

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO	
RAD: 13-113107- -14	FECHA: 2016-06-16 11:31:17
DEP: 2020 DIRECCION DE NUEVAS CREACIONES	EVE: 378 FASE NACIONAL INCLUIDO CAPITULO I
TRA: 11 PCT-PATENTE DE INVENCION CAPITULOS I Y II	FOLIOS: 8
ACT: 519 TRASLADOINFORME	

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

2020
Bogotá, D.C.,

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

Asunto: Radicación: 13-113107- -14
Trámite: 11
Evento: 378
Actuación: 519
Oficio: 7232
Folios: 8

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/US2011/053304				
Fecha de Presentación Internacional	26/09/2011				

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° 13-113107-00000-0000	06/Mayo/2013
Reivindicaciones:	Radicado N° 13-113107-00000-0000	06/Mayo/2013
	Radicado N° 13-113107-00004-0000	19/Enero/2015
	Radicado N° 13-113107-00007-0000	21/Agosto/2015
Dibujos:	Radicado N° 13-113107-00000-0000	06/Mayo/2013
Secuencias:	Radicado N° 13-113107-00000-0000	06/Mayo/2013
Prioridad:	US 61/390,526	06/Octubre/2010
	US 13/244,049	23/Septiembre/2011

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 24 del capítulo reivindicatorio (Radicado N°. 14-215115-00000-0000).

Título de la solicitud: “Gen restaurador RF4 tipo C de esterilidad citoplasmática masculina en maíz (CMS) y marcadores moleculares de los mismos” (Modificado en Radicado N° 14-113107-00004-0000)

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de caracterizar locus génicos implicados en la esterilidad masculina en maíz.

Para resolver este problema técnico la solicitud en estudio proporciona un método para seleccionar una planta que comprenda un gen restaurador funcional para esterilidad citoplasmática y un método para introducir el gen de maíz Rf4-bHLH en un organismo anfitrión.

El objeto de la presente solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): A01H 5/10, C12N 15/29, C12Q1/68, C12N15/82, A01H5/00.

4. De la solicitud de patente

Reivindicaciones (Art 30 D 486, Art 22 PCT)

1. La reivindicación 1 no es clara porque reclama un método para seleccionar una planta que comprende un gen que confiere esterilidad citoplasmática, no obstante los pasos de dicho método no son claros ya que menciona la expresión: *“en donde la planta se identifica como que comprende (...) si comprende la molécula de ácido nucleico (...)”* que se considera un resultado a alcanzar que no define el método reclamado ya que incluiría no sólo la solución propuesta por la solicitante, sino todas las alternativas presentes o futuras que lleguen a ese resultado. Se sugiere reemplazarlo por las características esenciales, estructurales o funcionales, que contribuyen a la obtención de ese efecto.
2. La reivindicación 1 no es clara ya que hacen referencia a unos marcadores KASPar™, que es una marca registrada y por tanto no definen los marcadores del método porque su composición puede cambiar con el paso del tiempo, aunque conserve el mismo nombre. Se sugiere aclarar cuáles son las características del producto en cuestión, y en caso de corresponder a secuencias de nucleótidos referenciarlas por sus SEQ ID NO. Por otra parte, la expresión del paso 3, que hace referencia a una secuencia de nucleótidos “equivalente” de las secuencias comprendidas en el método reclamado, se considera imprecisa y ambigua, ya que no permite establecer la estructura de la molécula comprendida en dicho paso del método reclamado. Se sugiere eliminar dichas expresiones y restringir la reivindicación a una razonable generalización de las secuencias diagnosticas del método reclamado.
3. La reivindicación 3 no se encuentra sustentada en la divulgación del capítulo descriptivo ya que hace referencia a moléculas de ácido nucleico que corresponden a ADN genómico, sin embargo, en los ejemplos divulgados se encuentra que dichos ácidos nucleicos corresponden a las secuencias específicas SEQ ID NO: 1-197 y por ende no se refieren a cualquier molécula de ADN genómico como se entendiera de acuerdo con el alcance de la reivindicación (Pág. 53-73 del radicado N° 13-113107-00000-0000). Se sugiere restringir la reivindicación a una razonable generalización de las moléculas de ADN evaluadas, de manera que se encuentren correctamente soportadas.

4. La reivindicación 9 no es clara ya que hace referencia a un método que comprende unas sondas específicamente hibridables, las cuales no son caracterizadas por su estructura la cual comprende su secuencia completa de nucleótidos (SEQ ID NO), dichas secuencias se consideran indispensables para la reproducción del método reclamado y por tal razón es fundamental referenciarlas en las reivindicaciones correspondientes. Se sugiere caracterizar las sondas por su secuencia de bases e incluirlas en el método reclamado de manera que sea posible para una persona del campo técnico comprender dicho método.
5. La reivindicación 11 no se encuentra sustentada en la divulgación del capítulo descriptivo ya que solamente existen pruebas técnicas para un método que comprende como organismo anfitrión una planta de *Zea mays* (Pág. 53-73 del radicado N° 13-113107-00000-0000). Se sugiere restringir el método a una razonable generalización de los organismos evaluados de manera que se encuentre debidamente soportado.

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: octubre 06 de 2010, y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación
D5	Art. 1*	"Identification and mapping of Rf-I an inhibitor of the Rf5 restorer gene for Cms-C in maize (<i>Zea mays</i> L.)"	19/Mayo/2006
D6	Art. 2**	"Single nucleotide polymorphisms: A new paradigm for molecular marker technology and DNA polymorphism detection with emphasis on their use in plants"	25/Febrero/2001
D7	US 5530191	"Method for producing cytoplasmic male sterility in plants and use thereof in production of hybrid seed"	25/06/21996

* "Identification and mapping of Rf-I an inhibitor of the Rf5 restorer gene for Cms-C in maize (*Zea mays* L.)" Hu Y. M., et al., Theor Appl Genet (2006) 113:357–360 DOI 10.1007/s00122-006-0302-6.

** "Single nucleotide polymorphisms: A new paradigm for molecular marker technology and DNA polymorphism detection with emphasis on their use in plants" Gupta P.K., et al., CURRENT SCIENCE, VOL. 80, NO. 4, 25 FEBRUARY 2001.

El documento D5¹ divulga una serie de cruces entre líneas estériles y líneas restauradas, así como también retro-cruces de la población (Cms-C77 x 6233) x 6233 empleados para investigar la restauración Cms tipo C, en donde se demuestra el efecto inhibidor de un gen Rf-I, que mapea en el cromosoma 7 sobre el gen restaurador Rf5, dicho gen inhibidor esa fuertemente ligado con los marcadores SSR: umc 2326 y umc 2327, a una distancia genética de 4,7 a 3,4 cM. Después de analizar los datos se propone que la restauración Cms tipo C tiene dos genes dominantes Rf4 y Rf5, en donde Rf4 tiene la capacidad de restaurar todos los genotipos de líneas Cms-C; sin embargo existe un gen inhibidor del otro gen restaurador Rf5 y por lo tanto este solo puede restaurar solo genotipos de líneas Cms-C que carecen del inhibidor Rf-I (Pág. 357, Resumen).

El documento D6² divulga nuevas generaciones de marcadores moleculares, conocidos como polimorfismos de nucleótidos simples (SNPs) que no siempre necesitan

1 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16791701>

2 <http://www.iisc.ernet.in/currsci/feb252001/524.pdf>

evaluarse a través de ensayos basados en gel y son los más abundantes de todos los sistemas conocidos en genoma de animales y plantas. Adicionalmente se divulgan nuevas aproximaciones que pueden ser empleadas para el descubrimiento de nuevos SNPs, que se basan en la discriminación entre una coincidencia perfecta y una diferencia (en un sitio SNP) entre una prueba de una secuencia conocida y el blanco de ADN que contiene el sitio SNP (Pág. 524, Resumen).

El documento D7³ divulga sistemas para proveer plantas con esterilidad masculina citoplasmática (CMS), basado en la modificación de genomas plastidicos, en donde el sistema CMS comprende tres transgenes: un “gen plastidico de esterilidad masculina” (pms) regulado por un gen de “esterilidad masculina nuclear” (rims) y un “gen restaurador de fertilidad masculina” (rmf) (Pág. 1, Resumen).

6. Examen de Patentabilidad (Art 14 D486)

Nivel inventivo (Art 18 D486)

La reivindicación 1 consiste en: *“Un método para seleccionar una planta que comprende un gen restaurador funcional para esterilidad citoplasmática masculina tipo C en maíz, el método comprende: (...)”* (Radicado N°. 13-113107-00007-00000).

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

Características esenciales	D5	D6
Un método para seleccionar una planta que comprende un gen restaurador funcional para esterilidad citoplasmática masculina tipo C en maíz que comprende:	Método para seleccionar líneas restauradas Cms-C en maíz (Pág. 357, Col. Der., líneas 26-30)	No se menciona
Aislar las moléculas de ácido nucleico de una planta	El ADN genómico fue aislado de hojas jóvenes (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3])	No se menciona
Detectar las moléculas de ácido nucleico con una secuencia de nucleótidos SEQ ID NO: 1-197 que comprenden polimorfismos ID NO 1-106 de un solo nucleótido (SNPs) y/o polimorfismos de inserción/eliminación (inDel) entre CMS (BE4207) y la línea restauradora (XJH58) y marcadores KASPar™ para mapear Rf4 en la planta	Identificación de Los genes restauradores Rf4, Rf-I y Rf5 empleando 521 marcadores SSR de la base de datos http://www.maizegdb.org en mediante amplificación por PCR de marcadores SSR (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3 y 4]).	Métodos empleados para el descubrimiento e identificación de nuevos SNPs (Pág. 526, Col. Der., Párr. [3]) y métodos para genotipificar individuos en loci SNP (Pág. 527, Col. Der., Párr. [3])
Seleccionar la planta que comprenda dicha secuencia de nucleótidos o un equivalente de la misma	Seleccionar líneas restauradas con Rf4 como A619 y Guang 10-2 (Pág. 360, Col. Izq., Párr. [2]).	Uso de los SNPs en programas de mejoramiento de cultivos (Pág. 533, Col. Izq., Párr. [2]).

El documento D5 se considera el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 1 porque divulga un método para seleccionar líneas restauradas Cms-C en maíz que comprende (Pág. 357, Col. Der., líneas 26-30) el aislamiento del ADN genómico de hojas jóvenes (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3]), la identificación de los genes restauradores Rf4, Rf-I y Rf5 empleando 521 marcadores SSR de la base de datos <http://www.maizegdb.org> mediante amplificación por PCR de marcadores SSR (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3 y 4]) y la selección líneas restauradas con Rf4 como A619 y Guang 10-2 (Pág. 360, Col. Izq., Párr. [2]).

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 1 y el procedimiento divulgado de D5 consiste en que el método de la solicitud emplea SNPs y/o

3 <http://www.google.ch/patents/US5530191>

polimorfismos de inserción/eliminación (inDel) entre CMS (BE4207) y la línea restauradora (XJH58) y marcadores KASParTM de secuencias específicas para mapear Rf4 en la planta, mientras que el documento D5 enseña la identificación de los genes restauradores Rf4, Rf-I y Rf5 empleando 521 marcadores SSR de la base de datos <http://www.maizegdb.org> en mediante amplificación por PCR de marcadores SSR (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3 y 4]).

El efecto que logra el incluir el uso de secuencias de polimorfismos SNPs específicas es que permite la selección de las plantas de maíz que presentan esterilidad masculina citoplasmática tipo C restaurada.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: cómo modificar el procedimiento conocido en D5 para seleccionar plantas de maíz que presentan esterilidad masculina.

Sin embargo, el uso de los marcadores SNPs en programas de mejoramiento de cultivos (Pág. 533, Col. Izq., Párr. [2]) especialmente en el cruzamiento vegetal y la selección asistida por marcadores (MAS) (Pág. 524, Resumen), ya había sido divulgado en el documento D6 que enseña, los métodos empleados para el descubrimiento e identificación de nuevos SNPs (Pág. 526, Col. Der., Párr. [3]) y los métodos para genotipificar individuos en loci SNP (Pág. 527, Col. Der., Párr. [3]) que normalmente parten de fuentes de secuencias genómicas disponibles y de metodologías que emplean la amplificación por PCR de varios individuos (Pág. 527, Col. Der., Párr. [1]) detectándose por ejemplo en el genoma del maíz un SNP por 70pb en ciertas regiones del genoma (Pág. 525, Col. Der., Párr. [1]).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, emplearía un método para obtener marcadores SNPs en maíz como el del documento D6 en incluiría dichos marcadores en el procedimiento divulgado en el documento D5, para llegar así al objeto de la reivindicación 1 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Puesto que las reivindicaciones dependientes 2 – 8 no mencionan características inventivas adicionales tampoco se pueden considerar inventivas.

Las reivindicaciones 1 – 8 cumplen el requisito de novedad (Art. 16), pero no cumplen con el requisito de nivel inventivo (Art. 18).

La reivindicación 9 consiste en: *“Un método para introducir el gen de maíz Rf4-bHLH en un organismo anfitrión mediante transformación genética, el método comprende: (...)”* (Radicado N°. 13-113107-00007-00000).

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

Características esenciales	D5	D7
Un método para introducir el gen de maíz Rf4-bHLH en un organismo anfitrión mediante transformación genética, el método comprende:	Método para seleccionar líneas restauradas Cms-C en maíz (Pág. 357, Col. Der., líneas 26-30)	Un método para la producción de plantas masculinas con esterilidad citoplasmática (Pág. 12, Col. 3, Párr. [50])
Analizar el ADN genómico de una planta con sondas que son específicamente hibridables ligados al gen Rf4 que comprenden las SEQ ID NO: 1-197 que comprenden polimorfismos ID NO 1-106 de un solo nucleótido (SNPs) y/o polimorfismos de inserción/eliminación (inDel) entre CMS (BE4207) y la línea restauradora (XJH58) y marcadores KASPar TM para mapear Rf4 en la planta	El ADN genómico fue aislado de hojas jóvenes (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3]). Seguido de la Identificación de Los genes restauradores Rf4, Rf-I y Rf5 empleando 521 marcadores SSR de la base de datos http://www.maizegdb.org en mediante amplificación por PCR	No se menciona

Aislar un segmento del ADN genómico de la planta que hibrida específicamente a sondas ligadas al gen Rf4	de marcadores SSR (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3 y 4]).	No se menciona
Introducir el segmento aislado de ADN genómico dentro del organismo anfitrión; y	No se menciona	Producir células de planta establemente transformadas con un gen restaurador de la fertilidad masculina (Pág. 12, Col. 3, Párr. [60]).
Analizar el organismo anfitrión con sondas que son específicamente hibridables a marcadores ligados al gen Rf4 para identificar el gen Rf4 en el organismo anfitrión.	Selección líneas restauradas con Rf4 como A619 y Guang 10-2 (Pág. 360, Col. Izq., Párr. [2]).	Sección eficiente de los genomas transformados a través de uso marcadores seleccionables dominantes no letales (Pág. 14, Col. 7, Párr. [60-65]).

El documento D5 se considera el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 9 porque divulga un método para seleccionar líneas restauradas Cms-C en maíz que comprende (Pág. 357, Col. Der., líneas 26-30) el aislamiento del ADN genómico fue aislado de hojas jóvenes (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3]), la identificación de los genes restauradores Rf4, Rf-I y Rf5 empleando 521 marcadores SSR de la base de datos <http://www.maizegdb.org> en mediante amplificación por PCR de marcadores SSR (Pág. 358, Col. Izq., Párr. [3 y 4]) y la selección líneas restauradas con Rf4 como A619 y Guang 10-2 (Pág. 360, Col. Izq., Párr. [2]).

La diferencia entre la invención, definida en la reivindicación 1 y el procedimiento divulgado de D5 consiste en que el método de la solicitud incluye los pasos adicionales de Introducir el segmento aislado de ADN genómico dentro del organismo anfitrión y analizar el organismo anfitrión con sondas que son específicamente hibridables a marcadores ligados al gen Rf4.

El efecto que logra el incluir los pasos mencionados es la introducción e identificación del gen Rf4 en el organismo anfitrión.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: cómo modificar el procedimiento conocido en D5 para obtener un método para introducir e identificar el gen Rf4 en un organismo anfitrión.

Sin embargo, un método para la producción de plantas masculinas con esterilidad citoplasmática (Pág. 12, Col. 3, Párr. [50]) que comprende los pasos de producir células de planta establemente transformadas con un gen restaurador de la fertilidad masculina (Pág. 12, Col. 3, Párr. [60]) e identificar los transformantes regenerados (Pág. 16, Col. 11, Párr. [50]) ya había sido divulgado en el documento D7 que enseña varios métodos disponibles para introducir ADN en plástidos de plantas con flores que incluyen vectores de Agrobacterium, tratamiento de los protoplastos con polietilen glicol (PEG) bombardeo de las células y tejidos con micro proyectiles y generación de agujeros temporales mediante láseres UV (Pág. 8, Col. 8, Párr. [5-10]).

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia, incluiría los pasos de producir células establemente transformadas y de identificar los transformantes el documento D7 en el procedimiento divulgado en el documento D5, para llegar así al objeto de la reivindicación 9 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Puesto que las reivindicaciones dependientes 10– 12 no mencionan características inventivas adicionales tampoco se pueden considerar inventivas.

Las reivindicaciones 9 –12 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
D5	Art. 1*	1-12	Nivel Inventivo
D6	Art. 2**	1-8	Nivel Inventivo
D7	US 5530191	9-12	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.

Si como respuesta a este requerimiento el solicitante llegara a modificar: i) el capítulo reivindicatorio, ii) la descripción de la invención a proteger, iii) o presente un nuevo capítulo reivindicatorio, y desee que se realice un nuevo examen de patentabilidad a esta modificación, no deberá pagar la tasa de modificación voluntaria pero sí la correspondiente a la tasa de examen de patentabilidad. En todo caso, el número de requerimientos por no patentabilidad estará supeditado a que el término del estudio de patentabilidad no sea superior a 18 meses, contados desde la publicación de la solicitud de patente de invención. Adicionalmente, 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 deberá pagar la tasa 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 2016-06-21

Elaboró: Paula Andrea Moreno Gonzalez

Revisó: Sandra Carolina Crespo

INFORME DE BÚSQUEDA DE PATENTES PARA EL No de Radicación: 13-113107						
CRITERIOS PARA LA BÚSQUEDA (anexar pantallazo o reporte en PDF, junto con los boleanos utilizados)						
Palabras clave utilizadas		“SNPs AND Cytoplasmic AND male sterility”				
CLASIFICACIONES INTERNACIONALES UTILIZADAS PARA LA BÚSQUEDA		A01H 005/010, C12N 015/029, C12N 015/082, C12Q 001/068				
BASES DE DATOS CONSULTADAS.						
Espacenet		USPTO		PatBase		NCBI
The lens		Google patents				
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
USPTO	26/11/2014	US7411117	8, 36-37	Nivel Inventivo		X
		US8471117	8, 36-37			X
EPO	09/04/2013	SISCO, P. H. Duplications complicate genetic mapping of Rf4, a restorer gene for cms-c cytoplasmic male sterility in corn Crop Science. Vol.31(5), pp.1263-1266 (Sep-Oct 1991)	9,10, 34, 35 36, 38-41	Novedad Nivel Inventivo		X
		KliHYR-POUL-; A. oi ;\l . 'Genetics of fertility restoration in the C-group of cytoplasmic male sterility in maize' Genetics. Vol.98(2), pp.379-388 (June 1981)				X
		HU, Y. M. et al. 'Identification and mapping of Rf^I an inhibitor of RF5 restorer gene for Cms-C in maize (Zea mays L.)' Theoretical and Applied Genetics. Vol.113(2), pp.357-360 (19 May 2006)	1-10, 18, 34-36, 38-41	A	X	
		KOHLs, S. et al. *QTL involved in the partial restoration of male fertility				X

		of C-type cytoplasmic male sterility in maize' Theoretical and Applied Genetics. Vol.123(2), pp.327-328 (9 April 2011)			
DOCUMENTOS ADICIONALES ENCONTRADOS POR EL EXAMINADOR DE ACUERDO A LOS CRITERIOS DE BÚSQUEDA.					
"Single nucleotide polymorphisms: A new paradigm for molecular marker technology and DNA polymorphism detection with emphasis on their use in plants" Gupta P.K., et al., CURRENT SCIENCE, VOL. 80, NO. 4, 25 FEBRUARY 2001.					
US 5530191					
BÚSQUEDA DE SECUENCIAS					
Número de depósito / patente y N° de secuencia % de identidad					
SEQ ID NO (de la solicitud)	NCBI	The Lens	EMBL-EBI	DDJB	Genome Quest

CRITERIOS DE BÚSQUEDA / UNIDAD DE INVENCIÓN (Pantallazos)



Username: sic6@patbase.com
Subaccount: Paula Moreno

Menu ▾	Search ▾	History ▾	Session ▾	Folder ▾	Order	Help ▾	Logoff
--------	----------	-----------	-----------	----------	-------	--------	--------

#		Search query	Results	Options
2		[SP]: 1. a method for identifying a plant comprising a functional restorer gene for maize c-type cytoplasmic male sterility, the method comprising: isolating nucleic acid molecules from a plant and screening the isolated nucleic acid molecules for a nucleic acid molecule comprising a nucleotide sequence selected from the group consisting of seq id nos:1-197 and the markers referred to as polymorphism id nos. 1-106 in table 3, or an equivalent thereof, wherein presence of at least one nucle... show full search	50	View Browse Hits Optimise more...
1		TAC=(BE4207 AND XJH58)	2	View Browse Hits Optimise more...

Information

Shortcuts

Command Reference

- Bibliographic data
- Textual data
- Update commands
- Operators
- Navigation / shortcuts

Search tools

- Dictionary
- Patent number formats
- Thesaurus

SEARCH TERMS

snps ✕ + Synonym

cytoplasmic ✕ + Synonym

male sterility ✕ + Synonym

A01H ✕ + Synonym

+ Search term or CPC

SEARCH FIELDS



Before priority *YYYY-MM-DD*



+ Assignee

MORE ▼