

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

Señores

MAYO FOUNDATION FOR MEDICAL EDUCATION AND RESEARCH

TÍTULO DE LA SOLICITUD: “VIRUS DE LA ESTOMATITIS VESICULAR (VSV) RECOMBINANTE QUE NO EXPRESA LA PROTEÍNA G Y QUE EXPRESA LAS PROTEÍNAS F Y H (Y539A) DEL VIRUS DEL MOQUILLO CANINO (CDV)”

NÚMERO DE SOLICITUD INTERNACIONAL: PCT/US2020/055100

FECHA DE PRESENTACIÓN INTERNACIONAL: 9 de octubre de 2020.

PRIORIDAD: US 62/913,111 9 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 21 de marzo de 2025 bajo el número NC2022/0004984, 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. Adicionalmente, bajo el radicado NC2022/0004984 el 21 de marzo de 2025 presentó un listado de secuencias, el cual se acepta por ajustarse a los requisitos legales.

2. Objeto de la invención

El problema planteado consiste en la necesidad de polipéptidos de hemaglutinina del virus del moquillo canino CDV H y/o polipéptidos de fusión CDV F para tratar el cáncer o enfermedades infecciosas enfermedades.

Para resolver dicho problema técnico, la solicitud en estudio plantea un virus de estomatitis vesicular (VSV) con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido de nucleocápside VSV N, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un sentido positivo transcrito que codifica un polipéptido de fosfoproteína VSV P, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido de matriz VSV M, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV F, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV H, y una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido de polimerasa larga VSV L, en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que es una plantilla para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido glicoproteína G de VSV funcional.

3. Reivindicaciones estudiadas

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

El presente estudio se basa en el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2022/0004984 presentado el 21 de marzo de 2025.

4. De la solicitud de patente

4.1. 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.

Que de acuerdo con la modificación presentada por el solicitante en el escrito radicado bajo el N° NC2022/0004984 el 21 de marzo de 2025 y teniendo en cuenta el objeto concedido, se modifica el título de la invención el cual quedará de la siguiente manera: "VIRUS DE LA ESTOMATITIS VESICULAR (VSV) RECOMBINANTE QUE NO EXPRESA LA PROTEÍNA G Y QUE EXPRESA LAS PROTEÍNAS F Y H (Y539A) DEL VIRUS DEL MOQUILLO CANINO (CDV)".

4.2. 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 no menciona las características técnicas esenciales del virus recipiente ni de las secuencias de nucleótidos que codifican para el polipéptido VSV N y VSV P o de VSV M, así como tampoco mencionan las SEQ ID NO de ácidos nucleicos que codifican para CDV F y CDV H ni el codifica el polipéptido G. Por tanto, como está redactada la reivindicación da lugar a un sinnúmero de virus que no son explorados por el solicitante. Adicionalmente, se menciona "CDV", lo cual no es claro y no es posible identificar a que se refiere. Se sugiere mencionar la SEQ ID NO del virus recipiente y de las secuencias de nucleótidos que codifica para los polipéptidos VSV N, VSV P, VSV M, CDV F y CDV H de acuerdo con lo divulgado en la descripción, además indicar a que hace referencia CDV. Adicionalmente, la reivindicación 1 no es clara porque menciona "que es un molde para un transcrito" o "es una plantilla para un transcrito", lo cual únicamente hace alusión a resultados a alcanzar que no caracterizan el virus, se sugiere reemplazar los resultados a alcanzar por las características técnicas esenciales del virus de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 2 no es clara y carece de sustento porque no menciona cuál es la SEQ ID NO del polipéptido CDV F ni del péptido señal del mismo, además, cualquier péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos daría lugar a un sinnúmero de polipéptidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere mencionar la SEQ ID NO del polipéptido CDV F y del péptido señal del mismo de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

La reivindicación 3 no es clara y carece de sustento porque menciona “*en el que dicha secuencia de péptido señal comprende no más de 75 residuos de aminoácidos de la SEQ ID NO:6*”, pero una molécula de virus que está constituida de un ácido nucleico no puede caracterizarse por las proteínas o fragmentos de proteína que codifica sino por sus características técnicas esenciales. En este caso, el virus debería caracterizarse por su SEQ ID NO y el de cada uno de sus componentes de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 4 no es clara y carece de sustento porque menciona “*en el que dicho polipéptido CDV F comprende la SEQ ID NO:4 con la condición de que dicho polipéptido CDV F carezca de al menos los residuos de aminoácidos 1 a 60 o carezca de al menos residuos de aminoácidos 1 a 105 de la SEQ ID NO:4*.”, pero esto da lugar a un sinnúmero de polipéptidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere indicar con precisión cual es la SEQ ID NO del polipéptido CDV F de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 5 se refiere únicamente a un resultado a alcanzar que no define al polipéptido, puesto que, la reivindicación incluiría no sólo la solución propuesta en la solicitud, sino todas las alternativas presentes o futuras que permitan llegar a ese resultado. Se sugiere reemplazar por las características técnicas esenciales, estructurales y funcionales, que contribuyen a la obtención de ese efecto.

La reivindicación 6 no es clara y carece de sustento porque menciona “*en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A, 548A, o una combinación de los mismos según la numeración de aminoácidos de SEQ ID NO:22*” pero no es claro a que se refiere dicha expresión, se sugiere realizar las aclaraciones respectivas, además, si se tratara de mutaciones en las posiciones mencionadas, esto da lugar a un sinnúmero de polipéptidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere indicar con precisión cual es la SEQ ID NO del polipéptido CDV F y las mutaciones que tiene de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Las reivindicaciones 7 y 8 no son claras y carecen de sustento porque hacen alusión a que el polipéptido comprende de una a once o una combinación de “*454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A y 548A*” pero no es claro a que se refieren, si es son mutaciones esto daría lugar a un sinnúmero de polipéptidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere indicar con precisión cual es la SEQ ID NO del polipéptido CDV F y las mutaciones que tiene de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 9 no es clara y carece de sustento porque menciona “*en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende una combinación de 12, 13 o 14 de 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A y 548*” pero no es claro a que se refieren, si es son mutaciones esto daría lugar a un sinnúmero de polipéptidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere indicar con precisión cual es la SEQ ID NO del polipéptido CDV H y las mutaciones que tiene de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 10 carece de sustento porque menciona “*un polipéptido CDV H que comprende 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A y 548*” pero no se evidencia en la descripción que el polipéptido comprenda todas estas mutaciones. Se sugiere mencionar únicamente la materia que tenga sustento en la descripción.

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

Las reivindicaciones 11 y 17 no son claras porque mencionan “en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende M437 según la numeración de aminoácidos de la SEQ ID NO:5” pero no es claro a que se refiere con “la numeración de aminoácidos de la SEQ ID NO: 5”, tampoco indica cuál es la mutación en la posición 437. Se sugiere realizar las aclaraciones respectivas e indicar con precisión cual es la SEQ ID NO del polipéptido CDV H y las mutaciones que tiene de acuerdo con lo divulgado en la descripción. Además, las reivindicaciones 11 y 17 no son concisas porque se refieren a la misma materia, se sugiere dejar una sola de las dos.

La reivindicación 12 no es clara y carece de sustento porque menciona “en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende la secuencia expuesta en las SEQ ID NOS 5, 31 a 145, 227 y 228 excepto que dicha secuencia comprende una mutación de un residuo de aminoácido presentado seleccionado del grupo que consiste en P454, V/L/F460, L/F/W479, I494, I /L/V510, Y520, Y/N525, D/G526, I/V527, S/T528, R529, Y/D537, Y539, Y/F547 y T/M548 según la numeración de aminoácidos de la SEQ ID NO:5”, pero no es clara porque menciona “la numeración de aminoácidos de la SEQ ID NO: 5”, lo cual no es claro y no permite conocer a que se refiere con dicha numeración. Además, no se evidencia un virus con el polipéptido reivindicado y comprenda todas las mutaciones mencionadas. Se sugiere reclamar únicamente la materia que encuentra sustento en la descripción.

Las reivindicaciones 13 a 15 no son claras y carecen de sustento porque mencionan que el polipéptido comprende entre dos y 14 mutaciones del grupo que consiste en “en el que dicho polipéptido CDV H comprende una mutación de (...) residuos de aminoácidos seleccionados de dicho grupo”, pero daría lugar a un sinnúmero de polipéptidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere indicar con precisión cual es la SEQ ID NO del polipéptido CDV H y las mutaciones que tiene de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 16 no es clara y carece de sustento porque menciona “en el que dicho polipéptido CDV H comprende una mutación de los residuos de aminoácidos presentados de dicho grupo”, pero no menciona la SEQ ID NO del polipéptido ni la mutación que comprende, por tanto, esto da lugar a un sinnúmero de polipéptidos que no son explorados por el solicitante. Se sugiere indicar con precisión cuál es la SEQ ID NO del polipéptido CDV H y la mutación que tiene de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 18 no es clara y carece de sustento porque menciona “en el que dicho polipéptido CDV H comprende una secuencia de aminoácidos de un anticuerpo monocatenario”, pero no se evidencia en la descripción un polipéptido CVD H cuya secuencia sea de un anticuerpo monocatenario. Se sugiere realizar las aclaraciones respectivas y reclamar únicamente la materia que encuentra sustento en la descripción.

La reivindicación 19 no es clara y carece de sustento porque menciona “en el que dicho anticuerpo monocatenario es un anticuerpo monocatenario dirigido contra CD19, CD20, CD38, CD46, EGFR, α FR, HER2/neu o PSMA”, pero no se evidencia en la descripción un polipéptido CVD H cuya secuencia sea de un anticuerpo monocatenario como los mencionados en la reivindicación. Se sugiere realizar las aclaraciones respectivas y reclamar únicamente la materia que encuentra sustento en la descripción.

La reivindicación 20 no es clara y carece de sustento porque menciona “en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido simportador de yoduro de sodio (NIS)”, pero no menciona las características técnicas esenciales del polipéptido NIS lo que da lugar a un sinnúmero de moléculas de ARN que no son exploradas por el

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

solicitante. Se sugiere indicar cuál es la SEQ ID NO del polipéptido y del ácido nucleico que lo codifica 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.

4.3. 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 hace alusión a *“un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN, en el que la molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que es una plantilla para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV N, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV P, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV M, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV F, una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV H, y una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV L, donde la molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que es una plantilla para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido G de VSV funcional”*, pero no se evidencia a lo largo del capítulo cuál es la SEQ ID NO del virus de estomatitis vesicular, cuál es la SEQ ID NO de cada una de las secuencias de ácido nucleico que codifican los polipéptidos VSV N, VSV P, VSV M, CDV H, VSV L y CDV F, por tanto, una persona capacitada no tendría las herramientas suficientes para llegar al virus reclamado. Se presentan algunas tablas con posibles secuencias del péptido señal del polipéptido CVD F o de posibles mutaciones que tiene CVD H pero en los ejemplos no se muestra con claridad cuáles son las secuencias que si hacen parte del virus, además, mutaciones reclamadas no están relacionadas en las tablas de la descripción ni se evidencia el desarrollo de las mismas. Ahora bien, esto da lugar a un sinnúmero de posibles secuencias de ácidos nucleicos y polipéptidos y, por tanto, de virus. Así las cosas, una persona capacitada tendría una carga excesiva de ensayo y error para llegar al virus reclamado. Adicionalmente, no es posible extrapolar los efectos técnicos a cualquier virus que porta cualquier secuencia de ácidos nucleicos que codifican para cualquier polipéptido de los mencionados.

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.

5. Unidad de invención

Conforme a lo establecido por el artículo 25 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, teniendo en cuenta que el concepto común es un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN que codifica un polipéptido VSV N, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV P, una secuencia de ácido nucleico codifica un polipéptido VSV M, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV H, y una secuencia de ácido nucleico que

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

codifica un polipéptido VSV L, y dado que este se encuentra divulgado en el estado de la técnica, específicamente en el documento Logan, *et al.*, (2016)¹, la solicitud carece de unidad de invención debido a que reclama más de un grupo inventivo sin la presencia de características o elementos técnicos nuevos e inventivos que sean comunes a todas las invenciones.

Por lo tanto, la invención presenta diferentes conceptos técnicos inventivos así:

Grupo inventivo 1: virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN que codifica un polipéptido VSV N, una secuencia de ácido nucleico q que codifica un polipéptido VSV P, una secuencia de ácido nucleico codifica un polipéptido VSV M, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV H, y una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV L, donde CDV H comprende la mutación Y539A en relación a la SEQ ID NO: 2 (reivindicaciones 1 a 10, 12 a 16 y 18 a 20 parcialmente).

Grupo inventivo 2: virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN que codifica un polipéptido VSV N, una secuencia de ácido nucleico q que codifica un polipéptido VSV P, una secuencia de ácido nucleico codifica un polipéptido VSV M, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV H, y una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV L, donde CDV H comprende la mutación M437L en relación a la SEQ ID NO: 5 (reivindicaciones 11 y 17 completamente, reivindicaciones 1 a 5 y 18 a 20 parcialmente).

De acuerdo con lo anterior, se sugiere restringir la materia a patentar en un solo concepto común inventivo especificando el avance tecnológico sobre el estado de la técnica. Esto se logra, entre otras formas, definiendo las características esenciales de la invención y mostrando las otras características particulares como dependientes, pero sin perjuicio de la concisión de las nuevas reivindicaciones tanto independientes como dependientes.

Así mismo, se sugiere presentar las solicitudes divisionales que considere necesarias, o limitar la solicitud inicial a una sola invención, eliminando de ella las otras invenciones. En este último caso, de seleccionar un grupo inventivo diferente al estudiado en este Oficio, se aclara al solicitante que debe realizar el pago del examen de patentabilidad.

Por consiguiente, la presente búsqueda del estado de la técnica y el examen de patentabilidad fueron realizados para el primer grupo inventivo citado.

6. Determinación del Estado de la Técnica

La fecha para determinar el estado de la técnica es el 9 de octubre 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:

¹ Logan, N., McMonagle, E., Drew, A. A., Takahashi, E., McDonald, M., Baron, M. D., Gilbert, M., Cleaveland, S., Haydon, D. T., Hosie, M. J., & Willett, B. J. (2016). Efficient generation of vesicular stomatitis virus (VSV)-pseudotypes bearing morbilliviral glycoproteins and their use in quantifying virus neutralising antibodies. *Vaccine*, 34(6), 814–822. Recuperado desde: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0264410X15017788?ref=pdf_download&fr=RR-2&rr=8db6bafa687974a2

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

Ítem	Documento	Título	Fecha de publicación
D1	Logan, N., <i>et al. Vaccine.</i>	“Efficient generation of vesicular stomatitis virus (VSV)-pseudotypes bearing morbilliviral glycoproteins and their use in quantifying virus neutralising antibodies”	17 de diciembre de 2015
D2	von Messling, V., & Cattaneo, R. <i>Journal of virology.</i>	“Amino-terminal precursor sequence modulates canine distemper virus fusion protein function”	Mayo de 2002
D3	Langedijk, J. P., <i>et al. Journal of virology.</i>	“Canine distemper virus infects canine keratinocytes and immune cells by using overlapping and distinct regions located on one side of the attachment protein”	Noviembre de 2015

D1² divulga un virus de la estomatitis vesicular recombinante el cual comprende el ácido nucleico que codifica para las proteínas CDV F y CDV H y que además tiene deletado el ácido nucleico que codifica para VSV G (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).

D2³ divulga una proteína CDV F que comprende un péptido señal y en cual se han hecho una serie de deleciones mostrando la importancia de esta región para la capacidad de fusión (Abstract, Págs. 4174 a 4178, sección resultados).

D3⁴ divulga una proteína CDV H que comprende mutaciones que son esenciales para su actividad de fusión (Fig. 7).

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

7.1. Novedad

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 16 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 1 (Radicado NC2022/0004984 del 21 de marzo de 2025) refiere a: “Un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende (...)”. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y el documento encontrado en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1
Un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende	Un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende (Todo el documento).
una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido	una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido

²Logan, N., *et al.* (2016). Efficient generation of vesicular stomatitis virus (VSV)-pseudotypes bearing morbilliviral glycoproteins and their use in quantifying virus neutralising antibodies. *Vaccine*, 34(6), 814–822. Recuperado desde: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0264410X15017788?ref=pdf_download&fr=RR-2&rr=8db6bafa687974a2

³von Messling, V., & Cattaneo, R. (2002). Amino-terminal precursor sequence modulates canine distemper virus fusion protein function. *Journal of virology*, 76(9), 4172–4180. Recuperado desde: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC155104/>

⁴Langedijk, J. P., *et al.* (2011). Canine distemper virus infects canine keratinocytes and immune cells by using overlapping and distinct regions located on one side of the attachment protein. *Journal of virology*, 85(21), 11242–11254. Recuperado desde: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3194989/>

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido N del virus de estomatitis vesicular (VSV),	nucleico que codifica los polipéptidos del virus de la estomatitis vesicular a excepción de la proteína G que ha sido deletada (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV P,	
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV M,	
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido F del virus del moquillo canino (CDV),	una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV H,	una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV H (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).
y una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV L,	y una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV L (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).
en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido G de VSV funcional.	en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido G de VSV funcional (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).

De acuerdo con la comparación realizada anteriormente se concluye que la materia de la reivindicación 1 no es nueva.

Adicionalmente, D1 menciona que el virus de la estomatitis vesicular recombinante puede usarse para expresar las proteínas hemaglutinina (H) y de fusión (F) del virus del moquillo canino (CDV) en pseudotipos VSVG que portan un gen marcador de luciferasa (Abstract).

7.2. Nivel Inventivo

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación dependiente 2 (Radicado NC2022/0004984 del 21 de marzo de 2025) refiere a: “El virus de la reivindicación 1, en el que dicho polipéptido CDV F es un polipéptido CDV F que tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud (...)”. 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 virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende	Un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende (Todo el documento).	Una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido del virus del moquillo canino (CDV) F (Pág. 4173, sección - Construction of CDV genomic full-length plasmids with alterations in the 5´ region of the F gene).
una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido N del virus de estomatitis vesicular (VSV),	una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica los polipéptidos del virus de la estomatitis vesicular a excepción de la proteína G que ha sido deletada	
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un		

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV P,	(Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV M,		
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido F del virus del moquillo canino (CDV),	una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV H,	una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV H (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
y una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV L,	y una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV L (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido G de VSV funcional.	en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido G de VSV funcional (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
en el que dicho polipéptido CDV F es un polipéptido CDV F que tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud.	No menciona	en el que dicho polipéptido CDV F es un polipéptido CDV F que tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud (Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein).

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 2, ya que divulga un virus de estomatitis vesicular recombinante el cual comprende el ácido nucleico que codifica todos los polipéptidos a excepción de la proteína G que ha sido deletada (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses). Donde en el virus de la estomatitis vesicular recombinante (VSV) en el que se ha eliminado el gen de la glicoproteína (G) (VSVG) y se ha reemplazado por la luciferasa de luciérnaga (luc), el cual se usó para infectar células 293T transfectadas recuperando los pseudotipos de VSVGluc (VSVG), y se usaron para preparar un stock de trabajo, posteriormente, se elaboraron los constructos de expresión de CDV H y F, se preparó ARN viral a partir de CDV sedimentado por centrifugación, se utilizó para preparar ADNc de primera cadena (y luego se utilizó como plantilla en reacciones de PCR con los siguientes cebadores: CDV H Sal: 5-GTCGAC-ACC-ATGCTCCCCTACCAAGACAAGGT-3, CDV H Not: 5-GGGCGGCCGC-TTAACGGTTACATGAGAATCTTA-3, CDV F Sal: 5 -GGGTTCGAC-ACC-ATGCACAGGGGAATCCCCAAAAG3 y CDV F D633 Not: 5-GGGCGGCCGC-TTGCTAGCGTCTTTTACAACAGTAAATCAGCA-3 (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 2 y el virus divulgado en D2, consiste en que el polipéptido CDV F de la solicitud tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud.

No hay evidencia de que el incluir específicamente que el polipéptido CDV F tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud proporcione un virus con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que, dicho documento enseña un virus de estomatitis vesicular que expresa que comprende las secuencias de ácidos nucleicos que codifican para las proteínas CDV F y CDV H, y el cual tiene deletado la secuencia que codifica para el polipéptido VSV G, donde además, se puede expresar las proteínas hemaglutinina (H) y de fusión (F) en pseudotipos VSVG que portan un gen marcador de luciferasa lo cual permitió obtener los títulos de anticuerpos neutralizantes se pueden medir rápidamente y con alta sensibilidad. Además, al intercambio el constructo de expresión de glucoproteína, se pueden medir las respuestas contra distintas cepas o especies virales, lo cual permitió demostrar la neutralización cruzada entre el CDV y el virus de la peste de los pequeños rumiantes (PPRV) y se logró demostrar que los perros del Reino Unido varían en la amplitud de la inmunidad inducida por la vacunación con CDV; mostrando que en algunos perros, la respuesta neutralizante es específica del CDV mientras que, en otros, la respuesta neutralizante se extiende al morbilivirus de rumiantes PPRV (Abstract, Págs. 4174 a 4178, sección resultados). Además, no es posible atribuir un efecto técnico a la amplitud de materia reclamada.

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

Sin embargo, el incluir una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F que tiene un péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud ya está divulgado en D2 que se refiere a una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido del virus del moquillo canino (CDV) F el cual tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud (Pág. 4173, sección - Construction of CDV genomic full-length plasmids with alterations in the 5' region of the F gene; Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein). De esta forma, que los aminoácidos 1 a 35 del péptido corresponde al péptido señal, donde los primeros 75 residuos tienen un alto índice de hidrofobicidad (Fig. 1, Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein). Adicionalmente, D2 menciona que el polipéptido CDV F presenta mutaciones como es el caso de L1, L61, L1/61, la delección de los primeros 60 aminoácidos del péptido señal, de 107 o de 114 (Fig. 2). De esta forma, se evidencia que la mutación de la metionina en marco de lectura a leucina condujo a un aumento de 20 veces de la actividad de fusión, a pesar de que los niveles de proteína F producidos fueron más altos para la proteína parental que para las proteínas alteradas, mientras el constructo en el que ambas metioninas están mutadas muestra una actividad de fusión similar a la del constructo inalterado, pero la cantidad de proteína expresada fue extremadamente reducida (Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein; Fig. 2).

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir el péptido señal de D2 en el polipéptido CDV F de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 2. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 3 a 5 no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al virus de la reivindicación 2 por lo cual se considera que carecen de nivel inventivo.

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación dependiente 6 (Radicado NC2022/0004984 del 21 de marzo de 2025) refiere a: *“El virus de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A, 548A, o una combinación de los mismos según la numeración de aminoácidos de SEQ ID NO:2 (...)”*. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D3
Un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende	Un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende (Todo el documento).	Una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido del virus del moquillo canino (CDV) H (Pág. 11244, sección - Construction of expression plasmids).
una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido N del virus de estomatitis vesicular (VSV),	una molécula de ARN, en el que dicha molécula de ARN comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica los polipéptidos del virus de la estomatitis vesicular a excepción de la proteína G que ha sido deletada (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV P,		
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV M,		
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido F del virus del moquillo canino (CDV),	una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido CDV H,	una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV H (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
y una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido VSV L,	y una secuencia de ácido nucleico que codifica los polipéptidos del virus de la estomatitis vesicular a excepción de la proteína G que ha sido deletada (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido G de VSV funcional.	en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido G de VSV funcional (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).	
en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende 454A, 464A, 479A,	No menciona	en el que dicho polipéptido CDV H comprende la mutación Y539A (Pág. 11244, sección -



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A, 548A, o una combinación de los mismos según la numeración de aminoácidos de SEQ ID NO:2		Construction of expression plasmids).
---	--	---------------------------------------

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 6, ya que divulga un virus de estomatitis vesicular recombinante el cual comprende el ácido nucleico que codifica todos los polipéptidos a excepción de la proteína G que ha sido deletada (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses). Donde en el virus de la estomatitis vesicular recombinante (VSV) en el que se ha eliminado el gen de la glicoproteína (G) (VSVG) y se ha reemplazado por la luciferasa de luciérnaga (luc), el cual se usó para infectar células 293T transfectadas recuperando los pseudotipos de VSVGluc (VSVG), y se usaron para preparar un stock de trabajo, posteriormente, se elaboraron los constructos de expresión de CDV H y F, se preparó ARN viral a partir de CDV sedimentado por centrifugación, se utilizó para preparar ADNc de primera cadena (y luego se utilizó como plantilla en reacciones de PCR con los siguientes cebadores: CDV H Sal: 5-GTCGAC-ACC-ATGCTCCCCTACCAAGACAAGGT-3, CDV H Not: 5-GGGCGGCCGC-TTAACGGTTACATGAGAATCTTA-3, CDV F Sal: 5 -GGGTCGAC-ACC-ATGCACAGGGGAATCCCCAAAAG3 y CDV F D633 Not: 5-GGGCGGCCGC-TTGCTAGCGTCTTTTACAACAGTAAATCAGCA-3 (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 6 y el virus divulgado en D2, consiste en que la solicitud reclama que el polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende 539A según la numeración de aminoácidos de SEQ ID NO:2

No hay evidencia de que el incluir específicamente el polipéptido CDV H en el que dicho polipéptido CDV H es un polipéptido CDV H que comprende 539A según la numeración de aminoácidos de SEQ ID NO:2 proporcione un virus con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D1, puesto que, un virus de estomatitis vesicular que expresa que comprende las secuencias de ácidos nucleicos que codifican para las proteínas CDV F y CDV H, y el cual tiene deletado la secuencia que codifica para el polipéptido VSV G, donde además, se puede expresar las proteínas hemaglutinina (H) y de fusión (F) en pseudotipos VSVG que portan un gen marcador de luciferasa lo cual permitió obtener los títulos de anticuerpos neutralizantes se pueden medir rápidamente y con alta sensibilidad. Además, al intercambio el constructo de expresión de glucoproteína, se pueden medir las respuestas contra distintas cepas o especies virales, lo cual permitió demostrar la neutralización cruzada entre el CDV y el virus de la peste de los pequeños rumiantes (PPRV) y se logró demostrar que los perros del Reino Unido varían en la amplitud de la inmunidad inducida por la vacunación con CDV; mostrando que en algunos perros, la respuesta neutralizante es específica del CDV mientras que, en otros, la respuesta neutralizante se extiende al morbilivirus de rumiantes PPRV (Abstract, Págs. 4174 a 4178, sección resultados). Además, no es posible atribuir un efecto técnico a la amplitud de materia reclamada.

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

Sin embargo, el incluir una mutación en la posición 539A en un polipéptido CDV H ya está divulgado en D3 que se refiere a una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido del virus del moquillo canino (CDV) H el cual tiene la mutación Y539A (Pág.



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

11244, sección - Construction of expression plasmids). De esta forma, se obtuvieron además de este mutante, otros y se evaluó la capacidad de todos los mutantes CDV-H para promover la actividad de fusión en los queratinocitos, para lo cual se transfectaron las células con el panel de plásmidos que expresaban el mutante H en combinación con el vector que codifica la proteína de fusión, así como un plásmido que expresaba la proteína fluorescente roja (RFP) para una detección precisa de la fusión (Pág. 11244, sección - Transfections and luciferase reporter gene content-mixing assay; Pág. 11245, sección - Identification of KeR-blind CDV-H mutants). Así se observó que en comparación con la proteína CDV H silvestre, los mutantes H P454A, L460A, L479A, I494A, L510A, Y520A, Y537A e Y539A exhibieron una falta total de actividad de fusión en los queratinocitos epiteliales caninos primarios 2 días posteriores a la transfección (y, por lo tanto, se los conoce como mutantes ciegos a KeR) (Pág. 11245, sección - Identification of KeR-blind CDV-H mutants, Fig. 2A). Además, los mutantes V478A, T496A e I522A se caracterizaron por la inducción de actividades intermedias de apoyo a la fusión dependientes de KeR (Pág. 11245, sección - Identification of KeR-blind CDV-H mutants, Fig. 2A). Adicionalmente, D3 menciona que las secuencias de la proteína CDV-H números son de los virus de acceso de GenBank: AF305419.1 (cepa del virus del moquillo canino Onderstepoort), AY386316.1 (cepa del virus del moquillo canino A75/17), BAA01203.1 (cepa del virus del moquillo canino 5804P), AY386315.1 (cepa del virus del moquillo canino 5804), D85755.1 (cepa del virus del moquillo canino Yanaka), en las cuales se identificaron que los residuos de CDV-H que regulan la fusión dependiente de SLAM son Y525, D526 y R529 y los residuos que regulan la fusión dependiente de KeR dentro de los que se destacan cinco aminoácidos, los residuos 478, 479, 537 y 539 que inhiben la actividad de fusión dependiente de EpR/KeR (Fig. 7). Donde las secuencias de la proteína H de los virus CDV con accesiones D85755.1, AY386316.1 y AY386315.1 del NCBI tienen un 93.08%, 93.74% y 94.07% de identidad con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud (alineamiento 1).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2021072284_2	100.00	93.08	93.74	94.07
2: D85755.1	93.08	100.00	95.22	95.55
3: AY386316.1	93.74	95.22	100.00	99.67
4: AY386315	94.07	95.55	99.67	100.00



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment		
WO_2021072284_2	MLSYQDKVGAFYKDNARANLSKLSLVTEEQGGRPPYLLFVLLILLVIGLALLAITGVRF	60
D85755.1	MLSYQDKVGAFYKDNARANSSKLSLVTEEQGGRPPYLLFVLLILLIGLALLAITGVRF	60
AY386316.1	MLSYQDKVGAFYKDNARANSSKLSLVTEEQGGRPPYLLFVLLILLVIGIMTLAITGVRF	60
AY386315	MLSYQDKVGAFYKDNARANSSKLSLVTEEQGGRPPYLLFVLLILLVIGIMTLAITGVRF	60
*****:****:*****		
WO_2021072284_2	HQVSI SNMEFSRLLEDMEKSDAVHHQVIDVLTPLFKIIGDEIGLRPQKLNEIKQFILQ	120
D85755.1	HQVSTSNMEFSRLLEDMEKSEAVHHQVIDVLTPLFKIIGDEIGLRPQKLNEIKQFILQ	120
AY386316.1	HQVSTSNMEFSRLLEDMEKSEAVHHQVIDVLTPLFKIIGDEVGLQLPQKLNEIKQFILQ	120
AY386315	HQVSTSNMEFSRLLEDMEKSEAVHHQVIDVLTPLFKIIGDEVGLRPQKLNEIKQFILQ	120
**** *****:*****:****:*****		
WO_2021072284_2	KTNFFNP NREFDFRDLHWCINPPSKIKVNFTSYCDTIGIRKSI AALNPILFSALSGGRG	180
D85755.1	KTNFFNP NREFDFRDLHWCINPPSKIKVNFTNYCDTVGVKKSIAA NPILSALSGARG	180
AY386316.1	KTNFFNP NREFDFRDLHWCINPPSKIKVNFTNYCDTIGIKKSIAA NPILLSALSGGRG	180
AY386315	KTNFFNP NREFDFRDLHWCINPPSKIKVNFTNYCDTIGIKKSIAA NPILLSALSGGRG	180
*****:****:**** *****:*****		
WO_2021072284_2	DIFPPYRCSGATTSVGRVFP LSVLSMSLISRTSEIINMLTISDGVYKTYLLVPDYIE	240
D85755.1	DIFPPYRCSGATTSVGRVFP LSVLSMSLISRTSEIINMLTAISDGVYKTYLLVPDYIE	240
AY386316.1	DIFPPYRCSGATTSVGRVFP LSVLSMSLISKTSEITSMLTAISDGVYKTYLLVPDYIE	240
AY386315	DIFPPYRCSGATTSVGRVFP LSVLSMSLISKTSEITSMLTAISDGVYKTYLLVPDYIE	240
*****: *****:**** .***:*****		
WO_2021072284_2	GEFDTQKIRVFEIGFIKRWLNDMP LQTNYMILPENSKTKVCTIAGVELTLASLCVDES	300
D85755.1	GEFDSQEIRVFEIGFIKRWLNDMP LQTNYMVLPE SKAKVCTIAGVELTLASLCVDES	300
AY386316.1	GEFDTQKIRVFEIGFIKRWLNNMP LQTNYMVLPENSKAKVCTIAGVELTLASLCVDES	300
AY386315	GEFDTQKIRVFEIGFIKRWLNNMP LQTNYMVLPENSKAKVCTIAGVELTLASLCVDES	300
*****:*****:****:*****:***.***:*****		
WO_2021072284_2	TVLLYHDSNGSQD GILVVTLGIFGATPMDQVEEVIPVAHPSVEKIHITNHRGFIKDSVAT	360
D85755.1	TVLLYHDSNGSQNGILVVTLGIFGATPMDQVEEVIPVAHPSVERIHITNHRGFIKDSIVT	360
AY386316.1	TVLLYHDSNGSQD GILVVTLGIFGATPMDQVEEVIPVAHPSVEKIHITNHRGFIKDSIAT	360
AY386315	TVLLYHDSNGSQD GILVVTLGIFGATPMDQVEEVIPVAHPSVEKIHITNHRGFIKDSIAT	360
***** .***:*****:*****:*****:*****:****:*****		



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

W0_2021072284_2	WMVPALVSENLEEQKNCLESACQKSYPMCQTSWEPFGGGQLPSYGRLTLLHLDASTDRQ	420
D85755.1	WMVPALVSEKQEEQKNCLESACQKSYPMCQTSWEPFGGGQLPSYGRLTLLLDPSIDLQ	420
AY386316.1	WMVPALVSEKQEEQKNCLESACQKTYPMCQTSWEPFGGGQLPSYGRLTLPDPSIDLQ	420
AY386315	WMVPALVSEKQEEQKNCLESACQKTYPMCQTSWEPFGGGQLPSYGRLTLPDPSIDLQ	420
*****; *****;***** ** * * *		
W0_2021072284_2	LNISFTYGPVILNGNGMDYYESPLD SGWLTIPPKNGTILGLINKASRGDQFTVIPHVLS	480
D85755.1	LNISFTYGPVILNGDGMDDYESPLD SGWLTVPKNGTVLGLINKASRGDQFTVTPHVLT	480
AY386316.1	LNISFTYGPVILNGDGMDDYESPLD SGWLTIPPRNGTVLGLINKASRGDQFTVIPHVLT	480
AY386315	LNISFTYGPVILNGDGMDDYESPLD SGWLTIPPRNGTVLGLINKASRGDQFTVIPHVLT	480
*****;***** *****;***;***;***** ***** :		
W0_2021072284_2	FAPRESSGNCYLPIQTSQIMDKDVLTESNLVVLPTQNFRYVIATYDISRNDHAIVYVYD	540
D85755.1	FAPRESSGNCYLPIQTSQIMDKDVLTESNLVVLPTQNFRYVIATYDISRGDHAIVYVYG	540
AY386316.1	FAPRESSGNCYLPIQTSQIMDKDVLTESNLVVLPTQNFRYVIATYDISRGDHAIVYVYD	540
AY386315	FAPRESSGNCYLPIQTSQIMDKDVLTESNLVVLPTQNFRYVIATYDISRGDHAIVYVYD	540
***** ,***** .		
W0_2021072284_2	PIRTISYTPFRLTTKGRPDFLRIECFVWDDDLWCHQFYRFEADITNSTTSVENLVRIRF	600
D85755.1	PIRTISYMPFRLTTKGRPDFLRIECFVWDDDLWCHQFYRFEANITNSTTSVENLVRIRF	600
AY386316.1	PIRTISYTHPFRLTTKGRPDFLRIECFVWDDDLWCHQFYRFEADITNSTTSVENLVRIRF	600
AY386315	PIRTISYTPFRLTTKGRPDFLRIECFVWDDDLWCHQFYRFEADITNSTTSVENLVRIRF	600
***** :***** *****;*****;*****		
W0_2021072284_2	SCNRSKP	607
D85755.1	SCNRSKP	607
AY386316.1	SCNRSKP	607
AY386315	SCNRSKP	607

Alineamiento 1. Entre las accesiones D85755.1, AY386316.1 y AY386315.1, y la SEQ ID NO: 2.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir mutaciones en 539A como lo enseña D3 en el polipéptido CDV H de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 6. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 7 a 10, 12 a 16 y 18 a 20 no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al virus de la reivindicación 6, por lo cual se considera que carecen de nivel inventivo.

8. Conclusión

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

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	Logan, N., et al. Vaccine.	1	Novedad
		2 a 10, 12 a 16 y 18 a 20	Nivel inventivo
D2	von Messling, V., & Cattaneo, R. Journal of virology.	2 a 5	Nivel inventivo
D3	Langedijk, J. P., et al. Journal of virology.	6 a 10, 12 a 16 y 18 a 20	Nivel inventivo

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

9. Respuesta a los argumentos del solicitante

Argumentos frente a las objeciones por falta de claridad y sustento de las reivindicaciones

En lo referente a los argumentos del solicitante con relación a la falta de claridad y sustento del capítulo reivindicatorio de la solicitud bajo estudio en donde manifestó *“El solicitante no está de acuerdo con la observación del Examinador. En primer lugar, se resalta que la Guía de Examen de la Superintendencia de Industria y Comercio (versión 2023) establece específicamente que (...)*

Por lo tanto, el Solicitante no está obligado a limitar la materia reivindicada a lo que se ha ejemplificado. En este sentido, se enfatiza que la materia reivindicada corresponde a una generalización razonable de las realizaciones exploradas por la solicitud. Además, se resalta que el lenguaje empleado en las reivindicaciones sería claro para una persona versada en la materia que combinaría las enseñanzas de la descripción y sus conocimientos.

Por otro lado, se aclara que la reivindicación 1 no se refiere a un resultado a alcanzar sino a las características técnicas de la invención y que la inclusión de resultados en la reivindicación 5 es aceptable. En este sentido, se recuerda al Examinador que, según la Guía de Examen, los resultados a alcanzar pueden incluirse en una reivindicación cuando también se definen las características esenciales de la invención, como ocurre en el presente caso.

Finalmente, se resalta que las reivindicaciones 1 y 20 han sido modificadas para incluir el significado de las siglas VSV, CDV y NIS, y la reivindicación 12 ha sido modificada para sustituir la referencia a la Figura 11 por las SEQ ID NOS 5, 31 a 145, 227 y 228. En vista de lo anterior, se solicita considerar superadas las objeciones al respecto”.

Se aclara que el capítulo del escrito radicado bajo número NC2022/0004984 el 21 de marzo de 2025 no cumple con lo especificado en el artículo 30 de la Decisión 486 en cuanto a claridad, sustento y concisión de las reivindicaciones como se evidencia en el numeral 4.2 del presente Oficio. Esto porque la reivindicación independiente no menciona las características técnicas esenciales del virus reclamado puesto que define de manera genérica indicando que este se encuentra definido porque codifica una serie de proteínas. Sin embargo, no indica la SEQ ID NO del virus reclamado y el cual comprende las mutaciones que si tienen sustento en la descripción. Así mismo, es importante definir que expresiones tales como “tiene menos de” genera un gran número de permutaciones de virus que no son exploradas por el solicitante y por tanto, carecen de sustento.

Adicionalmente, todas las mutaciones mencionadas no están sustentadas en la descripción, puesto que, solo se menciona en algunos párrafos, pero no hay un desarrollo de virus comprendiendo al menos una mutación y una combinación de mutaciones.

Argumentos frente a las objeciones a la descripción

El solicitante afirma que *“El Examinador indica que la descripción no revela la materia reivindicada de manera suficiente para que una persona normalmente versada en la materia pueda ejecutarla o reproducirla y por lo tanto no cumpliría con lo dispuesto en el Art. 28 de la Decisión Andina 486.*

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

El solicitante no está de acuerdo con la observación del Examinador ya que la descripción si proporciona suficiente información para reproducir la invención. En este sentido, se reitera que, de acuerdo con la Guía de Examen, limitar la materia reivindicada a las realizaciones ejemplificadas no es una condición necesaria para reconocer la suficiencia de la descripción.

Teniendo en cuenta lo anterior, se señala que la descripción cumple con los requisitos legales establecidos en la Decisión Andina 486”.

En este caso, es importante mencionar que no se evidencia el desarrollo del virus con todas las mutaciones reivindicadas, por tanto, esto genera un exceso de ensayo y error para llegar a la materia reclamada por parte de la persona capacitada en la materia. Ahora bien, esto mismo ocurre cuando no se define el virus reclamado por sus características técnicas esenciales y no es posible extrapolar los efectos técnicos a cualquier virus de cualquier SEQ ID NO. Tampoco es posible caracterizar un virus porque su secuencia codifica para fragmentos de proteínas como es el caso de los péptidos señal.

Argumentos frente a la falta de unidad invención

El solicitante indica que *“El Examinador indica que la descripción no revela la materia reivindicada de manera suficiente para que una persona normalmente versada en la materia pueda ejecutarla o reproducirla y por lo tanto no cumpliría con lo dispuesto en el Art. 28 de la Decisión Andina 486.*

El solicitante no está de acuerdo con la observación del Examinador ya que la descripción si proporciona suficiente información para reproducir la invención. En este sentido, se reitera que, de acuerdo con la Guía de Examen, limitar la materia reivindicada a las realizaciones ejemplificadas no es una condición necesaria para reconocer la suficiencia de la descripción. Teniendo en cuenta lo anterior, se señala que la descripción cumple con los requisitos legales establecidos en la decisión Andina 486”.

De lo anterior, esta Oficina se permite indicar que la falta de unidad de invención sigue siendo pertinente para el capítulo del escrito radicado bajo número NC2022/0004984 el 21 de marzo de 2025. Esto porque de acuerdo con la materia sustentada en la descripción, el concepto común es un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN que codifica un polipéptido VSV N, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV P, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV M, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV H, y una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido VSV L, y dado que este se encuentra divulgado en el estado de la técnica, específicamente en el documento Logan, *et al.*, (2016)⁵. Por tanto, en el presente Oficio se evidencia dos grupos inventivos, en primer lugar un grupo donde CDV H en el virus comprende la mutación Y539A en relación a la SEQ ID NO: 2 y un segundo grupo donde CDV H del virus comprende la mutación M437L en relación a la SEQ ID NO: 5. De estos grupos, ha tenido en cuenta para estudio únicamente el primer grupo.

Argumentos frente a las objeciones al listado de las secuencias

⁵ Logan, N., McMonagle, E., Drew, A. A., Takahashi, E., McDonald, M., Baron, M. D., Gilbert, M., Cleaveland, S., Haydon, D. T., Hosie, M. J., & Willett, B. J. (2016). Efficient generation of vesicular stomatitis virus (VSV)-pseudotypes bearing morbilliviral glycoproteins and their use in quantifying virus neutralising antibodies. *Vaccine*, 34(6), 814–822. Recuperado desde: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0264410X15017788?ref=pdf_download&fr=RR-2&rr=8db6bafa687974a2

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

El solicitante menciona que *“En primer lugar, se aclara que las referencias a “morbillivirus canino” se incluyen en el identificador <213>, que según la norma ST.25 debe completarse solo con el nombre científico del organismo.*

Dicha norma solo exige la inclusión de información adicional en casos específicos como que el organismo sea una secuencia artificial. En consecuencia, hemos modificado el identificador <223> para las SEQ ID NOS: 8 a 20 y 22 a 30 para incluir información técnica adicional. Por ejemplo, para las SEQ ID NOS 8 a 20, se especificó que corresponden a péptido señal de un polipéptido F del virus del moquillo canino.

En vista de lo anterior, se solicita que se consideren superadas las objeciones al respecto”.

Frente a dicho argumento, se afirma que las objeciones frente al listado de secuencias son superadas dado el nuevo listado entregado en la respuesta del solicitante con el radicado número NC2022/0004984 el 21 de marzo de 2025.

Argumentos frente a las objeciones por falta de novedad

El solicitante expresa que *“El examinador afirma que la reivindicación 1 carecería de novedad a la luz del documento Logan, N., et al. Vaccine. (D1). Además, el examinador considera que las reivindicaciones 2 a 10, 12 a 16 y 18 a 20 carecerían de nivel inventivo a la luz de los documentos D1, von Messling, V., & Cattaneo, R. Journal of virology (D2) y Langedijk, J. P., et al. Journal of virology (D3).*

En este sentido, es pertinente destacar que, para considerar que el objeto de la solicitud carece de novedad, deben tenerse en cuenta, como mínimo, los siguientes aspectos: (...)

Lo anterior significa que para que un documento del estado de la técnica pueda afectar a la novedad de una solicitud, debe revelar todas y cada una de las características técnicas que la definen.

Aplicando lo anterior al caso concreto, por las razones expuestas por esta Oficina para refutar que la novedad sea cierta, sería necesario demostrar que la invención este totalmente incluida en el estado de la técnica, es decir, individualmente en el documento D1, lo que no ocurre en este caso”.

Se aclara que el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2022/0004984 el 21 de marzo de 2025 carece de novedad como se evidencia en el numeral 7.1 del presente Oficio. Esto porque la reivindicación independiente reclama un virus de estomatitis vesicular con capacidad de replicación que comprende una molécula de ARN, que comprenden una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica para los polipéptidos N (VSV), VSV P, VSV M, F del virus del moquillo canino (CDV), CDV H, y VSV L, en el que dicha molécula de ARN carece de una secuencia de ácido nucleico que es un molde para un transcrito de sentido positivo que codifica un polipéptido G de VSV funcional. Pero esta materia ya se encuentra completamente divulgada en el documento D1. Por tanto, la materia de la reivindicación 9 no cumple con lo estipulado en el artículo 16 de la Decisión 486.

Argumentos frente a las objeciones por falta de nivel inventivo de la solicitud

El solicitante argumenta que *“Por otro lado, quisiera resaltar lo dispuesto en el artículo 18 de la decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, el cual establece que (...)*

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

Esto significa que el análisis del nivel inventivo NO es una comparación entre los objetos de la precedencia y la solicitud objeto de estudio. Por el contrario, el análisis del nivel inventivo debe demostrar la obviedad de la invención y establecer que no contiene un salto cualitativo que demuestre su altura inventiva, teniendo en cuenta que es necesario demostrar que la invención analizada carece de nivel inventivo y hubiera sido obvia para una persona versada en la materia.

Sin embargo, estas condiciones no se cumplen en el caso que nos ocupa, ya que, como se verá más adelante, las características técnicas mencionadas en el capítulo reivindicatorio no pueden derivarse de manera obvia o evidente de las enseñanzas del estado de la técnica, y, por tanto, el objeto reivindicado es inventivo a la luz del estado de la técnica anterior.

En primer lugar, se resalta que la reivindicación 1 requiere un virus de la estomatitis vesicular con capacidad de replicación que incluya una molécula de ARN que comprenda (a) una secuencia de ácido nucleico que sea un molde para transcrito de sentido positivo que codifique un polipéptido F del CDV y (b) una secuencia de ácido nucleico que sea un molde para transcrito de sentido positivo que codifique un polipéptido H del CDV.

Ahora bien, el documento D1 revela que los pseudotipos de VSV tienen proteínas F y H provistas en trans (página 815, columna izquierda, único párrafo completo). Además, el documento D1 revela específicamente que proporcionar las proteínas F y H en trans es importante, ya que evita que las proteínas F y H estén sujetas a la deriva antigénica (es decir, congelando el virus en el tiempo), “garantizando así que la respuesta neutralizante [sic] siempre se mida contra viriones con hemaglutininas idénticas, facilitando las comparaciones entre animales, virus y fechas de muestreo”.

Los documentos D2 y D3 citados por el examinador no resuelven las deficiencias de D1. Por lo tanto, la técnica citada no proporciona suficientes enseñanza o indicaciones para llegar al virus reivindicado”.

En este caso, se debe resaltar que la reivindicación independiente carece de novedad como ya se explicó previamente, por lo cual, no es posible diferenciarla frente al arte previo, por lo tanto, los argumentos no son a lugar. Además, es importante mencionar que D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la reivindicación dependiente 2, esto porque divulga un virus de estomatitis vesicular recombinante el cual comprende el ácido nucleico que codifica todos los polipéptidos a excepción de la proteína G que ha sido deletada (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses). Donde el virus de la estomatitis vesicular recombinante (VSV) se ha eliminado el gen de la glicoproteína (G) (VSVG) y se ha reemplazado por la luciferasa de luciérnaga (luc), el cual se usó para infectar células 293T transfectadas recuperando los pseudotipos de VSVGluc (VSVG), (Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses).

Así las cosas, la diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 2 y el virus divulgado en D2, está dada por que el polipéptido CDV F de la solicitud tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud lo cual no le proporciona algún efecto técnico diferente al objeto de D1, puesto que, dicho documento enseña un virus de estomatitis vesicular que comprende las secuencias de ácidos nucleicos que codifican para las proteínas CDV F y CDV H, y el cual tiene deletado la secuencia que codifica para el polipéptido VSV G, donde además, se puede expresar las proteínas hemaglutinina (H) y de fusión (F) en pseudotipos VSVG que portan un gen marcador de luciferasa lo cual permitió obtener los títulos de anticuerpos neutralizantes se pueden medir rápidamente y con alta sensibilidad. Además, al intercambio el

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

constructo de expresión de glucoproteína, se pueden medir las respuestas contra distintas cepas o especies virales, lo cual permitió demostrar la neutralización cruzada entre el CDV y el virus de la peste de los pequeños rumiantes (PPRV) y se logró demostrar que los perros del Reino Unido varían en la amplitud de la inmunidad inducida por la vacunación con CDV; mostrando que en algunos perros, la respuesta neutralizante es específica del CDV, mientras que, en otros, la respuesta neutralizante se extiende al morbilivirus de rumiantes PPRV (Abstract, Págs. 4174 a 4178, sección resultados). Además, no es posible atribuir un efecto técnico a la amplitud de materia reclamada.

De otra parte, una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido CDV F que tiene un péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud ya está divulgado en D2 que se refiere a una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido del virus del moquillo canino (CDV) F el cual tiene una secuencia de péptido señal que tiene menos de 75 residuos de aminoácidos de longitud (Pág. 4173, sección - Construction of CDV genomic full-length plasmids with alterations in the 5' region of the F gene; Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein). De esta forma, que los aminoácidos 1 a 35 del péptido corresponde al péptido señal, donde los primeros 75 residuos tienen un alto índice de hidrofobicidad (Fig. 1, Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein). Adicionalmente, D2 menciona que el polipéptido CDV F presenta mutaciones como es el caso de L1, L61, L1/61, la delección de los primeros 60 aminoácidos del péptido señal, de 107 o de 114 (Fig. 2). De esta forma, se evidencia que la mutación de la metionina en marco de lectura a leucina condujo a un aumento de 20 veces de la actividad de fusión, a pesar de que los niveles de proteína F producidos fueron más altos para la proteína parental que para las proteínas alteradas, mientras el constructo en el que ambas metioninas están mutadas muestra una actividad de fusión similar a la del constructo inalterado, pero la cantidad de proteína expresada fue extremadamente reducida (Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein; Fig. 2).

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir el péptido señal de D2 en el polipéptido CDV F de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 2. Por lo cual se considera obvia y no cumple con los requerimientos de 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.

Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984



Sandra Isabel Calderon Rodriguez
DIRECTORA DE NUEVAS CREACIONES



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

INFORME DE BÚSQUEDA
EXAMEN DE PATENTABILIDAD

Solicitud No.		Examen de patentabilidad							
NC2022/0004984		1°		2°	X	3°		Revoca	
Solicitud Internacional No.		Fecha solicitud internacional: (DD/MM/AÑO)							
PCT/US2020/055100		09/10/2020							
Fecha de determinación estado de la técnica (DD/MM/AÑO)				Prioridad			Presentación		
09/10/2019				X					
Solicitante									
MAYO FOUNDATION FOR MEDICAL EDUCATION AND RESEARCH									
Reivindicaciones que no son objeto de búsqueda por:									
Art. 14	-	Art. 15	-	Art. 20	-	Art. 25 (Falta de unidad de invención)		11 y 17 completamente, 1 a 5 y 18 a 20 parcialmente	

CRITERIOS DE BÚSQUEDA

Reivindicaciones objeto de búsqueda	1 a 10, 12 a 16 y 18 a 20
Palabras clave utilizadas	vesicular stomatitis viruses, VSV, recombinant virus, canine distemper virus, CDV, VSV N polypeptide, VSV M polypeptide, VSV L polypeptide, VSV G polypeptide, VSV P polypeptide, CDV F polypeptide, CDV H polypeptide, RNA molecule, positive sense transcript, template, nucleic acid molecule, 454A, 464A, 479A, 494A, 510A, 520A, 525A, 526A, 527S, 528A, 529A, 537A, 539A, 547A, 548A, P454, V/L/F460, L/F/W479, I494, I /L/V510, Y520, Y/N525, D/G526, I/V527, S/T528, R529, Y/D537, Y539, Y/F547, T/M548, SEQ ID NO: 2, 4, 5 y 6.
Clasificaciones utilizadas para la búsqueda	CIP: C07K 14/13, C12N 7/00, C12N 15/11, A61K 38/16

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	-	-	-	-	-
THE LENS	US20110236419	28/09/2011	-	-	A
	US20160199483	13/07/2016	-	-	A
	WO2011106743	31/08/2011	-	-	A
	US20090074803	18/03/2009	-	-	A
	US20110020907	21/01/2011	-	-	A
	US7635752	21/12/2009	-	-	A
	US20040058316	24/03/2004	-	-	A
	US20110236419	28/09/2011	-	-	A
	US20090068221	11/03/2009	-	-	A
ISA/ EPO	WO2018212842	22/11/2018	-	-	A
	Accesión ANG57135.1	28/05/2016	-	-	A
	Accesión AHF81426.1	07/04/2016	-	-	A
ISA/ EPO/ PUBMED	von Messling, V., & Cattaneo, R.	05/2002	2 a 5	Abstract, Pág. 4173, sección - Construction of CDV genomic full-length plasmids with alterations in	Y



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

				the 5' region of the F gene; Pág. 4174, sección - Translation initiation of the CDV F protein, Fig. 1.	
PATBASE	US2014370043	18/12/2014	-	-	A
	US2016144022	26/05/2016	-	-	A
	US2003044386	06/03/2003	-	-	A
	US2015079037	19/03/2015	-	-	A
	US2006193872	31/08/2006	-	-	A
	US2009162321	25/06/2009	-	-	A
	US2017095551	21/09/2017	-	-	A
	US2010144040	10/06/2010	-	-	A
	US2016201087	14/07/2016	-	-	A
	US2007218078	20/09/2007	-	-	A
	US2005271621	08/12/2005	-	-	A
	WO18212842	22/11/2018	-	-	A
STN	Sultan, S., <i>et al.</i>	06/10/2009	-	-	A
	Kövamees, J., <i>et al.</i>	12/1991	-	-	A
PUBMED/ GOOGLE	Logan, N., <i>et al.</i>	17/12/2015	1	Abstract, Pág. 816, sección - 2.3. Eukaryotic expression vectors and recombinant viruses,	X
			2 a 10, 12 a 16 y 18 a 20		Y
	Langedijk, J. P., <i>et al.</i>	11/2005	6 a 10, 12 a 16 y 18 a 20	Abstract, Pág. 11244, sección - Transfections and luciferase reporter gene content-mixing assay; Pág. 11245, sección - Identification of KeR-blind CDV-H mutants, Pág. 11245, sección - Identification of KeR-blind CDV-H mutants, Figs. 2A y 7	Y
	Logan, N., <i>et al.</i>	11/11/2016	-	-	A
	Whitt M. A	11/2010	-	-	A
ORBIT	US9630996	25/04/2017	-	-	A
	US10081796	05/09/2018	-	-	A
	US20180195085	12/07/2018	-	-	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.		Sultan, S., <i>et al.</i> (2009). The Asia 2 specific signal peptide region and other domains in fusion protein genes characterized Asia 1 and Asia 2 canine distemper viruses. <i>Virology journal</i> , 6, 157.			
		Kövamees, J., <i>et al.</i> (1991). The nucleotide sequence and deduced amino acid composition of the haemagglutinin and fusion proteins of the morbillivirus phocid distemper virus. <i>The Journal of general virology</i> , 72 (Pt 12), 2959–2966.			
		von Messling, V., & Cattaneo, R. (2002). Amino-terminal precursor sequence modulates canine distemper virus fusion protein function. <i>Journal of virology</i> , 76(9), 4172–4180.			
		Logan, N., <i>et al.</i> (2016). Efficient generation of vesicular stomatitis virus (VSV)-pseudotypes bearing morbilliviral glycoproteins and their use in quantifying virus neutralising antibodies. <i>Vaccine</i> , 34(6), 814–822.			
		Langedijk, J. P., <i>et al.</i> (2011). Canine distemper virus infects canine keratinocytes and immune cells by using overlapping and distinct regions located on one side of the attachment protein. <i>Journal of virology</i> , 85(21), 11242–11254.			
		Logan, N., <i>et al.</i> (2016). Enhanced immunosurveillance for animal morbilliviruses using vesicular stomatitis virus (VSV) pseudotypes. <i>Vaccine</i> , 34(47), 5736–5743.			
		Whitt M. A. (2010). Generation of VSV pseudotypes using recombinant ΔG-VSV for studies on virus entry, identification of entry inhibitors, and immune responses to vaccines. <i>Journal of virological methods</i> , 169(2), 365–374.			
		(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			



Oficio N° 5177 de 11 de abril de 2025

Ref. Expediente N° NC2022/0004984

“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.	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: (31/03/2025)	

