

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Señores

CTC - CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA S.A.

TÍTULO DE LA SOLICITUD: “CONSTRUCCIÓN GENÉTICA QUE COMPRENDE LOS GENES CRY1AC Y BAR, Y MÉTODOS PARA LA DETECCIÓN Y PRODUCCIÓN DE PLANTAS DE CAÑA DE AZÚCAR (*SACCHARUM SPP.*) TRANSGÉNICAS RESISTENTES A INSECTOS”

NÚMERO DE SOLICITUD INTERNACIONAL: PCT/BR2021/050116

FECHA DE PRESENTACIÓN INTERNACIONAL: 19 de marzo de 2021.

PRIORIDAD: BR 10 2020 005666 2 20 de marzo de 2020

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 23 de octubre de 2025, bajo el número NC2025/0014680, y teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 34 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, esta oficina acepta las modificaciones presentadas por ajustarse a los requisitos legales.

2. Objeto de la invención

El problema planteado consiste en la necesidad de desarrollar estrategias para mitigar los daños causados a los cultivos de caña de azúcar por la infestación de plagas, principalmente por la infestación por la plaga del barrenador de la caña de azúcar.

Para resolver dicho problema técnico, la solicitud en estudio plantea ácidos nucleicos, un método para la obtención de una planta transgénica, un método para detectar un evento transgénico el cual comprende un gen de Cry1A.

3. Reivindicaciones estudiadas

El presente estudio se basa en el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2025/0014680 presentado el 23 de octubre de 2025.

4. De la solicitud de patente

4.1. Reivindicaciones

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

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

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

El capítulo reivindicatorio no es conciso porque comprende múltiples reivindicaciones de las categorías de producto y proceso, lo que dificulta determinar el alcance de la materia a proteger.

Las reivindicaciones 1 y 9 no son concisas porque son independientes y reclaman una misma categoría de invención que corresponde a una molécula de ácido nucleico. Tampoco se indican a qué corresponden dichos ácidos nucleicos y como se relacionan entre ellos. Se sugiere incluir todas las moléculas de ácidos nucleicos en una sola reivindicación independiente donde estén presente los constructos, indicando cada SEQ ID NO a que corresponde y como se relacionan entre sí, de acuerdo con lo divulgado en el capítulo descriptivo.

Las reivindicaciones 1 y 2 no son coherentes, porque la 2 depende de la 1 y presenta la SEQ ID NO: 22 que es una secuencia mucho más grande que la SEQ ID NO: 5, de tal forma que, no se entiende dicha relación. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes.

La reivindicación 3 no es clara, ni concisa y carece de sustento porque reclama un método de detección de un evento transgénico en una planta de caña de azúcar, pero no está definido por las etapas y las condiciones requeridas para el desarrollo del mismo, donde se debería incluir cuáles son las SEQ ID NO de los pares de cebadores, de la secuencia blanco y del amplicón. De tal forma, que la forma en que está definido el método a través: *"Obtener una muestra para su análisis, extraer el ADN de la muestra, proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador sentido y uno antisentido, amplificar la región que se encuentra entre los sitios donde se unen los cebadores y detectar la presencia de producto de amplificación"*, pero no muestra cómo se llevan a cabo dichas etapas, sino a lo que se pretende llegar en la misma. Adicionalmente, la expresión *"al menos un cebador sentido y uno antisentido"* no es clara puesto que un par de cebadores obligatoriamente tiene un cebador sentido y uno antisentido, por lo que no podría ser opcional. Además, las parejas de cebadores son específicas y no se pueden mezclar cualquier pareja en un método de detección. Se sugiere definir el método con las etapas y las condiciones requeridas para el desarrollo del mismo incluyendo las SEQ ID NOs de los de los pares de cebadores, de la secuencia blanco y del amplicón de acuerdo con la materia que encuentra sustento en la descripción. Adicionalmente, menciona que el amplicón puede ser la SEQ ID NO: 12 o 13 pero no se indica que se pretende amplificar en ambos casos, se sugiere indicar a que corresponden dichos amplicones de acuerdo con lo divulgado en la descripción.

Las reivindicaciones 4 a 7 no son claras y carecen de sustento porque no se especifica cuáles son las parejas de cebadores, ni de las secuencias blancos ni el amplicón obtenido con el método de detección y sus SEQ ID NO respectivos. Contrario a esto mencionan un listado de selección de SEQ ID NO en cada caso, lo cual da lugar a métodos que no son explorados por el solicitante. Además, mencionan la expresión *"en donde los pares de cebadores en la etapa c) están diseñados para unirse a una secuencia polinucleotídica seleccionada del grupo que consiste en"*, *"un primer cebador que comprende nucleótidos que se unen a las secuencias seleccionadas del grupo que consiste"* pero estas expresiones son imprecisas y no muestran de manera inequívoca cuáles son las secuencia diana a la que va dirigida los cebadores. Se sugiere eliminar las expresiones imprecisas, mencionar de manera inequívoca las SEQ ID NO de las parejas de cebadores, de las secuencias blancos y el amplicón obtenido con el método de detección de acuerdo con la materia que encuentra sustento en la descripción. Tampoco es claro a

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

que corresponden las secuencias mencionadas, por lo cual se sugiere indicar a que corresponden dichas SEQ ID NO en concordancia con lo divulgado en la descripción.

La reivindicación 11 no es clara y carece de sustento porque reclama un método para obtener una planta transgénica de caña de azúcar, pero este no se encuentra definido por las etapas y las condiciones requeridas para el desarrollo del mismo. Así las cosas, la forma en que está definido el método a través de: *“introducir una construcción genética según la reivindicación 9 que comprende un gen cry1Ac según la SEC ID NO.: 20, y un gen bar según la SEC ID NO.: 21, dentro de una cepa de Agrobacterium”*, pero no menciona cuál es dicha construcción y su SEQ ID NO, puesto que, no hay evidencia para un método donde solo se introduce la SEQ ID NO: 20 y la SEQ ID NO: 21 sino un constructo de SEQ ID NO: 26 que contiene los genes *cry1Ac* y *nptII*, donde el gen *cry1Ac* tiene la SEQ ID NO: 34 y el gen *nptII* es la SEQ ID NO: 35 (ejemplo 1). Así mismo, menciona la etapa de “seleccionar células transformadas que contienen la SEQ ID NO: 20 y la SEQ ID NO: 21 del paso a), a partir de un medio de cultivo que contiene glufosinato de amonio”, pero no muestra cómo se llevan a cabo dichas etapas sino a lo que se pretende llegar en las mismas. Es el caso de la etapa de selección de células transformadas. Se sugiere caracterizar el método definiendo todas las etapas y condiciones requeridas para su desarrollo incluyendo los constructos con los que se transforman la célula vegetal incluyendo su SEQ ID NO, además de las secuencias y elementos con su SEQ ID NO para la selección de las plantas, todo de acuerdo con la materia divulgada en la descripción. Así mismo, la reivindicación no es clara porque menciona “n donde las plantas de caña de azúcar modificadas genéticamente comprenden la SEC ID NO.: 20, y la SEC ID NO.: 21, en donde las plantas de caña de azúcar modificadas genéticamente del paso e) comprenden la SEC ID NO: 5 o la SEQ ID NO: 22”, lo cual únicamente es un resultado a alcanzar que no caracteriza el método reivindicado y no es claro cómo se detectan dichas secuencias y como se encuentran relacionadas entre sí, o a que corresponden. Se sugiere eliminar los resultados a alcanzar y reclamar únicamente la materia que encuentra sustento en la descripción.

La reivindicación 11 no es clara y carece de sustento porque menciona *“una planta de caña de azúcar (Saccharum spp.) que tiene una resistencia mejorada a los insectos modificada genéticamente que expresa la toxina Cry1Ac”*, lo cual únicamente se refiere a resultados a alcanzar. Se sugiere eliminar los resultados a alcanzar.

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

4.2. 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 define de forma suficientemente completa el objeto reclamado que le permita a la persona capacitada en la técnica entender y reproducir la materia reclamada sin generar una carga excesiva superior a sus habilidades ordinarias.

De acuerdo con lo anterior, se considera la falta de suficiencia en la descripción debido a que, se reclama:

- a. Cualquier método de detección de material vegetal derivado de una planta de caña de azúcar genéticamente modificada del evento CTC93209-4 caracterizado

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

porque comprende proporcionar cualquier par de cebadores que comprenden al menos un cebador sentido y uno antisentido, que están dirigidos a cualquier secuencia diana y que generan cualquier amplicón o donde dichos cebadores se seleccionan del grupo que comprende: SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65 y SEQ ID NO: 66; y, en donde el producto a partir de la amplificación comprende la SEC ID NO.: 12 o la SEC ID NO.: 13. O donde el método porque comprende pares de cebadores están diseñados para unirse a una secuencia polinucleotídica seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID NO.: 22 y la SEC ID NO.: 29, en donde un par de cebadores consiste en 2 un primer cebador que comprende nucleótidos que se unen a las secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 23, la SEC ID NO.: 24, la SEC ID NO.: 30, y la SEC ID NO.: 31 y un segundo cebador que comprende nucleótidos que se unen a las secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 2 y la SEC ID NO.: 36. O donde los cebadores están diseñados para unirse a una secuencia polinucleotídica seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID NO.: 22 y la SEC ID NO.: 29, en donde un par de cebadores consiste en 2 un primer cebador que comprende nucleótidos que se unen a las secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 23, la SEC ID NO.: 24, la SEC ID NO.: 30, y la SEC ID NO.: 31 y un segundo cebador que comprende nucleótidos que se unen a las secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 2 y la SEC ID NO.: 36. O en donde el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 6 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 7, o el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 8 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 9.

- b. Un método de detección anterior en donde la detección del producto a partir de la amplificación se realiza mediante la hibridación de una sonda que comprende la SEC ID NO.: 10 o la SEC ID NO.: 11.
- c. Un método para producir una planta de caña de azúcar modificada genéticamente que comprende introducir una modificación genética a una planta de caña de azúcar que comprende un gen *cry1Ac* según la SEC ID NO.: 20, y un gen *bar* según la SEC ID NO.: 21, o donde las plantas de caña de azúcar modificadas genéticamente comprenden la SEC ID NO: 5 o la SEQ ID NO: 22.

En este sentido, se aclara que la solicitud únicamente presenta evidencia técnica concreta y explícita para el desarrollo de:

(i) - Un método para obtener una planta transgénica de caña de azúcar resistente contra *Diatraea saccharalis* que comprende introducir un constructo de SEQ ID NO: 26 el cual comprende los genes *cry1Ac* y *nptII* (SEQ ID NO: 34 y 35). Donde la expresión de los genes *cry1Ac* y *nptII* está regulada por el promotor del gen de la ubiquitina del maíz - UBI-1 (que tiene un intrón endógeno). Ambos casetes de expresión utilizan el terminador de la nopalina sintasa NOS de *Agrobacterium tumefaciens*.

(ii) - Un método de detección del evento transgénico que comprende detectar los trasngenes *cry1Ac* y *nptII* en las plantas mediante PCR usando un conjunto de cebadores y sondas:

- Detección UBI-cry con los cebadores GCTCACCTGTTGTTTGGTGTT y TCGTTGATGTTTGGGTTGTTGT y la sonda FAMCTTCTGCAGGTCGACTCMGB
- Detección UBI-nptII con los cebadores GCTCACCTGTTGTTTGGTGTT y AGCCTCTCCACCCAAGCG, y la sonda FAMCTTCTGCAGGTCGACTCMGB.

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

(iii) Un método de detección del evento transgénico que comprende detectar los bordes de la inserción del constructo en la planta mediante PCR usando un conjunto de cebadores y sondas:

- Detección del borde izquierdo (LB) (inserción 1): Cebadores SEQ ID NOs: 12 y 13, Sonda SEQ ID NO: 15 y amplicón SEQ ID NO: 17.
- Detección del borde izquierdo (RB) (inserción 1): Cebadores SEQ ID NOs: 10 y 11, Sonda SEQ ID NO: 14 y amplicón SEQ ID NO: 16.
- Detección del borde izquierdo (LB) (inserción 2): Cebadores SEQ ID NOs: 20 y 21, Sonda SEQ ID NO: 23 y amplicón SEQ ID NO: 25.
- Detección del borde izquierdo (RB) (inserción 2): Cebadores SEQ ID NOs: 18 y 19, Sonda SEQ ID NO: 22 y amplicón SEQ ID NO: 24.

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. Determinación del Estado de la Técnica

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

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

Ítem	Documento	Título	Fecha de publicación
D1	Gao, S., et al. <i>PloS one</i>	“Transgenic Sugarcane with a cry1Ac Gene Exhibited Better Phenotypic Traits and Enhanced Resistance against Sugarcane Borer”	19 de abril de 2016
D2	WO2016188332	“Corn transformation event and specificity identification method and use thereof”	1 de diciembre de 2016
D3	CN103805620	“Antibiotic-free tetravalent disease and pest-resisting and herbicide-resisting plant expression vector and application thereof”	21 de mayo de 2014
D4	WO2016101683	“Uses of insecticidal protein”	30 de junio de 2016
D5	Zhou, D., et al. <i>Frontiers in plant science.</i>	“Cry1Ac Transgenic Sugarcane Does Not Affect the Diversity of Microbial Communities and Has No Significant Effect on Enzyme Activities in Rhizosphere Soil within One Crop Season”	8 de marzo de 2016

D1¹ divulga plantas transgénicas de caña de azúcar resistentes a *Diatraea saccharalis* dada la expresión de una proteína cry1AC y un marcador selectivo bar, para lo cual se crean constructos y se transforman callos embrionarios de la planta por bombardeo y posteriormente las plantas transformadas son seleccionadas y tamizadas por PCR (Abstract).

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

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

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



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

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

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

D5⁵ divulga un vector de expresión para obtener plantas transgénicas caña de azúcar resistentes a *Diatraea saccharalis* dada la expresión de una proteína cry1AC y un método de detección del gen cry1AC (Resumen; Pág. 3, secciones - Soil and Plant Material, Gene Flow Detection by Polymerase Chain Reaction (PCR)).

6. 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.

6.1. Nivel Inventivo

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 1 (Radicado NC2025/0014680 del 23 de octubre de 2025) se refiere a: “Una molécula de ácido nucleico recombinante de caña de azúcar que comprende una secuencia polinucleotídica de SEC ID NO.: 5. (...)”. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D2	D5
Una molécula de ácido nucleico recombinante de caña de azúcar que comprende una secuencia polinucleotídica de SEC ID NO.: 5.	Una molécula de ácido nucleico de un plásmido de SEQ ID NO: 13 y el cual comprende una secuencia de nucleótidos del gen T-ADN de la SEQ ID NO: 2. Que también comprende un cassette de expresión de resistencia a glifosfato, un promotor 35S desde CaMV y el promotor de poliubiquitina 1 (SEQ ID NO: 9) el cual dirige la expresión de un cassette de expresión de los genes Cry1Ab-Cry12A (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 (ejemplo 1) comprende la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 77.48% de identidad (alineamiento 1).	Un plásmido (pUBCG0229) el cual comprende una versión sintética de un gen cry1Ac de 1840 pb que tiene como accesión del GENBANK KF630361.1 y un gen bar (Pág. 3, sección - Soil and Plant Material). Donde la accesión KF630361.1 está comprendida en la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 87,18% de identidad (alineamiento 3)

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

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

⁵ Zhou, D., et al. (2016). Cry1Ac Transgenic Sugarcane Does Not Affect the Diversity of Microbial Communities and Has No Significant Effect on Enzyme Activities in Rhizosphere Soil within One Crop Season. *Frontiers in plant science*, 7, 265.

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

D2 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 1, ya que divulga un plásmido para la transformación de plantas de maíz de SEQ ID NO. 13 que está constituido por una secuencia de nucleótidos del gen de ADN-T de SEQ ID NO: 2, donde dicha secuencia comprende un casete de expresión de resistencia a glifosato con un promotor 35S derivado de CaMV y un promotor poliubiquitina-1 de maíz (secuencia de nucleótidos SEQ ID NO. 9), el terminador es del gen 35S de CaMV (0,2 kb de longitud y secuencia de nucleótidos SEQ DNI N° 11) y la resistencia a insectos corresponde a la fusión Cry1AbPGKGGG-Cry2A, en tanto que el promotor que impulsa el gen de fusión Cry1Ab-Cry2A se deriva del promotor del gen de poliubiquitina-1 del maíz (pZmUbi-1) (obtenido del genoma del maíz mediante PCR, el tamaño es 2,1 kb y la secuencia de nucleótidos es SEQ ID NO. 7) (ejemplo 1). Dicho plásmido de transformación de plantas obtenido se introdujo en *Agrobacterium* LBA4404 mediante un método de descarga eléctrica (2500 V) para obtener *Agrobacterium* que contenía un vector de transformación de plantas (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 (ejemplo 1) comprende la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 77.48% de identidad (alineamiento 1).





Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2020243006_5	AAGAAAACTAAAACCTCTATTTTAGTTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAAATA	690
WO_2016108332_13	AAGAAAACTAAAACCTCTATTTTAGTTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAAATA *****	11850
WO_2020243006_5	AAATAAAGTGACTAAAAATTAAACAAATACCCTTTAAAGAAATTAACAAAACTAAGGAAAC	750
WO_2016108332_13	AAATAAAGTGACTAAAAATTAAACAAATACCCTTTAAAGAAATTAACAAAACTAAGGAAAC *****	11910
WO_2020243006_5	ATTTTTCTGTGTTTCAGGTAGATAATGCCAGCCTGTGTAACGCCGTGCGAGCTCAACGG	810
WO_2016108332_13	ATTTTTCTGTGTTTCAGGTAGATAATGCCAGCCTGTGTAACGCCGTGCGAGCTCAACGG *****	11970
WO_2020243006_5	ACACCAACCAAGGACAGCAGCAGCTGCGCTCGGCGCAAGCGAAGCAGACGCGACGCGATC	870
WO_2016108332_13	ACACCAACCAAGGACAGCAGCAGCTGCGCTCGGCGCAAGCGAAGCAGACGCGACGCGATC *****	12030
WO_2020243006_5	TCTGTGCTGCTCTGAGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGAGCTTGTCTGCGCT	930
WO_2016108332_13	TCTGTGCTGCTCTGAGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGAGCTTGTCTGCGCT *****	12090
WO_2020243006_5	GTGCGCATCCAGAAATTGCGTGGCGGAGCGCGAGAGCTGAGCGCGACGCGACGCGCGCT	990
WO_2016108332_13	GTGCGCATCCAGAAATTGCGTGGCGGAGCGCGAGAGCTGAGCGCGACGCGACGCGCGCT *****	12150
WO_2020243006_5	CCTCTCTCTCTACGCGACGCGAGCTACGGGGGATTCTCTTCCCACCGCTCTCTGCGCTT	1050
WO_2016108332_13	CCTCTCTCTCTACGCGACGCGAGCTACGGGGGATTCTCTTCCCACCGCTCTCTGCGCTT *****	12210
WO_2020243006_5	CCCTTCTCTGCGCGCGCTAATAAATAGACACCCCGCTCCACCCCTTTTCCCCAACCTCG	1110
WO_2016108332_13	CCCTTCTCTGCGCGCGCGCTAATAAATAGACACCCCGCTCCACCCCTTTTCCCCAACCTCG *****	12270
WO_2020243006_5	TGTTGTTCGAGCGCAGACACACACCAACGAGATCTCCCGCAATCCACCGGTGCGACCT	1170
WO_2016108332_13	TGTTGTTCGAGCGCAGACACACACCAACGAGATCTCCCGCAATCCACCGGTGCGACCT *****	12330
WO_2020243006_5	CCGCTTCAAGGTACGCGCTGTCTCTCCCCCCCCCGCTCTCTACCTTCTCTAGATCGG	1230
WO_2016108332_13	CCGCTTCAAGGTACGCGCTGTCTCTCTCCCCCCCCCGCTCTCTACCTTCTCTAGATCGG *****	12390
WO_2020243006_5	CGTTCGCGTCCATGTTAGGCGCCGGTAGTCTACTTCTGTTCATGTTGTGTAGATCC	1290
WO_2016108332_13	CGTTCGCGTCCATGTTAGGCGCCGGTAGTCTACTTCTGTTCATGTTGTGTAGATCC *****	12450
WO_2020243006_5	GTGTTTGTGTAGATCGGTGCTGCTAGCGTTCGTACACGAGTGCAGCTGTACGTGAGAC	1350
WO_2016108332_13	GTGTTTGTGTAGATCGGTGCTGCTAGCGTTCGTACACGAGTGCAGCTGTACGTGAGAC *****	12510
WO_2020243006_5	ACGTTCTGATTGCTAATCTGCGAGTGTCTCTTTGGGGAAATCCGGGATGGCTCTAGCC	1410
WO_2016108332_13	ACGTTCTGATTGCTAATCTGCGAGTGTCTCTTTGGGGAAATCCGGGATGGCTCTAGCC *****	12570
WO_2020243006_5	GTTCGCGAGACGGGATCGAATTCATGATTTTTTTTGTTCGTGATAGGTTTGGTTTG	1470
WO_2016108332_13	GTTCGCGAGACGGGATCGAATTCATGATTTTTTTTGTTCGTGATAGGTTTGGTTTG *****	12630
WO_2020243006_5	CCCTTTCTCTTATTTCAATATATGCGGTGACCTGTTTGTGCGGTCATCTTTTCATGCT	1530
WO_2016108332_13	CCCTTTCTCTTATTTCAATATATGCGGTGACCTGTTTGTGCGGTCATCTTTTCATGCT *****	12690
WO_2020243006_5	TTTTTTGTCTGTTGTGTAGATGTGTTGTTGGCGGTCGTTCTAGATCGGATAG	1590
WO_2016108332_13	TTTTTTGTCTGTTGTGTAGATGTGTTGTTGGCGGTCGTTCTAGATCGGATAG *****	12750
WO_2020243006_5	AATTCGTTTCAAACACTCGGTGATTTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGCCATA	1650
WO_2016108332_13	AATTCGTTTCAAACACTCGGTGATTTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGCCATA *****	12810
WO_2020243006_5	CATATTCAAGTTACGAATTAAGATGATGGATGGAAATATCGATCATAGGATAGGTATAC	1710
WO_2016108332_13	CATATTCAAGTTACGAATTAAGATGATGGATGGAAATATCGATCATAGGATAGGTATAC *****	12870
WO_2020243006_5	ATGTTGATGCGGGTTTACTGATGACATATACAGAGATGCTTTTGTGCTGCTGGTTGTGA	1770
WO_2016108332_13	ATGTTGATGCGGGTTTACTGATGACATATACAGAGATGCTTTTGTGCTGCTGGTTGTGA *****	12930
WO_2020243006_5	TGATGTTGTTGTTGGCGGTCGTTCTTCTGTTCTAGATCGGATAGAACTACTGTTTCA	1830
WO_2016108332_13	TGATGTTGTTGTTGGCGGTCGTTCTTCTGTTCTAGATCGGATAGAACTACTGTTTCA *****	12990
WO_2020243006_5	AACACCTCGGTTATTTAATTTTGAAGTGTATGTTGTGTCATACATCTTCATAGT	1890
WO_2016108332_13	AACACCTCGGTTATTTAATTTTGAAGTGTATGTTGTGTCATACATCTTCATAGT *****	13050

Adicionalmente, el polinucleótido de SEQ ID NO: 13 de D2 tiene una identidad del 63.48% con la SEQ ID NO: 22 de la solicitud (alineamiento 2).



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1:	WO_2016188332_13	100.00	63.48
2:	WO_2020243806_22	63.48	100.00

Alineamiento 2. Matriz de identidad entre la SEQ ID NO: 13 de D2 y la SEQ ID NO: 22 de la solicitud.

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 1 y el polinucleótido divulgado en D2, consiste en que la SEQ ID NO: 5 de la solicitud varía en un 22, 52 % de identidad con respecto a la SEQ ID NO: 13 del D2 que caracteriza un plásmido para la transformación de plantas de maíz.

No hay evidencia de que el incluir específicamente la SEQ ID NO: 5 proporcione una molécula de ácido nucleico con algún efecto técnico diferente al que ya proporcionaba el objeto de D2, puesto que, un ácido nucleico de un transgén que está comprendido dentro de un vector para obtener líneas de plantas transgénicas que expresan la proteína insecticida y con alta resistencia al barrenador del maíz, así como el macerado obtenido de las hojas de dichas plantas transgénicas tienen una mortalidad del 100% del insecto cuando es suministrado en la dieta ya había sido previsto en dicho documento (ejemplo 2). Adicionalmente, no se evidencia que la molécula ácido nucleico que comprende la SEQ ID NO: 5 por sí solo tenga un efecto técnico, puesto que en un evento transgénico es fundamental el sitio de inserción del casete de expresión para conferir la protección contra insectos sin interferir con funciones esenciales de la planta.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: ¿Cómo modificar la molécula de ácido nucleico conocida en D2 con el fin de proporcionar otra molécula de ácido nucleico alternativa?

Sin embargo, el incluir una molécula de ácido nucleico alternativa a la SEQ ID NO: 5 en un plásmido para obtener plantas ya está divulgado en D5 que se refiere a un plásmido (pUBCG0229) el cual comprende una versión sintética de un gen *cry1Ac* de 1840 pb que tiene como accesión del GENBANK KF630361.1 y un gen *bar* el cual se usa para obtener plantas transgénicas de caña de azúcar mediante un método de bombardeo (Pág. 3, sección - Soil and Plant Material). Donde la accesión KF630361.1 está comprendida en la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 87,18% de identidad (alineamiento 3). Dicho constructo les permite a las plantas transgénicas de caña de azúcar tener resistencia al barrenador (Resumen). Además, D5 divulga cebadores diseñados para detectar el gen *cryA1C* mediante PCR, donde el cebador directo tiene la secuencia GCTTGAGCGTGTCTGGGGT y el primer indirecto tiene la secuencia TTCTGTGGTGGGATTTCGTC y permiten obtener un amplicón de 614 pb, así como para cebadores para detectar el gen *bar* de accesión del GENBANK EU048869.1 y el gen *nptII* de accesión del GENBANK M18327.1 los cuales producen amplicones de 140 pb y 516 pb respectivamente (Pág. 3, sección – Primers design). Donde los cebadores dirigidos al gen *bar* son (bar-1F: 5'-TTTCGGTGACGGGCAGGAC3' y bar-1R: 5'-GCACGAGGCGCTCGGATAT-3' y los dirigidos al gen *nptII* son npt-2F: 5'-TCCAGCCAGAAAGTGAGG-3' y npt-2R: 5'-GGTCGGAAGAGGCATAAA-3' (Pág. 3, sección – Primers design).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1:	KF630361.1	100.00	87.18
2:	WO_2020243806_5	87.18	100.00



Superintendencia de
Industria y Comercio

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

KF630361.1 WO_2020243806_5	-----ATGGACAACA GTCGATGCTACCCTGTTGTTGGTGTTACTTCTGCAGGTCGACTCTAGAATGGACAACA *****	10 2220
KF630361.1 WO_2020243806_5	ACCCAAACATCAACGAATGCATTCCATACAACCTGCTTGAGTAACCCAGAAGTTGAAGTAC ACCCAAACATCAACGAGTGCATCCATACAACCTGCTGAGCAACCCAGAGGTGGAGGTGC ***** , **** , ***** , **** , ***** , ** , ** , *	70 2280
KF630361.1 WO_2020243806_5	TTGGTGGAGAACGCATTGAAACCGTTACACTCCATCGACATCTCCTTGCTTGACAC TGGGTGGCGAGCGCATCGAGACCGTTACACCCCATCGACATCTCCTGTCTTGACCC * **** , ** , **** , ** , ***** , ***** , ***** , ***** , *	130 2340
KF630361.1 WO_2020243806_5	AGTTTCTGCTCAGCGAGTTCGTGCCAGGTGCTGGGTTCTGCTCGGACTAGTTGACATCA AGTTCTGCTCAGCGAGTTCGTGCCAGGTGCTGGCTTCGTGCTCGGCTGGTGGACATCA *** , ***** , ***** , ***** , ***** , ** , ** , *****	190 2400
KF630361.1 WO_2020243806_5	TCTGGGGTATCTTGGTCCATCTCAATGGGATGCATTCTGGTGCAAATTGAGCAGTTGA TCTGGGGTATCTTGGTCCATCCCAATGGGACGCCTTCCTGGTGCAAATCGAGCAGCTGA ***** , ***** , ***** , ** , ***** , ***** , ***** , **	250 2460
KF630361.1 WO_2020243806_5	TCAACCAGAGGATCGAAGAGTTCGCCAGGAACAGGCCATCTCTAGTTGGAAGGATTGA TCAACCAGAGGATCGAAGAGTTCGCCAGGAACAGGCCATCTCCAGGCTGGAGGGCCTGA ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ** , ** , ** , **	310 2520
KF630361.1 WO_2020243806_5	GCAATCTCTACCAATCTATGCAGAGAGCTTCAGAGAGTGGGAAGCCGATCTCTAACC GCAACCTCTACCAATCTACGCCGAGAGCTTCAGGGAGTGGGAGGCCGCCGACCCGACCAACC *** , ***** , ** , ***** , ***** , ***** , ***** , ** , ** , *****	370 2580
KF630361.1 WO_2020243806_5	CAGCTCTCCGCGAGGAAATGCGTATTCAATTCAACGACATGAACAGCGCCTTGACCACAG CAGCTCTCCGCGAGGAAATGCGCATTCAATTCAACGACATGAACAGCGCCTTGACCACCG ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , *	430 2640
KF630361.1 WO_2020243806_5	CTATCCCATTTGTCGAGTCCAGAACTACCAAGTTCTCTCTTGTCCTGTACGTTCAAG CTATCCCACTGTTCCGCTCCAGAACTACCAAGTCCGCTCTGTCCTGTACGTTCAAG ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , *	490 2700
KF630361.1 WO_2020243806_5	CAGCTAATCTTACCTCAGCGTCTTCGAGAGCTTAGCGTGTGGGCAAAGGTGGGGAT CCGCTAACCTGCACCTCAGCGTGTGCGGACGTGAGCGTGTTCGGCCAAAGGTGGGGCT * , **** , ** , ***** , ** , ***** , ***** , ***** , *	550 2760
KF630361.1 WO_2020243806_5	TCGATGCTGCAACCATCAATAGCCGTTACAACGACCTTACTAGGCTGATTGGAACTACA TCGATGCTGCCACCATCAACAGCCGCTACAACGACCTGACCAGGCTGATTGGCACTACA ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , *	610 2820
KF630361.1 WO_2020243806_5	CCGACCACGCTGTTGTTGGTACAACACTGGCTTGAGCGTGTCTGGGGTCTGATTCTA CCGACCACGCTGTGCGCTGGTACAACACCGCCTGGAGCGCTGTGGGGTCCGGACTCCA ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , *	670 2880
KF630361.1 WO_2020243806_5	GAGATTGGATTAGATACAACGATTCAGGAGAGAATTGACCTCACAGTTTGGACATTG GGGACTGGATCAGGTACAACGATTCAGGAGGAGTTGACCTCACCGTGTGGACATTG * , ** , **** , ** , ***** , ***** , ** , ***** , ** , *****	730 2940
KF630361.1 WO_2020243806_5	TGTCTCTTCCCGAACTATGACTCCAGAACCTACCTATCCGTACAGTGTCCCACTTA TGTCCCTCTTCCCGAACTACGACTCCAGGACCTACCGATCCGCACCGTGTCCCACTCA *** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , ***** , *	790 3000
KF630361.1 WO_2020243806_5	CCAGAGAACTATACTAACCCAGTTCTTGAGAACTTCGACGGTAGCTTCCGTGGTTCTG CCAGGGAGATCTACACCAACCGAGTGTGGAGAACTTCGACGGTAGCTTCCGCGTTCCG *** , ** , **** , ** , ***** , ***** , ***** , ***** , *	850 3060





Superintendencia de
Industria y Comercio

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

KF630361.1	CCCAAGGTATCGAAGGCTCCATCAGGAGCCACACTTGATGGACATCTTGAACAGCATAA	910
WO_2020243806_5	CCCAGGGTATCGAGGGCTCCATCAGGAGCCACACTTGATGGACATCTTGAACAGCATCA	3120
KF630361.1	CTATCTACACCGATGCTCAGAGGAGAGTATTACTGGTCTGGACACCAGATCATGGCCT	970
WO_2020243806_5	CCATCTACACCGACGCTCAGGGGCGAGTACTACTGGTCCGGCCACCAGATCATGGCCT	3180
KF630361.1	CTCCAGTTGGATTACGCGGGCCGAGTTTACCTTTCTCTCTATGGAACATGGGAAACG	1030
WO_2020243806_5	CCCCAGTGGGCTTACGCGGGCCGAGTTTACCTTTCTCTCTATGGAACATGGGAAACG	3240
KF630361.1	CCGCTCCACAACAACGTATCGTTGCTCAACTAGGTGAGGGTGTCTACAGAACCTTGCTT	1090
WO_2020243806_5	CCGCTCCACAACAACGTATCGTTGCTCAACTAGGTGAGGGTGTCTACAGAACCTTGCTT	3300
KF630361.1	CCACCTTGACAGAAGACCCTTCAATATCGGTATCAACAACCAGCAACTTCCGTCTTGG	1150
WO_2020243806_5	CCACCTTGACAGAAGACCCTTCAATATCGGTATCAACAACCAGCAACTTCCGTCTTGG	3360
KF630361.1	ACGGAACAGAGTTTCGCTATGGAACCTCTTCAACTTGCCATCCGCTGTTTACAGAAAGA	1210
WO_2020243806_5	ACGGCACCAGTTTCGCTACGGCACCTCTCAACCTGCCATCCGCTGTTTACAGAAAGA	3420
KF630361.1	GCAGAACCGTTGATTCTTGGACGAATCCACACAGAACAACAATGTGCCACCCAGGC	1270
WO_2020243806_5	GCAGAACCGTTGATTCTTGGACGAATCCACACAGAACAACAATGTGCCACCCAGGC	3480
KF630361.1	AAGGATTCTCCACAGGTTGAGCCAGTGTCCATGTTCCGTTCCGGATTAGCAACAGTT	1330
WO_2020243806_5	AAGGATTCTCCACAGGTTGAGCCAGTGTCCATGTTCCGTTCCGGATTAGCAACAGTT	3540
KF630361.1	CCGTGAGCATCATCAGAGCTCCTATGTTCTCTTGGATACACCGTAGTGCTGAGTTCAACA	1390
WO_2020243806_5	CCGTGAGCATCATCAGAGCTCCTATGTTCTCTTGGATACACCGTAGTGCTGAGTTCAACA	3600
KF630361.1	ACATCATCGCATCCGATAGTATTACTCAAATCCCTGCAGTGAAGGGAACTTTCTCTTCA	1450
WO_2020243806_5	ACATCATCGCATCCGATAGTATTACTCAAATCCCTGCAGTGAAGGGAACTTTCTCTTCA	3660
KF630361.1	ACGGTTCTGTCAATTGAGGACAGGATTCAGTGGAGACCTCGTTAGACTCAACAGCA	1510
WO_2020243806_5	ACGGTTCTGTCAATTGAGGACAGGATTCAGTGGAGACCTCGTTAGACTCAACAGCA	3720
KF630361.1	GTGGAATAACATTGAGAAATAGAGGTATATTGAAGTTCCAATTCACCTCCCATCCACAT	1570
WO_2020243806_5	GTGGAATAACATTGAGAAATAGAGGTATATTGAAGTTCCAATTCACCTCCCATCCACAT	3780
KF630361.1	CTACCAGATATAGAGTTCGTGTGAGGTATGCTTCTGACCCCTATTCACCTCAACGTTA	1630
WO_2020243806_5	CTACCAGATATAGAGTTCGTGTGAGGTATGCTTCTGACCCCTATTCACCTCAACGTTA	3840
KF630361.1	ATTGGGGTAATTATCATCATCTTCTCCAATACAGTTCCAGTACAGTACCTCCTTGGATA	1690
WO_2020243806_5	ATTGGGGTAATTATCATCATCTTCTCCAATACAGTTCCAGTACAGTACCTCCTTGGATA	3900
KF630361.1	ATCTCCAATCCAGCGATTTGCGTTACTTTGAAAGTGCCAATGCTTTTACATCTTCACTCG	1750
WO_2020243806_5	ATCTCCAATCCAGCGATTTGCGTTACTTTGAAAGTGCCAATGCTTTTACATCTTCACTCG	3960
KF630361.1	GTAACATCGTGGGTGTTAGAACTTTAGTGGGACTGCAGGAGTGATTATCGACAGATTG	1810
WO_2020243806_5	GTAACATCGTGGGTGTTAGAACTTTAGTGGGACTGCAGGAGTGATTATCGACAGATTG	4020
KF630361.1	AGTTCAATCCAGTACTGCAACACTCGAGGCTGAATGA-----	1848
WO_2020243806_5	AGTTCAATCCAGTACTGCAACACTCGAGGCTGAATGA-----	4080

Alineamiento 3. Entre la secuencia de la GENBANK KF630361.1 y la SEQ ID NO: 5 de la solicitud.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir una molécula de ácido nucleico en un plásmido para obtener plantas transgénicas de caña que expresan una proteína CRY1AC del D5 en el plásmido de D2, para así llegar al objeto de la reivindicación 1. Por lo cual se considera obvia.

Adicionalmente, la accesión del GENBANK KF630361.1 divulga en D5 tiene un 87,18% de identidad con la SEQ ID NO: 22 de la solicitud (Alineamiento 4).



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: KF630361.1 100.00 87.18
2: WO_2020243806_22 87.18 100.00

Alineamiento 4. Matriz de identidad entre la secuencia de la GENBANK KF630361.1 y la SEQ ID NO: 22 de la solicitud.

La reivindicación dependiente 2 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo a la molécula de la reivindicación 1, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 3 (Radicado NC2025/0014680 del 23 de octubre de 2025) se refiere a: *“Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente que expresa la toxina Cry1Ac, que comprende las etapas de: (...)”*. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D3
Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente que expresa la toxina Cry1Ac, que comprende las etapas de:	Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente, que comprende las etapas de: (Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Un método para detectar material vegetal modificado genéticamente que expresa una proteína Cry (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).
a) obtener una muestra de material vegetal para su análisis;	obtener una muestra de material vegetal para su análisis; (Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Obtener una muestra de material vegetal para hacer el análisis (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).
b) extraer ADN de la muestra;	extraer ADN de la muestra; (Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Extraer ADN genómico de la planta (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).
c) proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso;	proporcionan pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo (TATCGTTGCTCAACTAGGTC AGGGTGTC a) y uno inverso (CATTGTTGTTCTGTGGT GGGATTCGTC) (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and prime los cebadores r design; Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Proporcionar cebadores que van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCTG T que amplifican un fragmento de 301 pb o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA que amplifican un fragmento de 175 pb (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number, tabla 1)
d) amplificar una región entre el par de cebadores;	amplificar una región entre el par de cebadores por PCR punto final de un fragmento cry1AC (Págs. 2 y 3, secciones -	Amplificar un fragmento de PCR (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

	Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and prime los cebadores r design; Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	
e) detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación;	Detectar un fragmento de PCR (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and prime los cebadores r design; Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Detectar un fragmento de PCR para determinar la presencia de un evento transgénico (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).
f) proporcionar una sonda diseñada para unirse a un producto de amplificación del paso e);	Proporcionar una sonda diseñada para unirse a una secuencia de nucleótidos producto de amplificación del gen cry1AC (Pág. 4, sección - Southern blot analysis). No menciona la secuencia de la sonda	proporcionar una sonda diseñada para unirse a un producto de amplificación (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).
g) hibridar dicha sonda con la muestra; y,	Hibridar la sonda con la muestra vegetal (Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Hibridar la sonda con la muestra (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).
h) detectar la hibridación real de la sonda;	detectar la hibridación debido a que la sonda está marcada (Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Detectar la hibridación dado que la sonda está marcada con fluorescencia (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number).
en donde los pares de cebadores en la etapa c) se seleccionan del grupo que comprende: SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65 y SEQ ID NO: 66; y,	se proporcionan pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo (TATCGTTGCTCAACTAGGTC AGGGTGTC a) y uno inverso (CATTGTTGTTCTGTGGT GGGATTCGTC) (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and prime los cebadores r design; Pág. 4, sección - Southern blot analysis).	Proporcionar cebadores que van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCT que amplifican un fragmento de 301 pb o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA que amplifican un fragmento de 175 pb (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number, tabla 1)
en donde el producto a partir de la amplificación comprende la SEC ID NO.: 12 o la SEC ID NO.: 13.	en donde el producto es un fragmento de un gen cry1Ac de 211 pb (Pág. 5, - PCR identification of resistant sugarcane plants).	en donde el producto es un fragmento de un gen cry1Ac o los bordes derecho e izquierdo del constructo y el sitio de inserción (ejemplo 2, sección (3) Identification of foreign gene insertion copy number, tabla 1)

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 3, ya que divulga un método de detección de un transgén en una planta transgénica que expresa una proteína CRY1AC, donde el método comprende obtener



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

una muestra de material vegetal para su análisis las cuales corresponden a hojas jóvenes frescas de cada una de las líneas transgénicas obtenidas desde un proceso de transformación de caña de azúcar, a las cuales se les realiza extracción de ADN de la muestra mediante el método CTAB y se proporcionan pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo (TATCGTTGCTCAACTAGGTCAGGGTGTC a) y uno inverso (CATTGTTGTTCTGTGGT GGGATTTCGTC) los cuales se usan para amplificar una región entre el par de cebadores por PCR punto final de un fragmento cry1AC sobre el cual se diseñan sondas específicas usando el kit de síntesis de sonda PCR DIG de Roche® (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening; Pág. 3. Sección - DNA extraction and prime los cebadores r design; Pág. 4, sección - Southern blot analysis). Una vez obtenida la sonda esta se usa en un enyo de hibridación por Southern blotting (Pág. 4, sección - Southern blot analysis). Las plantas transgénicas en las que detecta el transgén son resistentes contra *Diatraea saccharalis* donde de acuerdo con el número de copias determinado por análisis RT-qPCR, se seleccionaron seis líneas transgénicas independientes, incluidas dos líneas con un número de copias alto (T-9, T-12), dos medianos (T-2, T-11) y dos bajos (T-1, T-4), para la detección del número de copias mediante el análisis de Southern blot, encontrando que no hay señal de hibridación en las dos líneas transgénicas con un número de copias bajo y en el control no transgénico; en tanto que se observaron 3-4 copias en las dos líneas con un número de copias medio; y 5-6 copias en las dos líneas con un número de copias alto (Abstract, Pág. 7, sección - Copy number of transgenic sugarcane lines detected by Southern blot análisis).Donde el cebador directo Bt tiene un 80.97% y un 57.14% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, en tanto que el cebador reverso Bt tiene 44.86%y un 85.71% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5). Adicionalmente, el cebador directo bar tiene un 100% y un 60% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente, mientras el cebador reverso bar tiene un 53.33% y un 100% de identidad con las SEQ ID NOs: 22 y 29 de la solicitud respectivamente (alineamiento 5).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: CryRD1	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	92.86	-nan	-nan	-nan	92.86	53.57	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	53.57	-nan
2: WD_2828243886_9	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	37.50	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	37.50	-nan
3: WD_2828243886_7	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	25.00	-nan	25.00	-nan
4: WD_2828243886_66	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	46.67	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	46.67	-nan
5: WD_2828243886_64	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	71.43	73.33	-nan	73.33	-nan
6: WD_2828243886_36	92.86	100.00	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	100.00	52.05	61.11	76.92	50.00	-nan	-nan	50.95	44.19	-nan	51.93
7: WD_2828243886_31	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	61.11	52.41	-nan	52.41	-nan
8: WD_2828243886_30	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	54.52	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	50.52	53.84	53.85
9: ACQR_D1	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	52.94	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	52.94	-nan
10: WD_2828243886_29	92.86	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	52.34	61.11	76.92	50.00	-nan	-nan	61.11	51.88	44.19	50.52	52.38
11: WD_2828243886_2	53.57	37.50	-nan	46.67	-nan	52.05	-nan	54.52	52.94	52.34	100.00	100.00	87.50	87.50	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	100.00
12: WD_2828243886_63	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	61.11	-nan	-nan	-nan	61.11	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan
13: ACQF_D1	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	76.92	-nan	-nan	-nan	76.92	87.50	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	87.50	-nan
14: CryF01	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	50.00	-nan	-nan	-nan	50.00	87.50	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	87.50	-nan
15: WD_2828243886_8	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan
16: WD_2828243886_65	-nan	-nan	-nan	-nan	71.43	-nan	61.11	-nan	-nan	61.11	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan
17: WD_2828243886_23	-nan	-nan	25.00	-nan	73.33	50.95	52.41	-nan	-nan	51.88	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	100.00	-nan	100.00
18: WD_2828243886_13	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	44.19	-nan	-nan	-nan	44.19	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan	100.00
19: WD_2828243886_12	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	50.52	-nan	50.52	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	100.00
20: WD_2828243886_22	53.57	37.50	25.00	46.67	73.33	51.93	52.41	53.84	52.94	52.35	100.00	100.00	87.50	87.50	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00
21: WD_2828243886_6	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	53.85	-nan	53.85	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00

Alineamiento 5. Entre las SEQ ID NOs: 2, 6 a 9. 12, 13, 22, 23, 29, 30, 31, 36 y 63 a 65 de la solicitud y los cebadores de D1.

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 3 y el método divulgado en D1, consiste en que los pares de cebadores en la etapa c) se seleccionan del grupo que comprende: SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65 y SEQ ID NO: 66; y el producto de la amplificación comprende la SEC ID NO.: 12 o la SEC ID NO.: 13.

No hay evidencia de un efecto técnico asociado a dichas diferencias, puesto que la reivindicación independiente no define el método en términos de sus características y condiciones técnicas esenciales estructurales completas como es el caso de los pares de cebadores y sonda con sus respectivos SEQ ID NO, así como la secuencia blanco y la secuencia amplificada, de tal forma, que esto da lugar a un sinnúmero de métodos de

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

detección que no han sido desarrollados ni probados por el solicitante y a los cuales no se les puede extrapolar los efectos técnicos.

No obstante, D1 ya divulgaba un método para detectar un transgén cry1AC usando una hibridación con una sonda diseñada para el mismo en plantas de caña de azúcar, la cual se hibrida cuando hay un mediano y alto número de copias del gen en la planta modificada ya habían sido previsto en dicho documento (Abstract, Pág. 7, sección - Copy number of transgenic sugarcane lines detected by Southern blot análisis).

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

Sin embargo, secuencias blanco alternativas para detectar un transgén en plantas de caña de azúcar transgénicas resistentes contra *Diatraea saccharalis* ya están divulgadas en D3 que se refiere a un método para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, dichos cebadores van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCGT que amplifican un fragmento de 301 pb o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA que amplifican un fragmento de 175 pb (tabla 1).

Donde los cebadores directos e indirectos para Cry1AC de D3 tienen 47.62% y 66.67% de identidad con la SEQ ID NO: 13 de la solicitud respectivamente, en tanto que los cebadores directos e indirectos para el gen bar de D3 tienen un 50% y 47.37% de identidad con la SEQ ID NO: 13 de la solicitud respectivamente (alineamiento 7).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: CryR_D3	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	85.71	-nan	-nan	-nan	85.71	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	42.86	-nan	-nan	42.86
2: WO_2020243806_9	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	37.50	-nan	-nan	37.50
3: WO_2020243806_7	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	25.00	-nan	25.00
4: WO_2020243806_66	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	46.67	-nan	-nan	46.67
5: WO_2020243806_64	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	71.43	-nan	-nan	-nan	73.33	-nan	73.33
6: WO_2020243806_36	85.71	100.00	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	100.00	57.14	-nan	-nan	-nan	61.11	-nan	52.12	50.95	-nan	51.99
7: WO_2020243806_31	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	61.11	-nan	-nan	-nan	52.41	-nan	52.41
8: WO_2020243806_30	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	53.85	-nan	-nan	50.52	54.52	-nan	60.00	53.84
9: BarR_D3	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	53.33	-nan	53.33
10: WO_2020243806_29	85.71	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	57.14	-nan	53.85	61.11	61.11	50.52	52.40	51.88	60.00	52.42
11: CryF_D3	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	57.14	-nan	-nan	-nan	57.14	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	80.95	-nan	-nan	80.95
12: WO_2020243806_8	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00
13: WO_2020243806_6	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	53.85	-nan	53.85	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan	100.00
14: WO_2020243806_65	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	71.43	-nan	61.11	-nan	61.11	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00
15: WO_2020243806_63	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	61.11	-nan	-nan	-nan	61.11	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00
16: WO_2020243806_12	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	50.52	-nan	50.52	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan	100.00
17: WO_2020243806_2	42.86	37.50	-nan	46.67	-nan	52.12	-nan	54.52	-nan	52.40	80.95	-nan	100.00	-nan	100.00	100.00	100.00	-nan	100.00	100.00
18: WO_2020243806_23	-nan	-nan	25.00	-nan	73.33	50.95	52.41	-nan	53.33	51.88	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00
19: BarF_D3	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	60.00	-nan	60.00	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00
20: WO_2020243806_22	42.86	37.50	25.00	46.67	73.33	51.99	52.41	53.84	53.33	52.42	80.95	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00

Alineamiento 6. Entre las SEQ ID NOS: 2, 6 a 9. 12, 13, 22, 23, 29, 30, 31, 36 y 63 a 65 de la solicitud y los cebadores de D3.

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: CryF_D3	100.00	60.00	61.54	47.62	37.50
2: BarR_D3	60.00	100.00	37.50	47.37	0.00
3: BarF_D3	61.54	37.50	100.00	50.00	63.64
4: WO_2020243806_13	47.62	47.37	50.00	100.00	66.67
5: CryR_D3	37.50	0.00	63.64	66.67	100.00

Alineamiento 7. Matriz de identidad entre la SEQ ID NO: 13 de la solicitud y las secuencias de los cebadores de PCR punto final de D3.



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir secuencias blanco alternativas como lo sugiere D3 en el método de detección de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 3. Por lo cual se considera obvia.

D1 también divulga que las plantas transgénicas en las que se detecta el transgén y que tienen números de copias medianos del mismo eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract). Donde el cebador indirecto de Cry de D1 tiene un 92,86% con las SEQ ID NOs: 36 y 29 de la solicitud, y 53,57% de identidad con la SEQ ID NO: 22 de la solicitud (alineamiento 5). En tanto que, el cebador Cry directo de D1 tiene 87,5% con la SEQ ID NO: 2 de la solicitud, y el cebador ACQF de D1 tiene un 87,50% con las SEQ ID NOs: 22 y 23 de la solicitud, mientras que el cebador ACQR de D1 tiene un 100% de identidad con las SEQ ID NOs: 36 y 29 de la solicitud (alineamiento 5). De otra parte, el cebador Cry directo de D1 tiene un 87,5% de identidad con la SEQ ID NO: 5 de la solicitud, el cebador Cry indirecto tiene un 92,86% de identidad con la SEQ ID NO: 37 de la solicitud, el cebador AQCF de D1 tiene un 87,5% con la SEQ ID NO: 5 de la solicitud, y el cebador AQCR de D1 tiene 100% de identidad con la SEQ ID NO: 37 (alineamiento 8).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: CryRD1	100.00	-nan	92.86	-nan	-nan	-nan	53.57	-nan
2: ACQR_D1	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan	-nan	52.94	-nan
3: WO_2020243806_37	92.86	100.00	100.00	50.00	50.00	-nan	51.69	48.66
4: AQCF_D1	-nan	-nan	50.00	100.00	-nan	-nan	87.50	-nan
5: CryFD1	-nan	-nan	50.00	-nan	100.00	-nan	87.50	-nan
6: WO_2020243806_4	-nan	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00	-nan
7: WO_2020243806_5	53.57	52.94	51.69	87.50	87.50	100.00	100.00	100.00
8: WO_2020243806_3	-nan	-nan	48.66	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00

Alineamiento 8. Entre las SEQ ID NO: 3, 4, 5 y 37 de la solicitud con los cebadores de D1.

D3 también divulga un constructo que contiene el gen cry1AC y el gen bar que codifica la tetraavalencia libre de antibióticos, así como, un promotor 35S en secuencia directa para la resistencia contra un insecto plaga de la caña y en sentido reverso un terminador NOS, además comprende un T-ADN (Reiv. 5, Sección - (7) genetic transformation: utilize Bombardment-Mediated Transformation sugarcane callus, with 0.7mg/L glyphosate (PPT) screening acquisition kanamycin-resistant callus tissue, differentiation and regeneration obtains transgenic sugarcane plant). Donde el cebador indirecto Cry de D3 tiene un 85,7% de identidad con las SEQ ID Nos: 36 y 29 de la solicitud, el cebador directo Cry de D3 tiene 80,95% de identidad con las SEQ ID Nos. 2 y 22 de la solicitud, el cebador directo bar de D3 tiene un 100% de identidad con las SEQ ID Nos: 29 y 22 de la solicitud, y el cebador indirecto de bar de D3 tiene un 100% de identidad con las SEQ ID Nos: 29 y 36 de la solicitud (alineamiento 6). En tanto que, el cebador directo Cry de D3 tiene un 80,95% de identidad con la SEQ ID NO: 5, el cebador indirecto Cry de D3 tiene un 85,7% con la SEQ ID NO: 37, el cebador directo bar de D3 tiene un 100% de identidad con la SEQ ID NO: 5 de la solicitud, y el cebador indirecto bar de D3 tiene un 100% de identidad con la SEQ ID NO: 37 de la solicitud (alineamiento 9).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: CryR_D3	100.00	-nan	85.71	-nan	-nan	-nan	-nan	42.86
2: BarR_D3	-nan	100.00	100.00	-nan	-nan	40.00	-nan	40.00
3: WO_2020243806_37	85.71	100.00	100.00	57.14	-nan	48.66	45.45	52.13
4: CryF_D3	-nan	-nan	57.14	100.00	-nan	-nan	-nan	80.95
5: WO_2020243806_4	-nan	-nan	-nan	-nan	100.00	-nan	-nan	100.00
6: WO_2020243806_3	-nan	40.00	48.66	-nan	-nan	100.00	-nan	100.00
7: BarF_D3	-nan	-nan	45.45	-nan	-nan	-nan	100.00	100.00
8: WO_2020243806_5	42.86	40.00	52.13	80.95	100.00	100.00	100.00	100.00

Alineamiento 9. Entre las SEQ ID NO: 3, 4, 5 y 37 de la solicitud con los cebadores de D3.



Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Las reivindicaciones dependientes 4 a 8 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al constructo de la reivindicación 3, por lo cual se considera que carecen de nivel inventivo.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 9 (Radicado NC2025/0014680 del 23 de octubre de 2025) refiere a: *“Una molécula de ácido nucleico recombinante que comprende una construcción genética que comprende la SEC ID NO.: 1.”*. A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D2
Una molécula de ácido nucleico recombinante que comprende una construcción genética que comprende la SEC ID NO.: 1.	Una molécula de ácido nucleico que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening).	Una molécula de ácido nucleico de un plásmido de SEQ ID NO: 13 y el cual comprende una secuencia de nucleótidos del gen T-ADN de la SEQ ID NO: 2. Que también comprende un cassette de expresión de resistencia a glifosfato, un promotor 35S desde CaMV y el promotor de poliubiquitina 1 (SEQ ID NO: 9) el cual dirige la expresión de un cassette de expresión de los genes Cry1Ab-Cry12A (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 comprende la SEQ ID NO: 1 de la solicitud con un 100% de identidad (alineamiento 10).

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 9, ya que divulga un constructo que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 9 y la molécula de ácido nucleico divulgado en D1, consiste en la SEQ ID NO: 1.

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



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

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

Sin embargo, el incluir una molécula de ácido nucleico que se incluye en un plásmido para obtener plantas transgénicas resistentes a un insecto ya está divulgado en D2 que se refiere a un plásmido para la transformación de maíz de SEQ ID NO. 13 que está constituido por una secuencia de nucleótidos del gen de ADN-T de SEQ ID NO: 2, donde dicha secuencia comprende un casete de expresión de resistencia a glifosato con un promotor 35S derivado de CaMV y un promotor poliubiquitina-1 de maíz (secuencia de nucleótidos SEQ ID NO. 9), el terminador es del gen 35S de CaMV (0,2 kb de longitud y secuencia de nucleótidos SEQ DNI N° 11) y la resistencia a insectos corresponde a la fusión Cry1Ab-PGKGGG-Cry2A, en tanto que el promotor que impulsa el gen de fusión Cry1Ab-Cry2A se deriva del promotor del gen de poliubiquitina-1 del maíz (pZmUbi-1) (obtenido del genoma del maíz mediante PCR, el tamaño es 2,1 kb y la secuencia de nucleótidos es SEQ ID NO. 7) (ejemplo 1). Dicho plásmido de transformación de plantas obtenido se introdujo en *Agrobacterium* LBA4404 mediante un método de descarga eléctrica (2500 V) para obtener *Agrobacterium* que contenía un vector de transformación de plantas (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 tiene un 77.71% de identidad con 47.1 % de cobertura con la SEQ ID NO:1 de la solicitud (alineamiento 10).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2016188332_13	100.00	77.71
2: WO_2020243806_1	77.71	100.00



Superintendencia de
Industria y Comercio

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2016188332_13	GTTGGGAAGGGCGATCGGTGCGGGCCT--CTTCGCTATTACGC-----CAGCTGGCG	11270
WO_2020243806_1	--TGT-----GGTGTAAACAAATTGACGCTTAGACAACTTAATAACACATTGCG	60
	** **** : : **** : : ** . ** *	
WO_2016188332_13	AAAGG--GGGATGTGCTGCAAGGCGATTAAAGTTGGGTAAACGCCAGGGTT-----TTCC	11321
WO_2020243806_1	GACGTCTTTAATGTACTGAATTTAGTTACTG-----ATCAC-TGATTAAGTACTGATAT	113
	. . * . **** . ** . : . * : . : * * : * . * : : *	
WO_2016188332_13	CAGTCACGACGTTGTAACACGACGGCCAGTGCCAAGCTTGCGTACAGTGACGCGTG	11381
WO_2020243806_1	CGGTACCGA-----ATTCGCGGCCGCAAGCTTCGATCGATGCTGCGAGTGACGCGTG	165
	* . * . * * : * . * * * . : . * : : * * * * * , * * * * * * * * * *	
WO_2016188332_13	CACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCCATTTAGGGTTTAGGGTTAATGG	11741
WO_2020243806_1	CACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCCATTTAGGGTTTAGGGTTAATGG	525

WO_2016188332_13	TTTTTATAGACTAATTTTTTTAGTACATCTATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATTAAAG	11801
WO_2020243806_1	TTTTTATAGACTAATTTTTTTAGTACATCTATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATTAAAG	585

WO_2016188332_13	AAAACATAAACTCTATTTTAGTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAATAAAA	11861
WO_2020243806_1	AAAACATAAACTCTATTTTAGTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAATAGAATAAAA	645

WO_2016188332_13	TAAAGTGACTAAAAATTAAACAAATACCCCTTTAAGAAATTAAAAAACTAAGGAAACATT	11921
WO_2020243806_1	TAAAGTGACTAAAAATTAAACAAATACCCCTTTAAGAAATTAAAAAACTAAGGAAACATT	705

WO_2016188332_13	TTTCTGTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTTAAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACA	11981
WO_2020243806_1	TTTCTGTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTTAAACGCCGTCGACGAGTCTAACGGACA	765

WO_2016188332_13	CCAACGAGCAACGAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCACGGCATCTCT	12041
WO_2020243806_1	CCAACGAGCAACGAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCACGGCATCTCT	825

WO_2016188332_13	GTCGCTGCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTC	12101
WO_2020243806_1	GTCGCTGCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTTCCGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTC	885

WO_2016188332_13	GGCATCCAGAAATTGCGTGCGGAGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCTCCT	12161
WO_2020243806_1	GGCATCCAGAAATTGCGTGCGGAGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCTCCT	945

WO_2016188332_13	CCTCCTCTACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCTTTCCACCGCTCCTTCGCTTTCCC	12221
WO_2020243806_1	CCTCCTCTACGGCACGGCAGCTACGGGGGATTCTTTCCACCGCTCCTTCGCTTTCCC	1005

WO_2016188332_13	TTCTCGCCGCGCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCCAACCTCGTG	12281
WO_2020243806_1	TTCTCGCCGCGCGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCTCTTTCCCCAACCTCGTG	1065

WO_2016188332_13	TGTTTCGGAGCGCACACACACAACCAAGATCTCCCCAAATCCACCGTCGGCACCTCCG	12341
WO_2020243806_1	TGTTTCGGAGCGCACACACACAACCAAGATCTCCCCAAATCCACCGTCGGCACCTCCG	1125





Superintendencia de
Industria y Comercio

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2016188332_13	CTTCAAGGTACGCCGCTCGTCCTCCCCCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGT	12401
WO_2020243806_1	CTTCAAGGTACGCCGCTCGTCCTCCCCCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGT	1185

WO_2016188332_13	TCCGGTCCATGGTTAGGGCCCGGTAGTTCTACTTCTGTTTCATGTTTGTGTTAGATCCGTG	12461
WO_2020243806_1	TCCGGTCCATGGTTAGGGCCCGGTAGTTCTACTTCTGTTTCATGTTTGTGTTAGATCCGTG	1245

WO_2016188332_13	TTTGTGTTAGATCCGTGCTGCTAGCGTTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGACACG	12521
WO_2020243806_1	TTTGTGTTAGATCCGTGCTGCTAGCGTTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGACACG	1305

WO_2016188332_13	TTCTGATTGCTAATTGCCAGTGTTTCTCTTTGGGGAACTCTGGGATGGCTCTAGCCGTT	12581
WO_2020243806_1	TTCTGATTGCTAATTGCCAGTGTTTCTCTTTGGGGAACTCTGGGATGGCTCTAGCCGTT	1365

WO_2016188332_13	CCGCAGACGGGATCGATTTTCATGATTTTTTTTGTTCGTTGCATAGGGTTTGGTTTGCCC	12641
WO_2020243806_1	CCGCAGACGGGATCGATTTTCATGATTTTTTTTGTTCGTTGCATAGGGTTTGGTTTGCCC	1425

WO_2016188332_13	TTTTCTTTATTTCAATATATGCCGTGCACCTGTTTGTGCGGGTCATCTTTTCATGCTTTT	12701
WO_2020243806_1	TTTTCTTTATTTCAATATATGCCGTGCACCTGTTTGTGCGGGTCATCTTTTCATGCTTTT	1485

WO_2016188332_13	TTTTGTCTGGTTGTGATGATGTGGTCTGGTTGGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAAT	12761
WO_2020243806_1	TTTTGTCTGGTTGTGATGATGTGGTCTGGTTGGGCGGTCGTTCTAGATCGGAGTAGAAT	1545

WO_2016188332_13	TCTGTTTCAAACACCTGGTGGAATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTGCCATACAT	12821
WO_2020243806_1	TCTGTTTCAAACACCTGGTGGAATTTATTAATTTTGGATCTGTATGTGTGTGCCATACAT	1605

WO_2016188332_13	ATTCATAGTTACGAATTGAAGATGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATACATG	12881
WO_2020243806_1	ATTCATAGTTACGAATTGAAGATGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATACATG	1665

WO_2016188332_13	TTGATGCGGGTTTTACTGATGCATATACAGAGATGCTTTTTGTTGCTTGGTTGTGATGA	12941
WO_2020243806_1	TTGATGCGGGTTTTACTGATGCATATACAGAGATGCTTTTTGTTGCTTGGTTGTGATGA	1725

WO_2016188332_13	TGTGGTGTGGTTGGGCGGTCGTTCAATTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAAC	13001
WO_2020243806_1	TGTGGTGTGGTTGGGCGGTCGTTCAATTCGTTCTAGATCGGAGTAGAATACTGTTTCAAAC	1785

WO_2016188332_13	TACCTGGTGTATTTATTAATTTTGGAACTGTATGTGTGTGTCATACATCTTCATAGTTAC	13061
WO_2020243806_1	TACCTGGTGTATTTATTAATTTTGGAACTGTATGTGTGTGTCATACATCTTCATAGTTAC	1845

WO_2016188332_13	GAGTTTAAGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGTGGGTTTTA	13121
WO_2020243806_1	GAGTTTAAGATGGATGGAAATATCGATCTAGGATAGGTATACATGTTGATGTGGGTTTTA	1905

WO_2016188332_13	CTGATGCATATACATGATGGCATATGCAGCATCTATTCATATGCTCTAACCTTGAGTACC	13181
WO_2020243806_1	CTGATGCATATACATGATGGCATATGCAGCATCTATTCATATGCTCTAACCTTGAGTACC	1965

WO_2016188332_13	TATCTATTATAATAACAAGTATGTTTTATAATTATTTGATCTTGATATACCTTGGATGA	13241
WO_2020243806_1	TATCTATTATAATAACAAGTATGTTTTATAATTATTTGATCTTGATATACCTTGGATGA	2025

WO_2016188332_13	TGGCATATGCAGCAGCTATATGTGGATTTTTTTAGCCCTGCCTTCATACGCTATTTATTT	13301
WO_2020243806_1	TGGCATATGCAGCAGCTATATGTGGATTTTTTTAGCCCTGCCTTCATACGCTATTTATTT	2085

WO_2016188332_13	GCTTGGTACTGTTTCTTTTGTGCGATGCTCACCCCTGTTGTTTGGTGTACTTCTGCAGGTC	13361
WO_2020243806_1	GCTTGGTACTGTTTCTTTTGTGCGATGCTCACCCCTGTTGTTTGGTGTACTTCTGCAGGTC	2145





Superintendencia de
Industria y Comercio

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

WO_2016188332_13	GACTCTAGAGGATCCACCATGGACAACAACCCCAACATCAACGAGTGCATCCCTACAAC	13421
WO_2020243806_1	GACTCTAGA-----ATGGACAACAACCCAAACATCAACGAGTGCATCCCATACAAC	2196

WO_2016188332_13	TGCCTGAGCAACCCGAGGTGGAGGTGCTGGGCGGCGAGCGCATCGAGACCGGCTACACC	13481
WO_2020243806_1	TGCCTGAGCAACCCGAGGTGGAGGTGCTGGGTGGCGAGCGCATCGAGACCGGTTACACC	2256

WO_2016188332_13	CCCATCGACATCAGCCTGAGCCTGACCCAGTTCCTGCTGAGCGAGTTCGTGCCGCGGCC	13541
WO_2020243806_1	CCCATCGACATCTCCCTGTCTTGACCCAGTTCCTGCTGAGCGAGTTCGTGCCAGGTGCT	2316
	*****; ****; * ***** ***** ** *	
WO_2016188332_13	GGCTTCGTGCTGGGCTGGTGGAATCATCTGGGGCATCTTCGGCCCCAGCCAGTGGGAC	13601
WO_2020243806_1	GGCTTCGTGCTCGGCTGGTGGAATCATCTGGGGTATCTTCGGTCCATCCCAATGGGAC	2376
	***** ***** ***** **; ** *****	
WO_2016188332_13	GCCTTCCTGGTGAGATCGAGCAGCTGATCAACAGCGCATCGAGGAGTTCGCCCGCAAC	13661
WO_2020243806_1	GCCTTCCTGGTGCAATCGAGCAGCTGATCAACAGAGGATCGAAGAGTTCGCCAGGAAC	2436
	***** ***** * ***** ***** *	
WO_2016188332_13	CAGGCCATCAGCCGCTGGAGGGCCTGAGCAACCTGTACCAATCTACGCCGAGAGCTTC	13721
WO_2020243806_1	CAGGCCATCTCCAGGCTGGAGGGCCTGAGCAACCTCTACCAATCTACGCCGAGAGCTTC	2496
	*****; *, * ***** *****	
WO_2016188332_13	CGCGAGTGGGAGGCCGACCCACCAACCCCGCCTGCGCGAGGAGATGCGCATCCAGTTTC	13781
WO_2020243806_1	AGGGAGTGGGAGGCCGACCCACCAACCCAGCTCTCCGCGAGGAATGCGCATTCATTTC	2556
	*, * ***** ***** ** ***** ***** ** ***	
WO_2016188332_13	AACGACATGAACAGCGCCCTGACCACCGCATCCCCCTGTTGCGCGTGCAAACTACCAG	13841
WO_2020243806_1	AACGACATGAACAGCGCCCTGACCACCGCTATCCCACTGTTGCGCGTGCAAACTACCAA	2616
	***** ***** *****	
WO_2016188332_13	GTGCCCTGCTGAGCGTGTACGTGCAAGCCGCCAACCTGCACCTGAGCGTGCTGCGCGAC	13901
WO_2020243806_1	GTGCCCTGCTGTCGTGTACGTGCAAGCCGCTAACCTGCACCTGAGCGTGCTGCGCGAC	2676
	***** ** ***; ***** ***** *****	
WO_2016188332_13	GTCAGCGTGTTCGGCCAGCGTGGGGCTTCGAGCCGCCACCATCAACAGCCGCTACAAC	13961
WO_2020243806_1	GTGAGCGTGTTCGGCCAAAGGTGGGGCTTCGATGCTGCCACCATCAACAGCCGCTACAAC	2736
	** ***** , * ***** ** *****	
WO_2016188332_13	GACCTGACCCGCTGATCGGCAACTACACCGACACGCGTGCGCTGGTACAACACCGGC	14021
WO_2020243806_1	GACCTGACCAAGGCTGATTGGCAACTACACCGACACGCTGTCGCTGGTACAACACCGGC	2796
	***** , * ***** *****	
WO_2016188332_13	CTGGAAGCGCGTGTGGGGTCCCGACAGCCGCGACTGGATCAGGTACAACAGTTCCGCCGC	14081
WO_2020243806_1	CTGGAAGCGCGTGTGGGGTCCGGATCCAGGGAATCAGGTACAACAGTTCAAGGAGG	2856
	***** ***** ***; *, * ***** , *	
WO_2016188332_13	GAGCTGACCCCTGACCGTGTGAGCATCGTGAGCCTGTTCCCCAACTACGACAGCCGCACC	14141
WO_2020243806_1	GAGTTGACCCCTACCGTGTGAGCATTTGTGTCCCTCTCCCGAACTACGATCCAGGACC	2916
	*** ***** ***** ***; *** ***** *****; *, * ***	
WO_2016188332_13	TACCCCATCCGCACCGTGAGCCAGCTGACCCGCGAGATTTACACCAACCCCGTGCTGGAG	14201
WO_2020243806_1	TACCCGATCCGCACCGTGTCCTCACTACAGGGAGATCTACCAACCCAGTGCTGGAG	2976
	***** *****; **, ** **, * ***** *****	
WO_2016188332_13	AACTTCGACGGCAGCTTCGCGGCGAGCGCCAGGGCATCGAGGGCAGCATCCGACGCCCC	14261
WO_2020243806_1	AACTTCGACGGTAGCTTCGCGGTTCCGCCAGGGATCGAGGGCTCCATCAGGAGCCCA	3036
	***** ***** : ***** *****; ****, * *****	
WO_2016188332_13	CACCTGATGGACATCCTGAACAGCATCACCATCTACACCGACGCCACCGGGCGAGTAC	14321
WO_2020243806_1	CACCTGATGGACATCCTGAACAGCATCACCATCTACACCGACGCTCACAGGGGCGAGTAC	3096
	***** ***** ***** **, * *****	
WO_2016188332_13	TTCCCCCTGTACGGCACCATGGGCAACGCTGCACCTCAGCAGCGCATAGTGGCACAGCTG	14441
WO_2020243806_1	TTCCGCTCTACGGCACCATGGGCAACGCGCTCCACAGCAACGATCGTGCTCAACTG	3216
	***** ** ***** **; **, ***** *****; **, **	

Alineamiento 10. Entre la SEQ ID NO: 13 de D2 y la SEQ ID NO: 1 de la solicitud.



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Adicionalmente, el polinucleótido de SEQ ID NO: 13 de D2 tiene una identidad del 78.89% con la SEQ ID NO: 14 de la solicitud (alineamiento 11).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2020243806_14 100.00 78.89
2: WO_2016188332_13 78.89 100.00

Alineamiento 11. Entre la SEQ ID NO: 13 de D2 y la SEQ ID NO: 14 de la solicitud.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir un constructo para obtener plantas transgénicas de caña que expresan una proteína CRY1AC como lo sugiere D2 en el plásmido de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 9. Por lo cual se considera obvia.

La reivindicación dependiente 10 no menciona alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al constructo de la reivindicación 9, por lo cual se considera que carece de nivel inventivo.

Teniendo en cuenta lo señalado en el artículo 18 de la Decisión 486 de 2000 de la Comisión de la Comunidad Andina, la reivindicación independiente 11 (Radicado NC2025/0014680 del 23 de octubre de 2025) refiere a: *“Un método para producir una planta de caña de azúcar (Saccharum spp.) que tiene una resistencia mejorada a los insectos modificada genéticamente que expresa la toxina Cry1Ac, que comprende las etapas de:* A continuación, se presenta la tabla comparativa entre el objeto reivindicado y los documentos encontrados en el estado de la técnica:

CARACTERÍSTICAS ESENCIALES	D1	D4
Un método para producir una planta de caña de azúcar (<i>Saccharum</i> spp.) que expresa la toxina Cry1Ac, que comprende las etapas de:	Un método para obtener una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína CRY1AC que comprende (Todo el documento).	Un método para producir una planta de caña de azúcar resistente a áfidos caracterizada porque comprende un polinucleótido que codifica para una proteína Cry1A dentro del genoma de la planta (Reiv. 20). La SEQ ID NO: 8 de D4 tiene un 87.39% de identidad con la SEQ ID NO: 20 de la solicitud (alineamiento 12).
a) introducir una construcción genética según la reivindicación 9 que comprende un gen cry1Ac según la SEC ID NO.: 20, y un gen bar según la SEC ID NO.: 21, dentro de una cepa de <i>Agrobacterium</i> ;	Realizar una construcción genética que comprende la secuencia del gen cry1AC bajo un promotor 35S y un terminador <i>nos</i> (Pág. 2, sección - Vector construction).	Introducir una construcción genética que comprende el gen cry1AC de SEQ ID NO: 8 en una cepa de <i>Agrobacterium</i> (secciones, - 2. Construction of a recombinant expression vector containing the Cry1A gene y 3. Recombinant expression vector transforming <i>Agrobacterium</i>).
b) obtener callos embrionarios a partir de rollos de hojas inmaduras o tallos superiores de caña de azúcar (<i>Saccharum</i> spp.);	Obtener los callos embrionarios del cultivar de caña de azúcar FN15 se derivan de segmentos transversales de la región del enrollamiento de la hoja joven con el meristemo apical y son cortados en 1 a 2 mm en discos gruesos y cultivados en medio	Obtener callos embrionarios desde la parte superior del tallo de la planta tomando un segmento de hoja con meristemo de 5 a 7 cm de largo, cultivar en un medio de inducción durante 20 días en oscuridad (sección - 3.



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

	MS que contiene 3,0 mg/l de ácido diclorofenoxiacético (2,4-D) en la oscuridad durante 2 a 4 semanas (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	Obtaining genetically modified sugarcane plants),
c) co-cultivar los callos embriogénicos con un cultivo de <i>Agrobacterium</i> ;	Transformar los callos usando bombardeo de tal forma que el plásmido construido (pGcry1Ac0229) se recubre en partículas de tungsteno antes del bombardeo y aproximadamente 1,0 µg de ADN se usa para cada bombardeo. (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	co-cultivar los callos embriogénicos con una solución de infección que comprende <i>Agrobacterium</i> con el plásmido de interés (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants),
d) seleccionar células transformadas que contienen la SEQ ID NO: 20 y la SEQ ID NO: 21 del paso a), a partir de un medio de cultivo que contiene glufosinato de amonio; y	seleccionar callos transformados para lo cual se extienden sobre la superficie del medio y se cultivan durante 1 día a 28°C en oscuridad, posteriormente os callos son transferidos al medio de inducción de MS. que contiene 2,4-D y fosfinotricina (PPT) y se cultiva en oscuridad. por 2 semana (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	Seleccionar los callos transformados pasándolos por la solución de infección y se transfieren a medio de cultivo que comprende acetosiringona y se dejan 3 días, después se transfiere a un medio de diferenciación que comprende cefalosporina e higromicina y se transfieren a medio de enraizamiento con un agente de detección de higromicina (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants),
e) regenerar plantas de caña de azúcar transformadas, en donde las plantas de caña de azúcar modificadas genéticamente comprenden la SEC ID NO.: 20, y la SEC ID NO.: 21, en donde las plantas de caña de azúcar modificadas genéticamente del paso e) comprenden la SEC ID NO: 5 o la SEQ ID NO: 22.	Regenerar los callos para lo cual se transfirieren a un medio de regeneración MS. que contiene 1 6-benciladenina (6-BA), 1,0 mg/L de cinetina (KT) y 0,75 mg/L de PPT, y se cultivan durante varios ciclos alternando condiciones de luz y oscuridad durante 2 semanas a 28°C hasta que las plántulas de caña de azúcar se regeneran. Luego, las plántulas se transfirieren a un medio de enraizamiento ½MS que contiene 3,0 mg/l de ácido 1-naftlcético (NAA) hasta que se desarrollan las raíces. Los transformantes putativos viables son transferidos al suelo en invernadero y cuando crecen de 5 a 8 cm de altura, se rocían con una solución de Basta (ingrediente activo fosfinotricina/glufosinato de amonio) al 3 % (V/V) para el cribado preliminar (Pág. 3, sección - Transformation and screening).	Regenerar las plantas modificadas y confirmar el transgén por PCR tiempo real con sondas Taq man encontrando que comprenden el constructo insertado (sección - The specific methods for detecting the copy number of the Cry1A gene and the Vip3A gene are as follows).

D1 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la invención definida en la reivindicación 11, ya que divulga un método para obtener una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína CRY1AC cual comprende realizar una construcción genética que comprende la secuencia del gen cry1AC bajo un promotor 35S y un terminador *nos*. Además, de seleccionar callos embrionarios del cultivar de caña de azúcar FN15 que se derivaran de segmentos transversales de la región del enrollamiento



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

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

La diferencia entre la invención definida entre la reivindicación 11 y el método divulgado en D1, consiste en la SEQ ID NO: 20 o 21, la transformación mediada por *Agrobacterium* y en que el medio de cultivo comprenda glufosinato de amonio y que la planta transgénica comprenda las SEQ ID NOs: 20, 21, 5 o 22.

No hay evidencia de un efecto técnico asociado a dichas diferencias, puesto que, la reivindicación independiente no define el método en términos de sus características y condiciones técnicas esenciales estructurales completas como es el caso de la SEQ ID NO del constructo que se usa para transformar la planta y las SEQ ID NO de los cebadores, y la secuencia blanco así como la secuencia de amplificación que permiten seleccionar las plantas con el constructo, de tal forma, que esto da lugar a un sinnúmero de métodos que no han sido desarrollados ni probados por el solicitante y a los cuales no se les puede extrapolar los efectos técnicos

No obstante, D1 divulga un método para generación de una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína Cry1ac con el cual se obtienen 14 líneas transgénicas de caña de azúcar en las cuales se obtuvieron variables agronómicas y de producción de azúcar similar al control no transgénico, sin embargo, las plantas transgénicas mostraron tener resistencia al barrenador teniendo menos daños en tallos y hojas, en tanto que, los barrenadores mostraron ser más susceptibles y tener una mayor supervivencia en dichas líneas con la proteína CRY en comparación con los controles no transgénicos ya está previsto en dicho documento (Págs. 2 y 3, secciones - Vector

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

construction y Transformation and screening, Figs. 5 y 7, Págs. 9 y 10, sección - Transgenic sugarcane lines are resistant to sugarcane borer).

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

Sin embargo, el incluir un método para obtener plantas de caña de azúcar transgénicas resistentes contra un insecto plaga en el cual la transformación es mediada por *Agrobacterium* ya está divulgado en D4 que se refiere a un método para producir una planta de caña de azúcar resistente a áfidos caracterizada porque comprende un polinucleótido que codifica para una proteína Cry1A dentro del genoma de la planta (Reiv. 20). El método comprende introducir una construcción genética que comprende el gen cry1AC de SEQ ID NO: 8 en una cepa de *Agrobacterium*. Posteriormente, obtener callos embrionarios desde la parte superior del tallo de la planta tomando un segmento de hoja con meristemo de 5 a 7 cm de largo y cultivar dichos callos en un medio de inducción durante 20 días en obscuridad (secciones, - 2. Construction of a recombinant expression vector containing the Cry1A gene y 3. Recombinant expression vector transforming *Agrobacterium* y sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants), en seguida co-cultivar los callos embriogénicos con una solución de infección que comprende *Agrobacterium* con el plásmido de interés (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants). Los callos que son pasados por la solución de infección se transfieren a medio de cultivo que comprende acetosiringona y se dejan 3 días, después se transfiere a un medio de diferenciación que comprende cefalosporina e higromicina y se transfieren a medio de enraizamiento con un agente de detección de higromicina (sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants), Las presuntas plantas transgénicas son confirmadas por PCR tiempo real con sondas Taq man encontrando que comprenden el constructo insertado (sección - The specific methods for detecting the copy number of the Cry1A gene and the Vip3A gene are as follows). La SEQ ID NO: 8 de D4 tiene un 87.39% de identidad con la SEQ ID NO: 20 de la solicitud (alineamiento 12).

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: WO_2020243806_20 100.00 87.39
2: WO_2016101683_8 87.39 100.00

Alineamiento 12. Entre la SEQ ID NO: 8 de D4 y la SEQ ID NO: 10 de la solicitud.

En consecuencia, la persona normalmente versada en la materia estaría motivada a incluir un constructo para obtener plantas transgénicas de caña que expresan una proteína CRY1AC como lo sugiere D4 en el método de D1, para así llegar al objeto de la reivindicación 11. Por lo cual se considera obvia.

7. Conclusión

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

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	Gao, S., et al. PloS one	3 a 11	Nivel inventivo
D2	WO2016188332	1, 2, 9 y 10	Nivel inventivo
D3	CN103805620	3 a 8	Nivel inventivo



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

D4	WO2016101683	11	Nivel inventivo
D5	Zhou, D., et al. <i>Frontiers in plant science</i> .	1 y 2	Nivel inventivo

8. Respuesta a los argumentos del solicitante

Argumentos frente a la falta de claridad de las reivindicaciones

En lo referente a los argumentos del solicitante con relación a la claridad del capítulo reivindicatorio de la solicitud bajo estudio en donde manifestó *“Teniendo en cuenta las modificaciones introducidas al Capítulo Reivindicatorio, es posible establecer que la solicitud se presenta de forma más clara, concisa, y con pleno soporte en la Descripción originalmente presentada. Adicionalmente, deseo aclarar lo siguiente: (...)”*

Respecto a tales afirmaciones, me permito respetuosamente diferir con el examinador. Una persona normalmente versada en la materia podría fácilmente reproducir el método reivindicado. Sin embargo, con el único fin de avanzar en el trámite, el Solicitante ha limitado la materia considerablemente, tal como se expone en el numeral I de esta respuesta.

Particularmente, se han incorporado las características técnicas de la reivindicación 9 en la reivindicación 3, en donde se limita el método anteriormente reclamado al incorporar los pasos que incluyen: proporcionar una sonda, hibridarla y detectarla. Adicionalmente, se han limitado las secuencias de los pares de cebadores que se utilizan en la etapa c) al grupo que comprende: SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65 y SEQ ID NO: 66.

En consecuencia, la reivindicación 3 es como se muestra a continuación: (...)”

Considero que la reivindicación 3 modificada cuenta con todas sus características técnicas esenciales completas, y que un experto en la materia podría fácilmente reproducir el método tal y como se reclama. Esto es especialmente cierto, teniendo en cuenta la limitación de las secuencias que comprenden los cebadores utilizados en el método reivindicado.

Por este motivo, considero que dicha objeción ha sido resuelta y solicito respetuosamente al examinador retirarla.

En primer lugar, me permito afirmar que, según las modificaciones a las reivindicaciones presentadas con esta respuesta, la expresión “al menos” ha sido eliminada de la reivindicación.

Por otro lado, difiero respetuosamente de la afirmación del examinador cuando indica que: (...)”

En primer lugar, los “posibles cebadores” que se unirían a las secuencias reivindicadas no representarían un sinnúmero de cebadores, ya que cada secuencia reivindicada tiene una longitud específica, que está claramente definida en la lista de secuencias. Una persona normalmente versada en la materia podría identificar que especificar el producto de la amplificación representa una limitación para los pares de cebadores que se pueden utilizar en el método.

Por otro lado, cualquier persona experta en la materia reconocería que no “cualquiera” y,



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

desde luego, no “una cantidad innumerable de posibles cebadores” se unirían exitosamente

a las secuencias reivindicadas, ya que hay múltiples factores que deben tenerse en cuenta en el diseño de cebadores, tales como: la longitud del cebador, la Tm (...)

lo que significa que no todas las regiones de las secuencias reivindicadas son adecuadas para el diseño de cebadores. Una persona experta en la materia comprendería que, para diseñar un cebador capaz de amplificar con éxito las secuencias reivindicadas, deben tenerse en cuenta estas consideraciones específicas. Todos estos factores restringen sin duda el número de cebadores posibles que se unirían con éxito a las secuencias reivindicadas, y que cumplirían con el objetivo del método reivindicado, el cual consiste en detectar con éxito el evento CTC91087-6.

Por lo tanto, difiero respetuosamente del Examinador al afirmar que el diseño de cebadores destinados a unirse a un grupo específico de secuencias, como los reivindicados, daría lugar a un sinnúmero de cebadores que supuestamente no han sido explorados por el solicitante, especialmente porque, como se menciona en la reivindicación 3 (de la que depende la reivindicación 4), el objetivo del diseño de dichos cebadores es amplificar una región específica con dichos cebadores.

En consecuencia, solicito respetuosamente al examinador retirar la objeción. (...)

Respecto a tales afirmaciones, la realización que define que los pares de cebadores en la etapa c) son cebador directo e inverso, en donde el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 6 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 7, o el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 8 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 9, está claramente definida y explicada en la descripción presentada originalmente, particularmente en los párrafos [143- 145], que describen lo siguiente: (...)

De esta manera, y en relación con el ejemplo 2.4 definido en el párrafo [200] de la descripción, en donde se explica que: (...)

Por lo tanto, es posible establecer que en una forma realización, la detección del producto a partir de la amplificación, obtenido mediante el uso de cebadores de la SEC ID nro.: 6, y SEC ID nro.: 7, y/o SEC ID nro.: 8, y SEC ID nro.: 9 se realiza mediante la hibridación de una sonda que comprende la SEC ID nro.: 10 o SEC ID nro.: 11.

En consecuencia, es posible afirmar que dicha forma de realización definida según las reivindicaciones 7 y 8 del capítulo reivindicatorio modificado, se encuentra debidamente soportada por las enseñanzas de la descripción. Consecuentemente, solicito respetuosamente al examinador retirar esta objeción

Sobre tales afirmaciones, me permito diferir del examinador puesto que el diseño de una sonda implica las mismas consideraciones que las requeridas para el diseño de cebadores, explicadas anteriormente. De hecho, el diseño de sondas es aún más limitado que en el caso de los cebadores. La secuencia diana para el diseño de la sonda es mucho más pequeña y en otras palabras, el número de posibilidades es aún más limitado. En consecuencia, la objeción del examinador de que “cualquier sonda que se une a dichas secuencias daría lugar a un sinnúmero de secuencias de sonda” carece de fundamento.

Además, el método de detección reivindicado (con sus modificaciones) incluye cebadores que se anillan a regiones específicas presentes únicamente en el evento CTC91087-6. Incluso si la sonda se anilla a fragmentos pequeños (fragmentos de 117-145 pb), estos

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

fragmentos deberían identificarse únicamente en los productos de amplificación, lo que aumenta aún más la especificidad del método reivindicado.

Sin embargo, con el fin de facilitar el trámite, y según lo definido en el Numeral I de esta respuesta, la reivindicación 9 ha sido eliminada del capítulo reivindicatorio”.

Se aclara que el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2025/0014680 presentado el 23 de octubre de 2025 no cumple con lo estipulado en el artículo 30 de la decisión 486 como se mostró en el numeral 4.1 del presente Oficio. Esto debido a que el mismo no es conciso comprendiendo reivindicaciones de producto (moléculas de ácido nucleico, constructos, método de detección de un evento transgénico o el método de obtención de plantas transgénicas), por lo cual, no es posible encontrar el alcance de la materia reclamada. En previos Oficios, se le ha sugerido al solicitante reclamar el método de obtención de la planta transgénica que incluya la SEQ ID NO del constructo completo y de sus componentes, y en este mismo, se incluya la detección que permite la selección de las plantas indicando la SEQ ID NO del par de cebadores (directo e indirecto) y la sonda correspondiente usada, teniendo en cuenta que como el solicitante lo expone en sus argumentos son específicos dichos elementos. Así mismo, la secuencia blanco sería aquella a la cual van realmente dirigidos los cebadores.

Contrario a esto, el solicitante reclama las SEQ ID NO: 5 y 22 que corresponden a resultados a alcanzar puesto que es el evento transgénico completo incluyendo las regiones flanqueantes del genoma de la planta donde se inserta el constructo. En este caso, se debe tener presente que el solicitante le proporciona a la planta la SEQ ID NO: 26 que corresponde al vector que comprende los genes *cry1Ac* y *nptII* (SEQ ID NO: 34 y 35), cuya expresión de los genes *cry1Ac* y *nptII* está regulada por el promotor del gen de la ubiquitina del maíz - UBI-1 (que tiene un intrón endógeno). Por tanto, sería claro que el solicitante reclame dicha molécula de ácido nucleico o constructo. No obstante, el solicitante pretende reclamar una molécula que solo puede existir si las plantas en efecto tienen una transformación que resulta en un evento transgénico.

Ahora bien, si fuera el caso y debido a que estas moléculas son novedosas deberían incluirse en el método de detección puesto que sus SEQ ID NO son esenciales para el mismo debido a que es el blanco que se pretende amplificar mediante la secuenciación. Así las cosas, si lo que se pretende detectar son los bordes izquierdo y derecho de la SEQ ID NO: 22 donde se incluye parte de las secuencias adyacentes del genoma de la planta, pues debería exponerse con claridad cual es la secuencia blanco y cuales son las parejas de cebadores que permitirían amplificar dicho fragmento. Por ejemplo, al realizar un alineamiento de todas las secuencias mencionadas en el capítulo reivindicatorio se evidencia que el cebador de SEQ ID NO: 7 tiene un 100% de identidad con la SEQ ID NO: 5, igual que las SEQ ID NOs: 6 y 8, pero no la SEQ ID NO: 9, y estas mismas tienen una identidad del 100% con la SEQ ID NO: 22, teniendo en cuenta que SEQ ID NO. 5 hace parte de SEQ ID NO: 22 (alineamiento 10). Pero eso muestra que la SEQ ID NO: 9 no puede ser un cebador como lo expone el solicitante en sus argumentos. Lo mismo para las SEQ ID NOs: 65 y 63 que tienen 100% de identidad con la SEQ ID NO: 22 pero no las SEQ ID NO: 64 y 65, por lo cual estos no podrían ser cebadores. Esto porque los cebadores deberían ser complementarios al blanco. Cabe resaltar que en las reivindicaciones dependientes y que hacen parte del método de detección, el solicitante se refiere a otros cebadores que pueden unirse a determinadas secuencias y los cuales no son explorados ni probados en la descripción, por ejemplo, aquellos dirigidos a las SEQ ID NOs: 29 y 30, siendo que estas secuencias no están incluidas en la SEQ ID NO: 22, por lo cual no es claro, o el caso de la SEQ ID NO: 2 que aunque hace parte de SEQ ID NO: 22 no es blanco de los cebadores propuestos en el capítulo reivindicatorio (alineamiento 13). Por tanto, la reivindicación independiente de método de detección

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

El solicitante adiciona *“Respecto a tal observación, el solicitante resalta que, tal como se mencionó en el Numeral I de la presente Respuesta, la reivindicación 10 objetada ha sido eliminada del Capítulo Reivindicatorio Modificado. Por lo tanto, solicito amablemente que dicha objeción se considere como superada”*.

Respecto a dicho argumento debe mencionarse que el capítulo reivindicatorio modificado no incluye kits.

Así mismo, el solicitante afirma que *“Difiero respetuosamente de la opinión del examinador, puesto que limitar el método a un plásmido específico constituiría una restricción injustificada del alcance solicitado por el solicitante. En particular, una persona experta en la materia comprendería fácilmente que es posible utilizar un tipo diferente de plásmido y que el efecto técnico de producir una caña de azúcar modificada genéticamente como la reivindicada radica en la construcción genética que comprende los genes cry1Ac y bar, con las secuencias definidas en la reivindicación objetada 13.*

Sin embargo, con el fin de facilitar el trámite, se han incorporado dos limitaciones al método definido según la reivindicación 13: i) se ha limitado el plásmido, definiéndolo según la modalidad descrita en la reivindicación 9; y ii) se ha limitado el producto del método, es decir, las plantas modificadas genéticamente, a las plantas que comprenden la SEQ ID 5 o 22.

Respecto a tal observación, el solicitante resalta que la reivindicación 14 objetada ha sido eliminada del Capítulo Reivindicatorio Modificado, sin perjuicio ni descargo de responsabilidad. Por lo tanto, solicito amablemente que dicha objeción se considere como superada.

En vista de todo lo anterior, considero que el capítulo reivindicatorio modificado adjunto al presente memorial cumple con todos los requisitos de claridad, concisión y soporte en la descripción, ajustándose así a los lineamientos del Artículo 30 de la Decisión 486”.

En respuesta a dichos argumentos, se reitera que el método de obtención de la planta transgénica debería comprender la SEQ ID NO de la construcción con la SEQ ID NO de los elementos que hacen parte de él. Esto teniendo en cuenta que la materia reivindicada debe tener sustento en la descripción, y que no únicamente a los genes puesto que lo que se introduce es un constructo completo para obtener el evento transgénico en mención.

Se aclara que las características divulgadas en la descripción y a las que hacen alusión dichos argumentos si son esenciales para los constructos, así como los transgenes que se incluyen en la planta modificada. Por tanto, cuando las reivindicaciones hacen alusión a una molécula de ácido nucleico no es claro a qué se refieren, ni cuando hacen alusión a cebadores que se unen en regiones flanqueantes y no al constructo como tal, además, no mencionan tampoco las SEQ ID NO de dichos cebadores. Debería indicarse de manera inequívoca la SEQ ID NO de los cebadores, sondas, el constructo con el que se obtiene la planta transgénica, el transgén, la secuencia que se confirma por amplificación con PCR, pero, además, debería indicarse cuál es el transgén y los componentes del constructo.

Además, el capítulo reivindicatorio hace alusión a cebadores y sondas que no están sustentados en la descripción o a secuencias mayores de 1000 pb que se reclaman como cebadores.

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

De acuerdo con lo expuesto anteriormente, no es posible superar las objeciones porque el capítulo reivindicatorio no cumple con los requisitos de claridad, concisión y sustento del artículo 30 de la Decisión 486.

Argumentos frente a las objeciones por falta de claridad y suficiencia de la descripción

El solicitante menciona que *“Teniendo en cuenta las modificaciones introducidas al Capítulo Reivindicatorio, es posible establecer que la solicitud se presenta de forma más clara y concisa. Asimismo, el alcance de las nuevas reivindicaciones cuenta con pleno soporte y ha pasado a ser acorde con lo divulgado en la Descripción. Adicionalmente, deseo aclarar lo siguiente: (...)”*

Frente a tales observaciones, llamo la atención del examinador al Numeral I, en donde se ha limitado considerablemente la materia reclamada, y se han definido las secuencias tal y como lo sugirió el examinador. Por lo tanto, es posible afirmar que el alcance de las nuevas reivindicaciones cuenta con pleno soporte en lo divulgado en la descripción. Adicionalmente, difiero respetuosamente del examinador cuando afirma que las SEQ ID Nos 18 y 19 no están claramente definidas, puesto que en el listado de secuencias se establece claramente que estas secuencias corresponden a secuencias de unión entre la región 5' y 3', respectivamente, del inserto y el genoma de la caña de azúcar del evento CTC09187-6.

Sin embargo, llamo la atención del examinador al Numeral I, en donde se ha limitado considerablemente la materia reclamada, y se han eliminado las referencias a las secuencias que el examinador consideraba poco claras.

De acuerdo con los anteriores comentarios, me permito entonces manifestar que la descripción de la presente solicitud describe de manera clara y suficiente la invención, cumpliendo así con las disposiciones del Artículo 28 de la Decisión 486 de 2000. Por lo tanto, solicito a ese Despacho se retire cualquier objeción por falta de claridad y sustento al respecto.

Adicional a lo previamente argumentado, el Solicitante desea realizar unas aclaraciones en relación con la invención definida en la presente solicitud. Considerando únicamente lo divulgado en solicitud tal como fue originalmente presentada, se incluye a continuación una representación gráfica de la invención y de sus componentes, en particular sobre los partidores, sondas y secuencias que forman parte integral de la misma. Todos estos elementos cuentan con pleno respaldo en el contenido de la solicitud originalmente presentada.

En particular, el Solicitante presenta una explicación detallada de la invención con el propósito de facilitar al Examinador la comprensión del alcance y finalidad de las secuencias reivindicadas que forman parte de la invención, conforme a lo descrito en los ejemplos incluidos en capítulo de la descripción de la solicitud, como se expondrá a continuación: (...)”

divulgado en solicitud tal como fue originalmente presentada, se incluye a continuación una representación gráfica de la invención y de sus componentes, en particular sobre los partidores, sondas y secuencias que forman parte integral de la misma. Todos estos elementos cuentan con pleno respaldo en el contenido de la solicitud originalmente presentada.

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

En particular, el Solicitante presenta una explicación detallada de la invención con el propósito de facilitar al Examinador la comprensión del alcance y finalidad de las secuencias reivindicadas que forman parte de la invención, conforme a lo descrito en los ejemplos incluidos en capítulo de la descripción de la solicitud, como se expone a continuación.”.

Al respecto se aclara que, el capítulo descriptivo no cumple con los requisitos del artículo 28 de la Decisión 486 como se observa en el numeral 4.2 del presente Oficio. Por tanto, la descripción no es clara ni suficiente porque hace referencia a una molécula de ácido nucleico de SEQ ID NO: 29 o 30, donde para aclarar el solicitante indica que no se tratan de cebadores, pero tampoco codifican para la proteína que se desea que la planta transgénica exprese. Además, no es claro a qué hacen alusión dichas moléculas de ácido nucleico, incluso si se espera que este sea el producto de amplificación para la detección del transgén en la planta, tampoco es posible porque este tiene 26 nucleótidos y las SEQ ID propuestas como cebadores como es el caso de SEQ ID NO: 6 a 9 con una longitud de 20 nucleótidos no son complementarias con dichas secuencias, además en la tabla 03 de la descripción se indica que el amplicón tiene un tamaño de 62, 69 o 79 pb, por tanto, las SEQ ID NOs. 18 y 19 no pueden ser ni amplicones, ni secuencias blanco, ni cebadores, igual con las SEQ ID NOs: 29 y 30. De esta forma, una persona capacitada tendría una carga excesiva para poder llegar a las moléculas de ácido nucleico reclamadas o al transgén que se inserta en la planta y que después se detecta.

Ahora, en contraste con lo argumentado por el solicitante, las reivindicaciones que hacen alusión a las SEQ ID NO: 18, 19, 29 y 30 no son claras como se indicó previamente en este Oficio ni es claro a qué corresponden. Además, llama la atención de esta Oficina que las secuencias 18 y 19 no tengan una identidad alta (al menos en parte de su secuencia) con secuencias derivadas de *Saccharum* spp., por lo cual no es claro porqué el solicitante argumenta que dichas secuencias comprenden parte del inserto y parte de ADN genómico de la planta, correspondiente al sitio de inserción. De manera que con esas secuencias no es posible ni identificar de forma inequívoca el evento ni tampoco reproducir la invención.

En cuanto al método, la descripción no es clara ni suficiente porque no se evidencian construcciones de SEQ ID NO: 22, tampoco es claro cuál es la SEQ ID NO del transgén, ni cuál es el amplicón obtenido para la detección, ni se evidencia que las SEQ ID NO: 6 a 9 correspondan a cebadores o que las SEQ ID NOs: 10 u 11 correspondan a sondas. De esta forma, una persona capacitada no tendría las herramientas suficientes para llegar al constructo que se reclama, ni al método reclamado para obtener una planta transgénica que expresa el transgén reclamado.

Tampoco es suficiente la descripción porque ninguna de las SEQ ID NO: 23, 24, 30 o 31 corresponden a cebadores, como se había mencionado previamente. Por tanto, el capítulo descriptivo no permite conocer cuáles son los cebadores que se diseñan contra la SEQ ID NOs: 22 o 29, tampoco es posible considerar cualquier pareja de cebadores, dado que la SEQ ID NO: 22 tiene una longitud de más de 10000 pb, esto daría lugar a un sinnúmero de cebadores que no son explorados por el solicitante. De esta forma, tampoco habría suficiencia para el método de detección del transgén y, por tanto, una persona capacitada en la materia tendría una carga excesiva tras ensayo y error para llegar a los cebadores reclamados y al amplicón que confirma la presencia del transgén en la planta.

Así mismo, la descripción no es suficiente porque menciona que el amplicón tiene la SEQ ID NO: 12 o 13, pero dicho amplicón no es el mismo para la SEQ ID NO: 22 o para la SEQ ID NO: 29 de acuerdo con el alineamiento 3, dado que, las SEQ ID NOs: 12 y 13

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

tienen 100% de identidad con la SEQ ID NO: 22 pero con la SEQ ID NO: 29 la identidad es únicamente del 50.52 % y 44.19%, por lo tanto, estos no son amplicones de dicha secuencia (alineamiento 13). Así mismo, no es posible determinar cuáles son los cebadores para realizar dicha amplificación porque las SEQ ID NO: 6, 7, 8 y 9 no se unen en pareja a la SEQ ID NO: 22, dado que, la SEQ ID NO: 7 solo tiene una identidad del 25% y la SEQ ID NO: 9 solo tiene una entidad del 37.50% con dicha secuencia, respectivamente (alineamiento 13). Por su parte, las SEQ ID NOs: 7 a 9 no se unen a la SEQ ID NO: 12, y las SEQ ID NOs: 6, 7 y 9 no se unen a la SEQ ID NO: 13 (alineamiento 13), por lo que, no es claro cuáles son los cebadores que permiten dicha amplificación. La SEQ ID NO: 18 está comprendida dentro de las SEQ ID NOs: 22 y 13 y la SEQ ID NO: 19 está comprendida dentro de las SEQ ID NOs: 12 y 22, por tanto, no es claro a qué corresponden dichos polinucleótidos (alineamiento 13). Por tanto, una persona capacitada en la materia no tendría las herramientas para llegar al método de detección reclamado en la solicitud.

En conclusión, las objeciones a la descripción no pueden ser superadas por los argumentos expuestos por el solicitante.

Argumentos frente las objeciones por falta de unidad de invención

El solicitante afirma que *“El examinador afirma que la solicitud carece de unidad de invención debido a que supuestamente reclama más de un grupo inventivo sin la presencia de características o elementos técnicos nuevos e inventivos que sean comunes a todas las invenciones, e identifica los siguientes grupos: (...)”*

Respecto a tales afirmaciones, respetuosamente difiero del examinador puesto que las reivindicaciones se refieren a un mismo concepto inventivo. En este caso, y teniendo en cuenta el capítulo reivindicatorio modificado presentado con esta respuesta, el alcance de las reivindicaciones modificadas se refiere a un único concepto inventivo, que se centra en la generación de un evento transgénico mediante el uso de una construcción genética diseñada para expresar los genes cry1ac y bar, así como un método para identificar dicho evento transgénico.

Por lo argumentado anteriormente, solicito respetuosamente que se retire la objeción al respecto, ya que el objeto definido en las reivindicaciones modificadas adjuntas a este memorial cumple plenamente con las disposiciones del Artículo 25 de la Decisión 486”.

Se aclara que el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2025/0014680 presentado el 23 de octubre de 2025 tiene un único concepto inventivo, por lo cual, esta Oficina ha decidido retirar las objeciones al respecto. Sin embargo, se ha trasladado a la falta de concisión a las objeciones por artículo 30 como se explicó previamente.

Argumentos frente a la falta de nivel inventivo de la materia reclamada

El solicitante argumenta que *“Sobre estas objeciones, también difiero respetuosamente toda vez que las enseñanzas del arte previo no permiten derivar de manera evidente todas y cada una de las características técnicas esenciales de la invención, tal como se define en el Capítulo Reivindicatorio Modificado que se presenta junto con este memorial.*

En primer lugar, el examinador afirma que las SEQ ID NO: 5 y 22 son anticipadas por D2 debido a que comparten un 77,48 % y un 63,48 % de identidad de secuencia, respectivamente, con la SEQ ID NO: 13 de D2.

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Respetuosamente difiero sobre tal afirmación porque la SEQ ID NO: 13 de D2 corresponde a la secuencia de un plásmido producido en este arte previo. En particular, D2 menciona: (...)

En contraste, las SEQ ID Nos: 5 y 22 de la presente solicitud corresponden a las “Secuencias flanqueantes y fragmento de ADN-T del Evento CTC91087-6”, tal y como se define en la Lista de secuencias. Esta distinción es relevante porque las secuencias reivindicadas, SEQ ID Nos: 5 y 22, no representan una secuencia completa del plásmido, sino más bien las regiones específicas flanqueantes y de ADN-T de un evento de transformación, que proporcionan una huella molecular única e identificable del evento.

Tal como se explicó en el numeral 2.3 de esta respuesta, la SEQ ID NO 5 comprende secuencias flanqueantes, que caracterizan el sitio de inserción. En otras palabras, dado que SEQ ID NO 5 comprende secuencias del genoma de la caña de azúcar (secuencias flanqueantes), incluso si un experto en la materia utiliza el plásmido de D2 para expresar la proteína D5 Cry1Ac, no logrará el objetivo de la reivindicación 1, ya que esta secuencia incluye el sitio de inserción específico del evento transgénico de la presente invención. Las SEQ ID N.º 5 y 22 de la presente solicitud representan secuencias que ya están integradas en el genoma de la caña de azúcar (véase la figura siguiente) y están diseñadas específicamente para permitir la detección del evento de transformación, tal y como se reivindica.

Por lo tanto, la presente invención según la reivindicación 1 no puede ser obvia, ya que el arte previo D2 no provee enseñanzas sobre cómo obtener el mismo evento transgénico y, en consecuencia, el mismo método de detección que se reivindica.

Por el contrario, la SEQ ID NO 13 de D2 es un plásmido con un casete de expresión descrito de la siguiente manera: (...)

Sin embargo, incluso si estas secuencias se compararan con el fin de evaluar la actividad inventiva, los porcentajes de identidad de secuencia del 77,48 % y el 63,48 % citados por el examinador representan niveles relativamente bajos de similitud y no pueden respaldar razonablemente una falta de actividad inventiva. Sobre este aspecto, es importante destacar que una persona experta en la materia comprendería fácilmente que dichos niveles de similitud no indican que las secuencias codifiquen el mismo gen, y que mucho menos, correspondan a secuencias estadísticamente similares. En biología molecular, los genes que codifican la misma proteína suelen compartir más del 95 % de identidad nucleotídica, y solo difieren en unos pocos polimorfismos de un solo nucleótido.

Por consiguiente, es posible afirmar que D2 no enseña ni sugiere la combinación específica de bar y cry1Ac en la caña de azúcar que se reivindica en la presente solicitud. Adicionalmente, el evento transgénico obtenido por el método de la presente solicitud expresa los genes Cry1Ac y bar, que están regulados por el promotor del gen de ubiquitina del maíz UBI-1 (párrafos [177] y [194] del capítulo descriptivo 12). Esto significa que una persona experta en la materia tendría que realizar múltiples modificaciones para llegar a la secuencia SEQ ID NO: 5 (secuencia flanqueante y ADN-T) y SEQ ID NO: 1 (genes Cry1Ac y bar), por lo que no es obvio cómo llegar a tal conocimiento.

Además, el propósito de insertar el gen bar en el evento de la presente invención era la selección de células transformadas con el gen Cry1Ac. En particular, se eligió este gen porque el herbicida glufosinato de amonio no se utiliza para el control de malas hierbas en los cultivos de caña de azúcar y no puede utilizarse en la gestión del evento de la invención en condiciones de campo. Por lo tanto, se trata de una característica importante que la técnica anterior no tiene en cuenta.

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

Sin embargo, al igual que en D2, la presente solicitud divulga secuencias de los genes bar y cry1Ac que son diferentes de las de D5, tal y como reconoce el propio análisis de identidad de secuencias del examinador. Concretamente, el examinador reporta una similitud de identidad de solo el 87,18 % entre la secuencia KF630361.1 y la SEQ ID NO: 5 de la presente solicitud, y la misma baja identidad entre KF630361.1 y SEQ ID NO: 22. Estos bajos niveles de identidad demuestran claramente que las secuencias de los genes divulgadas en la presente solicitud son distintas de las de D5.

Por consiguiente, no existe ninguna enseñanza o motivación clara que lleve a un experto en la materia a combinar las divulgaciones de D2 y D5 de tal manera que se llegue, de forma obvia, a las secuencias polinucleotídicas específicas reivindicadas en la presente solicitud y a los métodos que permiten su detección.

En consecuencia, considero que las reivindicaciones 1 a 8 del capítulo reivindicatorio modificado adjunto al presente memorial son inventivas a la luz de lo divulgado en los documentos D2 y D5, ya que la persona normalmente versada en la materia no habría estado motivada a usar las enseñanzas de dicho documento para llegar al método reivindicado, ajustándose así a los lineamientos del Artículo 18 de la Decisión 486 (...)

Sobre estas objeciones, también difiero respetuosamente toda vez que las enseñanzas del arte previo no permiten derivar de manera evidente todas y cada una de las características técnicas esenciales de la invención, tal como se define en el Capítulo Reivindicatorio Modificado que se presenta junto con este memorial.

De manera similar a lo discutido en el numeral 5.1 referente al nivel inventivo de la reivindicación 1, no es obvio para una persona versada en la materia utilizar lo divulgado en D1 y D2, ya que el arte previo no proporciona las secuencias que se proporcionan en la presente solicitud.

Además, contrariamente a lo alegado por el examinador, el evento transgénico CTC91087- 6, que comprende SEQ ID NO: 1, proporciona una ventaja técnica clara y demostrable, tal y como se describe en la descripción, en particular en el ejemplo 5.

Esto constituye una prueba clara de que el evento CTC91087-6, producido por el método reivindicado y que comprende la secuencia objetada, que se refiere a la construcción con los genes CryAc1 y bar, reduce significativamente la infestación por D. saccharalis. Tal resultado representa un efecto técnico y un resultado ventajoso directamente atribuible a a combinación específica de pasos descritos en el método reivindicado, lo que respalda la presencia de una actividad inventiva (...)

Respetuosamente, considero las conclusiones del examinador sobre la falta de inventiva se basan enteramente en un enfoque retrospectivo, ya que simplemente intenta encontrar las características esenciales de las moléculas reivindicadas en partes dispersas del estado de la técnica. Por lo tanto, no hay ninguna indicación ni motivación real en el estado de la técnica para proporcionar la estructura específica de la construcción genética con sus respectivas secuencias y métodos reivindicados. Por lo tanto, D1 y D2, por separado o en combinación, no enseñan ni sugieren la estructura particular de las moléculas reivindicadas o sus secuencias, por lo que se requiere una actividad inventiva.

Finalmente, cabe destacar que la generación de eventos transgénicos en caña de azúcar implica numerosos desafíos técnicos, por lo que la obtención de dichos eventos no podría considerarse evidente para un experto en la materia.

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

La caña de azúcar, a diferencia de cereales comerciales como el maíz, el arroz y el trigo, presenta importantes desafíos para la propagación mediante cultivo de tejidos, incluyendo bajas tasas de inducción y regeneración de callos embriogénicos y la imposibilidad de utilizar embriones cigóticos como tejido diana para la transformación genética. Con frecuencia se observa una baja eficiencia de transformación y una alta variabilidad genotípica, y aún existen numerosos obstáculos por superar para incorporar con éxito características agronómicas deseables en la caña de azúcar mediante ingeniería genética.

Además, actualmente no existen protocolos estandarizados que garanticen la producción de eventos transgénicos de caña de azúcar, o cualquier otro material vegetal.

La complejidad genotípica de la especie también impacta significativamente la caracterización de los eventos generados para asegurar las características necesarias para su comercialización. La identificación inequívoca de eventos transgénicos es fundamental para asegurar su trazabilidad y monitoreo, requisito regulatorio para su comercialización.

La alta poliploidía del genoma de la caña de azúcar y el elevado número de regiones repetidas, junto con la falta de información sobre su organización y estructura, dificultan aún más la caracterización de los eventos transgénicos generados.

Por lo tanto, los métodos y polinucleótidos descritos en la presente invención no podrían derivarse de manera evidente a partir del estado de la técnica.

En consecuencia, considero que las reivindicaciones 9 a 11 del capítulo reivindicatorio modificado adjunto al presente memorial son inventivas a la luz de lo divulgado en los documentos D1 y D2, ya que la persona normalmente versada en la materia no habría estado motivada a usar las enseñanzas de dicho documento para llegar al constructo reivindicado, ajustándose así a los lineamientos del Artículo 18 de la Decisión 486”.

Al respecto de los argumentos del solicitante, se debe mencionar que el capítulo reivindicatorio del escrito radicado bajo número NC2025/0014680 presentado el 23 de octubre de 2025 carece de nivel inventivo frente a los documentos D1 a D5 como se presentó en el numeral 6.1 del presente Oficio.

Cabe resaltar y reiterar que no es posible atribuir un efecto técnico a las moléculas de ácido nucleico de las SEQ ID NOs: 22 y 5, puesto que, como ya se indicó previamente, corresponden a resultados a alcanzar que deberían ocurrir cuando se tiene una planta que es positiva por comprender un evento transgénico, por tanto, no corresponden a moléculas que el solicitante desarrolle e introduzca en la planta. En contraste las SEQ ID NOs: 22 y 5 de la solicitud constituyen secuencias blanco que se usan en el método de detección y en la etapa de selección de plantas en el método de obtención de plantas transgénicas. Y tampoco si quisiera ser más específico, puesto que el blanco específico sería la SEQ ID NO de secuencia del borde derecho e izquierdo del evento transgénico incluyendo secuencias adyacentes que corresponden a la región del genoma de la planta. Adicionalmente, los métodos reivindicados no están definidos por todas sus características y condiciones técnicas esenciales para cada una de sus etapas, por esta razón, tampoco es posible atribuir un efecto técnico a los mismos y no es posible extrapolar los efectos técnicos.

Ahora bien, el documento D2 es considerado como el estado de la técnica más cercano a la materia reclamada en la reivindicación 1, porque divulga un plásmido para la transformación de plantas de maíz de SEQ ID NO. 13 que está constituido por una

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

secuencia de nucleótidos del gen de ADN-T de SEQ ID NO: 2, donde dicha secuencia comprende un casete de expresión de resistencia a glifosato con un promotor 35S derivado de CaMV y un promotor poliubiquitina-1 de maíz (secuencia de nucleótidos SEQ ID NO. 9), el terminador es del gen 35S de CaMV (0,2 kb de longitud y secuencia de nucleótidos SEQ DNI N° 11) y la resistencia a insectos corresponde a la fusión Cry1AbPGKGGG-Cry2A, con un promotor que se deriva del promotor del gen de poliubiquitina-1 del maíz (pZmUbi-1) (ejemplo 1). Dicho plásmido de transformación de plantas obtenido se introdujo en *Agrobacterium* LBA4404 mediante un método de descarga eléctrica (2500 V) para obtener *Agrobacterium* que contenía un vector de transformación de plantas (ejemplo 1). Donde la SEQ ID NO: 13 de D2 (ejemplo 1) comprende la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 77.48% de identidad (alineamiento 1).

Por tanto, la diferencia estaría dada por que la molécula de la solicitud comprenda la SEQ ID NO: 5 que como se explicó previamente por sí misma no proporciona nivel inventivo por las razones expuestas anteriormente en este Oficio. Así, la solicitud está proporcionando una molécula de ácido nucleico alternativa lo cual ya es divulgado en D5 que se refiere a un plásmido (pUBCG0229) el cual comprende una versión sintética de un gen *cry1Ac* de 1840 pb que tiene como accesoión del GENBANK KF630361.1 y un gen *bar* el cual se usa para obtener plantas transgénicas de caña de azúcar mediante un método de bombardeo (Pág. 3, sección - Soil and Plant Material). Donde la accesoión KF630361.1 está comprendida en la SEQ ID NO: 5 de la solicitud con un 87,18% de identidad (alineamiento 3).

De otra parte, el documento más cercano la materia reclamada en la reivindicación 3 es D4 porque divulga un método para producir una planta resistente a áfidos, dado que, se ha introducido una secuencia de polinucleótido que codifica para una proteína Cry1A en su genoma (Reivs. 19 y 20). Donde la construcción genética comprende el gen *cry1AC* de SEQ ID NO: 8 (secciones, - 2. Construction of a recombinant expression vector containing the Cry1A gene y 3. Recombinant expression vector transforming *Agrobacterium* y sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants). Donde la SEQ ID NO: 8 de D4 tiene un 87.39% de identidad con la SEQ ID NO: 20 de la solicitud (alineamiento 10). Por tanto, pese a que D4 no se refiere a la misma resistencia, si motiva a incluir secuencias alternativas de *cry1AC* en plantas de caña de azúcar para hacerlas resistentes a plagas.

D1 es el documento más cercano a la reivindicación 9 ya que divulga un constructo que comprende un gen que codifica una proteína CRY1AC la cual está bajo un promotor 35s y que está comprendido en un vector el cual es transformado por bombardeo en células embrionarias derivadas de segmentos transversales de hojas jóvenes enrolladas con meristemo apical (Págs. 2 y 3, secciones - Vector construction y Transformation and screening).

En tanto que, el documento más cercano a la reivindicación 11 es D1 ya que divulga un método para obtener una planta transgénica de caña de azúcar que expresa una proteína CRY1AC la cual comprende realizar una construcción genética que comprende la secuencia del gen *cry1AC* bajo un promotor 35S y un terminador nos. Además, de seleccionar callos embrionarios del cultivar de caña de azúcar FN15 que se derivaran de segmentos transversales de la región del enrollamiento de la hoja joven con el meristemo apical y son cortados en 1 a 2 mm en discos gruesos y cultivados en medio MS que contiene 3,0 mg/l de ácido diclorofenoxiacético (2,4-D) en la oscuridad durante 2 a 4 semanas (Pág. 3, sección - Transformation and screening). La transformación de los callos se realiza por bombardeo de tal forma que el plásmido construido (pGcry1Ac0229) se recubre con partículas de tungsteno antes del bombardeo y aproximadamente 1,0 µg de ADN se utiliza para cada bombardeo. (Pág. 3, sección - Transformation and

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

screening). (Pág. 3, sección - Transformation and screening). Para cribar se utiliza PCR punto final y PCR tiempo real para detectar un transgén en una planta de caña de azúcar transgénica que expresa una proteína CRY1AC, donde los cebadores van dirigidos a la región del gen cry1AC (Bt) con un cebador directo de secuencia GAAGGTTTGAGCAATCTCTAC y un cebador de secuencia reversa CGATCAGCCTAGTAAGGTCGT o a un gen bar que se incluye en el constructo con un cebador directo de secuencia ACAAGCACGGTCAACTTC o un cebador reverso de secuencia ACTCGGCCGTCCAGTCGTA (tabla 1). Donde las plantas transgénicas obtenidas con números de copias medianos eran similares a la línea parental no transgénica y tenían relativamente iguales o menores rendimiento de sacarosa y una resistencia significativamente mejorada al barrenador de la caña de azúcar, lo que redujo la susceptibilidad al daño ocasionado por los insectos (Abstract).

Ahora bien, aunque las secuencias de los documentos mencionados no tengan un 100% de identidad con las secuencias de la solicitud, si debe tenerse en cuenta que los documentos exponen enseñanzas que permiten identificar la falta de nivel inventivo de las moléculas de ácido nucleico y de los métodos de la solicitud.

Así las cosas, la materia reivindicada carece de nivel inventivo frente a las enseñanzas de las combinaciones de documentos D2/D5, D1/D3 o D1/D4, la materia reclamada en la solicitud carece de nivel inventivo. En cuanto a los argumentos del solicitante refiriéndose a que las secuencias que marcan la diferencia no son divulgadas en dichos documentos, debe aclararse que no es posible reconocer un efecto técnico a dichas secuencias de polinucleótidos, constructo, cebadores y sondas, porque las que se encuentran reclamadas en las reivindicaciones no se observan a lo largo del desarrollo de los ejemplos en la descripción y por tanto no está probado su efecto. Tampoco se evidencia en el capítulo descriptivo los genes que se introducen en la planta ni que los constructos tengan los elementos mencionados por el solicitante en sus argumentos.

Finalmente, el objeto de la solicitud es la necesidad de desarrollar estrategias para mitigar el daño causado a los cultivos de caña de azúcar por la infestación de plagas, especialmente por la infestación por la plaga del barrenador de la caña de azúcar. Pero este problema ya es resuelto en D1, siendo la diferencia las secuencias que se introducen y las secuencias de cebadores y sondas que se usan para su detección, donde los documentos D2 a D4 motivarían a una persona normalmente capacitada a incluir secuencias alternas, llegando a la materia reclamada en la solicitud.

Ahora bien, mientras la materia reclamada no se encuentre adecuadamente definida por sus características técnicas esenciales completas no podrá reconocerse un efecto técnico asociado. Además, de acuerdo lo expuesto anteriormente, esta Oficina ha decidido realizar la proyección de un nuevo artículo 45.

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.

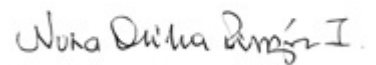
Si como respuesta a este requerimiento, el solicitante modifica el capítulo reivindicatorio, deberá observar las instrucciones contenidas en el numeral 1.2.2.1.1., del Capítulo Primero del Título X de la Circular Única de esta Superintendencia. De igual forma, deberá tener presente que de conformidad 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

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

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.



Nubia Milena Pinzon Ibañez
DIRECTORA DE NUEVAS CREACIONES (E)

Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

INFORME DE BÚSQUEDA
EXAMEN DE PATENTABILIDAD

Solicitud No.		Examen de patentabilidad							
NC2021/0017527		1°		2°		3°		4°	X
Solicitud Internacional No.		Fecha solicitud internacional: (DD/MM/AÑO)							
PCT/BR2020/050201		04/06/2020							
Fecha de determinación estado de la técnica (DD/MM/AÑO)				Prioridad		Presentación			
04/06/2019				X					
Solicitante									
CTC - CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA S.A.									
Reivindicaciones que no son objeto de búsqueda por:									
Art. 14	-	Art. 15	-	Art. 20	-	Art. 25 (Falta de unidad de invención)		-	
CRITERIOS DE BÚSQUEDA									
Reivindicaciones objeto de búsqueda				1 a 11					
Palabras clave utilizadas				Sugarcane plant, transgenic, stem borers, cry1AC gene, bar gene, pesticide, pest, sugarcane borer, CRY1AC protein, <i>Bacillus thuringensis</i> , construct, plasmid, amplicon, PCR, primers, forward, reverse, real time PCR, <i>Diatraea saccharalis</i> , SEQ ID NO: 1, 6 a 13, 14, 20 a 24, 30 y 31, 62 a 65.					
Clasificaciones utilizadas para la búsqueda				CIP: C12N 15/11, C12N 15/113, C12N 15/32, C12N 15/63, C12N 15/82, C12N 5/10, A01H 5/00, A01H 5/10					
DOCUMENTOS CONSIDERADOS RELEVANTES (Documentos patente, Literatura no patente (LNP): Artículos, catálogos, etc.)									
Informes de búsqueda / Bases de datos consultadas	N° de solicitud de patente / N° de patente / Autor LNP(1)	Fecha de Publicación /Presentación (DD/MM/AAAA)	Reivindicaciones /Secuencias afectadas	Citas relevantes del estado de la técnica			Categoría del documento citado(2)		
SIPI	06030128	27/03/2006	-	-			A		
	NC2016/0002017	20/09/2016	-	-			A		
	NC2017/0011168	30/10/2017	-	-			A		
	08125763	26/11/2008	-	-			A		
	12119353	16/0772012	-	-			A		
	97069522	27/11/1997	-	-			A		
	NC2022/0014793	21/10/2022	-	-			T		
STN	-	-	-	-			-		
ORBIT	CN104920318	24/11/2017	-	-			A		
	CN101113977	18/08/2010	-	-			A		
	US20130042374	14/02/2013	-	-			A		
	CN102250923	16/10/2013	-	-			A		
THE LENS	WO2016188332	01/12/2016	1, 2, 9 y 10	Abstract, Ejemplo 1			Y		
	WO2016101683	30/06/2016	11	Abstract, secciones, - 2. Construction of a recombinant expression vector containing the Cry1A gene y 3. Recombinant expression vector transforming Agrobacterium y sección - 3. Obtaining genetically modified sugarcane plants			Y		
	US20020144305	27/02/2001	-	-			A		
	US20030126634	02/07/2004	-	-			A		



Oficio N° 23235 de 29 de diciembre de 2025

Ref. Expediente N° NC2021/0017527

“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.	“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: (12/12/2025)	

