210 215 220

Ala Val Ala Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Glu Val Pro Ala
225 230 235 240

Gln Pro Ser Pro Gln Ile His Trp Met Lys Asp Gly Val Pro Leu Pro
245 250 255

Leu Pro Pro Ser Pro Val Leu Ile Leu Pro Glu Ile Gly Pro Gln Asp
260 265 270

Gln Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Thr His Ser Ser His Gly Pro Gln
275 280 285

Glu Ser Arg Ala Val Ser Ile Ser Ile Ile Glu Pro Gly Glu Glu Gly
290 295 300

Pro Thr Ala Gly Ser Val Gly Gly Ser Gly Leu Gly
305 310 315

<210> 7
<211> 94
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 7

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu

50 55 60

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
 65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg
 85 90

<210> 8
 <211> 93
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 8

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
 1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
 20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
 35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
 50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
 65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg
 85 90

<210> 9
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 9

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
 1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys
 20 25 30

<210> 10
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 10

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
 1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys
 20 25

<210> 11
 <211> 98
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 11

Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala Gly Val Pro Asn
 1 5 10 15

Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro Ala Gly Thr Leu
 20 25 30

Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn Glu Lys Gly Val
 35 40 45

Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu Thr Gly Leu Phe Thr
 50 55 60

Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg Gly Gly Asp Pro Arg
 65 70 75 80

Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro Arg His Arg Ala
 85 90 95

Leu Arg

<210> 12
 <211> 91
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 12

Pro Arg Val Trp Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val
 1 5 10 15

Glu Pro Glu Gly Gly Ala Val Ala Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
 20 25 30

Cys Glu Val Pro Ala Gln Pro Ser Pro Gln Ile His Trp Met Lys Asp
 35 40 45

Gly Val Pro Leu Pro Leu Pro Pro Ser Pro Val Leu Ile Leu Pro Glu
 50 55 60

Ile Gly Pro Gln Asp Gln Gly Thr Tyr Ser Cys Val Ala Thr His Ser
 65 70 75 80

Ser His Gly Pro Gln Glu Ser Arg Ala Val Ser
 85 90

<210> 13
 <211> 101
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 13

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
 1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
 20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
 35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu
 50 55 60

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
 65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
 85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys
 100

<210> 14
 <211> 100
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 14

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
 1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
 20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
 35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
 50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
 65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
 85 90 95

Ile Pro Gly Lys
 100

<210> 15
 <211> 114
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 15

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
 1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
 20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
 35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu

50

55

60

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
 65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
 85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr
 100 105 110

Ala Gly

<210> 16

<211> 113

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 16

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
 20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
 35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
 50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
 65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
 85 90 95

Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala
 100 105 110

Gly

<210> 17
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 17

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
 1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
 20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
 35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu
 50 55 60

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
 65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
 85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr
 100 105 110

Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr
 115 120 125

Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro
 130 135 140

Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu
 145 150 155 160

Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg
 165 170 175

Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu
 180 185 190

Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln

371 370
H

195

200

<210> 18
<211> 203
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 18

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
85 90 95

Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala
100 105 110

Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro
115 120 125

Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn
130 135 140

Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu Thr
145 150 155 160

Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg Gly
165 170 175

Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro
180 185 190

372 374
20

Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln
195 200

<210> 19
<211> 229
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 19

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu
50 55 60

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr
100 105 110

Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr
115 120 125

Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro
130 135 140

Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu
145 150 155 160

Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg
165 170 175

Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu

373 376
25

180

185

190

Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp
195 200 205

Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly
210 215 220

Gly Ala Val Ala Pro
225

<210> 20
<211> 228
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 20

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
85 90 95

Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala
100 105 110

Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro
115 120 125

Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn
130 135 140

374
373

Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu Thr
145 150 155 160

Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg Gly
165 170 175

Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro
180 185 190

Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp Glu
195 200 205

Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly Gly
210 215 220

Ala Val Ala Pro
225

<210> 21
<211> 7
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 21

Val Tyr Gln Ile Pro Gly Lys
1 5

<210> 22
<211> 30
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 22

Thr Ala Pro Ile Glu Pro Arg Val Trp Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu
1 5 10 15

Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly Gly Ala Val Ala Pro
20 25 30

<210> 23
<211> 20
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 23

375 374
75

Val Tyr Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu
1 5 10 15

Leu Thr Ala Gly
20

<210> 24
<211> 5
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 24

Thr Ala Pro Ile Gln
1 5

<210> 25
<211> 354
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 25
atggcagcag gaacagcagt tggagcctgg gtgctggtcc tcagtctgtg gggggcagta 60
gtagggtgctc aaaacatcac agcccggtatt ggcgagccac tgggtgctgaa gtgtaagggg 120
gccccaaaga aaccacccca gcggctggaa tggaaactga acacaggccg gacagaagct 180
tggaaaggtcc tgtctccca gggaggaggc cctgggaca gtgtggctcg tgtccttccc 240
aacggctccc tcttcttccc ggtgtcggg atccaggatg aggggatttt ccggtgccag 300
gcaatgaaca ggaatggaaa ggagaccaag tccaactacc gagtccgtgt ctac 354

<210> 26
<211> 369
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 26
atggcagcag gaacagcagt tggagcctgg gtgctggtcc tcagtctgtg gggggcagta 60
gtagggtgctc aaaacatcac agcccggtatt ggcgagccac tgggtgctgaa gtgtaagggg 120
gccccaaaga aaccacccca gcggctggaa tggaaactga acacaggccg gacagaagct 180
tggaaaggtcc tgtctccca gggaggaggc cctgggaca gtgtggctcg tgtccttccc 240
aacggctccc tcttcttccc ggtgtcggg atccaggatg aggggatttt ccggtgccag 300
gcaatgaaca ggaatggaaa ggagaccaag tccaactacc gagtccgtgt ctaccagatt 360

376 375
70

cctgggaag

369

<210> 27
<211> 408
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 27
atggcagccg gaacagcagt tggagcctgg gtgctggtcc tcagtctgtg gggggcagta 60
gtagggtgtc aaaacatcac agcccggatt ggcgagccac tgggtgtgaa gtgtaagggg 120
gcccccaaga aaccacccca gcggctggaa tggaaactga acacaggccg gacagaagct 180
tggaaaggtcc tgtctcccca gggaggaggc cctggggaca gtgtggctcg tgtccttccc 240
aacgggtccc tcttcttccc ggctgtcggg atccaggatg aggggatttt ccggtgccag 300
gcaatgaaca ggaatggaaa ggagaccaag tccaactacc gagtccgtgt ctaccagatt 360
cctgggaagc cagaaattgt agattctgcc tctgaactca cggctgggt 408

<210> 28
<211> 690
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 28
atggcagccg gaacagcagt tggagcctgg gcgtggtcc tcagtctgtg gggggcagta 60
gtagggtgtc aaaacatcac agcccggatt ggcgagccac tgggtgtgaa gtgtaagggg 120
gcccccaaga aaccacccca gcggctggaa tggaaactga acacaggccg gacagaagct 180
tggaaaggtcc tgtctcccca gggaggaggc cctggggaca gtgtggctcg tgtccttccc 240
aacgggtccc tcttcttccc ggctgtcggg atccaggatg aggggatttt ccggtgccag 300
gcaatgaaca ggaatggaaa ggagaccaag tccaactacc gagtccgtgt ctaccagatt 360
cctgggaagc cagaaattgt agattctgcc tctgaactca cggctgggtgt tccaataag 420
gtggggacat gtgtgtcaga ggggagctac cctgcaggga ctcttagctg gcacttggat 480
gggaagcccc tgggtgcctaa tgagaaggga gtatctgtga aggaacagac caggagacac 540
cctgagacag ggctcttccc actgcagtcg gagctaattg tgacccacag ccggggagga 600
gatcccggtc ccaccttctc ctgtagcttc agcccaggcc tccccgaca ccgggccttg 660
cgtacagccc ccctccagcc ccgtgtctgg 690

<210> 29
<211> 753

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 29
atggcagccg gaacagcagt tggagcctgg gcgctggctc tcagtctgtg gggggcagta 60
gtagggtgctc aaaacatcac agcccggtatt ggcgagccac tgggtgctgaa gtgtaagggg 120
gcccccaaga aaccaccccc ggcgctggaa tggaaactga acacaggccg gacagaagct 180
tggaaaggtcc tgtctcccca gggaggaggg ccttgggaca gtgtggctcg tgtccttccc 240
aacggctccc tcttcttccc ggctgtcggg atccaggatg aggggatttt ccggtgccag 300
gcaatgaaca ggaatggaaa ggagaccaag tccaactacc gagtcogtgt ctaccagatt 360
cctgggaagc cagaaattgt agattctgcc tctgaactca cggctgggtgt tcccataaag 420
gtggggacat gtgtgtcaga ggggagctac cctgcaggga ctcttagctg gcacttggat 480
gggaagcccc tgggtgctaa tgagaaggga gtatctgtga aggaacagac caggagacac 540
cctgagacag ggctcttccc actgcagtcg gagctaattg tgacccacgc ccggggagga 600
gatccccgtc ccaccttctc ctgtagcttc agccaggcc tccccgaca ccgggccttg 660
cgcacagccc ccctccagcc ccgtgtctgg gaggctgtgc ctctggagga ggtccaattg 720
gtggtggagc cagaagggtg agcagtagct cct 753

<210> 30
<211> 1386
<212> DNA
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Artificial = Construcción Sintética

<400> 30
atggcagccg gaacagcagt tggagcctgg gcgctggctc tcagtctgtg gggggcagta 60
gtagggtgctc aaaacatcac agcccggtatt ggcgagccac tgggtgctgaa gtgtaagggg 120
gcccccaaga aaccaccccc ggcgctggaa tggaaactga acacaggccg gacagaagct 180
tggaaaggtcc tgtctcccca gggaggaggg ccttgggaca gtgtggctcg tgtccttccc 240
aacggctccc tcttcttccc ggctgtcggg atccaggatg aggggatttt ccggtgccag 300
gcaatgaaca ggaatggaaa ggagaccaag tccaactacc gagtcogtgt ctaccagatt 360
cctgggaagc cagaaattgt agattctgcc tctgaactca cggctgggtgt tcccataaag 420
gtggggacat gtgtgtcaga ggggagctac cctgcaggga ctcttagctg gcacttggat 480
gggaagcccc tgggtgctaa tgagaaggga gtatctgtga aggaacagac caggagacac 540

cctgagacag ggtctttcac actgcagtcg gagctaattg tgacccacag ccggggagga	600
gatccccgtc ccacctttct ctgtagcttc agcccaggcc ttccccgaca ccggggccttg	660
cgcacagccc ccattccagcc ccgtgtctgg gagcctgtgc ctctggagga ggtccaattg	720
gtggtggagc cagaagggtg agcagtagct cctccgtcag tcttctcttt cccccaaaa	780
cccaaggaca cctcatgat ctcccgacc cctgaggtca catgctgtgt ggtggacgtg	840
agccacgaag accctgaggt caagttcaac tggtaagtgg accgctgtga ggtgcataat	900
gccaaagaca agcccgggga ggagcagtac aacagcacgt accgtgtgtg cagcgtcttc	960
accgtctctg accaggactg gctgaatggc aaggagtaca agtgcaaggt ctccaacaaa	1020
gccctcccag ccccatcga gaaaaccatc tccaaagcca aagggcagcc ccgagaacca	1080
caggtgtaca cctgcccc atcccggtat gagctgacca agaaccaggt cagcctgacc	1140
tgcctgggtc aaggctttct tccagcgac atgcctgtg agtgggagag caatgggcag	1200
ccggagaaca actacaagac cagcctccc gtgtctggact ccgaaggctc cttcttcttc	1260
tacagcaagc tcaaccgtga caagagcagg tggcagcagg ggaacgtctt ctcatgctcc	1320
gtgatgcag aggtctctga caaccactac acgcagaaga gcctctcctt gtctccgggt	1380
aatga	1386

<210> 31
<211> 1041
<212> DNA
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Artificial = Construcción Sintética

<400> 31 atggcagccg gaacagcagt tggagcctgg gtgtgtgtcc tcagtctgtg gggggcagta	60
gtaggtgtctc aaaacatcac agcccggatt ggcgagccac tgggtgtgaa gtgtaagggg	120
gcccccaaga aaccacccca cgggctggaa tggaaaactga acacaggccg gacagaagct	180
tggaaaggtcc tgtctcccca gggaggaggc cctgggaca gtgtggctcg tgtccttccc	240
aacggctccc tcttcttccc ggctgtcggg atccaggatg aggggatttt ccggtgccag	300
gcaatgaaca ggaatggaaa ggagaccaag tccaactacc gagtcctgtg ctaccagatt	360
cctgggaagc cagaaattgt agattctgcc tctgaaactc cggctgtgtc gtcagtcttc	420
ctcttccccc caaaacccaa ggacacctc atgatctccc ggacccctga ggtcacatgc	480

379 378

Modificaciones Voluntarias
Expediente No. 07.021.338

gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct gaggtcaagt tcaactggta cgtggacggc 540
gtggagggtgc ataatgccaa gacaaagccg cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt 600
gtggtcagcg tcttcaccgt cctgcaccag gactggctga atggcaagga gtacaagtgc 660
aaggtctcca acaaaagccct cccagccccc atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg 720
cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg ccccatccc gggatgagct gaccaagaac 780
caggtcagcc tgacctgctt ggtcaaaggc ttctatccca ggcacatgc cgtggagtgg 840
gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac aagaccacgc ctcccggtgt ggactccgac 900
ggctccttct tctctacag caagctcacc gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac 960
gtcttctcat gctccgtgat gcattgaggt ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc 1020
tccctgtctc cgggtaaatg a 1041

<210> 32
<211> 461
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Artificial = Construcción Sintética

<400> 32

Met Ala Ala Gly Thr Ala Val Gly Ala Trp Ala Leu Val Leu Ser Leu
1 5 10 15

Trp Gly Ala Val Val Gly Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu
20 25 30

Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg
35 40 45

Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu
50 55 60

Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro
65 70 75 80

Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile
85 90 95

Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn
100 105 110

Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp
115 120 125

Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys
130 135 140

Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp
145 150 155 160

Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln
165 170 175

Thr Arg Arg His Pro Glu Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu
180 185 190

Met Val Thr Pro Ala Arg Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys
195 200 205

Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro
210 215 220

Ile Gln Pro Arg Val Trp Glu Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu
225 230 235 240

Val Val Glu Pro Glu Gly Gly Ala Val Ala Pro Pro Ser Val Phe Leu
245 250 255

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
260 265 270

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys
275 280 285

Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
290 295 300

Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
305 310 315 320

Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
325 330 335

37 330

Modificaciones Voluntarias
Expediente No. 07.021.338

Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
340 345 350

Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser
355 360 365

Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys
370 375 380

Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
385 390 395 400

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
405 410 415

Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
420 425 430

Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
435 440 445

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
450 455 460

<210> 33
<211> 439
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Artificial * Construcción Sintética

<400> 33

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu
50 55 60

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
 65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
 85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr
 100 105 110

Ala Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr
 115 120 125

Pro Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro
 130 135 140

Asn Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu
 145 150 155 160

Thr Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg
 165 170 175

Gly Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu
 180 185 190

Pro Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp
 195 200 205

Glu pro Val pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly
 210 215 220

Gly Ala Val Ala Pro Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 225 230 235 240

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 245 250 255

Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 260 265 270

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
 275 280 285

383 382

Modificaciones Voluntarias
Expediente No. 07.021.338

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
290 295 300

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
305 310 315 320

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
325 330 335

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
340 345 350

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
355 360 365

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
370 375 380

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
385 390 395 400

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
405 410 415

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
420 425 430

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
435

<210> 34
<211> 438
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Artificial = Construcción Sintética

<400> 34

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
 35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
 50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
 65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
 85 90 95

Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala
 100 105 110

Gly Val Pro Asn Lys Val Gly Thr Cys Val Ser Glu Gly Ser Tyr Pro
 115 120 125

Ala Gly Thr Leu Ser Trp His Leu Asp Gly Lys Pro Leu Val Pro Asn
 130 135 140

Glu Lys Gly Val Ser Val Lys Glu Gln Thr Arg Arg His Pro Glu Thr
 145 150 155 160

Gly Leu Phe Thr Leu Gln Ser Glu Leu Met Val Thr Pro Ala Arg Gly
 165 170 175

Gly Asp Pro Arg Pro Thr Phe Ser Cys Ser Phe Ser Pro Gly Leu Pro
 180 185 190

Arg His Arg Ala Leu Arg Thr Ala Pro Ile Gln Pro Arg Val Trp Glu
 195 200 205

Pro Val Pro Leu Glu Glu Val Gln Leu Val Val Glu Pro Glu Gly Gly
 210 215 220

Ala Val Ala Pro Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp
 225 230 235 240

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp
 245 250 255

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly
260 265 270

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn
275 280 285

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp
290 295 300

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro
305 310 315 320

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu
325 330 335

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn
340 345 350

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile
355 360 365

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr
370 375 380

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys
385 390 395 400

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys
405 410 415

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu
420 425 430

Ser Leu Ser Pro Gly Lys
435

<210> 35

<211> 346

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Artificial = Construcción Sintética

<400> 35

Met Ala Ala Gly Thr Ala Val Gly Ala Trp Val Leu Val Leu Ser Leu
 1 5 10 15

Trp Gly Ala Val Val Gly Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu
 20 25 30

Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg
 35 40 45

Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu
 50 55 60

Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro
 65 70 75 80

Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile
 85 90 95

Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn
 100 105 110

Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp
 115 120 125

Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro
 130 135 140

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys
 145 150 155 160

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp
 165 170 175

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu
 180 185 190

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu
 195 200 205

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn
 210 215 220

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly
225 230 235 240

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu
245 250 255

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr
260 265 270

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn
275 280 285

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe
290 295 300

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn
305 310 315 320

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr
325 330 335

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
340 345

<210> 36
<211> 324
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Artificial = Construcción Sintética

<400> 36

Ala Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys
1 5 10 15

Lys Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn
20 25 30

Thr Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly
35 40 45

Pro Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu
50 55 60

388
7038

Pro Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met
65 70 75 80

Asn Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr
85 90 95

Gln Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
115 120 125

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
130 135 140

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
145 150 155 160

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
165 170 175

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
180 185 190

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
195 200 205

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
210 215 220

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
225 230 235 240

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
245 250 255

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
260 265 270

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
275 280 285

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
290 295 300

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
305 310 315 320

Ser Pro Gly Lys

<210> 37
<211> 323
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Artificial = Construcción Sintética

<400> 37

Gln Asn Ile Thr Ala Arg Ile Gly Glu Pro Leu Val Leu Lys Cys Lys
1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Lys Pro Pro Gln Arg Leu Glu Trp Lys Leu Asn Thr
20 25 30

Gly Arg Thr Glu Ala Trp Lys Val Leu Ser Pro Gln Gly Gly Gly Pro
35 40 45

Trp Asp Ser Val Ala Arg Val Leu Pro Asn Gly Ser Leu Phe Leu Pro
50 55 60

Ala Val Gly Ile Gln Asp Glu Gly Ile Phe Arg Cys Gln Ala Met Asn
65 70 75 80

Arg Asn Gly Lys Glu Thr Lys Ser Asn Tyr Arg Val Arg Val Tyr Gln
85 90 95

Ile Pro Gly Lys Pro Glu Ile Val Asp Ser Ala Ser Glu Leu Thr Ala
100 105 110

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
115 120 125

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
130 135 140

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 145 150 155 160

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 165 170 175

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 180 185 190

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 195 200 205

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 210 215 220

Cyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 225 230 235 240

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 245 250 255

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 260 265 270

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val
 275 280 285

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
 290 295 300

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 305 310 315 320

Pro Gly Lys

<210> 38
 <211> 210
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 38

391 300
X

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
1 5 10 15

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu
20 25 30

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
35 40 45

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
50 55 60

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
65 70 75 80

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
85 90 95

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
100 105 110

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
115 120 125

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
130 135 140

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
145 150 155 160

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
165 170 175

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
180 185 190

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
195 200 205

Gly Lys
210

<210> 39

392
391

<211> 633
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 39
ccgtcagtcct tctctctccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccct 60
gaggtcacat gcgtgggtggg ggacgtgagc caccgaagacc ctgaggtcaa gtccaactgg 120
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgggggagga gcagtacaac 180
agcacgtacc gtgtgggtcag cgtctctacc gtctctgacc aggactgggt gaatggcaag 240
gagtacaagt gcaaggctctc caacaaagcc ctccctagccc ccctcgagaa aacctctctc 300
aaagccaaaag ggcagccccc agaaccacag ggttacaccc tgcccccatc ccgggatgag 360
ctgaccaaga accagggtcag cctgacctgc ctggtcaaaag gcttctatcc cagcgacatc 420
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcttcccggtg 480
ctggactccg acggtctctt ctctctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 540
cagcagggga acgtctctct atgtctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 600
cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa tga 633

<210> 40
<211> 220
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 40
Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe
1 5 10 15
Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val
20 25 30
Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe
35 40 45
Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro
50 55 60
Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr
65 70 75 80
Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val
85 90 95

293 #20
VJ

Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala
100 105 110

Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg
115 120 125

Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly
130 135 140

Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro
145 150 155 160

Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser
165 170 175

Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln
180 185 190

Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His
195 200 205

Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
210 215 220

<210> 41
<211> 663
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 41
ccgtgccag cacctgaact cctgggggga ccgtcagttc tctctctccc cccaaaaccc 60
aaggacaccc tcatgatctc ccggaacctt gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc 120
cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc 180
aagacaaagc cgcgggagga gcagtcacaac agcacgtacc gtgtgggtcag cgtcctcacc 240
gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag gactacaagt gcaagggtct caacaaagcc 300
ctcccagccc ccattcgaga aaccatctcc aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag 360
gtgtacaccc tgcctccatc ccgggatgag ctgaccaaga accaggtcag cctgacctgc 420
ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg 480
gagaacaact acaagaccac gcctcccggt ctggactccg aaggctcctt ctctctctac 540

agcaggctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga acgtcttctc atgtccgtg 600
 atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 660
 -ga 663

<210> 42
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 42

Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe
 1 5 10 15

Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val
 20 25 30

Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe
 35 40 45

Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro
 50 55 60

Arg Gln Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr
 65 70 75 80

Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val
 85 90 95

Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala
 100 105 110

Lys

<210> 43
 <211> 107
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 43

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp
 1 5 10 15

Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe
 20 25 30

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 35 40 45

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 50 55 60

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
 65 70 75 80

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 85 90 95

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 100 105

<210> 44
 <211> 25
 <212> PRP
 <213> Homo sapiens

<400> 44

Ile Ser Ile Ile Glu Pro Gly Glu Glu Gly Pro Thr Ala Gly Ser Val
 1 5 10 15

Gly Gly Ser Gly Leu Gly Thr Leu Ala
 20 25

396 345



DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

RADICACIÓN EXPEDIENTE No. PCT 07-21338

EL EXTRACTO DE LA PRESENTE SOLICITUD DE PATENTE DE INVENCION

FUE PUBLICADO EN LA GACETA DE PROPIEDAD INDUSTRIAL No 579 DE

FECHA 31 DE AGOSTO DE 2007 EL TÉRMINO HÁBIL SEÑALADO POR LA

LEY EXPIRA EL 28 DE NOVIEMBRE 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

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

2020
Bogotá, D.C.,

Abogado
J. IAN RAISBECK

ASUNTO	Radicación	07-21338
	Trámite	011
	Evento	378
	Actuación	519
	Oficio	10207
	Folios	007

Patente de Invención	☒	Patente de Modelo de Utilidad	☐
Vía Nacional	☐	Cap. I	☒
Vía PCT (fase nacional)	☐	Cap. II	☐

No. Solicitud Internacional PCT/US2005/027705
Fecha de Presentación Internacional 3 Agosto 2005

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:	Folios 172 a 240	02/Marzo/2007
Reivindicaciones:	Folios 241 a 250	02/Marzo/2007
Secuencias:	Folios 277 a 323	02/Marzo/2007
	Folios 353 a 394	31/Marzo/2009
Dibujos:	Folios 251 a 276	02/Marzo/2007
Prioridad:	US 60/598.555	03/Agosto/2004

2. Análisis de la Prioridad

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

3. Modificaciones (Art 34 D 486 y Art 19, 22 y 34 PCT)

Se aceptan las modificaciones a las secuencias en los folios 353 a 394, puesto que no amplían la materia.

4. Fusiones

Se encuentra que en trámite hay una segunda solicitud con número de radicación 07 21336 que reivindica la misma materia que la presente invención, dicha solicitud tiene el mismo capítulo descriptivo, y aunque el capítulo reivindicatorio tiene un número diferente de reivindicaciones, también se refiere a las mismas proteínas de fusión que comprenden un péptido RAGE, una unión interdominio y un dominio inmunoglobulina CH2. El solicitante debe aclarar con cuál de las solicitudes desea continuar el trámite

o si prefiere realizar la fusión de las solicitudes.

5. Objeto de la invención

Título de la solicitud: "Proteínas de fusión RAGE y métodos de uso"

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de suministrar proteínas de fusión específicas y de alta afinidad de unión a RAGE para su uso terapéutico en enfermedades mediadas por RAGE.

Para resolver este problema técnico la solicitud en estudio proporciona proteínas de fusión que comprenden un péptido de unión ligando RAGE, una unión interdominio y un dominio inmunoglobulina CH2.

El objeto de la presente Solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): C07K14/705; C07K19/00; C07K14/705.

6. Excepción a la Patentabilidad (Art 20 D 486 literal (d))

El objeto de las reivindicaciones 42 a 76 no es patentable de acuerdo con el Art citado, ya que se refiere a métodos de tratamiento.

7. De la Solicitud de Patente

Título

El título no corresponde con el objeto de la solicitud porque incluye el termino "métodos de uso", que no es patentable de acuerdo a Art 20 D 486 literal (d).

Reivindicaciones (Art 30 D 486, Art 22 PCT)

El capítulo reivindicatorio no es claro por que:

- La descripción suministrada para péptidos, proteínas y/o ácidos nucleicos no permite identificar claramente el objeto a reivindicar. Se recuerda al solicitante que cualquiera de las macromoléculas mencionadas debe ser caracterizada por su secuencia completa, la cual además debe ser adjuntada en un listado aparte con su respectivo SEQ ID NO,
- Se recuerda al solicitante que no se aceptan definiciones como "el péptido/ácido nucleico con SEQ ID NO X o un fragmento de este" o aquellas como "el péptido/ácido nucleico con SEQ ID NO X o una secuencia 90% idéntica a ella", puesto que estas definiciones no permiten establecer la secuencia aminoácida o nucleótida exacta a la que se refiere.
- Las descripciones suministradas en las reivindicaciones 2, 6, 10, 15, 18, 22, 26, 33, 37 que se refieren a proteínas de fusión, los ácidos nucleicos que las codifican y las composiciones que lo contienen, no son claras por que describen el péptido por la unión de los enlazadores de interdominio RAGE con de los dominios de inmunoglobulina RAGE de forma tal que no es posible establecer inequívocamente la identidad de la proteína reclamada. Se sugiere al solicitante establecer la SEQ ID NO para los enlazadores de interdominio RAGE y de los dominios de inmunoglobulina RAGE, e indicar donde ocurren las uniones según el número del aminoácido involucrado en el enlace.
- Las reivindicaciones 7 8 11 12 16 19 27 29 que se refieren a proteínas de fusión, los ácidos nucleicos que codifican dichas proteínas y los vectores de expresión que contienen dichos vectores no son claros, ya que dentro de las secuencias reivindicadas no se indica claramente que aminoácidos

- corresponden al péptido RAGE, que aminoácidos corresponden al fragmento enlazador y cuales al dominio de inmunoglobulina, la descripción tampoco es clara al respecto.
- Las reivindicaciones 14 y 15 que reclaman ácidos nucleicos, no son claras por que los caracterizan por el péptido que codifica y no por su secuencia nucleótida.
 - La reivindicación 17 que se refiere a un vector de expresión no es clara por que no esta descrito en términos de el tipo de vector y la secuencia recombinante que contiene con su respectivo SEQ ID NO.
 - La reivindicación 20 que se refiere a una célula transfetada con el vector de la reivindicación 17 no es clara por que no especifica la identidad o la cepa de la célula reivindicada.
 - La reivindicación 21 que se refiere a una composición que contiene una proteína de fusión RAGE en un vehículo farmacológicamente aceptable, no es clara por que no identifica inequívocamente la proteína contenida en la composición. Se sugiere al solicitante incluir las SEQ ID NO correspondiente.
 - Las reivindicaciones 39 a 41 se refieren a procesos de uso común en el laboratorio para la producción de péptidos por lo cual no pueden ser objeto de patente.

Descripción (Art 28 D 486)

Las figuras de los folios 251 a 263 corresponden a secuencias, se recuerda al solicitante que las secuencias deben ser adjuntadas en un listado aparte e identificadas por SEQ ID NO, que permita una búsqueda certera en bases de datos en caso de ser necesario para el análisis de novedad. Ya que dichas secuencias pretenden ilustrar que partes de la secuencia corresponden a los distintos péptidos que conforman las proteínas de fusión, el solicitante debe complementar la descripción indicando el número del aminoácido de inicio y terminación del péptido de interés, o fragmento codificante.

8. 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: 03/Agosto/2004, y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación*
D1	WO2004016229	Compositions and methods for treating rage-associated disorders	26 Febrero 2004
D2	US06465422	Method for inhibiting tumor invasion or spreading in a subject	15 Octubre 2002

D1 divulga (resumen página 1) proteínas de fusión que comprenden un fragmento RAGE y un fragmento inmunoglobulina y/o un dominio de dimerización. Incluye además la descripción de los ácidos nucleicos que codifican para dichas proteínas, métodos de uso de los ácidos nucleicos y proteínas con sus respectivas composiciones en el tratamiento de enfermedades relacionadas a RAGE.

http://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/biblio?CC=WO&NR=2004016229A2&KC=A2&FT=D&ND=3&date=20040226&DB=EPODOC&locale=en_EP

D2 divulga (resumen página 1) un método para inhibir una invasión de tumos o metástasis que comprende la administración de una cantidad terapéuticamente efectiva de una forma soluble de RAGE.

http://www.patentlens.net/patentlens/patents.html?patnums=US6465422&returnTo=quick.html%3Fquery%3D%2528US6465422%2Bin%2Bpublication_number%2529#tab_2

9. Examen de Patentabilidad (Art 14 D486)

Novedad (Art 16 D486)

La reivindicación 1 consiste en "Una proteína de fusión que comprende un polipéptido RAGE directamente unido a un polipéptido que comprende un dominio CH2 de una inmunoglobulina o una porción de un dominio CH2 de una inmunoglobulina".

Comparación de las características técnicas **esenciales**, con las del Estado de la Técnica:

Características esenciales	D1
Proteína de fusión	Proteína de fusión
Comprende un polipéptido RAGE	Comprende un polipéptido RAGE
Segundo polipéptido que es un dominio de CH2 de inmunoglobulina o una porción de este	Segundo polipéptido fragmento de inmunoglobulina.

Las características **esenciales** de la composición de la reivindicación 1 habían sido divulgadas previamente en D1, el cual divulga una proteína de fusión que comprende un polipéptido RAGE y por lo menos un dominio de inmunoglobulina, estos fragmentos de inmunoglobulina pueden incluir la cadena pesada o una porción de esta en IgG, IgD, IgA o IgM, o los dominios CH1, CH2, CH3, and CH4 (página 17, línea 10 a 19), los ácidos nucleicos que codifican dichas proteínas (página 2 línea 28 a página 4 línea 5), los métodos de producción de la proteína de fusión que involucran el uso de vectores y células transfectadas (Página 4, línea 1 a 14). Por otra parte divulga las composiciones que contienen una cantidad terapéuticamente efectiva de estas proteínas de fusión, en un vehículo farmacéuticamente aceptable, que pueda ser administrado de forma oral o parenteral (página 52, línea 8 a 22). En consecuencia, la reivindicación 1 no es nueva, según lo divulgado en el documento D1.

Las reivindicaciones dependientes 2 a 6, 10 no mencionan alguna característica que haga nueva a la composición de la reivindicación 1, por lo cual se considera que no son nuevas.

La reivindicación 14 que consiste en "una secuencia de ácido nucléico aislada que codifica una proteína de fusión que comprende un polipéptido RAGE directamente unido a un polipéptido que comprende un dominio CH2 de una inmunoglobulina o una porción de un dominio CH2 de una inmunoglobulina", y su reivindicación dependiente 15 no son nuevas frente a D1 ya que, como ya se mencionó, sus características **esenciales** se encuentran divulgadas en dicho documento.

La reivindicación 17 que consiste en "Un vector que codifica una proteína de fusión que comprende un polipéptido TAGE directamente unido a un polipéptido que comprende un dominio CH2 de una inmunoglobulina o una porción de un dominio CH2 de una inmunoglobulina", y su reivindicación dependiente 18 no son nuevas frente a D1 ya que, como ya se mencionó, sus características **esenciales** se

encuentran divulgadas en dicho documento.

La reivindicación 20 que consiste en "Una célula transfectada con el vector de expresión de la reivindicación 19, tal que la célula expresa una proteína de fusión que comprende un polipéptido RAGE directamente unido a un polipéptido que comprende un dominio CH2 de una inmunoglobulina o una porción de un dominio CH2 de una inmunoglobulina" no es nueva frente a D1 ya que, como ya se mencionó, sus características esenciales se encuentran divulgadas en dicho documento.

La reivindicación 21 que consiste en "Una composición que comprende una cantidad terapéuticamente efectiva de una proteína de fusión RAGE en un vehículo farmacéutico... (Ver folio 243)", y sus reivindicaciones dependientes 22, 23, 25, 26, 28, 30 y 31 no son nuevas frente a D1 ya que, como ya se mencionó, sus características esenciales se encuentran divulgadas en dicho documento.

La reivindicación 32 que consiste en "Un método para preparar una proteína de fusión RAGE que comprende el paso de unir covalentemente un polipéptido RAGE a un polipéptido comprendiendo un dominio CH2 de una inmunoglobulina o una porción de un dominio CH2 de una inmunoglobulina", y sus reivindicaciones dependientes 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40 y 41 no son nuevas frente a D1 ya que, como ya se mencionó, sus características esenciales se encuentran divulgadas en dicho documento.

Nivel Inventivo (Art18 D486)

La reivindicación 24 consiste en "la composición de la reivindicación 23, en donde el sitio de unión de ligando RAGE comprende la SEQ ID NO 9 o una secuencia 90% idéntica a la misma, o la SEQ ID NO 10 o una secuencia 90% idéntica a la misma."

Comparación de las características técnicas **esenciales**, con las del Estado de la Técnica:

Características esenciales	D1	D2
Proteína de Fusión	Proteína de Fusión	
Polipéptido RAGE	Polipéptido RAGE	
Polipéptido no RAGE	Polipéptido no RAGE	
SEQ ID NO 9: AQNITARIGEPLVLKCKGAPK KPPQRLEWK		SEQ ID NO 1: AQNITARIGEPLVLKCKGA PKKPPQRLEWK....
SEQ ID NO 10: QNITARIGEPLVLKCKGAPKK PPQRLEWK		

D1 y D2 se consideran el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 24 porque:

D1 divulga una proteína de fusión que comprende un polipéptido RAGE y un fragmento de inmunoglobulina (pagina 1, líneas 19 a 21) y una composición que lo contiene (página 52, línea 8 a 22).

D2 divulga una forma soluble de RAGE que comprende un polipéptido con SEQ ID NO 1 (columna 3, línea 41).

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 24 y D1, consiste en que D1 no especifica la secuencia del polipéptido de RAGE.

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 1 y el la proteína en D2 consiste en que el documento no habla de una proteína de fusión, sino de un polipéptido RAGE útil en el tratamiento de enfermedades relacionadas con el mismo.

El capítulo descriptivo no se evidencia cual es el efecto mejorado de una proteína de fusión que incluye una secuencia conocida de RAGE y un fragmento de inmunoglobulina.

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría la SEQ ID NO 1 de RAGE divulgada en D2 en la proteína de fusión D1 para llegar así al objeto de la reivindicación 24 de la solicitud, lo que constituye una solución alternativa, pero no mejorada, al problema. Por lo cual se considera obvia.

Por otra parte el mismo razonamiento puede usarse para la reivindicación 35, que se refiere a "El método de la reivindicación 34, en donde el sitio de unión a ligando RAGE comprende la SEQ ID NO 9 o una secuencia 90% idéntica a la misma, o la SEQ ID NO 10 o una secuencia 90% idéntica a la misma." Como ya se mencionó, D1 divulga los métodos de fabricación de proteínas de fusión RAGE y un fragmento de inmunoglobulina, y D2 divulga las SEQ ID NO 9 y 10, por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones 7, 8, 9, 11, 12, 13, 16, 19, 27, 29 que reclaman proteínas de fusión con las secuencias SEQ ID NO 33, 34 y 32, los enlazadores con SEQ ID NO 21, 23, 22, 24, los ácidos nucleicos con SEQ ID NO 30, 31 que codifican para para las proteínas de fusión con SEQ ID NO 33, 34, 32, 35, 36 y 37 (folio 199 de la descripción), los vectores que contienen dichos ácidos nucleicos, las células para la expresión de dichos vectores, y las composiciones que contienen estas proteínas de fusión, no tienen nivel inventivo por que:

- D1 divulga una proteína de fusión que comprende un polipéptido RAGE y por lo menos un dominio de inmunoglobulina, estos fragmentos de inmunoglobulina pueden incluir la cadena pesada o una porción de esta en IgG, IgD, IgA o IgM, o los dominios CH1, CH2, CH3, and CH4 (página 17, línea 10 a 19) y los ácidos nucleicos que codifican dichas proteínas (página 2 línea 28 a página 4 línea 5).
- La diferencia entre la presente invención y D1, es que D1 no divulga las secuencias exactas de inmunoglobulina usadas ni los mismos péptidos enlazadores de la presente invención
- Sin embargo, ya que existen innumerables posibilidades de secuencias de inmunoglobulinas que pueden ser usadas para la realización de estas proteínas de fusión, y que el capítulo descriptivo no evidencia que los dominios de inmunoglobulina seleccionados den como resultado un efecto mejorado de la proteína de fusión, se considera que la materia reclamada es una modificación obvia del estado del arte.

10. Conclusión

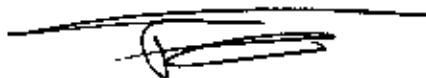
Los requisitos de patentabilidad de la presente solicitud están afectados así:

Item	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	WO2004016229	1 a 41.	Novedad y nivel inventivo
D2	US06465422	24, 35	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 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 y presentarlo por escrito.

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
13 JUN 2011

Elaborado por: Sandra Carolina Crespo Cárdenas
Revisado por: Consuelo Leguizamón Leguizamón
Aprobado por: José Luis Salazar López



REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

RESOLUCIÓN No: 61182

Por la cual se deniega una patente de invención

Rad. PCT/ 07-21338

EL SUPERINTENDENTE DE INDUSTRIA Y COMERCIO

en ejercicio de sus facultades legales, en especial de las conferidas en el numeral 26 del artículo 3° del Decreto 4886 de 2011, y

CONSIDERANDO:

PRIMERO: Que mediante escrito radicado en esta Superintendencia el día 2 de marzo de 2007 con el N° 07-021338-00000-0000, por la sociedad TRANSTECH PHARMA, INC., a través de apoderado, entró a fase nacional la solicitud de patente de invención titulada "PROTEÍNAS DE FUSIÓN RAGE Y MÉTODOS DE USO", que corresponde a la solicitud internacional PCT/US2005/027705 del 3 de agosto de 2005.

SEGUNDO: Que de conformidad con lo dispuesto en el artículo 27 del Tratado de Cooperación en Materia de Patentes (PCT) y la regla 51bis del Reglamento, que facultan a la Superintendencia sobre la aplicación de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se efectuó el examen de forma a la solicitud, de acuerdo con lo previsto en el artículo 38 de la mencionada Decisión andina.

TERCERO: Que efectuado el examen de forma en cuanto a los requisitos que debe llenar la solicitud y cumplidas las exigencias legales, se ordenó publicar el extracto sin que se hubieran presentado oposiciones por parte de terceros.

CUARTO: Que mediante escrito radicado en esta Superintendencia el día 30 de octubre de 2007, el solicitante presentó petición de examen de patentabilidad, en los términos establecidos en el artículo 44 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina.

QUINTO: Que el artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina establece que: *"Si la oficina nacional competente encontrara que la invención no es patentable o que no cumple con alguno de los requisitos establecidos en esta Decisión para la concesión de la patente, lo notificará al solicitante. Este deberá responder a la notificación dentro del plazo de sesenta días contados a partir de la fecha de la notificación. Este plazo podrá ser prorrogado por una sola vez por un período de treinta días adicionales. (...) Si el solicitante no respondiera a la notificación dentro del plazo señalado, o si a pesar de la respuesta subsistieran los impedimentos para la concesión, la oficina nacional competente denegará la patente"*.

SEXTO: Que de conformidad con lo dispuesto en el artículo 45 antes mencionado, se realizó el examen de fondo y se requirió al solicitante mediante Oficio No. 10207, notificado el 13 de junio de 2012, para que se pronunciara sobre las objeciones efectuadas a la solicitud en cuanto a excepciones a la patentabilidad, modificación al título, falta de claridad de las reivindicaciones, falta descripción completa, carencia de novedad y nivel inventivo, de acuerdo con las exigencias de los artículos 16, 18, 20 d), 28 y 30 de la Decisión 486.

Transcurrido el plazo establecido no se dio respuesta al requerimiento y sugerencias arriba indicados.

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

RESOLUCIÓN No: 61182

Por la cual se deniega una patente de invención

Rad. PCT/ 07-21338

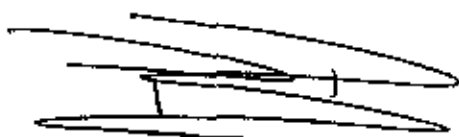
RESUELVE:

ARTÍCULO PRIMERO: Denegar la patente de invención titulada "PROTEÍNAS DE FUSIÓN RAGE Y MÉTODOS DE USO", que entró en fase nacional en virtud del Tratado de Cooperación en Materia de Patentes (PCT).

ARTÍCULO SEGUNDO: Notificar el contenido de la presente resolución al doctor Ian Raisbeck Llinas, en su calidad de apoderado de TRANSTECH PHARMA, INC., o a quien haga sus veces, entregándole copia de la misma y advirtiéndole que contra ella procede el recurso de reposición, ante el Superintendente de Industria y Comercio, el cual podrá ser interpuesto en el momento de la notificación o dentro de los cinco 5 días hábiles siguientes a ella.

NOTIFÍQUESE Y CÚMPLASE
Dada en Bogotá, D.C., el 19 Oct 2012

EL SUPERINTENDENTE DE INDUSTRIA Y COMERCIO,


PABLO FELIPE ROBLEDO DEL CASTILLO

Doctor
IAN RAISBECK LLINAS
notificaciones.patentes@roclaw.co

Elaboró: Juan Carlos Chaparro Velez ✓
Revisó: Jose Luis Salazar Lopez ✓
Aprobó: Jose Luis Londoño Fernandez ✓

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO
EL SECRETARIO GENERAL
Certifica que la Resolución 61182 de fecha 19/10/2012
fue notificado mediante pagina web PI número 462
fijado el 23/10/2012 y desfijado el 23/11/2012