

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO	
RAD: 14-121983- -5	FECHA: 2015-11-24 17:35:11
DEP: 2020 DIRECCION DE NUEVAS CREACIONES	EVE: 378 FASE NACIONAL INCLUIDO CAPITULO I
TRA: 11 PCT-PATENTE DE INVENCION CAPITULOS I Y II	FOLIOS: 9
ACT: 519 TRASLADOINFORME	

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

2020
Bogotá, D.C.,

Abogado(a)/Señor(a)
LUIS FELIPE CASTILLO GIBSON

Asunto: Radicación: 14-121983- -5
 Trámite: 11
 Evento: 378
 Actuación: 519
 Oficio: 13931
 Folios: 9

Patente de Invención	X			Patente de Modelo de Utilidad	
Vía Nacional					
Vía PCT (Fase Nacional)	X	Capítulo I	X	Capítulo II	
No. Solicitud Internacional	PCT/US2012/066038				
Fecha de Presentación Internacional	20/11/2012				

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 N° 14-121983-00001-0000	06/Junio/2014
Reivindicaciones:	Radicado N° 14-121983-00001-0000	24/Junio/2014
	Radicado N° 14-121983-00004-0000	10/Marzo/2015
Dibujos:	Radicado N° 14-121983-00000-0000	06/Junio/2014
Prioridades:	US 61/563,092	23/Noviembre/2011
	US 61/656,670	07/Junio/2012
	US 61/722,558	05/Noviembre/2012

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 X de la Circular Única para efectos del examen de patentabilidad, se tendrá en cuenta la tasa pagada por la 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 21 del capítulo reivindicatorio (Radicado N°. 14-121983-00004-0000).

Título de la solicitud: “MOLÉCULAS DE UNIÓN ESPECÍFICAS PARA HER3 Y USOS DE LAS MISMAS”.

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de proporcionar agentes inmunoterapéuticos mejorados que inhiben eficazmente la señalización de célula Mediada por HER3 que puedan utilizarse para el diagnóstico, la predicción del pronóstico, y el tratamiento de una variedad de cánceres.

Para resolver este problema técnico la solicitud en estudio proporciona moléculas de unión anti-HER3, por ejemplo, anticuerpos o fragmentos de unión a antígeno de los mismos, por ejemplo, anticuerpos monoclonales capaces de suprimir la actividad de HER3 en ambos ajustes de dependiente e independiente de ligando.

El objeto de la presente solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): C07K 16/40.

4. De la solicitud de patente

Título

El título no corresponde con el objeto de la solicitud porque se refiere de forma general a “*moléculas de unión*” sin embargo el objeto de la solicitud se relaciona con anticuerpos, por lo cual se sugiere a la solicitante incluir esta característica esencial y evitar la referencia a los usos o aplicaciones de la materia reclamada, para hacer el título más concreto.

Reivindicaciones (Art 30 D 486, Art 22 PCT)

Se le recuerda a la solicitante que el capítulo reivindicatorio debe ser claro y conciso por sí mismo, por lo cual cada reivindicación debe exponer las características esenciales de la materia reclamada sin que sea necesario remitirse al capítulo descriptivo para comprender su alcance. De esta forma, el capítulo reivindicatorio presenta las siguientes deficiencias:

En el caso de los anticuerpos se deben definir a partir de sus características técnicas esenciales, es decir su estructura completa, mencionando las secuencias que lo conforman en la cadena ligera y cadena pesada con su respectivo SEQ ID No., las secuencias variables de la cadena ligera y pesada, o las secuencias de las 6 regiones de determinación de complementariedad CDR's comprendidos en dichas cadenas, con el objetivo de poder distinguirlo inequívocamente del estado de la técnica. Se sugiere que se incluyan las secuencias de aminoácidos que conforman dichos dominios, incluyendo los CDR comprendidos por las mismas, definiendo de esta forma las características estructurales necesarias para comprender la materia reclamada.

1- La reivindicación 1 no es clara ni concisa porque:

- Define la molécula reclamada como un “*aislado*”, se le recuerda a la solicitante que los aislamientos de material biológico son considerados como materia no patentable, por lo que se sugiere a la solicitante que elimine dicho término de la reivindicación.
- Se refiere a un resultado a alcanzar, este es la capacidad de la molécula reclamada de unirse a determinada molécula, en este caso específico HER3. Sin embargo, no definen la molécula de unión reclamada, puesto que la

reivindicación incluiría no sólo las moléculas de unión de la solicitante, sino todas las alternativas presentes o futuras que lleguen a ese resultado. Se sugiere reemplazarlo por las características esenciales estructurales que contribuyen a la obtención de ese efecto.

- La estructura definida en términos de una fórmula, no define de manera concreta la secuencia de los anticuerpos que se reclaman, más aun cuando elementos de dicha fórmula tales como [FW₁], [FW₂], [FW₃], [FW₄], [FW₅], [FW₆], [FW₇] y [FW₈] se definen a partir de expresiones genéricas tales como “*regiones del marco*”. Se sugiere reemplazar esta definición por las características estructurales que definen dicho anticuerpo, es decir las secuencias de cada una de las cadenas o de las regiones marco, por su SEQ ID No.
- La fórmula presentada para secuencia de aminoácidos de la cadena pesada, muestra el número “1” en posición adyacente a la región de secuencia “IGSSGGV”, este número no tiene un significado en este contexto. Al comparar la secuencia con la publicación internacional se encontró que en dicha posición se encuentra un residuo de treonina (T), por lo que se entiende este es un error tipográfico, y se sugiere a la solicitante que sea corregido.
- La definición de los aminoácidos X₁, X₂, X₃, X₄, X₅, X₆ y X₇ conlleva a la formación de una gran variedad anticuerpos no soportados por la descripción, dado que en ella únicamente se presentan datos de actividad referidos a una variante identificada como “2C2” (Ver figura 3), el cual de acuerdo a la tabla cuatro (Pág. 104) corresponde a un anticuerpo que comprende una cadena VL con la SEQ ID No. 3 y una VH con la SEQ ID No. 2. Se sugiere limitar la solicitud a una razonable generalización de los anticuerpos adecuadamente obtenidos y ensayados, es decir que se encuentran sustentados.
- El código de una letra del aminoácido tirosina es (Y), sin embargo la solicitante lo menciona como (T) que corresponde a treonina, por lo que se sugiere que se haga la corrección correspondiente.

2- La reivindicación 2 no es clara porque no hay un consenso en la nomenclatura utilizada para referirse a las regiones determinantes de complementariedad (CDR), puesto que en algunos casos se nombran como (VL-CDR) y en otros casos no se utiliza ninguna sigla. Se sugiere presentar una nomenclatura uniforme para dichas regiones tanto en la cadena pesada como en la liviana.

3- La reivindicación 5 no es clara ni concisa porque los términos “*por lo menos 90%*” y “*por lo menos 95%*” son imprecisos, puesto que dan lugar a un gran número de posibles secuencias de aminoácidos que no se encuentran sustentadas en la descripción, se sugiere no hacer referencia a porcentajes de identidad, puesto que estos valores no definen características técnicas estructurales que permitan diferenciar la materia reclamada de lo comprendido en el estado de la técnica.

4- Las reivindicaciones 7 y 8 no es clara porque no definen ninguna característica técnica esencial de la molécula de enlace o fragmento de la misma que se reclama. Se sugiere incluir características técnicas esenciales o eliminar estas reivindicaciones.

5- Las reivindicaciones 9 – 11 no son claras porque no definen la secuencia de aminoácidos correspondiente a las regiones constantes de las cadenas pesadas y livianas comprendidas en los anticuerpos que se reclaman. Se sugiere sustituir los términos “*región constante de IgG*” y “*región constante kappa/lambda humana*” por las secuencias identificadas mediante sus SEQ ID No.

6- La reivindicación 11 no es clara porque la expresión “*por lo menos*” no es limitativo, por lo que no permite comprender los alcances de la materia que se reclama. Se sugiere limitar dicho término por uno preciso o por un rango concreto.

- 7- La reivindicación 12 no es clara porque el término “*totalmente humano*” sugiere que se trata de un anticuerpo aislado de un sujeto humano, lo cual corresponde a materia no patentable, por lo que se sugiere que sea eliminado. Por otra parte, los términos “*humanizado*”, “*quimérico*”, “*monoclonal*”, “*policlonal*”, “*recombinante*” y “*multiespecífico*”, no definen por sí mismos las características técnicas esenciales de los anticuerpos que se reclaman y no permiten diferenciarlos del estado de la técnica. De esta forma se sugiere definir de manera concreta las características técnicas esenciales de los anticuerpos reclamados.
- 8- La reivindicación 14 no es clara ya que al tratarse de una composición es necesario definir la identidad de sus componentes por medio de su nombre IUPAC, Denominación común internacional o estructura, y no de acuerdo a su función o actividad. En este orden de ideas el término “*vehículo farmacéuticamente aceptable*” no es adecuado para definir la materia reclamada. Se sugiere sustituirlo por el o los componentes que se encuentren en las composiciones reclamadas.
- 9- La reivindicación 15 no es clara porque no define la secuencia de ácidos nucleicos que se reclama, puesto que esta se define por medio de un resultado a alcanzar, es decir de su capacidad de codificar para una secuencia de aminoácidos que tampoco se encuentra definida. Se sugiere identificar la(s) secuencia(s) que se desean reclamar de acuerdo al SEQ ID No correspondiente.
- 10- La reivindicación 16 no es clara porque no define las características técnicas del vector que se reclama. Se sugiere que se especifique el tipo de vector y la secuencia recombinante que contiene.
- 11- La reivindicación 17 no es clara porque se refiere a una célula huésped, mas no se especifican las características de la misma. Se sugiere a la solicitante modificar la redacción de la reivindicación mencionada especificando las características de la línea celular transformada, es decir: su origen, tipo de célula y secuencias de polinucleótido introducidas (SEQ ID) correspondientes.
- 12- La reivindicación 19 no es clara porque:
- No se definen las características técnicas esenciales del kit reclamado. Se le aclara a la solicitante que este tipo de productos deben caracterizarse por medio de la identidad y proporciones de los componentes en dos o más composiciones que lo conforman. Se sugiere incluir las características de los elementos que conforman el kit.
 - La descripción no presenta sustento para esta reivindicación, ya que no menciona o ejemplifica kits con estas características. Se sugiere limitar la solicitud a las modalidades que han sido ensayas o producidas, es decir que se encuentran sustentadas.
- 13- Las reivindicaciones 20 y 21 no son claras porque:
- No definen las características técnicas esenciales del anticuerpo que se reclama, toda vez que se define por medio de un resultado a alcanzar, es decir la capacidad de unirse a un epítipo dado o la capacidad de inhibir competitivamente la unión de HER3 por un anticuerpo.
 - Los términos “*CL16*” o “*2C2*” son expresiones relativas a la nomenclatura propia del capítulo descriptivo, dicha nomenclatura no define las características esenciales de los anticuerpos reclamados, por lo que no permite comprender sus límites, ni realizar la comparación con el estado de la técnica. Se sugiere a la solicitante eliminar la referencia a dicha nomenclatura y definir los anticuerpos de acuerdo a sus características técnicas esenciales, como se mencionó anteriormente.

Descripción (Art 28 D 486)

La descripción no divulga la invención de manera suficientemente completa para que el la persona del oficio normalmente versada en la materia pueda ejecutarla ó reproducirla.

Dado que esta solicitud se refiere a secuencias de nucleótidos o aminoácidos, deben presentarse las listas en forma separada de la descripción, bajo el título: “Listado de secuencias” y anexarlas en formato digital.

Se sugiere a la solicitante hacer las aclaraciones necesarias.

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: 23 de noviembre de 2011 y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación
D1	WO 2007077028	“Antibodies directed to her-3 and uses thereof”	12/Julio/2007
D2	WO 2011136911	“Anti-erbb3 antibodies”	03/Noviembre/2011

El documento D1¹ divulga proteínas de unión a HER3 y polinucleótidos que los codifican, vectores de expresión y células huésped que comprenden (Resumen).

El documento D2² divulga anticuerpos monoclonales que se unen e inhiben la activación del receptor 3 del factor de crecimiento epidérmico ErbB3/HER3, útiles para el tratamiento de enfermedades y desordenes proliferativos asociados con la activación de ErbB3/HER3 (Resumen).

6. Examen de Patentabilidad (Art 14 D486)

Nivel inventivo (Art 18 D486)

La reivindicación 1 consiste en: *“Una molécula de enlace aislada o un fragmento de enlace al antígeno de la misma que específicamente se une a HER3 que comprende una región variable de la cadena de un anticuerpo (VL) y una región de la cadena pesada de un anticuerpo (VH), que se caracteriza porque (...)”* (Radicado N°. 14-121983-00004-00000).

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

Características esenciales	D1	D2
Molécula de enlace o fragmento que se une específicamente a HER3, que comprende	Una proteína de unión a HER-3 que comprende	Anticuerpo quimérico Sh24C05-1 que comprende: (Pág. 97, Párr. [0313])
Una región variable de la cadena liviana de un anticuerpo (VL) con la secuencia de aminoácidos :	Una cadena pesada de secuencia de aminoácidos que comprende la SEQ ID No. 12 [DVVMTQSPLSLPVTLGQPASIS	Una cadena ligera variable con secuencia SEQ ID No. 184:

1http://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/originalDocument?CC=WO&NR=2007077028A2&KC=A2&FT=D&ND=&date=20070712&DB=&&locale=en_EP
2http://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/originalDocument?CC=WO&NR=2009109908A1&KC=A1&FT=D&ND=&date=20090911&DB=&locale=en_EP

Características esenciales	D1	D2
[FW₁]X₁GSX₂SNIGLNYVS[FW₂]R NNQRPS[FW₃]AAWDDX₃X₄X₅GE X₆[FW₄] que se caracteriza porque [FW₁], [FW₂], [FW₃] y [FW₄] representan regiones del marco de VL, y en el que se caracteriza porque (a) X₁ representa residuos aminoácidos arginina (R) o serina (S), (b) X₂ representa residuos de aminoácidos serina (S) o leucina (L), (c) X₃ representa residuos de aminoácidos serina (S) o glicina (G), (d) X₄ representa residuos de aminoácidos Leucina (L) o prolina (P), (e) X₅ representa residuos aminoácidos arginina (R), isoleucina (I), prolina (P) o serina (S), y (f) X₆ representa residuos de aminoácidos valina (V) o alanina (A).	C]RSSQSLVYSDGYTYLH[WFQ QRPQGSPRR]LIYKVSNWDS[G VPDRFSGSGSGTDFTLKISRVE AEDVGYYC]MQGAHWPI[FG QGTRLEIK]	[MDMRVPAHVFGFLLWFPGTR CDIQMTQSPSSLSASLGERVSL TC]RASQEISGYLS[WLQKPD GTIKRLI]YAASTLDS[GVPKRFS GSRSGSDYSLTIGSLESED LADYYC]LQYDSYPYT[FGGGTKLEI KRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSG TASVVCLLNNFYPREAKVQWK VDNALQSGNSQESVTEQDSKD STYLSSTLTLSKADYEKHKVY ACEVTHQGLSSPVTKSFNRGE C]
Una región variable de la cadena pesada de un anticuerpo (VH) con la secuencia de aminoácidos [FW₅]YYMQ[FW₆]X₇IGSSGGVT NYADSVKG[FW₇]VGLGDAFDI[F W₈] en la que [FW₅], [FW₆], [FW₇] y [FW₈] representan regiones de marco VH, y en el que X₇ representa los residuos de aminoácidos tirosina (Y), isoleucina (I) o valina (V).	Una cadena pesada de secuencia de aminoácidos que comprende la SEQ ID No. 2 [EVQLVESGGGLIQPGGSLRLS CAASGFTVS]SNYMS[WVRQAP GKGLDWVS]VIYSGGSTYYADS VKG[RFTISRDN SKNTLYLQMN SLRAEDTAVYYCAR]GQWLDV[WGQGTTVTVSS]	Una cadena pesada variable que comprende una SEQ ID No. 182: [MNFGLSLMFLVLVLKGVQCEV QLVESGGGLVKPGGSLKLSCA ASGFTFS]DYAMS[WVRQTPEK RLEWVA]TISDGGTYTYYPDNV KG[RFTISRDN AKNNLYLQMSH LKSEDTAMYYCAR]EWGDYDG FDY[WGQGTTLTVSS]

El documento D1 se considera el estado de la técnica cercano a la solicitud definido en la reivindicación 1, porque divulga proteínas de unión específicas a HER3, métodos para producirlos y composiciones que los comprenden (Resumen). Entre las moléculas divulgadas se encuentran secuencias de cadena pesada de SEQ ID No. 2 que presenta un 86% de similitud con la secuencia 2 de la solicitud y de cadena liviana de SEQ ID No. 12 que presenta un 57% de similitud con la secuencia 3 de la solicitud (Pág. 119, Reivindicación 1).

Download Graphics	
WO2007077028_2	
Sequence ID: lcl Query_30699 Length: 114 Number of Matches: 1	
Range 1: 1 to 114 Graphics	
Next Match Previous Match	
Score	Expect Method Identities Positives Gaps
188 bits(477)	7e-67 Compositional matrix adjust. 98/118(83%) 102/118(86%) 4/118(3%)
Query 1	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLS
Sbjct 1	EVQL+ESGGGL+QPGGSLRLS
Query 61	ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMN
Sbjct 60	ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMN

Download Graphics					
WO2007077028_12					
Sequence ID: lc Query_193573 Length: 112 Number of Matches: 1					
Range 1: 3 to 111 Graphics					
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
80.1 bits(196)	6e-25	Compositional matrix adjust.	50/111(45%)	64/111(57%)	6/111(5%)
Query 3	VLTQPP-SASGTPGQRTVISC	SGSLSNII--GLNYVSWYQQLPGTAPKLLISRNNQRP	SG 58		
	V+TQ P S T GQ +ISC S S +	G Y+ W+QQ PG +P+ LI + + SG			
Sbjct 3	VMTQSPLSLPVTLGQPASISCRSSQSLVYSDGYTYLHWQRPQSPRRLLIKVSNWDSG		62		
Query 59	VPDRFSGSKSGTSASLASISGLRSEADYYCAAWDDSPGAEFGGKLT	V 109			
	VPDRFSGS SGT +L IS + +ED YYC P FG GT+L +				
Sbjct 63	VPDRFSGSGSGDTFLKISRVEAEDVGYYCMQGAHWPI--TFGQGT	LEI 111			

La diferencia entre la solicitud, definida en la reivindicación 1 y los anticuerpos divulgados por el documento D1 es la secuencias de las regiones de complementariedad, que en la solicitud se reclaman como un grupo de posibles secuencias dadas por la definición de los sustituyentes X_1 - X_7 , mientras que en el documento D1 se encuentran claramente establecidos.

No existe evidencia de un efecto técnico asociado a la modificación en la secuencia de las regiones determinantes de complementariedad en los anticuerpos de acuerdo a lo reclamado, toda vez que no se presentan resultados que demuestren la actividad sino del anticuerpo 2C2. Teniendo en cuenta que la actividad del grupo de anticuerpos reclamados no se enseña en la solicitud, no es posible establecer si existe o no un efecto técnico a dichos cambios.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver la solicitud en estudio se puede formular como la necesidad de proporcionar anticuerpos contra HER alternativos a los divulgados en D1 útiles para el tratamiento de patologías relacionadas con la proliferación excesiva.

Sin embargo, el documento D2 divulga anticuerpos monoclonales que se unen e inhiben la activación del receptor 3 del factor de crecimiento epidérmico ErbB3/HER3, útiles para el tratamiento de enfermedades y desordenes proliferativos asociados con la activación de ErbB3/HER3 (Resumen). Particularmente, el documento D2 enseña el anticuerpo quimérico Sh24C05-1 (Pág. 97, Párr. [0313]). Este anticuerpo comprende una cadena pesada de secuencia SEQ ID No. 182, que presenta una similitud del 80% con la SEQ ID No. 2 de la solicitud y una cadena ligera variable con secuencia SEQ ID No. 184 que presenta una similitud del 60% con la SEQ ID No. 3 de la solicitud, los cuales presentan regiones determinantes de complementariedad con secuencias distintas a las encontradas en el documento D1 (Ver alineamiento a continuación).

Download Graphics					
WO2011136911_182					
Sequence ID: lc Query_5917 Length: 468 Number of Matches: 1					
Range 1: 20 to 138 Graphics					
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
172 bits(437)	2e-56	Compositional matrix adjust.	85/119(71%)	96/119(80%)	1/119(0%)
Query 1	EVQLLESQGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSY	YYMQWVRQAPGKLEWVSIGSSGGVTNY 60			
	EVQL+ESGGGLV+PGGSL+LSCAASGFTFS Y M WVRQ P K LEWV+ I G T Y				
Sbjct 20	EVQLVESGGGLVKPGGSLKLSAASGFTFS	SDYAMSWVRQTPKRLIEWATISDGGTYTY 79			
Query 61	ADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVY	YCARV-GLGDAFDIWGGTMTVSS 118			
	D+VKGRFTISRDN+KN LYLQM+ L++EDTA+YYCAR G D FD WGQT +TVSS				
Sbjct 80	PDNVKGRTISRDNKNNLYLQMSHLKSEDTAMY	YCAREWDYDGFYWGQTTTLTVSS 138			

Download Graphics					
WO2011136911_184					
Sequence ID: lc Query_4335 Length: 236 Number of Matches: 1					
Range 1: 26 to 128 Graphics					
Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
87.8 bits(216)	1e-26	Compositional matrix adjust.	52/107(49%)	65/107(60%)	5/107(4%)
Query 4	LTPQPSA-SGTPGQRTVISC	SGSLSNIGLNYVSWYQQLPGTAPKLLISRNNQRP	SGVDPDR 62		
	+TQ PS+ S + G+RV+++C S G Y+SW QQ P K LI + SGVP R				
Sbjct 26	MTQSPSSLSASLGERVSLTRASQEISG--YLSWLQKQKPDGTIKRLIAASTLD	SGVPKR 83			
Query 63	FSGSKSGTSASLASISGLRSEADYYCAAWDDSPGAEFGGKLT	V 109			
	FSGS+SG+ SL I L SED ADYYC +D P FGGTKL +				
Sbjct 84	FSGSRSGSYSLTIGSLESDADYYCLQYDSYP--YTFGGG	TKLEI 128			

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia modificaría las secuencias de las regiones determinantes de complementariedad de acuerdo a las enseñanzas del documento D2, modificando las secuencias de aminoácidos de los anticuerpos divulgados en el documento D1 para llegar así al objeto de la reivindicación 1 de la solicitud. Por lo que la materia allí reclamada se considera obvia.

En consecuencia, la reivindicación 1 de acuerdo con lo divulgado en los documentos D1 y D2, carece de Nivel Inventivo.

Puesto que las reivindicaciones 2 - 21 no mencionan características inventivas adicionales tampoco se pueden considerar inventivas.

Conclusión:

Las reivindicaciones 1 – 21 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:

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	WO 2007077028	1 - 21	Nivel Inventivo
D2	WO 2011136911	1 - 21	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 2015-12-01

Elaboró: Ruth Andrea Rodriguez
Revisó: Dayron Alexander Ramirez Reyes

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES PARA EL No de Radicación: 14-121983-00004-0000						
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA (anexar pantallazo o reporte en PDF, junto con los boleanos utilizados)						
Palabras clave utilizadas		(HER3/ErbB3)				
CLASIFICACIONES INTERNACIONALES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		C07K2317/565				
BASES DE DATOS CONSULTADAS.						
The lens		NCBI	Google Patents	Espacenet	GenomeQuest	
INFORMES DE EXÁMENES REALIZADOS EN OTRAS OFICINAS (documentos patentes, literatura no patente etc...)						
Oficina	Fecha del examen o de reporte de búsqueda de documentos	Anterioridades encontradas para el examen o reportados en el examen de búsqueda(relacionarlos todos)	Reiv. afectadas	RELEVANCIA (requisito que afecta)	FUERON TENIDOS EN CUENTA PARA EL EXAMEN EN LA OFICINA COLOMBIANA	
					SI	NO
Europea	27/05/2014	WO2010127181	1-21	NI		X
		WO2011044311	1-21	NI		X
		WO 2011136911	1-21	NI	X	
		G. SALA ET AL, "An ErbB-3 antibody, MP-RM-1, inhibits tumor growth by blocking ligand-dependent and independent activation of ErbB-3/Akt signaling", ONCOGENE, 20110808, vol. 31, no. 10, doi:10.1038/onc.2011.322, ISSN 0950-9232, PAGE 1275 - 1286 1-23 p.	1-21	NI		X
		EDWARD HTUN VAN DER HORST ET AL, INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, JOHN WILEY & SONS, INC, US, vol. 115, no. 4, doi: 10.1002/IJC.20867, ISSN 0020-7136, 20050701, PAGE 519 - 527 1-23 fig. 1d	1-23	NI		X
USPTO		US 2011171222				X
		US 2011033482				X
		US 2011280892				X
DOCUMENTOS ADICIONALES ENCONTRADOS POR EL EXAMINADOR DE ACUERDO A LOS CRITERIOS DE BÚSQUEDA.						
BÚSQUEDA DE SECUENCIAS						
Número de depósito / patente y N° de secuencia % de identidad						
SEQ ID NO	NCBI	The Lens	EMBL-EBI	DDJB	Genome Quest	

(de la solicitud)					
2		SEQ ID NO: 1273/ US7329737			
		92%			
3	GI:323432754	SEQ ID NO: 243/ US7947809			
	93%	93%			

CRITERIOS DE BÚSQUEDA / UNIDAD DE INVENCION (Pantallazos)

CDR 1 Cadena liviana

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```

1: WO2013078191_20 100.00  92.31  84.62
2: WO2013078191_18  92.31 100.00  92.31
3: WO2013078191_19  84.62  92.31 100.00

```

CLUSTAL O(1.2.1) multiple sequence alignment

```

WO2013078191_20  R G S S S N I G L N Y V S
WO2013078191_18  S G S S S N I G L N Y V S
WO2013078191_19  S G S L S N I G L N Y V S
                  ** *****

```

CDR 3 Cadena liviana

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```

1: WO2013078191_23 100.00  90.91  81.82  81.82  72.73  72.73  81.82  72.73  72.73
2: WO2013078191_24  90.91 100.00  90.91  90.91  63.64  81.82  72.73  72.73  72.73
3: WO2013078191_29  81.82  90.91 100.00  81.82  72.73  90.91  81.82  81.82  81.82
4: WO2013078191_28  81.82  90.91  81.82 100.00  72.73  90.91  81.82  81.82  81.82
5: WO2013078191_26  72.73  63.64  72.73  72.73 100.00  81.82  90.91  81.82  81.82
6: WO2013078191_22  72.73  81.82  90.91  90.91  81.82 100.00  90.91  90.91  90.91
7: WO2013078191_25  81.82  72.73  81.82  81.82  90.91  90.91 100.00  90.91  90.91
8: WO2013078191_27  72.73  72.73  81.82  81.82  81.82  90.91  90.91 100.00  90.91
9: WO2013078191_30  72.73  72.73  81.82  81.82  81.82  90.91  90.91  90.91 100.00

```

CLUSTAL O(1.2.1) multiple sequence alignment

```
WO2013078191_23      AAWDDSPGGEA
WO2013078191_24      AAWDDSPSGEA
WO2013078191_29      AAWDDSPSGEV
WO2013078191_28      AAWDDSLSGEA
WO2013078191_26      AAWDDGLPGEV
WO2013078191_22      AAWDDSLSGEV
WO2013078191_25      AAWDDSLPGEV
WO2013078191_27      AAWDDSLIGEV
WO2013078191_30      AAWDDSLRGEV
                      *****
```

CDR 2 Cadena pesada

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO2013078191_32	100.00	94.12	94.12
2: WO2013078191_33	94.12	100.00	94.12
3: WO2013078191_34	94.12	94.12	100.00

CLUSTAL O(1.2.1) multiple sequence alignment

```
WO2013078191_32      YIGSSGGVTNYADSVKG
WO2013078191_33      IIGSSGGVTNYADSVKG
WO2013078191_34      VIGSSGGVTNYADSVKG
                      *****
```

Download

GenPept

Graphics

▼ Next ▲ Previous ▲ Descriptions

immunoglobulin lambda chain, partial [Homo sapiens]
Sequence ID: [dly|BAI04188.1](#) Length: 111 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 110

GenPept

Graphics

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
202 bits(474)	1e-61	Compositional matrix adjust.	98/110(89%)	100/110(90%)	0/110(0%)

Query 1

QSVLTQPPPSASGTPGQRVTISCSGSLNIGLNIVSYVQQLPGTAPKLLISRNNIQRPSGVP

60

Sbjct 1

QSVLTQPPPSASGTPGQRVTISCSGS SNIG N V IVQQLPGTAPKLLI NIQRPSGVP

60

Query 61

DRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYVCAAWDDSPGGEAFGGGKLTVL

110

Sbjct 61

DRFSGSKSGTSASLAISGL+SEDEADYVCA+HDDG G FGGGKLTVL

110

Related Information
[Map Viewer](#) - aligned genomic context

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) [Selected 0](#)

[Alignments](#) [Download](#) [GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#)

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Chain L, Crystal Structure Of Serbb3-fab3379 Complex	234	234	100%	1e-71	100%	SCUS_L
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	208	208	100%	3e-64	92%	AKU38879.1
☐	immunoglobulin variable region VL lambda domain [Homo sapiens]	208	208	100%	3e-64	92%	AAT96531.1
☐	immunoglobulin variable region [Homo sapiens]	210	210	100%	5e-64	93%	ADJ65589.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	207	207	100%	2e-63	90%	AAK94795.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	205	205	100%	4e-63	90%	ABA26040.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	205	205	100%	7e-63	90%	ABA26059.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	204	204	100%	8e-63	90%	ABI74143.1
☐	anti-HPA-5b immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	204	204	100%	2e-62	89%	AAP31886.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	204	204	100%	3e-62	90%	ABI74165.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	203	203	100%	5e-62	89%	CAQ23542.1
☐	immunoglobulin G heavy chain variable region [Homo sapiens]	203	203	100%	5e-62	89%	AIT38787.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	202	202	100%	6e-62	89%	ABG38359.1
☐	immunoglobulin lambda light chain variable region [Homo sapiens]	202	202	97%	7e-62	92%	CAC28008.1
☐	immunoglobulin light chain variable region [Homo sapiens]	202	202	100%	9e-62	88%	ABI74144.1
☐	immunoglobulin variable region [Homo sapiens]	204	204	100%	1e-61	91%	ADJ65558.1
☐	immunoglobulin lambda chain [Homo sapiens]	202	202	100%	1e-61	89%	BAL04188.1
☐	variable immunoglobulin anti-Diquoxenin light chain [Homo sapiens]	202	202	97%	1e-61	91%	CAA67303.1
☐	immunoglobulin lambda light chain variable region [Homo sapiens]	201	201	99%	2e-61	89%	CAJ99656.1
☐	immunoglobulin light chain variable region VM2-PPS-14-L1-28 [Homo sapiens]	202	202	100%	2e-61	90%	ABC67025.1
☐	immunoglobulin lambda chain [Homo sapiens]	201	201	100%	3e-61	88%	BAL04186.1

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) [Selected 0](#)

[Alignments](#) [Download](#) [GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#)

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
☐	Sequence 57 from patent US 8926976	202	202	100%	3e-66	93%	AKV99400.1
☐	Sequence 44 from patent US 8926976	200	200	100%	2e-65	93%	AKV99387.1
☐	Sequence 25 from patent US 8357367	198	198	100%	8e-65	89%	AGD77694.1
☐	Sequence 12 from patent US 8492520	198	198	100%	8e-65	90%	AGU25563.1
☐	Sequence 68 from patent US 8967422	198	198	100%	8e-65	90%	AKX43339.1
☐	Sequence 243 from patent US 7947809	198	198	100%	1e-64	92%	AEH98708.1
☐	Sequence 45 from patent US 7867493	197	197	100%	3e-64	91%	AEC23431.1
☐	Sequence 1240 from patent US 7138501	201	240	100%	4e-64	89%	ABL53749.1
☐	Sequence 60 from patent US 8967422	200	200	100%	4e-64	90%	AKX43331.1
☐	Sequence 8 from patent US 8492529	200	200	100%	6e-64	90%	AGU25561.1
☐	Sequence 1255 from patent US 7138501	201	240	100%	6e-64	92%	ABL53755.1
☐	Sequence 346 from patent US 7612179	196	196	100%	8e-64	90%	ADA33961.1
☐	Sequence 5 from patent US 8216571	196	196	98%	1e-63	90%	AF003192.1
☒	Sequence 37 from patent US 8926976	196	196	100%	1e-63	91%	AKV99380.1
☐	Sequence 4 from patent US 8492529	200	200	100%	1e-63	90%	AGU25559.1
☐	Sequence 35 from patent US 8926976	195	195	100%	2e-63	91%	AKV99378.1
☐	Sequence 75 from patent US 8926976	194	194	100%	3e-63	91%	AKV99418.1
☐	Sequence 66 from patent US 8926976	194	194	100%	3e-63	90%	AKV99409.1
☐	Sequence 362 from patent US 7612179	194	194	100%	4e-63	89%	ADA33977.1
☐	Sequence 48 from patent US 8926976	194	194	100%	4e-63	90%	AKV99391.1
☐	Sequence 21 from patent US 8926976	194	194	100%	4e-63	90%	AKV99364.1
☐	Sequence 802 from patent US 7790862	194	194	100%	4e-63	88%	ADS38465.1
☐	Sequence 39 from patent US 7867493	194	194	100%	5e-63	89%	AEC23425.1
☐	Sequence 149 from patent US 8926976	193	193	100%	7e-63	90%	AKV99492.1
☐	Sequence 46 from patent US 7514534	194	194	100%	8e-63	89%	ACQ23221.1
☐	Sequence 29 from patent US 7767207	193	193	100%	8e-63	89%	ADS19808.1
☐	Sequence 43 from patent US 7867493	193	193	100%	8e-63	89%	AEC23429.1
☐	Sequence 40 from patent US 8926976	193	193	100%	9e-63	89%	AKV99383.1
☐	Sequence 1 from patent US 8131480	193	193	97%	9e-63	91%	AFD60128.1

IP Search

Paula Moreno Anticuerpos

Query

Nucleotide Sequences Protein Sequences

Paste or Choose your query.

```
>H02013078191_2
EVQLLESGGGLVQPGGSLRLCAASGFTFSYYYMQIVRQAPGKLEWVSYIGSSGGVTNYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARVGLGDAFDIWQSGTMVTYSS
<H02013078191_3
QSVLTQPPASGTPGRVITSCSGSLNIGLNVSMYQQLPGTAPKLLISRNNQRP5GVPDRF5GSKSGTSASLAISGLRSEADYYCAAWDDSPGGEAFGGGKLTVL
```

Type of Search ☐ Patents Databases Only
☒ Patents and Public Reference DatabasesResult Name IP 2015-07-31 17:19:39 ☐ Send E-mail on completion☐ Compare to both nucleotide and protein databases * Please note by selecting to search both nucleotide and protein databases your account will be billed for double the amount of sequences searched.

Search Strategy

GenePAST Blast Fragment Search Motif

Percent identity 80

Over the length of query or subject

Additional Strategy Parameters

Limit subject length from 100 to 1000 residues

Keep a maximum of 10000 results (per query)

Subject Databases

Apply filters to subject databases

Nucleotides

☐ Patents
☐ Reference Data

Proteins

☒ Patents
☒ Reference Data

Home > 14-121903 > Full details results of workflow 14-121903

Help on this page

Result View Export Applications

Filtering Grouping Sorting Sharing

Export PII List

LifeQuest Full-text & Alignments

Grouped by Query

<< First < Previous Query 1-2 of 2 Next > Last >>

20,000 Results

	Query % Id	Subj % Id	Align % Id	No. Diff	Query Identifier	Patent Assignee	Patent Title	Patent Sequence Location	Identifier	Extended Legal Status	Publication Date	PDF Link
☐ WO2013078191_3	1-3 of 10,000 [View all 10,000 Results]											
☐	100	100	100	0	WO2013078191_3	8-8868888-8-8888888-8-8-8-8-8	empty	TBD (information not in GQ-Pat)	JF201506912-0003	PENDING	05-Mar-2015	PDF
☐	100	100	100	0	WO2013078191_3	MEDIMHUNE LLC	BINDING MOLECULES SPECIFIC FOR HER3 AND USES THEREOF	claim: 3; 23; 26; 28; 42; 43	US20140363429-0003	PENDING	11-Dec-2014	PDF
☐	100	100	100	0	WO2013078191_3	MEDIMHUNE, LLC; CHOWDHURY, PARTHA S.; TICE, DAVID; XIAO, ZHAN; STEINER, PHILIPP; KINNEER, KRISTA; REBELATTO, MARLON	BINDING MOLECULES SPECIFIC FOR HER3 AND USES THEREOF	TBD (information not in GQ-Pat)	CA2856297-0003	PENDING	30-May-2013	PDF
☐ seq_1	1-3 of 10,000 [View all 10,000 Results]											
☐	98.33	100	100	0	seq_1	MEDIMHUNE, LLC; CHOWDHURY, PARTHA S.; TICE, DAVID; XIAO, ZHAN; STEINER, PHILIPP; KINNEER, KRISTA; REBELATTO, MARLON	BINDING MOLECULES SPECIFIC FOR HER3 AND USES THEREOF	TBD (information not in GQ-Pat)	CA2856297-0002	PENDING	30-May-2013	PDF
☐	98.33	100	100	0	seq_1	MEDIMHUNE LLC [US]	BINDING MOLECULES SPECIFIC FOR HER3 AND USES THEREOF	TBD (information not in GQ-Pat)	EP2797957-0002	PENDING	05-Nov-2014	PDF
☐	98.33	100	100	0	seq_1	MEDIMHUNE LLC	BINDING MOLECULES SPECIFIC FOR HER3 AND USES THEREOF	probable disclosure (not found by automated parsing)	KR1020140113912-0002	UNKNOWN	25-Sep-2014	PDF

<< First < Previous Query 1-2 of 2 Next > Last >>