

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

Señores
PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.

TÍTULO DE LA SOLICITUD: “MÉTODOS PARA PRODUCIR PLANTAS CON DESARROLLO DE FRUTAS ALTERADAS Y PLANTAS DERIVAS DE LAS MISMAS”
NÚMERO DE SOLICITUD INTERNACIONAL: PCT/US2020/037240.
FECHA DE PRESENTACIÓN INTERNACIONAL: 11 de junio de 2020.
PRIORIDAD: US 62/859,992 11 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 18 de octubre de 2022, bajo el número NC2022/0014729, 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 obtener métodos y compuestos para alterar el desarrollo de frutos y la producción de semillas.

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

3. Reivindicaciones estudiadas

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

El presente estudio se basa en el capítulo reivindicatorio presentado el 18 de octubre de 2022, bajo el número NC2022/0014729.

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:

(...) 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 la reivindicación 32 no se considera como una invención, ya que, a pesar de que su preámbulo refiere un ácido nucleico guía, su parte caracterizante menciona que, dicho producto se une a: (i) una secuencia que tiene por lo menos 80% de identidad con las SEQ ID NO: 153, 155, 157, 159, 161, 163 o 165 o una región con por lo menos 80% de identidad con las SEQ ID NO: 172-174 o (ii) codifica un factor de transcripción SEEDSTICK (STK) que tiene por lo menos 80% de identidad con las SEQ ID NO: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 154, 156, 158, 160, 162, 164 o 166-171 o una región con por lo menos 80% de identidad con las SEQ ID NO: 177-183, 187, 188 o 189; por lo que, el ácido nucleico reclamado está definido porque es complementario a las secuencias de nucleótidos SEQ ID NO: 153, 155, 157, 159, 161, 163, 165 o 172 a 174 que corresponden a secuencias o fragmentos de secuencias de los genes que codifican proteínas tipo caja MADS de plantas del género *Rubus* tal y como se ilustra en el listado de secuencias o, está definido porque es complementario a las secuencias de nucleótidos que codifican cualquiera de las SEQ ID NO: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 154, 156, 158, 160, 162, 164, 166-171, 177-183, 187, 188 o 189 que corresponden a las proteínas STK o fragmentos de estas de las especies de plantas *Arabidopsis thaliana*, *Rubus occidentalis* y *Fragaria vesca* (Pág. 155, Ej. 2) como se menciona en el listado de secuencias.

Así las cosas, las características técnicas del producto corresponden a secuencias de nucleótidos y aminoácidos existentes en la naturaleza y, por lo tanto, no es posible diferenciar el objeto reclamado de cualquiera que pueda ser aislado o que sea de origen natural.

El objeto de la reivindicación 33 no se considera como una invención, ya que, a pesar de que su preámbulo refiere un ácido nucleico guía, su parte caracterizante menciona que *“el ácido nucleico guía comprende un espaciador que tiene la secuencia de nucleótidos de cualquiera de SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 184, o 186”*, pero, las SEQ ID NO mencionadas corresponden a fragmentos de secuencias de los genes que codifican proteínas tipo caja MADS de plantas del género *Rubus* tal y como se ilustra en el listado de secuencias. Así las cosas, las características técnicas del producto corresponden a secuencias de nucleótidos que son parte del genoma o germoplasma existentes en la naturaleza y, por lo tanto, no es posible diferenciar el objeto reclamado de cualquiera que pueda ser aislado o que sea de origen natural.

El objeto de las reivindicaciones 42 a 44 no se considera como una invención, ya que, a pesar de que su preámbulo refiere un ácido nucleico, su parte caracterizante menciona que, dicho producto codifica un alelo dominante–negativo, un alelo semidominante, un

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

alelo de pérdida de función débil, o una mutación hipomórfica de un factor de transcripción de caja MADS clado AG y, dicho producto hace referencia a partes del genoma o germoplasma que constituyen materia aislada de 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 1 a 5 no es patentable, toda vez que, reclama una célula vegetal que corresponde a una parte de una planta.

6. De la solicitud de patente

6.1. 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: “SISTEMAS Y MÉTODOS PARA LA EDICIÓN DEL GEN SEEDSTICK (STK) QUE CODIFICA UN FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN DE LA CAJA MADS CUYA MODIFICACIÓN GENERA UN FENOTIPO DE PLANTAS SIN SEMILLA”.

6.2. 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:

El capítulo reivindicatorio no es conciso porque, contiene múltiples reivindicaciones para un objeto de una misma categoría inventiva ya que, por ejemplo, las reivindicaciones 6, 15, 16, 17, 18 y 19 se refieren a un mismo proceso definido por las mismas etapas y condiciones técnicas, en tanto que, las reivindicaciones 34 a 40 se refieren a un sistema o un complejo definidos por las mismas características técnicas. Se sugiere al solicitante unificar las reivindicaciones que se refieran a los mismos productos o procesos mediante

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

las mismas características técnicas y, las que correspondan a verdaderas modalidades presentarlas como reivindicaciones dependientes.

El capítulo reivindicatorio no es claro porque, tiene dos reivindicaciones numeradas como 15 y no hay una reivindicación 14. Se sugiere al solicitante hacer las correcciones y aclaraciones necesarias en la numeración.

La reivindicación 6 no es clara y no se encuentra sustentada en la descripción porque, reclama un método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal que comprende un paso de escindir un sitio objetivo en el gen SEEDSTICK del factor de transcripción de caja MADS, pero, no refiere los compuestos requeridos para llevar a cabo la escisión del gen que corresponden a las proteínas y ácidos nucleicos que llevan a cabo dicha etapa, las cuales deben estar caracterizadas por sus secuencias biológicas; en su lugar, se refiere la estructura del gen o de la proteína codificada por el sitio objetivo, la cual ni siquiera está caracterizada de manera precisa, sino que pretende definirse mediante porcentajes de identidad de “por lo menos 80%” o “por lo menos 90%” con respecto a secuencias de referencia de genes SEEDSTICK o de las proteínas codificadas por dichos genes; lo anterior impide establecer las secuencias de nucleótidos empleadas en el método; de manera similar, tampoco se suministran las secuencias de las proteínas que llevan a cabo la escisión, que se consideran condiciones esenciales para la reproducción del proceso. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los métodos explorados, esto se logra incluyendo las secuencias del ácido nucleico guía empleado, así como la secuencia de aminoácidos de la nucleasa a la que se encuentra unido, de manera que pueda reproducirse con éxito el proceso reclamado de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 6 no es concisa porque reclama: *“un método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal caracterizado porque el método comprende: escindir, de una manera específica de sitio, un sitio objetivo dentro de un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en una célula vegetal”* y, al finalizar la caracterización del proceso menciona la expresión: *“de modo de generar una edición en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno de la célula vegetal”*, la cual se considera redundante porque, refiere la misma información ya mencionada inicialmente y, además, hace referencia a una planta o una parte de esta que se considera materia exceptuada de patentabilidad. Se sugiere al solicitante eliminar la expresión referida al final, puesto que ya ha sido mencionada en la etapa de escisión y podría considerarse como referente a materia no patentable.

Las reivindicaciones 7, 15b y 17 no son claras, porque se refieren a una etapa adicional que comprende regenerar o cultivar una planta, la cual, corresponde a un proceso esencialmente biológico para la reproducción de dicha planta. Se sugiere al solicitante eliminar la referencia a dicha etapa dentro del proceso.

Las reivindicaciones 8 y 21 no son claras y no se encuentran sustentadas en la descripción porque se refieren a una mutación que se define como *“no natural”* pero, no se caracteriza mediante sus secuencias biológicas o mediante las posiciones y los nucleótidos modificados con respecto a una secuencia de referencia, por lo que, se abarcan múltiples modificaciones todas las cuales no han sido explotadas en la solicitud. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de las mutaciones exploradas, esto se logra caracterizándolas estructuralmente.

Las reivindicaciones 9, 10, 28 y 29 no son claras porque se presentan como reivindicaciones de proceso, pero mencionan que: *“la planta que comprende la edición*

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

en su gen STK endógeno exhibe desarrollo de fruto alterado o *“el desarrollo de fruto alterado es un fenotipo sin semillas y/o de reducida simiente”* que no corresponden a etapas o condiciones técnicas del método, sino que se refieren a características de la planta allí obtenida que, se considera materia no patentable. Se sugiere al solicitante eliminar las reivindicaciones asociadas a materia no patentable.

La reivindicación 11 a 15 y 22 a 27 no son claras porque se refiere a una mutación que se define porque: *“es un alelo dominante–negativo, alelo semidominante, alelo de pérdida de función débil, o una mutación hipomórfica”, “es una delección (...)”, “la delección produce un truncamiento C–terminal que comprende (...)”* o *“es una sustitución (...)”* que son imprecisas porque, no definen la estructura de la mutación ya que, no la caracterizan mediante sus secuencias biológicas o mediante las posiciones y los nucleótidos modificados con respecto a una secuencia de referencia, por lo que, se abarcan múltiples modificaciones todas las cuales no han sido exploradas en la solicitud. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de las mutaciones exploradas, esto se logra caracterizándolas estructuralmente.

Las reivindicaciones 13, 15(a), 26, 27, 30 y 41 no son claras porque, incluyen el término *“por lo menos”, “alrededor de”* y/o *“por ejemplo”* que son no limitativos e impiden establecer el alcance de la materia reclamada. Se sugiere eliminarlos de las reivindicaciones o sustituirlos por términos precisos o rangos concretos.

La reivindicación 28 no es clara porque, se refiere a las reivindicaciones 66 a 73 pero el capítulo reivindicatorio tiene 44 reivindicaciones. Se sugiere al solicitante corregir la dependencia de la reivindicación.

Las reivindicaciones 15b a 19 no son claras porque reclaman: un método para producir una planta o parte de esta que se caracteriza porque comprende poner en contacto un sitio objetivo en el gen factor de transcripción MADS clado AG con: *“una nucleasa unida a un dominio de unión de ácido nucleico (por ejemplo, sistema de edición)”* en donde la señalada expresión presenta errores de sintaxis ya que, en realidad, debería escribirse como un dominio de unión de una nucleasa unida a un ácido nucleico y, refiere entre paréntesis características opcionales y/o los términos *“por ejemplo”* o *“por lo menos”* que se consideran no limitativas e impiden establecer el alcance de la reivindicación; además, pretenden referir *“sitios objetivo”* de un genoma de una célula vegetal, pero, suministran secuencias de aminoácidos de los productos codificados que no corresponden a la molécula mencionada, la cual es un gen que debe ser caracterizado por su secuencia de nucleótidos. Se sugiere al solicitante modificar la redacción de la reivindicación para que la etapa del método reclamado corresponda con lo explorado en la descripción y eliminar los términos no limitativos y la definición de genes mediante secuencias de aminoácidos, de manera que pueda establecerse el alcance de la materia reclamada.

Las reivindicaciones 15b a 19 no son claras y no se encuentran sustentadas en la descripción porque, reclaman: un método para producir una planta o parte de esta que se caracteriza porque comprende poner en contacto un sitio objetivo en el gen factor de transcripción MADS con una nucleasa unida a un ácido nucleico el cual, pretende caracterizarse mediante la expresión *“que se une al sitio objetivo”* y se incluyen las secuencias de nucleótidos o de aminoácidos del *“sitio objetivo”* que corresponde al blanco de unión de la molécula empleada en el método y, por lo tanto, no la define, por lo que, contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que se una a las secuencias señaladas, las cuales, ni siquiera están caracterizadas por sus estructuras completas, sino que se refieren mediante porcentajes de identidad de *“por lo menos 80%”* con respecto a secuencias de referencia; de acuerdo con lo anterior, no es posible establecer

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

las secuencias de nucleótidos del ácido nucleico empleado en el método que se consideran una condición esencial para la reproducción del mismo. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los métodos explorados, esto se logra incluyendo las secuencias del ácido nucleico guía empleado, así como la secuencia de aminoácidos de la nucleasa a la que se encuentra unido, de manera que pueda reproducirse con éxito el proceso reclamado de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Las reivindicaciones 16 a 19 no son concisas porque su preámbulo reclama: *“un método para producir una planta o parte de la misma que comprende por lo menos una célula en la que un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno está mutado”* y, al finalizar la caracterización del proceso menciona la expresión: *“de modo de producir una planta o parte de la misma que comprende por lo menos una célula que tiene una mutación en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno”*, la cual se considera redundante porque, refiere la misma información ya mencionada en el preámbulo y, además, hace referencia a una planta o una parte de esta que se considera materia exceptuada de patentabilidad. Se sugiere al solicitante eliminar la expresión referida al final de la parte caracterizante, puesto que ya ha sido referida en el preámbulo y podría considerarse como referente a materia no patentable.

La reivindicación 18 no es clara porque reclama: un método para producir una planta o parte de la misma que comprende *“por lo menos”* una célula que tiene un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado, que comprende poner en contacto un sitio objetivo en un gen factor de transcripción MADS clado AG con una nucleasa que comprende un dominio de escisión y un dominio de unión a ADN, la cual pretende caracterizarse mediante la expresión: *“se une a un sitio objetivo en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno”* que corresponde a un resultado a alcanzar y no define la estructura de la proteína referida; además, se refieren características opcionales y/o los términos *“por lo menos”* que se consideran no limitativos e impiden establecer el alcance de la reivindicación; adicionalmente, pretende referir los *“sitios objetivo”* de un genoma de una célula vegetal, pero, suministra secuencias de aminoácidos de los productos codificados que no corresponden a la molécula mencionada, la cual es un gen que debe ser caracterizado por su secuencia de nucleótidos. Se sugiere al solicitante modificar la redacción de la reivindicación para que la etapa del método reclamado corresponda con lo explorado en la descripción y eliminar los términos no limitativos y la definición de genes mediante secuencias de aminoácidos de manera que pueda establecerse el alcance de la materia reclamada.

La reivindicación 18 no es clara y no se encuentra sustentada en la descripción porque reclama: un método para producir una planta o parte de la misma que comprende *“por lo menos”* una célula que tiene un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado que comprende una etapa de poner en contacto una célula vegetal que comprende un gen factor de transcripción MADS clado AG con una nucleasa que, pretende caracterizarse mediante la expresión *“que se une al sitio objetivo (...)”* y se incluyen las secuencias de nucleótidos o de aminoácidos del *“sitio objetivo”* que corresponde al blanco de unión de la molécula empleada en el método y, por lo tanto, no la definen, por lo que, contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que se una a las secuencias señaladas, las cuales, ni siquiera están caracterizadas por sus estructuras completas, sino que se refieren mediante porcentajes de identidad de *“por lo menos 80%”* con respecto a secuencias de referencia; de acuerdo con lo anterior, no es posible establecer la secuencia de aminoácidos de la nucleasa empleada, ni las secuencias de nucleótidos del ácido nucleico que se une al gen que se consideran condiciones esenciales para la reproducción del proceso. Se sugiere al solicitante

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

restringir la reivindicación a una razonable generalización de los métodos explorados, esto se logra incluyendo las secuencias del ácido nucleico guía empleado, así como la secuencia de aminoácidos de la nucleasa a la que se encuentra unido, de manera que pueda reproducirse con éxito el proceso reclamado de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 30 no se encuentra sustentada en la descripción porque se refiere a la nucleasa empleada en el método y contempla: “(...) la nucleasa es una nucleasa de dedo de zinc, una nucleasa efectora de tipo activador de transcripción (TALEN), una endonucleasa (por ejemplo, Fok1)” pero, la solicitud no ha explorado las nucleasas allí señaladas, toda vez que únicamente se han explorado métodos que comprenden una proteína efectora CRISPR-Cas. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los procesos explorados, esto se logra eliminando las opciones de nucleasas que no han sido exploradas en la solicitud.

Las reivindicaciones 34 y 40 no son claras y no se encuentran sustentadas en la descripción porque, se refieren a “un sistema” o “un complejo” que no se tipifican como productos particulares en el campo técnico; además, mencionan que el producto reclamado comprende un ácido nucleico guía y una proteína CRIPR-Cas, pero, el ácido nucleico pretende ser caracterizado por el blanco de unión que no lo define ya que, contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que se una a las secuencias señaladas, las cuales, ni siquiera están caracterizadas por sus estructuras completas, sino que se refieren mediante porcentajes de identidad de “por lo menos 80%” con respecto a secuencias de referencia; adicionalmente, muchas de las secuencias de referencia corresponden a la proteína codificada por el gen en el cual se encuentra el sitio de unión que corresponde a una biomolécula diferente al ácido nucleico referido como componente. De manera similar, no se define la nucleasa por su secuencia completa de aminoácidos y, por lo anterior, el producto reclamado no se define estructuralmente por sus características técnicas esenciales. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los productos explorados, esto se logra especificando el tipo de sistema en el preámbulo, incluyendo las secuencias del ácido nucleico guía empleado, así como la secuencia de aminoácidos de la nucleasa a la que se encuentra unido, de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 35 no es clara y no se encuentra sustentada en la descripción porque, se refiere a “un sistema” que no se tipifica como un producto particular en el campo técnico; además, se menciona que el producto reclamado comprende un ácido nucleico guía, un ácido nucleico tracr y una proteína CRISPR-Cas, pero, el ácido nucleico guía pretende ser caracterizado por el blanco de unión que no lo define ya que, contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que se una a las secuencias señaladas, las cuales, ni siquiera están caracterizadas por sus estructuras completas, sino que se refieren mediante porcentajes de identidad de “por lo menos 80%” con respecto a secuencias de referencia; adicionalmente, muchas de las secuencias de referencia corresponden a la proteína codificada por el gen en el cual se encuentra el sitio de unión que corresponde a una biomolécula diferente al ácido nucleico referido como componente. De manera similar, no se define el ácido nucleico tracr por su secuencia de nucleótidos, ni la nucleasa por su secuencia completa de aminoácidos y, por lo anterior, el producto reclamado no se define estructuralmente por sus características técnicas esenciales. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los productos explorados, esto se logra especificando el tipo de sistema en el preámbulo, incluyendo las secuencias del ácido nucleico guía y el ácido nucleico tracr empleado, así como la secuencia de aminoácidos de la nucleasa a la que se encuentra unido, de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

Las reivindicaciones 35, 39 y 41 no son claras, ya que incluyen el término “*opcionalmente*” que es no limitativo e impide establecer el alcance de la reivindicación. Se sugiere al solicitante sustituirlo por un término preciso o un rango concreto.

La reivindicación 36 no se encuentra sustentada en la descripción porque, reclama un sistema de edición génica que comprende un ácido nucleico guía que comprende una secuencia espaciadora y una proteína CRISPR-Cas9 pero, ninguno de los componentes se define por su estructura que corresponde a la secuencia de nucleótidos del espaciador y a la secuencia de aminoácidos de la nucleasa, por lo que se contempla cualquier alternativa estructural para la molécula, todas las cuales no han sido exploradas en la solicitud. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los sistemas de edición explorados, esto se logra incluyendo las características técnicas esenciales estructurales de los componentes.

La reivindicación 37 no es clara y no se encuentra sustentada en la descripción porque, se refiere a un sistema de edición génica que comprende un ácido nucleico guía y una proteína CRISPR-Cas, pero, el ácido nucleico pretende ser caracterizado por el blanco de unión que no lo define ya que, contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que se una a las secuencias señaladas, las cuales, ni siquiera están caracterizadas por sus estructuras completas, sino que se refieren mediante porcentajes de identidad de “*por lo menos 80%*” con respecto a secuencias de referencia; adicionalmente, muchas de las secuencias de referencia corresponden a la proteína codificada por el gen en el cual se encuentra el sitio de unión que corresponde a una biomolécula diferente al ácido nucleico referido como componente. De manera similar, no se define la nucleasa por su secuencia completa de aminoácidos y, por lo anterior, el producto reclamado no se define estructuralmente por sus características técnicas esenciales. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los productos explorados, esto se logra incluyendo las secuencias del ácido nucleico guía empleado, así como la secuencia de aminoácidos de la nucleasa a la que se encuentra unido, de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 39 no es clara y no se encuentra sustentada en la descripción porque, se refiere a un sistema de edición génica que comprende un ácido nucleico guía, un ácido nucleico tracr y una proteína CRISPR-Cas, pero, el ácido nucleico guía pretende ser caracterizado por el blanco de unión que no lo define ya que, contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que se una a las secuencias señaladas, las cuales, ni siquiera están caracterizadas por sus estructuras completas, sino que se refieren mediante porcentajes de identidad de “*por lo menos 80%*” con respecto a secuencias de referencia; adicionalmente, muchas de las secuencias de referencia corresponden a la proteína codificada por el gen en el cual se encuentra el sitio de unión que corresponde a una biomolécula diferente al ácido nucleico referido como componente. De manera similar, no se define el ácido nucleico tracr por su secuencia de nucleótidos, ni la nucleasa por su secuencia completa de aminoácidos y, por lo anterior, el producto reclamado no se define estructuralmente por sus características técnicas esenciales. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los productos explorados, esto se logra incluyendo las secuencias del ácido nucleico guía y el ácido nucleico tracr empleado, así como la secuencia de aminoácidos de la nucleasa a la que se encuentra unido, de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 41 no es clara y no se encuentra sustentada en la descripción porque, se refiere a un casete de expresión génica que comprende un ácido nucleico guía y

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

codifica una proteína CRISPR-Cas, pero, el ácido nucleico guía pretende ser caracterizado por el blanco de unión que no lo define ya que, contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que se una a las secuencias señaladas, las cuales, ni siquiera están caracterizadas por sus estructuras completas, sino que se refieren mediante porcentajes de identidad de “por lo menos 80%” con respecto a secuencias de referencia; adicionalmente, muchas de las secuencias de referencia corresponden a la proteína codificada por el gen en el cual se encuentra el sitio de unión que corresponde a una biomolécula diferente al ácido nucleico referido como componente. De manera similar, no se define el ácido nucleico codificante de la nucleasa por su secuencia completa y, por lo anterior, el producto reclamado no se define estructuralmente por sus características técnicas esenciales. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de los productos explorados, esto se logra definiendo el casete por su secuencia completa de nucleótidos, de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

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

6.3.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.

Lo anterior porque, se reclaman métodos para la edición, métodos para la producción de plantas, ácidos nucleicos guías, casetes de expresión, sistemas o complejos que comprenden un ARN guía que se une a cualquier sitio dentro de un gen SEEDSTICK (STK) de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en una célula vegetal en donde el gen es por lo menos 80% idéntico a cualquiera de las SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165, o a una región que tiene por lo menos 90% de identidad de SEQ ID NOs: 172–174; codifica un factor que tiene por lo menos 80% de identidad con las SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164 o 166–171 o comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad con las SEQ ID NOs: 177–183, 187, 188, o 189, pero, la solicitud no ha explorado todo el sinnúmero de secuencias de ARN guías contempladas ya que, únicamente presenta evidencia técnica concreta y explícita para los ácidos nucleicos guía que comprenden una región espaciadora SEQ ID NO: 175, 176, 184, 185 o 186 que se dirigen al gen STK de la frambuesa negra (Págs. 144 a 167).

7. Determinación del Estado de la Técnica

La fecha para determinar el estado de la técnica es el 11 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	Ocarez N. <i>Plant Cell Rep</i>	“Suppression of the D-class MADS-box AGL11 gene triggers seedlessness in fleshy fruits”	12 octubre de 2015
D2	WO2018086623	“A method for base editing in plants”	17 de mayo de 2018

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

D1¹ divulga el rol directo del gen AGL11 en la determinación del fenotipo sin semilla en experimentos que emplean plantas de vid y en donde se demuestra que el fenotipo sin semillas está basado en el nivel de expresión de dicho gen; al realizar análisis se identificaron diferencias en la región reguladora del gen VviAGL11 que afectan los niveles de acumulación y transcripción y explican las diferencias fenotípicas entre las variedades; de manera similar, experimentos en tomate demostraron que el silenciamiento del gen SlyAGL11 produce frutos sin semillas y que el desarrollo de las semillas es proporcional a los niveles de acumulación de los transcritos. Lo anterior permite concluir que la caja MADS AGL11 clase D juega un rol importante en el desarrollo de semillas en frutos carnosos (Pág. 1, Resumen).

D2² divulga un método para realizar una edición de bases eficiente en una secuencia diana en el genoma de una planta mediante una proteína de fusión Cas9-citidina desaminasa (Pág. 1, Resumen).

8. 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.

8.1. 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 6 (NC2022/0014729 del 18 de octubre de 2022) se refiere a: *“Un método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal, caracterizado porque el método comprende: escindir, de una manera específica de sitio, un sitio objetivo dentro de un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en una célula vegetal, donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno es un gen SEEDSTICK (STK) (a) que comprende por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de SEQ ID NOs: 153, 155, 157, 159, 161, 163, o 165, o una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de nucleótidos de SEQ ID NOs: 172–174; o (b) que codifica un factor de transcripción de caja MADS clado AG que tiene por lo menos 80% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NOs: 13, 29, 53, 66, 78, 97, 128, 150, 152, 154, 156, 158, 159, 160, 162, 164 o 166–171 o comprende una región que tiene por lo menos 90% de identidad de secuencia con cualquiera de las secuencias de aminoácidos de SEQ ID NOs: 177– 183, 187, 188, o 189, de modo de generar una edición en el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno de la célula vegetal”*. 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 método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal, caracterizado porque el método comprende:	Una metodología para estudiar el rol de la caja MADS clase D en el desarrollo de la semilla en frutos carnosos como la uva y el tomate	Un método para producir una planta genéticamente modificada que comprende (Pág. 41, Reiv. 14)

¹Ocarez, N., & Mejía, N. (2016). Suppression of the D-class MADS-box AGL11 gene triggers seedlessness in fleshy fruits. *Plant cell reports*, 35(1), 239–254. <https://doi.org/10.1007/s00299-015-1882-x>. Recuperado desde: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26563346/>
²<https://patents.google.com/patent/WO2018086623A1/en?q=WO2018086623>



Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

	que comprende: (Pág. 3, Col. Izq., Líneas 37 a 44)	
escindir, de una manera específica de sitio, un sitio objetivo dentro de un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en una célula vegetal, donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno es un gen SEEDSTICK (STK)	Experimentos de transformación genética de tomate y análisis funcionales que suprimen el gen AGL11 (slyAGL11) que codifica un factor de transcripción en conjunto con el análisis de los fenotipos de variedades silenciadas naturalmente (Pág. 3, Col. Izq., Líneas 37 a 44), particularmente, el silenciamiento mediante ARN de doble cadena de la región 3'UTR de la secuencia codificante del gen (Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41)	Introducir en una planta el sistema para realizar edición genética de una secuencia objetivo que comprende una proteína de fusión editora de bases y un ARN guía (Pág. 41, Reiv. 14)

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 6, ya que divulga una metodología para estudiar el rol de la caja MADS clase D en el desarrollo de la semilla en frutos carnosos como la uva y el tomate que comprende: experimentos de transformación genética de tomate y análisis funcionales que suprimen el gen AGL11 (slyAGL11) (también conocido como gen STK) que codifica un factor de transcripción en conjunto con el análisis de los fenotipos de variedades silenciadas naturalmente (Pág. 3, Col. Izq., Líneas 37 a 44), particularmente, el silenciamiento mediante ARN de doble cadena de la región 3'UTR de la secuencia codificante del gen (Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41).

La diferencia entre la invención definida en la reivindicación 6 y la metodología divulgada en D1, consiste en que el método de la solicitud escinde un sitio objetivo dentro de un gen de factor de transcripción de caja MADS.

No se evidencia un efecto técnico asociado a la diferencia porque, no se define la etapa de escisión mediante sus condiciones esenciales ya que, no se suministran las secuencias de nucleótidos de los ARN guía empleados, ni las secuencias de aminoácidos de las nucleasas que llevan a cabo la escisión y, por tal razón, no es posible asociar las pruebas técnicas de los métodos de edición que comprenden ARN guía y nucleasas con estructuras específicas con la generalidad reivindicada. Adicionalmente, el método divulgado en el documento D1 ya conlleva a la obtención de plantas con frutos sin semillas.

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 un método alternativo?

Sin embargo, un método para producir una planta genéticamente modificada que comprende introducir en una planta un sistema para realizar edición genética de una secuencia objetivo que comprende una proteína de fusión editora de bases y un ARN guía (Pág. 41, Reiv. 14), ya había sido divulgado en el documento D2 que enseña vectores de expresión que comprenden construcciones que codifican nucleasas Cas9 y vectores que comprenden ARN guía cortos y menciona las secuencias específicas de las regiones espaciadoras y las regiones blanco (Pág. 23, Tabla 1), en donde las secuencias son mutadas para generar desamidación (Pág. 22, líneas 25 a 29 y Pág. 23, Líneas 1 a 10).

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia llevaría a cabo un método de edición génica como el del documento D2, para silenciar un factor de

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

transcripción de la caja MADS de una planta de frutos carnosos como la del documento D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 6. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 7 a 15(a) no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al método de la reivindicación 6, por lo cual se considera que carecen de nivel inventivo.

Asimismo, se indica que el examen de patentabilidad realizado a la reivindicación independiente 6, también aplica para las reivindicaciones independientes 15b a 19, puesto que, dichas reivindicaciones también se refieren a: un método para producir una planta caracterizado porque comprende: (a) poner en contacto una población de células vegetales con una nucleasa unida a un dominio de unión de ácido nucleico, seleccionar la célula vegetal que codifica el factor STK mutado y cultivar la célula vegetal seleccionada o a un método para producir una planta o parte de la misma que comprende por lo menos una célula que tiene un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno mutado, caracterizado porque el método comprende poner en contacto un sitio objetivo en un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en la planta o parte de planta con una nucleasa que comprende un dominio de escisión y un dominio de unión de ADN. En consecuencia, las reivindicaciones 15b a 19 tampoco cumplen con el requisito de nivel inventivo bajo las enseñanzas de D1 (Pág. 3, Col. Izq., Líneas 37 a 44, Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41) y D2 (Pág. 41, Reiv. 14, Pág. 23, Tabla 1, Pág. 22, líneas 25 a 29 y Pág. 23, Líneas 1 a 10).

Las reivindicaciones dependientes 20 a 31 no mencionan alguna característica que, junto con las características de las reivindicaciones independientes, aporte nivel inventivo al método de las reivindicaciones 15b a 19, 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 34 (NC2022/0014729 del 18 de octubre de 2022) se refiere a: *“Un sistema caracterizado porque comprende el ácido nucleico guía de la reivindicación 32 o la reivindicación 33 y una proteína efectora CRISPR–Cas que se asocia con el ácido nucleico guía.”*. 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 sistema caracterizado porque comprende	Un ARN de doble cadena para el silenciamiento de la región 3'UTR de la secuencia codificante del gen AGL11 que codifica un factor de transcripción de la caja MADS clase D (Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41)	Un sistema para realizar edición de bases a una secuencia blanco en el genoma de una planta que comprende (Pág. 40, Reiv. 1)
un ácido nucleico guía de que se une a un sitio objetivo dentro de un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en una célula vegetal, donde el gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno es un gen SEEDSTICK (STK) y		un ARN guía y (Pág. 40, Reiv. 1)
una proteína efectora CRISPR–Cas que se asocia con el ácido nucleico guía	No se menciona	una proteína de fusión (Pág. 40, Reiv. 1)

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 34, ya que divulga un ARN de doble cadena para el silenciamiento de la

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

región 3'UTR de la secuencia codificante del gen AGL11 que codifica un factor de transcripción de la caja MADS clase D (Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41).

La diferencia entre la invención definida en la reivindicación 34 y el ácido nucleico divulgado en D1, consiste en que el sistema de la solicitud comprende un ARN guía que se une a un sitio objetivo dentro de un gen SEEDSTICK (STK) de factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno en una célula vegetal y una proteína efectora CRISPR–Cas.

No se evidencia un efecto técnico asociado a la diferencia porque, los ensayos incorporados en la descripción están asociados a un sistema o a un casete para la edición génica que codifican el ARN guía que comprende una secuencia espaciadora SEQ ID NOs: 184 o 186 y una nucleasa Cas9 (Fig. 6), por tal razón, no es posible correlacionar las pruebas técnicas asociadas a estos productos específicos a un sistema que comprenda cualquier ácido nucleico guía que se una a cualquiera de los posibles sitios objetivos del gen SEEDSTICK (STK) factor de transcripción de caja MADS clado AG endógeno contemplados en la reivindicación y cualquier proteína efectora CRISPR–Cas.

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

Sin embargo, métodos para construir ARN guía adecuados para una secuencia blanco (Pág. 16, Líneas 18 y 19), ya habían sido divulgados en el documento D2 que enseña además, los vectores de expresión que comprenden construcciones que codifican nucleasas Cas9 y vectores que comprenden ARN guía cortos y menciona las secuencias específicas de las regiones espaciadoras y las regiones blanco (Pág. 23, Tabla 1), en donde las secuencias son mutadas para generar desamidación (Pág. 22, líneas 25 a 29 y Pág. 23, Líneas 1 a 10).

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia emplearía un método para la construcción de un ARN guía como el del documento D2, a partir de las secuencias del factor de transcripción de la caja MADS de una planta de frutos carnosos del documento D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 34. Por lo cual se considera obvia.

La reivindicación dependiente 35 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al sistema de la reivindicación 34, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

Asimismo se indica que el examen de patentabilidad realizado a la reivindicación 34, también aplica para las reivindicaciones independientes 36, 40 y 41, puesto que, dichas reivindicaciones se refieren a: un sistema de edición génica caracterizado porque comprende una proteína efectora CRISPR–Cas asociada con un ácido nucleico guía, en donde el ácido nucleico guía comprende una secuencia espaciadora que se une a un gen de factor de transcripción de caja MADS clado AG; un complejo que comprende una proteína efectora CRISPR–Cas y un ácido nucleico guía que se une a un gen STK que codifica un factor de transcripción de caja MADS o un casete de expresión que comprende un polinucleótido que codifica una proteína CRISPR–Cas y un ácido nucleico que se une a un gen STK que codifica un factor de transcripción de caja MADS. En consecuencia, las reivindicaciones 36, 40 y 41 tampoco cumplen con el requisito de nivel inventivo bajo las enseñanzas de D1 (Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41) y D2 (Pág. 16, Líneas 18 y 19, Pág. 22, líneas 25 a 29 y Pág. 23, Líneas 1 a 10).

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

Las reivindicaciones dependientes 37 a 39 no menciona alguna característica que, junto con las características de las reivindicaciones independientes, aporte nivel inventivo al sistema de las reivindicaciones 36, 40 y 41, por lo cual se considera que carecen de nivel inventivo.

9. Conclusión

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

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	Ocarez N. <i>Plant Cell Rep</i>	6 a 31 y 34 a 41	Nivel inventivo
D2	WO2018086623	6 a 31 y 34 a 41	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.



Sandra Isabel Calderon Rodriguez
DIRECTORA DE NUEVAS CREACIONES



Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

INFORME DE BÚSQUEDA
EXAMEN DE PATENTABILIDAD

Solicitud No.		Examen de patentabilidad							
NC2021/0017543		1°	X	2°		3°		Revoca	
Solicitud Internacional No.		Fecha solicitud internacional: (DD/MM/AÑO)							
PCT/US2020/037240		11/06/2020							
Fecha de determinación estado de la técnica (DD/MM/AÑO)				Prioridad		Presentación			
11/06/2019				X					
Solicitante									
PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.									
Reivindicaciones que no son objeto de búsqueda por:									
Art. 14	-	Art. 15	32, 33 y 42 a 44	Art. 20	1 a 5	Art. 25 (Falta de unidad de invención)	-		

CRITERIOS DE BÚSQUEDA	
Reivindicaciones objeto de búsqueda	6 a 31 y 34 a 41
Palabras clave utilizadas	GENE EDITION, GENE EDITING, SEEDLESS PLANTS, RUBUS, GUIDE RNA, ARNg, MADS-BOX TRANSCRIPTION FACTORS.
Clasificaciones utilizadas para la búsqueda	CIP: C12N 15/82

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	CO NC2020/0015086	30/04/2019	-	-	A
	CO NC2021/0003081	24/09/2019	-	-	
	CO NC2020/0007046	09/11/2018	-	-	
	CO 14259531	15/03/2013	-	-	
EPO	Royo, C.	2018	-	-	A
	Ocarez, N.	2016	6 a 31 y 34 a 41	Pág. 3, Col. Izq., Líneas 37 a 44), (Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41)	Y
	Singh, R.	2013	-	-	A
	WO2018086623	17/05/2018	6 a 31 y 34 a 41	(Pág. 41, Reiv. 14), (Pág. 16, Líneas 18 y 19), (Pág. 23, Tabla 1), (Pág. 22, líneas 25 a 29 y Pág. 23, Líneas 1 a 10).	Y
ISA CN	US2015024388	22/01/2015	-	-	A
	US2017240913	24/08/2017	-	-	
PatBase	US2024147926	09/05/2024	-	-	A
	CN118374544	23/07/2024	-	-	
	CN118360324	19/07/2024	-	-	
	CN118207250	18/06/2024	-	-	
	US2022104449	07/04/2022	-	-	
	WO22226316	27/10/2022	-	-	
	WO17125931	27/07/2017	-	-	
WO21158798	12/08/2021	-	-		

Oficio N° 19336 de 30 de octubre de 2024

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

Orbit	BR112018014902	31/07/2017	-	-	A
	WO2021/158798	12/08/2021	-	-	
STN	WO 2024102850	16/05/2024	-	-	A
	CN 109652442	19/04/2019	-	-	
(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.		Royo, C., Torres-Pérez, R., Mauri, N., Diestro, N., Cabezas, J. A., Marchal, C., Lacombe, T., Ibáñez, J., Tornel, M., Carreño, J., Martínez-Zapater, J. M., & Carbonell-Bejerano, P. (2018). The Major Origin of Seedless Grapes Is Associated with a Missense Mutation in the MADS-Box Gene VviAGL11. <i>Plant physiology</i> , 177(3), 1234–1253. https://doi.org/10.1104/pp.18.00259			
		Ocarez, N., & Mejía, N. (2016). Suppression of the D-class MADS-box AGL11 gene triggers seedlessness in fleshy fruits. <i>Plant cell reports</i> , 35(1), 239–254. https://doi.org/10.1007/s00299-015-1882-x			
		Singh, R., Low, E. T., Ooi, L. C., Ong-Abdullah, M., Ting, N. C., Nagappan, J., Nookiah, R., Amiruddin, M. D., Rosli, R., Manaf, M. A., Chan, K. L., Halim, M. A., Azizi, N., Lakey, N., Smith, S. W., Budiman, M. A., Hogan, M., Bacher, B., Van Brunt, A., Wang, C., ... Martienssen, R. A. (2013). The oil palm SHELL gene controls oil yield and encodes a homologue of SEEDSTICK. <i>Nature</i> , 500(7462), 340–344. https://doi.org/10.1038/nature12356			
(²) Categorías de documentos citados					
“A” Documento que define el estado general de la técnica no considerado como particularmente relevante. “E” Solicitud de patente o patente anterior pero publicada en la fecha de presentación internacional o en fecha posterior. “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. “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.			“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. “X” Documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse nueva o que implique una actividad inventiva por referencia al documento aisladamente considerado. “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.		
Fecha del reporte de búsqueda: (18/10/2024)					