

REPÚBLICA DE COLOMBIA

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

Señor (a)
DOW AGROSCIENCES LLC
NOTIFPAT@CAVELIER.COM

Asunto: PATENTE DE INVENCIÓN - PCT

Patente de Invención	PT	Patente de Modelo de Utilidad			
Vía Nacional					
Vía PCT (Fase Nacional)	PCT	Capítulo I	X	Capítulo II	
No. Solicitud Internacional	PCT/US2014/072921				
Fecha de Presentación Internacional	31 de diciembre de 2014				

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:	16-171981-0000-0000	29 de junio de 2016
Reivindicaciones:	16-171981-0000-0000	29 de junio de 2016
	16171981	20 de diciembre de 2016
Dibujos:	16-171981-0000-0000	29 de junio de 2016
Listado de secuencias:	16-171981-0000-0000	29 de junio de 2016
Prioridad(es):	País: US, ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA Número: 61/922,529 Fecha: 31 de diciembre de 2013	

2. Análisis de la Prioridad

Se acepta la reivindicación de prioridad porque esta solicitud fue presentada dentro del plazo establecido y el contenido técnico de esta solicitud 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 el solicitante al momento de comenzar el examen para las reivindicaciones adicionales; esto es que cuando la solicitud contenga más de diez (10)

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

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 18 del capítulo reivindicatorio (Radicado 16171981 del 20 de diciembre de 2016).

Título de la solicitud: "NUEVOS PROMOTORES DE LA UBIQUITINA DE MAIZ".

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de obtener secuencias promotoras que regulen la expresión de transgenes de interés agronómico en plantas.

Para resolver este problema técnico, la solicitud en estudio proporciona un promotor de la Ubi-1 de *Zea luxurians* que consiste en la SEQ ID NO: 2. De igual manera, proporciona un casete de expresión génica que comprende un promotor operativamente unido a un transgén, en donde el promotor comprende un polinucleótido con una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID NO: 2.

El objeto de la presente solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): C12N 5/04, C12N 15/82, A01H 1/00, A01H 5/00.

4. De la solicitud de patente

Título

Se sugiere omitir del título la referencia "*nuevos*", toda vez que corresponde a un atributo subjetivo del objeto de la solicitud. Adicionalmente, de acuerdo con la descripción, el promotor corresponde a un promotor del gen Ubi-1 de *Zea luxurians* v1, por lo que se sugiere mencionarlo en el título.

Reivindicaciones (Art. 30 D 486, Art. 22 PCT)

La reivindicación 1 no es clara y carece de soporte porque no define el transgén que hace parte del casete de expresión y menciona que el promotor "*comprende un polinucleótido con una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID NO: 2*", no obstante, no está probada la obtención de variantes de la SEQ ID NO: 2 ni que variaciones de secuencia dentro del 10% proporcionen la actividad esperada. Por otra parte, la reivindicación establece "*en donde el transgén es una secuencia de ácido nucleico exógena al gen*", por lo que no es claro a qué se refiere, ya que no se hace mención del gen en ninguna otra parte de la reivindicación ni se define el mismo. Se le recuerda al solicitante que no se aceptan las definiciones de secuencias indicando porcentajes de homología o identidad, puesto que tales definiciones no permiten establecer la secuencia exacta a la que se refieren. De igual manera, se le recuerda al solicitante que la reivindicación independiente debe ser autosuficiente y contener todas las características técnicas esenciales del objeto de la solicitud. Se sugiere definir el promotor mediante su SEQ ID NO y definir el transgén teniendo en cuenta lo obtenido y probado en el capítulo descriptivo, donde se evidencia que el transgén corresponde al gen de la proteína fluorescente amarilla de *Phialidium* (*PhYFP*), al gen ADD-1 o al gen PAT.

Las reivindicaciones 1 y 14 no son concisas porque a pesar de estar encabezadas como "*Un casete de expresión génica*" y "*Una secuencia de polinucleótido purificada*",

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

respectivamente, reclaman en más de una reivindicación independiente el mismo objeto, que corresponde a un constructo que comprende un promotor con una identidad de secuencia de al menos 90% con la SEQ ID NO: 2, unido operativamente a un transgén. Se le recuerda al solicitante que por categoría inventiva de producto sólo debe haber una reivindicación independiente y las demás, si son verdaderas modalidades, se deben presentar en la forma de reivindicaciones dependientes.

Las reivindicaciones 1, 2 y 12 a 15 no son claras y carecen de soporte porque utilizan la expresión *"una identidad de secuencia de al menos 90%"*, la cual es imprecisa y no permite distinguir la invención del estado de la técnica. De igual manera, no está probado en la descripción la obtención de secuencias con dicho porcentaje de identidad, ni que las mismas presenten la actividad esperada. Se le recuerda al solicitante que no se aceptan definiciones de secuencias indicando porcentajes de homología o identidad, puesto que tales definiciones no permiten establecer la secuencia exacta a la que se refieren. Se sugiere sustituirla por la SEQ ID NO.

Las reivindicaciones 2 y 15 no son claras y carecen de soporte porque señalan que el promotor y la secuencia de polinucleótido comprenden *"una sonda de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a un complemento de la SEQ ID NO: 2"*, lo cual define la secuencia exacta de la sonda a la que se refieren. De igual manera, no está probado en la descripción el desarrollo de un promotor que comprenda una sonda y allí sólo se menciona que el promotor comprende tres regiones que corresponden a una región corriente arriba, una 5'-UTR y un intrón. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes.

Las reivindicaciones 3 y 11 a 13 no son claras porque mencionan *"la expresión del transgén unido operativamente comprende un polipéptido o un ARN pequeño"*, *"la secuencia de codificación heteróloga se expresa en un tejido vegetal transgénico"*, *"las secuencias de cebadores de oligonucleótidos se unen a la secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID"*, *"el transgén operativamente unido codifica un polipéptido o ARN pequeño"* los cuales corresponde a resultados a alcanzar y no definen el casete de expresión, la secuencia de polinucleótidos ni el método reclamado, puesto que las reivindicaciones incluirían no sólo la solución propuesta por el solicitante, sino todas las alternativas presentes o futuras que lleguen a ese resultado. Se sugiere reemplazarlos por las características técnicas que contribuyen a la obtención de ese efecto.

Las reivindicaciones 4, 8 y 17 no son claras ni concisas porque definen el transgén en términos de su funcionalidad al mencionar que es un transgén *"resistente a los insecticidas"*, *"con tolerancia a los herbicidas"*, *"eficaz en el uso de nitrógeno"*, *"eficaz en el uso de agua"*, *"de calidad nutricional"*, *"de unión al ADN"*, *"marcador seleccionable"*. Adicionalmente, las reivindicaciones abarcan una cantidad de posibilidades de transgenes aún no exploradas por el solicitante. Se sugiere definir el transgén realizando una generalización razonable de lo obtenido y probado en el capítulo descriptivo, donde el transgén corresponde al gen *PhiYFP* de la proteína fluorescente amarilla de *Phialidium*, al gen ADD-1 o al gen PAT.

Las reivindicaciones 5, 7 y 16 no son claras porque no definen a qué secuencia corresponde la región no traducida 3'. Se sugiere definir la 3'-UTR de acuerdo a lo obtenido y probado en el capítulo descriptivo, donde se evidencia que la misma

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

corresponde a la 3'-UTR del gen 5 de la peroxidasa de *Zea mays* o a la 3'-UTR del gen de lipasa de *Z. mays*.

La reivindicación 9 carece de sustento porque no se evidencia en la descripción el uso de todos los métodos reclamados en la transformación de las células vegetales. Se sugiere al solicitante restringir las condiciones del método a una generalización razonable de lo obtenido y probado en el capítulo descriptivo, donde se presenta sustento para la transformación mediada por *Agrobacterium*.

La reivindicación 10 carece de sustento porque no se evidencia en la descripción la transformación de plantas de trigo ni de arroz. Se sugiere al solicitante realizar una generalización razonable de aquello que fue obtenido y probado en el capítulo descriptivo, donde sólo se presenta sustento para la transformación de plantas de maíz.

La reivindicación 11 no es clara porque el tejido donde se expresa la secuencia heteróloga no corresponde a una característica técnica que defina el método reclamado. Se le recuerda al solicitante que un método se define mediante la secuencia lógica de etapas y condiciones técnicas en que se llevan a cabo.

La reivindicación 12 no es clara porque se refiere a la "SEQ ID NO" o "SEQ ID" sin mencionar el número de secuencia correspondiente, lo cual no permite su comparación con el estado de la técnica. Adicionalmente, no define los cebadores y sólo los caracteriza por su función de acuerdo con la expresión "*las secuencias de cebadores de oligonucleótidos se unen a la secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID*". Por otra parte, utiliza la expresión "*aumentar la secuencia de polinucleótidos*", por lo que no es claro si se refiere a la amplificación de la secuencia. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes y definir los cebadores mediante su SEQ ID NO.

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: 31 de diciembre de 2013, y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación
D1	Streatfield et al.	"Analysis of maize polyubiquitin-1 promoter heat shock elements and generation of promoter variants with modified expression characteristics"	Agosto/2004
D2	US2013/0254943	"Construct and method for synthetic bidirectional plant promoter UBI1"	26/septiembre/2013

El documento D1¹ divulga el aislamiento de un promotor de *Ubi1* homólogo al de *Zea mays* a partir del teosinte (*Zea diploperennis*), progenitor silvestre del maíz. Se evaluó la actividad de los promotores para determinar si podían facilitar niveles altos de

¹ <https://link.springer.com/article/10.1023/B:TRAG.0000040053.23687.9c>

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

expresión de transgenes en semillas de maíz y si podían mediar una expresión inducida por choque térmico (Pág. 300, col. izq., líneas 23 a 39).

El documento D2² divulga constructos y métodos para expresar múltiples genes en células y/o tejidos de plantas. Los constructos proporcionados comprenden al menos un promotor bidireccional unido a casetes de expresión con múltiples genes. En algunas modalidades, los constructos y métodos emplean un promotor bidireccional basado en un promotor mínimo del gen de Ubiquitina-1 de *Zea mays* o un equivalente funcional del mismo. En algunas modalidades, los constructos y métodos proporcionados permiten la expresión de entre tres y veinte genes (Abstract).

6. Examen de Patentabilidad (Art. 14 D 486)

Novedad (Art 16 D486)

La reivindicación 1 consiste en: *“Un casete de expresión génica que comprende un promotor operativamente unido a un transgén, en donde el promotor comprende un polinucleótido con una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID NO: 2, en donde el transgén es una secuencia de ácido nucleico exógena al gen”* (Radicado 16171981 del 20 de diciembre de 2016).

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

Características técnicas	D1
Casete de expresión génica que comprende	Casete de expresión génica que comprende (Pág. 301, col. der., líneas 1 a13)
Un promotor operativamente unido a un transgén, en donde el promotor comprende un polinucleótido con una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a la SEQ ID NO: 2,	Una secuencia promotora del gen de ubiquitina de teosinte que tiene número de acceso de GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7) y presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud (Ver alineamiento).
en donde el transgén es una secuencia de ácido nucleico exógena al gen	unida a la secuencia codificadora <i>gusA</i> y el terminador <i>PinII</i> (Pág. 301, col. izq., líneas 39 y 40, col. der., líneas 1 a 13). Adicionalmente el constructo también comprende el gen <i>pat</i> de resistencia a bialafos y el gen <i>aadA</i> (Pág. 301, col izq., líneas 6 a 17, col. der., líneas 6 a 13).

De acuerdo con la tabla anterior, las características esenciales del casete de expresión de la reivindicación 1 habían sido divulgadas previamente en el documento D1, el cual se refiere a constructos que comprenden el promotor de ubiquitina 1 de teosinte (*Zea diploperennis*) unido al gen reportero *gusA*. El constructo pPGN8984 comprende la secuencia promotora del gen de ubiquitina de teosinte unida a la secuencia codificadora *gusA* y el terminador *PinII* (Pág. 301, col. izq., líneas 39 y 40, col. der., líneas 1 a 13). Adicionalmente, el constructo comprende el gen *pat* de resistencia a bialafos y el gen *aadA* (Pág. 301, col izq., líneas 6 a 17, col. der., líneas 6 a 13). La

²https://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/originalDocument?CC=US&NR=2013254943A1&KC=A1&FT=D&ND=3&date=20130926&DB=&locale=en_EP

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

secuencia del promotor tiene número de acceso GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7) y presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud, como se evidencia en la Figura 1.

Zea diploperennis polyubiquitin-1 (Ubi-1) gene, promoter region and 5' UTR
Sequence ID: [AY342393.1](#) Length: 2182 Number of Matches: 6

Range 1: 522 to 1767		GenBank	Graphics	Next Match	Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1938 bits(1049)	0.0	1188/1252(95%)	22/1252(1%)	Plus/Plus	
Query 441	AGTTACTACAAATTAACAAATACCTTTAAGGAATTAAAAAACTAAGGAAACATTTTT	500			
Sbjct 522	AGTGACTAAAAATCAACAAATACCTTTAA-AAAAATAAAAACTAAGGAAACATTTTT	580			
Query 501	CTTGTTTCGAGTAGATTATGACAGGCTGTTCAACGCCGTCGACGAGCTAACGGACCA	560			
Sbjct 581	CTTGTTTCGAGTAGATAATGACAGGCTGTTCAACGCCGTCGACGAGCTAACGGACCA	640			
Query 561	ACCAGCGAACGAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCAGGCATCTCTGTC	620			
Sbjct 641	ACCAGCGAACGAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGGAGACGGCAGGCATCTCTGTC	700			
Query 621	GCTGCCCTGGACCCCTCTCGAGAGTCCGCTCCACCGTTGGACTTGTCCGCTGTCGG	680			
Sbjct 701	GCTGCCCTGGACCCCTCTCGAGAGTCCGCTCCACCGTTGGACTTGTCCGCTGTCGG	760			
Query 681	ATCCAGAAAGTGGTGGCGGAGCGGCAGACGTG-----AGGCGGCTCTCTCT	728			
Sbjct 761	ATCCAGAAATTCGTGGCGGAGCGGCAGCGTGGCGGCGACGGCAGGCGGCTCTCTCT	820			
Query 729	CCCTCACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCTTTCCACCGCTCTCTCGCTTTCCCTT	788			
Sbjct 821	CCCTCACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCTTTCCACCGCTCTCTCGCTTTCCCTT	880			
Query 789	CTTCGGCCGCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCAACCTCGTGTT	848			
Sbjct 881	CTTCGGCCGCGTAATAATATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCAACCTCGTG-TT	939			
Query 849	GTTCCGAGCGCACACACACAAACAGATCTCCCCAAATCCACCGCTGGCACCTCCG	908			
Sbjct 940	GTTCCGAGCG--CACACACAAACAGATCTCCCCAAATCCACCGCTGGCACCTCCG	997			
Query 909	TTCAAGGTACGCCGCTCATCTCCCGCCCTCTCTACCTTCTTAGATCGGCAATCCG	968			
Sbjct 998	TTCAAGGTACGCCGCTCATCTCCCGCCCTCTCTACCTTCTTAGATCGGCGATCCG	1057			
Query 969	TCCATGGTTAGGCGCCGATAGTTCTACTTCTGTTCTGTTTGTGTTAGATCCGTCGCT	1028			
Sbjct 1058	TCCATGGTTAGGCGCCGATAGTTCTACTTCTGTTCTGTTTGTGTTAGATCCGTCGCT	1117			
Query 1029	AGCGTTCTGTACACGGATGCGACCTGTACATCAGACACGTTCTGATTGCTAACTTGCC	1088			
Sbjct 1118	AGCGTTCTGTACACGGATGCGACCTGTACATCAGACACGTTCTGATTGCTAACTTGCC	1177			
Query 1089	GTTTCTCTTTGGCGAATCCAGGGATGGCTCTAGCCGTTCCGAGACGGGTTGATTTTCA	1148			
Sbjct 1178	GTTTCTCTTTGGGGAAATCTGGGATGGCTAGCCGTTCCGAGACGGGATCGATTTCAT	1237			
Query 1149	GATTTTTTTT-GTTTCGTTGCACATAGGGTTTGGTTTGGCCCTTTCTCTTATTTCTTAT	1207			
Sbjct 1238	GATTTTTTTTGTGTTG--CATAGGGTTGGTTTGGCCCTTTCACTTTATTTCTCTTAT	1295			
Query 1208	ATGCTGTACTCT-TTGTGCGGTCATCTGTCTGCTCTTTTAACTTGGTTGTGATG	1266			
Sbjct 1296	ATGCTGTGCACTTGTGTCGGGTCTCTGTCTGCTCTTTTGTCTTGGCTGTGATG	1355			
Query 1267	ATGTGCTCTGGTTGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAGCTACCTGG	1326			
Sbjct 1356	ATGTGCTCTGGTTGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAACTACCTGG	1415			
Query 1327	TGGATTATTAATTTTGTATCTGTACGTTGTGCCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTA	1386			
Sbjct 1416	TGGATTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGCCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTA	1475			
Query 1387	AGATGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATCGGGTTTACTGA	1446			
Sbjct 1476	AGATGATGGATGGAAATATCAATCTAGGATAGGTATACATGTTGATCGGGTTTACTGA	1535			
Query 1447	TGCATATACAGAGATGCTTTTTTTTC--GCTTGGTTGTGATGATCGGCTCTGGTTGGCG	1504			
Sbjct 1536	TGCATATACAGAGATGTTTTTTTTTTTGGCTTGGTTGTGATGATGCGCTCTGGTTGGCG	1595			
Query 1505	GTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTCAAACACCTGGTGGATTATTAATTTCTGG	1564			
Sbjct 1596	GTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTAAACACCTGGTGGATTATTAATTTTGG	1655			
Query 1565	ATCTGTATGTGTGCCATACATCTTGATGTTACGAGTTTAAGATGATGGATGGAAATA	1624			
Sbjct 1656	ATCTTTATGTCTGTGCCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTAAGATGATGGATGGAAATA	1715			
Query 1625	TCGATCTAGGATAGGTATACATGTCGATGTGGGTTTACTGATGCATATACA	1676			
Sbjct 1716	TCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGCGGGTTTACTGATGCATATACA	1767			

Figura 1 Alineamiento (Blastn) de la SEQ ID NO: 2 de la solicitud con la secuencia con número de acceso GenBank AY342393 del documento D1.

En consecuencia, la reivindicación 1 no es nueva, según lo divulgado en el documento D1.

Las reivindicaciones dependientes 2 a 6 no mencionan alguna característica que haga nuevo el casete de expresión de la reivindicación 1, por lo cual se considera que no son nuevas.

La reivindicación 12 consiste en: “Un método para aislar una secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID NO: 2, el método que comprende: a) identificar una secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID NO; b) producir una multiplicidad de secuencias de cebadores de oligonucleótidos, en donde las secuencias de cebadores de oligonucleótidos se unen a la secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID; c) aumentar la secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID de la muestra de ADN con las secuencias de cebadores de oligonucleótidos seleccionados a partir de una multiplicidad de secuencias de cebadores de oligonucleótidos; y d) aislar la secuencia de polinucleótidos que comprende una

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

identidad de secuencia de al menos 90 % con respecto a la SEQ ID NO” (Radicado 16171981 del 20 de diciembre de 2016).

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

Características esenciales	D1
Un método para aislar una secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a la SEQ ID NO: 2, el método que comprende	Un método para aislar una secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a la SEQ ID NO: 2 (Pág. 300, col. der., líneas 3 a 11), el método comprende
a) identificar una secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a la SEQ ID NO	a) identificar la secuencia del promotor de ubiquitina de teosinte (Pág. 300, líneas 12 a 25), que tiene número de acceso de GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7) y presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud (Ver alineamiento).
b) producir una multiplicidad de secuencias de cebadores de oligonucleótidos, en donde las secuencias de cebadores de oligonucleótidos se unen a la secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a la SEQ ID	b) Se emplearon pares de cebadores de oligonucleótidos en dos rondas de PCR para aislar secuencias que se extendían corriente arriba del gen de ubiquitina de teosinte (Pág. 300, col. der., líneas 12 a 15)
c) aumentar la secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a la SEQ ID de la muestra de ADN con las secuencias de cebadores de oligonucleótidos seleccionados a partir de una multiplicidad de secuencias de cebadores de oligonucleótidos	c) Se aislaron secuencias de teosinte adicionales repitiendo el procedimiento de PCR (reacción en cadena de la polimerasa) basado en la librería genómica usando cebadores de oligonucleótidos correspondientes a secuencias de teosinte recientemente clonadas, junto con los cebadores del adaptador (Pág. 300 , col. der., líneas 32 a 37)
d) aislar la secuencia de polinucleótidos que comprende una identidad de secuencia de al menos 90% con respecto a la SEQ ID NO	d) Se aisló un clon de longitud completa a partir del ADN genómico no digerido usando primers específicos a la secuencia de teosinte clonada (Pág. 300, col. der., líneas 38 a 42)

De acuerdo con la tabla anterior, las características esenciales del método de la reivindicación 12 habían sido divulgadas previamente en el documento D1, el cual se refiere a un método para aislar la secuencia del promotor de ubiquitina de teosinte (Pág. 300, col. der., líneas 3 a 11) que consiste en identificar la secuencia del promotor empleando como cebador la secuencia codificante de *Ubi-1* de maíz cerca del codón de inicio de la traducción, puesto que tales secuencias son altamente conservadas en los genes de ubiquitina de maíz y arroz (Pág. 300 , col. der., líneas 15 a 25), emplear pares de cebadores de oligonucleótidos en dos rondas de PCR para aislar secuencias que se extendían corriente arriba del gen de ubiquitina de teosinte (Pág. 300, col. der., líneas 12 a 15), amplificar las secuencias mediante PCR (Pág. 300 , col. der., líneas 32 a 37) y aislar la secuencia que comprende el promotor de teosinte (Pág. 300, col. der., líneas 38 a 42). El promotor de teosinte del documento D1 tiene número de acceso GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7) y presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud, tal como se evidencia en el alineamiento de la Figura 2.

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

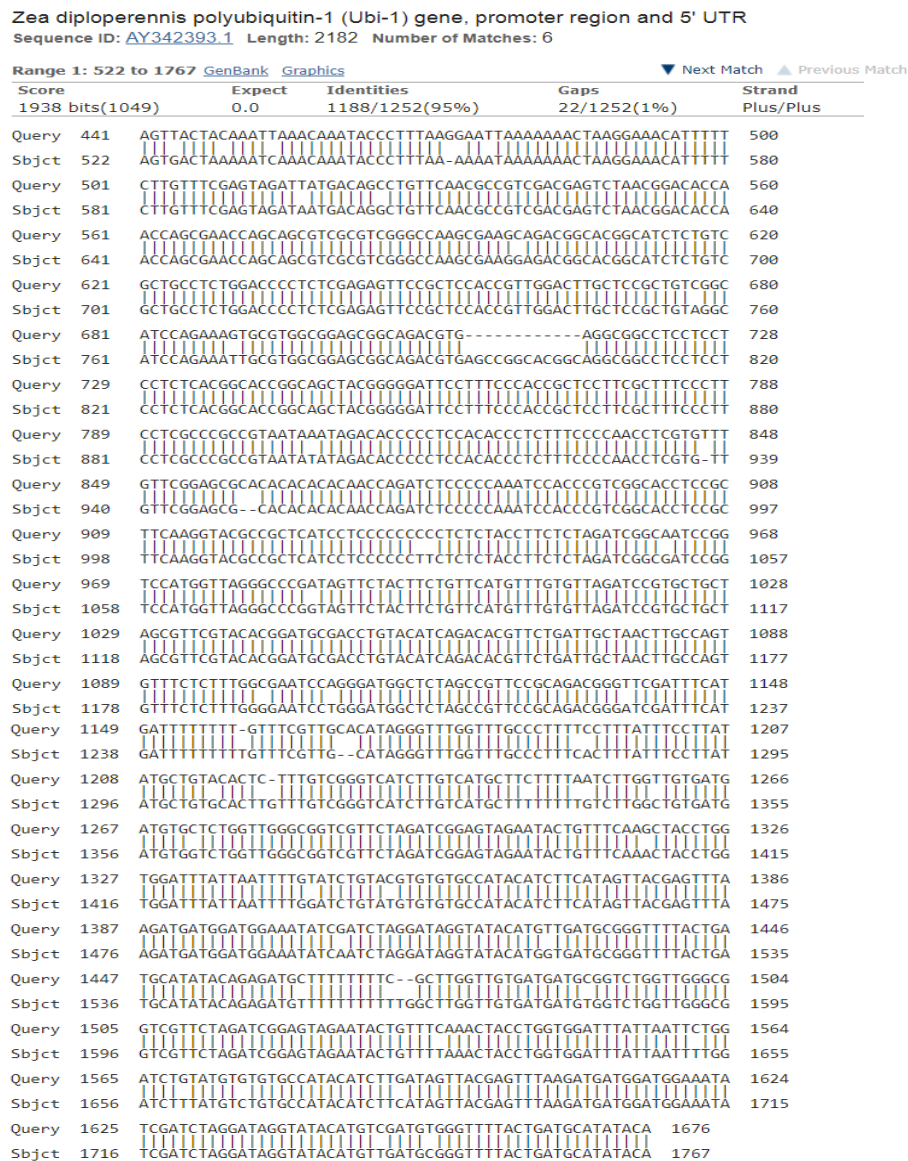


Figura 2 Alineamiento (Blastn) de la SEQ ID NO: 2 de la solicitud con la secuencia con número de acceso GenBank AY342393 del documento D1.

En consecuencia, la reivindicación 12 no es nueva, según lo divulgado en el documento D1.

La reivindicación dependiente 13 no menciona alguna característica que haga nuevo el método de la reivindicación 12, por lo cual se considera que no es nueva.

La reivindicación 14 consiste en: “Una secuencia de polinucleótido purificada que comprende una identidad de secuencia de al menos 90 % con SEQ ID NO: 2, en donde el polinucleótido purificado se une operativamente a un transgén, y en donde el transgén es una secuencia de ácido nucleico exógena” (Radicado 16171981 del 20 de diciembre de 2016)

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

Características técnicas	D1
--------------------------	----

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

Una secuencia de polinucleótido purificada que comprende	Una secuencia de polinucleótido purificada que comprende (Pág. 303, col. der., líneas 1 a 7)
una identidad de secuencia de al menos 90% con SEQ ID NO: 2,	La secuencia de <i>Ubi-1</i> de teosinte con número de acceso GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7) que presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud (Ver alineamiento),
en donde el polinucleótido purificado se une operativamente a un transgén, y en donde el transgén es una secuencia de ácido nucleico exógena	unida a la secuencia <i>gusA</i> en el constructo pPGN8984 (Pág. 301, col. izq., líneas 39 y 40, col. der., líneas 1 a 13)

De acuerdo con la tabla anterior, las características esenciales de la secuencia de polinucleótido de la reivindicación 14 habían sido divulgadas previamente en el documento D1, el cual se refiere a un promotor de ubiquitina de teosinte con número de acceso GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7), el cual presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud, tal como se evidencia en el alineamiento de la Figura 3. El constructo pPGN8984 comprende el promotor de teosinte unido a la secuencia codificante de *gusA* y la secuencia terminadora de la transcripción *P_{inII}*.

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

Zea diploperennis polyubiquitin-1 (Ubi-1) gene, promoter region and 5' UTR
Sequence ID: [AY342393.1](#) Length: 2182 Number of Matches: 6

Range 1: 522 to 1767 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1938 bits(1049)	0.0	1188/1252(95%)	22/1252(1%)	Plus/Plus	
Query 441	AGTTACTACAAATTAACAAATACCTTTAAGGAATTAAGGAAACATTTTT			500	
Sbjct 522	AGTGACTAAAAATCAACAAATACCTTTAA-AAAAATAAGGAAACATTTTT			580	
Query 501	CTTGTTTCGAGTAGATTATGACAGCCTGTTCAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACACCA			560	
Sbjct 581	CTTGTTTCGAGTAGATAATGACAGCCTGTTCAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACACCA			640	
Query 561	ACCAGCGAACAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCAGGCATCTCTGTC			620	
Sbjct 641	ACCAGCGAACAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGGAGACGGCAGGCATCTCTGTC			700	
Query 621	GCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTCGGC			680	
Sbjct 701	GCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTCGGC			760	
Query 681	ATCCAGAAAGTGCCTGGCGGAGCGGACAGCTG-----AGGCGGCTCTCTCT			728	
Sbjct 761	ATCCAGAAATGCGTGGCGGAGCGGACAGCTGAGCGGACAGGACGGCGCTCTCTCT			820	
Query 729	CCTCTCACGGCACCAGCAGTACGGGGGATTCTTTCCACCGCTCTTCCCTTTCCCTT			788	
Sbjct 821	CCTCTCACGGCACCAGCAGTACGGGGGATTCTTTCCACCGCTCTTCCCTTTCCCTT			880	
Query 789	CCTCGCCCCCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCAACCTCGTGTT			848	
Sbjct 881	CCTCGCCCCCGTAATATATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCAACCTCGTG-TT			939	
Query 849	GTTGCGGAGCGACACACACAAACAGATCTCCCCAAATCCACCGTCGGCACCCTCCGC			908	
Sbjct 940	GTTGCGGAGCG--CACACACAAACAGATCTCCCCAAATCCACCGTCGGCACCCTCCGC			997	
Query 909	TTCAAGGTACGCCGCTCATCTCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCAATCCGG			968	
Sbjct 998	TTCAAGGTACGCCGCTCATCTCCCCCCCCCTCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGATCCGG			1057	
Query 969	TCCATGGTTAGGGCCCGATAGTTCTACTTCTGTTTATGTTTGTGTAGATCCGTGCTGCT			1028	
Sbjct 1058	TCCATGGTTAGGGCCCGGATAGTTCTACTTCTGTTTATGTTTGTGTAGATCCGTGCTGCT			1117	
Query 1029	AGCGTTTCGTACACGGATGCGACCTGTACATCAGACACGTTCTGATTGCTAACTTGCCAGT			1088	
Sbjct 1118	AGCGTTTCGTACACGGATGCGACCTGTACATCAGACACGTTCTGATTGCTAACTTGCCAGT			1177	
Query 1089	GTTTCTCTTTGGCGAATCCAGGGATGGCTCTAGCCGTTCCGACAGCGGGTTCGATTTTCAT			1148	
Sbjct 1178	GTTTCTCTTTGGCGAATCCAGGGATGGCTCTAGCCGTTCCGACAGCGGGATCGATTTTCAT			1237	
Query 1149	GATTTTTTTT-GTTTCGTTGCACATAGGGTTTGGTTTGCCCTTTTCCTTTATTTCCCTTAT			1207	
Sbjct 1238	GATTTTTTTTGTTCGTTG--CATAGGGTTTGGTTTGCCCTTTTCCTTTATTTCCCTTAT			1295	
Query 1208	ATGCTGTACACTC-TTGTGCGGGTCATCTTGTCATGCTTTCTTTAATCTTGGTGTGTATG			1266	
Sbjct 1296	ATGCTGTGCACTTGT-TGTCGGGTCATCTTGTCATGCTTTCTTTGTCTTGGTGTGTATG			1355	
Query 1267	ATGTGCTCTGGTTGGGCGGTCTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAGCTACCTGG			1326	
Sbjct 1356	ATGTGCTCTGGTTGGGCGGTCTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAACTACCTGG			1415	
Query 1327	TGGATTTATTAATTTTGTATCTGTACGTGTGTCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTA			1386	
Sbjct 1416	TGGATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTA			1475	
Query 1387	AGATGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGCGGGTTTACTGA			1446	
Sbjct 1476	AGATGATGGATGGAAATATCAATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGCGGGTTTACTGA			1535	
Query 1447	TGCATATACAGAGATGCTTTTTTTTC--GCTTGGTTGTGATGATGCGGCTTGGTTGGGCG			1504	
Sbjct 1536	TGCATATACAGAGATGTTTTTTTTTGGCTTGGTTGTGATGATGCGGCTTGGTTGGGCG			1595	
Query 1505	GTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAACCTACCTGGTGGATTTATTAATTTCTGG			1564	
Sbjct 1596	GTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTAAACCTACCTGGTGGATTTATTAATTTTGG			1655	
Query 1565	ATCTGTATGTGTGCCATACATCTTGATAGTTACGAGTTTAAAGATGATGGATGGAAATA			1624	
Sbjct 1656	ATCTTTATGTCTGTGCCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTAAAGATGATGGATGGAAATA			1715	
Query 1625	TCGATCTAGGATAGGTATACATGTGATGTTGGGTTTACTGATGCATATACA			1676	
Sbjct 1716	TCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGCGGGTTTACTGATGCATATACA			1767	

Figura 3 Alineamiento (Blastn) de la SEQ ID NO: 2 de la solicitud con la secuencia con número de acceso GenBank AY342393 del documento D1.

En consecuencia, la reivindicación 14 no es nueva, según lo divulgado en el documento D1.

Las reivindicaciones dependientes 15 a 18 no mencionan alguna característica que haga nueva la secuencia de polinucleótido de la reivindicación 14, por lo cual se considera que no son nuevas.

Nivel Inventivo (Art. 18 D486)

La reivindicación 7 consiste en: “Un método para expresar una secuencia de codificación heteróloga en una planta transgénica, el método que comprende: a)

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

transformar una célula vegetal con un casete de expresión génica que comprende una secuencia de polinucleótidos que comprende la SEQ ID NO: 2 operativamente unida a la secuencia de codificación heteróloga, que está operativamente unida a una región no traducida 3', en donde la región no traducida 3' es un segmento no traducido en el terminal 3' del gen; b) aislar la célula vegetal transformada que comprende el casete de expresión génica; c) regenerar la célula vegetal transformada en una planta transgénica; y d) obtener la planta transgénica, en donde la planta transgénica comprende el casete de expresión génica que comprende la secuencia de polinucleótidos que comprende la SEQ ID NO: 2" (Radicado 16171981 del 20 de diciembre de 2016).

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

Características esenciales	D2	D1
Un método para expresar una secuencia de codificación heteróloga en una planta transgénica, el método comprende:	Un método para expresar una secuencia de interés en una célula de planta, el método comprende (Pág. 46, reiv. 10)	Un método para expresar una secuencia de codificación heteróloga en una planta transgénica, el método comprende
a) transformar una célula vegetal con un casete de expresión génica que comprende una secuencia de polinucleótidos que comprende la SEQ ID NO: 2 operativamente unida a la secuencia de codificación heteróloga, que está operativamente unida a una región no traducida 3', en donde la región no traducida 3' es un segmento no traducido en el terminal 3' del gen	Introducir en la célula vegetal la secuencia de nucleótidos de interés unida operativamente a un medio para iniciar la transcripción (Pág. 46, reiv. 10). Transformación de las células de maíz con el vector pDAB108706 mediada por Agrobacterium (Pág. 17, Ejemplo 1, Párr. [0186]). El vector comprende un promotor bidireccional de ubiquitina 1 unido a las secuencias codificadoras de GUS, YFP y aad-1 (Pág. 19, Párr. [0195], Fig. 5).	Transformación de células de embrión de maíz mediada por <i>A. tumefaciens</i> (cepa EHA101) que contiene el constructo promotor de ubiquitina/gen reportero <i>gusA</i> (Pág. 301, col. der., líneas 28 a 33). El constructo pPGN8984 comprende la secuencia promotora del gen de ubiquitina de teosinte unida al gen <i>gusA</i> y el terminador <i>PnII</i> (Pág. 301, col. izq., líneas 39 y 40, col. der., líneas 1 a 13). El promotor de ubiquitina tiene número de acceso de GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7) y presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud (Ver alineamiento)
b) aislar la célula vegetal transformada que comprende el casete de expresión génica	Aislar los embriones y transferirlos a medios de selección (Pág. 18, Párr. [0189])	No menciona
c) regenerar la célula vegetal transformada en una planta transgénica	Regenerar los eventos putativos (Pág. 18, Párr. [0191])	Regeneración de plantas a partir del cultivo de tejidos (Pág. 301, col. der., líneas 33 a 35)
d) obtener la planta transgénica, en donde la planta transgénica comprende el casete de expresión génica que comprende la secuencia de polinucleótidos que comprende la SEQ ID NO: 2	Obtener plantas que expresan el plásmido pDAB108706 (Pág. 21, Ejemplo 6, Párr. [0204])	Obtención de plantas transgénicas resistentes (Pág. 302, col. izq., líneas 1 a 12) que comprenden el constructo pPGN8984 que contiene además del promotor de ubiquitina unido al gen reportero <i>gusA</i> , un gen <i>pat</i> de resistencia al herbicida bialafos y un gen <i>aadA</i> (Pág. 301, col. izq., líneas 6 a 17)

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

El documento D2 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 7 porque divulga un método para expresar una secuencia de interés en una célula vegetal que comprende: introducir en la célula la secuencia de nucleótidos unida de manera operativa a un promotor o medio para iniciar la transcripción (Pág. 46, reiv. 10), aislar los embriones y transferirlos a medios de selección (Pág. 18, Párr. [0189]), regenerar los eventos que expresan los genes de interés (Pág. 18, Párr. [0191]) y obtener plantas completas transformadas (Pág. 21, Ejemplo 6, Párr. [0204]). El documento se refiere a la introducción mediada por *Agrobacterium* del vector pDAB108706 en células de maíz (Pág. 17, Ejemplo 1, Párr. [0186]), que contiene un promotor bidireccional de ubiquitina 1 y las secuencias codificadoras de GUS, YFP y aad-1, unidas a regiones 3' UTR (Pág. 19, Párr. [0195], Fig. 5); seguido por el análisis de la expresión de GUS y YFP y el aislamiento de los embriones a medios de selección (Pág. 18, Párr. [0190]), la regeneración de los eventos que expresan los genes de interés (Pág. 18, Párr. [0191]) y la obtención de plantas completas transformadas con el vector pDAB108706 (Pág. 21, Ejemplo 6, Párr. [0204]). Adicionalmente, menciona que el promotor bidireccional puede contener un promotor mínimo del gen de ubiquitina 1 de *Zea mays* o *Zea luxurians* (Pág. 4, Párr. [0031]).

La diferencia entre la invención definida en la reivindicación 7 y el método divulgado en D2 consiste en que la transformación de la célula vegetal se lleva a cabo con un casete de expresión génica que comprende una secuencia de polinucleótidos que comprende la SEQ ID NO: 2.

No se evidencia un efecto técnico asociado a transformar una célula vegetal con un casete de expresión génica que comprende la SEQ ID NO: 2, debido a que la expresión media de las proteínas (*Phi*YFP y PAT) dirigida por el promotor de SEQ ID NO: 2 es menor en comparación con la secuencia del promotor control (Radicado 16171981 del 20 de diciembre de 2016, Pág. 73, líneas 6 a 24).

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “cómo modificar el método conocido en D2 para obtener un método alternativo que comprende la transformación de la célula vegetal con un casete de expresión que comprende la SEQ ID NO: 2”.

Sin embargo, métodos alternativos para expresar secuencias de interés en una célula vegetal que comprenden: transformar las células del embrión de maíz con un constructo que comprende un promotor de ubiquitina de teosinte unido al gen *gusA* y el terminador *PinII* (Pág. 301, col. der., líneas 28 a 35), regenerar las plantas a partir del cultivo de tejidos (301, col. der., líneas 33 a 35) y obtener las plantas transgénicas resistentes a herbicidas (Pág. 302, col. izq., líneas 1 a 12), las cuales expresan el constructo pPGN8984 que contiene el promotor de ubiquitina unido al gen reportero *gusA*, un gen *pat* de resistencia al herbicida bialafos y un gen *aadA* (Pág. 301, col. izq., líneas 39 y 40, col. der., líneas 1 a 13), ya habían sido divulgados en el documento D1, el cual da a conocer métodos de expresión de secuencias heterólogas empleando un promotor de teosinte identificado con número de acceso de GenBank AY342393 (Pág. 303, col. der., líneas 5 a 7), el cual presenta 95% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud, tal como se evidencia en la Figura 4. Así mismo, el documento evidencia que el promotor de ubiquitina de teosinte mostró una actividad similar al promotor de ubiquitina de maíz (Pág. 304, col. der., líneas 48 a 51), convirtiéndose en una alternativa a este último para dirigir la expresión de genes heterólogos en maíz a niveles altos.

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

Zea diploperennis polyubiquitin-1 (Ubi-1) gene, promoter region and 5' UTR
Sequence ID: [AY342393.1](#) Length: 2182 Number of Matches: 6

Range 1: 522 to 1767 GenBank Graphics					▼ Next Match	▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand		
1938 bits(1049)	0.0	1188/1252(95%)	22/1252(1%)	Plus/Plus		
Query 441	AGTTACTACAAATTAACAAATACCCCTTTAAGGAATTAACAAACATTTT	500				
Sbjct 522	AGTGACTAAAAATCAACAAATACCCCTTTAA-AAAAATAAACAAAGGAACATTTT	580				
Query 501	CTTGTTCGAGTAGATTATGACAGCCTGTTCAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACCA	560				
Sbjct 581	CTTGTTCGAGTAGATAATGACAGGCTGTTCAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACCA	640				
Query 561	ACCAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCAGGCATCTCTGC	620				
Sbjct 641	ACCAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGGAGACGGCAGGCATCTCTGC	700				
Query 621	GCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCGGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTCGC	680				
Sbjct 701	GCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCGGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTCGC	760				
Query 681	ATCCAGAAAGTGCCTGGCGGAGCGCAGACGTG-----AGGCGGCCTCTCCT	728				
Sbjct 761	ATCCAGAAATGCGTGGCGGAGCGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCCTCTCCT	820				
Query 729	CCTCTCACGGCACCAGCAGTACGGGGGATTCCTTTCCACCGCTCCTTCGCTTTCCCTT	788				
Sbjct 821	CCTCTCACGGCACCAGCAGTACGGGGGATTCCTTTCCACCGCTCCTTCGCTTTCCCTT	880				
Query 789	CCTCGCCCGCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCAACCTCGTGTT	848				
Sbjct 881	CCTCGCCCGCGTAATATATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCAACCTCGTG-TT	939				
Query 849	GTTTCGGAGCGCACACACACACAGATCTCCCCAAATCCACCGTCGGCACCTCCGC	908				
Sbjct 940	GTTTCGGAGCG--CACACACACACAGATCTCCCCAAATCCACCGTCGGCACCTCCGC	997				
Query 909	TTCAAGGTACGCCGCTCATCTCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCAATCCGG	968				
Sbjct 998	TTCAAGGTACGCCGCTCATCTCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGATCCGG	1057				
Query 969	TCCATGGTTAGGGCCCGATAGTTCTACTTCTGTTTATGTTTGTGTTAGATCCGTGCT	1028				
Sbjct 1058	TCCATGGTTAGGGCCCGTAGTTCTACTTCTGTTTATGTTTGTGTTAGATCCGTGCT	1117				
Query 1029	AGCGTTCTGACACGGATGCGACCTGTACATCAGACAGTTCTGATTGCTAACTTGCCAGT	1088				
Sbjct 1118	AGCGTTCTGACACGGATGCGACCTGTACATCAGACAGTTCTGATTGCTAACTTGCCAGT	1177				
Query 1089	GTTTCTCTTTGGCGAATCCAGGGATGGCTCTAGCCGTTCCGACAGCGGTTTCGATTTT	1148				
Sbjct 1178	GTTTCTCTTTGGGGAATCCTGGGATGGCTCTAGCCGTTCCGACAGCGGATCGATTTT	1237				
Query 1149	GATTTTTTTT-GTTTCGTTGCACATAGGGTTTGGTTTGCCCTTTTCTTTATTTCTTAT	1207				
Sbjct 1238	GATTTTTTTTGTTCGTTG--CATAGGGTTGGTTTGCCCTTTACCTTTATTTCTTAT	1295				
Query 1208	ATGCTGTACACTC-TTGTGCGGTCATCTGTGTCATGCTCTTTAATCTTGGTTGTGATG	1266				
Sbjct 1296	ATGCTGTGCACTTGTGTGCGGTCATCTGTGTCATGCTTTTGTGCTTGGCTGTGATG	1355				
Query 1267	ATGTGCTCTGGTTGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAGCTACCTGG	1326				
Sbjct 1356	ATGTGCTCTGGTTGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAACTACCTGG	1415				
Query 1327	TGGATTTATTAATTTTGATCTGTACGTGTGTCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTA	1386				
Sbjct 1416	TGGATTTATTAATTTTGATCTGTATGTGTGTCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTA	1475				
Query 1387	AGATGATGGATGGAATATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGCGGGTTTACTGA	1446				
Sbjct 1476	AGATGATGGATGGAATATCAATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGCGGGTTTACTGA	1535				
Query 1447	TGCATATACAGAGATGCTTTTTTTTC--GCTTGGTTGTGATGTCGGTCTGGTTGGCG	1504				
Sbjct 1536	TGCATATACAGAGATGCTTTTTTTTGGCTTGGTTGTGATGTCGGTCTGGTTGGCG	1595				
Query 1505	GTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAACTACCTGGTGGATTTATTAATCTGG	1564				
Sbjct 1596	GTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTAACTACCTGGTGGATTTATTAATTTGG	1655				
Query 1565	ATCTGTATGTGTGCCATACATCTTGATAGTTACGAGTTTAAAGATGATGGATGGAATA	1624				
Sbjct 1656	ATCTTTATGTCTGTGCCATACATCTTCATAGTTACGAGTTTAAAGATGATGGATGGAATA	1715				
Query 1625	TCGATCTAGGATAGGTATACATGTCGATGTGGGTTTACTGATGCATATACA	1676				
Sbjct 1716	TCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGCGGGTTTACTGATGCATATACA	1767				

Figura 4 Alineamiento (Blastn) de la SEQ ID NO: 2 de la solicitud con la secuencia con número de acceso GenBank AY342393 del documento D1.

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia incluiría los métodos para expresar una secuencia de interés dirigida por un elemento promotor de teosinte del documento D1 en el método divulgado en el documento D2 para llegar así al objeto de la reivindicación 7 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Oficio N° 16406

Ref. Expediente N° 16171981

Las reivindicaciones dependientes 8 a 11 no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo

7. Conclusión

Las reivindicaciones 1 a 18 son afectadas por D1 y D2 de acuerdo a lo mostrado en el numeral 6 de este Oficio.

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

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	Streatfield et al.	1 a 6 y 12 a 18	Novedad
		7 a 11	Nivel inventivo
D2	US2013/0254943	7 a 11	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.

Se invita al solicitante se sirva indicar, si así lo considera, su renuncia al término faltante para los sesenta (60) días.

Notifíquese el presente oficio conforme a lo dispuesto en el Título I, Actuaciones ante la Superintendencia de Industria y Comercio; Capítulo sexto, publicación, comunicación, notificación y ejecutoria de las decisiones de la Superintendencia de Industria y Comercio, informándoles que contra el mismo no procede el recurso de la vía gubernativa.

Atentamente,



JOSÉ LUIS SALAZAR LÓPEZ
DIRECTOR DE NUEVAS CREACIONES (C)

Elaborado: TATIANA VARGAS RIVERA
Revisado: JUANITA ANDREA CARVAJAL GUERRA
Aprobado: JOSÉ LUIS SALAZAR LÓPEZ