

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

Señores
EG CROP SCIENCE, INC.

TÍTULO DE LA SOLICITUD: “IDENTIFICACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A PARTIR DE PARIENTES SILVESTRES DEL PLÁTANO Y SUS USOS EN EL CONTROL DEL MAL DE PANAMÁ”

NÚMERO DE SOLICITUD INTERNACIONAL: PCT/US2020/036828

FECHA DE PRESENTACIÓN INTERNACIONAL: 9 de junio de 2020.

PRIORIDADES: US 62/866,872 26 de junio de 2019.

US 62/912,010 7 de octubre 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 15 de julio de 2022 bajo el número NC2022/0009997, 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 plantas de plátano que sean resistentes a la marchitez por *Fusarium* o mal de Panamá.

Para resolver dicho problema técnico, la solicitud en estudio plantea un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico que confiere resistencia a *Fusarium oxysporum* raza 4 cuando se expresa en una planta, en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11 y SEQ ID NO: 18; o, alternativamente, en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 21 y SEQ ID NO: 24, y en donde la secuencia de ácido nucleico está unida operativamente a un promotor capaz de dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico.

3. Reivindicaciones estudiadas

El presente estudio se basa en el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2022/0009997 presentado el 15 de julio de 2022.

4. Excepción de Patentabilidad

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

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 5 y 15 a 17 no es patentable, toda vez que, reclama una planta o parte de la misma pese a que sea una planta transgénica.

5. De la solicitud de patente

5.1. 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: “CONSTRUCTO QUE COMPRENDE UNA SECUENCIA DE ÁCIDO NUCLEICO DE UN GEN FUSR1 QUE CODIFICA UNA PROTEÍNA DE RESISTENCIA CONTRA *FUSARIUM OXYSPOURUM* RAZA 4 PARA SU EXPRESIÓN EN PLANTAS DE BANANO”.

5.2. Reivindicaciones

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 1 no es clara y carece de sustento porque menciona “*en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11 y SEQ ID NO: 18 o, alternativamente, en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 21 y SEQ ID NO: 24*” pero no se evidencia en la descripción secuencias con al menos el 95% de identidad con las secuencias mencionadas, dado que, esto daría lugar a un sinnúmero de secuencias que no son exploradas por el solicitante. Además, menciona “*una secuencia seleccionado*” cuando debería ser “*una secuencia seleccionada*”. Se sugiere realizar las correcciones respectivas y eliminar el porcentaje de identidad únicamente reclamando las secuencias que encuentran sustento en la descripción. Adicionalmente, la reivindicación 1 no es clara porque menciona “o,

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

alternativamente” lo cual corresponde a una expresión optativa que no limita el alcance de la reivindicación. Se sugiere incluir las características opcionales o preferentes si son verdaderas modalidades en una reivindicación dependiente. Así mismo, la reivindicación 1 no es clara porque no menciona todas las características técnicas esenciales del constructo, como se puede evidenciar en la expresión “*en donde la secuencia de ácido nucleico está unida operativamente a un promotor capaz de dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico*” pero no menciona cuál es el promotor. Se sugiere indicar el promotor de acuerdo con lo divulgado en la descripción e indicar que es un promotor heterólogo.

La reivindicación 1 carece de sustento porque no se evidencia en la descripción el desarrollo de un constructo que comprenda las secuencias mencionadas y que el mismo se use para la transformación de las plantas. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes. Adicionalmente, la reivindicación 1 no es clara porque menciona “*cuando se expresa en una planta*” pero no menciona cuál es la planta, se sugiere mencionar cuál es la planta de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 3 menciona características técnicas esenciales del constructo que deberían ser mencionadas en la reivindicación independiente, se sugiere incluir dichas características en la reivindicación independiente 1.

La reivindicación 4 no es clara y carece de sustento porque menciona “*que comprende una secuencia de ácido nucleico que confiere resistencia a Fusarium oxysporum raza 4 cuando se expresa en una planta, en donde dicha secuencia de ácido nucleico es la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 31*” pero la SEQ ID NO: 31 no es un gen de resistencia, dado que, en la descripción se indica que es la secuencia del promotor que está unido operativamente a la secuencia del gen que confiere resistencia. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes. Así mismo, no es clara porque menciona “*cuando se expresa en una planta*” pero no menciona cuál es la planta, se sugiere mencionar que la planta es de banano.

La reivindicación 6 no es clara porque menciona una célula de una planta pero no indica cuál es la planta, se sugiere mencionar que la célula es de una planta de banano.

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

5.3. 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.

La descripción no es clara ni suficiente porque menciona “*En algunas modalidades, un fragmento de un polipéptido o polinucleótido comprende al menos 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % de la longitud total del polipéptido o polinucleótido de referencia. En algunas modalidades, un polipéptido o fragmento de polinucleótido puede contener 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000, 2000 o más nucleótidos o aminoácidos*” lo cual da lugar a un sinnúmero de polipéptidos o polinucleótidos que no son explorados por el solicitante. De esta forma una persona normalmente capacitada tendría una carga excesiva de ensayo y error para poder llegar al polipéptido o al polinucleótido reclamado.

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

La descripción no es clara ni suficiente porque menciona *“En algunas modalidades, la presente descripción proporciona secuencias de nucleótidos para FusR1, homólogos de FusR1, ortólogos de FusR1, parálogos de FusR1 y fragmentos y variaciones de los mismos que comprenden secuencias de nucleótidos que comparten al menos aproximadamente el 70 %, aproximadamente el 75 %, aproximadamente el 80 %, aproximadamente el 81 %, aproximadamente el 82 %, aproximadamente el 83 %, aproximadamente el 84 %, aproximadamente el 85 %, aproximadamente el 86 %, aproximadamente el 87 %, aproximadamente el 88 %, aproximadamente el 89 %, aproximadamente el 90 %, aproximadamente el 91 %, aproximadamente el 92 %, aproximadamente el 93 %, aproximadamente el 94 %, aproximadamente el 95 %, aproximadamente el 96 %, aproximadamente el 97 %, aproximadamente el 98 % o aproximadamente el 99 %, aproximadamente el 99,1 %, aproximadamente el 99,2 %, aproximadamente el 99,3 %, aproximadamente el 99,4 %, aproximadamente el 99,5 %, aproximadamente el 99,6 %, aproximadamente el 99,7 %, aproximadamente el 99,8 % o aproximadamente el 99,9 % de identidad de secuencia con respecto a la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 17 o SEQ ID NO: 18. En algunas modalidades, las secuencias de nucleótidos para FusR1, homólogos de FusR1, ortólogos de FusR1, parálogos de FusR1 y fragmentos y variaciones de los mismos tienen las secuencias de ácido nucleico de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 17 o SEQ ID NO: 18”*, de igual manera, menciona secuencias con al menos el 95% de identidad con las SEQ ID NOs: 21 y 24, pero una secuencia con al menos un porcentaje de identidad de los mencionados con las secuencias nombradas, darían lugar a un sinnúmero de secuencias de genes que codifican proteínas de resistencia que no son explorados por el solicitante. Además, no es posible extrapolar los efectos reclamados a cualquier secuencia. De esta forma, una persona capacitada en la materia tendría una carga excesiva de ensayo y error para llegar a la secuencia del gen que tiene los efectos técnicos. Adicionalmente, tampoco es clara ni suficiente porque menciona secuencias con al menos el 95% de las SEQ ID NO

El capítulo descriptivo no es claro ni suficiente porque menciona *“En algunas modalidades, dichas secuencias de nucleótidos pueden usarse para incorporarse en un casete de expresión, que es capaz de dirigir la expresión de una secuencia de nucleótidos para FusR1, homólogos de FusR1, ortólogos de FusR1, parálogos de FusR1 y fragmentos y variaciones de los mismos en una célula vegetal, por ejemplo, variedades de plátano descritas en la presente descripción. Este casete de expresión comprende un promotor unido operativamente a la secuencia de nucleótidos de interés (es decir, FusR1, ortólogos de FusR1 y fragmentos y variaciones de los mismos) que está unido operativamente a señales de terminación. También comprende típicamente secuencias necesarias para la traducción adecuada de la secuencia de nucleótidos”* pero no se evidencia a lo largo del capítulo y sus ejemplos el desarrollo de un constructo para transformación en plantas con las secuencias mencionadas, tampoco se evidencia que se obtengan plantas transformadas con los constructos y que se evalúe la resistencia contra *Fusarium oxysporum* raza 4. Por tanto, no se evidencia ningún efecto técnico de las secuencias mencionadas y de los constructos que comprenden dichas secuencias. Además, en los ejemplos se mencionan expresiones como *“Los sistemas de transformación de plátano usarán material estéril de cepas de banano seleccionadas”, “Estas metodologías se centrarán en las condiciones de cultivo de tejidos, al identificar diferentes tipos de tejidos para regeneración/disparo, formulaciones de medios, cepas de agrobacterias, casetes de selección, construcción de vectores de control y administración, administración de genes, marcadores seleccionables y sustratos de tejido/célula objetivo para el suministro y transformación del ADN”, “Los vectores que se usarán según sea necesario incluyen, pero no se limitan a, vectores apilados de múltiples genes, vectores de genes policistronicos y vectores de edición CRISPR de múltiples*

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

ARNg para probar la eficacia en plátano. Las pruebas se realizarán en eventos T0 para mostrar la presencia y el número de copias del gen marcador seleccionable o del GOI” o “las plantas transformadas con los vectores CRISPR/Cas9 se regenerarán y someterán a prueba para verificar la introducción de los vectores CRISPR/Cas9 en las células vegetales de interés. Como control para la inducción de indeles, también se usará en este experimento un constructo que exprese Cas9 de tipo silvestre”, lo que indica que los constructos y los ensayos de transformación para obtener las plantas que expresan los genes de interés se realizarán a futuro y no parecen ser desarrollados en la presente invención. Por tanto, no son exploradas dichas secuencias, ni los constructos, ni el método de obtención de plantas que expresen dichas secuencias, y tampoco se evidencia los efectos de incluir dichas secuencias en plantas de plátano. De esta forma, una persona normalmente capacitada tendría una carga excesiva de ensayo y error para poder llegar a los constructos con los efectos reclamados, además no tendría las herramientas suficientes para el desarrollo de dichos constructos que tienen efectos técnicos.

La descripción no es clara porque la tabla 1 menciona “*Secuencia de proteínas de FUSR1 resistente a FW*” pero únicamente se está refiriendo a una proteína, además no se indica cuál es la SEQ ID NO de dicha proteína. Además, menciona “*Secuencia codificante del alelo*” pero no es posible que una secuencia codifique un alelo porque en los dos casos tanto la secuencia codificante como el alelo son de ADN. Adicionalmente, menciona “*Secuencia aguas arriba, que incluye la secuencia promotora, del alelo 1 resistente a FW de FusR1 de M. acuminata*”, pero la página 4 menciona “*En algunas modalidades, el promotor es un promotor 35S. En algunas modalidades, el promotor está codificado por la SEQ ID NO: 31*”, por lo cual, no es claro si la SEQ ID NO: 31 es la secuencia promotora o esta se encuentra comprendida en dicha SEQ ID NO.

La descripción no es clara porque menciona “*De acuerdo con la presente descripción, el nuevo gen FusR1 y sus ortólogos serán útiles para facilitar la construcción de plantas de cultivo que sean resistentes a enfermedades patógenas, especialmente enfermedades provocadas por patógenos fúngicos, virus, nemátodos, insectos y similares*” pero la expresión “*facilitar la construcción de plantas*” no es clara porque no es posible construir plantas sino obtener plantas transgénicas o transformar plantas.

La descripción no es clara porque menciona “*Las secuencias también pueden usarse para modular los procesos de desarrollo de las plantas, tales como el desarrollo del polen, la regulación de la forma de los órganos, la diferenciación de aleurona y la epidermis de los brotes, la competencia embriogénica y las interacciones célula/célula*” pero las secuencias reclamadas no tienen que ver con los procesos que se proponen modular, únicamente están relacionadas con eventos de resistencia contra Fw.

La descripción no es clara porque menciona “*barajado de ADN*” pero no es claro a qué se refiere dicha expresión.

El capítulo descriptivo no es claro y carece de sustento porque menciona “*la presente descripción proporciona una secuencia de nucleótidos que codifica FUSR1 y/o fragmentos funcionales y variaciones de la misma*” pero no se evidencia que se presenten “*fragmentos funcionales*” ni cuáles serían los mismos o “*variaciones*”. Además, esto daría lugar a un sinnúmero de secuencias que no son exploradas por el solicitante. Así las cosas, no es posible extrapolar efectos técnicos a cualquier fragmento de las secuencias divulgadas. Por tanto, una persona normalmente capacitada tendría una carga excesiva de ensayo y error para llegar a las secuencias que tienen los efectos reclamados.

El capítulo descriptivo no es claro porque menciona “*se tamian in silico*” cuando debería ser “*se tamizan in silico*”.

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

La descripción no es clara ni suficiente porque menciona cebadores para la elaboración de constructos para la evaluación de plantas transformadas por PCR y únicamente se refiere a “*Las secuencias de cebadores se diseñaron contra regiones homólogas de genes objetivo supuestos con temperaturas de hibridación de 57 °-64° C mediante el uso del programa OligoAnalyzer Tool (IDT, Coralville, IA). Los cebadores se adquirieron de IDT*” pero no menciona cuáles son dichos cebadores. Por tanto, una persona capacitada no tendría los elementos suficientes para obtener los amplicones en cada uno de los casos.

La descripción no es clara porque menciona “*plantas de plátano*” pero al parecer es un error de traducción y debería ser “*plantas de banano*”.

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.

6. Determinación del Estado de la Técnica

No se acepta la reivindicación de prioridad para las reivindicaciones 1 a 4 y 6 a 14 porque las SEQ ID NOs: 18, 21, 24 y 31 no están contenidas en la solicitud de patente sobre la cual se reivindica prioridad. Por lo tanto, la fecha para la determinación del estado de la técnica será la fecha de presentación que es el 12 de enero de 2022.

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	Dale, J., <i>et al. Nat Commun</i>	“Transgenic Cavendish bananas with resistance to Fusarium wilt tropical race 4”	14 de noviembre de 2017
D2	Van Den Berg, N., <i>et al. Molecular plant pathology</i>	“Tolerance in banana to Fusarium wilt is associated with early up-regulation of cell wall-strengthening genes in the roots”	19 de febrero de 2007

D1¹ divulga un constructo que comprende un gen RGA2 que confiere resistencia a *Fusarium oxysporum* fsp *cubense* raza tropical 4 (Foc RT4) cuando es expresado en plantas de plátano (Pág. 2, sección - Generation and characterization of transgenic banana plants).

D2² divulga genes que se expresan en plantas de la variedad Cavendish de banana que muestran una baja severidad e incidencia de la enfermedad después de la inoculación con el patógeno (Abstract, Pág. 334, secciones - Pathogenicity trial y Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA).

7. 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

¹Dale, J., *et al.* (2017). Transgenic Cavendish bananas with resistance to Fusarium wilt tropical race 4. *Nat Commun* 8, 1496. Recuperado desde: <https://www.nature.com/articles/s41467-017-01670-6>

²Van Den Berg, N., *et al.* (2007). Tolerance in banana to Fusarium wilt is associated with early up-regulation of cell wall-strengthening genes in the roots. *Molecular plant pathology*, 8(3), 333–341. Recuperado desde: <https://bsppjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/j.1364-3703.2007.00389.x>

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

de la solicitud en estudio, esta Oficina presenta a continuación el análisis de los requisitos de patentabilidad.

7.1. 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 1 (Radicado NC2022/0009997 del 15 de julio de 2022) refiere a: “*Un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico (...)*”. 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 constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico	Un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization).	Una secuencia de ácido nucleico que se expresa en una plantas de <i>M. acuminata</i> Cavendish en GCTCV-218 con resistencia después de la inoculación de <i>Fusarium oxysporum</i> RT4 (Abstract, Pág. 34, secciones - Pathogenicity trial y Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA).
en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11 y SEQ ID NO: 18;	en donde la secuencia corresponde a un gen RGA2 de <i>Musa acuminata</i> ssp. <i>malaccensis</i> que codifica una proteina de resistencia contra <i>Fusarium oxysporum</i> RT4 (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization).	Dicha secuencia codifica para una proteína que es un inhibidor de tripsina que tienen alta homología con una proteína previamente reportada de <i>Vigna unguiculata</i> y que esta en una categoría funcional de inhibidor de proteasa, siendo la dicha secuencia de GCTCV-218 depositada que corresponde al DQ 531617 y que esta depositada en la base de datos del NCBI con la accesión GenBank: DQ531617.1 (tabla 1, pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA), la cual tiene un 96.93% de identidad con las SEQ ID NOS: 11 y 18 de la solicitud, y un 97.16% con la SEQ ID NO: 9 de la solicitud (alineamiento 1).
o, alternativamente, en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 21 y SEQ ID NO: 24,		La secuencia de ácido nucleico de accesión DQ531617.1 de D2 tiene una identidad del 91.73%, 92.20%, 94.79% y 90.54% con las SEQ ID NOS: 2, 5, 21 y 24 de la solicitud respectivamente (alineamiento 2).
y en donde la secuencia de ácido nucleico está unida operativamente a un promotor capaz de dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico.	y en donde la secuencia esta unida de manera operativa a un promotor para el control de expresion (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization).	No menciona



Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 1, ya que divulga un constructo binario que comprende una secuencia de un gen RGA2 (gen análogo de resistencia 2 que codifica una proteína putativa de resistencia tipo NB-LRR contra *Fusarium oxysporum* RT4) de *M. acuminata* ssp. *malaccensis* bajo el control de un promotor vegetal con un terminador derivado del virus del mosaico del coliflor 35S y donde el promotor es Nos-P de *Agrobacterium tumefaciens* y secuencias terminadoras (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization, Fig. 1A). Dicho vector fue usado en un método para transformar células embrionarias desde flores masculinas inmaduras de la especie *M. acuminata* Cavendish cv. GN (grupo AAA) la cual fue mediada por *A. tumefaciens* y, posteriormente, las plantas derivadas de embriones simples fueron regeneradas y tamizadas por la presencia de transgenes mediante PCR con cebadores específicos (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization). De esta forma, se obtiene seis líneas de RGA2 que expresan varias copias del gen RGA2, las cuales fueron evaluadas en un campo con alta incidencia de *Fusarium oxysporum* RT4 durante un período de tres años, donde de 118 muestras evaluadas, 107 no mostraron síntomas de decoloración vascular típico de Foc RT4, en tanto, 11 muestras presentaron decoloración vascular de las cuales 10 dieron positivo para la presencia de Foc RT4 (Pág. 2, sección - Generation and characterization of transgenic banana plants). Adicionalmente, se encontró una relación positiva entre la expresión de RGA2 y la capacidad de resistencia de las plantas en las diferentes líneas, donde la línea RGA2-3 fue la que presentó mayor expresión siendo esta la línea más resistencia, en tanto, la línea más susceptible fue RGA2-7 con un 60% de infección mostraba los niveles más bajos que eran aproximadamente diez veces más bajos que los mostrados por RGA2-3 (Pág. 3, sección - Analysis of gene expression levels).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 1 y el constructo divulgado en D1, consiste que la secuencia de ácido nucleico de la solicitud se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11 y SEQ ID NO: 18; o, alternativamente, en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionada del grupo 10 que consiste en SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 21 y SEQ ID NO: 24 .

No hay evidencia de que el incluir específicamente una secuencia de ácido nucleico que se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11 y SEQ ID NO: 18 ; o, alternativamente, en donde dicha secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionada del grupo 10 que consiste en SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 21 y SEQ ID NO: 24 proporcione un constructo con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que, un constructo que comprende un ácido nucleico que codifica una proteína de resistencia RGA2 contra Foc RT4 de tal forma que cuando es transformado en plantas se obtiene líneas transgénicas que presentan resistencia contra FocRT4 en condiciones de infección natural en campo caracterizado por la ausencia de síntomas de decoloración vascular ya había sido previsto en dicho documento (Pág. 2, sección - Generation and characterization of transgenic banana plants, Fig. 2). Adicionalmente, no se evidencia un efecto técnico de cualquier secuencia con al menos un 95% de identidad con alguna de las SEQ ID NOs: 9, 11, 18, 5, 21 o 24.

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

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, una secuencia de ácido nucleico que tiene al menos un 95 % de identidad de secuencia con una secuencia seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11 y SEQ ID NO: 18 presente en plantas con resistencia a Foc RT4 ya está divulgado en D2 que se refiere a genes que se expresan en plantas de la variedad cavendish de banana que muestran una baja severidad e incidencia de la enfermedad después de la inoculación con el patógeno (Abstract, Pág. 34, secciones - Pathogenicity trial y Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA). Donde el tamizaje de las plantas resistentes permitió la elaboración de una librería de cADN de 736 de clones de banana enriquecidos con genes expresados diferencialmente en GCTCV-218 (planta que muestra resistencia) seis horas después de la inoculación con Foc RT4 y donde se identificaron 79 clones que se expresaron diferencialmente en GCTCV-218 en respuesta a Foc RT4, y de los cuales 55 mostraron una alta homología significativa con secuencias reportadas en las bases de datos publicados, en tanto que, 24 no fueron encontradas (pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA). De estas secuencias, se encontraron 13 fragmentos de genes expresados diferencialmente no redundantes aislados del cultivar resistente de banano GCTCV-218 después de la infección con el patógeno (tabla 1, pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA). De esta forma, se identificó una secuencia que codifica para una proteína inhibidora de tripsina que tiene alta homología con una proteína previamente reportada de *Vigna unguiculata* y que esta en una categoría funcional de inhibidor de proteasa, siendo dicha secuencia de GCTCV-218 DQ 531617 la cual está depositada en la base de datos del NCBI con la accesión GenBank: DQ531617.1 (tabla 1, pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA). Dicha secuencia tiene 96.93% de identidad con las SEQ ID NOs: 11 y 18 de la solicitud, y un 97.16% con la SEQ ID NO: 9 de la solicitud (alineamiento 1).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2020263561_18	100.00	99.76	96.93	99.53
2: WO_2020263561_9	99.76	100.00	97.16	99.76
3: DQ531617.1	96.93	97.16	100.00	96.93
4: WO_2020263561_11	99.53	99.76	96.93	100.00

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment		
WO_2020263561_18	ATGGCTGGAGGAGGCAAAAGAGGTGAAGCGTCGTCTCTTCTACTTGTGACGCTGCTCGTG	60
WO_2020263561_9	ATGGCTGGAGGAGGCAAAAGAGGTGAAGCGTCGTCTCTTCTACTTGTGACGCTGCTCGTG	60
DQ531617.1	ATGGCTGGAGGAGGCAAAAGAGGTGAAGCGTCGTCTCTTCTACTTGTGACGCTGCTCGTG	60
WO_2020263561_11	ATGGCTGGAGGAGGCAAAAGAGGTGAAGCGTCGTCTCTTCTACTTGTGACGCTGCTCGTG	60

WO_2020263561_18	ACGTTGTTGGCTTTTCTTCGCCACCAACTCCTCAGCAGCCCGTGTCACACCCCGTCCGCAA	120
WO_2020263561_9	ACGTTGTTGGCTTTTCTTCGCCACCAACTCCTCAGCAGCCCGTGTCACACCCCGTCCGCAA	120
DQ531617.1	ACGTTGTTGGCTTTTCTTCGCCACCAACTCCTCAGCAGCCCGTGTCACACCCCGTCCGCAA	120
WO_2020263561_11	ACGTTGTTGGCTTTTCTTCGCCACCAACTCCTCAGCAGCCCGTGTCACACCCCGTCCGCAA	120
***** , *****		
WO_2020263561_18	TCCCTCGCCAGAGCGGCACTGAGTGCAGTGGGGGCAAGGCAAGATGAGCCGTGCTGCAGA	180
WO_2020263561_9	TCCCTCGCCAGAGCGGCACTGAGTGCAGTGGGGGCAAGGCAAGATGAGCCGTGCTGCAGA	180
DQ531617.1	TCCCTCGCCAGAGCGGCACTGAGTGCAGTGGGGGCAAGGCAAGATGAGCCGTGCTGCAGA	180
WO_2020263561_11	TCCCTCGCCAGAGCGGCACTGAGTGCAGTGGGGGCAAGGCAAGATGAGCCGTGCTGCAGA	180
***** *****		
WO_2020263561_18	TGCGCGTGTCTCTCATTTACCCACCTACTTGTTGTCATTTGCGGCGGCATATGGCAAGGC	240
WO_2020263561_9	TGCGCGTGTCTCTCATTTACCCACCTACTTGTTGTCATTTGCGGCGGCATATGGCAAGGC	240
DQ531617.1	TGCGCGTGTCTCTCATTTACCCACCTACTTGTTGTCATTTGCGGCGGCATATGGCAAGGC	240
WO_2020263561_11	TGCGCGTGTCTCTCATTTACCCACCTACTTGTTGTCATTTGCGGCGGCATATGGCAAGGC	240

WO_2020263561_18	TCCTGCCCTTCGCGCTGCAACAACCTGCCAGTGTGTCTCAACGAGTGCACTTGCCTCGAT	300
WO_2020263561_9	TCCTGCCCTTCGCGCTGCAACAACCTGCCAGTGTGTCTCAACGAGTGCACTTGCCTCGAT	300
DQ531617.1	TCCTGCCCTTCGCGCTGCAACAACCTGCCAGTGTGTCTCAACGAGTGCACTTGCCTCGAT	300
WO_2020263561_11	TCCTGCCCTTCGCGCTGCAACAACCTGCCAGTGTGTCTCAACGAGTGCACTTGCCTCGAT	300
***** *****		
WO_2020263561_18	CTTATGGACCCCAAGGTCTGCGAGGCCAACTCCTGTCCCTGGCCTGTTGCAGCCCCAAA	360
WO_2020263561_9	CTTATGGACCCCAAGGTCTGCGAGGCCAACTCCTGTCCCTGGCCTGTTGCAGCCCCAAA	360
DQ531617.1	CTTATGGACCCCAAGGTCTGCGAGGCCAACTCCTGTCCCTGGCCTGTTGCAGCCCCAAA	360
WO_2020263561_11	CTTATGGACCCCAAGGTCTGCGAGGCCAACTCCTGTCCCTGGCCTGTTGCAGCCCCAAA	360
***** *****:***** **]*** ,* *****		
WO_2020263561_18	GTAGAGCCGGCGCAGCAGTGGGCTATCGAAGAAACCGGTGGGAAATTAGCGATGATGGTG	420
WO_2020263561_9	GTAGAGCCGGCGCAGCAGTGGGCTATCGAAGAAACCGGTGGGAAATTAGCGATGATGGTG	420
DQ531617.1	CTAGAGCCGTGCGCAGCAGTGGGCTATCGAAGAAACCGGTGGGAAATTAGGGATGATGGTG	420
WO_2020263561_11	GTAGAGCCGGCGCAGCAGTGGGCTATCGAAGAAACCGGTGGGAAATTAGCGATGATGGTG	420
***** *****		
WO_2020263561_18	TGA	423
WO_2020263561_9	TGA	423
DQ531617.1	TGA	423
WO_2020263561_11	TGA	423

Alineamiento 1. Entre la accesión DQ531617.1 del NCBI y las SEQ ID NOs: 9, 11 y 18 de la solicitud.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir una secuencia de ácido nucleico con al menos 95% de identidad con las SEQ ID NOs: 9, 11 y 18 como la accesión DQ531617.1 que confiere resistencia a Foc RT4 del D2 en el constructo de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 1. Por lo cual se considera obvia.

Adicionalmente, la accesión DQ531617.1 de D2 tiene una identidad del 91.73%, 92.20%, 94.79% y 90.54% con las SEQ ID NOs: 2, 5, 21 y 24 de la solicitud respectivamente

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

(alineamiento 2).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2020263561_24	100.00	87.50	90.54	91.02	90.78
2: WO_2020263561_21	87.50	100.00	94.79	88.19	87.50
3: DQ531617.1	90.54	94.79	100.00	92.20	91.73
4: WO_2020263561_2	91.02	88.19	92.20	100.00	98.58
5: WO_2020263561_5	90.78	87.50	91.73	98.58	100.00

Alineamiento 2. Entre la accesión DQ531617.1 del NCBI y las SEQ ID NOS: 2, 5, 21 y 24 de la solicitud.

Las reivindicaciones dependientes 2 a 3 y 6 a 14 no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al constructo de la reivindicación 1, 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 4 (Radicado NC2022/0009997 del 15de julio de 2022) refiere a: “Un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico (...)”. 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 constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico	Un constructo de ácido nucleico que comprende una secuencia de ácido nucleico (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization).	Una secuencia de ácido nucleico que se expresa en una plantas de <i>M. acuminata</i> Cavendish en GCTCV-218 con resistencia después de la inoculación de <i>Fusarium oxysporum</i> RT4 (Abstract, Pág. 34, secciones - Pathogenicity trial y Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA).
En donde dicha secuencia de ácido nucleico es la secuencia de ácido nucleico de la SEQ ID NO: 31.	En donde la secuencia corresponde a un gen RGA2 de <i>Musa acuminata</i> ssp. <i>malaccensis</i> que codifica una proteína de resistencia contra <i>Fusarium oxysporum</i> RT4 (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization).	Dicha secuencia codifica para una proteína que es un inhibidor de tripsina que tienen alta homología con una proteína previamente reportada de <i>Vigna unguiculata</i> y que esta en una categoría funcional de inhibidor de proteasa, siendo la dicha secuencia de GCTCV-218 depositada que corresponde al DQ 531617 y que esta depositada en la base de datos del NCBI con la accesión GenBank: DQ531617.1 (tabla 1, pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA), la cual tiene un 97.16% de identidad con la SEQ ID NO: 31 de la solicitud (alineamiento 1).

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 4, ya que divulga un constructo binario que comprende una secuencia de un gen RGA2 (gen análogo de resistencia 2 que codifica una proteína putativa de resistencia tipo NB-LRR contra *Fusarium oxysporum* RT4) de *M. acuminata* ssp.



Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

malaccensis bajo el control de un promotor vegetal con un terminador derivado del virus del mosaico del coliflor 35S y donde el promotor es Nos-P de *Agrobacterium tumefaciens* y secuencias terminadoras (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization, Fig. 1A). Dicho vector fue usado en un método para transformar células embrionarias desde flores masculinas inmaduras de la especie *M. acuminata* Cavendish cv. GN (grupo AAA) la cual fue mediada por *A. tumefaciens* y, posteriormente, las plantas derivadas de embriones simples fueron regeneradas y tamizadas por la presencia de transgenes mediante PCR con cebadores específicos (Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization). De esta forma, se obtiene seis líneas de RGA2 que expresan varias copias del gen RGA2, las cuales fueron evaluadas en un campo con alta incidencia de *Fusarium oxysporum* RT4 durante un período de tres años, donde de 118 muestras evaluadas, 107 no mostraron síntomas de decoloración vascular típico de Foc RT4, en tanto, 11 muestras presentaron decoloración vascular de las cuales 10 dieron positivo para la presencia de Foc RT4 (Pág. 2, sección - Generation and characterization of transgenic banana plants). Adicionalmente, se encontró una relación positiva entre la expresión de RGA2 y la capacidad de resistencia de las plantas en las diferentes líneas, donde la línea RGA2-3 fue la que presentó mayor expresión siendo esta la línea más resistente, en tanto, la línea más susceptible fue RGA2-7 con un 60% de infección mostraba los niveles más bajos que eran aproximadamente diez veces más bajos que los mostrados por RGA2-3 (Pág. 3, sección - Analysis of gene expression levels).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 4 y el constructo divulgado en D1, consiste que la secuencia de ácido nucleico de la solicitud es la secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 31.

No hay evidencia de que el incluir específicamente una secuencia de ácido nucleico de SEQ ID NO: 31 proporcione un constructo con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que, un constructo que comprende un ácido nucleico que codifica una proteína de resistencia RGA2 contra Foc RT4 de tal forma que cuando es transformado en plantas se obtiene líneas transgénicas que presentan resistencia contra FocRT4 en condiciones de infección natural en campo caracterizado por la ausencia de síntomas de decoloración vascular ya había sido previsto en dicho documento (Pág. 2, sección - Generation and characterization of transgenic banana plants, Fig. 2).

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, una secuencia de ácido nucleico alternativa presente en plantas con resistencia a Foc RT4 ya está divulgada en D2 que se refiere a genes que se expresan en plantas de la variedad Cavendish de banana que muestran una baja severidad e incidencia de la enfermedad después de la inoculación con el patógeno (Abstract, Pág. 334, secciones - Pathogenicity trial y Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA). Donde el tamizaje de las plantas resistentes permitió la elaboración de una librería de cADN de 736 de clones de banano enriquecidos con genes expresados diferencialmente en GCTCV-218 (planta que muestra resistencia) seis horas después de la inoculación con Foc RT4 y donde se identificaron 79 clones que se expresaron diferencialmente en GCTCV-218 en respuesta a Foc RT4, y de los cuales 55 mostraron una alta homología significativa con secuencias reportadas en las bases de datos publicados, en tanto que, 24 no fueron encontradas (pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA). De estas secuencias, se encontraron 13 fragmentos de genes expresados diferencialmente no redundantes aislados del cultivar resistentes de banano GCTCV-218 después de la infección con el patógeno (tabla 1, pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

subtracted cDNA). De esta forma, se identificó una secuencia que codifica para una proteína inhidora de tripsina que tiene alta homología con una proteína previamente reportada de *Vigna unguiculata* y que esta en una categoría funcional de inhibidor de proteasa, siendo dicha secuencia de GCTCV-218 DQ 531617 la cual está depositada en la base de datos del NCBI con la accesión GenBank: DQ531617.1 (tabla 1, pág. 334, sección - Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA). Dicha secuencia tiene un 97.16% de identidad con la SEQ ID NOs: 31 de la solicitud (alineamiento 3).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: DQ531617.1	100.00	97.16
2: WO_2020263561_31	97.16	100.00

DQ531617.1	-----ATGGCTGGAGGAGGCAAAAGAGGTGAAGCGTCGTCTCTTCTACTTGTGACG	51
WO_2020263561_31	AGGTAAGCGATGGCTGGAGGAGGCAAAAGAGGTGAAGCGTCGTCTCTTCTACTTGTGACG	240

DQ531617.1	CTGCTCGTGACGTTGTTGGCTTTCTTCGCCACCAACTCCTCGGCAGCCCGTGTCAACCC	111
WO_2020263561_31	CTGCTCGTGACGTTGTTGGCTTTCTTCGCCACCAACTCCTCGGCAGCCCGTGTCAACCC	300

DQ531617.1	CGTCCGCAATCCCTCGCCAGAGCGGCACTGAGTGCCTGGGGGCAAGGCAAGATGAGCCG	171
WO_2020263561_31	CGTCCGCAATCCCTCGCCAGAGCGGCACTGAGTGCCTGGGGGCAAGGCAAGATGAGCCG	360

DQ531617.1	TGCTGCAGATGCGCGTGTCTCTCATTTACCCACCTACTTGGTGCATTTGCGGCGGCATA	231
WO_2020263561_31	TGCTGCAGATGCGCGTGTCTCTCATTTACCCACCTACTTGGTGCATTTGCGGCGGCATA	420

DQ531617.1	TGGCAAGGCTCCTGCCCTTCGCCTGCAACAACTGCCAGTGTGTCTCAACGAGTGCACT	291
WO_2020263561_31	TGGCAAGGCTCCTGCCCTTCGCCTGCAACAACTGCCAGTGTGTCTCAACGAGTGCACT	480

DQ531617.1	TGCCTCGATCTTATGGACCCCAAGGTTTGCCTGGCCAACTCCTGTCCCTGGCTTGATGGC	351
WO_2020263561_31	TGCCTCGATCTTATGGACCCCAAGGTTTGCCTGGCCAACTCCTGTCCCTGGCTTGATGGC	540

DQ531617.1	GTCCCCAACTAGAGCCGTCGAGCAGTGGGCGATCGAAGAAACCGGTGGGAAATTAGGG	411
WO_2020263561_31	GCCCCCAAGTAGAGCCGTCGAGCAGTGGGCTATCGAAGAAACCGGTGGGAAATTAGCG	600
* *****		
DQ531617.1	ATGATGGTGTGA-----	423
WO_2020263561_31	ATGATGGTGTGATCCAATTGTGTTGTGATCGCCTGTCGTCTTCTCTCGCTCCGTCCTAT	660

Alineamiento 3. Entre la accesión DQ531617.1 del NCBI y la SEQ ID NOs: 31 de la solicitud.

Además, una secuencia con el 100% de identidad ya se encuentra reportada en la literatura que corresponde a un gen que codifica para una proteína tipo inhidor de proteinasa de la *Musa acuminata* subsp. *malaccensis*³.

³ACCESIÓN: XM_009402124 del NCBI (2016). Recuperado desde:
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/XM_009402124.2?report=genbank&log\\$=nuclalign&blast_rank=1&RID=27ZUV50V013](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/XM_009402124.2?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=1&RID=27ZUV50V013)
Página 13 de 16

Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir una secuencia de ácido nucleico que confiere resistencia a Foc RT4 como la accesión DQ531617.1 del D2 en el constructo de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 4. Por lo cual se considera obvia.

8. Conclusión

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

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	Dale, J., <i>et al. Nat Commun</i>	1 a 4 y 6 a14	Nivel inventivo
D2	Van Den Berg, N., <i>et al. Molecular plant pathology</i>	1 a 4 y 6 a 14	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° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

INFORME DE BÚSQUEDA
EXAMEN DE PATENTABILIDAD

Solicitud No.		Examen de patentabilidad							
NC2022/0000135		1°	X	2°		3°		Revoca	
Solicitud Internacional No.		Fecha solicitud internacional: (DD/MM/AÑO)							
PCT/US2020/036828		9 de junio de 2020							
Fecha de determinación estado de la técnica (DD/MM/AÑO)				Prioridad			Presentación		
12/01/2022							X		
Solicitante									
EG CROP SCIENCE, INC.									
Reivindicaciones que no son objeto de búsqueda por:									
Art. 14	-	Art. 15	-	Art. 20	5 y 15 a 17	Art. 25 (Falta de unidad de invención)		-	
CRITERIOS DE BÚSQUEDA									
Reivindicaciones objeto de búsqueda				1 a 4 y 6 a 14					
Palabras clave utilizadas				Banana plants, <i>Fusarium oxysporum</i> fsp <i>Cubense</i> TR4, Foc RT4, resistance, construct, gene, acid nucleic, sequence, promotor, 35S, transformation method, transgenic plant, resistant plant, SEQ ID NOS: 2, 5, 9, 11, 18, 21 y 24					
Clasificaciones utilizadas para la búsqueda				CIP:	C12N 15/82, C12N 15/90				
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	NC2020/0004456	14/04/2020	-	-				A	
	NC2021/0000536	22/01/2021	-	-				A	
ISA/ EPO	Dale, J., <i>et al.</i>	26/06/2017	1 a 4 y 6 a 14	Pág. 2, sección - Generation and characterization of transgenic banana plants, Pág. 3, sección - Analysis of gene expression levels , Pág. 4, sección - Plant transformation and characterization,				Y	
	Accesión NCBI DQ531617.1 Van Den Berg, N., <i>et al.</i>	14/11/2007	1 a 4 y 6 a 14	Abstract, Pág. 334, secciones - Pathogenicity trial y Generation, screening and sequence analysis of subtracted cDNA, Tabla 1				Y	
	Accesión NCBI XP_009400399.1	25/10/2016	-	-				A	
EPO	Mintoff, Sharl J. L., <i>et al.</i>	01/08/2021	-	-				P	
PATBASE	WO19053720A1	21/03/2019	-	-				A	
	CN113558058A	29/10/2021	-	-				P	
	WO21191316A1	30/09/2021	-	-				P	
	WO20021532A1	30/01/2020	-	-				P	
	WO19013640A1	17/01/2019	-	-				A	
	WO19168852A1	06/09/2019	-	-				A	
	US2007204368AA	30/08/2007	-	-				A	
	US2019345511AA	14/11/2019	-	-				P	
GOOGLE	Chen, A., <i>et al.</i>	15/05/2019	-	-				A	
	Cheng, C., <i>et al.</i>	23/09/2019	-	-				A	



Oficio N° 7711 de 30 de abril de 2024

Ref. Expediente N° NC2022/0000135

	Li, W. M., <i>et al.</i>	15/09/2015	-	-	A
	Fraser-Smith, S., <i>et al.</i>	2016	-	-	A
	Li, Cy., <i>et al.</i>	05/08/2012	-	-	A
	Ríos Ribeiro, L., <i>et al.</i>	2018	-	-	A
	Zhang, L., <i>et al.</i>	2019	-	-	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.	Dale, J., <i>et al.</i> (2017). Transgenic Cavendish bananas with resistance to Fusarium wilt tropical race 4. <i>Nat Commun</i> 8, 1496				
	Van Den Berg, N., <i>et al.</i> (2007). Tolerance in banana to Fusarium wilt is associated with early up-regulation of cell wall-strengthening genes in the roots. <i>Molecular plant pathology</i> , 8(3), 333–341.				
	Chen, A., <i>et al.</i> (2019). Assessing Variations in Host Resistance to <i>Fusarium oxysporum</i> f sp. <i>cubense</i> Race 4 in Musa Species, With a Focus on the Subtropical Race 4. <i>Frontiers in microbiology</i> , 10, 1062.				
	Cheng, C., <i>et al.</i> (2019). Identification of <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i> tropical race 4 (Foc TR4) responsive miRNAs in banana root. <i>Scientific reports</i> , 9(1), 13682.				
	Li, W. M., <i>et al.</i> (2015). Resistance sources to <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>Cubense</i> tropical race 4 in banana wild relatives. <i>Plant Pathology</i> , 64, 1061 – 1067.				
	Fraser-Smith, S., <i>et al.</i> (2016). Single Gene Resistance to Fusarium oxysporum f. sp. cubense Race 4 in the Wild Banana <i>Musa acuminata</i> subsp. <i>Malaccensis</i> . Disponible en: https://era.daf.qld.gov.au/id/eprint/5317/1/IN160224_pp.pdf				
	Li, Cy., <i>et al.</i> (2012). Transcriptome profiling of resistant and susceptible Cavendish banana roots following inoculation with Fusarium oxysporum f. sp. cubense tropical race 4. <i>BMC Genomics</i> 13, 374.				
	Ríos Ribeiro, L., <i>et al.</i> (2018). Sources of resistance to <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. Cubense in banana germplasm. <i>Reivsta Brasileira de Fruticultura</i> , 40 (1), 1 a 8.				
	Zhang, L., <i>et al.</i> (2019). Transcriptomic analysis of resistant and susceptible banana corms in response to infection by <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i> tropical race 4. <i>Sci Rep</i> 9, 8199.				
Mintoff, Sharl J. L., <i>et al.</i> (2021). Banana Cultivar Field Screening for Resistance to <i>Fusarium oxysporum</i> f.sp. <i>cubense</i> Tropical Race 4 in the Northern Territory. <i>Journal of Fungi</i> 7, no. 8: 627.					
(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: (20/04/2024)					

