

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

Señores
PAIRWISE PLANTS SERVICES, INC.

TÍTULO DE LA SOLICITUD: “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”

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 21 de enero de 2025 bajo el número NC2021/0017543, 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, caracterizado porque el método comprende: escindir, de una manera específica de sitio, un sitio objetivo dentro de un gen SEEDSTICK (STK) endógeno (a) que comprende 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 203; o (b) que codifica un polipéptido que tiene un 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 97, de modo de generar una mutación no natural en el gen STK endógeno para proporcionar un gen STK no natural en el genoma de la célula vegetal, donde la célula vegetal es una célula vegetal de frambuesa negra, y donde la mutación no natural es una delección de uno o más residuo(s) de aminoácidos del polipéptido.

3. Reivindicaciones estudiadas

El presente estudio se basa en el capítulo reivindicatorio presentado el 21 de enero de 2025 bajo el número NC2021/0017543.

4. No es una invención

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

“No se consideran invenciones:

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

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

Debido a lo anterior, esta oficina determina que el objeto de las reivindicaciones 17 y 19 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 un sitio objetivo en un gen SEEDSTICK (STK) que comprende un 95% o más identidad con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 203 o que codifica un polipéptido que tiene un 95% o más de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 97 o que comprende un ácido nucleico tracr, pero, no se incluye ninguna característica técnica esencial estructural para el objeto referido en el preámbulo y, en su lugar, se incluyen las secuencias correspondientes al gen y a la proteína STK de la frambuesa negra (Pág. 9, Fig. 5; Pág. 62, Líneas 15 y 16; Pág. 64, Tabla 1), tal y como se ilustra 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 no a secuencias de ADN guía y, por lo tanto, no es posible diferenciar el objeto reclamado tal y como se encuentra definido, del gen STK de frambuesa negra de origen natural.

El objeto de la reivindicación 18 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 la reivindicación 25 no se considera como una invención, ya que, a pesar de que su preámbulo se refiere a un ácido nucleico que codifica un gen SEEDSTICK (STK) mutado, dicha molécula no se define mediante ninguna característica técnica esencial estructural que permita diferenciarla de cualquier alternativa existente en la naturaleza, toda vez que, las SEQ ID NO: 219 a 252 referidas en la parte caracterizante como las estructuras asociadas, no están incluidas en el capítulo descriptivo y/o en el listado de secuencias; por lo que, en ausencia de cualquier característica técnica estructural de tipo secuencia biológica, no es posible distinguir la molécula reclamada de cualquier variante existente en la naturaleza que pueda incluir mutaciones de origen natural.

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; (...)"

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

Debido a lo anterior, esta oficina establece que el objeto de las reivindicaciones 1 a 4 no es patentable, toda vez que se refiere a una célula vegetal y dicho producto corresponde a una parte de una planta que corresponde a materia exceptuada de patentabilidad.

El objeto de la reivindicación 6 no es patentable, toda vez que se refiere a un método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal que comprende como etapa esencial *“regenerar una planta a partir de la célula vegetal que comprende el gen STK no natural a fin de producir una planta que comprende el gen STK no natural”*; no obstante, dicha etapa técnica no se relaciona con el objeto de la metodología reclamada en las reivindicaciones precedentes, y por el contrario, dicho paso corresponde a un proceso biológico natural del crecimiento y reproducción de material vegetal, por lo que, el método reclamado corresponde a un proceso esencialmente biológico exceptuado de patentabilidad.

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.

Analizado el título modificado en el escrito radicado bajo el N° NC2021/0017543 el 21 de enero de 2025 y teniendo en cuenta el objeto de la solicitud, esta oficina acepta 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:

La reivindicación 5 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, 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 debe 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 *“95% o más”* 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

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

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 5 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 SEEDSTICK (STK) endógeno”* y, al finalizar la caracterización del proceso menciona la expresión: *“de modo de generar una mutación no natural en el gen STK endógeno para proporcionar un gen STK no natural en el genoma de la célula vegetal, donde la célula vegetal es una célula vegetal de frambuesa negra, y donde la mutación no natural es una delección de uno o más residuo(s) de aminoácidos del polipéptido”* 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 a 13 no son claras, porque caracterizan el método reclamado mediante las expresiones: *“caracterizado porque el gen STK no natural codifica un alelo dominante–negativo, un alelo semidominante, un alelo de pérdida de función débil o una mutación hipomórfica”*; *“caracterizado la delección es una delección en marco”*; *“caracterizado porque la delección es una delección fuera del marco”*; *“caracterizado porque la mutación no natural es una delección (...)”*; *“caracterizado porque el gen STK no natural codifica un polipéptido no natural y la delección produce”* y/o *“caracterizado porque el gen STK no natural codifica un polipéptido”*, lo cual corresponde a resultados a alcanzar, que no caracterizan el proceso reclamado. Asimismo, dichas características están asociadas al producto final obtenido mediante el método, y no a las características técnicas propias del método reclamado. Se sugiere al solicitante sustituir los resultados a alcanzar por los elementos de tipo estructural requeridos que permitan llegar a la edición del gen STK.

Las reivindicaciones 14 a 16 no son claras porque, incluyen elementos esenciales del método reclamado en la reivindicación 5, que deberían ser parte de la reivindicación principal, pero, se encuentran distribuidos en diferentes reivindicaciones. Se sugiere al solicitante incorporar dichos elementos en la reivindicación principal.

Las reivindicaciones 5, 12, 13, 22 y 26 a 28 no son claras, porque incluyen el término *“o más”*, *“al menos”*, *“porción”* y/o *“uno o más”* 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.

Las reivindicaciones 5, 7, 10, 11, 12, 13 y 14 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.

La reivindicación 7 a 13, 24, 27 y 28 no son claras, porque se refieren a: un gen STK no natural que codifica: *“un alelo dominante–negativo, un alelo semidominante, un alelo de pérdida de función débil o una mutación hipomórfica”*, o mencionan que: *“la delección es*

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

una delección en marco (...), *“la delección es una delección en marco (...)*, *“la mutación no natural es una delección de 4 pares de bases consecutivos a 150 pares de bases consecutivos, desde el extremo 3' del gen STK endógeno”, “el gen STK no natural codifica un polipéptido no natural y la delección produce un truncamiento C-terminal del polipéptido no natural que comprende un truncamiento de 1 residuo de aminoácido a 50 residuos de aminoácidos consecutivos”, “la mutación no natural es una delección de uno o más residuo(s) de aminoácidos ubicados en una o más de las posiciones 191–194 (...)*, *“porque el gen STK no natural codifica un polipéptido que tiene 95% o más de identidad de secuencia con (...)*” o *“una porción de 2 a 22 nucleótidos consecutivos de longitud”* que son expresiones imprecisas porque, no definen la estructura del gen, de la mutación o del ADN guía ya que, no la caracterizan mediante sus secuencias biológicas o mediante las posiciones específicas 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 estructuras exploradas.

La reivindicación 14 no es clara porque se refiere a una nucleasa, pero, pretende caracterizarla mediante la expresión: *“escinde el gen STK endógeno e introduce la mutación no natural en el gen STK endógeno”* que es un resultado a alcanzar y no define la proteína porque contempla cualquier alternativa estructural presente o futura que llegue a dicho fin, todas las cuales no han sido exploradas en la solicitud.

Las reivindicaciones 15 y 16 no se encuentran sustentadas en la descripción, porque se refieren a cualquier nucleasa CRIPR-Cas sin definirla por su estructura completa, siendo que, la solicitud no ha explorado cualquier alternativa estructural para la misma. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de las estructuras exploradas, esto se logra definiéndolas mediante sus secuencias completas de aminoácidos de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Las reivindicaciones 22 y 23 no son claras y no se encuentran sustentadas en la descripción, porque se refieren a *“un complejo”* o *“un casete”* que comprenden un ácido nucleico guía y una proteína CRISPR-Cas, pero, el ácido nucleico pretende ser caracterizado por el blanco de unión o *“una porción”* de este, y dichas expresiones no definen el ADN guía 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 *“95% o más”* 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.

Las reivindicaciones 20 a 22 no se encuentran sustentadas en la descripción, porque se refieren a una composición o a un complejo que comprende un ácido nucleico guía y una proteína efectora, pero, no se definen sus componentes esenciales mediante su estructura que corresponde a su la secuencia completa de nucleótidos del ADN guía y a la secuencia completa de aminoácidos de la proteína efectora, siendo que, la solicitud no ha explorado cualquier estructura para dichos componentes. Se sugiere al solicitante restringir la reivindicación a una razonable generalización de las estructuras exploradas

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

para el ADN guía y para la proteína efectora, esto se logra incluyendo las opciones de secuencias para cada componente de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Las reivindicaciones 26 a 28 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 STK con: *“una nucleasa que comprende un dominio de unión de ácido nucleico que se une a un sitio objetivo,”* en donde la señalada expresión presenta errores de sintaxis ya que, en realidad, debería escribirse como una nucleasa que comprende un dominio de unión a un ácido nucleico y, pretenden referir *“sitios objetivo”* de un genoma de una célula vegetal, pero, suministra la SEQ ID NO: 97 que es una secuencia de aminoácidos del producto codificado 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 pueda establecerse el alcance de la materia reclamada.

Las reivindicaciones 26 a 28 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 STK 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 *“95% o más”* con respecto a secuencias de referencia; de acuerdo con lo anterior, no es posible establecer 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

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 o complejos que comprenden un ARN guía que se une a cualquier sitio dentro de un gen SEEDSTICK (STK) endógeno en una célula vegetal en donde el gen es 95% o más idéntico a la SEQ ID NO: 203, o codifica un factor que tiene 95% o más de identidad con la SEQ ID NO: 97, 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).

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

6.4. Listado de secuencias

De conformidad con lo establecido por el artículo 28 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la solicitud se refiere a secuencias de nucleótidos o aminoácidos.

Revisando el capítulo descriptivo en donde se refieren las SEQ ID NO: 219 a 250 se evidencia que el listado de secuencias no incluye las estructuras asociadas a dichos códigos ya que, únicamente incluye las SEQ ID NOs: 1 a 218. Teniendo en cuenta lo anterior, es necesario presentar todas las secuencias referidas en la descripción en forma separada de la descripción, bajo el título: “Listado de secuencias” de acuerdo con el estándar ST. 25, para dar cumplimiento a lo establecido.

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	Ocares 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

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.

¹Ocares, 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° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

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 5 (NC2021/0017543 del 21 de enero de 2025) 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 SEEDSTICK (STK) endógeno (a) que comprende 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 203; o (b) que codifica un polipéptido que tiene un 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 97, de modo de generar una mutación no natural en el gen STK endógeno para proporcionar un gen STK no natural en el genoma de la célula vegetal, donde la célula vegetal es una célula vegetal de frambuesa negra, y donde la mutación no natural es una delección de uno o más residuo(s) de aminoácidos del polipéptido”*. 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 de frambuesa negra, 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 que comprende: (Pág. 3, Col. Izq., Líneas 37 a 44)	Un método para producir una planta genéticamente modificada que comprende (Pág. 41, Reiv. 14)
escindir, de una manera específica de sitio, un sitio objetivo dentro de un gen SEEDSTICK (STK) endógeno (a) que comprende 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 203; o (b) que codifica un polipéptido que tiene un 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 97,	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 5, 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 5 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 dicha 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, por tal razón, no es posible asociar las pruebas técnicas de los métodos de edición que comprenden ARN guía y nucleasas con



Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

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 (Págs. 7.; Fig. 1 y Pág. 9, Fig. 4).

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 transcripción de la caja MADS de una planta de frutos carnosos como la del documento D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 5. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 7 a 16 no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al método de la reivindicación 5, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

Asimismo, se indica que el examen de patentabilidad realizado a la reivindicación independiente 5, también aplica para la reivindicación independiente 26, 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 27 a 28 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).

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación 20 (NC2021/0017543 del 21 de enero de 2025) se refiere a: *“Una composición caracterizada porque comprende el ácido nucleico guía de la reivindicación 18 o la reivindicación 19 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
Una composición caracterizada porque comprende	Una composición que comprende un ARN	Un sistema para realizar edición de bases a una secuencia blanco en el



Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

	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)	genoma de una planta que comprende (Pág. 40, Reiv. 1)
un ácido nucleico guía que comprende una SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 184, o 186 que se une a un sitio objetivo dentro de un gen de SEEDSTICK (STK) en una célula vegetal, donde el gen comprende 95% o más de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 203 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 20, ya que divulga una composición que 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).

La diferencia entre la invención definida en la reivindicación 20 y el ácido nucleico divulgado en D1, consiste en que la composición de la solicitud comprende un ácido nucleico guía que comprende una SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 184, o 186 que se une a un sitio objetivo dentro de un gen de SEEDSTICK (STK) en una célula vegetal, donde el gen comprende 95% o más de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 203 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 una composición que comprende un casete para la edición génica que codifica el ARN guía con 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 este producto específico con una composición que comprenda un ácido nucleico guía con una secuencia espaciadora SEQ ID NOs: 175 o 176 y una nucleasa Cas9 o un ácido nucleico guía que se una a cualquier posible sitio objetivo dentro del gen SEEDSTICK (STK).

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar la composición conocida en D1 con el fin de proporcionar una composición alternativa?

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).

Adicionalmente, D2 se refiere 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



Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

que se une a un gen STK que codifica un factor de transcripción de caja MADS. (Pág. 16, Líneas 18 y 19, 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 sistema que comprende un ARN guía como el del documento D2, a de los casetes con secuencias de factores de transcripción de que regulan la producción de semillas en diversos frutos carnosos del documento D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 20. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 21 a 24 no menciona alguna característica que, junto con las características de las reivindicaciones independientes, aporte nivel inventivo a la composición de la reivindicación 20, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

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>	5, 7 a 16, 20 a 24 y 26 a 28	Nivel inventivo
D2	WO2018086623	5, 7 a 16, 20 a 24 y 26 a 28	Nivel inventivo

9. Respuesta a los argumentos del solicitante

Argumentos con relación a las objeciones por no invenciones y excepciones a la patentabilidad

En lo referente a los argumentos del solicitante con relación a las objeciones por no invenciones y excepciones a la patentabilidad de la solicitud bajo estudio en donde manifestó que: *“(…) las reivindicaciones 1-4 están dirigidas a materia patentable, ya que reclaman una célula vegetal editada genéticamente, tal como puede observarse en la descripción de la memoria descriptiva en particular en la página 16 que describe que una célula genéticamente diseñada ha sido genéticamente alterada, modificada o diseñada, de modo que exhibe un genotipo y/o fenotipo alterado, modificado o diferente en comparación con la célula huésped natural de la que se deriva.*

En cuanto a las reivindicaciones 32, 33 y 42-44 (actualmente reivindicaciones 18, 19 y 25) respetuosamente hacemos notar que las mismas se encuentran dirigidas a secuencias no naturales. Tal como se describe en la memoria descriptiva y como reconocería fácilmente cualquier experto en la materia, un ácido nucleico guía no es una secuencia natural e incluye al menos una secuencia espaciadora y al menos una secuencia repetida, ver por ejemplo la página 37 de la memoria descriptiva. Además, la reivindicación 25 se refiere a secuencias mutadas.

Por lo tanto, el pliego reivindicatorio comprende materia patentable, de acuerdo con la Decisión 486.”

De lo anterior, esta Oficina se permite reiterar que, el objeto de las reivindicaciones 1 a 4 se considera materia exceptuada de patentabilidad, ya que se refiere a una célula vegetal la cual independientemente de cualquier modificación genética que porte se considera materia no patentable ya que corresponde a una parte de una planta susceptible de generar un individuo completo.



Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

Asimismo, el objeto de las reivindicación 6 no es patentable, toda vez que se refiere a un método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal, no obstante, la etapa técnica descrita, no se relaciona con el objeto de la metodología reclamada en las reivindicaciones precedentes, y por el contrario, dicho paso corresponde a un proceso biológico natural del crecimiento y reproducción de material vegetal, por lo que, el método reclamado corresponde a un proceso esencialmente biológico exceptuado de patentabilidad.

Con relación a las actuales reivindicaciones 17 a 19 dirigidas a un ácido nucleico guía, esta oficina se permite resaltar que, aunque su preámbulo se refiera a un ADN guía las características técnicas incluidas para dicho producto corresponden a una secuencia génica natural SEQ ID NO: 203, que codifica una proteína SEQ ID NO: 97 y no corresponden a ninguna secuencia artificial o ningún ADN guía y, en ese sentido, es imposible para esta Oficina distinguir el objeto reclamado tal y como se define del gen tal y como se encuentra en la naturaleza, por tal razón, dada la cobertura de la reivindicación se considera que el producto tiene dentro de su alcance materia biológica como se encuentra en la naturaleza o aquella que puede ser aislada que no constituye una invención.

Aunado a lo anterior, en lo que respecta a la actual reivindicación 25 que tiene como objeto un ácido nucleico que codifica un gen SEEDTICK (STK) tampoco es posible para esta oficina establecer que el gen reclamado difiere de aquellos ya existentes en la naturaleza, puesto que, las secuencias suministradas como características técnicas esenciales estructurales no se encuentran descritas en el listado de secuencias y, por ende, no es posible establecer si los genes reclamados corresponden efectivamente a estructuras mutantes diseñadas por el solicitante. En consecuencia, dicha materia contempla dentro de su alcance genes mutantes existentes de manera natural o que pueden ser aislado que no se consideran invenciones.

Argumentos con relación a las objeciones por Claridad y Concisión de las Reivindicaciones

En lo relativo a los argumentos del solicitante con referencia a las objeciones por falta de claridad y concisión de las reivindicaciones de la solicitud bajo estudio en donde menciona que: *“(…) las modificaciones introducidas a las reivindicaciones, de forma que la materia se presenta de forma más clara y concisa.*

Por lo tanto, se considera que la presente solicitud cumple con las disposiciones del Artículo 30 de la Decisión 486.”

Esta Oficina se permite indicar que, las objeciones por incumplimiento de lo dispuesto en el artículo 30 persisten para el actual capítulo reivindicatorio como se detalla en el numeral 7.2, toda vez que, a pesar de las modificaciones efectuadas como respuesta al primer examen de fondo, se reclaman productos y procesos que no se encuentran definidos de forma clara o de manera autosuficiente mediante todas sus características técnicas esenciales estructurales. En ese sentido, es necesario definir los métodos mediante todas las etapas y condiciones requeridas para su reproducción y los productos mediante las secuencias de nucleótidos exactas que los definen de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Argumentos con relación a las objeciones por falta de suficiencia de la Descripción.

En lo que respecta a los argumentos del solicitante con relación a las objeciones por falta de suficiencia de la descripción de la solicitud bajo estudio en donde se hace notar que:

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

“(…) la memoria descriptiva claramente sustenta las reivindicaciones tal como han sido modificadas, que se encuentran dirigidas a la frambuesa negra. El sustento particular puede encontrarse en el Ejemplo 8 en la página 167 de la memoria descriptiva y la Figura 10.

En consecuencia, la solicitud cumple con los requisitos establecidos en el Artículo 28 de la Decisión 486.”

Al respecto se aclara que, la objeción faltar de suficiencia de la descripción persiste toda vez que, se refieren: métodos para la edición, métodos para la producción de plantas, ácidos nucleicos guías, casetes de expresión o complejos que comprenden un ARN guía que se une a cualquier sitio dentro de un gen SEEDSTICK (STK) endógeno en una célula vegetal en donde el gen es 95% o más idéntico a la SEQ ID NO: 203, o codifica un factor que tiene 95% o más de identidad con la SEQ ID NO: 97, siendo que, la solicitud no ha explorado todo el sinnúmero de secuencias de ARN guías contempladas, ni todos los procesos de edición y de producción de plantas que los comprenden ya que, únicamente presenta evidencia técnica concreta y explícita para lo concerniente a 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).

Argumentos con relación a las objeciones por falta de Nivel Inventivo.

En lo concerniente a los argumentos del solicitante con referencia a las objeciones por falta de Nivel Inventivo de la solicitud bajo estudio en donde sostiene que: *“(…) Considerando las modificaciones introducidas a las reivindicaciones, puede establecerse que los documentos citados no afectan el nivel inventivo de la solicitud por las siguientes razones:*

Ni D1 ni D2, por sí solos o combinados, enseñan o sugieren todos y cada uno de los elementos de las reivindicaciones independientes 5, 22, 23 o 26. La combinación de D1 y D2 tampoco enseña ni sugiere las reivindicaciones independientes restantes.

En cambio, D1 divulga una mutación R197L en el gen VviAGL11 responsable de un fenotipo sin semillas en la uva. Simplemente no hay ninguna enseñanza o sugerencia en D1 para proporcionar un método como el reivindicado que incluya una mutación no natural en un gen SEEDSTICK (STK) endógeno que comprenda un 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 203 o que codifica un polipéptido que tiene un 95% o más de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO:97, en el que la mutación no natural es una delección de uno o más residuos de aminoácidos del polipéptido de SEQ ID NO:97 y en una célula vegetal de frambuesa negra, planta de frambuesa negra o parte de la misma, tal como se reivindica.

D1 tampoco enseña o sugiere un complejo como se indica en la reivindicación 22 o un casete de expresión como se indica en la reivindicación 23 que incluya un ácido nucleico guía como se reivindica. D1 establece claramente que “...se necesita una mejor comprensión de la base molecular de la falta de semillas y los efectos pleiotrópicos causados por este factor de transcripción MADS-box de clase D”.

En consecuencia, dadas las diferencias reconocidas por el Examinador entre la invención reivindicada y D1 y el reconocimiento en D1 de que es necesaria una mejor comprensión, D1 no enseña ni sugiere una modificación diferente, en un gen diferente, en una planta diferente. D1 tampoco proporciona a un experto en la materia una expectativa razonable de alcanzar la solución técnica reivindicada.

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

D2 no corrige las deficiencias de D1, ya que D2 también hace referencia a la secuencia de la uva de D1 y también a un fenotipo sin semillas en el tomate. Por consiguiente, la combinación de D1 y D2 no enseña ni sugiere la invención reivindicada.

Adicionalmente, respetuosamente hacemos notar los resultados de ensayo de la memoria descriptiva, por ejemplo, en los Ejemplos 3, 4, 8 y 9 y las figuras 7-12. En el ejemplo 8 se divulga ensayos realizados para evaluar: la actividad negativa dominante de los genes STK en frambuesa negra, la introducción del gen STK mutado en la reducción de la actividad del complejo SEP3-STK, y la expresión reducida del reportero. Además, la Figura 10 proporciona datos para la frambuesa negra, y confirma que los alelos STK mutados todavía son capaces de unirse y formar un complejo con SEP3 y STK de tipo salvaje, pero que la expresión causada por el complejo se reduce, lo que se espera que conduzca a un fenotipo sin semillas en la frambuesa negra que comprende la mutación STK, similar a Arabidopsis, uva y a plantas de aceite de palma que comprenden una mutación STK. Ver también las Figuras 7, 8 y 11.

Por lo tanto, ninguno de los documentos D1 y D2, por sí solos o en combinación, enseña o sugiere la materia actualmente reivindicada. Por lo tanto, las reivindicaciones son inventivas frente al arte previo citado.

Consecuentemente, el pliego de reivindicaciones son inventivas a la luz de D1 y/o D2, de acuerdo con lo indicado en el Artículo 18 de la Decisión 486."

Estas Oficina se permite reiterar que la objeción por nivel inventivo se mantiene, dado que tal y como se encuentran definidos: el método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal de frambuesa negra; la composición, complejo y casete que comprende el ácido nucleico guía para editar el gen STK y el método para producir una planta o parte de la planta frambuesa negra caracterizado porque comprende poner en contacto un sitio objetivo del gen STK con una nucleasa; no es posible correlacionar los datos de la descripción a la materia reclamada, toda vez que, la descripción se refiere a productos y procesos que comprenden ácidos nucleicos guía que contienen secuencias espaciadoras específicas que conllevan a la funcionalidad de edición genética.

En ese sentido y, contrario a lo argumentado por el solicitante, no es posible asociar los resultados de los Ejemplos 3, 4, 8 y 9 y las figuras 7 a 12, ni los ensayos para evaluar: la actividad negativa dominante de los genes STK en la frambuesa negra descritos en el ejemplo 8, con los productos y procesos definidos de manera general en el capítulo reivindicatorio. Así las cosas, esta Oficina advierte que mientras las reivindicaciones no definan el ácido nucleico guía y la nucleasa Cas9 en términos de sus características técnicas esenciales estructurales y funcionales completas, no será posible reconocer los efectos técnicos mencionados por el solicitante y, por consiguiente, evaluar la altura inventiva de la materia reclamada.

Aunado a lo anterior, es importante resaltar que, el documento D1 ya se refiere a métodos para generar la producción de plantas de uva y tomate con fenotipo sin semillas y, por lo tanto, dicha anterioridad es pertinente y se considera el documento más cercano a la presente solicitud puesto que, corresponde a una alternativa que ya resuelve el problema técnico planteado en la misma que corresponde a la obtención de plantas sin semillas. De manera similar, el documento D2 ya se refiere a las metodologías y sistemas que permiten la edición de secuencias objetivo en genomas vegetales con el fin de mejorar rasgos dentro de los que se menciona el contenido de semillas; por lo que, sería previsible para la persona del campo técnico interesada en obtener un fenotipo de planta sin semillas a partir de los procesos conocidos en D2 diseñar una estrategia de mejora del

Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

fenotipo de la semilla empleando los genes conocidos en D1 y, de esta manera, llegaría a obtener los productos y procesos reclamados en la presente solicitud sin un esfuerzo 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° 6599 de 5 de mayo de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017543

INFORME DE BÚSQUEDA
EXAMEN DE PATENTABILIDAD

Solicitud No.				Examen de patentabilidad							
NC2021/0017543				1°		2°	X	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	17 a 19 y 25	Art. 20	1 a 4 y 6		Art. 25 (Falta de unidad de invención)		-		
CRITERIOS DE BÚSQUEDA											
Reivindicaciones objeto de búsqueda				5, 7 a 16, 20 a 24 y 26 a 28							
Palabras clave utilizadas				GENE EDITION, GENE EDITING, SEEDLESS PLANTS, SEEDSTICK, STK, 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	5, 7 a 16, 20 a 24 y 26 a 28	Pág. 3, Col. Izq., Líneas 37 a 44), (Pág. 5, Col. Izq., Líneas 35 a 41)				Y			
	Singh, R.	2013	-	-				A			
	WO2018086623	22/01/2015	5, 7 a 16, 20 a 24 y 26 a 28	(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	17/05/2018	-	-				A			
	US2017240913	24/08/2017	-	-							
PatBase	US2024147926	09/05/2024	-	-				A			
	CN118374544	08/03/2024	-	-							
	CN118360324	19/07/2024	-	-							
	CN118207250	18/06/2024	-	-							
	US2022104449	07/04/2022	-	-							
	WO22226316	02/05/2024	-	-							
	WO17125931	27/07/2017	-	-							
	WO21158798	12/08/2021	-	-							
	WO14168759	16/10/2014									



Oficio N° 6599 de 5 de mayo de 2025

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)		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			
Apellido, A. A. (Fecha). Título del artículo. Nombre de la revista. Volumen(Número), pp-pp.		Ocares, 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			
O		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			
Apellido, A. A. (Fecha). Título del artículo. Nombre de la revista. Recuperado de http://xxxxxxxxx .					
(2) Categorías de documentos citados					
“A” Documento que define el estado general de la técnica no considerado como particularmente relevante.			“T” Documento publicado en fecha posterior a la de presentación o la de prioridad de la solicitud internacional y no entra en conflicto con dicha solicitud, pero puede ser útil para la mejor comprensión del principio o teoría en que se basa la invención, o para demostrar que el razonamiento o los hechos en los que se basa dicha invención son incorrectos.		
“E” Solicitud de patente o patente anterior pero publicada en la fecha de presentación internacional o en fecha posterior.			“X” Documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse nueva o que implique una actividad inventiva por referencia al documento aisladamente considerado.		
“L” Documento citado para llamar la atención sobre por ejemplo, dudas acerca de una reivindicación de prioridad o para determinar la fecha de publicación de otra cita, siempre van acompañados de una explicación, por la cual se citan.			“Y” Documento particularmente relevante; la invención reivindicada no puede considerarse que implique una actividad inventiva cuando el documento se asocia a otro u otros documentos de la misma naturaleza, cuya combinación resulta evidente para un experto en la materia.		
“O” Documento del tipo actas de conferencia, este tipo de documentos siempre estará acompañado por otra letra que indique la pertinencia del documento, por ejemplo, O,X, O,Y o bien O,A.					
“P” Documento publicado antes de la fecha de presentación internacional pero con posterioridad a la fecha de prioridad reivindicada.					
Fecha del reporte de búsqueda: (21/04/2025)					