

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Señores

CTC - CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA S.A.

TÍTULO DE LA SOLICITUD: “POLINUCLEÓTIDOS, CEBADORES Y MÉTODOS PARA DETECCIÓN DE EVENTOS TRANSGÉNICOS, CONSTRUCCIÓN GENÉTICA, KIT PARA DETECCIÓN DE MATERIAL A PARTIR DE UNA MUESTRA DE PLANTA, EVENTO CTC91087-6, PLANTA DE CAÑA DE AZÚCAR RESISTENTE A INSECTOS Y MÉTODO PARA PRODUCIR UNA PLANTA DE CAÑA DE AZÚCAR RESISTENTE A INSECTOS, CÉLULA DE PLANTA, PARTE DE PLANTA O SEMILLA”

NÚMERO DE SOLICITUD INTERNACIONAL: PCT/BR2020/050201

FECHA DE PRESENTACIÓN INTERNACIONAL: 4 de junio de 2020.

PRIORIDAD: BR 10 2019 011600 5 4 de junio de 2019.

Como resultado del examen de patentabilidad realizado a la solicitud indicada en la referencia, atendiendo a lo consagrado en el artículo 45 de la Decisión 486 de 2000, se le comunica que esta Dirección ha encontrado que la materia objeto de solicitud no cumple con algunos requisitos establecidos en la Decisión, con fundamento en los siguientes aspectos:

1. Modificaciones presentadas

Revisada la modificación a la solicitud objeto de estudio, la cual fue radicada el 20 de diciembre de 2022 bajo el número NC2022/0018502, y teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 34 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, esta oficina acepta las modificaciones presentadas por ajustarse a los requisitos legales.

2. Objeto de la invención

El problema planteado consiste en la necesidad de desarrollar estrategias para mitigar el daño causado a los cultivos de caña de azúcar por la infestación de plagas, especialmente por la infestación por la plaga del barrenador de la caña de azúcar.

Para resolver dicho problema técnico, la solicitud en estudio plantea un polinucleótido caracterizado porque comprende al menos 14 nucleótidos contiguos de la SEC ID nro.: 18.

3. Reivindicaciones estudiadas

El presente estudio se basa en el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2022/0018502 presentado el 20 de diciembre de 2022.

4. No es una invención

En consideración con lo establecido en el literal b) del artículo 15 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina:

“No se consideran invenciones:

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

(...) b) el todo o parte de seres vivos tal como se encuentran en la naturaleza, los procesos biológicos naturales, el material biológico existente en la naturaleza o aquel que pueda ser aislado, inclusive genoma o germoplasma de cualquier ser vivo natural;(…)"

Debido a lo anterior, esta oficina determina que el objeto de las reivindicaciones 1 a 4 no se consideran como una invención, toda vez que, polinucleótidos de al menos 14, 15 o 16 nucleótidos contiguos de la SEQ ID NO: 18 o aquellos que comprenden la SEQ ID NO: 18 corresponden a secuencias de polinucleótidos de la naturaleza (alineamiento 1).

Glycine max cultivar Williams 82 chromosome 9

Sequence ID: [CP126434.1](#) Length: 51165319 Number of Matches: 1

Range 1: 38934686 to 38934705 [GenBank](#) [Graphics](#)

Score	Expect	Identities	Gaps
40.1 bits(20)	5.2	20/20(100%)	0/20(0%)
Query 1	AAATTAAGTACTGATATCAC	20	
Sbjct 38934705	AAATTAAGTACTGATATCAC	38934686	

Camelina sativa cultivar Joelle chromosome 11

Sequence ID: [CP145275.1](#) Length: 53504147 Number of Matches: 1

Range 1: 46479744 to 46479761 [GenBank](#) [Graphics](#)

Score	Expect	Identities	Gaps
36.2 bits(18)	81	18/18(100%)	0/18(0%)
Query 2	AATTAAGTACTGATATCA	19	
Sbjct 46479744	AATTAAGTACTGATATCA	46479761	

Alineamiento 1. Entre las accesiones CP126434.1 y CP145275.1 del NCBI con la SEQ ID NO: 18 de la solicitud mostrando 100% de identidad.

Así mismo, el objeto de las reivindicaciones 6 a 9 no es una invención, toda vez que polinucleótidos de al menos 14, 15 o 17 nucleótidos de la SEQ ID NO: 19 o que comprenden la SEQ ID NO: 19 corresponden a polinucleótidos de la naturaleza (alineamiento 2).

Sorghum bicolor cultivar Huandiaonuo chromosome 2

Sequence ID: [CP137836.1](#) Length: 77639091 Number of Matches: 1

Range 1: 45995446 to 45995464 [GenBank](#) [Graphics](#)

Score	Expect	Identities	Gaps
38.2 bits(19)	21	19/19(100%)	0/19(0%)
Query 7	ATCAGTGTGTTGAACCGTTG	25	
Sbjct 45995446	ATCAGTGTGTTGAACCGTTG	45995464	

Alineamiento 2. Entre las accesiones CP137836.1 del NCBI con la SEQ ID NO: 19 de la solicitud mostrando 100% de identidad.

De otra parte, el objeto de la reivindicación 28 no es patentable toda vez que reclama un producto de una planta transgénica de caña de azúcar, pero de acuerdo con la



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

descripción “Ejemplos de productos básicos incluyen, entre otros: bagazo, jugo de caña de azúcar, jarabe, etanol de primera generación (producido a partir de jugo de caña de azúcar), etanol de segunda generación (etanol celulósico; producido a partir de biomasa), biomasa, azúcar, azúcar en bruto, azúcar refinado, melaza, vinaza y fibra”, por lo tanto, cualquiera de estos productos no podría ser distinguido de un producto de la naturaleza. Cabe aclarar que, la modificación se realiza para la resistencia de la planta y, por tanto, los productos reclamados son tal cual como se encuentran en la naturaleza.

5. Excepción de Patentabilidad

Conforme a lo establecido en el literal c) del artículo 20 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina:

“No serán patentables:

(...) c) las plantas, los animales y los procedimientos esencialmente biológicos para la producción de plantas o animales que no sean procedimientos no biológicos o microbiológicos; (...)”

Debido a lo anterior, esta oficina establece que el objeto de las reivindicaciones 30 y 32 no es patentable, toda vez que, reclama un método para producir una planta cuya única etapa es cruzar una planta de caña transgénica con otra planta de caña no transgénica para producir descendencia o un método de cultivo de una planta de caña transgénica cuya única etapa es colocarla a crecer bajo condiciones de infestación de plaga, donde ambos son procedimientos esencialmente biológicos para la producción de plantas pese a que las mismas sean transgénicas.

6. Reivindicaciones relativas a un uso

De conformidad con lo señalado en el artículo 14 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina solo son patentables las invenciones de producto o de procedimiento.

En consecuencia, la reivindicación 23 no se considera patentable, teniendo en cuenta que reclaman un uso de un kit el cuál únicamente esta caracterizado por su uso para detectar una modificación genética en una planta transgénica

7. De la solicitud de patente

7.1. Título

De conformidad con el literal d) del artículo 27 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, el nombre de la invención de que se trata deberá reflejar el objeto y el campo industrial con el cual se relaciona la misma y ser concordante con la materia descrita y las reivindicaciones de la solicitud. El nombre no podrá referirse a nombres personales, marcas de productos o nombres de fantasía.

El título de la solicitud no refleja el objeto divulgado en la descripción y las reivindicaciones, por lo cual se sugiere el siguiente título: “CONSTRUCCIÓN GENÉTICA QUE COMPRENDE LOS GENES CRY1AC Y BAR, Y MÉTODOS PARA LA DETECCIÓN Y PRODUCCIÓN DE PLANTAS DE CAÑA DE AZÚCAR (*SACCHARUM SPP.*) TRANSGÉNICAS RESISTENTES A INSECTOS”.

7.2. Reivindicaciones

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Teniendo en cuenta lo establecido en el artículo 30 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina:

"Las reivindicaciones definirán la materia que se desea proteger mediante la patente. Deben ser claras y concisas y estar enteramente sustentadas por la descripción. (...)"

Esta oficina informa que,

La reivindicación 5 no es clara y carece de sustento porque menciona *"caracterizado porque comprende la SEC ID nro.: 13"*, pero un polinucleótido que comprenda dicha secuencia daría lugar a polinucleótidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere cambiar la palabra *"comprende"* y decir que el polinucleótido consiste en la SEQ ID NO: 13.

Las reivindicaciones 10 a 12 no son claras y carecen de sustento porque mencionan *"caracterizado porque comprende la SEC ID nro.:"*, pero un polinucleótido que comprenda las secuencias mencionadas en dichas reivindicaciones daría lugar a polinucleótidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere cambiar la palabra *"comprende"* por *"consiste"*.

La reivindicación 14 no es clara porque menciona *"Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente del evento CTC91087-6, que comprende las etapas de: a) obtener una muestra de material vegetal para su análisis; b) extraer ADN de la muestra; c) proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso; d) amplificar una región entre el par de cebadores; y e) detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación"* pero no menciona cuáles son los cebadores, tampoco cuanto es el tamaño del amplicón esperado. Además, siendo una reivindicación independiente debería comprender todas las características y condiciones técnicas esenciales del método reclamado. Se le recuerda al solicitante que la reivindicación independiente debe ser autosuficiente y comprender todas las características técnicas esenciales de la invención. Se sugiere incluir todas las características del método como los SEQ ID NO: de los cebadores que deben usarse y el tamaño de amplicón esperado. Adicionalmente, se menciona en la descripción sondas que se usan para la PCR las cuales deben ser incluidas en el método con sus respectivas SEQ ID NO: en concordancia con lo sustentado en el capítulo descriptivo. Adicionalmente, la expresión *"CTC91087-6"*, no es clara y no permite distinguir el objeto de la solicitud del estado de la técnica, dado que, es un nombre arbitrario mencionado por el solicitante. Se sugiere eliminar dicha expresión.

Las reivindicaciones 15 a 21 mencionan características técnicas esenciales del método que deberían ser incluidas en la reivindicación independiente. Se sugiere incluir las características técnicas esenciales mencionadas en dichas reivindicaciones en la reivindicación independiente 14.

Las reivindicaciones 15 a 19 no son claras y carecen de sustento porque no establecen cuáles son los cebadores forward y reverse, por tanto, no establece cuáles son las parejas correspondientes y a cuál secuencia de ADN están dirigidos, dado que mencionan que dichos cebadores son seleccionados de un grupo, pero no podría seleccionarse cualquier pareja de cebadores. Se sugiere aclarar cuál es cada pareja de cebadores y a cuál secuencia está dirigida respectivamente.

La reivindicación 15 no es clara y carece de sustento porque menciona *"caracterizado porque al menos un par de cebadores comprende secuencias de nucleótidos contiguas seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID nro.: 23, la SEC ID nro.: 24, la SEC*

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

ID nro.: 30, y la SEC ID nro.: 31”, pero la SEQ ID NO: 23 tiene una longitud de 2064 pb, la SEQ ID NO: 24 tiene 1436 pb, la SEQ ID NO: 30 tiene 2064 pb y la SEQ ID NO 31 tiene 1436 pb, por tanto, no es una secuencia de cebadores y ni se evidencia en la descripción cebadores con dichas longitudes, así mismo, la expresión “*contiguas*” no es clara y no indica cuál es la longitud en nucleótidos de los cebadores. Adicionalmente, cualquier secuencia de cualquier longitud daría lugar a un sinnúmero de cebadores que no son explorados por el solicitante. Tampoco es claro si las SEQ ID NO: 23, 24, 30 y 31 son amplicones esperados, dado que, para dar un ejemplo se menciona en esta misma reivindicación que los cebadores están diseñados para unirse a la SEQ ID NO: 22 pero la SEQ ID NO: 31 únicamente tiene una identidad del 51.52% con la SEQ ID NO: 22. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes y reclamar únicamente la materia que encuentra sustento en la descripción. De acuerdo con la descripción las SEQ ID NO: 23 y 24 son fragmentos flanqueantes para recombinación homóloga y en ningún momento corresponden a cebadores. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes. Adicionalmente, en la descripción se menciona que el amplicón tiene la SEQ ID NO: 12 o 13, pero dicho amplicón no es el mismo para la SEQ ID NO: 22 o para la SEQ ID NO: 29 de acuerdo con el alineamiento 3, dado que, las SEQ ID NOs: 12 y 13 tienen 100% de identidad con la SEQ ID NO: 22 pero con la SEQ ID NO: 29 la identidad es únicamente del 50.52 % y 44.19%, por lo tanto, estos no son amplicones de dicha secuencia (alineamiento 3). Así mismo, no es posible determinar cuáles son los cebadores para realizar dicha amplificación porque las SEQ ID NO: 6, 7, 8 y 9 no se pegan en pareja a la SEQ ID NO: 22, dado que, las SEQ ID NO: 7 solo tiene una identidad del 25% y la SEQ ID NO: 9 solo tiene una entidad del 37.50% de dicha secuencia, respectivamente. Por su parte, las SEQ ID NOs: 7 a 9 no se pegan a la SEQ ID NO: 12, y las SEQ ID NOs: 6, 7 y 9 no se pegan a la SEQ ID NO: 13 (alineamiento 3), por lo que, no es claro cuáles son los cebadores que permiten dicha amplificación. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes.

La reivindicación 22 no es clara y carece de sustento porque reclama un método para detectar una modificación genética en una planta transgénica de caña de azúcar, pero menciona “*proporcionar una sonda diseñada para unirse a un polinucleótido que comprende 14 o más nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID nro.: 18, SEC ID nro.: 19, SEC ID nro.: 32, y la SEC ID nro.: 33*” pero esto daría lugar a un sinnúmero de sondas que no son exploradas por el solicitante y que carecen de sustento en la descripción. Se sugiere mencionar las características técnicas esenciales de las sondas de hibridación y su SEQ ID NO: respectiva en concordancia con lo divulgado en el capítulo descriptivo y eliminar la expresión “*que comprende 14 o más nucleótidos contiguos*”. Además, menciona “c) c)” se sugiere eliminar una “c)”.

En las reivindicaciones 24 y 25 no es clara la expresión “*un medio*” en el contexto de la materia reclamada, puesto que no se refiere a medios de cultivo, se sugiere eliminar dicha expresión y mencionar los componentes que conforman el kit.

La reivindicación 24 no es clara y carece de sustento porque menciona “*caracterizado porque los medios comprenden pares de cebadores diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 22, y la SEC ID nro.: 29, caracterizado porque al menos un par de cebadores comprende secuencias de nucleótidos contiguas seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID nro.: 23, SEC ID nro.: 24, SEC ID nro.: 30, y la SEC ID nro.: 31*”, pero esto daría lugar a cualquier combinación de cebadores lo cual no encuentra sustento en la descripción, tampoco se evidencia que se use más de un par para la detección. Se sugiere indicar de manera específica cada una de las parejas de cebadores que va dirigida a cada uno de los polinucleótidos correspondientes de acuerdo a lo divulgado en el capítulo descriptivo.

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

La reivindicación 28 no es clara porque menciona *“Un producto básico elaborado a partir de una planta de caña de azúcar (Saccharum spp.) modificada genéticamente que comprende la SEC ID nro.: 18 o la SEC ID nro.: 19”*, pero no menciona las características del producto ya que únicamente está definido por su elaboración a partir de la planta de caña de azúcar, pero no es claro a que se refiere con la mención de producto básico y no permite distinguir el objeto de la solicitud.

La reivindicación 29 no es clara porque las etapas del método inician por infinitivo a excepción de las etapas b) y c), se sugiere cambiar dichas etapas a infinitivo de tal forma que *“obtención de callos embriogénicos”* pase a *“obtener callos embriogénicos”* y *“co-cultivo de callos embriogénicos con un cultivo de Agrobacterium”* cambie a *“co-cultivar callos embriogénicos de caña con un cultivo de la bacteria Agrobacterium que comprende la construcción genética de SEQ ID NO: 20 o 21”*. Tampoco es clara porque la etapa d) menciona *“células transformadas que contienen el fragmento funcional”* pero en dicha expresión no es claro a que se refiere *“fragmento funcional”*, ya que, podría ser cualquier compuesto, molécula, ácido nucleico, proteína etc, se sugiere reemplazar dicha expresión por *“células transformadas de la planta que contienen la SEQ ID NO: 20 o la SEQ ID NO: 21”*.

Las reivindicaciones 29 y 31 no son concisas porque son independientes y reclaman la misma materia pese a que tienen preámbulos diferentes. Se sugiere eliminar una de las dos reivindicaciones e incluir todas las características técnicas esenciales en una sola reivindicación.

El capítulo reivindicatorio no es claro, toda vez que los elementos esenciales de la invención, que deberían ser parte de la reivindicación principal, se encuentran distribuidos en diferentes reivindicaciones. De acuerdo con lo anterior, se sugiere replantear el capítulo reivindicatorio, de manera que la reivindicación independiente incluya todas las características esenciales de la invención que se desea proteger.

La reivindicación 31 no es clara porque se refiere a *“en la que la planta de caña de azúcar (Saccharum spp.) modificada genéticamente tiene una resistencia mejorada a los insectos en comparación con una planta de caña de azúcar (Saccharum spp.) sin la modificación genética”* el cual es un resultado a alcanzar y no define al método, puesto que, la reivindicación incluiría no sólo la solución propuesta en la solicitud, sino todas las alternativas presentes o futuras que permitan llegar a ese resultado. Se sugiere reemplazar por las características técnicas esenciales, estructurales y funcionales, que contribuyen a la obtención de ese efecto.

El capítulo reivindicatorio no es claro porque menciona la expresión *“nucleótidos contiguos”* la cual no es clara porque no define el número de nucleótidos que tienen las secuencias reclamadas y por tanto no permite distinguir la invención del estado de la técnica. Además, dicha expresión da lugar a un sinnúmero de posibilidades de secuencias que no encuentran sustento en la descripción. Se sugiere reemplazar dicha expresión por la SEQ ID NO: respectiva en cada caso o el número de nucleótidos que definen la secuencia reclamada.

El capítulo reivindicatorio contiene un excesivo número de reivindicaciones independientes que repiten información y protegen básicamente la misma materia. En consecuencia, todas ellas son confusas y presentan el mismo alcance, por lo cual el capítulo carece de concisión.

El capítulo reivindicatorio presenta una excesiva complejidad, toda vez que incluye reivindicaciones que reclaman polinucleótidos, cebadores, sondas, métodos de detección

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

de un transgén, kits y métodos para obtención de plantas transgénicas de caña de azúcar, lo cual dificulta entender cuál es el alcance de la materia reclamada.

En el capítulo reivindicatorio la expresión “evento CTC91087-6” no es clara y es un nombre subjetivo para referirse a la obtención de una planta transgénica de caña a la que se ha insertado en el genoma un gen *cry1Ac* que codifica para una proteína CRY1AC, por tanto, debería eliminarse del capítulo la expresión “evento CTC91087-6” e indicar que las plantas transgénicas expresan una proteína CRY1AC, así como indicar en cada caso cual es la construcción que se introduce en la planta.

De la descripción se desprende las características del promotor del gen de ubiquitina de maíz (pUBI) el cual dirige la expresión del gen *cry1ac* y también se menciona que las construcciones comprenden un gen *bar* que también es dirigido por dicho promotor, así como menciona que los cassetes tienen el terminador de nopalina sintasa de *A. tumefaciens* NOS. Todas estas son características técnicas esenciales de las construcciones que no son mencionadas en las reivindicaciones. Por tanto, deberían incluir dichas características en las reivindicaciones asociadas a las construcciones.

De la descripción se desprende construcciones de CRISPR-Cas9 que son necesarios para la obtención de la planta transgénica, pero en las reivindicaciones no se mencionan dichos constructos y las SEQ ID NO: respectivas. Se sugiere mencionar dichas características en las reivindicaciones.

En consecuencia, es necesario que allegue las aclaraciones o modificaciones correspondientes para dar cumplimiento a lo establecido en el citado artículo.

7.3. Descripción

Revisado el capítulo descriptivo de la solicitud, este no divulga la invención de manera suficientemente clara y completa, para que una persona capacitada en la materia pueda ejecutarla, incumpliendo de esta forma lo establecido en el artículo 28 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina.

El capítulo descriptivo menciona “*D. saccharalis*” cuando debería ser “*D. saccharalis*”.

La descripción no es clara porque menciona “evento CTC91087-6” el cual es un nombre subjetivo dado a la presencia de un transgén en una planta de caña de azúcar que ha sido modificada genéticamente. Por tanto, debería además de esa expresión mencionar que es una planta transgénica de caña de azúcar la cual expresa una proteína CRY1AC de acuerdo con la materia divulgada en la descripción.

La descripción no es clara ni suficiente porque menciona “*La primera forma de realización se logra proporcionando polinucleótidos que comprenden al menos 14 a 26 nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 5, la SEC ID Nro.: 12, la SEC ID Nro.: 13, la SEC ID nro.: 18, la SEC ID nro.: 19, y la SEC ID nro.: 22*” pero polinucleótidos de al menos 14 a 26 nucleótidos contiguos de las secuencias mencionadas darían lugar a un sinnúmero polinucleótidos que no son explorados por el solicitante. Por tanto, una persona capacitada en la materia tendría una carga excesiva de ensayo y error para llegar al polinucleótido reclamado y al mismo con el cual se realiza la transformación de las plantas. Además, no puede extrapolarse los efectos técnicos reclamados en la solicitud a cualquier polinucleótido.

La descripción no es clara porque menciona “*La figura 3 representa el mapa del ADN-T introducido en el evento de la presente invención*” pero no es un evento, es una planta transgénica de caña de azúcar.

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

La descripción no es clara y carece de suficiencia porque menciona “Según un aspecto de la invención, se proporciona una planta que comprende al menos 14 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 15 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. Según un aspecto de la invención, se proporciona una planta que comprende al menos 16 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 17 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 18 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 19 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 20 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 21 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 22 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 23 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 24 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende al menos 25 nucleótidos contiguos de la secuencia de 26 nucleótidos de la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización, se proporciona una planta que comprende la SEC ID nro.: 18. En una forma de realización adicional, se proporciona una planta que comprende la SEC ID nro.: 13”, pero no se evidencia plantas transgénicas que comprenda polinucleótidos de al menos 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 o al menos 25 nucleótidos contiguos de las secuencias mencionadas, puesto que, un polinucleótido con dichas características daría lugar a polinucleótidos que no son explorados por el solicitante y, por tanto, plantas que no son exploradas por el solicitante. Además, una persona capacitada en la materia no tendría los elementos suficientes para llegar al polinucleótido que comprende los efectos técnicos reclamados en la planta transgénica en la que se introduce.

La figura 16 contiene unas letras para mostrar diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos, pero no se presenta en la descripción de la figura en el capítulo, que test de estadística se uso y con que significancia.

La descripción no es clara y carece de suficiencia porque divulga un polinucleótido de SEQ ID NO: 18 o SEQ ID NO: 19 pero no es claro que codifica dicho polinucleótido, además, una secuencia de longitud de 26 nucleótidos no podría codificar para la proteína que se desea insertar que en este caso sería CRY1AC, tampoco podría tratarse del transgén que se desea detectar puesto que un fragmento tan corto no es lo que se detecta en la PCR, por tanto, una persona capacitada en la materia no tendría claridad de que se debe hacer con dichos polinucleótidos para llegar a la planta transgénica de caña de azúcar con la resistencia a la plaga.

El capítulo descriptivo no es claro y carece de suficiencia porque menciona “En una realización, las construcciones de molde HR comprenden el ADN-T (SEC ID nro.: 2) de la invención reivindicada flanqueada por aproximadamente 1 kb de ADN homólogo a las secuencias flanqueantes descritas para CTC91087-6 (SEC ID nro.s: 23 y 24) ubicados a ambos lados del ADN-T. En una realización preferida, las construcciones de plantilla HR comprenden la SEC ID nro.: 26 (Figura 21)” pero las SEQ ID NOs: 23 y 24 tienen una

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

longitud de 2064 pb y 1436 pb, respectivamente, por tanto, dicha regiones flanqueantes no son de 1kb como se menciona en la descripción. Adicionalmente, no es clara ni suficiente porque menciona *“En una forma de forma de realización, los pares de cebadores en la etapa (c) están diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID nro.: 22, y de la SEC ID nro.: 29, en el que al menos un par de cebadores comprende secuencias de nucleótidos contiguas seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 23, SEC ID nro.: 24, SEC ID nro.: 30, y SEC ID nro.: 31”*, pero ninguna de las SEQ ID NO: 23, 24, 30 o 31 corresponden a cebadores, dado que, sus longitudes corresponden a 2064 pb, 1436 pb, 2064 pb y 1436 pb, respectivamente. De esta forma, no es posible saber cuáles son los cebadores que se diseñan contra la SEQ ID NO: 22, tampoco sería posible considerar cualquier pareja de cebadores dado que la SEQ ID NO: 22 tienen una longitud de más de 10000 pb, esto daría lugar a un sinnúmero de cebadores que no son explorados por el solicitante, por tanto, una persona capacitada en la materia tendría una carga excesiva tras ensayo y error para llegar a los cebadores reclamados y al amplicón que confirma la presencia del transgén en la planta.

La descripción no es clara ni suficiente porque menciona *“En una forma de realización, los pares de cebadores anteriores en la etapa (c) están diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 22, y la SEC ID nro.: 29, donde al menos un par de cebadores comprende al menos 3 nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 23, la SEC ID nro.: 24, la SEC ID nro.: 30, y la SEC ID nro.: 31. En una forma de forma de realización, los pares de cebadores están diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende al menos 14 nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 22, y la SEC ID nro.: 29, en el que al menos un par de cebadores comprende al menos 7 nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 23, la SEC ID nro.: 24, la SEC ID nro.: 30, y la SEC ID nro.: 31. Además, los pares de cebadores están diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende al menos 14 nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 22, y la SEC ID nro.: 29, en el que al menos un par de cebadores comprende al menos 14 nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID nro.: 23, la SEC ID nro.: 24, la SEC ID nro.: 30, y la SEC ID nro.: 31”*, pero no es posible saber cuáles son los cebadores que se unen a las secuencias mencionadas porque tampoco es claro cuál es el producto esperado con su SEQ ID NO de la amplificación con PCR, puesto que, en un fragmento de más de 10000 pb existe un sinnúmero de posibilidades de cebadores que no son explorados por el solicitante. De esta forma, una persona capacitada en la materia tendría una carga excesiva de ensayo y error para llegar a los cebadores reclamados en la solicitud.

La descripción no es suficiente porque menciona que el amplicón tiene la SEQ ID NO: 12 o 13, pero dicho amplicón no es el mismo para la SEQ ID NO: 22 o para la SEQ ID NO: 29 de acuerdo con el alineamiento 3, dado que, las SEQ ID NOs: 12 y 13 tienen 100% de identidad con la SEQ ID NO: 22 pero con la SEQ ID NO: 29 la identidad es únicamente del 50.52 % y 44.19%, por lo tanto, estos no son amplicones de dicha secuencia (alineamiento 3). Así mismo, no es posible determinar cuáles son los cebadores para realizar dicha amplificación porque las SEQ ID NO: 6, 7, 8 y 9 no se pegan en pareja a la SEQ ID NO: 22, dado que, las SEQ ID NO: 7 solo tiene una identidad del 25% y la SEQ ID NO: 9 solo tiene una entidad del 37.50% de dicha secuencia, respectivamente. Por su parte, las SEQ ID NOs: 7 a 9 no se pegan a la SEQ ID NO: 12, y las SEQ ID NOs: 6, 7 y 9 no se pegan a la SEQ ID NO: 13 (alineamiento 3), por lo que, no es claro cuáles son los cebadores que permiten dicha amplificación. La SEQ ID NO: 18 está comprendida dentro de las SEQ ID NOs: 22 y 13 y la SEQ ID NO: 19 está comprendida dentro de las SEQ ID NOs: 12 y 22, por tanto, no es claro dichos polinucleótidos a que pertenecen. De

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

esta forma, la descripción carece de suficiencia porque una persona capacitada en la materia no tendría las herramientas para llegar al método de detección reclamado en la solicitud.

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2020243806_9	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	37.50
2: WO_2020243806_7	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	25.00
3: WO_2020243806_29	100.00	100.00	100.00	53.85	50.52	45.00	-nan	37.50	44.19	52.50
4: WO_2020243806_6	-nan	-nan	53.85	100.00	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00
5: WO_2020243806_12	-nan	-nan	50.52	100.00	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00
6: WO_2020243806_19	-nan	-nan	45.00	100.00	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00
7: WO_2020243806_8	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	100.00
8: WO_2020243806_18	-nan	-nan	37.50	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	100.00
9: WO_2020243806_13	-nan	-nan	44.19	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	100.00	100.00
10: WO_2020243806_22	37.50	25.00	52.50	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00

Alineamiento 3. Entre las SEQ ID NOs: 6 a 9, 12, 13, 18, 19, 22 y 29 de la solicitud.

La descripción no es clara porque menciona “Ejemplos de productos básicos incluyen, entre otros: bagazo, jugo de caña de azúcar, jarabe, etanol de primera generación (producido a partir de jugo de caña de azúcar), etanol de segunda generación (etanol celulósico; producido a partir de biomasa), biomasa, azúcar, azúcar en bruto, azúcar refinado, melaza, vinaza y fibra”, sin embargo, se evidencia que esto no resuelve el problema técnico que está relacionado con hacer las plantas resistentes a insectos.

Se debe tener en cuenta que, de acuerdo con el artículo 34 de la citada Decisión, dicha modificación no podrá ampliar la divulgación inicial; por lo que, en caso de agregar nuevos elementos en la solicitud, la descripción modificada no será aceptada.

8. Determinación del Estado de la Técnica

La fecha para determinar el estado de la técnica es el 4 de junio de 2019, que corresponde a la fecha de presentación de la solicitud de prioridad.

Consultadas las fuentes de información con que se cuenta, se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Ítem	Documento	Título	Fecha de publicación
D1	Gao, S., et al. <i>PloS one</i>	“Transgenic Sugarcane with a cry1Ac Gene Exhibited Better Phenotypic Traits and Enhanced Resistance against Sugarcane Borer”	19 de abril de 2016
D2	WO2016188332A1	“Corn transformation event and specificity identification method and use thereof”	1 de diciembre de 2016
D3	CN103805620A	“Antibiotic-free tetravalent disease and pest-resisting and herbicide-resisting plant expression vector and application thereof”	21 de mayo de 2014
D4	WO2016101683A1	“Uses of insecticidal protein”	30 de junio de 2016

D1¹ divulga plantas transgénicas de caña de azúcar resistentes a *Diatraea saccharalis* dada la expresión de una proteína cry1AC y un marcador selectivo bar, para lo cual se crean constructos y se transforman callos embrionarios de la planta por bombardeo y

¹Gao, S., et al. (2016). Transgenic Sugarcane with a cry1Ac Gene Exhibited Better Phenotypic Traits and Enhanced Resistance against Sugarcane Borer. *PloS one*, 11(4), e0153929. Recuperado desde: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27093437/>
Página 10 de 35



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

posteriormente las plantas transformadas son seleccionadas y tamizadas por PCR (Abstract).

D2² divulga un plásmido para la obtención de plantas transgénicas de maíz que expresan una proteína recombinante CRY1AB/CRY2A (Abstract, Fig. 1).

D3³ divulga un vector de expresión para plantas el cual es tetravalente, libre de antibióticos y confiere resistencia a plagas y herbicidas aplicado a diferentes plagas de caña de azúcar (Abstract).

D4⁴ divulga un método para producir una planta resistente a áfidos, dado que, se ha introducido una secuencia de polinucleótido que codifica para una proteína Cry1A en su genoma (Reiv. 19).

9. Examen de Patentabilidad

De acuerdo con lo establecido en el artículo 14 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, en el cual se establecen los requisitos de patentabilidad objeto de la solicitud en estudio, esta Oficina presenta a continuación el análisis de los requisitos de patentabilidad.

9.1. Novedad

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 16 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 14 (Radicado NC2022/0018502 del 20 de diciembre de 2022) refiere a: “Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente del evento CTC91087-6, que comprende las etapas de: (...)”. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y el documento encontrado en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1
Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente, que comprende las etapas de:	Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente, que comprende las etapas de: (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).
a) obtener una muestra de material vegetal para su análisis;	obtener una muestra de material vegetal para su análisis; (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).
b) extraer ADN de la muestra;	extraer ADN de la muestra; (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).
c) proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso;	proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso; (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).
d) amplificar una región entre el par de cebadores; y	amplificar una región entre el par de cebadores; y (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).
e) detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación.	detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación. (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).

²<https://patents.google.com/patent/WO2016188332A1/en?q=WO2016188332>

³<https://patents.google.com/patent/CN103805620A/en?q=CN103805620>

⁴<https://patents.google.com/patent/WO2016101683A1/en?q=WO+2016101683+A>



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

De acuerdo con la comparación realizada anteriormente se concluye que la materia de la reivindicación 14 no es nueva.

Adicionalmente, D1 divulga cebadores para PCR punto final donde el amplicón tiene un tamaño de 211 pb, y también sugiere cebadores para PCR tiempo real que comprende además una sonda donde se obtiene un fragmento de 74 pb (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design, Fig. 2). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

9.2. Nivel Inventivo

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 5 (Radicado NC2022/0018502 del 20 de diciembre de 2022) refiere a: *“El polinucleótido según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, caracterizado porque comprende la SEC ID nro.: 13”*. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1
Un polinucleótido caracterizado porque comprende la SEC ID nro.: 13	Un polinucleótido que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening).

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 5, ya que divulga un a un polinucleótido de un transgén que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 5 y el polinucleótido divulgado en D1, consiste en la SEQ ID NO: 13.

No hay evidencia de que el incluir específicamente la SEQ ID NO: 13 proporcione un polinucleótido con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que un polinucleótido de un transgén para obtener una planta transgénica resistente al barrenador de la caña de azúcar evidenciado en una disminución de la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos ya había sido previsto en dicho

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

documento (Figs. 5 y 7, Págs. 9 y 10, sección - Transgenic sugarcane lines are resistant to sugarcane borer).

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar el polinucleótido conocido en D1 con el fin de proporcionar otro polinucleótido alternativo?

Sin embargo, el incluir un polinucleótido de un transgén para obtener plantas de caña de azúcar transgénicas resistentes contra *Diatraea saccharalis* ya está divulgado en D1 que se refiere a un polinucleótido de un transgén que codifica una proteína CRY1AC el cual está comprendido en un vector que al ser transformado en plantas permite obtener 14 líneas transgénicas de caña de azúcar en las cuales se obtuvieron variables agronómicas y de producción de azúcar similar al control no transgénico, sin embargo, las plantas transgénicas mostraron tener resistencia al barrenador teniendo menos daños en tallos y hojas, en tanto que los barrenadores mostraron ser más susceptibles y tener una mayor supervivencia en dichas líneas con la proteína CRY en comparación con los controles no transgénicos (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening, Figs. 5 y 7, Págs. 9 y 10, sección - Transgenic sugarcane lines are resistant to sugarcane borer).

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir una secuencia alternativa del transgén de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 5. Por lo cual se considera obvia.

D1 también divulga cebadores para detectar un transgén en plantas de caña de azúcar transgénicas resistentes contra *Diatraea saccharalis* de tal forma que permite la detección de un gen que codifica una proteína CRY1AC en las plantas transformadas (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening, Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design). De tal forma, que los cebadores están diseñados para PCR de punto final y PCR de tiempo real, mediante la detección de un amplicón el cual tiene un tamaño de 211 pb, y también sugiere cebadores para PCR tiempo real que comprende además una sonda donde se obtiene un fragmento de 74 pb (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and primer design, Fig. 2).

La reivindicación dependiente 10 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al polinucleótido de la reivindicación 5, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 11 (Radicado NC2022/0018502 del 20 de diciembre de 2022) refiere a: “El polinucleótido según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10, caracterizado porque comprende la SEC ID nro.: 5 (...)”. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D2
Un polinucleótido caracterizado porque comprende la SEC ID nro.: 5	Un polinucleótido que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de	Un polinucleótido de un plásmido de SEQ ID NO: 13 y el cual comprende una secuencia de nucleótidos del gen T-ADN de la SEQ ID NO: 2. Que también comprende un cassette de expresión de resistencia a glifosfato , un promotor 35S desde CaMV y el promotor de

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

	hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening).	poliubiquitina 1 (SEQ ID NO: 9) el cual dirige la expresión de un cassette de expresión de los genes Cry1Ab-Cry12A (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 comprende la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 77.48% de identidad (alineamiento 4).
--	--	---

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 11, ya que divulga un polinucleótido que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 11 y el polinucleótido divulgado en D1, consiste en la SEQ ID NO: 5.

No hay evidencia de que el incluir específicamente la SEQ ID NO: 5 proporcione un polinucleótido con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que, un polinucleótido de un transgén que está comprendido dentro de un vector para obtener una planta transgénica resistente al barrenador de la caña de azúcar que tiene una disminución de la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos ya había sido previsto en dicho documento (Figs. 5 y 7, Págs. 9 y 10, sección - Transgenic sugarcane lines are resistant to sugarcane borer).

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar el polinucleótido conocido en D1 con el fin de proporcionar otro polinucleótido alternativo?

Sin embargo, el incluir un polinucleótido alternativo a la SEQ ID NO: 5 en un plásmido para obtener plantas ya está divulgado en D2 que se refiere a un plásmido para la transformación de plantas de maíz de SEQ ID NO. 13 que está constituido por una secuencia de nucleótidos del gen de ADN-T de SEQ ID NO: 2, donde dicha secuencia comprende un casete de expresión de resistencia a glifosato con un promotor 35S derivado de CaMV y un promotor poliubiquitina-1 de maíz (secuencia de nucleótidos SEQ ID NO. 9), el terminador es del gen 35S de CaMV (0,2 kb de longitud y secuencia de nucleótidos SEQ DNI N° 11) y la resistencia a insectos corresponde a la fusión Cry1Ab-PGKGGG-Cry2A, en tanto que el promotor que impulsa el gen de fusión Cry1Ab-Cry2A se deriva del promotor del gen de poliubiquitina-1 del maíz (pZmUbi-1) (obtenido del genoma del maíz mediante PCR, el tamaño es 2,1 kb y la secuencia de nucleótidos es SEQ ID NO. 7) (ejemplo 1). Dicho plásmido de transformación de plantas obtenido se introdujo en *Agrobacterium* LBA4404 mediante un método de descarga eléctrica (2500 V) para obtener *Agrobacterium* que contenía un vector de transformación de plantas (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 comprende la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 77.48% de identidad (alineamiento 4).

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2020243806_5 100.00 77.48
2: WO_2016188332_13 77.48 100.00

WO_2020243806_5	-----TACGTACAGGAAACTGG	17
WO_2016188332_13	CTCTTAGGTTTACCCGCCAATATATCCTGTCAAACACTGATAGTTTAAACTGAAGGCGGG	11160
	! .!!*.*.* **	
WO_2020243806_5	A-----ACTGGATGG-----TGCATACAGTAC-TCTACTGCGCATAG	53
WO_2016188332_13	AAACGACAATCTGATCCAAAGCTCAAGCTGCTCTAGCATTGCCATTGAGGCTGCGCAACT	11220
	* .!*.*.* . :****!*.* . .*****!.	
WO_2020243806_5	GATAGGATGGAAAGGCTGCCCTGCCGGCGCGTTCACAAATTAAGTACTGATATCACATT	113
WO_2016188332_13	GTTGGGAAGGGCGAT--CGGTGCGGGCCTCTT----CGCTATTACGCCAGCTGGCGAAAG	11274
	!.*.*!*.*.* . * *** **** * * *..!:*!* .!*.*.* .!*.*!	
WO_2020243806_5	GCGGACGTCTTTAATGTACTGAATTT-----AGTTACTGATCAC-TGATTAAGTACTGA	166
WO_2016188332_13	GGGGA-----TGTGCTGCAAGGCGATTAAAGTTGGGTAAAGCCAGGGTTT-----	11318
	* *** ****.*.*.*!*: ****. !*.*.*!*.*.*!:	
WO_2020243806_5	TATCGGTACCGA-----ATTGCGGCGCGCAAGCTTCGATCGATGCCTGCAGTGCAGC	218
WO_2016188332_13	TCCAGTCACGACGTTGTAAAACGACGGCCAGTGCCAAGCTTGATGCCTACAGTGCAGC	11378
	*. *.**.*.*** *! .*****. !. *! :!* *****.*****	
WO_2020243806_5	GTGACCCGGTCGTGCCCTCTCTAGAGATAATGAGCATTGCATGTCTAAGTTATAAAAAA	278
WO_2016188332_13	GTGACCCGGTCGTGCCCTCTCTAGAGATAATGAGCATTGCATGTCTAAGTTATAAAAAA	11438

WO_2020243806_5	TTACCACATATTTTTTTTGTACACCTTGTGTTGAAGTGCAGTTTATCTATCTTTATACATA	338
WO_2016188332_13	TTACCACATATTTTTTTTGTACACCTTGTGTTGAAGTGCAGTTTATCTATCTTTATACATA	11498

WO_2020243806_5	TATTTAACTTTACTCTACGAATAATATAATCTATAGTACTACAATAATATCAGTGTTTT	398
WO_2016188332_13	TATTTAACTTTACTCTACGAATAATATAATCTATAGTACTACAATAATATCAGTGTTTT	11558

WO_2020243806_5	AGAGAATCATATAAATGAACAGTTAGACATGGTCTAAAGGACAATTGAGTATTTTGACAA	458
WO_2016188332_13	AGAGAATCATATAAATGAACAGTTAGACATGGTCTAAAGGACAATTGAGTATTTTGACAA	11618

WO_2020243806_5	CAGGACTCTACAGTTTTATCTTTTGTGTGTCATGTGTTCTCCTTTTTTTTGCAAATAG	518
WO_2016188332_13	CAGGACTCTACAGTTTTATCTTTTGTGTGTCATGTGTTCTCCTTTTTTTTGCAAATAG	11678

WO_2020243806_5	CTTCACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCCATTTAGGGTTTAGGGTTAA	578
WO_2016188332_13	CTTCACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCCATTTAGGGTTTAGGGTTAA	11738

WO_2020243806_5	TGGTTTTTATAGACTAATTTTTTTAGTACATCTATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATT	638
WO_2016188332_13	TGGTTTTTATAGACTAATTTTTTTAGTACATCTATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATT	11798

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2020243806_5	AAGAAACTAAACTCTATTTTAGTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAATA	698
WO_2016188332_13	AAGAAACTAAACTCTATTTTAGTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAATA	11858

WO_2020243806_5	AAATAAAGTGACTAAAAATTAACAAATACCCCTTTAAGAAATTAATAAACTAAGGAAAC	758
WO_2016188332_13	AAATAAAGTGACTAAAAATTAACAAATACCCCTTTAAGAAATTAATAAACTAAGGAAAC	11918

WO_2020243806_5	ATTTTCTTGTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTTAAACGCCGTCGACGAGTCTAACGG	818
WO_2016188332_13	ATTTTCTTGTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTTAAACGCCGTCGACGAGTCTAACGG	11978

WO_2020243806_5	ACACCAACCAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCACGGCATC	878
WO_2016188332_13	ACACCAACCAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCACGGCATC	12038

WO_2020243806_5	TCTGTCGCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCT	938
WO_2016188332_13	TCTGTCGCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCT	12098

WO_2020243806_5	GTCGGCATCCAGAAATTGCGTGCGGAGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCCT	998
WO_2016188332_13	GTCGGCATCCAGAAATTGCGTGCGGAGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCCT	12158

WO_2020243806_5	CCTCCTCCTCTACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCCTTTCCACCGCTCCTTCGCTTT	1058
WO_2016188332_13	CCTCCTCCTCTACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCCTTTCCACCGCTCCTTCGCTTT	12218

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2020243806_5	CCCTTCCTCGCCCGCCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCCCTTTTCCCCAACCTCG	1118
WO_2016188332_13	CCCTTCCTCGCCCGCCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCCCTTTTCCCCAACCTCG	12278

WO_2020243806_5	TGTTGTTTCGGAGCGCACACACACAACCAGATCTCCCCAAATCCACCCGTCGGCACCT	1178
WO_2016188332_13	TGTTGTTTCGGAGCGCACACACACAACCAGATCTCCCCAAATCCACCCGTCGGCACCT	12338

WO_2020243806_5	CCGCTTCAAGGTACGCCGCTCGTCCTCCCCCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGG	1238
WO_2016188332_13	CCGCTTCAAGGTACGCCGCTCGTCCTCCCCCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGG	12398

WO_2020243806_5	CGTTCGGGTCCATGGTTAGGGCCCGGTAGTTCTACTTCTGTTTCATGTTTGTGTTAGATCC	1298
WO_2016188332_13	CGTTCGGGTCCATGGTTAGGGCCCGGTAGTTCTACTTCTGTTTCATGTTTGTGTTAGATCC	12458

WO_2020243806_5	GTGTTTGTGTTAGATCCGTGCTGCTAGCGTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGAC	1358
WO_2016188332_13	GTGTTTGTGTTAGATCCGTGCTGCTAGCGTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGAC	12518

WO_2020243806_5	ACGTTCTGATTGCTAACTTGCCAGTGTTCCTTTGGGGAACTCCTGGGATGGCTCTAGCC	1418
WO_2016188332_13	ACGTTCTGATTGCTAACTTGCCAGTGTTCCTTTGGGGAACTCCTGGGATGGCTCTAGCC	12578

WO_2020243806_5	GTTCCGCAGACGGGATCGATTTTCATGATTTTTTTTGTTCGTTGCATAGGGTTTGGTTTG	1478
WO_2016188332_13	GTTCCGCAGACGGGATCGATTTTCATGATTTTTTTTGTTCGTTGCATAGGGTTTGGTTTG	12638

WO_2020243806_5	CCCTTTTCCTTTATTTCAATATATGCCGTGCATTGTTTGTGCGGGTCATCTTTTCATGCT	1538
WO_2016188332_13	CCCTTTTCCTTTATTTCAATATATGCCGTGCATTGTTTGTGCGGGTCATCTTTTCATGCT	12698

WO_2020243806_5	TTTTTTGTCTTGTTGTGATGATGTGGTCTGGTTGGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAG	1598
WO_2016188332_13	TTTTTTGTCTTGTTGTGATGATGTGGTCTGGTTGGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAG	12758

WO_2020243806_5	AATTCTGTTTCAAACCTACCTGGTGGATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTGCCATA	1658
WO_2016188332_13	AATTCTGTTTCAAACCTACCTGGTGGATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTGCCATA	12818

WO_2020243806_5	CATATTCATAGTTACGAATTGAAGATGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATAC	1718
WO_2016188332_13	CATATTCATAGTTACGAATTGAAGATGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATAC	12878

WO_2020243806_5	ATGTTGATGCGGGTTTTACTGATGCATATACAGAGATGCTTTTTGTTGCTTGTTGTGA	1778
WO_2016188332_13	ATGTTGATGCGGGTTTTACTGATGCATATACAGAGATGCTTTTTGTTGCTTGTTGTGA	12938

WO_2020243806_5	TGATGTGGTGTGGTTGGGCGGTCGTTCTTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCA	1838
WO_2016188332_13	TGATGTGGTGTGGTTGGGCGGTCGTTCTTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCA	12998

WO_2020243806_5	AACTACCTGGTGTATTTATTAATTTTGGAACTGTATGTGTGTGCATACATCTTCATAGT	1898
WO_2016188332_13	AACTACCTGGTGTATTTATTAATTTTGGAACTGTATGTGTGTGCATACATCTTCATAGT	13058

Alineamiento 4. Entre la SEQ ID NO: 13 de D2 y la SEQ ID NO: 5 de la solicitud.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir un polinucleótido en un plásmido para obtener plantas transgénicas de caña que

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

expresan una proteína CRY1AC del D2 en el plásmido de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 11. Por lo cual se considera obvia.

La reivindicación dependiente 12 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al polinucleótido de la reivindicación 11, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 13 (Radicado NC2022/0018502 del 20 de diciembre de 2022) refiere a: *“Pares de cebadores que comprenden cebadores directos e inversos caracterizados porque el cebador directo comprende la SEC ID nro.: 6 y el cebador inverso comprende la SEC ID nro.: 7, o el cebador directo comprende la SEC ID nro.: 8 y el cebador inverso comprende la SEC ID nro.: 9. (...)”*. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D3
Pares de cebadores que comprenden cebadores directos e inversos caracterizados porque el cebador directo comprende la SEC ID nro.: 6 y el cebador inverso comprende la SEC ID nro.: 7, o el cebador directo comprende la SEC ID nro.: 8 y el cebador inverso comprende la SEC ID nro.: 9.	Cebadores directos e inversos para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, donde los cebadores están dirigidos al gen que codifica para la proteína CRY de tal forma que el cebador directo tiene la secuencia TATCGTTGCTCAACTAGGTCA GGGTGTC teniendo como alternativa para PCR tiempo real la secuencia 1ACQF: 5'-ACCGGTTACTACTCCCATCGA-3', y un cebador reverso de secuencia CATTGTTGTTCTGTGGTGGGA TTTCGTC teniendo como alternativa para realizar PCR tiempo real el cebador de secuencia GA-3', 1ACQR: 5'-CCAGCACCTGGCACGAA-3' (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction and Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and primer design). Donde el cebador directo para PCR tiempo final de D1 tiene una identidad del 89.29% y de 53.57% con las SEQ ID NO: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto el cebador directo para PCR tiempo real tiene una identidad del 95% y del 75% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 respectivamente (alineamiento 5). En tanto, que el cebador reverso para PCR punto final de D1 tiene una identidad del 53.33% y del 100% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, y los diseñados para tiempo real de	Cebadores directos e inversos para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, dichos cebadores van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCTG T o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA (tabla 1). Donde el cebador directo Bt tiene un 80.97% y un 57.14% de identidad con las SEQ ID NOS: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto que el cebador reverso Bt tiene 44.86%y un 85.71% de identidad con las SEQ ID NOS: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). Adicionalmente, el cebador directo bar tiene un 100% y un 60% de identidad con las SEQ ID NOS: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, mientras el cebador reverso bar tiene un 53.33% y un 100% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5).



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

	D1 tienen una identidad del 45.45% y del 63,89% con con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5).	
--	---	--

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 13, ya que divulga cebadores que permiten la detección de un gen que codifica una proteína CRY1AC en plantas que han sido transformadas con un plásmido que comprende un constructo en el cual el gen cry1AC está bajo un promotor 35s, donde dicho vector es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening, Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design). De tal forma, que se diseñan cebadores para detectar el transgén por PCR de punto final y PCR de tiempo real, siendo el cebador directo el que tiene secuencia TATCGTTGCTCAACTAGGTCAGGGTGTC teniendo como alternativa para PCR tiempo real la secuencia 1ACQF: 5'-ACCGGTTACTACTCCCATCGA-3', y el cebador reverso de secuencia CATTGTTGTTCTGTGGTGGGATTTCGTC teniendo como alternativa para realizar PCR tiempo real el cebador de secuencia GA-3', 1ACQR: 5'-CCAGCACCTGGCAGAA-3' (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and primer design). Donde el cebador directo para PCR tiempo final de D1 tiene una identidad del 89.29% y de 53.57% con las SEQ ID NO: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto el cebador directo para PCR tiempo real tiene una identidad del 95% y del 75% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 respectivamente (alineamiento 5). En tanto, que el cebador reverso para PCR punto final de D1 tiene una identidad del 53.33% y del 100% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, y los diseñados para tiempo real de D1 tienen una identidad del 45.45% y del 63,89% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). D1 también divulga que las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: reverseCryRTD3	100.00	-nan	-nan	-nan	45.45	-nan	-nan	-nan	63.89
2: fordwardCryD1	-nan	100.00	-nan	-nan	89.29	-nan	-nan	-nan	53.57
3: fordwardCryRTD1	-nan	-nan	100.00	-nan	95.00	-nan	-nan	-nan	75.00
4: fordwardbarD3	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	60.00
5: WO_2020243806_22	45.45	89.29	95.00	100.00	100.00	42.86	53.57	53.33	52.34
6: reverseBtD3	-nan	-nan	-nan	-nan	42.86	100.00	-nan	-nan	85.71
7: reverseCryD1	-nan	-nan	-nan	-nan	53.57	-nan	100.00	-nan	92.86
8: reversebarD3	-nan	-nan	-nan	-nan	53.33	-nan	-nan	100.00	100.00
9: WO_2020243806_29	63.89	53.57	75.00	60.00	52.34	85.71	92.86	100.00	100.00

Alineamiento 5. Entre las secuencias de cebadores de D1 y de las que codifican para la proteína CRY1AC (bt) y el gen bar de D3 y las SEQ ID NOs: 6 a 9, 12, 13, 19, 22 y 29 de la solicitud.

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 13 y los cebadores divulgados en D1, consiste en las SEQ ID NOs: 6 a 9.

No hay evidencia de que el incluir específicamente las SEQ ID NOs: 6 a 9 proporcione cebadores con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que cebadores permiten amplificar un amplicón para detectar un transgén en plantas de caña de azúcar que expresan una proteína CRY1AC y que se unen a SEQ ID NO 22 y 29 de la solicitud ya habían sido previstos en dicho documento (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

extraction and primer design, alineamiento 5). Adicionalmente, no se evidencia que los cebadores de SEQ ID NOs: 6 a 9 se unan las SEQ ID NO: 22 y 29 (alineamiento 3).

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar los cebadores conocidos en D1 con el fin de proporcionar otros cebadores alternativos?

Sin embargo, el incluir cebadores alternativos para detectar un transgén en plantas de caña de azúcar transgénicas ya está divulgado en D3 que se refiere a cebadores para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, dichos cebadores van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCGT o a un gen *bar* que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA (tabla 1). Donde el cebador directo Bt tiene un 80.97% y un 57.14% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto que el cebador reverso Bt tiene 44.86% y un 85.71% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). Adicionalmente, el cebador directo bar tiene un 100% y un 60% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, mientras el cebador reverso bar tiene un 53.33% y un 100% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). D3 también divulga un constructo que contiene el gen cry1AC y el gen bar que codifica la tetravalencia libre de antibióticos, así como, un promotor 35S- bivalente directa resistente, de sentido directo para la resistencia contra un insecto plaga de la caña y reverso para un terminador NOS, además comprende un T-ADN (Reiv. 5).

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a diseñar secuencias alternativas para detectar un transgén en plantas transgénicas de caña que expresan una proteína CRY1AC como lo enseña de D3 en los cebadores de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 13. Por lo cual se considera obvia.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 15 (Radicado NC2022/0018502 del 20 de diciembre de 2022) refiere a: *“El método según la reivindicación 14, caracterizado porque los pares de cebadores en la etapa c) están diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende nucleótidos contiguos (...)”*. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D3
Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente, que comprende las etapas de:	Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente, que comprende las etapas de: (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).	Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente, que comprende las etapas de: (Sección - (7) genetic transformation: utilize Bombardment-Mediated Transformation sugarcane callus, with 0.7mg/L glyphosate (PPT) screening acquisition kanamycin-resistant callus tissue, differentiation and regeneration obtains transgenic sugarcane plant).
a) obtener una muestra de material vegetal para su análisis;	obtener una muestra de material vegetal para su análisis; (Pág. 3,	obtener una muestra de material vegetal para su análisis;

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

	sección - DNA extraction and primer design).	(Sección - (7) genetic transformation: utilize Bombardment-Mediated Transformation sugarcane callus, with 0.7mg/L glyphosate (PPT) screening acquisition kanamycin-resistant callus tissue, differentiation and regeneration obtains transgenic sugarcane plant).
b) extraer ADN de la muestra;	extraer ADN de la muestra; (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).	extraer ADN de la muestra;
c) proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso;	proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso; (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).	proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso; (Sección - (7) genetic transformation: utilize Bombardment-Mediated Transformation sugarcane callus, with 0.7mg/L glyphosate (PPT) screening acquisition kanamycin-resistant callus tissue, differentiation and regeneration obtains transgenic sugarcane plant).
d) amplificar una región entre el par de cebadores; y	amplificar una región entre el par de cebadores; y (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).	amplificar una región entre el par de cebadores; y (Sección - (7) genetic transformation: utilize Bombardment-Mediated Transformation sugarcane callus, with 0.7mg/L glyphosate (PPT) screening acquisition kanamycin-resistant callus tissue, differentiation and regeneration obtains transgenic sugarcane plant).
e) detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación.	detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación. (Pág. 3, sección - DNA extraction and primer design).	detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación (Sección - (7) genetic transformation: utilize Bombardment-Mediated Transformation sugarcane callus, with 0.7mg/L glyphosate (PPT) screening acquisition kanamycin-resistant callus tissue, differentiation and regeneration obtains transgenic sugarcane plant).
en la etapa c) están diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID nro.: 22, y SEC ID nro.: 29, caracterizado porque al menos un par de cebadores comprende secuencias de nucleótidos contiguas seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID nro.: 23, la SEC ID nro.: 24, la SEC ID nro.: 30, y la SEC ID nro.: 31.	Donde los cebadores directos e inversos están dirigidos al gen que codifica para la proteína CRY de tal forma que el cebador directo tiene la secuencia TATCGTTGCTCAACTAGGTCA GGGTGTC teniendo como alternativa para PCR tiempo real la secuencia 1ACQF: 5'-ACCGGTTAACTCCCATCGA-3', y un cebador reverso de secuencia CATTGTTGTTCTGTGGTGGGA TTTCGTC teniendo como alternativa para realizar PCR tiempo real el cebador de	Los cebadores directos e inversos para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, dichos cebadores están diseñados contra la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCG T o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

	secuencia GA-3', 1ACQR: 5'-CCAGCACCTGGCACGAA-3' (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and primer design). Donde el cebador directo para PCR tiempo final de D1 tiene una identidad del 89.29% y de 53.57% con las SEQ ID NO: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto el cebador directo para PCR tiempo real tiene una identidad del 95% y del 75% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 respectivamente (alineamiento 5). En tanto, que el cebador reverso para PCR punto final de D1 tiene una identidad del 53.33% y del 100% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, y los diseñados para tiempo real de D1 tienen una identidad del 45.45% y del 63,89% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5).	un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA (tabla 1). Donde el cebador directo Bt tiene un 80.97% y un 57.14% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto que el cebador reverso Bt tiene 44.86% y un 85.71% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). Adicionalmente, el cebador directo bar tiene un 100% y un 60% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, mientras el cebador reverso bar tiene un 53.33% y un 100% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5).
--	--	--

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 15, ya que divulga un método de detección de un transgén en una planta transgénica que expresa una proteína CRY1AC, donde el método comprende obtener una muestra de material vegetal para su análisis las cuales corresponden a hojas jóvenes frescas a las cuales se les realiza extracción de ADN de la muestra mediante el método CTAB y se proporcionan pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso los cuales se usan para amplificar una región entre el par de cebadores por PCR punto final o PCR tiempo real lo cual permite detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and primer design). Estas plantas transgénicas son resistentes contra *Diatraea saccharalis* y los cebadores para detectar el transgén por PCR de punto final y PCR de tiempo real, siendo el cebador directo el que tiene secuencia TATCGTTGCTCAACTAGGTCAGGGTGTC teniendo como alternativa para PCR tiempo real la secuencia 1ACQF: 5'-ACCGGTTACTACTCCCATCGA-3', y el cebador reverso de secuencia CATTGTTGTTCTGTGGTGGGATTTCGTC teniendo como alternativa para realizar PCR tiempo real el cebador de secuencia GA-3', 1ACQR: 5'-CCAGCACCTGGCACGAA-3' (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and primer design). Donde el cebador directo para PCR tiempo de punto final de D1 tiene una identidad del 89.29% y de 53.57% con las SEQ ID NO: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto el cebador directo para PCR tiempo real tiene una identidad del 95% y del 75% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 respectivamente (alineamiento 5). En tanto, que el cebador reverso para PCR punto final de D1 tiene una identidad del 53.33% y del 100% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, y los diseñados para tiempo real de D1 tienen una identidad del 45.45% y del 63,89% con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). D1 también divulga que las plantas transgénicas en las que se detecta el transgén y que tienen números de copias medianos del mismo eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 15 y el método divulgado en D1, consiste en las secuencias a las que se dirigen los cebadores, SEQ ID NOs: 22 a 24 y 29 a 31.

No hay evidencia de que el incluir específicamente las 22 a 24 y 29 a 31 como secuencias blanco proporcione con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que un método para detectar un transgén cry1AC en plantas de caña de azúcar ya habían sido previsto en dicho documento (tabla 1, alineamiento 5). Adicionalmente, no es posible atribuir ningún efecto técnico porque ninguna de las SEQ ID NO: 23, 24, 30 o 31 corresponden a cebadores, dado que, sus longitudes corresponden a 2064 pb, 1436 pb, 2064 pb y 1436 pb, tampoco es posible atribuir efecto a nucleótidos contiguos.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar las secuencias blanco conocidas en D1 con el fin de proporcionar otros cebadores alternativos?

Sin embargo, secuencias blanco alternativas para detectar un transgén en plantas de caña de azúcar transgénicas resistentes contra *Diatraea saccharalis* ya está divulgado en D3 que se refiere a un método para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, dichos cebadores van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGTTTGTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCGT o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA (tabla 1). Donde el cebador directo Bt tiene un 80.97% y un 57.14% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto que el cebador reverso Bt tiene 44.86% y un 85.71% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). Adicionalmente, el cebador directo bar tiene un 100% y un 60% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, mientras el cebador reverso bar tiene un 53.33% y un 100% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). D3 también divulga un constructo que contiene el gen cry1AC y el gen bar que codifica la tetravalencia libre de antibióticos, así como, un promotor 35S- bivalente directa resistente, una secuencia opuesta a la que es directo para la resistencia contra un insecto plaga de la caña y reverso un terminador NOS, además comprende un T-ADN (Reiv. 5, Sección - (7) genetic transformation: utilize Bombardment-Mediated Transformation sugarcane callus, with 0.7mg/L glyphosate (PPT) screening acquisition kanamycin-resistant callus tissue, differentiation and regeneration obtains transgenic sugarcane plant).

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a seleccionar secuencias blanco alternativas para diseñar cebadores para detectar un transgén en plantas transgénicas de caña que expresan una proteína CRY1AC como lo enseña de D3 en el método de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 15. Por lo cual se considera obvia.

Adicionalmente, D1 menciona que el método incluye una sonda para la detección por PCR tiempo real, donde dicha sonda tiene una secuencia TCTCCTTGTCCTTGACACAGTTTCTGCTCA, la cual tiene una identidad del 61.11% y 64.29% con las SEQ ID NOs: 10 y 11 de la solicitud (alineamiento 6).

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```
1: sondaD2          100.00   61.11   64.29
2: WO_2020243806_10  61.11  100.00   50.00
3: WO_2020243806_11  64.29   50.00  100.00
```

```
CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

sondaD2          ---TCTCCTTGTCTTGACACAGTTTCTGCTC  29
WO_2020243806_10 -----CGTGTTCCTATCGC-----CAGC--  18
WO_2020243806_11  ATATCACATTG---CGGACG-----  17

      .  **      . : * .
```

Alineamiento 6. Entre la sonda de D2 y las SEQ ID NOs: 10 y 11 de la solicitud.

Las reivindicaciones dependientes 16 a 22, 24 y 25 no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al método de la reivindicación 15, por lo cual se considera que carecen de nivel inventivo.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 26 (Radicado NC2022/0018502 del 20 de diciembre de 2022) refiere a: “*Construcción genética que comprende la SEC ID nro.: 1.(...)*”. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D2
Construcción genética que comprende la SEC ID nro.: 1.	Un polinucleótido que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening).	Un polinucleótido de un plásmido de SEQ ID NO: 13 y el cual comprende una secuencia de nucleótidos del gen T-ADN de la SEQ ID NO: 2. Que también comprende un cassette de expresión de resistencia a glifosato, un promotor 35S desde CaMV y el promotor de poliubiquitina 1 (SEQ ID NO: 9) el cual dirige la expresión de un cassette de expresión de los genes Cry1Ab-Cry12A (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 comprende la SEQ ID NO: 1 de la solicitud con un 100% de identidad (alineamiento 7).

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 26, ya que divulga un constructo que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 26 y el polinucleótido divulgado en D1, consiste en la SEQ ID NO: 1.

No hay evidencia de que el incluir específicamente la SEQ ID NO: 1 proporcione un constructo con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que un constructo de un vector para la generación de una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína de resistencia al barrenador, el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos ya había sido previsto en dicho documento (Abstract).

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar el constructo conocido en D1 con el fin de proporcionar otro constructo alternativo?

Sin embargo, el incluir un constructo alternativo en un plásmido para obtener plantas transgénicas resistentes a un insecto ya está divulgado en D2 que se refiere a un plásmido para la transformación de maíz de SEQ ID NO. 13 que está constituido por una secuencia de nucleótidos del gen de ADN-T de SEQ ID NO: 2, donde dicha secuencia comprende un casete de expresión de resistencia a glifosato con un promotor 35S derivado de CaMV y un promotor poliubiquitina-1 de maíz (secuencia de nucleótidos SEQ ID NO. 9), el terminador es del gen 35S de CaMV (0,2 kb de longitud y secuencia de nucleótidos SEQ DNI N° 11) y la resistencia a insectos corresponde a la fusión Cry1Ab-PGKGGG-Cry2A, en tanto que el promotor que impulsa el gen de fusión Cry1Ab-Cry2A se deriva del promotor del gen de poliubiquitina-1 del maíz (pZmUbi-1) (obtenido del genoma del maíz mediante PCR, el tamaño es 2,1 kb y la secuencia de nucleótidos es SEQ ID NO. 7) (ejemplo 1). Dicho plásmido de transformación de plantas obtenido se introdujo en *Agrobacterium* LBA4404 mediante un método de descarga eléctrica (2500 V) para obtener *Agrobacterium* que contenía un vector de transformación de plantas (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 tiene un 77.71% de identidad con 47.1 % de cobertura con la SEQ ID NO:1 de la solicitud (alineamiento 7).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1:	WO_2016188332_13	100.00	77.71
2:	WO_2020243806_1	77.71	100.00

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2016188332_13	GTTGGGAAGGGCGATCGGTGCGGGCCT--CTTCGCTATTACGC-----CAGCTGGCG	11270
WO_2020243806_1	--TGT-----GGTGTAAACAAATTGACGCTTAGACAACCTTAATAACACATTGCG	60
	** **** . . . * . : : **** : : * * . . ** . * ***	
WO_2016188332_13	AAAGG--GGGATGTGCTGCAAGGCGATTAAAGTTGGGTAAAGCCAGGGTT-----TTCC	11321
WO_2020243806_1	GACGTCTTTAATGTACTGAATTTAGTTACTG-----ATCAC-TGATTAAGTACTGATAT	113
	. * . * . * * * . * * . * : . * : * : * : * : * : * : * : * : *	
WO_2016188332_13	CAGTCACGACGTTGTAAAAACGACGGCCAGTGCCAAGCTTGCGATGCCTACAGTGACGCGTG	11381
WO_2020243806_1	CGGTACCGA-----ATTGCGGGCCGCAAGCTTCGATCGATGCCTGCAGTGACGCGTG	165
	* . * . . * * * * : . * * * * . : . * : : * * * * * . * * * * * * * * * *	
WO_2016188332_13	CACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCCATTTAGGGTTTAGGGTTAATGG	11741
WO_2020243806_1	CACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCCATTTAGGGTTTAGGGTTAATGG	525

WO_2016188332_13	TTTTTATAGACTAATTTTTTTTAGTACATCTATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATTAAAG	11801
WO_2020243806_1	TTTTTATAGACTAATTTTTTTTAGTACATCTATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATTAAAG	585

WO_2016188332_13	AAAACATAAACTCTATTTTAGTTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAATAAAA	11861
WO_2020243806_1	AAAACATAAACTCTATTTTAGTTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAATAAAA	645

WO_2016188332_13	TAAAGTGACTAAAAATTAAACAAATACCCTTTAAGAAATTAAAAAACTAAGGAAACATT	11921
WO_2020243806_1	TAAAGTGACTAAAAATTAAACAAATACCCTTTAAGAAATTAAAAAACTAAGGAAACATT	705

WO_2016188332_13	TTTCTTGTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTTAAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACA	11981
WO_2020243806_1	TTTCTTGTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTTAAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACA	765

WO_2016188332_13	CCAACGAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCACGGCATCTCT	12041
WO_2020243806_1	CCAACGAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCACGGCATCTCT	825

WO_2016188332_13	GTCGCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCCTTGGAATTGCTCCGCTGTC	12101
WO_2020243806_1	GTCGCTGCCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCCTTGGAATTGCTCCGCTGTC	885

WO_2016188332_13	GGCATCCAGAAATTGCGTGCGGAGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCTCCT	12161
WO_2020243806_1	GGCATCCAGAAATTGCGTGCGGAGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCTCCT	945

WO_2016188332_13	CCTCCTCTACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCCCTTTCCACCCTCCTTCGCTTTCCC	12221
WO_2020243806_1	CCTCCTCTACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCCCTTTCCACCCTCCTTCGCTTTCCC	1005

WO_2016188332_13	TTCTCGCCCGCCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCCTCTTTCCCAACCTCGTGT	12281
WO_2020243806_1	TTCTCGCCCGCCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCCTCTTTCCCAACCTCGTGT	1065

WO_2016188332_13	TGTTGCGAGCGCACACACACAACCAAGATCTCCCCAAATCCACCCGTCGGCACCTCCG	12341
WO_2020243806_1	TGTTGCGAGCGCACACACACAACCAAGATCTCCCCAAATCCACCCGTCGGCACCTCCG	1125



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2016188332_13	CTTCAAGGTACGCCGCTCGTCCTCCCCCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGT	12401
WO_2020243806_1	CTTCAAGGTACGCCGCTCGTCCTCCCCCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGT	1185

WO_2016188332_13	TCCGGTCCATGGTTAGGGCCCGGTAGTTCTACTTCTGTTTATGTTTGTGTTAGATCCGTG	12461
WO_2020243806_1	TCCGGTCCATGGTTAGGGCCCGGTAGTTCTACTTCTGTTTATGTTTGTGTTAGATCCGTG	1245

WO_2016188332_13	TTTGTGTTAGATCCGTGCTGCTAGCGTTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGACACG	12521
WO_2020243806_1	TTTGTGTTAGATCCGTGCTGCTAGCGTTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGACACG	1305

WO_2016188332_13	TTCTGATTGCTAACTTGCCAGTGTTTCTCTTTGGGGAACTCTGGGATGGCTCTAGCCGTT	12581
WO_2020243806_1	TTCTGATTGCTAACTTGCCAGTGTTTCTCTTTGGGGAACTCTGGGATGGCTCTAGCCGTT	1365

WO_2016188332_13	CCGCAGACGGGATCGATTTTCATGATTTTTTTTGTTCGTTGCATAGGGTTTGGTTTGCCC	12641
WO_2020243806_1	CCGCAGACGGGATCGATTTTCATGATTTTTTTTGTTCGTTGCATAGGGTTTGGTTTGCCC	1425

WO_2016188332_13	TTTTCTTTTATTTCAATATATGCCGTGCACCTGTTTGTGCGGGTCATCTTTTCATGCTTTT	12701
WO_2020243806_1	TTTTCTTTTATTTCAATATATGCCGTGCACCTGTTTGTGCGGGTCATCTTTTCATGCTTTT	1485

WO_2016188332_13	TTTTGTCTTGTTGTGATGATGTTGCTGTTGGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAAT	12761
WO_2020243806_1	TTTTGTCTTGTTGTGATGATGTTGCTGTTGGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAAT	1545

WO_2016188332_13	TCTGTTTCAAACCTACCTGGTGGATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTGCCATACAT	12821
WO_2020243806_1	TCTGTTTCAAACCTACCTGGTGGATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTGCCATACAT	1605

WO_2016188332_13	ATTCATAGTTACGAATTGAAGATGATGGATGGAATATCGATCTAGGATAGGTATACATG	12881
WO_2020243806_1	ATTCATAGTTACGAATTGAAGATGATGGATGGAATATCGATCTAGGATAGGTATACATG	1665

WO_2016188332_13	TTGATGCGGGTTTTACTGATGCATATACAGAGATGCTTTTGTTCGCTTGTTGTGATGA	12941
WO_2020243806_1	TTGATGCGGGTTTTACTGATGCATATACAGAGATGCTTTTGTTCGCTTGTTGTGATGA	1725

WO_2016188332_13	TGTGGTGTGGTTGGGCGGTCGTTTCATTCTGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAAC	13001
WO_2020243806_1	TGTGGTGTGGTTGGGCGGTCGTTTCATTCTGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAAC	1785

WO_2016188332_13	TACCTGGTGTATTTATTAATTTTGGAACTGTATGTGTGTGCATACATCTTCATAGTTAC	13061
WO_2020243806_1	TACCTGGTGTATTTATTAATTTTGGAACTGTATGTGTGTGCATACATCTTCATAGTTAC	1845

WO_2016188332_13	GAGTTTAAAGATGGATGGAATATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGTGGGTTTTA	13121
WO_2020243806_1	GAGTTTAAAGATGGATGGAATATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGTGGGTTTTA	1905

WO_2016188332_13	CTGATGCATATACATGATGGCATATGCAGCATCTATTTCATATGCTCTAACCTTGAGTACC	13181
WO_2020243806_1	CTGATGCATATACATGATGGCATATGCAGCATCTATTTCATATGCTCTAACCTTGAGTACC	1965

WO_2016188332_13	TATCTATTATAATAACAAGTATGTTTTATAATTATTTTGTCTTGATATACCTTGGATGA	13241
WO_2020243806_1	TATCTATTATAATAACAAGTATGTTTTATAATTATTTTGTCTTGATATACCTTGGATGA	2025

WO_2016188332_13	TGGCATATGCAGCAGCTATATGTGGATTTTTTTAGCCCTGCCTTCATACGCTATTTATTT	13301
WO_2020243806_1	TGGCATATGCAGCAGCTATATGTGGATTTTTTTAGCCCTGCCTTCATACGCTATTTATTT	2085

WO_2016188332_13	GCTTGGTACTGTTTCTTTTGTGCGATGCTCACCCCTGTTGTTTGGTGTACTTCTGCAAGTC	13361
WO_2020243806_1	GCTTGGTACTGTTTCTTTTGTGCGATGCTCACCCCTGTTGTTTGGTGTACTTCTGCAAGTC	2145



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2016188332_13	GACTCTAGAGGATCCACCATGGACAACAACCCCAACATCAACGAGTGCATCCCCTACAAC	13421
WO_2020243806_1	GACTCTAGA-----ATGGACAACAACCCAAACATCAACGAGTGCATCCCATACAAC	2196

WO_2016188332_13	TGCCTGAGCAACCCGAGGTGGAGGTGCTGGGCGGCGAGCGCATCGAGACCGGCTACACC	13481
WO_2020243806_1	TGCCTGAGCAACCCGAGGTGGAGGTGCTGGGCGGCGAGCGCATCGAGACCGGTTACACC	2256

WO_2016188332_13	CCCATCGACATCAGCCTGAGCCTGACCCAGTTCCTGCTGAGCGAGTTCGTGCCGGCGCC	13541
WO_2020243806_1	CCCATCGACATCTCCCTGTCTTGACCCAGTTCCTGCTGAGCGAGTTCGTGCCAGGTGCT	2316
	*****; ****; * ***** ***** ** *	
WO_2016188332_13	GGCTTCGTGCTGGGCTGGTGGAATCATCTGGGGCATCTTCGGCCCCAGCCAGTGGGAC	13601
WO_2020243806_1	GGCTTCGTGCTCGGCTGGTGGAATCATCTGGGGTATCTTCGGTCCATCCCAATGGGAC	2376
	***** ***** **; **; *****	
WO_2016188332_13	GCCTTCCTGGTGAGATCGAGCAGCTGATCAACCAAGCGCATCGAGGAGTTCGCCCGCAAC	13661
WO_2020243806_1	GCCTTCCTGGTGCAATCGAGCAGCTGATCAACCAAGGATCGAAGAGTTCGCCAGGAAC	2436
	***** ***** * ***** ***** *	
WO_2016188332_13	CAGGCCATCAGCCGCTGGAGGGCCTGAGCAACCTGTACCAATCTACGCCGAGAGCTTC	13721
WO_2020243806_1	CAGGCCATCTCCAGGCTGGAGGGCCTGAGCAACCTGTACCAATCTACGCCGAGAGCTTC	2496
	*****; *,* ***** *****	
WO_2016188332_13	CGCGAGTGGGAGGCCGACCCCAACCCCGCCCTGCGCGAGGAGATGCGCATCCAGTTTC	13781
WO_2020243806_1	AGGGAGTGGGAGGCCGACCCCAACCCAGCTCTCCGCGAGGAAATGCGCATTCATTC	2556
	, ***** ***** ** ***** ***** **,* **	
WO_2016188332_13	AACGACATGAACAGCGCCCTGACCACCGCATCCCCCTGTTGCGCGTGCAAACTACCAG	13841
WO_2020243806_1	AACGACATGAACAGCGCCCTGACCACCGCTATCCCACTGTTGCGCGTGCAAACTACCAA	2616
	***** ***** *****	
WO_2016188332_13	GTGCCCTGCTGAGCGTGTACGTGCAAGCCGCCAACCTGCACCTGAGCGTGTGCGCGAC	13901
WO_2020243806_1	GTGCCCTCTCTGTCCGTGTACGTGCAAGCCGCTAACCTGCACCTGAGCGTGTGCGCGAC	2676
	***** ** ****; ***** ***** *****	
WO_2016188332_13	GTCAGCGTGTTCGGCCAGCGTGGGGCTTCGAGCCGCCACCATCAACAGCCGTACAAC	13961
WO_2020243806_1	GTGAGCGTGTTCGGCCAAAGGTGGGGCTTCGATGCTGCCACCATCAACAGCCGTACAAC	2736
	** ***** ,* ***** ** *****	
WO_2016188332_13	GACCTGACCCGCTGATCGGCAACTACACCGACACGCGTGCCTGGTACAACACCGGC	14021
WO_2020243806_1	GACCTGACCAAGGCTGATTGGCAACTACACCGACACGCTGTGCGTGGTACAACACCGGC	2796
	***** ,* ***** *****	
WO_2016188332_13	CTGGAAGCGCTGTGGGGTCCCGACAGCCGCACTGGATCAGGTACAACAGTTCCGCCGC	14081
WO_2020243806_1	CTGGAAGCGCTGTGGGGTCCCGACTCCAGGGAATCAGGTACAACAGTTCAAGGAGG	2856
	***** ***** ***; *,* ***** ,*	
WO_2016188332_13	GAGCTGACCCCTGACCGTGTGAGATCGTGAGCCTGTTCCCAACTACGACAGCCGCACC	14141
WO_2020243806_1	GAGTTGACCCCTACCGTGTGAGATCGTGAGCCTGTTCCCAACTACGATCCAGGACC	2916
	*** ***** ***** ***; *** ***** *****; **, ***	
WO_2016188332_13	TACCCCATCCGCACCGTGAGCCAGCTGACCCGCGAGATTTACACCAACCCCGTGTGGAG	14201
WO_2020243806_1	TACCCGATCCGCACCGTGTCCCAACTACAGGAGATCTACACCAACCAAGTGTGGAG	2976
	***** *****; **, ** **, * ***** ***** *****	
WO_2016188332_13	AACTTCGACGGCAGCTTCGCGGCGAGCGCCAGGGCATCGAGGGCAGCATCCGAGCCCC	14261
WO_2020243806_1	AACTTCGACGGTAGCTTCGCGGTTCCGCCAGGGTATCGAGGGCTCCATCAGGAGCCCA	3036
	***** ***** : ***** *****; ****,* *****	
WO_2016188332_13	CACCTGATGGACATCCTGAACAGCATACCATCTACACCGACGCCACCGGGCGAGTAC	14321
WO_2020243806_1	CACCTGATGGACATCCTGAACAGCATACCATCTACACCGACGCTCACAGGGGCGAGTAC	3096
	***** ***** ***** *	
WO_2016188332_13	TTCCCCCTGTACGGCACCATGGGCAACGCTGCACCTCAGCAGCGCATAGTGGCACAGCTG	14441
WO_2020243806_1	TTCCGCTCTACGGCACCATGGGCAACGCGCTCCACAGCAACGATCGTGCTCAACTG	3216
	***** ** ***** **; **, ***** *****; **, **	

Alineamiento 7. Entre la SEQ ID NO: 13 de D2 y la SEQ ID NO: 1 de la solicitud.

Adicionalmente, el polinucleótido de SEQ ID NO: 13 de D2 tiene una identidad del 78.89%

Página 28 de 35



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

con la SEQ ID NO: 22 de la solicitud (alineamiento 8).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2020243806_14 100.00 78.89
2: WO_2016188332_13 78.89 100.00

Alineamiento 8. Entre la SEQ ID NO: 13 de D2 y la SEQ ID NO: 14 de la solicitud.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir un constructo para obtener plantas transgénicas de caña que expresan una proteína CRY1AC como lo sugiere D2 en el plásmido de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 26. Por lo cual se considera obvia.

La reivindicación dependiente 27 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al constructo de la reivindicación 26, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 29 (Radicado NC2022/0018502 del 20 de diciembre de 2022) refiere a: *“Un método para producir una planta de caña de azúcar (Saccharum spp.) modificada genéticamente, que comprende las etapas de:(...)”*. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D4
Un método para producir una planta de caña de azúcar (<i>Saccharum</i> spp.) modificada genéticamente, que comprende las etapas de:	Un método para obtener una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína CRY1AC que comprende (Todo el documento).	Un método para producir una planta de caña de azúcar resistente a áfidos caracterizada porque comprende un polinucleótido que codifica para una proteína Cry1A dentro del genoma de la planta (Reiv. 20). La SEQ ID NO: 8 de D5 tiene un 87.39% de identidad con la SEQ ID NO: 20 de la solicitud (alineamiento 9).
a) introducir una construcción genética que comprende la SEC ID nro.: 20, y la SEC ID nro.: 21, dentro de una cepa de <i>Agrobacterium</i> ;	Realizar una construcción genética que comprende la secuencia del gen cry1AC bajo un promotor 35S y un terminador <i>nos</i> (Pág. 2, sección - Vector construction).	Introducir una construcción genética que comprende el gen cry1AC de SEQ ID NO: 8 en una cepa de <i>Agrobacterium</i> (secciones, - 2. Construction of a recombinant expression vector containing the Cry1A gene y 3. Recombinant expression vector transforming <i>Agrobacterium</i>).
b) obtención de callos embrionarios a partir de rollos de hojas inmaduras o tallos superiores de caña de azúcar (<i>Saccharum</i> spp.);	Los callos embrionarios del cultivar de caña de azúcar FN15 se derivan de segmentos transversales de la región del enrollamiento de la hoja joven con el meristemo apical y son cortados en 1 a 2 mm en discos gruesos y cultivados en medio MS que contiene 3,0 mg/l de ácido diclorofenoxiacético	Obtener callos embrionarios desde la parte superior del tallo de la planta tomando un segmento de hoja con meristemo de 5 a 7 cm de largo, cultivar en un medio de inducción durante 20 días en oscuridad (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants),

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

	(2,4-D) en la oscuridad durante 2 a 4 semanas (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	
c) co-cultivo de callos embrionógicos con un cultivo de Agrobacterium;	La transformación de los callos se realizó por bombardeo de tal forma que el plásmido construido (pGcry1Ac0229) se recubre en partículas de tungsteno antes del bombardeo y aproximadamente 1,0 µg de ADN se usa para cada bombardeo. (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	co-cultivar los callos embrionógicos con una solución de infección que comprende Agrobacterium con el plásmido de interés (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants),
d) seleccionar células transformadas que contienen el fragmento funcional en medio de cultivo que contiene glufosinato de amonio; y	Después del procedimiento, los callos se extienden sobre la superficie del medio y se cultivan durante 1 día a 28°C en oscuridad, posteriormente los callos son transferidos al medio de inducción de MS. que contiene 2,4-D y fosfotricina (PPT) y se cultiva en oscuridad. por 2 semana (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	los callos que son pasados por la solución de infección se transfieren a medio de cultivo que comprende acetosiringona y se dejan 3 días, después se transfiere a un medio de diferenciación que comprende cefalosporina e higromicina y se transfieren a medio de enraizamiento con un agente de detección de higromicina (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants),
e) regenerar plantas de caña de azúcar transformadas, caracterizadas porque las plantas de caña de azúcar modificadas genéticamente comprenden la SEC ID nro. 20, y la SEC ID nro.: 21.	Para la regeneración, los callos se transfirieron a un medio de regeneración MS. que contiene 1 6-benciladenina (6-BA), 1,0 mg/L de cinetina (KT) y 0,75 mg/L de PPT, y se cultivan durante varios ciclos alternando condiciones de luz y oscuridad durante 2 semanas a 28°C hasta que las plántulas de caña de azúcar se regeneran. Luego, las plántulas se transfirieron a un medio de enraizamiento ½MS que contiene 3,0 mg/l de ácido 1-naftilcético (NAA) hasta que se desarrollan las raíces. Los transformantes putativos viables son transferidos al suelo en invernadero y cuando crecen de 5 a 8 cm de altura, se rocían con una solución de Basta (ingrediente activo fosfotricina/glufosinato de amonio) al 3 ‰ (V/V) para el cribado preliminar (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	Las plantas modificadas fueron confirmadas por PCR tiempo real con sondas Taq man encontrando que comprenden el constructo insertado (sección - The specific methods for detecting the copy number of the Cry1A gene and the Vip3A gene are as follows).

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 29, ya que divulga un método para obtener una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína CRY1AC cual comprende realizar una construcción genética que comprende la secuencia del gen cry1AC bajo un promotor 35S y un terminador nos. Además, de seleccionar callos embrionarios del cultivar de caña de azúcar FN15 que se derivaran de segmentos transversales de la región del enrollamiento de la hoja joven con el meristemo apical y son cortados en 1 a 2 mm en discos gruesos y cultivados en medio MS que contiene 3,0 mg/l de ácido diclorofenoxiacético (2,4-D) en la oscuridad durante 2 a 4 semanas (Pág. 3, sección - Transformation and screening). La



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

transformación de los callos se realiza por bombardeo de tal forma que el plásmido construido (pGcry1Ac0229) se recubre con partículas de tungsteno antes del bombardeo y aproximadamente 1,0 µg de ADN se utiliza para cada bombardeo. (Pág. 3, sección - Transformation and screening). Posteriormente, los callos se extendieron sobre la superficie del medio y se cultivó durante 1 día a 28°C en oscuridad, posteriormente los callos son transferidos al medio de inducción de MS. que contiene 2,4-D y fosfinotricina (PPT) y se cultiva en oscuridad. por 2 semana (Pág. 3, sección - Transformation and screening). Para la regeneración, los callos se transfieren a un medio de regeneración MS. que contiene 1 6-benciladenina (6-BA), 1,0 mg/L de cinetina (KT) y 0,75 mg/L de PPT, y se cultivaron durante varios ciclos alternando condiciones de luz y oscuridad durante 2 semanas a 28°C hasta que las plántulas de caña de azúcar se regeneraron. Luego, las plántulas se transfirieron a un medio de enraizamiento ½MS que contiene 3,0 mg/l de ácido 1-naftilcético (NAA) hasta que se desarrollaron las raíces. Los transformantes putativos viables son transferidos al suelo en invernadero y cuando crecen de 5 a 8 cm de altura, se rocían con una solución de Basta (ingrediente activo fosfinotricina/glufosinato de amonio) al 3 ‰ (V/V) para el cribado preliminar (Pág. 3, sección - Transformation and screening). Para cribar se utiliza PCR punto final y PCR tiempo real para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, donde los cebadores van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCGT o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA (tabla 1). Donde el cebador directo Bt tiene un 80.97% y un 57.14% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto que el cebador reverso Bt tiene 44.86% y un 85.71% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). Adicionalmente, el cebador directo bar tiene un 100% y un 60% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, mientras el cebador reverso bar tiene un 53.33% y un 100% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 29 y el método divulgado en D1, consiste en la SEQ ID NO: 20 o 21, la transformación mediada por *Agrobacterium* y en que el medio de cultivo comprenda contenga glufosinato de amonio.

No hay evidencia de que de que introducir la SEQ ID NO: 20 o 21, una transformación mediada por *Agrobacterium* y seleccionar con glufosinato de amonio proporcione un método con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que un método para generación de una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína cry1ac con el cual se obtienen 14 líneas transgénicas de caña de azúcar en las cuales se obtuvieron variables agronómicas y de producción de azúcar similar al control no transgénico, sin embargo, las plantas transgénicas mostraron tener resistencia al barrenador teniendo menos daños en tallos y hojas, en tanto que los barrenadores mostraron ser más susceptibles y tener una mayor supervivencia en dichas líneas con la proteína CRY en comparación con los controles no transgénicos ya está previsto en dicho documento (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening, Figs. 5 y 7, Págs. 9 y 10, sección - Transgenic sugarcane lines are resistant to sugarcane borer).

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar el método conocido en D1 con el fin de proporcionar otro método alternativo?

Sin embargo, el incluir un método para obtener plantas de caña de azúcar transgénicas resistentes contra un insecto plaga en el cual la transformación es mediada por *Agrobacterium* ya está divulgado en D4 que se refiere a un método para producir una planta de caña de azúcar resistente a áfidos caracterizada porque comprende un polinucleótido que codifica para una proteína Cry1A dentro del genoma de la planta (Reiv. 20). El método comprende introducir una construcción genética que comprende el gen cry1AC de SEQ ID NO: 8 en una cepa de *Agrobacterium*. Posteriormente, obtener callos embrionarios desde la parte superior del tallo de la planta tomando un segmento de hoja con meristemo de 5 a 7 cm de largo y cultivar dichos callos en un medio de inducción durante 20 días en obscuridad (secciones, - 2. Construction of a recombinant expression vector containing the Cry1A gene y 3. Recombinant expression vector transforming *Agrobacterium* y sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants), en seguida co-cultivar los callos embriogénicos con una solución de infección que comprende *Agrobacterium* con el plásmido de interés (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants). Los callos que son pasados por la solución de infección se transfieren a medio de cultivo que comprende acetosiringona y se dejan 3 días, después se transfiere a un medio de diferenciación que comprende cefalosporina e higromicina y se transfieren a medio de enraizamiento con un agente de detección de higromicina (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants), Las presuntas plantas transgénicas son confirmadas por PCR tiempo real con sondas Taq man encontrando que comprenden el constructo insertado (sección - The specific methods for detecting the copy number of the Cry1A gene and the Vip3A gene are as follows). La SEQ ID NO: 8 de D4 tiene un 87.39% de identidad con la SEQ ID NO: 20 de la solicitud (alineamiento 9).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1:	WO_2020243806_20	100.00	87.39
2:	WO_2016101683_8	87.39	100.00

Alineamiento 9. Entre la SEQ ID NO: 8 de D4 y la SEQ ID NO: 10 de la solicitud.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir un constructo para obtener plantas transgénicas de caña que expresan una proteína CRY1AC como lo sugiere D4 en el método de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 26. Por lo cual se considera obvia.

La reivindicación dependiente 31 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al método de la reivindicación 29, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

10. Conclusión

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

Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	Gao, S., et al. <i>PloS one</i>	14	Novedad
		5, 10, 11, 12, 13, 15 a 22, 24, 25 a 27, 29 y 31	Nivel inventivo
D2	WO2016188332A1	11, 12, 26 y 27	Nivel inventivo
D3	CN103805620A	13, 15 a 22, 24 y 25	Nivel inventivo
D4	WO2016101683A1	29 y 31	Nivel inventivo

En cumplimiento del artículo 45 de la Decisión 486 de 2000, 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 modifica el capítulo reivindicatorio, deberá observar las instrucciones contenidas en el numeral 1.2.2.1.1., del Capítulo Primero del Título X de la Circular Única de esta Superintendencia. De igual forma, deberá tener presente que de conformidad con el literal a) del numeral 1.2.2.5.1. de la norma ibidem, será necesario acreditar el pago de la tasa por concepto de modificación a solicitudes en trámites, de conformidad con el valor establecido en la resolución de tasas vigentes.

Notifíquese el presente oficio conforme a lo dispuesto en el numeral 6.2 del Capítulo Sexto del Título I de la Circular Única, informándoles que contra el mismo no procede recurso alguno en actuación administrativa.



Edna Marcela Ramirez Orozco
DIRECTORA DE NUEVAS CREACIONES



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

INFORME DE BÚSQUEDA
EXAMEN DE PATENTABILIDAD

Solicitud No.		Examen de patentabilidad							
NC2021/0017527		1°	x	2°		3°		Revoca	
Solicitud Internacional No.		Fecha solicitud internacional: (DD/MM/AÑO)							
PCT/BR2020/050201		4 de junio de 2020							
Fecha de determinación estado de la técnica (DD/MM/AÑO)				Prioridad		Presentación			
04/06/2019				X					
Solicitante									
CTC - CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA S.A.									
Reivindicaciones que no son objeto de búsqueda por:									
Art. 14	23	Art. 15	1 a 4, 6 a 9 y 28	Art. 20	30 y 32	Art. 25 (Falta de unidad de invención)		-	

CRITERIOS DE BÚSQUEDA	
Reivindicaciones objeto de búsqueda	5, 10 a 22, 24 a 27, 29 y 31
Palabras clave utilizadas	Sugarcane plant, transgenic, stem borers, cry1AC gene, bar gene, pesticide, pest, sugarcane borer, CRY1AC protein, <i>Bacillus thuringensis</i> , construct, plasmid, amplicon, PCR, primers, forward, reverse, real time PCR, <i>Diatraea saccharalis</i> , SEQ ID NO: 6 a 9, 12, 13, 20, 22, 23, 24, 30, 21.
Clasificaciones utilizadas para la búsqueda	CIP: C12N 15/11, C12N 15/113, C12N 15/32, C12N 15/63, C12N 15/82, C12N 5/10, A01H 5/00, A01H 5/10

DOCUMENTOS CONSIDERADOS RELEVANTES (Documentos patente, Literatura no patente (LNP): Artículos, catálogos, etc.)					
Informes de búsqueda / Bases de datos consultadas	N° de solicitud de patente / N° de patente / Autor LNP(¹)	Fecha de Publicación /Presentación (DD/MM/AAAA)	Reivindicaciones /Secuencias afectadas	Citas relevantes del estado de la técnica	Categoría del documento citado(²)
SIPI	06030128	27/03/2006	-	-	A
	NC2016/0002017	20/09/2016	-	-	A
	NC2017/0011168	30/10/2017	-	-	A
	08125763	26/11/2008	-	-	A
	12119353	16/07/2012	-	-	A
	97069522	27/11/1997	-	-	A
THE LENS	WO2016188332A1	01/12/2016	11, 12, 26 y 27	Abstract, Ejemplo 1	Y
	WO2016101683A1	30/06/2016	13, 15 a 22, 24 y 25	Abstract, secciones, - 2. Construction of a recombinant expression vector containing the Cry1A gene y 3. Recombinant expression vector transforming Agrobacterium y sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants,	Y
	US20020144305A1	27/02/2001	-	-	A
	US20030126634A1	02/07/2004	-	-	A
	US20100009851A1	13/06/2010	-	-	A
	US20140075593A1	12/03/2014	-	-	A
	GENBANK Accesión No AQ683700.1	21/12/2017	-	-	A
ISA/ EPO	WO2017218969A1	21/12/2017	-	-	A
	US20180016591A1	18/01/2018	-	-	A
	CN103805620A	21/05/2014	13, 15 a 22, 24 y 25	Abstract, Reiv. 5, tabla 1	Y
EPO	Gianotto, A. C., et al.	20/08/2019	-	-	A
EPO/	Weng, L. X., et al.	03/11/2010	-	-	A



Oficio N° 6117 de 1 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

SPRINGER LINK					
EPO/ PUBMED	Zhou, D., <i>et al.</i>	08/03/2016	-	-	A
PATBASE	WO19070554A1	11/04/2019	-	-	A
	US2018208631AA	26/07/2018	-	-	A
	US2010132074AA	27/05/2010	-	-	A
	US2016194650AA	07/07/2016	-	-	A
	US2017298371AA	19/10/2017	-	-	A
	US2015052634AA	19/02/2015	-	-	A
	US2013042374AA	14/02/2013	-	-	A
	WO18111553A1	21/06/2018	-	-	A
	US2013042374AA	14/02/2013	-	-	A
	WO18052919A1	22/03/2018	-	-	A
	WO15168158A1	05/11/2015	-	-	A
PUBMED	Gils, M., <i>et al.</i>	04/2008	-	-	A
GOOGLE/ PUBMED	Gao, S., <i>et al.</i>	19/04/2016	14	Abstract, Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening.	X
			5, 10, 11, 12, 13, 15 a 22, 24, 25 a 27, 29 y 31		Y
GOOGLE	Zhou, D., <i>et al.</i>	10/12/2018	-	-	A
	Zhou, D., <i>et al.</i>	09/05/2014	-	-	A
(¹) Cita completa literatura no patente (LNP) Apellido, A. A. (Fecha). Título del artículo. Nombre de la revista. Volumen(Número), pp-pp. O Apellido, A. A. (Fecha). Título del artículo. Nombre de la revista. Recuperado de http://xxxxxxx.		Gils, M., <i>et al.</i> (2008). A novel hybrid seed system for plants. <i>Plant biotechnology journal</i> , 6(3), 226–235.			
		Gao, S., <i>et al.</i> (2016). Transgenic Sugarcane with a cry1Ac Gene Exhibited Better Phenotypic Traits and Enhanced Resistance against Sugarcane Borer. <i>PLoS one</i> , 11(4), e0153929.			
		Gianotto, A. C., <i>et al.</i> (2019). The insect-protected CTC91087-6 sugarcane event expresses Cry1Ac protein preferentially in leaves and presents compositional equivalence to conventional sugarcane. <i>GM crops & food</i> , 10(4), 208–219.			
		Weng, L. X., <i>et al.</i> (2011). Transgenic sugarcane plants expressing high levels of modified cry1Ac provide effective control against stem borers in field trials. <i>Transgenic research</i> , 20(4), 759–772			
		Zhou, D., <i>et al.</i> (2016). Cry1Ac Transgenic Sugarcane Does Not Affect the Diversity of Microbial Communities and Has No Significant Effect on Enzyme Activities in Rhizosphere Soil within One Crop Season. <i>Frontiers in plant science</i> , 7, 265.			
		Zhou, D., <i>et al.</i> (2018). Foreign cry1Ac gene integration and endogenous borer stress-related genes synergistically improve insect resistance in sugarcane. <i>BMC plant biology</i> , 18(1), 342.			
		Zhou, D., <i>et al.</i> (2014). Establishment and application of a loop-mediated isothermal amplification (LAMP) system for detection of cry1Ac transgenic sugarcane. <i>Sci Rep</i> 4, 4912			
(²) Categorías de documentos citados					
“A” Documento que define el estado general de la técnica no considerado como particularmente relevante.			“T” Documento publicado en fecha posterior a la de presentación o la de prioridad de la solicitud internacional y no entra en conflicto con dicha solicitud, pero puede ser útil para la mejor comprensión del principio o teoría en que se basa la invención, o para demostrar que el razonamiento o los hechos en los que se basa dicha invención son incorrectos.		
“E” Solicitud de patente o patente anterior pero publicada en la fecha de presentación internacional o en fecha posterior.			“X” Documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse nueva o que implique una actividad inventiva por referencia al documento aisladamente considerado.		
“L” Documento citado para llamar la atención sobre por ejemplo, dudas acerca de una reivindicación de prioridad o para determinar la fecha de publicación de otra cita, siempre van acompañados de una explicación, por la cual se citan.			“Y” Documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse que implique una actividad inventiva cuando el documento se asocia a otro u otros documentos de la misma naturaleza, cuya combinación resulta evidente para un experto en la materia.		
“O” Documento del tipo actas de conferencia, este tipo de documentos siempre estará acompañado por otra letra que indique la pertinencia del documento, por ejemplo, O,X, O,Y o bien O,A.					
“P” Documento publicado antes de la fecha de presentación internacional pero con posterioridad a la fecha de prioridad reivindicada.					
Fecha del reporte de búsqueda: (11/03/2024)					

