

Señora

Directora de la Dirección de Nuevas Creaciones

Superintendencia de Industria y Comercio

Ministerio de Comercio, Industria y Turismo

E. S. D.

Re.: Expediente No. **NC2021/0017543**

Solicitud de Patente PCT entrada en Fase Nacional, para: ***“MÉTODOS PARA PRODUCIR PLANTAS CON DESARROLLO DE FRUTAS ALTERADAS Y PLANTAS DERIVAS DE LAS MISMAS”***

Solicitante: **PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.**

RESPUESTA A EXAMEN DE FORMA

MARGARITA CASTELLANOS ABONDANO, mayor de edad, identificada y domiciliada como aparece al pie de mi firma, obrando en mi calidad de apoderada de la sociedad solicitante del asunto citado en la referencia, en atención a su oficio No. **777** notificado electrónicamente el 19 de enero de 2022, atentamente me permito dar respuesta al mismo de la siguiente manera:

1. Documento de Poder

De conformidad con lo solicitado, se adjunta copia del documento de Poder conferido por **PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.** que me faculta para actuar en nombre del solicitante en esta solicitud en específico.

2. Documento de Cesión

De conformidad con lo solicitado, se adjunta copia del documento de cesión de los inventores:

Brian Charles Wilding CRAWFORD

Thomas J. POORTEN

al solicitante. Dicho documento se presenta junto con su correspondiente traducción al español.

3. Pago por reivindicaciones adicionales

Teniendo en cuenta que el pago por reivindicaciones adicionales puede ser realizado junto con el pago de la tasa de solicitud de examen de patentabilidad, se informa que el

CALLE 117 No. 5A – 35 / P.O. BOX 6349
TELÉFONO (571) 756 0770 FAX (571) 755 0158
BOGOTÁ D.C. COLOMBIA
castellanos@castellanosyco.co / www.castellanosyco.co

solicitante no realizará el pago por las 84 reivindicaciones adicionales en este momento. Dicho pago será realizado posteriormente y a más tardar junto con la solicitud de examen.

4. Reivindicaciones

El examinador ha indicado que “[u]na vez revisado el capítulo reivindicatorio presentado en la solicitud de patente PCT para entrada en fase nacional, esta Oficina advierte que el mismo presenta diferencias con las reivindicaciones de la solicitud internacional No. PCT/US2020/037240. Concretamente, en la publicación internacional hay un total de 93 reivindicaciones, mientras que en la presente solicitud hay 94 con algunos cambios en ellas. Por lo anterior, se le requiere allegar el capítulo reivindicatorio original (...)”.

En respuesta a ello, se aclara que la numeración de las reivindicaciones en la publicación de la solicitud de patente PCT está distorsionada a partir de la reivindicación 52, número de reivindicación que se repite dos veces y por tanto, la numeración como las dependencias son incorrectas a partir de dicha reivindicación de manera que el capítulo reivindicatorio de la solicitud PCT indica 93 reivindicaciones en lugar de 94 que sería lo correcto, tal como se observa a continuación:

52. A method for editing a specific site in the genome of a plant cell, the method comprising: cleaving, in a site specific manner, a target site within an endogenous AG clade MADS-box transcription factor gene in the plant cell, the endogenous AG clade MADS-box transcription factor gene being a SEEDSTICK (STK) gene (a) comprising at least 80% sequence identity to any one of the nucleotide sequences of SEQ ID NOs:153, 155, 157, 159, 161, 163, or 165, or a region having at least 90% sequence identity to any one of the nucleotide sequence of SEQ ID NOs:172-174; or (b) encoding a AG clade MADS-box transcription factor having at least 80% sequence identity to any one of the amino acid sequences of SEQ ID NOs:13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164 or 166-171 or comprising a region having at least 90% sequence identity to any one of the amino acid sequences of SEQ ID NOs:177-183, 187, 188, or 189, thereby generating an edit in the endogenous AG clade MADS-box transcription factor gene of the plant cell.

52. The method of claim 51, further comprising regenerating a plant from the plant cell comprising an edit in the endogenous STK gene to produce a plant comprising the edit in its endogenous STK gene.

53. The method of claim 52, wherein the edit results in a non-natural mutation.

Es así como en la traducción del capítulo reivindicatorio presentado junto con la solicitud de patente, se corrigió la numeración del capítulo reivindicatorio original. Sin embargo, a fin de cumplir con el requerimiento del examinador, adjunto a este memorial se presenta la **traducción al español del capítulo reivindicatorio original tal como está**

publicado en la fase internacional PCT, es decir, incluyendo los errores en la numeración y dependencias.

Se solicita atentamente tener en cuenta esta información, así como los documentos presentados y continuar el trámite de la solicitud.

5. Anexos

- Documento de poder conferido por PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.
- Documentos de cesión de los inventores a los solicitantes.
- Traducción del capítulo reivindicatorio tal como está publicado en la fase PCT.

Señora Directora,


Margarita Castellanos Abondano
C.C. No. **39.779.654** de Bogotá
T.P.A. No. **70.819** del C.S.J.
Calle 117 No. 5A-35 - Bogotá, D.C.
Teléfono: 7560770

Bogotá, D.C.
MCA/magm
P5703

COLOMBIA

PODER

El (los) **PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.**

Domiciliados en **807 East Main Street, Suite 4-100 Durham, North Carolina 27701, Estados Unidos de América**

Nombran por el presente a **XIMENA CASTELLANOS A. y/o MARGARITA CASTELLANOS A.** abogadas con oficinas en la Calle 117 No. 5A-35, Bogotá-Colombia para obtener la protección de mi (nuestra) propiedad Industrial e intelectual y con este fin autorizamos a dichos apoderados para que nos representen ante cualesquiera autoridades o personas de los órdenes administrativo, contencioso-administrativo y judicial en todo lo relacionado con la solicitud, tramitación y obtención en Colombia de la patente:

Fase nacional de **PCT/US2020/037240**

con los siguientes actos y gestiones:

- a) Obtención de patente; su prórroga, inscripción de traspaso y cambio de nombre o domicilio, cancelación voluntaria y el registro de licencias de uso de esos derechos o la desanotación del registro de licencias de uso sobre esos derechos y la constitución y registro de prenda o garantías sobre dichos derechos.
- b) Acciones de oposición, observación, cancelación, nulidad, medidas cautelares y en general los juicios civiles, penales, administrativos o contencioso-administrativos que promovamos o se nos promuevan.

Pudiendo en todos los actos y gestiones arriba mencionados sustituir éste mandato entre los apoderados, transigir, desistir, recibir, cancelar, renunciar, aceptar notificaciones y nombrar apoderados judiciales y extra-judiciales.

Finalmente, este poder ratifica la validez de todos los actos y solicitudes que, a nombre de la poderdante hubieren realizado los apoderados en relación con las facultades anteriormente enumeradas, antes de la suscripción del presente poder

Dado y firmado hoy

en

por

POWER OF ATTORNEY

I (we) the undersigned **PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.**

Domiciled at **807 East Main Street, Suite 4-100 Durham, North Carolina 27701, United States of America**

hereby grant(s) Power of Attorney to **XIMENA CASTELLANOS A. and/or MARGARITA CASTELLANOS A.** attorneys residing at Calle 117 No. 5A-35, Bogotá- Colombia, to obtain the protection of my (our) Intellectual Property, for which purpose we authorize the said attorneys to represent us before any authorities, or persons, specially those, administrative, contentious and judicial, in all matters concerning the filing, prosecution and obtainment in Colombia of the patent:

National phase of **PCT/US2020/037240**

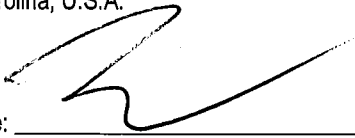
Concerning the following:

- a) Obtainment of patents; its extension, recordal of assignments, change of name or domicile, voluntary cancellation, and the registration of licenses of use of the above rights; or the withdrawal of the registration of license of use over such rights, the constitution and registration of pledges or security interests over these rights.
- b) Actions of opposition, cancellation, nullity, infringement, granting of licenses; and in general the civil, criminal and administrative suits related to those rights; actions and suits instituted by us or against us;

In all the above matters they may substitute this power of attorney within the appointed attorneys, compromise, cancel, receive, withdraw, renounce, accept notifications and appoint attorneys in fact in or out of court.

Finally, this power of attorney ratifies the validity of all acts and applications made by the representatives in the name of the signatory of this power of attorney, with regard to the faculties above given, before the execution of the present power of attorney.

Given and signed this 9th day of February 2022, in Durham, North Carolina, U.S.A.

Signature: 

Name: S. Matthew Edwards

Legal Capacity: Lead, IP Portfolio

P A T E N T S

CESION

El (los) suscrito(s)

1. CRAWFORD, Brian Charles Wilding
2. POORTEN, Thomas J.

por el presente documento cedo (cedemos) a

PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.

una compañía constituida de conformidad con las leyes de Estados Unidos de América

con oficinas en 807 East Main Street, Suite 4-100 Durham, North Carolina 27701, Estados Unidos de América

todos los derechos y títulos sobre la invención denominada

MÉTODOS PARA PRODUCIR PLANTAS CON DESARROLLO DE FRUTAS ALTERADAS Y PLANTAS DERIVAS DE LAS MISMAS

PCT/US2020/037240

EL CESIONARIO firma también el presente y declara que acepta dicha cesión

Dado y firmado hoy 03 de marzo de 2022

en Durham, North Carolina, U.S.A.

ASSIGNMENT

The undersigned

1. CRAWFORD, Brian Charles Wilding
2. POORTEN, Thomas J.

by these presents do sell, assign and transfer unto

PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.

a corporation organized under the laws of United States of America

having a place of 807 East Main Street, Suite 4-100 Durham, North Carolina 27701, United States of America

all rights and title to the invention related to

METHODS OF PRODUCING PLANTS WITH ALTERED FRUIT DEVELOPMENT AND PLANTS DERIVED THEREFROM

PCT/US2020/037240

THE ASSIGNEE signs these presents and declares that accepts the aforesaid assignment

Given and signed this *March 3, 2022*

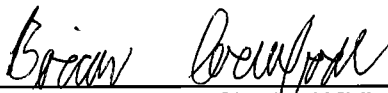
in Durham, North Carolina, U.S.A.

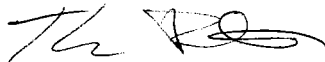
CASTELLANOS & Co.
INTELLECTUAL PROPERTY LAW FIRM

CALLE 117 No. 5 A – 35
PHONE (57 1) 756 07 70 / FAX (57 1) 755 01 58
BOGOTÁ D.C. COLOMBIA
castellanos@castellanosyco.co

P A T E N T S

Inventors


CRAWFORD, Brian Charles Wilding


POORTEN, Thomas J.

Assignee


Pairwise Plants Services, Inc.
S. Matthew Edwards
Lead, IP Portfolio

C A S T E L L A N O S & C o .
INTELLECTUAL PROPERTY LAW FIRM

CALLE 117 No. 5 A – 35
PHONE (57 1) 756 07 70 / FAX (57 1) 755 01 58
BOGOTÁ D.C. COLOMBIA
castellanos@castellanosyco.co

REIVINDICACIONES

La invención reivindicada es:

1. Una planta o parte de planta de la misma, que comprende por lo menos una mutación no natural en un gen endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AGAMOUS.
2. La planta o parte de planta de la misma de la reivindicación 2, en donde el factor de transcripción de caja MADS clado AG es AGAMOUS (AG), SHATTERPROOF 1 (SHP1), SHATTERPROOF 2 (SHP2), y/o SEEDSTICK (STK).
3. La planta o parte de planta de la misma de la reivindicación 1, en donde el gen endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen endógeno SEEDSTICK (STK).
4. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 1–3, en donde la por lo menos una mutación no natural es un alelo dominante–negativo, alelo semidominante, alelo de pérdida de función débil, o una mutación hipomórfica.
5. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 1–4, en donde el gen endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG es capaz de regular la producción de semillas.
6. La planta de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la planta exhibe desarrollo de fruto alterado.
7. La planta de la reivindicación 6, en donde el desarrollo de fruto alterado es un fenotipo sin semillas y/o de reducida simiente.

8. La planta de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la planta es una dicotiledónea.
9. La planta de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la planta es una monocotiledónea.
10. La planta de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la planta es frambuesa, frambuesa negra, mora, cereza, durazno, palta, frutilla, frutilla silvestre, manzana, tomate, uva, durazno, ciruela, damasco, pera, membrillo, níspero, dátiles o almendras.
11. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 2–10, en donde el gen endógeno SEEDSTICK (STK) codifica un polipéptido que tiene por lo menos 80% de identidad (por ejemplo, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97 98, 99, o 100%) con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171**, o codifica una región de un polipéptido que tiene por lo menos 80% de identidad con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**; o comprende una secuencia de nucleótidos que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**.
12. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural es una sustitución de base, una delección de base y/o una inserción de base.

13. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural es una sustitución de base a un A, un T, un G, o un C.

14. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural es una sustitución de por lo menos un par de base (por ejemplo, 1, 2, 3, 4, o 5 pares de bases).

15. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural se produce en una región de un factor de transcripción de caja MADS clado AG que comprende cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174** o una de sus porciones.

16. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 2–15, en donde la por lo menos una mutación no natural produce una sustitución en el residuo de aminoácido ubicado en cualquiera de una o más de las posiciones 83–86 con referencia a la numeración de posición de aminoácido de **SEQ ID NO: 13** o ubicado en la posición 57–60 con referencia a la numeración de posición de aminoácido de **SEQ ID NO: 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164, o 166–171**.

17. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 2–16, en donde la por lo menos una mutación no natural produce una sustitución en el residuo de aminoácido ubicado en cualquiera de una o más de las posiciones 116–128 con referencia a la numeración de posición de aminoácido de **SEQ ID NO: 13**, ubicado en la posición 91–103 con referencia a la numeración de posición de aminoácido de **SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 78 SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 152, SEQ ID NO: 154, SEQ ID NO: 156, SEQ ID NO: 158, SEQ ID NO: 159, SEQ ID NO: 160, SEQ ID NO: 162, SEQ ID NO: 164 or SEQ ID NOs: 166–171**, o ubicado en la posición 90–102 con referencia a la numeración de posición de aminoácido de

SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 128, o SEQ ID NO: 150, opcionalmente ubicado en la posición 116–119 (YQQE) con referencia a la numeración de posición de aminoácido de **SEQ ID NO: 13,** posición 91–94 con referencia a la numeración de posición de aminoácido de **SEQ ID NOS: 29, 53, 66, 78, 97, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164, o 166–171,** o posición 90–93 con referencia a la numeración de posición de aminoácido de **SEQ ID NOS: 53, 66, 128 o 150.**

18. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural está en el dominio C-terminal del polipéptido codificado por el gen endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG.

19. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural en un factor de transcripción de caja MADS clado AG produce una delección de por lo menos un aminoácido.

20. La planta o parte de la misma de la reivindicación 18, en donde la delección de por lo menos un aminoácido es una delección de dos o más aminoácidos consecutivos.

21. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural es una delección en marco.

22. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde la por lo menos una mutación no natural es una delección fuera de marco.

23. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 18–22, en donde la delección produce codón de parada prematuro.

24. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 19–23, en donde la delección produce un truncamiento C–terminal.

25. Una célula vegetal, que comprende un sistema de edición de bases que comprende:

- (a) una proteína efectora asociada a CRISPR;
- (b) una citidina desaminasa o adenosina desaminasa; y
- (c) un ácido nucleico guía (ARNg) que tiene una secuencia espaciadora con complementariedad a un gen objetivo endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG.

26. La célula vegetal de la reivindicación 21, en donde el factor de transcripción de caja MADS clado AG es AGAMOUS (AG), SHATTERPROOF 1 (SHP1), SHATTERPROOF 2 (SHP2), y/o SEEDSTICK (STK).

27. La planta o parte de planta de la misma de la reivindicación 25 o la reivindicación 26, en donde el gen endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen endógeno SEEDSTICK (STK).

28. La célula vegetal de la reivindicación 26 o la reivindicación 27, en donde el gen objetivo endógeno (a) codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164 o 166–171** o comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**, o (b) es codificado por una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159,**

161, 163, o 165 o es codificado por una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**.

29. La célula vegetal de cualquiera de las reivindicaciones 25–28, en donde el ARNg comprende una secuencia espaciadora que tiene por lo menos 80% de identidad con cualquiera de **SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 185, o 186**.

30. Una planta regenerada a partir de la parte de planta de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 24 o la célula vegetal de cualquiera de las reivindicaciones 25 a 29.

31. Una planta o parte de la misma (por ejemplo, una célula vegetal) que comprende por lo menos una mutación no natural en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno que tiene desarrollo de fruto alterado, en donde la por lo menos una mutación es una sustitución, inserción o delección que se introduce usando un sistema de edición que comprende un dominio de unión de ácido nucleico que se une a un sitio objetivo en el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG, en donde el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen SEEDSTICK (STK), donde el gen STK (a) comprende por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165**, o una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**; o (b) codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164 o 166–171** o comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**.

32. La planta o parte de la misma de la reivindicación 31, en donde la mutación no natural se introduce usando un sistema de edición que comprende un dominio de unión de ácido nucleico que se une a un sitio objetivo que tiene la secuencia de nucleótidos de cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172, 173 o 174**.

33. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31–32, en donde la por lo menos una mutación no natural es un alelo dominante–negativo, alelo semidominante, alelo de pérdida de función débil, o una mutación hipomórfica.

34. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31–33, en donde la por lo menos una mutación no natural es una mutación puntual.

35. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31–34, en donde la por lo menos una mutación no natural comprende una sustitución de base a un A, un T, un G, o un C.

36. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31–35, en donde la por lo menos una mutación no natural está en el dominio C–terminal del polipéptido codificado por el gen endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG.

37. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31–36, en donde la por lo menos una mutación no natural en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno produce una delección de por lo menos un aminoácido.

38. La planta o parte de la misma de la reivindicación 37, en donde la delección de por lo menos un aminoácido es una delección de dos o más aminoácidos consecutivos.

39. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31–38, en donde la por lo menos una mutación no natural es una delección en marco.

40. La planta o parte de planta de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31–38, en donde la por lo menos una mutación no natural es una delección fuera de marco.

41. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 36–40, en donde la delección produce codón de parada prematuro.

42. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 37–41, en donde la delección produce un truncamiento C-terminal.

43. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 31 a 42 en donde el dominio de unión de ácido nucleico del sistema de edición es de una endonucleasa guiada por polinucleótido, una endonucleasa CRISPR–Cas (por ejemplo, proteína efectora CRISPR–Cas), una nucleasa de dedo de zinc, una nucleasa efectora de tipo activador de la transcripción (TALEN) y/o una proteína Argonauta.

44. Una planta o parte de la misma que comprende un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado, en donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado es un gen SEEDSTICK (STK) que (a) comprende una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad con la secuencia de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165**, o secuencia que comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**; o (b) codifica una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164 o 166–171** o una secuencia que comprende una región que tiene por lo menos 90%

de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189.**

45. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 30 a 44, en donde la planta es frambuesa, frambuesa negra, mora, cereza, durazno, palta, frutilla, frutilla silvestre, manzana, tomate, uva, durazno, ciruela, damasco, pera, membrillo, níspero, dátiles o almendras.

46. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 30 a 33, en donde la parte de planta es una célula.

47. Una planta regenerada a partir de la parte de planta de cualquiera de las reivindicaciones 31 a 46.

48. La planta de cualquiera de las reivindicaciones 25 a 35, en donde la planta exhibe desarrollo de fruto alterado.

49. La planta de la reivindicación 48, en donde el desarrollo de fruto alterado es un fenotipo sin semillas y/o de reducida simiente.

50. Un método de producción/fitomejoramiento de una planta editada con bases libre de transgenes, que comprende:

(a) cruzar la planta de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 36 con una planta libre de transgenes, de modo de introducir la por lo menos una mutación, la mutación o la modificación en la planta que está libre de transgenes; y

(b) seleccionar una planta de progenie que comprende la por lo menos una sustitución de un solo nucleótido, pero está libre de transgenes, de modo de producir una planta editada con bases libre de transgenes.

51. Un método para proporcionar una pluralidad de plantas que exhiben desarrollo de fruto alterado, donde el método comprende plantar dos o más plantas

de cualquiera de las reivindicaciones 1–24 o 30–49 en un área de cultivo (por ejemplo, un campo (por ejemplo, un campo cultivado, un campo agrícola), una cámara de cultivo, un invernadero, un área recreacional, un césped y/o una carretera y similares), a fin de proporcionar una pluralidad de plantas que exhiben desarrollo de fruto alterado en comparación con una pluralidad de plantas de control que no comprenden la mutación.

52. Un método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal, donde el método comprende: escindir, de una manera específica de sitio, un sitio objetivo dentro de un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en una célula vegetal, donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno es un gen SEEDSTICK (STK) (a) que comprende por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOS: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165**, o una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOS: 172–174**; o (b) que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOS: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164 o 166–171** o comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOS: 177–183, 187, 188, o 189**, de modo de generar una edición en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno de la célula vegetal.

52. El método de la reivindicación 51, que además comprende regenerar una planta a partir de la célula vegetal que comprende una edición en el gen STK endógeno a fin de producir una planta que comprende la edición en su gen STK endógeno.

53. El método de la reivindicación 52, en donde la edición produce una mutación no natural.

54. El método de la reivindicación 53, en donde la planta que comprende la edición en su gen STK endógeno exhibe desarrollo de fruto alterado.
55. El método de la reivindicación 54, en donde el desarrollo de fruto alterado es un fenotipo sin semillas y/o de reducida simiente.
56. El método de la reivindicación 55, en donde la mutación es un alelo dominante–negativo, alelo semidominante, alelo de pérdida de función débil, o una mutación hipomórfica.
57. El método de cualquiera de las reivindicaciones 53–56, en donde la mutación es una delección.
58. El método de cualquiera de las reivindicaciones 53–57, en donde la mutación es una delección de por lo menos 4 pares de bases consecutivos a alrededor de 150 pares de bases consecutivos, desde el extremo 3' del gen STK.
59. El método de la reivindicación 57 o la reivindicación 58, en donde la delección produce un truncamiento C–terminal que comprende un truncamiento de por lo menos 1 residuo de aminoácido a alrededor de 50 residuos de aminoácidos consecutivos.
60. Un método para producir una planta, que comprende:
- (a) poner en contacto una población de células vegetales que comprenden una secuencia de ADN que codifica un gen SEEDSTICK (STK) endógeno de tipo salvaje con una nucleasa unida a un dominio de unión de ácido nucleico (por ejemplo, sistema de edición) que se une a una secuencia: (a) que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165**, o que comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**; o (b) que codifica un factor

de transcripción SEEDSTICK (STK) (i) que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171** o (ii) que comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**;

(b) seleccionar una célula vegetal de dicha población en donde por lo menos una secuencia de ADN que codifica el factor de transcripción STK se ha mutado, en donde la mutación comprende una sustitución de por lo menos un nucleótido en la por lo menos una secuencia de ADN; y

(c) cultivar la célula vegetal seleccionada hasta una planta.

61. Un método para producir una planta o parte de la misma que comprende por lo menos una célula en la que un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno está mutado, donde el método comprende

poner en contacto un sitio objetivo en el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG en la planta o parte de planta con una nucleasa unida a un dominio de unión de ácido nucleico (por ejemplo, sistema de edición) que se une al sitio objetivo, en donde el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen SEEDSTICK (STK) (a) que comprende una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**, o (b) que codifica un factor de transcripción SEEDSTICK (STK) que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171**, o que comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**, de modo de producir una planta o parte de la misma que comprende por lo menos una célula

que tiene una mutación en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno.

62. Un método para producir una planta que tiene un fenotipo de desarrollo de fruto alterado, que comprende

(a) poner en contacto una célula vegetal que comprende un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno de tipo salvaje con una nucleasa que se dirige al gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno de tipo salvaje, en donde la nucleasa se une a un dominio de unión de ADN que se une a un sitio objetivo en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno de tipo salvaje,

en donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno de tipo salvaje es un gen SEEDSTICK (STK) que

(i) comprende una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174** y/o (ii) codifica una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171**, o una secuencia que comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**;

(b) cultivar la célula vegetal hasta una planta, de manera de producir una planta que tiene un fenotipo de fruto alterado.

63. Un método para producir una planta o parte de la misma que comprende por lo menos una célula que tiene un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado, donde el método comprende

poner en contacto un sitio objetivo en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en la planta o parte de planta con una nucleasa que comprende un dominio de escisión y un dominio de unión de ADN, en donde el dominio de unión de ADN se une a un sitio objetivo en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno,

en donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno es un gen SEEDSTICK (STK) que (a) codifica (i) una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171** o (ii) una secuencia que comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**; y/o (b) comprende una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o o una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**, de modo de producir la planta o parte de la misma que comprende por lo menos una célula que tiene un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado.

64. Un método de producción de una planta o parte de la misma que comprende un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado y que tiene desarrollo de fruto alterado, donde el método comprende

poner en contacto un sitio objetivo en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno con una nucleasa que comprende un dominio de escisión y un dominio de unión de ADN (por ejemplo, sistema de edición) que comprende un dominio de unión de ácido nucleico que se une al sitio objetivo en el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG, en donde el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen SEEDSTICK (STK) (a) que comprende una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o comprende una región que tiene por lo menos 80% de

identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**, o (b) que codifica un factor de transcripción SEEDSTICK (STK) que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164**, o **166–171**, o que comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188**, o **189**, de modo de producir una planta o parte de la misma que comprende un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado y que tiene desarrollo de fruto alterado.

65. El método de cualquiera de las reivindicaciones 60–64, en donde la nucleasa escinde el gen STK endógeno, y se introduce una mutación en el gen STK endógeno.

66. El método de cualquiera de las reivindicaciones 60–65, en donde la mutación es una mutación no natural.

67. El método de la reivindicación 66, en donde la mutación es un alelo dominante–negativo, alelo semidominante, alelo de pérdida de función débil, o una mutación hipomórfica.

68. El método de la reivindicación 66 o la reivindicación 67, en donde la mutación es una sustitución, una inserción y/o una delección.

69. El método de cualquiera de las reivindicaciones 66–68, en donde la mutación es una delección.

70. El método de la reivindicación 69, en donde la delección es una delección en marco o una delección fuera de marco.

71. El método de la reivindicación 70, en donde la delección es un truncamiento C-terminal que comprende un truncamiento de por lo menos 1 residuo de aminoácido a alrededor de 50 residuos de aminoácidos consecutivos desde el extremo C-terminal de un polipéptido codificado por el gen STK.

72. El método de la reivindicación 70 o la reivindicación 71, en donde la mutación es una delección de por lo menos 4 pares de bases consecutivos a alrededor de 150 pares de bases consecutivos desde el extremo 3' del gen STK.

73. El método de cualquiera de las reivindicaciones 66–72, en donde la mutación produce un fenotipo de desarrollo de fruto alterado.

74. El método de la reivindicación 73, en donde el desarrollo de fruto alterado produce la falta de semillas o la reducida simiente.

75. El método de cualquiera de las reivindicaciones 60–74, en donde la nucleasa es una nucleasa de dedo de zinc, una nucleasa efectora de tipo activador de transcripción (TALEN), una endonucleasa (por ejemplo, Fok1) o una proteína efectora CRISPR–Cas.

76. El método de cualquiera de las reivindicaciones 60–75, en donde el dominio de unión de ADN es un dedo de zinc, un dominio de unión de ADN de tipo activador de la transcripción (TAL), una argonauta o un dominio de unión de ADN efector CRISPR–Cas.

77. Un ácido nucleico guía (por ejemplo, ARNg, ADNg, ARNcr, ADNcr) que se une a un sitio objetivo en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG, en donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno es un gen SEEDSTICK (STK)

(a) que comprende una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs:**

153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165 o comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**, o

(b) que codifica un factor de transcripción SEEDSTICK (STK) que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171**, o una región que tiene por lo menos 80% de identidad con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**.

78. El ácido nucleico guía de la reivindicación 77, en donde el ácido nucleico guía comprende un espaciador que tiene la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 184, o 186**.

79. Un sistema que comprende el ácido nucleico guía de la reivindicación 77 o la reivindicación 78 y una proteína efectora CRISPR–Cas que se asocia con el ácido nucleico guía.

80. El sistema de la reivindicación 79, que además comprende un ácido nucleico tracr que se asocia con el ácido nucleico guía y una proteína efectora CRISPR–Cas, opcionalmente en donde el ácido nucleico tracr y el ácido nucleico guía están unidos covalentemente.

81. Un sistema de edición génica que comprende una proteína efectora CRISPR–Cas asociada con un ácido nucleico guía, en donde el ácido nucleico guía comprende una secuencia espaciadora que se une a un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG.

82. El sistema de edición génica de la reivindicación 81, en donde el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen SEEDSTICK (STK) (a) que comprende por lo menos 80% de identidad de secuencia con la secuencia de

nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**, y/o

(b) que codifica (i) una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171**, o (ii) una secuencia que comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**.

83. El sistema de edición génica de la reivindicación 81 o la reivindicación 82, en donde el ácido nucleico guía comprende una secuencia espaciadora que tiene la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 185, o 186**.

84. El sistema de edición génica de cualquiera de las reivindicaciones 81–83, que además comprende un ácido nucleico tracr que se asocia con el ácido nucleico guía y una proteína efectora CRISPR–Cas, opcionalmente en donde el ácido nucleico tracr y el ácido nucleico guía están unidos covalentemente.

85. Un complejo que comprende una proteína efectora CRISPR–Cas que comprende un dominio de escisión y un ácido nucleico guía, en donde el ácido nucleico guía se une a un sitio objetivo en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG, en donde el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen SEEDSTICK (STK)

(a) que comprende por lo menos 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**, y/o

(b) que codifica (i) una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs:**

13, 29, 53, 66, 78, 97, 128 o 150, o (ii) una secuencia que comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171**, o una región que tiene por lo menos 80% de identidad con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**, en donde el dominio de escisión escinde una hebra objetivo en el gen del factor de transcripción de caja MADS clado AG.

86. Un casete de expresión que comprende (a) un polinucleótido que codifica proteína efectora CRISPR–Cas que comprende un dominio de escisión y (b) un ácido nucleico guía que se une a un sitio objetivo en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG, en donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen SEEDSTICK, y el ácido nucleico guía comprende una secuencia espaciadora que es complementaria y se une a una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con por lo menos una porción de una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165** o una porción de una secuencia que comprende una región que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de **SEQ ID NOs: 172–174**; o una secuencia que codifica (i) un polipéptido que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, o 166–171**, o (ii) un polipéptido que comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de **SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189**, opcionalmente, en donde una porción es de alrededor de 2 a alrededor de 22 nucleótidos consecutivos de longitud.

87. Un ácido nucleico que codifica un alelo dominante–negativo, alelo semidominante, alelo de pérdida de función débil, o una mutación hipomórfica de un factor de transcripción de caja MADS clado AG.

88. El ácido nucleico de la reivindicación 87, en donde el factor de transcripción de caja MADS clado AG es AGAMOUS (AG), SHATTERPROOF 1 (SHP1), SHATTERPROOF 2 (SHP2), y/o SEEDSTICK (STK).

89. El ácido nucleico de la reivindicación 87 o la reivindicación 88, en donde el gen endógeno que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG es un gen endógeno SEEDSTICK (STK).

90. Una planta o parte de la misma que comprende el ácido nucleico de cualquiera de las reivindicaciones 87–89.

91. La planta o parte de la misma de la reivindicación 90, en donde la planta o parte de la misma exhibe desarrollo de fruto alterado.

92. La planta o parte de la misma de la reivindicación 91, en donde el desarrollo de fruto alterado produce falta de semillas o reducida simiente.

93. La planta o parte de la misma de cualquiera de las reivindicaciones 90–92, en donde la planta es frambuesa, frambuesa negra, mora, cereza, durazno, palta, frutilla, frutilla silvestre, manzana, tomate, uva, durazno, ciruela, damasco, pera, membrillo, níspero, dátiles o almendras.