

# ESTUDIO DEL PROCESO DE APROPIACIÓN POR PATENTES DE LA TECNOLOGÍA DE TRANSGÉNESIS VEGETAL EN ARGENTINA.

Una visión desde las reivindicaciones.

*Lic. Ana Luisa  
Montanari*

*Director:  
Dr. Fernando Ardila*

*Co- Directora:  
Dra. Valentina Delich*



**FLACSO**  
ARGENTINA



**FACULTAD LATINOAMERICANA DE CIENCIAS SOCIALES**

**FLACSO**

**MAESTRÍA EN PROPIEDAD INTELECTUAL**

**ESTUDIO DEL PROCESO DE APROPIACIÓN POR PATENTES DE LA  
TECNOLOGÍA DE TRANSGÉNESIS VEGETAL EN ARGENTINA.**

**UNA VISIÓN DESDE LAS REIVINDICACIONES.**

**Maestrando: Lic. Ana Luisa Montanari**

**Tesis de Maestría**

**Director: Dr. Fernando Ardila**

**Co-Directora: Dra. Valentina Delich**

**Castelar, 3 de julio de 2014**



*Dedicada a mis hijos Sebastián y Sofía.*



# Índice

<b>ÍNDICE.....</b>	<b>7</b>
<b>AGRADECIMIENTOS .....</b>	<b>9</b>
<b>ABREVIATURAS .....</b>	<b>13</b>
<b>RESUMEN .....</b>	<b>15</b>
<b>INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>16</b>
<b>CAPÍTULO 1.....</b>	<b>21</b>
MATERIALES Y MÉTODOS .....	21
<i>Introducción.....</i>	<i>21</i>
1.1. <i>Materiales.....</i>	<i>21</i>
1.2. <i>Métodos.....</i>	<i>23</i>
1.3. <i>Contexto de los documentos de patentes que integran la Base de datos .....</i>	<i>27</i>
<b>CAPÍTULO 2.....</b>	<b>37</b>
APROPIABILIDAD. CONCEPTO Y CARACTERÍSTICAS .....	37
<i>Introducción.....</i>	<i>37</i>
2.1. <i>Fundamentos económicos de las patentes .....</i>	<i>37</i>
2.2. <i>Apropiabilidad.....</i>	<i>40</i>
2.2.1. <i>Conocimiento como bien económico .....</i>	<i>40</i>
2.2.2. <i>Concepto de apropiabilidad.....</i>	<i>42</i>
2.3. <i>Mecanismos de apropiabilidad .....</i>	<i>43</i>
2.4. <i>Recopilación de las estrategias de apropiación utilizadas por las firmas. Una visión desde distintos autores. ....</i>	<i>45</i>
<b>CAPÍTULO 3.....</b>	<b>55</b>
LEY 111 VIS A VIS LA LEY 24.481.....	55
<i>Introducción.....</i>	<i>55</i>
3.1. <i>Ley de patentes de invención N° 111 .....</i>	<i>55</i>
3.1.1. <i>Invencción y descubrimiento .....</i>	<i>56</i>
3.1.2. <i>Caracteres de un invento patentable .....</i>	<i>59</i>
3.1.3. <i>Reivindicaciones .....</i>	<i>64</i>
3.2. <i>Implicancias y alcances del ADPIC .....</i>	<i>68</i>
3.2.1. <i>El GATT, la OMC y el ADPIC.....</i>	<i>68</i>
3.2.2. <i>Derecho de patentes en ADPIC.....</i>	<i>70</i>
3.3. <i>Ley de patentes de Argentina N° 24.481 .....</i>	<i>73</i>
3.3.1. <i>Invencción y descubrimiento .....</i>	<i>74</i>
3.3.2. <i>Características de un invento patentable .....</i>	<i>80</i>
3.3.2.1. <i>Artículo 4 LP: Requisitos de patentabilidad .....</i>	<i>80</i>
3.3.2.1.1. <i>Novedad.....</i>	<i>82</i>
3.3.2.1.2. <i>Actividad inventiva .....</i>	<i>84</i>
3.3.2.1.3. <i>Aplicación industrial.....</i>	<i>88</i>
3.3.2.2. <i>Exclusiones de la patentabilidad .....</i>	<i>91</i>
3.3.2.2.1. <i>Artículo 6: No son invenciones.....</i>	<i>91</i>
3.3.2.2.2. <i>Artículo 7: Invenciones no patentables.....</i>	<i>95</i>
3.3.3. <i>Reivindicaciones .....</i>	<i>101</i>
<b>CAPÍTULO 4.....</b>	<b>111</b>

ANÁLISIS DE ALGUNOS ASPECTOS DE LAS REIVINDICACIONES Y SOLICITUDES: PUNTUALIZANDO SU PROCESO DE CAMBIO EN EL CONTEXTO NORMATIVO.....	111
<i>Introducción</i> .....	111
4.1. <i>Los cambios en la tramitación en la ley anterior y la vigente de patentes.</i> .....	111
4.2. <i>Dinámica de los actores</i> .....	117
4.4. <i>De patentes de método a patentes de producto</i> .....	125
<b>CONCLUSIÓN</b> .....	<b>132</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA</b> .....	<b>141</b>
FALLOS/ SENTENCIAS .....	157
NORMAS NACIONALES E INTERNACIONALES .....	157
<b>ANEXO 1</b> .....	<b>159</b>
BOLETÍN DE LA BASE DE DATOS: TRANSGÉNESIS VEGETAL .....	159
<i>Grupo 1: Metodologías e insumos generales para la transformación genética de plantas</i> .....	159
1.1.0. Métodos de transformación vía <i>Agrobacterium tumefaciens</i> .....	159
1.1.1. Métodos de transformación directa.....	161
1.1.2. Métodos de transformación plastidial.....	162
1.1.3. Métodos varios para transformación .....	164
1.2.0. Promotores.....	166
1.2.1. Reguladores de la Expresión, varios .....	172
1.3.0. Marcadores de selección y visualizables .....	176
<i>Grupo 2: Resistencia a plagas y patógenos de plantas</i> .....	177
2.0.0. Genéricos.....	177
2.1.0. Resistencia a insectos .....	182
2.2.0. Resistencia a hongos.....	192
2.3.0. Resistencia a bacterias.....	196
2.4.0. Resistencia a nematodos .....	196
2.5.0. Resistencia a virus.....	198
<i>Grupo 3: Resistencia a herbicidas</i> .....	199
3.0.0. Genérico .....	199
3.1.0. Resistencia a Glifosato .....	201
3.2.0. Resistencia a imidazolinona.....	205
3.3.0. Resistencia a herbicidas varios .....	206
<i>Grupo 4: Calidad en plantas</i> .....	210
4.0.0. Genérico .....	210
4.1.0. Aminoácidos y proteínas de reserva.....	215
4.2.0. Ácidos grasos y aceites .....	223
4.3.0. Oligo y polisacáridos .....	231
4.3.1. Modificación del almidón .....	237
4.4.0. Resistencia a estrés biótico y abiótico .....	240
4.4.1. Resistencia a estrés ambiental .....	243
4.5.0. Rendimiento .....	245
<i>Grupo 5: Miscelaneas</i> .....	247
5.0.0. Genérico .....	247
5.1.0. Producción de macho estériles.....	251
5.2.0. Metabolismo Secundario.....	254
5.3.0. Biofábricas .....	258
<b>ANEXO 2</b> .....	<b>262</b>
TABLA 6: NÚMERO DE DOCUMENTOS DE PATENTES RESPECTO A CADA SOLICITANTE. ....	262



## **Agradecimientos**

En primer lugar mi reconocimiento al Dr. Fernando Ardila por su valioso apoyo profesional y humano.

A la Dra. Valentina Delich por su compromiso con la codirección de esta tesis. Por sus notas de color, sus comentarios y su torbellino de ideas que siempre fueron una inyección para seguir adelante.

Al Instituto de Genética del INTA Castelar por brindarme su apoyo para la ejecución de este proyecto.

A las bibliotecas del INPI, FLACSO, INTA y Congreso por todo el material aportado para esta tesis.

A Liliana Barchetta (Lili) por su amistad, sus ganas incansables de aprender y enseñar como pocos y sobre todo por su apoyo incondicional para finalizar todos los proyectos que se me propusieron.

A mis amigas y compañeras de oficina Romina Cuyeu (Rusita) y Cecilia Randazzo (Chechu) por las risas, los matecitos, las charlas de grupo de autoayuda, su constante apoyo y colaboración que facilitaron mi labor.

A Pascual Franzone por su amistad y esas interminables charlas de la vida que tanto disfrute.

A Virginia Schek (Viky) y Alberto Evans (Galenzo) por esa pila de trámites que juntos aprendimos a cargar y que tantos dolores de cabeza nos daban, pero

sobre todo por la comprensión, la amistad y esos almuerzos que de vez en cuando conseguíamos concretar.

A Gabriela Soto (Gabi) y Nicolas Ayub (Monkey) por su amistad y por trasmitirme toda su experiencia cuando no sabía cómo arrancar.

A Stella Maris Noya (Telly), Mirta del Castaño (la flaca), Mirta Quinteyro, Francisca Moreyra, Juan Requelme, Guillermo Piparola, Jorge Cayo, Daniel Bassi, Eduardo Campagno, Carlos Mazzieri, Alexis Bello, Carmen Soria, Graciela Nuñez, Graciela del Castaño, Juan Moglie, Julián Guariniello, Zulma Avila, Mariela Trazar, María Ester Miramon, Jesica Azpeitia y Claudia Vallejos que me ayudaron siempre desinteresadamente.

A Raúl Ríos y Eduardo Irigoyen que ya no están con nosotros pero siempre los recordaré.

A los chicos del INPI, Abel Ibarra, Federico Hoffmann, Gastón López, Guillermo Nieto y el Sr. Castillo por la paciencia y la simpatía con la que siempre me atendían cuando iba con la montaña de fotocopias para hacer.

A Violeta Angel por su ayuda y sobre todo su inmensa paciencia en los trámites, las cursadas de la facultad y los cambios de fechas de entregas de exámenes.

A Valetina Delich, Mariano Zukerfeld, Vanesa Lowenstein, Carlos Aggio, Dario Milesi, Roxana Blasetti, Maximiliano Marzetti, Georgina Gerdé, Ignacio Apellaniz, Jorge Kors, y demás docentes de la maestría por hacerme descubrir

un mundo totalmente desconocido para mí y de esta manera ampliar mis conocimientos y mi mente.

A Tatiana Fij, Olija Gastal, Sol Terlizzi, Lucila King, Natalia Cardozo, Zelma Duchowicz, Javier Gomez, Pedro Silva, Mónica Aguedo, Leticia Fernandez, Juan Cifuentes, Leandro Gregorio y demás compañeros de la Cohorte 2009-2010 que sin su ayuda no habría podido terminar ni el primer trabajo práctico de economía de la innovación.

No me quiero olvidar de mis compañeros de las cohortes 2010-2011 y 2011-2012 a quienes tuve el privilegio de conocer.

A mis hijos Sebastián y Sofía Faetani por comprender en esos momentos en que debía estar ausente para cursar, estudiar o investigar. Sobre todo por darme ese amor inexplicable.

A mi esposo Cesar Faetani por su amor y apoyo incondicional, comprensión y sobre todo paciencia.

A mis padres, Silvia Marquez y Enrique Montanari (Quique) por su constante apoyo en todos mis nuevos proyectos, por los consejos y el amor que siempre me brindan.

A mi hermano Juan Montanari por esas charlas cuasi filosóficas que me daban el empuje para seguir escribiendo.

A mi cuñada Saily Ramirez por compartir el amor por la ciencia.

A mi abuela Zulema Cucco (laia), que es un ejemplo de lucha, por siempre estar al pendiente de cuanto me faltaba por leer.

A mi familia política, suegros Beatriz Saviotti (Bety) y Domingo Faetani (Mingo), cuñados Patricia, Jorge y Roberto Faetani, Ana Villar Senra y Gabriel D'Emilio, a mis sobrinos Gisella, Franco, Natalia, Daiana, Germán, Lucas, Gastón, Joaquín, Exequiel y Santiago, que siempre se preguntan cuándo termino de estudiar y me dan su apoyo incondicional para continuar.

A los chicos de negocio Gabi, Mel, Eve, Lujan, Leo, Flor, Patri, Roxi y todos los que pasaron por la librería en estos años que siempre están y estuvieron cuando los necesite.

Por último, pero no menos importante, a mis amigas de la vida Soledad Garcia (Sole), María Maidana (Mari), Analía Rodriguez y Marcela Rorig por sus consejos en esas charlas que se habla en poco tiempo de todo.

Si me olvide de alguien disculpe las molestias ocasionadas...

## Abreviaturas

ADN	Ácido desoxirribonucleico.
ADPIC	Acuerdo sobre los Aspectos de los Derechos de Propiedad Intelectual relacionados con el Comercio.
AGCS	Acuerdo General sobre el Comercio de Servicios
Art.	Artículo.
CONABIA	Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria
Disp.	Disposición.
DNPI	Dirección Nacional de la Propiedad Industrial.
DPI	Derecho de Propiedad Intelectual.
EPT	Examen Preliminar Técnico.
ETF	Examen Técnico de Fondo.
EE.UU.	Estados Unidos de Norte América.
GATT	General Agreement on Tariffs and Trade
GM	Genéticamente modificado.
I+D	Investigación & Desarrollo.
INASE	Instituto Nacional de Semillas.
Inc.	Inciso.

INPI	Instituto Nacional de la Propiedad Industrial.
INTA	Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.
LP	Ley de patentes de invención nº 24.481.
OMC	Organización Mundial de Comercio.
OMPI	Organización Mundial de la Propiedad Intelectual.
PI	Propiedad Intelectual.
PD	Países desarrollados.
PED	Países en desarrollo.
RLP	Reglamento de Ley de Patentes 24.481.
TLC	Tratado de Libre Comercio.
UPOV	Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales.
WIPO	World Intellectual Property Organization.

## Resumen

La firma del ADPIC produjo, en nuestro país, la reforma de la legislación en materia de patentes. En efecto, el ADPIC establece estándares mínimos de protección y para adecuarse a ellos hubo que reformar la ley, lo cual se realizó a través de la sanción de la ley LP 24.481 en el año 1995. Estos cambios trajeron aparejados nuevos debates desde el punto de vista legal y técnico, entre ellos, la posibilidad de patentar invenciones logradas con técnicas biotecnológicas. La complejidad de estas invenciones (en parte porque incluyen varias disciplinas) y porque constantemente presentan innovaciones (incrementales muchas veces) crea un desafío a la hora de la evaluación de los requisitos de patentabilidad tanto a los examinadores como a los solicitantes de la protección.

Esta tesis busca estudiar el proceso de apropiación de la tecnología de transgénesis vegetal tras los cambios en la legislación Argentina sobre patentes. Para ello, se llevó a cabo una extensiva identificación, compilación, clasificación y análisis de documentos de patentes en los cuales se solicitan derechos en Argentina. A partir de allí, se generó una Base de datos y se realizó un análisis crítico que incluyó la comparación de la situación de las invenciones biotecnológicas bajo la ley anterior y la vigente.

El análisis crítico de esta colección permitió establecer la dinámica del proceso de adecuación de los criterios de patentabilidad, identificar ejemplos que lo ilustran, así como elaborar gráficos que ofrecen un panorama global de la

situación pre y post ADPIC, los actores involucrados, los formatos y tipos de reivindicaciones utilizadas durante la época abarcada.



## Introducción

*“Las relaciones entre Propiedad Intelectual e Innovación son de todo salvo simples” (Coriat et al, 2003).*

La frase de apertura de esta sección intenta resumir y reflejar la naturaleza compleja de la relación entre el mundo de las patentes y el de la biotecnología. En los años ´80, surgieron las denominadas patentes biotecnológicas, gracias a la posibilidad de patentar materia viva que abrió la decisión de la Corte Suprema de EE.UU. en el caso *Diamond v. Chakrabarty*<sup>1</sup>.

Años más tarde, la negociación sobre propiedad intelectual en la órbita del GATT , la firma del ADPIC y su administración en la OMC, produjo un cambio normativo que equiparó los estándares de protección mínimos para todos los miembros de la OMC, elevando los estándares de muchos países miembros. Esta temática fue ampliamente estudiada por diversos autores (Delich, 2010; O´Farrell y Bensadón, 2001; Lowenstein, 2007, Correa, 2013).

En Argentina, previo a la firma del ADPIC, regía la Ley de patentes 111, sancionada en 1864. Autores como Cabanellas (2001) opinan que esta ley no era eficaz y que no protegía las innovaciones actuales debido a factores como

---

<sup>1</sup> Chakrabarty descubrió un proceso por el cual se transfieren de forma estable cuatro plásmidos diferentes (capaces de degradar cuatro compuestos de aceites diferentes) a *Pseudomonas*, que en sí misma no tiene capacidad para degradar el petróleo. Solicito una patente que reivindicaban: el método de producción de las bacterias, un inóculo constituido por un material de transporte y las nuevas bacterias. El examinador de patentes permitió prosperar las reivindicaciones de las dos primeras categorías, pero rechazó la reivindicación de las bacterias debido a que son "productos de la naturaleza" y los seres vivos no son materia patentable. En la apelación, el Tribunal de Apelaciones de Aduanas y Patentes revocó la decisión del examinador al considerar que el estado vivo de un microorganismo no tiene ninguna trascendencia jurídica a efectos de la Ley de patentes. La Corte Suprema sostuvo que la *Pseudomonas* de Chakrabarty debía ser patentable.

la antigüedad de la legislación, los problemas a nivel administrativo y judicial que traía poner en práctica la ley y la tendencia de la jurisprudencia a invalidar las patentes. Con la negociación y firma del acuerdo, Argentina comenzó un proceso que resultó en la sanción de la ley 24.481 en el año 1995, que básicamente incorpora los estándares establecidos por el ADPIC.

Respecto a las patentes biotecnológicas, Argentina optó por una postura más restrictiva que la norteamericana a la hora de considerar el patentamiento de la materia viva. Autores como Bergel (1999), Correa (1991), Cabanellas (2001) comparten esta postura restrictiva, con distintos matices mientras otros como Witthaus (2006) y Bensadón (2007) piensan que se innovaría e invertiría más si no fuese tan restrictiva la ley, las directrices para su aplicación y sus interpretaciones.

Recordemos que las patentes constituyen un medio legal dirigido a promover el desarrollo tecnológico permitiendo a los inventores apropiarse de los resultados de sus esfuerzos inventivos “protegiéndose” de la competencia temporalmente. Sin embargo, no es el único ni el principal instrumento utilizado para promover el desarrollo tecnológico (Cabanellas, 2001).

La biotecnología, y en particular la ingeniería genética vegetal, utiliza insumos y procedimientos que hoy son protegibles a través de las patentes de invención (Echenique, 1999). Esta protección sin embargo, ha variado a través del tiempo debido a los cambios normativos producidos a nivel nacional e internacional, la

adecuación a ellos por parte de los examinadores y los solicitantes, así como también la constante evolución de este renglón tecnológico.

La producción de plantas transgénicas implica la aplicación de tecnologías que están en constante innovación. Cada innovación tecnológica requiere ser evaluada en el marco de los requisitos de patentabilidad. Por ello, ante una alta tasa de innovación, el examen de los requisitos de patentabilidad suelen generar ejercicios novedosos de interpretación (y justificación) tanto de parte de los examinadores como de los solicitantes.

Por otra parte, las reivindicaciones realizadas en la solicitud de patentes delimitan el alcance del derecho exclusivo sobre el invento (Echagüe Sanchez, 2009) y por ende establecen los límites del derecho del titular. Ellas son un ejemplo claro del proceso de cambio de los parámetros de apropiación ya que como lo establece el art. 22 LP, *“las reivindicaciones definirán el objeto para el que se solicita la protección debiendo ser claras y concisas”*. Por lo tanto, funcionan como un indicador clave a la hora de ponderar sobre qué se quiere apropiar el inventor (o solicitante) y sobre qué fue otorgado.

En este marco, el presente trabajo busca analizar las reivindicaciones con el fin de poner en evidencia la dinámica de los cambios sufridos en el *proceso de apropiación* de la tecnología de transgénesis vegetal en Argentina.

Para estudiar estos cambios se:

- Explorarán los cambios de formato de las reivindicaciones, en particular de patentes de método a patentes de producto, de patentes restringidas a patentes amplias y la materia patentable (o el objeto inventivo).
- Estudiarán cómo se presentaban las reivindicaciones durante la Ley 111 (pre-ADPIC) y los cambios que produjo la Ley 24.481 (post-ADPIC).
- Individualizará las distintas dinámicas de los actores (empresas, sector público, etc.) en relación a la extensión de las reivindicaciones y la cantidad de solicitudes de patentes presentadas.

Este trabajo se organiza en cuatro capítulos. En el primer capítulo se abordan los materiales y métodos que se utilizaron para construir la base de datos que luego será analizada. En el segundo capítulo se introduce a la cuestión de los fundamentos económicos de las patentes como instrumento de promoción de la innovación, además del concepto de apropiabilidad y sus características. En el tercer capítulo se compara la ley de patentes N° 111 con la ley de patentes 24.481 desde los conceptos de invención y descubrimiento, la materia patentable y las reivindicaciones. Así como también, se mostrarán los alcances e implicaciones del ADPIC. Finalmente, en el capítulo cuatro se presenta el análisis de la Base de datos.

## **Capítulo 1**

### **Materiales y métodos**

#### **Introducción**

En este capítulo se presentan los materiales y métodos utilizados en esta tesis y que sirven como sustento para cumplir con los objetivos propuestos. Primero, se hace referencia a las distintas fuentes de datos que se utilizan para la elaboración de los distintos capítulos. Segundo, se presenta detalladamente la metodología utilizada por la autora durante estos últimos años, con el fin que se comprendan los pasos que llevaron a la confección de la Base de datos, que se encuentra en el anexo 1, fuente principal de información de esta tesis. Tercero, se presenta información contextual y los datos que conforman la Base de datos.

#### **1.1. Materiales**

En el siguiente cuadro se detallan las distintas fuentes de datos que se utilizaron para realizar esta tesis:

Datos	Cualitativos	Cuantitativos
Primarios	<b>Entrevistas a informantes clave</b> que ayuden a comprender el proceso de cambio que se fue produciendo desde el punto de vista tanto técnico-jurídico como histórico.	<b>Se realizan gráficos y estadísticas</b> utilizando la información contenida en la Base de Datos que permita ver la dinámica de apropiación de los distintos actores, los cambios pre y post- ADPIC en nuestra Ley de Patentes.
Secundarios	<b>Lectura de bibliografía</b> sobre la temática	
	<b>Lectura y análisis de la Normativa Nacional e Internacional y fallos</b> relevantes.	
	<b>Base de Datos</b> que compila a los <b>documentos de patentes</b> referidos a transgénesis vegetal en Argentina*	

\*Los documentos de patentes<sup>2</sup> consultados provienen del INPI y se complementa con la información correspondiente a prioridades<sup>3</sup> extranjeras solicitadas en Argentina, obtenidas vía internet desde las bases de datos de oficinas de patentes extranjeras.

La Base cuenta con 60 patentes concedidas durante la ley 111 y 744 documentos de patentes de la ley 24.281, de los cuales 114 son patentes concedidas y el resto de los documentos están en otro estado de tramitación.

<sup>2</sup> Cabe remarcar que la frase *documentos de patentes*, utilizada a lo largo de esta tesis, se refiere no sólo a las patentes concedidas sino también a las solicitudes que se encuentran abandonadas, desistidas y en trámite.

<sup>3</sup> Art. 14 LP dice que *“el derecho de prioridad enunciado en el artículo anterior, deberá ser invocado en la solicitud de patente. El solicitante deberá presentar, en la forma y PLAZOS que reglamentariamente se establezca, una declaración de prioridad y una copia certificada por la oficina de origen de la solicitud anterior acompañada de su traducción al castellano, cuando esa solicitud esté redactada en otro idioma. Adicionalmente, para reconocer la prioridad, se deberán satisfacer los requisitos siguientes: I) Que la solicitud presentada en la REPUBLICA ARGENTINA no tenga mayor alcance que la que fuera reivindicada en la solicitud extranjera; si lo tuviere, la prioridad deberá ser sólo parcial y referida a la solicitud extranjera. II) Que exista reciprocidad en el país de la primera solicitud”*.

Este desbalance se debe a que durante la ley 111 sólo estaban disponible las patentes concedidas, siendo confidenciales las solicitudes de patente en trámite, abandonadas o desistidas. Asimismo, hay que tener en cuenta que esta tesis acota el estudio de los documentos de patentes a un renglón tecnológico muy específico como lo es la transgénesis vegetal. Esta tecnología estaba menos desarrollada durante la vigencia de la ley 111 ya que es durante la década de los ´80 que comenzó, en Argentina, a cobrar importancia la I+D en la temática de agro biotecnología.

## 1.2. Métodos

Podemos detallar el método utilizado para construir la Base de Datos diferenciando 5 etapas<sup>4</sup>:

El primer paso fue la **identificación**, que se realiza mediante una solicitud de búsqueda de antecedentes al Departamento de Información Tecnológica del INPI, y de un *screening* por palabra clave en los boletines de solicitudes y resoluciones de patentes concedidas que provee el INPI *on line*. Se utilizaron palabras, de lo general a lo particular, que especifiquen la localización de documentos referidos a transgénesis vegetal como por ejemplo, planta, célula, ADN, transgénico, quimérico entre otras. Esta búsqueda se efectuó utilizando un marco temporal que empieza en el documento más antiguo encontrado (24 de marzo de 1984) hasta el 30 de septiembre de 2008. Este es un paso crucial

---

<sup>4</sup> La metodología fue “afinándose” a medida que se utilizaba tanto para los proyectos específicos del INTA como para esta Tesis.

en la construcción de la Base ya que es el filtro más grueso que separa todas las invenciones referidas a transgénesis vegetal del resto de las invenciones pertenecientes a otros renglones tecnológicos.

El segundo paso fue la **compilación** que reúne la información obtenida mediante la búsqueda de los documentos de patentes completos identificados en el punto anterior, en las bases de datos extranjeras (en el caso que el documento, solicitado en Argentina, invoque una prioridad extranjera) y la solicitud de su copia al INPI. Obteniendo vía internet la prioridad se puede ir avanzando con el estudio de los documentos mientras se espera que el INPI facilite el documento en formato papel. Esto es así porque hay oficinas de patentes extranjeras, como la de Estados Unidos, la Comunidad Europea, etc., que tienen los documentos completos accesibles en formato digital y coincidentemente, son los documentos de esos orígenes los más abundantes.

El tercer paso fue la **clasificación**, donde la información compilada se clasifica según un criterio operativo de manera de dividir el universo de documentos en grupos y subgrupos. Debido al volumen de información que se maneja y con el fin de divulgar el conocimiento de forma organizada y con un fácil acceso de manera de propiciar su utilización<sup>5</sup>, la Base de Datos se organizó de acuerdo a los siguientes grupos:

---

<sup>5</sup> Esto se debe a que la confección de la Base de datos se encuentra enmarcada en dos Proyectos Específicos de INTA: AEGR3422 "Adquisición de capacidades en propiedad intelectual en el Área Biotecnología" y AERG-233221 "Herramientas de propiedad intelectual en Biotecnología". Uno de los objetivos principales, en ambos proyectos era la transferencia de la información a otros investigadores



## Base de datos: Transgénesis Vegetal

- **Grupo 1**<sup>6</sup>: *Metodologías e insumos generales para la transformación genética de plantas.* Aloja documentos relacionados en mayor medida a herramientas generales para esta tecnología.<sup>7</sup>
- **Grupo 2**: *Resistencia a plagas y patógenos de plantas.* Agrupa documentos relacionados en mayor o menor medida a elementos y estrategias para proveer a las plantas de este carácter.<sup>8</sup>
- **Grupo 3**: *Resistencia a herbicidas.* Agrupa documentos relacionados en mayor o menor medida a elementos y estrategias para proveer a las plantas de este carácter<sup>9</sup>.
- **Grupo 4**: *Calidad en plantas.* Agrupa documentos relacionados en mayor o menor medida a elementos y estrategias para proveer

---

con lo cual se optó por un criterio operativo atractivo y un lenguaje acorde para el ámbito científico de manera que sea accesible y amena.

<sup>6</sup> Este grupo de documentos fue conformado inicialmente por el Abogado Alejandro Barrientos quien tomó como fin del marco temporal el año 2005 y luego se fue actualizando a medida que se identificaban documentos pertenecientes a este grupo.

<sup>7</sup> Podrá incluir documentos que reivindican, pero en menor medida, elementos específicos que correspondan a otros grupos de esta clasificación.

<sup>8</sup> Podrá incluir documentos que reivindican, pero en menor medida, elementos específicos que correspondan a otros grupos de esta clasificación.

<sup>9</sup> Podrá incluir documentos que reivindican, pero en menor medida, elementos específicos que correspondan a otros grupos de esta clasificación.

a las plantas de este carácter. Podrá incluir documentos que reivindican, pero en menor medida, elementos específicos que corresponden a otros grupos de esta clasificación.

- **Grupo 5**<sup>10</sup>: *Misceláneas*. Aloja documentos cuya principal característica es que no perteneces a otros grupos.<sup>11</sup>

El cuarto paso en la confección de la Base es el **análisis** exhaustivo de cada documento: se lee atentamente cada uno, se individualiza el objeto inventivo<sup>12</sup> y se lo ingresa a la base de datos confeccionada en el programa OpenOffice.org Calc 3.0, de acceso gratuito.

El quinto y último paso, es la **divulgación** de la información procesada para favorecer su utilización por parte de los beneficiarios como por ejemplo, responsables de proyectos e investigadores que trabajen en la temática de la transgénesis vegetal. Este ha sido el caso de esta Tesis que se ha beneficiado tal vez en un doble sentido: del aprendizaje de la elaboración de la Base y de la oportunidad de utilizarla para un primer análisis.

---

<sup>10</sup> Este grupo fue analizado por el abogado Alejandro Barrientos. Quien tomo como fin del marco temporal el año 2005. Y se fue actualizando a medida que se identificaban documentos pertenecientes a este grupo.

<sup>11</sup> Podrá incluir documentos que reivindican, pero en menor medida, elementos específicos que correspondan a otros grupos de esta clasificación.

<sup>12</sup> Como se verá en detalle más adelante “*Las reivindicaciones definirán el objeto para el que se solicita la protección*” (art. 22 LP). Para la Base de datos se analizó el objeto inventivo descrito en la reivindicación junto con la memoria descriptiva para comprender efectivamente la invención y describirla en un lenguaje accesible a los científicos priorizando sus posibles intereses en la información tecnológica contenida en el documento de patente.

En este marco, es oportuno establecer quienes participaron en la elaboración de la Base de datos (ya que, como se aclaró, antes pertenece a dos proyectos específicos del INTA). Este proyecto contaba con un becario, el Abogado Alejandro Barrientos, quien se encargó de identificar, clasificar y analizar los grupos 1 y 5 con un límite temporal hasta el año 2005. Luego hubo un cambio de becario y allí comenzó mi trabajo, donde se puso a punto la metodología comenzada por el anterior becario y se continuó con la identificación, compilación, clasificación y análisis de los grupos 2, 3, 4 y los avances en los grupos 1 y 5.

### **1.3. Contexto de los documentos de patentes que integran la Base de datos**

En el sector académico, a diferencia de lo que sucede en el sector privado, no se suele utilizar la información tecnológica alojada en los documentos de patentes, ni antes ni durante el diseño y la ejecución de los proyectos de investigación científica. Todavía no se ha incorporado de manera sistemática la búsqueda de información tecnológica más allá de las publicaciones especializadas. Obviamente, el miedo a quebrar la novedad de una creación mediante la publicación en trabajos científicos agrava esta situación: existe mucha información tecnológica que ha dejado de circular por los circuitos académicos más habituales. Así, por ejemplo, la Revista de la OMPI, citando

un trabajo de Thomson Corp.<sup>13</sup> muestra que el 70% de la información divulgada en los documentos de patentes no se publica en ningún otro sitio.

Además de la escasa divulgación, generalmente tampoco son tan conocidas (ni claras se podría argumentar) las libertades y restricciones que establecen los derechos otorgados a las invenciones existentes<sup>14</sup> respecto al empleo de insumos y tecnologías en proyectos donde no se descarta la obtención de un producto comercial. Por todo esto, las actividades planeadas en un determinado proyecto de desarrollo, que pretenda en algún momento llegar al mercado, corren el riesgo de estar duplicando desarrollos existentes y/o de estar utilizando herramientas protegidas por DPIs cuyos titulares podrían impedir el acceso del producto o servicio generado<sup>15</sup>.

Para evitar estos problemas es necesario conocer esta información durante el diseño y ejecución de cualquier proyecto de desarrollo tecnológico. Los documentos de patentes permiten, por ejemplo, la toma de decisiones informadas durante el diseño de los proyectos de investigación. También, posibilitan la negociación del uso, de la tecnología o el producto, con los

---

<sup>13</sup> Global Patent Sources- An overview of International Patents, Derwent Information, 1999/5

<sup>14</sup> El art. 36 LP plantea que “El derecho que confiere una patente no producirá efecto alguno contra: a) Un tercero que, en el ámbito privado o académico y con fines no comerciales, realice actividades de investigación científica o tecnológica puramente experimentales, de ensayo o de enseñanza, y para ello fabrique o utilice un producto o use un proceso igual al patentado.” Es remarcable que este artículo se aplica en investigaciones sin fines comerciales y puramente experimentales. Como aquí se está planteando la posibilidad de obtener un producto comercial no se aplicaría pero es importante tener en cuenta esta excepción para otro tipo de investigaciones.

<sup>15</sup> Ardila, F. (2005). “Adquisición de capacidades en propiedad intelectual en el Área Biotecnología” Proyecto Específicos de los Proyectos Propios de la Red. INTA.

titulares de los derechos. Y además, permiten dar cuenta de qué tecnologías o insumos están en dominio público para su libre utilización.

En este marco, la Base de Datos que se utiliza en esta tesis cuenta con un total de 804 documentos de patentes referidos a transgénesis vegetal en Argentina. Como ya fue explicado, los documentos fueron identificados, compilados y clasificados, Se realizó la descripción del objeto inventivo en un lenguaje accesible para el ámbito científico. La base fue concebida, en un proyecto específico de INTA, con el objetivo general de promover el conocimiento y el empleo de la información de Propiedad Intelectual entre los responsables de proyectos, en especial de INTA, con el objeto de aumentar la eficiencia de las inversiones en los desarrollos de agro-biotecnológicos. Y uno de sus objetivos particulares, más relevantes, es el de divulgar este conocimiento de forma organizada y facilitar su acceso para propiciar su utilización. En esta tesis, se procede a revisar su contenido, con el objetivo de realizar comparaciones entre reivindicaciones de acuerdo al marco legal que las ampara.

Los documentos en la Base están distribuidos en filas y columnas. Existen dos columnas que identifican al documento: una con el número de INTA y otra con el número de solicitud en el INPI. El primero, es el número que indica la posición física de la copia del documento, en formato de papel en INTA e indica el orden entre los distintos grupos y sub-grupos que integran la Base de datos

(Anexo 1)<sup>16</sup>. El segundo es el número de presentación<sup>17</sup> que el INPI le otorga a cada expediente al ingresar el trámite.

Luego, se colocaron las fechas de prioridad (art. 13 LP) y presentación (art. 18 LP). La fecha de presentación es importante porque fija la fecha a partir de la cual se va a estudiar si cumple con el requisito de novedad y altura inventiva, a menos que exista fecha de prioridad. Por último, se encuentran los datos de título del documento, la descripción del objeto inventivo, el estado en que se encuentra el expediente y el solicitante o titular del documento.

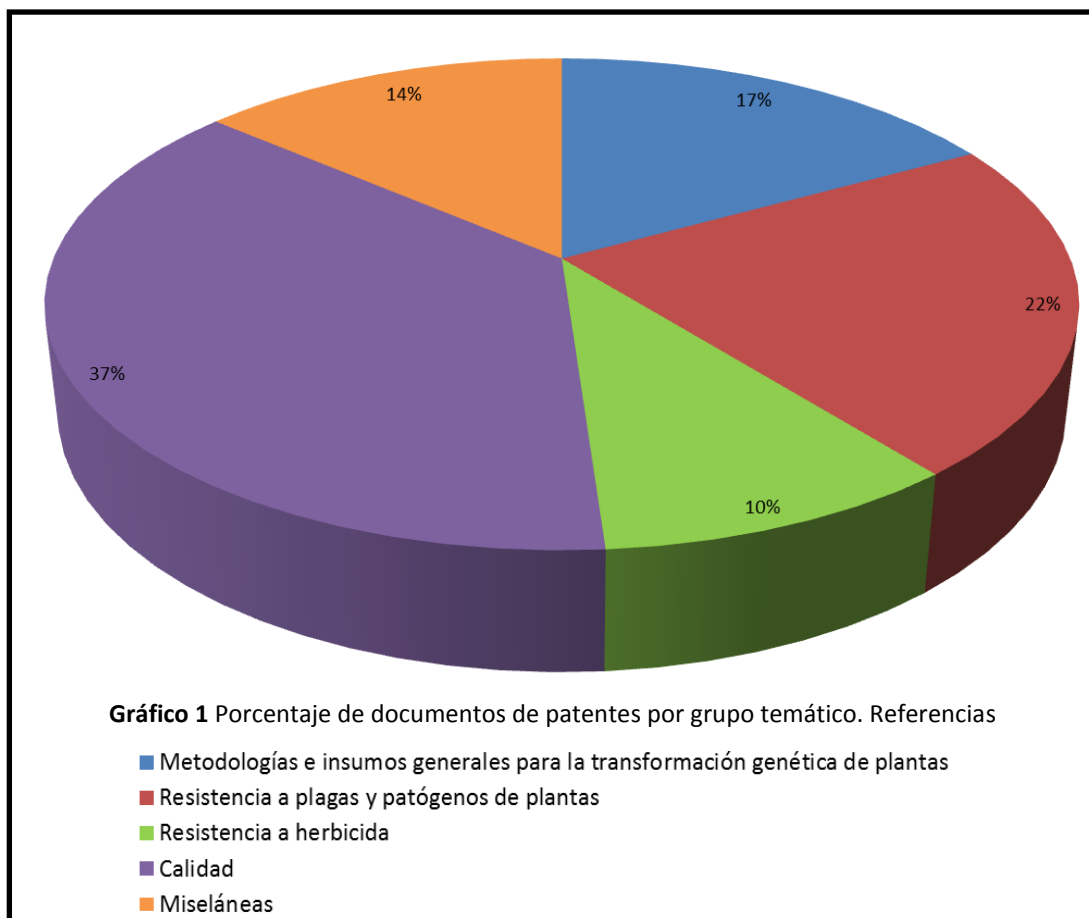
En esta tesis se adjunta, en el anexo 1, el denominado boletín de patentes. Este boletín es un resumen de la Base de datos que ya ha sido publicado en diversos canales de información como por ejemplo, informes para INTA o pedidos de información hechos por investigadores de INTA o extra INTA. Este formato contiene: el número de INTA, el título, la descripción y el estado de tramitación del documento. La Base de datos completa será publicada próximamente.

---

<sup>16</sup> El número está constituido por 6 dígitos a saber, el primero muestra el grupo al que pertenece el documento, el segundo al subgrupo y el tercero al sub sub grupo (en el caso de no haber sub grupo o sub sub grupo se tomará el valor del dígito como cero). Finalmente, los últimos 3 dígitos muestran el orden cronológico del documento en la tabla.

<sup>17</sup> Durante la vigencia de la ley 111 el número de presentación tenía un formato distinto a la ley 24.481 ya que estaba compuesto por 6 dígitos del número de orden. En la actualidad el número cuenta con una "P" de presentación, los siguientes dos dígitos se refieren al año de presentación, luego siguen 01 que corresponde a la sede central del INPI y por último, 5 dígitos correspondientes al número de orden del expediente.

Debido a la gran cantidad de información y la necesidad de facilitar la divulgación y la utilización de los datos, se clasificó en 5 grupos operativos y a éstos en distintos subgrupos. El gráfico 1 muestra los porcentajes de documentos de patentes por temática referida a la obtención de plantas transgénicas.



Se puede observar en el gráfico que el mayor porcentaje de documentos que solicitaron u obtuvieron derechos pertenecen al grupo de Calidad, que se refiere a otorgarle a la planta una cualidad especial como por ejemplo mejores niveles de aminoácidos, proteínas.

A continuación se presentan algunos de los aspectos técnicos relevantes de cada grupo temático, así como también el número de documentos de patentes obtenidos por subgrupo para ejemplificar las temáticas sobre las que se pretenden obtener derechos exclusivos en este renglón tecnológico.

SubGrupos	Nro. de documentos de patentes
Genérico	43
Aminoácidos y proteínas de reserva	64
Ácidos grasos y aceites	74
Oligo y polisacaridos	38
Modificación del almidón	25
Resistencia a estrés biótico y abiótico	22
Resistencia a estrés ambiental	20
Rendimiento	14

**Tabla 1** SubGrupos del Grupo 4 “Calidad”

Es destacable que los ácidos grasos y aceites, que son una de las fuentes de energía más importantes en el metabolismo celular, son el objeto más solicitado dentro del grupo de “Calidad”. Sigue, la cuestión de los aminoácidos, que son moléculas que se unen entre sí para formar las proteínas<sup>18</sup> y que determinan la forma, la estructura y funciones de las células.

En segundo lugar, en orden decreciente, están las solicitudes que pretenden derechos sobre la tecnología o genes para que las plantas adquieran la capacidad de resistir a las plagas y patógenos de plantas. La tabla 2 evidencia

<sup>18</sup> <http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&opt=9>



la cantidad de documentos de este grupo, mostrando específicamente las plagas y patógenos contra las que se pretende conseguir resistencia. Cabe remarcar la gran cantidad de documentos pertenecientes a genes o métodos para producir plantas resistentes a insectos que en su mayoría corresponde a las proteínas de la familia Cry (conocidas comúnmente como BT por la bacteria *Bacillus thuringensis* de donde se aísla el gen).

SubGrupos	Nro. de documentos de patentes
Genérico	30
Resistencia a insectos	94
Resistencia a hongos	27
Resistencia a bacterias	5
Resistencia a nematodos	14
Resistencia a virus	8

**Tabla 2** SubGrupos del Grupo 2 “Resistencia a plagas y patógenos de plantas”

En tercer lugar se encuentra el grupo de presentaciones que pretende derechos sobre métodos e insumos para la transformación de plantas. Según Pizarro (1999), existen elementos básicos para la transformación genética de plantas que son: 1) Un sistema de cultivo de tejidos que permita regenerar plantas completas y fértiles; 2) Una batería de enzimas para manipular adecuadamente el ADN; 3) Vectores apropiados, que permitan el clonado del gen de interés y/o su vehiculización al tejido deseado; 4) Un sistema de transformación; 5) Un sistema de selección del material transformado; y, 6) Herramientas de análisis para detectar la presencia del gen de interés y los productos del mismo en la planta. Todos estos pasos se encuentran en este grupo de documentos. La tabla 3 muestra cómo estas metodologías y los

insumos (promotores, reguladores, marcadores, etc.) están incluidas en las reivindicaciones.

SubGrupos	Nro. de documentos de patentes
Método de transformación vía <i>Agrobacterium tumefaciens</i>	19
Método de transformación directa	9
Método de transformación plastidial	6
Métodos varios para transformación	12
Promotores	53
Reguladores de expresión	27
Marcadores de selección y visualización	11

**Tabla 3** SubGrupos del Grupo 1 “Metodología e insumos generales para la transformación genética de plantas”

En cuarto lugar se agrupan las “Misceláneas”, son los documentos que no pudieron ser clasificados en los otros grupos. La tabla 4 muestra los temas incluidos en este grupo.

SubGrupos	Nro. de documentos de patentes
Genérico	29
Producción macho estéril	25
Metabolismo secundario	25
Biofábricas	32

**Tabla 4** SubGrupos del Grupo 5 “Misceláneas”

Aquí la cuestión más solicitada en los documentos es la protección para utilizar a las plantas como Biofábricas lo que, por ejemplo, incluye la producción glicoproteínas, anticuerpos, antígenos, insulina, entre otros. También, se incluyen las cuestiones de producción de machos estériles, importante porque, por ejemplo, impide la introgresión en otras especies a través del polen. Los metabolitos secundarios son compuestos químicos sintetizados por las plantas que cumplen funciones no esenciales para la planta como por ejemplo, los carotenoides, lignina y tocoferoles.

Por último, están los documentos que solicitan protección en cuestiones relacionados con otorgarles a las plantas resistencia a herbicidas. Los herbicidas son compuestos que eliminan o impiden el desarrollo de las hierbas y se emplean para el control las malezas en los cultivos. Los herbicidas no discriminan entre las malas hierbas y las cultivadas que también se ven afectadas, y, por ello, son tan importantes las plantas resistentes a herbicidas. En la tabla 5 se muestran los distintos documentos que pretenden la resistencia a los distintos herbicidas. El subgrupo que más se destaca es el que le otorga resistencia a glifosato, lo cual no debería llamar la atención visto el predominio del uso de este agroquímico en el agro argentino.

SubGrupos	Nro. de documentos de patentes
Genérico	17
Resistencia a glifosato	28
Resistencia a imidazolinona	14
Resistencia a herbicidas varios	19

**Tabla 5** SubGrupos del Grupo 5 “Resistencia a herbicidas”



## Capítulo 2

### Apropiabilidad. Concepto y características

#### Introducción

En este capítulo se hará una breve introducción a las teorías económicas que sirven como fundamento para la utilización de las patentes para la promoción de la innovación. Visto que las patentes importan una apropiación temporal del conocimiento, se presentarán las ideas de distintos autores como los diferentes mecanismos de apropiación que utilizaron diversas empresas en algunos países desarrollados (PD) y países en desarrollo (PED).

El objetivo de este capítulo es otorgar un marco conceptual que permita valorar las implicancias del cambio en la dinámica de reivindicaciones de protección en términos de apropiación del conocimiento (reivindicaciones a su turno enmarcadas en distintos regímenes legales nacionales e internacionales).

#### 2.1. Fundamentos económicos de las patentes

Existen diversas teorías que sirven de fundamento para justificar la utilización de la propiedad intelectual y en especial la necesidad de las leyes de patente.

Penrose (1974) reconoce cuatro argumentos generales:

- El *derecho natural* propone que el hombre es propietario de sus ideas y la ley debe reconocer este derecho. Así, para esta corriente

de pensamiento el privilegio de explotación exclusivo para el titular es la manera apropiada de reconocimiento.

- La *retribución por los servicios prestados* es similar a la idea de derecho natural pero con base económica. Plantea que el hombre tiene derecho a recibir una retribución proporcional a la utilidad que tenga el servicio que esté prestando a la sociedad con su invento o creación.
- La *divulgación de secretos*, como fundamento para el otorgamiento de patentes, se basa en la idea de que las invenciones son necesarias para el progreso industrial pero, si no se protegen y son fácilmente imitables el inventor optará por guardar el secreto y la sociedad perderá la innovación. Por ello, para incentivar al inventor a revelar el secreto se propone a la patente exclusiva como mecanismo de protección e incentivo.
- El *estímulo a la invención* como fundamento, también destaca el progreso industrial como objetivo de las patentes, en particular plantea que, ni los inventores ni los capitalistas desarrollaran sus invenciones o su explotación a menos que cuenten con posibilidad de beneficios que justifiquen el riesgo.

Asimismo, Fisher (2001) enmarca los fundamentos en cuatro enfoques, como él los denomina, que justifican el uso de la propiedad intelectual. La *línea*

*utilitarista* explica que busca la “maximización del bienestar social neto”. Esto se consigue logrando un “equilibrio óptimo” entre los derechos exclusivos que estimulan las invenciones y la restricción al “disfrute público” que produce la necesidad de compensar. El segundo enfoque tiene que ver con el *derecho natural*, visto en el apartado anterior, originado en las ideas del pensador John Locke. En tercer lugar, describe los pensamientos de Kant y Hegel donde se propone que los derechos de propiedad privada son fundamentales para satisfacer las necesidades fundamentales como la libertad. Por último, existen algunos autores que con el objetivo de procurar el “fomento de la cultura justa y atractiva” también defienden la existencia de derechos de propiedad intelectual (en un enfoque similar al utilitarista cuando se lo considera en detalle).

Hasta aquí, las distintas corrientes de pensamiento que intentan justificar la existencia de los derechos de propiedad intelectual: unos con base más filosófica otros con base en el pensamiento económico. Al respecto, Penrose (1974:31) opina que los argumentos que tienen que ver con el derecho natural “(...) no tienen una fuerza abrumadora” mientras que sí lo tienen los argumentos económicos. Por su parte, Vidaurreta (2010:8) mostró en su trabajo de tesis que el “sistema de patentes surgió de políticas públicas que atendían a consideraciones de tipo utilitarista y no como resultado de una lucha por el reconocimiento del derecho de los inventores”. De esta manera, evidenció la importancia económica (más que filosófica) de las patentes.

## 2.2. Apropiabilidad

### 2.2.1. Conocimiento como bien económico

En la economía, el *conocimiento tecnológico* es un bien económico que se caracteriza por ser *no excluyente* y *no rival* en el consumo. Se los denomina bienes públicos. Son *no excluyentes*, cuando no se puede impedir su usufructo por usuarios potenciales o reales y *no rival* porque múltiples agentes los pueden utilizar al mismo tiempo en distintos lugares sin conflicto de posesión y sin deterioro (Abortes, 2008).

Asimismo, otro rasgo que los economistas remarcan del conocimiento es que es una externalidad positiva. Este tipo de externalidades surgen del beneficio de producción que tiene sobre una persona distinta al innovador o productor (Parkin, 2006:362). Este rasgo está determinado por dos factores: el primero, es el no desgaste del conocimiento, ya que este no se consume ni por uso ni por reproducción. El segundo, se refiere al costo marginal de producción tendiente a cero debido a que la producción de conocimiento tiene altos costos iniciales y bajos costos marginales ( de reproducción luego de producido).

Tanto los bienes públicos como de las externalidades se consideran “fallas de mercado” en el modelo de “*mercado de competencia perfecta*”. Por ello, si no se generara escasez o alguna barrera a la reproducción, las empresas o inventores estarían desalentadas a innovar (ya que se les dificultaría la posibilidad de apropiarse y explotar rentablemente sus nuevos productos o



procesos). Al respecto, Cabanellas (2001:46) agrega que “si el agente económico (empresa o inventores) no puede apropiarse de los resultados de sus esfuerzos productivos, se romperá el equilibrio entre la utilidad de su producción y sus costos.”

Milesi<sup>19</sup>, tras ser consultado respecto a autores que tengan una visión contraria a estas ideas, comentó que desde una perspectiva más empírica existen autores que plantean que con un régimen de propiedad intelectual menos sólido y con mayor difusión de los conocimientos habría mayor innovación. Por ejemplo, Klevorick (1995) comenta que dada la demanda y la oportunidad, la apropiabilidad fuerte aumenta el incentivo privado a participar en la I + D pero una apropiabilidad débil reduce el costo de la investigación aumentando la oportunidad para los demás. Por su parte, Veugelers y Cassiman (1999) muestran que el tamaño de la empresa, los altos riesgos, los costos percibidos y una baja apropiabilidad no desalientan la innovación.

Por último, Milesi señaló que existe literatura que enfoca el tema desde una mirada más sociológica. Esta visión plantea que el conocimiento debería apropiarse socialmente en lugar de privadamente permitiendo así un acceso más equitativo de toda la sociedad a los avances científicos y tecnológicos. En esta línea trabajan, en Argentina, Estebanez (2002) y Kreimer (2002) que

---

<sup>19</sup> Licenciado en Economía. Magíster en Economía y Desarrollo Industrial con mención en Pymes (UNMDP-UNGS). Es Investigador y Docente en el Instituto de Industria de la Universidad Nacional de General Sarmiento y Coordinador Académico de la Maestría en Gestión de la Ciencia, la Tecnología y la Innovación (UNGS-REDES-IDES). Consulta vía mail, consultado el 13 de julio de 2013.

proponen indicadores y un modelo conceptual en torno a la apropiabilidad social.

Hasta aquí se puede observar que la apropiabilidad es una cuestión primordial tanto para los distintos actores del sistema económico-productivo como para la sociedad que utiliza (y necesita muchas veces) los frutos de la producción. Pero veamos más en detalle el concepto de apropiabilidad.

### **2.2.2. Concepto de apropiabilidad**

La apropiabilidad es una temática muy estudiada en distintos ámbitos. Así, Hearing *et al* (2012:104) la define como “la capacidad que tiene un innovador de recoger para sí mismo los beneficios que su invención genera”.

Arrow (1962:1) reconoce la importancia de la apropiabilidad de los resultados de la innovación para la asignación de recursos en las actividades innovadoras ya que junto a la indivisibilidad e incerteza, la inapropiabilidad son las tres causas que, para Arrow, hacen fallar la óptima asignación de recursos en competencia perfecta.

Para Teece (1986:287) el régimen de apropiabilidad refiere a factores ambientales, excluyendo a las firmas y la estructura de mercado, que regulan la capacidad del innovador para capturar los beneficios generados por la innovación. Además, clasifica la apropiabilidad como *estricta* cuando la tecnología es relativamente fácil de proteger y *débil* cuando la tecnología es

casi imposible de proteger. De la misma manera clasifica el conocimiento como *codificado* si es fácil de transmitir, recibir y más expuesto a la copia y *tácito* cuando es difícil de articular y transferir como *know how*. Esta clasificación es utilizada en muchos trabajos relacionados con esta temática.

Harabi (1995) propone que existen dos conceptos de apropiabilidad. El primero lo describe como el *concepto de Arrow*, que refiere al sistema de incentivo económico *ex ante* que promueve la inversión del innovador en innovaciones. El segundo *concepto, ex post*, es la proporción de beneficios sociales que puede ser apropiada por el innovador una vez que la innovación se haya introducido.

Sin embargo, existen distintos mecanismos para lograr la apropiabilidad de los beneficios de una innovación y cada empresa o emprendedor evalúa cuál es el mejor método para obtener rentas y proteger su inversión del uso por terceros.

### **2.3. Mecanismos de apropiabilidad**

Desde la óptica de la economía, Fernández (2004) opina que la introducción de una innovación en el mercado genera una convulsión en las empresas rivales que, para no perder posiciones competitivas, tratan de imitarla en un período corto de tiempo con objeto de apropiarse de las rentas que genera. Para evitar esto, la empresa innovadora se vale de una serie de mecanismos de protección de sus productos y procesos nuevos. Alguno de los mecanismos de protección son los siguientes:

- *Patente* es un título de propiedad otorgado por el Estado, que concede a su poseedor el derecho a la protección legal para excluir a personas no autorizadas, durante un período de 20 años desde la solicitud del derecho, del empleo comercial de una invención tecnológica que sea novedosa, conlleve actividad inventiva y tenga aplicación industrial. La validez será nacional y por ende, para obtener el título en otros territorios se deberá presentar la solicitud allí donde se quiera hacer valer.
- *Secreto industrial* es un conocimiento no patentado sobre un producto o proceso de producción que la empresa no revela. Se impone mediante un contrato de cláusulas de confidencialidad o de no publicación, en los que se constata la vigencia y las condiciones bajo las que debe mantenerse el secreto (Kors, 2007).
- *Bienes complementarios*: son los recursos necesarios para comercializar la innovación. Estos bienes incluyen recursos tales como el acceso a la distribución, la capacidad de servicio, las relaciones con los clientes y los proveedores y los productos complementarios (Fernández, 2004, Teece, 1986).
- *Mover primero (o lead time)* consiste en derivar la renta del tiempo de liderazgo. Durante este tiempo la empresa obtiene los beneficios de ser el “monopolista” de hecho en el mercado. Según Fernández (2004), es el mecanismo más efectivo de obtención de rentas.

En particular, las patentes constituyen un elemento jurídico dirigido a promover el desarrollo tecnológico y permite a los inventores apropiarse de los resultados de sus esfuerzos inventivos y protegerse de la competencia temporalmente. Sin embargo las patentes no son ni el único, ni el principal instrumento utilizado para promover el desarrollo tecnológico (Cabanellas, 2001: 16). Es más, muchos autores concuerdan en que “las patentes no funcionan en la práctica como lo hacen en la teoría” (Teece, 1986: 287)

#### **2.4. Recopilación de las estrategias de apropiación utilizadas por las firmas. Una visión desde distintos autores.**

Los distintos mecanismos de apropiación y las alternativas que tienen las empresas para proteger sus innovaciones son temáticas ampliamente estudiadas en el campo de la economía por diversos autores como Arrow (1962), Coriat *et al* (2003), Cohen *et al* (2000), Coriat y Orsi (2007), Teece (1986) y López (2009).

López (2009:1) resume “los determinantes de uso de las diferentes estrategias de apropiabilidad de las firmas y nivel sectorial” revisando la literatura empírica referida a las estrategias mencionadas. De acuerdo a este autor, los trabajos pioneros que estudian el tema de patentamiento y apropiabilidad son los de Scherer *et al* (1959) y Taylor & Silberston (1973). Ambos autores mostraron que el patentamiento es una estrategia importante para la protección de invenciones en la industria farmacéutica solamente. Mansfield (1981 y 1986)

concluyó algo parecido pero agregó a la industria química como otro usuario de este tipo de protección.

Levin *et al* (1987) evaluó la efectividad de distintos métodos de apropiación respecto a productos y procesos, en firmas innovadoras en EE.UU., obteniendo que las patentes son el método menos efectivo, aunque al estudiar detalladamente las distintas empresas obtuvo que las patentes son más efectivas para las industrias químicas y farmacéuticas. Además, mostró que una de las mayores limitantes a la hora de elegir el patentamiento como mecanismo de apropiación es la posibilidad legal que tienen los competidores de “inventar alrededor de la patente”.

Por su parte, Cohen examinó la efectividad de los diferentes mecanismos<sup>20</sup> a través de los cuales las firmas de EE.UU. (Cohen, 2000:5) y Japón (Cohen, 2001) se apropian de los beneficios de las innovaciones de productos y procesos, así como también evaluó las razones por las cuales las firmas deciden patentar o no. Mostró que la mayoría de las empresas usan más de un mecanismo para proteger sus invenciones y esta elección está sujeta al tipo de producto o proceso con el que se esté innovando. Además, sus resultados sugieren que las grandes firmas son más capaces de distribuir los costos fijos de la solicitud y defensa de la patente (Cohen, 2000). En el 2001, el autor mostró las diferencias y semejanzas de las condiciones de apropiabilidad entre Japón y EE.UU. Ambos países utilizan el *mover primero* y las capacidades de venta de las empresas como forma apropiación. Se detallan numerosas

---

<sup>20</sup> Patentes, secretos, *mover primero*, fabricación, ventas y servicios complementarios y *know how*.

deferencias como por ejemplo, que el secreto es más usado en las firmas estadounidenses que en las japonesas y contrariamente, las patentes son más utilizadas en Japón que en EE.UU. (Cohen, 2001).

Asimismo, Arundel y Kabla (1998) realizaron un estudio empírico, en firmas europeas, sobre cuál es el porcentaje de innovaciones que son patentadas. Los autores resaltan de sus resultados el uso de las patentes para medir la capacidad de innovación. Así, mediante la medida de la “propensión de las patentes”, que la definen como una medida indirecta de la cantidad total de innovaciones desarrolladas por cada empresa, obtuvieron que varía entre 17,7% en empresas de transportes y telecomunicaciones y 74% en empresas farmacéuticas.

Años más tarde, Arundel (2001) mostró la relevancia de los métodos de apropiabilidad en firmas de países europeos como Alemania, Bélgica y Dinamarca, entre otros. Se centró en la importancia de las diferencias entre el secreto y las patentes mostrando que el mayor porcentaje de las firmas encuentran al secreto un medio más eficaz de apropiación que las patentes.

Harabi (1995) investigó empíricamente la efectividad de los distintos mecanismos en Suiza, mostrando que para innovaciones de proceso eligen mover primero y para innovaciones de productos priorizan la superioridad en ventas y servicios, es decir, el mecanismo de bienes complementarios. Igual que en los casos anteriores, las patentes son menos elegidas por las empresas

aunque los sectores químicos o farmacéuticos o las agencias gubernamentales suelen utilizarlas.

Cincera (1997) analizó la relación entre los principales determinantes de la actividad tecnológica y las solicitudes de patentes europeas. Concluyó que existe una alta sensibilidad de los resultados respecto a la especificación de la distribución de la patente, una disminución de los rendimientos a escala de la actividad tecnológica y un impacto positivo de los *spillovers* tecnológicos en la innovación de la empresa.

Konig y Licht (1995), Sattler (2003) y Blind *et al* (2003, 2006) tomaron a Alemania como punto de referencia para sus investigaciones. Todos concuerdan que las patentes no son el método más elegido por las empresas. Aunque Sattler agrega, como Harabi, que los sectores químicos, ingenieriles y acero son los que escogen el patentamiento como forma de protección.

Duguet y Kabla (1998) trabajaron sobre estrategias de apropiación y los motivos que tienen las empresas francesas para usar el sistema de patente. Concluyeron que el revelar el contenido de la patente es lo que más desincentiva a los innovadores franceses, aunque poseer una postura fuerte a la hora de negociar y evitar juicios son motivos por los cuales aumenta el número de solicitudes de patentes.



Brouwer y Kleinknecht (1999) analizaron la propensión de las empresas a patentar y determinaron que aumenta entre las grandes empresas y las que trabajan en temas de alta tecnología.

Combe y Pfister (2000) examinaron la efectividad de las patentes en firmas francesas innovadoras mostrando la diferencia significativa entre las patentes de producto y las de proceso. Observaron que “la eficacia de las patentes de productos es sensiblemente diferente de la de patentes de procedimiento”. Concluyen que el secreto es más utilizado en innovaciones de procedimiento que en las de productos. Los costos de las patentes no son una limitación significativa en la utilización de las patentes mientras que la divulgación sí lo es. Mientras que las estrategias como las de mover primero, las basadas en innovaciones frecuentes, juegan un papel más importante para las innovaciones de producto.

Davies y Kjaer (2003) realizaron estudios sobre la estrategia de patentamiento y apropiabilidad en empresas danesas del sector de alta tecnología, como son las telecomunicaciones, software y biotecnología. El resultado fue que las empresas de software prefieren utilizar el mecanismo de *mover primero* o el desarrollo continuo de productos, en cambio, las firmas biotecnológicas o las telecomunicaciones utilizan el sistema de patentes como la principal forma de apropiación de sus productos y/o procesos.

Thumm (2003, 2004) se ocupó investigar las estrategias de patentamiento en empresas biotecnológicas de Suiza. Los autores muestran que las empresas

patentes biotecnológicas son importantes como incentivo y un instrumento eficaz para la inversión en I+D. Además, los autores manifiestan que la industria biotecnológica suiza es una de las más fuertes de Europa, es una I+D muy intensiva con altas tasas de crecimiento, un alto potencial de innovación y muestra los números de solicitudes de patentes en aumento. Así también, las pequeñas empresas del muestreo presentan el mayor potencial para la innovación en materia de patentes por el empleo de I+D.

Laursen y Salter (2005) concluyeron que para las industrias de Gran Bretaña el mecanismo de mover primero es la estrategia más utilizada. Además, las marcas y las patentes son igual de efectivas. Ese mismo año, Hanel (2005) se focalizó en el uso de los derechos de propiedad intelectual en empresas canadienses y concluyó que los acuerdos confidenciales y las marcas son los mecanismos más utilizados y que las patentes eran muy usadas para proteger innovaciones en agricultura, construcción y maquinaria.

Hussinger (2005) comparó la eficacia de las patentes frente a la protección por secreto en las innovaciones en fase de mercado en empresas alemanas. Concluyó que las patentes son un medio eficaz para proteger la propiedad intelectual en el mercado mientras que el secreto es bastante importante para la protección de invenciones en etapas tempranas.

Gonzalez-Alvarez y Nieto-Antolin (2007) basaron su estudio en las empresas españolas, arrojaron como resultado que el mecanismo más utilizado es el de innovación continua (similar a *mover primero*). Por su parte, Hurmelinna y

Puumalainen (2005, 2007) estudiaron la dinámica del régimen de apropiabilidad y efectuaron un ranking liderado por *mover primero* y secreto o accesos limitados. Más atrás en las opciones se encuentran tácticas de mercado, contratos y otros derechos de propiedad intelectual.

Byma y Leiponen (2007) trabajaron sobre firmas pequeñas de Finlandia, donde la mayoría utiliza el secreto o la mover primero como forma de proteger sus resultados. Aunque en menor medida, las patentes son más utilizadas por empresas que poseen cooperación con universidades basadas en ciencias o con I+D intensivas.

López y Orlicki (2007) analizaron la relación entre la innovación y los mecanismos de apropiabilidad en el sector privado de América Latina. Para ellos existen “obstáculos el desarrollo de las actividades innovadoras”, como por ejemplo la escasa presencia de firmas de alta tecnología en la región. Los resultados de su análisis mostraron que las industrias latinoamericanas no suelen utilizar los derechos de propiedad intelectual como medio de apropiabilidad. Asimismo, mostraron que, en Argentina, las firmas de capital extranjero y las que tienen mucho personal calificado poseen mayor probabilidad de obtener patentes.

Milesi *et al* (2012) analiza el uso de los mecanismos para la apropiación de los beneficios de la innovación en industrias argentinas. Relevaron 211 firmas pertenecientes a las áreas vestimenta, maquinaria agrícola, partes de vehículos, aceites y barcos. El estudio concluyó que el 90% de las firmas utiliza

al menos un mecanismo de apropiación descrito por la literatura. Asimismo, la estrategia de mover primero es la favorita aunque para la Argentina este mecanismo significa realizar innovaciones incrementales sucesivas en vez de introducir un producto primero en el mercado. Las patentes son el mecanismo menos elegido por las firmas.

Milesi *et al* (2012:80) muestran que la evidencia empírica referida al uso y la efectividad de los mecanismos de apropiación se centra casi en su totalidad en los PD y agrega que la evidencia de América Latina es casi insignificante (Milesi *et al*, 2012:81). Los autores citados en este apartado del trabajo de Milesi coinciden en su mayoría con los enumerados en esta sección de la tesis.

Finalmente, la mayoría de los autores, comparando distintas firmas, han llegado a la conclusión de que el sistema de patente es el mecanismo de apropiación menos elegido por las empresas debido a causas variadas. La principal causa es la condición de revelar la invención que impone el patentamiento. Pero también se deben tener en cuenta otros factores como el sector industrial, el tamaño y locación de la firma, y el tipo de innovación que produce.

A pesar de esto, un gran porcentaje de estudios concuerdan, como se manifiesta anteriormente, que las empresas farmacéuticas, químicas y biotecnológicas eligen a la patente como mecanismo principal de protección de sus invenciones debido a las características del bien que se pretende apropiar.

En síntesis, la fundamentación de la existencia y utilidad de las patentes tiene su base en el pensamiento filosófico y económico, aunque tanto en las leyes como en la opinión generalizada y especializada, la explicación de su necesidad y fundamentación es económica. Las patentes serían instrumentos que se utilizan como forma de apropiación temporal del conocimiento para promover la innovación; a pesar de estar disponibles, los estudios empíricos muestran que, en general, el sistema de patente no es el mecanismo más elegido por las empresas pero sí es el más adecuado a la hora de proteger una invención en las ramas farmacéutica y biotecnológica.



## Capítulo 3

### Ley 111 vis a vis la Ley 24.481

#### Introducción

En este capítulo se comparará la Ley de Patentes de Invención N° 111 con la actual Ley de patentes de Argentina N° 24.481 modificada por las leyes 24.572 y 25.589 (LP). Se trabajará sobre las definiciones de invención y descubrimiento que propone cada ley, así como la cuestión de la materia patentable y de las reivindicaciones. Asimismo, se presenta el impacto que tuvo el Acuerdo ADPIC en el pasaje de una ley a otra en especial en el campo de la biotecnología. El objetivo es relevar los cambios normativos en la Ley Argentina pre y post ADPIC utilizando a las reivindicaciones como indicador.

#### 3.1. Ley de patentes de invención N° 111

En la Constitución de 1853, en su artículo 17, se estableció que *“todo autor o inventor es propietario exclusivo de su obra, invento o descubrimiento, por el término que le acuerde la ley”*. Sin embargo, fue recién en 1864, 11 años después, cuando se promulgó la Ley de patentes de invención n° 111. Esta ley estuvo vigente por más de cien años y aunque al poco tiempo comenzaron a surgir distintos proyectos para su reforma, ninguno de ellos fue tratado en el Congreso hasta que la Argentina firmó, en 1995, el ADPIC negociado en la última Ronda de Negociación del GATT.

### 3.1.1. Invención y descubrimiento

Tras analizar las definiciones de distintos autores de la época, Breuer Moreno (1957) define, a la invención patentable como *“el descubrimiento de una nueva relación causa efecto entre un medio<sup>21</sup> en sí conocido o ideado por el inventor, y un resultado técnico que es la consecuencia inmediata y constante de la función del medio.”* De esta manera, el autor sugiere que durante la vigencia de la Ley de Patentes 111, la interpretación corriente de “invento” era como sinónimo de “descubrimiento”.

El art. 1 de la ley 111 establecía, explícitamente, que *“los nuevos descubrimientos e invenciones en todos los géneros de la industria confieren a sus autores el derecho exclusivo de explotación por el tiempo y bajo las condiciones que se expresarán conforme a lo dispuesto en el art. 17 de la Constitución (...)”* y por su parte el art. 3 de la misma ley agregaba *“son descubrimientos o invenciones nuevas: los nuevos productos industriales, los nuevos medios, y la nueva aplicación de los medios conocidos para la obtención de un resultado o de un producto industrial.”*

Por su parte, Bergel (2009:6) comenta que “la doctrina nacional desde siempre evitó todo tipo de confusión” respecto a lo que se refiere descubrimientos e invención. Además, asevera que “no existen antecedentes nacionales de otorgamiento de patentes de invención a un descubrimiento.”

---

<sup>21</sup> El autor entiende por medio a cualquier cuerpo material o el empleo de uno o más cuerpos materiales.



Teniendo en cuenta el texto de Breuer Moreno, la ley 111 y lo comentado por Bergel se le consultó a Patricia Vázquez<sup>22</sup> y a Ignacio Apellaniz<sup>23</sup> respecto cuál era el criterio de la oficina de patentes del INPI a la hora de evaluar una invención o descubrimiento durante la vigencia de la ley 111 y, específicamente, si la oficina consideraba como sinónimos a las invenciones y a los descubrimientos durante la vigencia de esta ley.

Respecto a la primera consulta sobre los criterios de evaluación, Vazquez comentó que “para evaluar si una invención era patentable se estudiaba que cumpliera los requisitos de novedad, actividad inventiva y aplicación industrial”. Sobre la segunda consulta dijo que los “términos descubrimiento e invención se tomaban como sinónimos” pero aclaró que no era cualquier descubrimiento ya que debía poseer altura inventiva y aplicación industrial para ser considerado patentable, es decir, que se acercaba más a la definición de invención.

Apellaniz respondió que “la oficina de patentes no hacía una diferencia práctica al momento de aplicar el concepto invención o descubrimiento”. Y agregó que “la omisión de diferenciar ambos conceptos partía de que el descubrimiento, tenía que tener una aplicación práctica novedosa, lo cual de algún modo implica una invención.”

---

<sup>22</sup> Subcomisaria de la Administración Nacional de Patentes, Instituto Nacional de la Propiedad Industrial (INPI). Consultada telefónicamente 13/12/13.

<sup>23</sup> Agente de la propiedad industrial. Consultado, vía mail, 12/12/13.

En general, se puede definir a un descubrimiento como un hallazgo o el encuentro de algo que era oculto, secreto o desconocido. Se trata de una observación novedosa de ciertos aspectos de la realidad<sup>24</sup>. Y una invención como una creación o producción de alguna cosa que no existía con anterioridad<sup>25</sup>.

Como se puede apreciar, durante la vigencia de la ley 111 esta distinción entre descubrimiento e invención no se encontraba teórica ni legalmente tan clara pero en la práctica se les pedía a los descubrimientos algo más que un mero hallazgo.

En esta línea, en el trabajo de Montanari *et al* (2012), que analiza la colección de documentos de patentes<sup>26</sup> se individualizaron casos particulares como por ejemplo, patentes solicitadas bajo la vigencia de la ley 111 que dentro de las reivindicaciones utilizan palabras o frases como “*un gen que expresa...*”, (ejemplo 1 incluido más abajo) o “*una secuencia de ADN no codificadora pura...*” (ejemplo 2 incluido más abajo). Estos ejemplos muestran estrategias de reivindicación por las cuales el objeto inventivo se asemeja más a un descubrimiento que a una invención a la luz de definiciones más estrictas de descubrimiento e invención (Montanari *et al*, 2012).

---

<sup>24</sup> <http://definicion.de/descubrimiento/> (consultado octubre 2010)

<sup>25</sup> <http://es.thefreedictionary.com/inveni%C3%B3n> (consultado octubre 2010)

<sup>26</sup> Pertencientes a la Base de Datos del Anexo 1 1.

Ejemplo 1: la patente concedida P310889 (Nro. de INTA 210003) tiene como fecha de presentación 1988 y de concesión 1999 de la empresa Novartis AG. La reivindicación 1 lee: “un protoplasto o célula vegetal derivada del protoplasto de *Zea mays* capaz de regenerar plantas de *Zea mays* fértiles”. Debido a que esto no era materia patentable se rescribió la siguiente reivindicación 1: “un gen que expresa en plantas de *Zea mays* un polipéptido que tiene sustancialmente las propiedades de toxicidad para insectos de una proteína cristalina de Bt (...)”. Finalmente, se concedió la patente con la siguiente reivindicación 1: “Un método para preparar una planta de *Zea mays* fértil y transgénica que comprende ADN exógeno incorporado al genoma de maíz que comprende: (...)”.

Ejemplo 2: la patente concedida P313340 (Nro. de INTA 200001) solicitada en el año 1989 por la empresa Ciba- Geigy A.G y concedida en 1993. Donde se reivindica: “una secuencia de ADN no codificadora pura, caracterizada por el hecho de que es capaz de regular la transcripción (...)”

### **3.1.2. Caracteres de un invento patentable**

Para que una invención sea patentable se debían cumplir una serie de requisitos. La ley de patentes 111 establecía dos requisitos fundamentales para que los inventos sean patentables: que sean novedosos y que tengan aplicación en algún género de la industria. Existe además, un tercer requisito: que el invento no esté comprendido en alguna prohibición especial de la ley (Beuer Moreno, 1957).

La novedad, según Breuer Moreno, es la relación entre los medios empleados por el inventor para la realización de la invención y el resultado obtenido. Para determinarla se compara la idea inventiva al momento de la invención con los conocimientos anteriores. Además, el objeto inventivo debe encuadrar en alguna de las definiciones de la siguiente clasificación (art. 3 ley 111) de lo que se considera patentable:

- *Nuevo producto industrial*: provee por sí mismo un resultado inmediato al ser utilizado, gracias a su forma o composición (Breuer Moreno, 1957: 133).
- *Nuevo medio*: consiste en un agente<sup>27</sup>, un órgano<sup>28</sup> o un procedimiento<sup>29</sup> que no existía para obtener un resultado o un producto cualquiera (Breuer Moreno, 1957: 148).
- *Nueva aplicación de medios conocidos*: consiste en hacer desempeñar a un medio una función que produzca un resultado diferente del que proveían en su función primitiva. (Breuer Moreno, 1957: 165)

---

<sup>27</sup> Un agente puede ser un compuesto químico, una composición química, o un producto de naturaleza química. (Breuer Moreno, 1957: 148)

<sup>28</sup> Se considera órganos a los cuerpos físicos compuestos por 1 o varias piezas que pueden servir para la fabricación, producción o transformación de otros productos. (Breuer Moreno, 1957: 149)

<sup>29</sup> Un procedimiento es una manera de operar empleando elementos materiales para obtener un resultado o un producto. El invento reside en la forma de utilizar los elementos materiales. (Breuer Moreno, 1957: 158)

Asimismo, el art 4 de ley 111 establecía aquello que no se considera patentable y uno de sus puntos, aquel que concierne a la novedad (subrayado) dice “No son susceptibles de patentes (...) los descubrimientos o invenciones que hayan sido publicadas suficientemente en el país o fuera de él en obras, folletos o periódicos impresos, para ser ejecutados con anterioridad a la solicitud, (...)”. Este artículo da la pauta de que la novedad era un requisito importante para determinar la patentabilidad de un invento ya que la prohibición estaba explícita en un artículo de la ley.

Además de la ley, en aquella época los examinadores contaban con una guía que les servía de base para el estudio de las solicitudes de patente (Disp. No. 10/64) con motivo de aunar criterios de examen. En el apartado sobre el Examen de Fondo, se les indica a los examinadores que, para determinar si un descubrimiento o invención era patentable, debían observar si el objeto inventivo:

1. Encuadra en alguno de los tres tipos de objetos o realizaciones: *“nuevos productos industriales, los nuevos medios, y la nueva aplicación de los medios conocidos”* que establece el art. 3 de la ley 111 (enunciado anteriormente).
2. Es nuevo y que, para ello, deberán constatar los antecedentes oponibles.

3. No pertenece a alguna de las excepciones que se encuadran en el art. 4 de ley 111 antes mencionado.

El carácter industrial del invento se encuentra explicitado tanto el art. 1 cuando dice “*en todos los géneros de la industria*” como en el art. 3 “*para la obtención de un resultado o de un producto industrial*” de la ley 111. Además, excluye a los descubrimientos que no posean aplicación industrial a través del art. 4 “(...) los que son puramente teóricos sin que se haya indicado su aplicación industrial (...)”.

En la invención, explica Breuer Moreno (1957:105-106), el hombre utiliza medios materiales para producir un efecto, el cual es constantemente susceptible de medición. Para el autor, el significado de la palabra “industrial” dentro de la ley de patentes tiene simplemente carácter delimitatorio de su campo de aplicación. Concluye que un resultado industrial “es el efecto constante que produce el funcionamiento de un medio o conjunto de medios materiales<sup>30</sup>. Cuando estos medios, por incapaces de actuar como causa de un efecto, no producen un resultado, no hay resultado industrial”, o sea, “que no es efecto funcional de los medios empleados”.

Se puede interpretar entonces que una invención o descubrimiento que no tenga un resultado industrial, una relación causa/efecto, una funcionalidad o un propósito no se lo consideraba patentable bajo la ley 111.

---

<sup>30</sup> El autor identifica como medio materiales a los cuerpos sólidos, líquidos y gaseosos y a las radiaciones como la luz, electricidad, etc.

Por su parte, el criterio utilizado por los examinadores, respecto a que sólo es patentable todo aquello que conduzca a la obtención de un resultado o producto industrial, supone que el carácter industrial lo poseen aquellas invenciones que para llevarse a la práctica requieren necesariamente el uso de máquinas o fábricas (Disp. No. 10/64).

Hasta aquí, se puede observar que ni la ley 111 ni la guía para los examinadores poseían precisiones acerca de las invenciones agrobiotecnológicas. Al respecto, se le consultó a Ignacio Apellaniz<sup>31</sup> sobre qué criterio adoptaba la oficina de patentes argentina respecto a la protección de especies vegetales. Comenta Apellaniz que durante la vigencia de la ley 111 a los casos de solicitudes de patentes que pretendieran la protección de vegetales, la oficina de patentes le daba vista al solicitante remitiéndolo al SENASE (actual INASE) órgano de aplicación de la ley de semillas. Sin embargo, se protegía mediante el uso de las patentes las innovaciones en tecnología de transgénesis aunque involucrara vegetales. Al consultarle por bibliografía o publicaciones de la época que traten estas cuestiones Apellaniz explica que él “no recuerda publicaciones serias anteriores a 1995 pero que tiene presente los criterios que se aplicaban” en un sentido práctico.

En esta misma línea, el ejemplo 1, mostrado anteriormente, patente concedida P310889 (Nro. de INTA 210003) muestra dentro de qué fue eliminada la

---

<sup>31</sup>Abogado y Agente de la Propiedad Industrial. Integrante de la Comisión Directiva del Licensing Executive Society de Argentina. Actividad docente: Se ha desempeñado como docente en Contratos Comerciales en la Universidad Católica y como profesor invitado en postgrados de la Universidad Austral. Docente en la Facultad Latinoamericana de Ciencias Sociales. Intensa actividad en protección y contratación sobre biotecnología. Consultado el día 4 de marzo de 2013.

reivindicación 1 que lee: “un protoplasto o célula vegetal derivada del protoplasto de *Zea mays* capaz de regenerar plantas de *Zea mays* fértiles”. Aquí el examinador, dentro del examen de fondo, aclaraba que “un protoplasto, o una célula vegetal o un cultivo de células, o un callus en la medida que estén destinados a la propagación de especies, no son susceptibles de protección por patentes, siéndolo eventualmente por el mecanismo de la ley 20.247”. Puede observarse que la estrategia del solicitante era la apropiación de partes de la planta como “el protoplasto”. (Montanari, 2012).

### **3.1.3. Reivindicaciones**

Varios autores como Breuer Moreno (1957), Alvarez (1999:98) Moncayo (1999:117) y Zamudio (2001:57) muestran que la ley 111 no exigía el uso de reivindicaciones, “pero la Oficina de Patentes podía exigir que el solicitante dedicara un párrafo de la descripción a delimitar claramente su invención” (Breuer Moreno, 1957). Asimismo, Breuer Moreno (1957) agrega que en esa época las reivindicaciones “(...) han sido adoptadas en todos los países sin excepción” y Moncayo (1999:117) recuerda que fueron introducidas en Argentina a través de las solicitudes extranjeras. En aquella época, existían una serie de normas aplicables para su redacción que proponía que las reivindicaciones:

- No deben ser indefinidas: deben definir los medios de que se vale el inventor, y sus equivalentes.



- No deben ser “funcionales”<sup>32</sup>.
- Deben indicar cómo los diversos medios hallados por el inventor co-actúan para producir el resultado.
- No pueden comprender materias no referidas en la descripción.
- Lo que está en las descripciones y no aparece en las reivindicaciones, no está protegido por la patente.

Años más tarde, los examinadores tuvieron, dentro de los criterios para el examen de las solicitudes, un apartado especial sobre las reivindicaciones donde se muestra lo dicho anteriormente respecto a la falta de un fundamento legal de las reivindicaciones pero hacen hincapié en la importancia que ellas revistieron especialmente ante la justicia. Por esto, utilizaron los siguientes criterios para la redacción y examen de las reivindicaciones (Disp. No. 10/64):

- Deben comenzar con el mismo título con que se ha denominado la invención, salvo en los casos que comprenden un objeto principal y otros accesorios donde la primer reivindicación contendrá lo principal y las reivindicaciones secundarias a los objetos accesorios.
- Para su redacción se separará el exordio<sup>33</sup> de la parte característica mediante la expresión “caracterizado por”.

---

<sup>32</sup> La reivindicación “funcional” se refiere a una variedad de reivindicaciones indefinidas.

- Se debe conservar la subordinación literal de las secundarias respecto a la primera en el exordio.
  
- Deben comprenderse por sí solas.
  
- Su alcance debe coincidir con el definido en la memoria descriptiva.
  
- Se deberán dar el origen, aclarar y definir su significado en la memoria descriptiva los términos técnicos que no tengan equivalentes en diccionarios.
  
- Se podrá caracterizar medios complementarios o concurrentes ya definidos tanto en la reivindicación principal como en la secundaria precedentes, de forma aditiva pero sin aumentar el alcance.
  
- Si se reivindica un procedimiento existen 2 posibilidades:
  1. Si es el objeto principal del invento, deberá definirse en la reivindicación principal en forma completa (todas las etapas) o sólo la etapa novedosa si es que solo son algunas.
  
  2. Si el procedimiento es accesorio, se reivindicará en las etapas secundarias y se caracterizarán solo las etapas que tienen

---

<sup>33</sup> Se adopta este término para individualizar a la parte de las reivindicaciones donde se da la idea global del objeto de la patente sin concretar la novedad de la invención.

relación con la obtención del *producto* (objeto principal). Se las denomina patentes de producto y proceso.

- Si se utiliza la expresión “medios” deberá calificarse y vincularse debidamente.
- No son admisibles las opciones, ni características negativas o condicionales.
- Los aparatos deben definir en su parte característica novedosa en términos concretos y constructivos o constitutivos.
- Se aceptarán reivindicaciones tipo ómnibus<sup>34</sup> sólo al final, como última de la serie sin ninguna imprecisión.
- La condición de patente reválida o de adicional debe figurar en el exordio de la primera reivindicación, con el número y referencia del país de la patente original.

Muchas de las características vistas en este apartado se utilizan para describir las reivindicaciones de la ley de patentes 24.481. Otras, en cambio, han desaparecido debido al cambio de ley y a la adecuación que sufrieron las reivindicaciones dada por el ADPIC y las nuevas necesidades de protección tecnológicas.

## 3.2. Implicancias y alcances del ADPIC

### 3.2.1. El GATT, la OMC y el ADPIC

El GATT<sup>35</sup>, el acuerdo comercial que reguló el comercio internacional después de la Segunda Guerra Mundial hasta 1994, fue sufriendo modificaciones a largo de su historia a través de 7 rondas de negociación. Pero el cambio más radical se produjo en la Ronda Uruguay (1986-1994). En esta Ronda se creó la Organización Mundial del Comercio como organización permanente intergubernamental de administración de los acuerdos multilaterales de comercio de mercancías (GATT), de servicios (GATS) y de propiedad intelectual (ADPIC). Además se puso en funcionamiento un sistema de solución de controversias de acuerdo al cual las disputas emergentes de la interpretación o violación de estos acuerdos se resolverían en su seno.

Un aspecto a remarcar es que el principio de negociación que se utilizó en la RU fue el “*single undertaking*”. Trombetta describe su funcionamiento así “lo negociado constituye un paquete único en el que nada de lo que se negocia está acordado hasta que todo está acordado” (Valle, 2007). Por ende, todos los signatarios debían estar de acuerdo para que se le dé fin a esa negociación y no había posibilidades de aceptar parcialmente el paquete de acuerdos.

---

<sup>34</sup> Es una reivindicación secundaria que remite a toda la documentación de la patente. Es la única que no requiere subordinación ni real ni literal respecto a las anteriores. Además, admite dibujos y descripción.

<sup>35</sup> Este acuerdo fue un contrato entre gobiernos de carácter provisional, que facilita la reducción de las barreras al comercio y asegura una mayor igualdad de mercado entre las partes contratantes.

El ADPIC incorporó por primera vez normas sobre la propiedad intelectual en el sistema multilateral de comercio. En términos generales y como ya dijimos, el ADPIC establece los niveles mínimos de protección que cada país signatario ha de otorgar en materia de propiedad intelectual. De acuerdo a la OMC, “pretende establecer un equilibrio entre los beneficios a largo plazo y los posibles costos a corto plazo resultantes para la sociedad”.<sup>36</sup>

Lowenstein (2007:14) comenta que el ADPIC “contempla dos grandes géneros de valores o bienes jurídicos tutelados”: primero, protege y promueve los DPI. Segundo, establece como objetivo, en su artículo 7, que *“la protección y la observancia de los DPI, deberán contribuir a la promoción de la innovación tecnológica, a la transferencia y difusión de la tecnología en beneficio recíproco de los productores y de los usuarios de conocimientos tecnológicos, de modo que favorezcan el bienestar social, económico y el equilibrio de derechos y obligaciones”*.

El ADPIC prevé en su artículo 1.1 los márgenes para que los Estados Miembros determinen, en forma doméstica, la metodología de implementación de la norma, según su propio sistema legal (Lowenstein, 2003). Por esto, Lowenstein (2003) muestra en su trabajo que el ADPIC “contiene “silencios” deliberados y varias “áreas grises””, que como la autora aclara, “fueron el resultado de una difícil negociación”. Estos silencios, como ella los llama, permiten que las legislaciones nacionales den contenido específico a algunas

---

<sup>36</sup> [http://www.wto.org/spanish/thewto\\_s/whatis\\_s/tif\\_s/agrm7\\_s.htm](http://www.wto.org/spanish/thewto_s/whatis_s/tif_s/agrm7_s.htm) (Consultado, mayo 2010).

obligaciones así como también sean parte del equilibrio de derechos y obligaciones dispuestos por el art. 7 del ADPIC.

Trombetta aclara que “muchas de las obligaciones del ADPIC no fueron aceptadas en la mesa de negociación de los grupos sino que fueron tomadas como parte del paquete” (Valle, 2007). Drahos (2004) agrega que la entrada de los DPI a la mesa de negociación estuvo impuesta por presiones de empresas como las farmacéuticas, biotecnológicas e informática para evitar, como ellos denominan, la piratería.

### **3.2.2. Derecho de patentes en ADPIC**

La segunda parte del ADPIC cuenta con normas relativas a la existencia, alcance y ejercicio de los DPI. Está dividido en 8 secciones y cada una trata un tipo distinto de DPI. La sección 5 aborda el tema de patentes.

En particular, en el artículo 27<sup>37</sup> se encuentra reglamentada la materia patentable:

1. (...) *las patentes podrán obtenerse por todas las invenciones, sean de productos o de procedimientos, en todos los campos de la tecnología, siempre que sean nuevas, entrañen una actividad inventiva y sean susceptibles de aplicación industrial. (...) las patentes se podrán obtener y los derechos de patente se podrán*

---

<sup>37</sup> [http://www.angelfire.com/mac/derechomarcario/normativa/adpic/adpic\\_texto.htm](http://www.angelfire.com/mac/derechomarcario/normativa/adpic/adpic_texto.htm)

gozar sin discriminación por el lugar de la invención, el campo de la tecnología o el hecho de que los productos sean importados o producidos en el país.

2. Los Miembros podrán excluir de la patentabilidad las invenciones cuya explotación comercial en su territorio deba impedirse necesariamente para proteger el orden público o la moralidad, inclusive para proteger la salud o la vida de las personas o de los animales o para preservar los vegetales, o para evitar daños graves al medio ambiente, siempre que esa exclusión no se haga meramente porque la explotación esté prohibida por su legislación.
3. Los Miembros podrán excluir asimismo de la patentabilidad:
  - a. los métodos de diagnóstico, terapéuticos y quirúrgicos para el tratamiento de personas o animales;
  - b. las plantas y los animales excepto los microorganismos, y los procedimientos esencialmente biológicos para la producción de plantas o animales, que no sean procedimientos no biológicos o microbiológicos. Sin embargo, los Miembros otorgarán protección a todas las obtenciones vegetales mediante patentes, mediante un sistema eficaz sui generis o mediante una combinación de aquéllas y éste. .

El art. 27 inc.1 precisa que la invención es patentable si se cumplen los tres requisitos subrayados en la norma. También puede apreciarse que no define “*invención*”, lo que da margen a las legislaciones de los distintos países para definirlo como más le convenga. Así, los Estados gozan de la libertad para dictar sus propias normas en tanto no colisionen con las de ADPIC (Bergel, 2009).<sup>38</sup>

Los incisos 2 y 3 entonces, presentan las posibles excepciones de patentabilidad que pueden implementar los Estados miembros. Así, los países pueden excluir de la patentabilidad a “*las plantas y animales...*” como se encuentra subrayado, así como también abre la posibilidad de proteger las obtenciones vegetales mediante distintos tipos de protección.

Argentina, en este punto, optó por tomar las medidas más restrictivas de manera de cuidar el acervo tecnológico y científico. Así como propiciar el uso de la tecnología en vez de dejarla en manos de algunas pocas empresas. Además, busca proteger el material biológico para que siga siendo de libre utilización.

A su turno, en el art. 33 se establece que “*la protección conferida por una patente no expirará antes de que haya transcurrido un período de 20 años contados desde la fecha de presentación de la solicitud*”. Asimismo, aclara que

---

<sup>38</sup> Cabe aclarar, aunque es tema de otros debates, que varios autores opinan que las tendencias internacionales del sistema de propiedad intelectual, conducido por los países desarrollados, intentan elevar las normas mínimas del acuerdo sobre los ADPIC, denominados ADPIC-plus (Vivas-Eugui, 2003; Musungu et al, 2003; Roffe, 2004; Correa, 2004; Lowenstein, 2007).



*“los Miembros que no dispongan de un sistema de concesión inicial podrán establecer que la duración de la protección se computará a partir de la fecha de presentación de solicitud ante el sistema que otorgue la concesión inicial”.* En Argentina, se otorgaban 15 años de protección contando desde su concesión.

Adicionalmente, se le imponen a los solicitantes de patentes (art. 29, ADPIC), que divulguen *“la invención de manera suficientemente clara y completa para que las personas capacitadas en la técnica de que se trate puedan llevar a efecto la invención, y podrán exigir que el solicitante indique la mejor manera de llevar a efecto la invención que conozca el inventor en la fecha de la presentación de la solicitud o, si se reivindica la prioridad, en la fecha de prioridad<sup>39</sup> reivindicada en la solicitud”.* Y se le podrá pedir que facilite información relativa a sus solicitudes y patentes concedidas en el extranjero.

### **3.3. Ley de patentes de Argentina Nº 24.481**

El proceso de sanción de la ley 24.481 tuvo características muy particulares. La abierta confrontación entre el Poder Ejecutivo y el Congreso de la Nación y la presión ejercida por los sectores empresarios del ámbito farmacéutico, sin dejar

---

<sup>39</sup> El Convenio de París para la Protección de la Propiedad Industrial es un tratado firmado por nuestro país, ratificado por la ley 17.011. Cabe destacar que establece que quien hubiere depositado en algún país miembro una solicitud de patente o modelo de utilidad y estuviera interesado en presentar la misma solicitud en algún otro país miembro, tiene derecho a pedir un certificado de prioridad. Dicha prioridad será expedida por la Oficina receptora de dicha primer solicitud y con ella el solicitante podrá presentar la solicitud en cualquier país miembro, invocando dicha prioridad. Entonces cuando se evalúe la novedad de lo propuesto en los países donde se invocó la prioridad, la fecha que tendrán en cuenta será la de la presentación original de la primera solicitud y no la de la presentación en esos países, siempre y cuando dicha segunda presentación se hubiere realizado dentro de 1 año a partir de la presentación original. ([http://www.inpi.gov.ar/templates/patentes\\_preguntas.asp](http://www.inpi.gov.ar/templates/patentes_preguntas.asp) consultado, mayo, 2013)

de mencionar la ejercida por el gobierno de los EE. UU. y, en menor medida, por la Unión Europea, hicieron el trámite complicado y controversial.<sup>4041</sup>

### 3.3.1. Invención y descubrimiento

La ley de patentes 24.481 en el art. 4 inc. a) define que: *“a los efectos de esta ley se considera invención a toda creación humana que permita transformar materia o energía para el aprovechamiento por el hombre”*. Y el art. 6 establece: *“No se considerarán invenciones para los efectos de esta ley: a) Los descubrimientos, las teorías científicas (...)”*.

Como se observa, el paso de la ley 111 a la ley 24.481 trajo aparejado la definición explícita en lo que se considera como invención patentable ya que se excluyó de la materia patentable a los descubrimientos. Esto está explícito en

---

<sup>40</sup> En efecto, a fines de 1994, el Senado de la Nación dio media sanción a un proyecto de ley que modificaba sustancialmente el enviado originalmente por el Poder Ejecutivo. Las modificaciones eran incompatibles con algunas de las normas del ADPIC, que el Congreso iba a aprobar pocas semanas después. La Cámara de Diputados, también, luego de aprobar el ADPIC, le da al proyecto del Senado la media sanción que le faltaba, sin corregirle nada en absoluto y sin ninguna discusión sustancial. A raíz de estas contradicciones manifiestas a un tratado internacional, el Poder Ejecutivo observó y vetó unos 16 artículos de la ley 24.481, total o parcialmente( Decreto 548/95, publicado el 21 de abril de 1995.), con fundamento en la violación a las normas del ADPIC, devolviendo el proyecto al Congreso de la Nación.

El 2 de mayo siguiente -por Decreto 621/95- reglamentó, ratificando el veto, la Ley de patentes 111, el Convenio de París y el ADPIC. No obstante estos contratiempos la ley 24.481 fue publicada el 20 de septiembre de 1995, y promulgada automáticamente por el Poder Ejecutivo. A pesar de la modificación introducida por la ley 24.572, la adecuación al ADPIC aún no era total por lo que el Poder Ejecutivo insistió con los Decretos dictados y el Congreso con una nueva ley, la 24.603, a través de la cual se arrojó facultades reglamentarias exclusivas y facultades judiciales al interpretar la derogación de la ley 111, operada por la ley 24.481. Así una vez más, el Poder Ejecutivo vetó (Decreto 3/96) el artículo 2° de esta última ley, y finalmente, el 22 de marzo de 1996, publicó el Decreto 260/96 que, derogando el Decreto 590/95, reglamenta la ley 24.481 y sus modificaciones.

<sup>41</sup> **Arzuaga, F.** (2009). *“Seminario de Derechos de Patentes”*. Maestría en propiedad intelectual. FLACSO.

los arts. 4.a. y 6, subrayados en el párrafo anterior. A pesar de estar explícito tanto en la LP como en RLP, existen todavía hoy discrepancias e relación a la definición de descubrimiento e invención en la ley.

Montanari *et al* (2012) observaron que en los documentos de patentes se utiliza como estrategia para reivindicar el uso de palabras o frases como “quimérico”<sup>42</sup>, “recombinante”<sup>43</sup> o “construcción de ADN”<sup>44</sup> que dan la idea de “creación humana” y, como lo solicita el art. 4 LP, concuerdan más con la definición de invención ya que es una creación, no una mera observación. Este uso de la palabras revelaría una tendencia en aumento de mostrar “la mano del hombre” en la innovación.

Veamos unos ejemplos más:

Ejemplo 3: la patente concedida P316424 (Nro. de INTA 200002) solicitada el año 1990 por la empresa Ciba-Geigy A.G y concedida en el año 1997. Allí,

---

<sup>42</sup> Proviene de la palabra quimera que significa combinación, en un mismo organismo, de tejidos de constitución genética diferente. <http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&car=q> (consultado en marzo 2014).

<sup>43</sup> La recombinación genética se refiere al proceso por el cual los cromosomas o las moléculas de ADN se cortan y ligan en nuevas combinaciones. Ocurre naturalmente en las células como resultado del intercambio (*crossing over*) entre secuencias de ADN provenientes de cromosomas homólogos durante la meiosis. También se produce durante la integración en el genoma de un gen heterólogo (transgén), bacteriófago o transposón. Aquí la palabra refiere a otra de sus acepciones que es “relacionado o producido por la metodología de ADN recombinante o ingeniería genética”. El proceso es el mismo pero no se produce de forma natural. <http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&car=r> (consultado marzo 2014).

<sup>44</sup> Una construcción genética se refiere a una molécula de ADN obtenida por ingeniería genética y que contiene una serie de elementos genéticos conocidos. Cuando se trata de una construcción genética fabricada para la expresión del gen de interés, también recibe el nombre de "casete de expresión". <http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&car=c> (consultado en marzo 2014).

solicita derechos por “Una secuencia de ADN quimérico caracterizada porque comprende: (...)”

Ejemplo 4: la patente concedida P330171 (Nro. de INTA 200005) solicitada en el año 1994 por Monsanto Company y concedida en el año 1997. Allí se reivindica: “una molécula de ADN de doble filamento, recombinante, caracterizada porque comprende, en secuencia operativa: (...)”

Ejemplo 5: la solicitud de patente *en trámite* P050105470 (Nro. de INTA 450006) solicitada en el año 2005 por la empresa Monsanto que reivindica “una construcción de ADN caracterizada por promotor unido operativamente (...)”

Los ejemplos 3 y 4 muestran la transición, ya que fueron examinados bajo la ley 111 y concedidos con la ley 24.481 en vigencia. Aquí comienza a resonar el uso de palabras como “quimérico” y “recombinante” dentro de la descripción de la reivindicación. Esto mismo ocurre en el ejemplo 1, ya que se observa que en el tercer cambio de estrategia dentro del pliego reivindicatorio se reivindica “Un método para preparar una planta de *Zea mays* fértil y transgénica” utilizando la palabra “transgénica<sup>45</sup>” como muestra del cambio.

Ya en los siguientes ejemplos, y bajo la órbita de ley 24.481, se observa que la estrategia es el uso de palabras o frases como “quimérico”, “recombinante”,

---

<sup>45</sup> Un transgénico se refiere a una planta o animal que porta uno o más transgenes. Un transgen es un gen que es introducido por ingeniería genética en el genoma de una planta o animal, y que se transmite de generación en generación. <http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&car=t> (consultado en marzo 2014).

“construcción de ADN” o “secuencia de ADN sintética”<sup>46</sup> que muestran la idea de “creación humana” y, como lo solicita el art. 4 LP, concuerdan más con la definición de invención ya que es una creación, no una mera observación. Así también al recorrer los ejemplos aumenta la tendencia de mostrar “la mano del hombre” en la innovación.

Bergel (1999) opina que en esta definición la ley “no aporta nada relevante para la inteligencia normativa legal”. Según el autor, para determinar si una invención es patentable “debemos guiarnos por los requisitos positivos y por la delimitación negativa de la invención”, tema que se detallará en el siguiente apartado. Cabanellas (2006a:382), como Bergel, opina que esta definición es “innecesaria pues la propia legislación de patentes establece los componentes jurídicamente esenciales de la invención sin necesidad de recurrir a una definición paralela de la invención”.

Los examinadores del INPI cuentan con directrices para la evaluación de la patentabilidad de una invención (Res. 243/03). Allí se define al descubrimiento como “productos existentes en la naturaleza en cuanto se refieran a hallazgos de materia<sup>47</sup>”, por lo que “no pueden patentarse por el hecho de haber sido aislados o presentados en forma purificada y caracterizados convenientemente, o por el simple hecho de encontrar una nueva propiedad de un artículo o

---

<sup>46</sup> Secuencia de ADN de un gen que es sintetizado químicamente en su totalidad o en la mayor parte de su región codificadora.

<sup>47</sup> Se define a la “materia viva” como célula o conjunto de células libres u organizadas que tiene capacidad de metabolizar y con capacidad de crecer (aumento de la masa, replicación, diferenciación, excitabilidad, entre otras). Además, se considera a la célula como la menor unidad de materia viva, es decir, el límite inferior de la materia viva (Res. 243/03).

material conocido, ya que en dichos casos no existe invención”. Un ejemplo interesante con el que cuentan las directrices es que “el descubrimiento de una secuencia ADN que codifica determinada proteína, no será susceptible de protección ya que constituye un descubrimiento y en consecuencia no se considera invención en el sentido del art. 4 LP”

En cambio, “si una persona aplica esta propiedad en un uso práctico, ha hecho una invención” así que el examinador podrá considerarlo patentable. Aquí, se ejemplifica, de forma aclaratoria, que el “encontrar una sustancia tal como se encuentra en la naturaleza sería un mero descubrimiento y en consecuencia no sería patentable. Sin embargo, si para la obtención de dicha sustancia se desarrolla un proceso, este proceso podría ser patentable” (Res. 243/03).

La Base de datos está llena de este tipo de invenciones, cuyas reivindicaciones intentan proteger una secuencia con un uso práctico específico y el método que utilizaron para obtenerla y transformarla en la planta transgénica. Así como también reivindicaciones de métodos. Por ejemplo:

Ejemplo 6: la patente concedida P960102613 (Nro. de INTA 120003) solicitada en el año 1996 por Board of Trustees of the University of Kentucky. Reivindica métodos y secuencias para obtener una planta de tabaco transgénica resistente a enfermedades mediante la introducción de un constructo que posee la secuencia *Phytophthora elicitor* unida a un elemento que regula la transcripción (inducible por un elicitador o un patógeno) y un promotor funcional.

La secuencia *Phytophthora elicitor* induce, en la planta, a la respuesta hipersensible (HR) que aumenta la resistencia.

Ejemplo 7: la solicitud de patentes desistida voluntaria P990100894 (Nro. de INTA 200009). Solicitada en el año 1999 por Pioneer Hi-Bred International, INC. Reivindica una secuencia de ADN que codifica la proteína (Les22), aislada de *Zea mays*, que cataliza la decarboxilación secuencial de uroporphyrinogen III a coproporphyrinogen III. Además, reivindica un método para obtener plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a patógenos mediante la transformación con un cassette de expresión formado por un promotor inducible por el patógeno más la secuencia codificante antisentido Less22.

Ejemplo 8: la solicitud de patente abandonada P990101422 (Nro. de INTA 200010). Solicitada en el año 1999 por la alianza entre empresa-universidades Mogen Internacional N.V.; Rijksuniversiteit Leiden; Katholieke Universiteit Nijmegen. Reivindica un método para inducir resistencia a patógenos en plantas mediante la transformación con un cassette formado por un promotor inducible por el patógeno más las secuencias codificantes de las enzimas isochorismate synthase y/o isochorismate pyruvate lyase. Estas enzimas inducen la producción de ácido salicílico que activa a la respuesta hipersensible (HR) de la planta. Las secuencias de los genes de las enzimas pueden seleccionarse del siguiente grupo: entC aislado de *Escherichia coli*, orfA de *Pseudomonas fluorescens*, pchA de *Pseudomonas aeruginosa* y ics de *Catharantus roseus* estos genes codifican la isochorismate synthase y orfD

aislado de *Pseudomonas fluorescens* y pchB que codifican la isochorismate pyruvate lyase.

Ejemplo 9: la patente concedida P970104383 (Nro. de INTA 210010). Solicitada en el año 1997 por la empresa Ecogen, INC. Reivindica secuencias de ADN que codifican las proteínas CryET33 y CryET34 aisladas de *Bacillus thuringiensis* kurstaki cepas EG10327, EG2158, EG2159 Y EG11403. Estas proteínas son tóxicas para insectos del orden de los Coleópteros. Además, reivindica los métodos para preparar plantas transgénicas resistentes al ataque de insectos.

### **3.3.2. Características de un invento patentable**

#### **3.3.2.1. Artículo 4 LP: Requisitos de patentabilidad**

Bergel (1999) y Cabanellas (2006a:381) detallan tres grupos de requisitos para la concesión de la patente: primero, *requisitos objetivos* que deben reunirse en la regla técnica y que constituyen el objeto principal de la patente. Segundo, *requisitos subjetivos* que hacen a la calidad del sujeto que efectúa la solicitud. Tercero, *requisitos formales*, que hacen a la documentación que debe agregar el peticionante.

Los requisitos objetivos están contenidos en el artículo 4 LP. Este artículo determina que “*serán patentables las invenciones de productos o de procedimientos, siempre que sean nuevas, entrañen una actividad inventiva y*



sean susceptibles de aplicación industrial". Así sumado al inc. a), el artículo está conformado por los siguientes incisos y sus definiciones:

b) Asimismo será considerada novedosa toda invención que no esté comprendida en el estado de la técnica.

c) Por estado de la técnica deberá entenderse el conjunto de conocimientos técnicos que se han hechos públicos antes de la fecha de presentación de la solicitud de patente o, en su caso, de la prioridad reconocida, mediante una descripción oral o escrita, por la explotación o por cualquier otro medio de difusión o información, en el país o en el extranjero.

d) Habrá actividad inventiva cuando el proceso creativo o sus resultados no se deduzcan del estado de la técnica en forma evidente para una persona normalmente versada en la materia técnica correspondiente.

e) Habrá aplicación industrial cuando el objeto de la invención conduzca a la obtención de un resultado o de un producto industrial, entendiendo al término industria como comprensivo de la agricultura, la industria forestal, la ganadería, la pesca, la minería, las industrias de transformación propiamente dichas y los servicios.

Además de estos requisitos, los examinadores deberán verificar que la invención *“pueda ser llevada a cabo o reproducida por una persona versada en la materia (luego de ser instruida por la solicitud)”*, como lo dice el art. 12 inc. 3 (b) del RLP y el *“carácter técnico”* (art. 12(b) RLP) ya que debe referirse a un problema técnico y tener características técnicas en términos de los cuales el objeto por el cual se solicita protección pueda ser definido en las reivindicaciones (art. 22 RLP).

#### **3.3.2.1.1. Novedad**

Para la Ley de patentes argentina será considerada novedosa toda invención que no esté comprendida en el estado de la técnica, entendiéndose como estado de la técnica al conjunto de conocimientos técnicos que se han hecho públicos antes de la fecha de presentación de la solicitud de patente o, en su caso, de la prioridad reconocida en el extranjero.

Según Cabanellas (2006a:391), el requisito de novedad refleja el uso lingüístico y jurídico del concepto de invención así como también el fundamento económico de las patentes debido a que, para otorgar un derecho exclusivo respecto de una tecnología, el solicitante de la patente deberá aportar un nuevo conocimiento que se incorporará al dominio público una vez expirada la patente. Por lo que, en ausencia de novedad, no existe aporte que justifique el otorgamiento de la exclusividad implícita en la patente.

Bergel (1999:16) opina que “más allá del efectivo conocimiento del producto o procedimiento inventado lo que prevalece es la presunción *jure et de jure* consagrado por la ley, lo que reafirma que nos encontramos ante un concepto legal.”

Zuccherino (1998:71) propone que un “invento es novedoso cuando la relación causa a efecto, entre el medio empleado y el resultado obtenido no era conocida”

Según las directrices de INPI (Res 243/03), la LP no restringe respecto a la ubicación geográfica, idioma o manera en que la información se haya hecho disponible al público, ni tampoco limita la antigüedad de los documentos u otras fuentes de información. El examinador dispone principalmente de documentos de patentes y publicaciones de otro tipo (científica, libros de texto, etc.) para cotejar con la solicitud y determinar la novedad.

Así, una descripción escrita se considerará como puesta a disposición del público si, en la fecha pertinente<sup>48</sup>, era posible para el público tomar conocimiento del contenido del documento sin obstáculos de confidencialidad que restringiese el uso o divulgación del documento. Si el documento a cotejar es una descripción oral y fue puesta a disponibilidad del público antes de la fecha de presentación o prioridad, y aunque el documento haya sido publicado

---

<sup>48</sup> Es decir, antes de la fecha de presentación de la solicitud de patente o de la prioridad reconocida, cuando corresponda.

después de dicha fecha, se deberá considerar a dicho evento como perteneciente al arte previo.

Al comparar lo establecido en el art. 4 LP como novedad respecto a lo definido en los art. 1 y 3 de la ley 111, se puede observar que para la ley actual no sólo depende del resultado obtenido para definir novedad sino que agrega explícitamente el requisito de que la innovación no este comprendida en el estado de la técnica. Durante la ley 111 se buscaba la existencia de antecedentes oponibles pero no estaba manifestado en la ley, Además, se quitó la clasificación que definía lo que era patentable para la ley 111 con lo cual se abarca mejor a todos los campos de la tecnología.

#### **3.3.2.1.2. Actividad inventiva**

La ley considera que una invención tiene actividad inventiva “*cuando el proceso creativo o sus resultados no se deduzcan del estado de la técnica<sup>49</sup> en forma evidente para una persona normalmente versada en la materia técnica correspondiente” (art. 4 inc. d LP) como se mostró en el apartado anterior.*

Zuccherino (1998:73-74) comenta que durante la ley 111 se consideraba al mérito inventivo no como una condición de patentabilidad sino, que en algunas circunstancias, “como un determinante por el cual se concede la patente”.

---

<sup>49</sup> Cabanellas señala que la definición de estado de la técnica (art. 4c LP) se aplica en todos los casos en que la ley se refiere a dicho estado (Cabanellas, 2006:402).

Además, agrega que el mérito “se configura en base a dos elementos: el estado de la técnica y la persona experta en la técnica en cuestión<sup>50</sup>”.

Distintos autores opinan que a la hora de evaluar este requisito el enfoque utilizado por la ley argentina actual es objetivo y se basa en las diferencias que existan entre la invención y el estado de la técnica preexistente (Cabanellas, 2006a:403; Res 243/03).

Aunque, Cabanellas (2006a:410) agrega que “resulta difícil, si no imposible” hacer una caracterización de la “forma evidente” a la que se refiere el art. 4d debido a que se efectúa cuando ya el inventor ha proporcionado una solución al problema técnico por lo que, para el autor, “muchas cosas que parecen obvias no lo serían si se debiera resolver el problema técnico sin tener a la vista la solución”. Asimismo, Bergel (1999:20) agrega que “la altura inventiva es difícilmente aprehensible” ya que a menos que sea un salto tecnológico es difícil precisarla.

Es importante tener en cuenta, entonces, que novedad y actividad inventiva son criterios diferentes. La novedad existe si hay cualquier diferencia entre la invención y el arte previo. En cambio, la valoración de la altura inventiva se efectúa con la técnica en su conjunto (Bergel, 1999:22; Res 243/03).

---

<sup>50</sup> Es una figura ficticia a la que se recurre con el propósito de obtener un parámetro objetivo que permita distinguir la actividad verdaderamente inventiva de la que no lo es (Zuccherino, 1998:74).

Como regla general, cuando una reivindicación combina características técnicas, “no es correcto argumentar que las características técnicas de la combinación tomadas cada una por separado son conocidas u obvias y que *por lo tanto* toda la materia reivindicada es obvia”. Salvo que no haya relación funcional u obligada entre las características de la combinación (Res. 243/03).

De acuerdo a las directrices de INPI (Res 243/03) la cuestión a considerar es, respecto a cualquier reivindicación que defina a la invención a la fecha de prioridad, o presentación, de esa reivindicación si “el estado de la técnica hasta ese momento, hubiera sido obvio<sup>51</sup> para una persona normalmente versada en la materia arribar a una conclusión comprendida en los términos de la reivindicación”. Si fuera así, la reivindicación no entraría dentro de la categoría inventiva. Así, el examinador evalúa el mérito inventivo de una solicitud en tres etapas principalmente (Res 243/03):

- 1) *Determina el arte previo más cercano: es la combinación de características que derivan de una sola referencia que proporciona la mejor base para considerar la cuestión de obviedad.*

---

<sup>51</sup> Refiere a aquello que no va más allá del progreso tecnológico normal sino simple o lógicamente surge del arte previo.

- 2) *Establecer de forma objetiva el “problema técnico”<sup>52</sup> a resolver: estudiando la solicitud, el arte previo más cercano y sus diferencias, en términos de características técnicas estructurales o funcionales.*
  
- 3) *Considerar si la invención reivindicada hubiese sido obvia o no para una “persona versada en la materia”<sup>53</sup> a partir del arte previo más cercano y del problema técnico.*

Además, a la hora de evaluar la actividad inventiva, el examinador “podrá combinar la divulgación de dos o más documentos o partes de documentos, diferentes partes de un mismo documento u otras informaciones del arte previo, pero sólo donde tal combinación habría sido obvia para la persona normalmente versada en la materia a la fecha efectiva para la reivindicación bajo examen”. Pero también, “deberá considerar todo lo que es conocido respecto al contenido de la invención y dar un valor justo a los argumentos relevantes o evidencia propuesta por el solicitante” (Res 243/03).

Como se mostró en apartados anteriores, la ley 111 no consideraba a la actividad inventiva como uno de los requisitos necesarios para que una invención sea patentable. A pesar de la dificultad que genera a la hora de evaluar este requisito, la ley actual, lo ha especificado y por tanto sumado a los requisitos de patentabilidad, en línea con el ADPIC.

---

<sup>52</sup> La expresión “problema técnico” deberá interpretarse ampliamente; ella no significa necesariamente que la solución es una mejora técnica respecto al arte previo.

### 3.3.2.1.3. Aplicación industrial

La aplicación industrial es el último requisito exigido por la ley de patentes para considerar a una invención patentable. Para la ley este requisito se constata si la invención conduce, como se mencionó anteriormente, *“a la obtención de un resultado o de un producto industrial, entendiendo al término industria como comprensivo de la agricultura, la industria forestal, la ganadería, la pesca, la minería, las industrias de transformación propiamente dichas y los servicios”* (art 4 inc. e LP).

Para Zuccherino (1998:74-75), citando a Gama Cerqueira, el objetivo del uso de la expresión industria es excluir a las “creaciones intelectuales puramente científicas, literarias y artísticas”. El autor aclara que “cuando los medios son incapaces de actuar como causa de un efecto no producen un resultado, no hay resultado industrial” por lo que concluye que la invención “debe ser utilizable o realizable en la práctica” como parte de los requisitos.

Bergel (1999:23) considera que la invención debe pertenecer al campo industrial y supone que esta actividad persigue la satisfacción de las necesidades humanas, a través de la mano del hombre. Asimismo, aclara que el carácter industrial tiene por “objeto la actuación del hombre sobre las fuerzas de la naturaleza”.

---

<sup>53</sup> Debe entenderse como un técnico común, informado del conocimiento general y común en el estado de la técnica a la fecha pertinente, con acceso a todo lo comprendido en el estado del arte.



Por su parte Cabanellas (2006a:413) estima que la definición legal es de limitada utilidad ya que es un concepto opaco. Agrega que este requisito “constituye uno de los aspectos más defectuosamente elaborados de la doctrina comparada” debido a que no hay una “determinación abstracta internacionalmente de las condiciones de que desde la perspectiva [industrial] deba cumplir las invenciones patentables”.

Las directrices del INPI consideran que la aplicación industrial se obtiene si la invención puede reproducirse o utilizarse en cualquier campo de la industria<sup>54</sup>. Así, el art. 4 inc. e) LP excluye de la patentabilidad muy pocas invenciones que no estén ya excluidas por los arts. 6 y 7 LP y reglamento (Res. 243/03).

Al analizar la colección de documentos que contiene las Base de datos, y particularmente en este campo tecnológico, se pueden distinguir distintos ejemplos donde se observa la aplicación industrial (subrayada en cada uno). Así, por ejemplo:

Ejemplo 10: Solicitud de patentes desistida voluntaria P980100111 (Nro. de INTA 210017). Solicitada en el año 1998 por la alianza entre Agricultural Genetoc Engineering Research Institute (AGERI) y University Wyoming. Reivindica una secuencia de ADN que codifica para una proteína Cry1I aislada de *Bacillus thuringiensis* C-18. Esta proteína es un insecticida de amplio rango

---

<sup>54</sup> Industria en un sentido amplio incluye cualquier actividad física de "carácter técnico" y no necesariamente implica el uso de una máquina o la fabricación.

contra insectos, nematodos y en especial contra el Escarabajo pulga. Además reivindica los métodos de aislamiento y purificación.

Ejemplo 11: solicitud de patentes desistida forzosa P980105638 (Nro. de INTA 220005). Solicitada en el año 1998 por la empresa Rhone-Poulenc Agro. Reivindica una secuencia de ADN que codifica al péptido Thanatin, aislado del *Psodius maculiventris* adulto, que posee actividad antifúngica contra un amplio rango de hongos. Ejemplo 12: solicitud de patentes abandonada P000102085 (Nro. de INTA 310003). Solicitada en el año 2000 por la empresa Syngenta Limited. Reivindica una secuencia de ADN genómica que codifica una EPSPS salvaje aislada de *Oryza sativa* y mutante que le confiere a la plantas resistencia al glifosato. Construcción de un cassette de expresión compuesto por uno o dos *enhancers* (de poliubiquitina de maíz y actina de arroz) que aumentan la expresión del promotor, el promotor, el péptido de tránsito a cloroplastos, la secuencia codificante (con dos mutaciones puntuales) y el terminador de transcripción del gen EPSPS de *Oryza sativa*.

Ejemplo 13: patente concedida P990101399 (Nro. de INTA 420010) solicitada en el año 1999 por la empresa Dow Agrosience LLC. Reivindica un método para obtener una planta con niveles alterados de ácidos grasos saturados introduciendo un constructo que posee un elemento regulador promotor, un fragmento de una secuencia de ADN que codifica una palmitoil-CoA delta-9 desaturasa aislada de *Aspergillus* y una secuencia de terminación transcripcional.

Como se puede observar en las frases subrayadas de los ejemplos, la aplicación industrial de este tipo de invenciones se relaciona con el objetivo a cumplir por la invención. Además, la aplicación de estas invenciones van en línea con las necesidades del mercado así como la reproducibilidad que debe cumplir para ser patentable.

### **3.3.2.2. Exclusiones de la patentabilidad**

#### **3.3.2.2.1. Artículo 6: No son invenciones**

El artículo 6 tiene un total de 7 incisos<sup>55</sup>, la mayoría referidos a creaciones del intelecto que no se consideran invención porque no poseen los requisitos de novedad o aplicación industrial (Zuccherino, 1998:76). La enumeración es meramente ejemplificativa ya que resulta imposible e innecesario hacer una enumeración exhaustiva (Bergel, 1999:25; Cabanellas, 2006a:424). Entre otros, los supuestos más relevantes para esta tesis encontramos:

- a) Los descubrimientos, las teorías científicas y los métodos matemáticos;
  
- g) Toda clase de materia viva y sustancias preexistentes en la naturaleza.

---

<sup>55</sup> Se subrayan los incisos relevantes para esta tesis.

Respecto a este último inciso, las directrices del INPI aclaran que esto es así aunque hayan sido purificadas, aisladas y/o caracterizadas, y serán tomados como descubrimientos y, en consecuencia, no serán patentables.

Según el reglamento del art. 6, “*no se considerará invenciones a las plantas, los animales y los procedimientos esencialmente biológicos para su reproducción*”. De esta manera están excluidos de la protección por no ser invenciones, en virtud del artículo 6 g) de LP y RLP y la resolución 243/03:

- a) Las plantas, sus partes y componentes que puedan conducir a un individuo completo sean o no modificados. Se incluyen las especies y variedades vegetales.
- b) Los animales y sus partes que puedan conducir a un individuo completo sean o no modificados. Se incluyen especies y razas animales.
- c) Los procedimientos esencialmente biológicos para reproducción o producción (obtención) de plantas o animales.

En Argentina, las variedades vegetales no son patentables pero se protegen a través de un sistema “*sui generis*” que se denomina “Derecho de Obtentor” previsto en la Ley N° 20.247 de Semillas y Creaciones Fitogenéticas y el

Convenio UPOV<sup>56</sup>, Acta 78 aprobado por Ley N° 24.376 al que está suscripto nuestro país.

Los “*procedimientos esencialmente biológicos*” se refieren a una serie de pasos que permiten la obtención o reproducción de plantas o animales, que se cumplen fundamentalmente por acción de fenómenos propios y existentes en la naturaleza. Así, para que un examinador determine si un *procedimiento es esencialmente biológico* deberá evaluar el aspecto técnico del proceso y determinar si la intervención técnica del hombre juega un rol importante en el resultado. Si esto se confirmara, se podrá considerar que tiene naturaleza técnica y por lo tanto será patentable.

Por ejemplo, los procedimientos clásicos de cría o mejoramiento no serán patentables pero los métodos basados en ingeniería genética, donde la intervención técnica es significativa, podrán ser patentables. (Res 243/03).

Cabe aclarar que la exclusión del art. 6 RLP, no se aplica a “*procedimiento microbiológico*”<sup>57</sup>. Estos serán patentables aunque el microorganismo utilizado, el producto resultante o ambos estén ya patentados y siempre que el mencionado proceso cumpla con los requisitos establecidos y exclusiones de los art. 4 LP, arts. 6 y 7 LP y RLP.

---

<sup>56</sup> Para ser admisible su protección, las variedades han de ser: i) distintas de las actuales variedades comúnmente conocidas; ii) suficientemente uniformes; iii) estables; y iv) nuevas, en el sentido de que no deben haber sido comercializadas antes de determinadas fechas establecidas por referencia a la fecha de la solicitud de protección. (Clase de Cuestiones Agroambientales en propiedad intelectual. Lowenstein, 2009)

<sup>57</sup> Se refiere, a los procesos industriales que utilizan, se aplican a, o resultan en microorganismos.

En cambio, las reivindicaciones de *producto*, cuyo producto sea la planta o animal no serán permitidas incluso cuando los mismos sean producidos por medio de un *procedimiento microbiológico*, ya que la exclusión opera independientemente de la manera en que se producen. Así, por ejemplo, se excluirán de la patentabilidad a las plantas y a los animales que contienen genes introducidos a través de la tecnología del ADN recombinante (Res 243/03) que puede involucrar procedimientos microbiológicos, por ejemplo, la transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens*<sup>58</sup> utilizada para la obtención de plantas transgénicas. El siguiente ejemplo da cuenta de esta situación:

Ejemplo 14: la patente concedida P960103618 (Nro. de INTA 300004). Solicitada en 1995 por la empresa Rhone-Poulenc Agrochimie. Reivindica secuencias regulatorias: promotor más la región 5' no codificadoras de genes de histona vegetal tipo H3.3 (denominada intrón 1) aislados de *Arabidopsis thaliana* y *Zea mays* que permite la expresión de genes en regiones de la planta de crecimiento rápido. Construcción génica que contiene las secuencias regulatorias y de direccionamiento unidas a un gen quimérico que codifica una EPSPS modificada para la obtención de plantas transgénicas resistentes a Glifosato. Transformada con la técnica de *Agrobacterium*. Se puede observar en el expediente que durante el proceso de aprobación del mismo la

---

<sup>58</sup> *Agrobacterium tumefaciens*, una bacteria que vive en el suelo e infecta a un amplio rango de plantas causando la formación de tumores. Esta bacteria posee la capacidad de transferir parte de su ADN a las células vegetales. Este proceso natural es aprovechado por los investigadores para transferir genes de interés a las plantas. Para ello, primero los científicos trabajan reemplazando la secuencia original de ADN-T que porta los genes responsables de la formación de tumores, por otra secuencia nueva con el

reivindicación número 22 lee “célula vegetal transformada, caracterizada porque contiene un gen quimérico según reivindicación 9 a 19” y la reivindicación número 23 dice “planta o parte de planta transformada, que se ha obtenido a partir de una célula según reivindicación 22”. Ambas reivindicaciones fueron eliminadas por el examinador durante el examen de fondo.

### **3.3.2.2.2. Artículo 7: Invenciones no patentables**

El artículo 7 LP enumera las invenciones, que a pesar de cumplir con los requisitos, no se consideran patentables por razones éticas y de orden público. Cabanellas (2006a:476) agrega que este artículo está estrechamente relacionado con el artículo 6, estudiado en el apartado anterior.

Los dos incisos que refieren a este artículo de la ley son los siguientes:

- a) *Las invenciones cuya explotación en el territorio de la REPUBLICA ARGENTINA deba impedirse para proteger el orden público o la moralidad, la salud o la vida de las personas o de los animales o para preservar los vegetales o evitar daños graves al medio ambiente;*
  
- b) *La totalidad del material biológico y genético existente en la naturaleza o su réplica, en los procesos biológicos implícitos en la*

reproducción animal, vegetal y humana, incluidos los procesos genéticos relativos al material capaz de conducir su propia duplicación en condiciones normales y libres tal como ocurre en la naturaleza.

Bergel (1999:36) citando a Fernández Novoa, refiere que la expresión “explotación del invento” se entiende partiendo de que la invención es una “simple regla técnica producto de una creación intelectual”, que se manifiesta en el momento de la explotación y es cuando se “debe analizar la compatibilidad con el orden público y las buenas costumbres”.

Por su parte el examinador debe verificar en la descripción, reivindicaciones y dibujos si ellos contienen materia prohibida. Es suficiente que se realice un examen superficial para asegurar que la solicitud no contenga declaraciones contrarias al orden público, propaganda discriminatoria racial, religiosa o similar, o actos delictivos y materia obscena.

El inciso b) tiene su origen en el art. 53 párrafo b) de la Convención Europea de Patentes y el art. 27 3 b) del ADPIC.

Cabanellas (2006a:479) observa que no habría posibilidad de patentamiento de los “*procesos biológicos preexistentes en la naturaleza*” ya que se estaría frente a simples descubrimientos excluidos por el artículo anterior. Citando a Correa, agrega que la idea es “limitar la excepción de patentabilidad a métodos de tradicionales de reproducción y mejoramiento, manteniendo la obligación de



proteger invenciones basadas en manipulación de células o transferencias de genes, por ejemplo”. Asimismo, refiriéndose a los “*procesos genéticos relativos a...*” opina que es otra forma de expresar procesos biológicos con lo cual nada agrega la frase a la disposición.

Bensadón (2007:125) comenta que si la influencia del hombre es decisiva, entonces el proceso tendrá naturaleza técnica y será patentable. Y agrega, que esta interpretación fue aceptada por algunos tribunales.

Respecto al material genético, su patentamiento depende de si las secuencias genómicas son o no preexistentes en la naturaleza y si reúne los requisitos del art. 4 LP. Lo mismo ocurre con los procedimientos de obtención, aislamiento, producción o aplicación de genes o material genético. La problemática que surgía, comenta Cabanellas, era que las invenciones biotecnológicas cumplieran con el requisito de aplicación industrial. El derecho argentino resolvió que este requisito estará satisfecho si se materializa la regla técnica patentada y su utilización en actividades económicas (Cabanellas, 2006a:481).

Como puede observarse en la Base de Datos, todos los documentos de patentes identificados y analizados para esta tesis pudieron ser clasificados en distintos grupos (ver capítulo metodológico) que se corresponden con la utilización del objeto inventivo que se pretende patentar o se ha patentado, dependiendo el estado de tramitación del documento. Allí puede apreciarse la cuestión de la aplicación industrial.

Asimismo, Whitthaus (2006a:490) opina que es coherente que una secuencia de ADN que no posea una función determinada no sea patentable por su falta de aplicación industrial pero plantea que existe una “desprotección” para aquellas plantas que no cumplan con los requisitos del derecho de obtentor. Sin embargo, esta “desprotección” jurídica que plantea la autora, estaría corregida desde el punto de vista técnico por el uso de la tecnología de híbridos que produce semillas con notoria baja de calidad y rendimiento lo que no propicia su uso.

Por su parte, las directrices del INPI (Res 243/03) en forma textual establecen que “en consecuencia no son patentables: El material biológico y genético existente en la naturaleza. La réplica de material biológico y genético existente en la naturaleza. Los procesos biológicos implícitos en la reproducción animal, vegetal y humana”. Y agrega “los procesos genéticos relativos al material capaz de conducir a su propia duplicación en condiciones normales y libres tal como ocurre en la naturaleza”.

Respecto de la redacción tanto del art. 7 inc. b LP como de las directrices, Witthaus opina que la primera es un “ejemplo de mala redacción donde resulta ininteligible lo que realmente se quiso expresar” refiriéndose al inc b. En relación a las directrices plantea una teoría sobre un problema en la subordinación. La autora interpreta que el art. 7 b LP “alude a la totalidad del material biológico y genético preexistente, y después a su réplica en los procesos (...)” En cambio, las directrices, opina Whitthaus (2006a: 487-488), usaron el mismo texto de la ley pero cortando la oración, con lo cual se dejó de

lado la subordinación existente y por ende se amplía el número de exclusiones previstas en la ley.

El estudio de las solicitudes de patentes presentes en el anexo 1, muestra que en todas se presentan reivindicaciones que solicitan derechos sobre células vegetales, plantas, semillas, componentes vegetales, etc. (Montanari, 2012) a pesar de la exclusión planteada en el art. 7 b).

En el trabajo de Montanari (2012) se citan ejemplos, explicitados más abajo, de solicitudes de patentes donde la estrategia utilizada por los solicitantes fue redactar distintas reivindicaciones en las que se intenta la apropiación de partes de la planta: “célula huésped” “célula vegetal” “protoplasto” “componente vegetal de la planta” “semilla”, la planta completa o una planta específica como, por ejemplo, “una vid regenerada”. El trabajo de Montanari (2012) es una muestra de los formatos más utilizados para solicitar derechos sobre el material vegetal. Los formatos de este tipo reivindicaciones pueden estar asociados a que muchas de estas solicitudes provienen de países donde se permite el patentamiento de plantas y, al traducir la solicitud para la presentación en Argentina, los solicitantes no se ocupan de adaptar estas reivindicaciones a la normativa de este país. También ocurre a que las solicitudes de patentes nacionales se las prepara para presentar en nuestro país y en el extranjero con lo cual, preparan los contenidos adaptados a las normativas extranjeras donde se aspira a obtener derechos. Así, en muchos casos se observan vistas que

corren en el EPT<sup>59</sup> donde se advierte esta irregularidad para su posterior análisis y definición de prohibición (o exclusión de las reivindicaciones) dentro del ETF.

Algunos ejemplos de la situación señalada en el párrafo anterior son:

Ejemplo 15: la patente concedida P310889 (Nro. de INTA 210003) que tiene como fecha de presentación año 1988 y año de concesión 1999 de la empresa Novartis AG muestra como reivindicación 1: “un protoplasto o célula vegetal derivada del protoplasto de *Zea mays* capaz de regenerar plantas de *Zea mays* fértiles”.

Ejemplo 16: la solicitud de patente desistida P010101009 (Nro. de INTA 200019) solicitada en el 2001 por Syngenta Participations A.G. que reivindica: “una célula huésped que comprende el gen quimérico de la reivindicación 11 (...); otra reivindicación dice “una planta que comprende un gen (...)” y “semilla de la planta de la reivindicación 14.”

Ejemplo 17: la solicitud de patente desistida P980105319 (Nro. de INTA 430009) solicitada en el 1998 por Ajinomoto CO., INC. reivindica: “una planta, la cual es transformada con el gen quimérico definido en cualquiera de (...)”

---

<sup>59</sup> Uno de los objetivos más importantes de EPT es procurar una correcta publicación de: a) la información técnica: título, resumen y clasificación internacional; b) datos bibliográficos de la solicitud: nombre del solicitante y/o inventor, domicilio, datos de prioridad, datos de depósito de microorganismos, tipo de solicitud, etc (Res 243/03).

Ejemplo 18: la solicitud de patente abandonada P000102326 (Nro. de INTA 200015) solicitada en el 2000 por University of Florida reivindica: “una vid regenerada de una célula o grupo de células que se han seleccionado (...)”, en otra “la planta de vid regenerada de acuerdo con (...)”, “un componente vegetal de la planta de acuerdo con la (...)”

Cabe aclarar que esta exclusión, que bajo la ley de patentes actual se explicitó, también estaba en la ley 111, que no permitía la patentabilidad de materia viva. Y se puede observar en las fechas de los ejemplos que aporta la Base de Datos que los solicitantes utilizan este tipo de estrategia de reivindicación para solicitar derechos bajo la vigencia de cualquiera de las dos leyes.

Al comparar la ley 111 con la actual, varía considerablemente el objeto no patentable. Por ejemplo, existen productos como las composiciones farmacéuticas que no eran patentables y ahora sí lo son y otros como el material biológico y genético preexistente en la naturaleza que ahora no es patentable y antes no estaba contemplado.

### **3.3.3. Reivindicaciones**

Actualmente, la Ley de Patentes 24.481 y su reglamento, en sus artículos 11, 20 y 22 describe a la reivindicación y la memoria descriptiva<sup>60</sup>, sus límites, formatos y definiciones, a saber:

---

<sup>60</sup> Ligada fuertemente a las reivindicaciones como se verá más adelante.

El artículo 11 LP define que “el derecho conferido por la patente estará determinado por la primera reivindicación aprobada, las cuales definen la invención y delimitan el alcance del derecho. La descripción y los dibujos o planos, o en su caso, el depósito de material biológico servirán para interpretarlas”.

Por su parte, el artículo 20 LP dice que “la invención deberá ser descrita en la solicitud de manera suficientemente clara y completa para que una persona experta y con conocimientos medios en la materia pueda ejecutarla. Asimismo, deberá incluir el mejor método conocido para ejecutar y llevar a la práctica la invención, y los elementos que se empleen en forma clara y precisa”.

Y el artículo 22 LP expresa que “las reivindicaciones definirán el objeto para el que se solicita la protección, debiendo ser claras y concisas. Podrán ser una o más y deberán fundarse en la descripción sin excederla”. Y agrega que, “la primera reivindicación se referirá al objeto principal debiendo las restantes estar subordinadas a la misma”.

Asimismo, el reglamento del artículo 22 especifica el formato y contenido de las reivindicaciones:

- a) *un preámbulo o exordio indicando desde su comienzo con el mismo título con que se ha denominado la invención, comprendiendo a continuación todos los aspectos conocidos de la invención surgidos del estado de la técnica más próximo;*

- b) *un parte característica<sup>61</sup> en donde se citarán los elementos que establezcan la novedad de la invención y que sean necesarios e imprescindibles para llevarla a cabo, definatorios de lo que se desea proteger;*
- c) *si la claridad y comprensión de la invención lo exigiera, la reivindicación principal, que es la única independiente, puede ir seguida de una o varias reivindicaciones haciendo éstas referencia a la reivindicación de la que dependen y precisando las características adicionales que pretenden proteger. De igual manera debe procederse cuando la reivindicación principal va seguida de una o varias reivindicaciones relativas a modos particulares o de realización de la invención.*

Moncayo (1999:115) ha hecho notar que es “importante para el público en general y para los competidores en particular, conocer el alcance de los derechos exclusivos del titular de la patente”. Personalmente creo que este es el rol más importante que cumplen las reivindicaciones.

Distintos autores han considerado y expuesto sus interpretaciones sobre estos artículos. Así, Cabanellas (2006b:539) considera sobre el art. 11 LP debe ser interpretado junto al art. 22 LP ya que este artículo es el que establece el contenido y relación de las reivindicaciones. Además, advierte dentro del art. 11 la expresión “*las cuales*” no es correcta debido a que la frase precedente hace

---

<sup>61</sup> Separa claramente del preámbulo o exordio por una expresión tal como “*caracterizado por*”, o similar

referencia sólo a la primera reivindicación. Por lo que, el art. 11, con “defectuosa técnica” dice el autor, “establece la manera en que los distintos elementos de la patente determina la extensión y los derechos patentados”.

Respecto al art. 20 LP, Noir (2006:566) considera que si bien la invención debe “leerse sobre las reivindicaciones”, y estas deben ser autosuficientes, la memoria descriptiva debe apoyar y justificar a las reivindicaciones. La autora, también critica el texto reglamentario del art. 22 diciendo que el inc. “a) y b) supra es errado”. Contrario a lo que dice el inciso a) RLP en relación a la definición del exordio, Noir (2006:571) propone que simplemente indica “el objeto de la solicitud” lo que lo hace coincidir con el título de la patente pretendida. Según comenta la autora, en la práctica local y la comparada, el exordio no cuenta con *“todos los aspectos conocidos de la invención surgidos del estado de la técnica más próximo”*. Asimismo, tanto Cabanellas (2001:189) como Noir (2006:573) afirman que la mención de la novedad del inc. b) RLP no es necesaria ya que este requisito hace patentable pero no operativa a la invención. La operatividad, propone Noir, es la “característica substancial” ya que el uso de substancia será lo que se reconoce como infracción por parte de un tercero una vez patentada la invención a proteger.

Alvarez (1999:99) opina que el art. 22 LP implica que las reivindicaciones deben especificar el invento por si solas, sin la ayuda de otros elementos técnicos. Sin embargo agrega que el art. 11 LP se utiliza en caso de duda y tanto la descripción como los dibujos sirven para interpretarlas. Así la autora concluye que “no necesariamente la reivindicación define estrictamente el límite



de la protección”. Asimismo, al no poder exceder la descripción, como continúa diciendo el art. 22LP, Alvarez considera que esto “limita la ampliación excesiva de la protección pedida”.

Moncayo (1999:116) nota que en numerosos países, entre ellos Argentina, las reivindicaciones constituyen la parte jurídicamente más importante de una solicitud de patentes ya que define la invención y los alcances del derecho. El autor cita un manual de la OMPI<sup>62</sup> donde aclara que la memoria descriptiva “manifiesta el legítimo interés del inventor de obtener la protección lo más amplia posible” por lo que las reivindicaciones limitan la invención del estado de la técnica anterior.

Sin embargo, al estudiar las solicitudes de patentes para construir la Base de datos, se destaca el gran número de reivindicaciones que pretenden abarcar mucho más de lo que se puede proteger de acuerdo a la ley. Para ejemplificar: se puede observar la existencia de un alto porcentaje de solicitudes de patente que poseen reivindicaciones que solicitan derechos por la secuencia de ADN específica y por secuencias con un determinado porcentaje de homología, similitud o identidad. En el trabajo de Montanari (2012) se muestran ejemplos, explícitos más abajo, donde la estrategia utilizada por los solicitantes de derechos es reivindicar una secuencia definida, descrita y caracterizada en el cuerpo de la memoria descriptiva de la presentación y siguen o acompañan dentro de la misma reivindicación una serie de frases como una molécula de

---

<sup>62</sup> “Manual para el examen de solicitudes de patentes para Argentina, Uruguay, Paraguay y Chile”. OMPI (1989).

ácido nucléico que comprende una secuencia de ácido nucléico que codifica en al menos 95 % de identidad a la secuencia id no: 2<sup>63</sup>, acompañada de reiteradas reivindicaciones con similar formato que solicitan derechos sobre secuencias similares. En el renglón tecnológico descrito en esta tesis se observa que esta práctica comienza a ser utilizada más frecuentemente alrededor del año 2000 y perdura hasta la actualidad.

Ejemplo 19: la patente concedida P316424 (Nro. de INTA 200002) solicitada en 1990 por la empresa Ciba-Geigy A.G. y concedida en 1997 reivindica “una secuencia de ADN quimérico caracterizada porque comprende: (a) una primera secuencia de ADN que promueven una planta a la transcripción constitutiva de una segunda secuencia de ADN, y b) una segunda secuencia de ADN que comprende una secuencia codificadora de una proteína inducible en plantas, relacionadas con la patogénesis, o una secuencia codificadora que tiene una sustancial homología de secuencia con una secuencia codificadora de una proteína inducible en plantas (...)”.

Ejemplo 20: la patente concedida P000102140 (Nro. de INTA 210034) presentada en el año 2000 por la empresa Monsanto Technology LLC y concedida el año 2010. Solicitaba los siguientes derechos: “un polipéptido aislado caracterizado porque comprende 15 aminoácidos contiguos e la seq id no: 2, al menos 15 aminoácidos de la seq id no: 4 (...)” en otra reivindicación “el polipéptido de la cláusula 1 caracterizado porque comprende al menos 30

---

<sup>63</sup> Solicitud de patente en trámite P020101372 “Sistemas de policetido sintetasa de ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) y uso de los mismos” solicitada en el 2002 por Martek Biosciences Corporation (ver Anexo 1).

aminoácidos contiguos de la seq id no: 2, al menos 30 aminoácidos contiguos de la seq id no: 4 (...)" . Siguen 19 reivindicaciones con el mismo estilo.

Ejemplo 21: la solicitud de patente desistida P000101894 (Nro. de INTA 200014) solicitada en el 2000 por Pioneer Hi- Bred International, INC. que reivindica: "un polipéptido aislado caracterizado porque comprende un miembro seleccionado entre: a) un polinucleótido que codifica un polipéptido de las seq id no: 2 ó 4; (...) c) un polinucleótido que comprende por lo menos 20 bases contiguas de las seq id no: 1 ó 3; (...) e) un polinucleótido que posee por lo menos un 70 % identidad de secuencia con las seq id no: 1 ó 3 (...)" . Siguen 3 reivindicaciones del mismo estilo.

El ejemplo 19 corresponde a una patente concedida bajo los estándares de la ley 111 y se puede apreciar que reivindica una secuencia que "tiene una sustancial homología de secuencia" con otra secuencia de la misma clase. Aquí la apropiación de las secuencias homólogas se hace de manera sutil.

Ya en los ejemplos 20 y 21, bajo de la LP 24.481, se puede notar que la estrategia utilizada por los solicitantes de derechos es reivindicar una secuencia definida, descripta y caracterizada en el cuerpo de la memoria descriptiva de la presentación y siguen o acompañan dentro de la misma reivindicación una serie de frases, como las remarcadas en los ejemplos señalados, y reiteradas reivindicaciones con similar formato que solicitan derechos sobre secuencias similares. Aquí ya no se hace de forma sutil y tiende a hacerse cada vez más explícito.

Este tipo de estrategias de reivindicación amplían sustancialmente el alcance de la patente ya que aquí el solicitante no sólo estaría pretendiendo la protección por la secuencia de ADN que es objeto de la invención, sino también para muchísimas secuencias similares, que en la mayoría de los casos cumplen la misma función pero no están caracterizadas ni descritas dentro de la memoria descriptiva. Además, como se dijo antes, esta práctica comenzó a ser más utilizada en el 2000 bajo la vigencia de la LP 24.481, con lo cual además no se ajustaría a la norma ya que iría en contra de los principios de claridad y suficiencia de descripción que exigen los art 20 y 22 de la ley.

Referido a las reivindicaciones biotecnológicas, Sanchez Echagüe (2009) analiza el requisito de suficiencia de las reivindicaciones en distintos campos de la ciencia. Al referirse al “requisito de soporte”, como él lo denomina en el trabajo, respecto a invenciones biotecnológicas, el autor crítica el alcance de las reivindicaciones que pretende la Oficina de Patentes de INPI y su postura restrictiva respecto de la patentabilidad de esta tecnología.

Esta opinión es compartida en su mayoría por los agentes de propiedad industrial que buscan que las invenciones de sus clientes se protejan lo más ampliamente posible. Aquellos que deben realizar políticas públicas velando por el equilibrio de intereses de todos los sectores, acuerdan que la postura restrictiva del INPI favorece a la investigación y el desarrollo de la industria.

Las directrices del INPI indican que el examinador “no debe tener en cuenta la forma o clase de reivindicación, sino concentrarse en su contenido de modo de

identificar la contribución técnica real que el objeto reivindicado agrega al arte previo, considerado en su conjunto”. Además, para el caso de reivindicaciones metodológicas deberán ser definidas a través de una serie ordenada de etapas y parámetros operativos (Res 243/03).

A la hora de evaluar una reivindicación, los examinadores deben tener en cuenta que el exordio o preámbulo “deberá contener una indicación de la designación del objeto de la invención que se pretende proteger con dicha reivindicación” Las directrices aclaran que la frase “*todos los aspectos conocidos de la invención surgidos del estado de la técnica más próximo*” se aplica a reivindicaciones independientes<sup>64</sup> y no a reivindicaciones dependientes<sup>65 66</sup>.

Al continuar la evaluación, los examinadores deben valorar la parte característica de una reivindicación definida en el art. 22 inc. b) RLP, que como se mencionó antes puede comenzar una frase del tipo “caracterizado por” o “que comprende”. Al estudiar las vistas con las correcciones de los examinadores, se observa un gran número de solicitudes donde se marca la falta de esta frase inicial, importante a la hora de la evaluación. Esta corrección se realiza durante la etapa del EPT y al no ser una falta grave se continúa el trámite, con la advertencia de que se debe corregir el pliego reivindicatorio en

---

<sup>64</sup> Su definición está dada en el art. 22 inc. c) RLP.

<sup>65</sup> Su definición está dada en el art. 22 inc. c) RLP.

<sup>66</sup> Los examinadores deberán velar porque en dicha parte característica se detallen las características técnicas que, en combinación con el exordio, se desean proteger (Res 243/03).

la siguiente etapa. Esta ausencia era más marcada durante la vigencia de la ley 111 y en la etapa de transición a la nueva ley. Actualmente, ya casi no se registra este tipo de falta.

## Capítulo 4

### **Análisis de algunos aspectos de las reivindicaciones y solicitudes: puntualizando su proceso de cambio en el contexto normativo**

#### **Introducción**

En este capítulo se presentarán los datos identificados, compilados y clasificados en la Base de Datos. Se analizarán los mismos, graficándose diversas cuestiones tales como los actores (solicitantes públicos, privados, etc.), la cantidad de documentos de patentes y su relación con el estadio de tramitación en el INPI. Finalmente, se detallará la dinámica del proceso de cambio de las reivindicaciones de acuerdo al marco legal y temporal.

#### **4.1. Los cambios en la tramitación en la ley anterior y la vigente de patentes.**

El trámite de una solicitud de patentes consta de distintas etapas. Estas etapas comprenden, entre otras, entregas de formularios, pago de tasa y exámenes a los que se somete el expediente y que “debe ir aprobando”. Durante la vigencia de la ley 111, sólo se publicaban las patentes concedidas. Según las directrices de la época, “se entiende por documentación no accesible al público, cuya cita no se acepta en las descripciones siguientes: solicitud de patente en trámite, trabajo de investigación privada, solicitudes denegadas,

desistidas y abandonadas y trabajos de orden técnico o científico no publicados.”(Disp. 10/64)

La entrada en vigencia de la ley 24.481 cambia esta situación permitiéndose el acceso al público de la documentación en otros estados de tramitación. En este marco, conocer en qué estado se encuentra el expediente en INPI parecería un dato irrelevante, pero no lo es. Es un ítem de relevancia para el análisis de los derechos de patentes ya que el documento puede estar:

- *En trámite*: es decir a la espera de una resolución. Lo que se tiene, según INPI, es un derecho en expectativa<sup>67</sup>.
- *Concedido*: el solicitante tiene derechos establecidos sobre el objeto inventivo ya que aprobó todas las etapas del trámite (art. 31 LP y RLP).
- *Abandonada*: si el expediente aprobó el examen preliminar pero el solicitante no contesta la vista generada por el examinador, se considerará abandono el trámite (art 18 LP y RLP).
- *Desistida (forzosa y voluntaria)*; en dos partes del trámite se podrá decir que un expediente esta desistido. Una vez aprobado el examen preliminar, si el solicitante no realiza el pago de la tasa para el examen de fondo se considera que el trámite está desistido forzoso.

---

<sup>67</sup> [http://www.inpi.gov.ar/templates/patentes\\_preguntas.asp](http://www.inpi.gov.ar/templates/patentes_preguntas.asp)

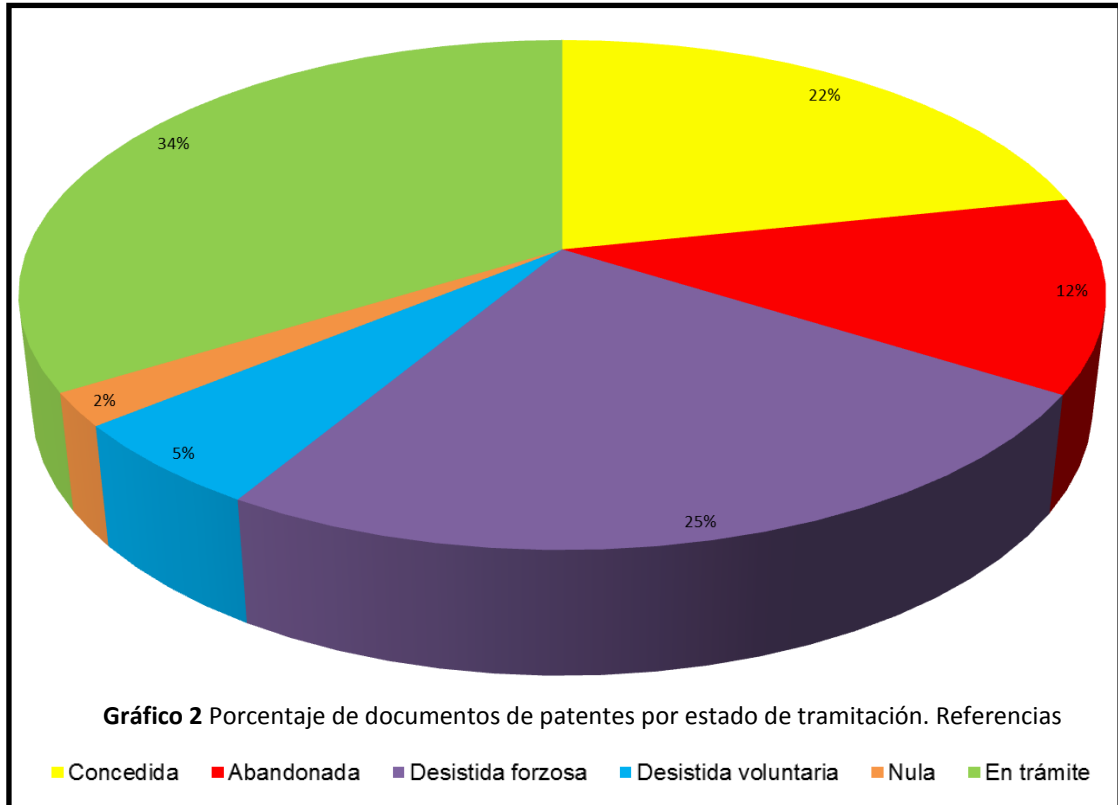


En cambio, si el solicitante paga y aprueba el examen de fondo pero no contesta la vista se considerará el desistimiento voluntario (art. 28 LP y RLP).

- *Denegada o Nula*: si no completa la documentación solicitada (art 12 LP y RLP), no aprobó el examen preliminar (art. 24 LP y RLP) o el examen de fondo (art 27 al 30 LP y RLP) se clasificará como denegada (art. 29 LP y RLP).

Tanto en el estado abandonado, desistido como denegado la información tecnológica se encuentra disponible en el dominio público. Y es importante reconocer estos documentos porque su información es de libre utilización.

El gráfico 2 muestra la distribución de los documentos de patentes, incluidas en el Anexo 1, respecto el estado de tramitación.

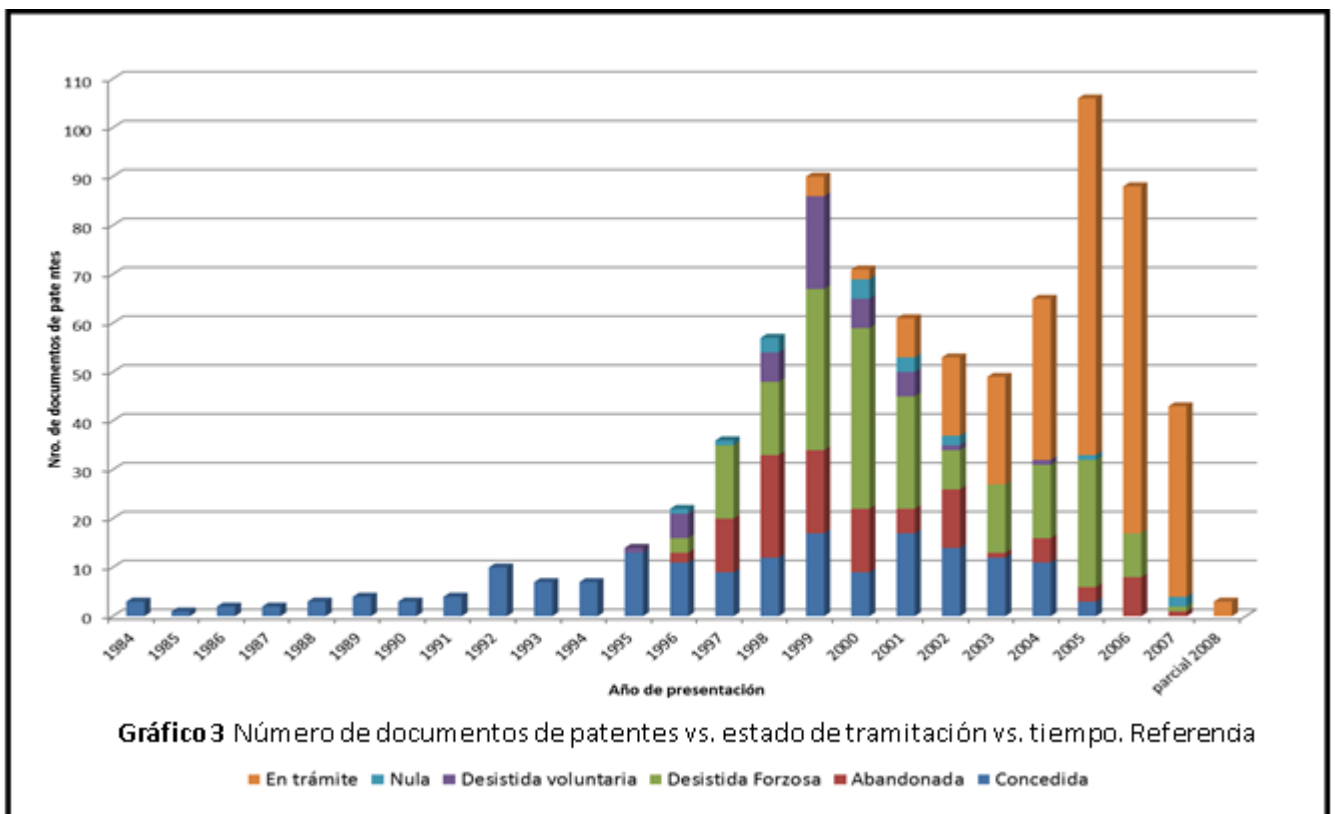


Como puede observarse, el mayor porcentaje de documentos se encuentra en el dominio público ya que si sumamos los porcentajes de las solicitudes abandonadas, desistidas y nulas, éstas suman un 44% de la información, que entonces, se reputa libre para utilización en nuestro país. Además, el 34% de los documentos se encuentra “*en trámite*”. En comparación con los otros porcentajes, y sobre todo con sólo el 22% de patentes concedidas, se puede advertir que es muy elevado el número de documentos sin resolución.

Esto puede deberse a la complejidad de este renglón tecnológico, a su actualidad respecto a otras áreas tecnológicas o a un retraso propio de las oficinas de patentes. En la Argentina, autores como Piatti (2011:58), opinan que son múltiples las razones que pueden llevar a la acumulación de

documentos sin resolución e indica que una de las posibles causas puede ser el aumento del número de patentes por año.

Lo planteado hasta aquí puede observarse en el gráfico 3. Este gráfico cruza tres tipos de datos: el número de documentos de patentes, su estado de tramitación y el tiempo transcurrido.



Entonces, una diferencia entre ambas leyes es la posibilidad de acceso a la información. Hasta el año 1994, debido a la vigencia de la ley 111 únicamente se pudo acceder a los datos de las patentes concedidas. Ya en 1995, tiempos de transición con la ley 24.481, se observa la entrada de un expediente desistido. Tal vez un símbolo del cambio de la legislación.

Si se centra la mirada en la referencia azul, que son las patentes concedidas, se puede advertir que la tendencia de concesión mantiene forma de onda, ya que desde el 1992 al 2004 se observa una oscilación en el número de patentes concedidas además de un leve aumento de concesión después del cambio de ley. Como se vio en el capítulo anterior, los cambios que dieron como resultado la ley 24.481 son un reflejo de los estándares de protección establecidos en el ADPIC. Por eso es que la ley 24.481 se adecúa mejor, que la ley 111, a la mayor protección de las invenciones. Luego, desde el año 2005 en adelante bajan hasta desaparecer las patentes concedidas debido a que la complejidad técnica de la tecnología genera incertidumbre en relación a la concesión de la patente y simultáneamente empieza a variar la política de patentamiento.

Tomando una visión más general se ve cómo crece el número de documentos hasta alcanzar el primer máximo en el año 1999, donde conjuntamente, comienzan a aparecer los documentos “*en trámite*”. Luego de este máximo se alcanza el mínimo en el año 2003 y vuelve a subir hacia el año 2005. A pesar de estas fluctuaciones es notorio el crecimiento de los documentos sin resolución (referencia color naranja). Esto muestra que la tendencia descrita por Piatti (2011), se cumple también para esta tecnología. Estas fluctuaciones y la falta de resolución van en línea con la complejidad propia de esta tecnológica y las crisis económicas sufridas a nivel mundial y en nuestro país.

Respecto a la caída en el número de documentos de patentes entre los años 2000 a 2003, la misma puede estar influenciada por múltiples factores. Uno de los principales corresponde a la crisis económica e inestabilidad política sufrida

en nuestro país durante esa época. Al respecto se les consultó a los agentes de propiedad industrial Ignacio Apellaniz<sup>68</sup> y a Mónica Witthaus<sup>69</sup>, ambos coincidieron que la crisis económica jugó un papel de importancia en el descenso de solicitudes de patentes. Witthaus agrega que “las presentaciones relacionadas a propiedad intelectual en general (marcas, patentes etc.) en Argentina bajaron en ese período”.

#### **4.2. Dinámica de los actores**

La Base de datos incluye un detalle de los solicitantes, es decir, quiénes son los titulares del derecho de patente. Los solicitantes suelen ser distintos a los inventores ya que, mayormente estos trabajan en relación de dependencia, siendo el empleador quien asume la titularidad de la invención, negociando con el inventor una regalía justa. Esto se encuentra reglamentado en el art. 10 de la ley 24.481.

Durante la ley 111, también estaban contemplados los inventos hechos bajo relación de dependencia bajo la figura del art. 82<sup>70</sup> de la Ley de Contrato de Trabajo.

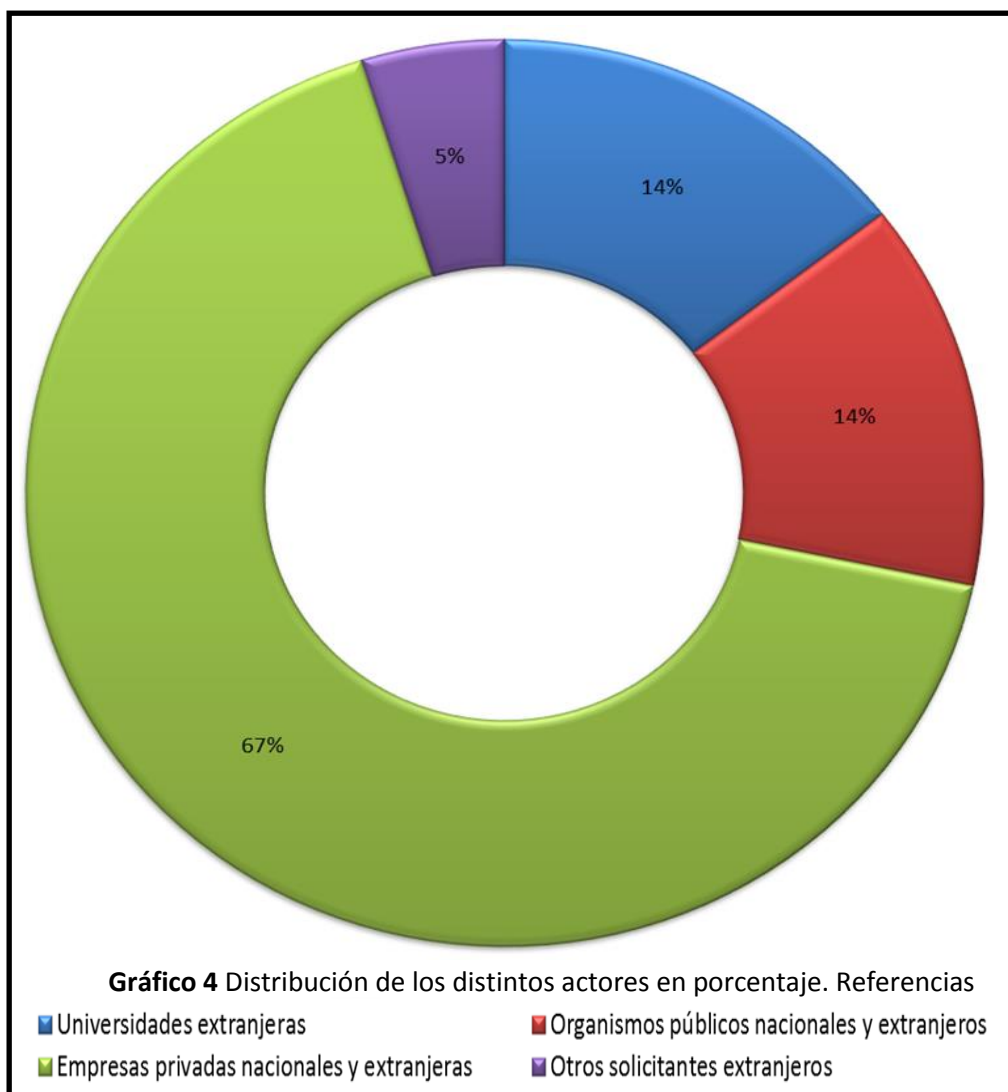
---

<sup>68</sup> Consultado *vía mail* 12/12/13

<sup>69</sup> Abogada (Universidad de Buenos Aires). Agente de la Propiedad Industrial. Profesora de la Facultad de Derecho de la UBA. Beca de investigación en el Max Planck Institut (Munich). Profesora de la maestría de propiedad intelectual FLACSO y Universidad AUSTRAL. Consultada *vía mail* 27 de febrero 2014.

<sup>70</sup> Art. 82. Invenciones del trabajador. Las invenciones o descubrimientos personales del trabajador son propiedad de este, aun cuando se haya valido de instrumentos que no le pertenecen. Las invenciones o descubrimientos que se deriven de los procedimientos industriales, métodos o instalaciones del

La Base de datos incluye 147 solicitantes<sup>71</sup> de diversos sectores como empresas privadas, organismos públicos, universidades extranjeras y otro tipo de solicitantes. El gráfico 4 muestra los porcentajes de participación de cada uno de estos actores.



establecimiento o de experimentaciones, investigaciones, mejoras o perfeccionamiento de los ya empleados, son propiedad del empleador. Son igualmente de su propiedad las invenciones o descubrimientos, fórmulas, diseños, materiales y combinaciones que se obtengan habiendo sido el trabajador contratado con tal objeto.

<sup>71</sup> Es importante aclarar que cuando se habla de solicitantes se engloba a todos los actores tanto los que solicitan patentes, los que tienen la solicitud abandonada o desistida y los titulares de patentes concedidas. En casos particulares se trabaja sólo con titulares de patentes concedidas.

En este gráfico aparece notoriamente que el mayor porcentaje de titulares de los documentos de patentes corresponde a empresas privadas, entre las que se puede mencionar a Monsanto, Syngenta, Du Pont, por nombrar sólo algunas. En contraste, se ve un muy reducido porcentaje del grupo denominado otros solicitantes extranjeros. Este pequeño grupo está compuesto por inventores o apoderados de empresas extranjeras que solicitaron derechos en Argentina. Así, por ejemplo, la solicitud de patente desistida forzosa P970103965 (Nro. de INTA 120008) fue solicitada por Olsen, Doan y Linnested quienes son los inventores y que han solicitado el derecho tanto en Argentina como en otros países. Similarmente, las solicitudes<sup>72</sup> P980100140, P980102483 (Nro. de INTA 210021), P010103488 (Nro. de INTA 420026), P010103489 (Nro. de INTA 420025) y P020105078 (Nro. de INTA 420037), fueron solicitados por sus inventores en Argentina y dentro de la prioridad extranjera aparecen como titulares tanto los mismos inventores como empresas o universidades del exterior, dependiendo el caso. Por último, las solicitudes P010102311 (Nro. de INTA 210042), P010102258 (Nro. de INTA 410037), P030100317 (Nro. de INTA 410037) fueron solicitadas en Argentina por una persona distinta al inventor y en la prioridad extranjera aparecen como titulares los inventores y la empresa Monsanto.

A pesar de la diferencia de titularidad entre la prioridad y la solicitud Argentina, en nuestro país quienes efectivamente son los titulares de las futuras patentes son quienes están declarados dentro de la solicitud de patente a la hora de la

---

<sup>72</sup> Todas las solicitudes mencionadas se encuentran presentes en el Anexo 1.

presentación, teniendo derecho a cederla, transferirla o concretar un contrato de licencia (art. 8, 9, 10 LP)

En la gráfica, también aparecen universidades extranjeras, como las Universidades de Florida, Bath, York, Michigan y otras, que ocupan el 14% de la distribución tomándolas en conjunto. Asimismo, con igual porcentaje se encuentran los organismos o instituciones públicas de distintas partes del mundo, como el INTA, CONICET y Ministerio de Agricultura de Canadá. Es importante tener en cuenta que, hasta la década del '80, la misión de las universidades y otras entidades públicas –nacionales y extranjeras- estaba basada en la creación de bienes públicos accesibles a cualquier interesado debido a que estos desarrollos ya fueron financiados desde el inicio con fondos públicos. La propiedad intelectual no era un estímulo para investigar, en cambio, la libre disponibilidad del conocimiento promovía la investigación. Al tiempo, comenzaron a crecer dos contra-argumentos respecto a que, en ausencia de protección, los desarrollos podían quedar sin explotación debido a que las empresas, quienes convierten los desarrollos en productos, preferían gozar de exclusividad sobre la tecnología o que las empresas privadas se aprovechan de los resultados de investigación sin contribuir a su financiamiento (Correa, 2003: 3).

La "*Bayh Dole Act*", promulgada en los años '80 por EE.UU., dio el puntapié inicial para que las universidades y organismos gubernamentales comenzaran a proteger sus invenciones (Sidebottom, 2001; Rai, 2003).



Como se observa en el gráfico, siguiendo la tendencia mundial, van ganando terreno el número de universidades y organismos públicos que protegen sus invenciones que ya suman un 28% para la tecnología particular estudiada en esta tesis. Además, del análisis de la Base se observa que las universidades extranjeras empezaron a proteger sus invenciones en Argentina en el año 1996 después del cambio de ley.

La tabla 6, ubicada en el anexo 2, muestra a los 147 solicitantes según la cantidad de documentos de patentes de cada uno. Del total de los solicitantes, sólo 3 de ellos pertenecen a empresas u organismos públicos argentinos (INTA, CONICET y Bioceres)<sup>73</sup>.

Como es notable en la tabla 6, la empresa Monsanto es la que más procesos y productos ha pretendido proteger. La lista continúa en orden decreciente con las empresas Pioneer, BASF, Du Pont, Syngenta, Bayer y Dow. Estas empresas, de capital extranjero, son las de mayor presencia en el mercado agrobiotecnológico argentino. Respecto a esta temática, Bisang (2006:30) opina que las firmas privadas “poseen una participación determinante en el mercado proveedor de insumos agrarios a nivel mundial”. Asimismo, estas empresas concentran el mayor número de productos y servicios en el área agro-biotecnológica a nivel mundial y protección de innovaciones, sobre todo en un país con un importante mercado agro-ganadero como Argentina. Además, las empresas privadas, y sobre todo las multinacionales, tienen mayor

---

<sup>73</sup> Cabe aclarar que el análisis de los datos se está circunscribiendo al renglón tecnológico particular de esta tesis que son los documentos de patentes referidos a la producción de plantas transgénicas.

capacidad económica, legal y técnica para escoger el método de apropiación más adecuado para proteger su innovación. Por todo esto, resulta razonable que lideren el ranking de participación en las solicitudes de protección de invenciones.

La categoría denominada Alianzas, presente en la tabla 6, agrupa todas las alianzas entre empresas privadas y/o instituciones públicas de manera de simplificar el análisis de los solicitantes de documentos de patentes<sup>74</sup>. El trabajo de Bisang (2006) muestra que las empresas suelen fusionarse y adquirirse unas a otras, ampliando sus bases de operaciones y adquiriendo la tecnología, I+D y derechos de propiedad intelectual de sus competidores. Asimismo, un análisis más fino de la Base del anexo 1 muestra que un 37% de alianzas comerciales entre distintas empresas e instituciones estatales o universidades. Este tipo de complementariedad suele tener que ver con reducir los riesgos de inversión y la incertidumbre propios de este tipo de tecnología. En términos estadísticos, la tabla 6 presente en el anexo 2 muestra cómo va decayendo el número de documentos por titular hasta obtener una abultada cantidad de empresas que sólo han presentado u obtenido tan sólo una solicitud de patente o patente, respectivamente.

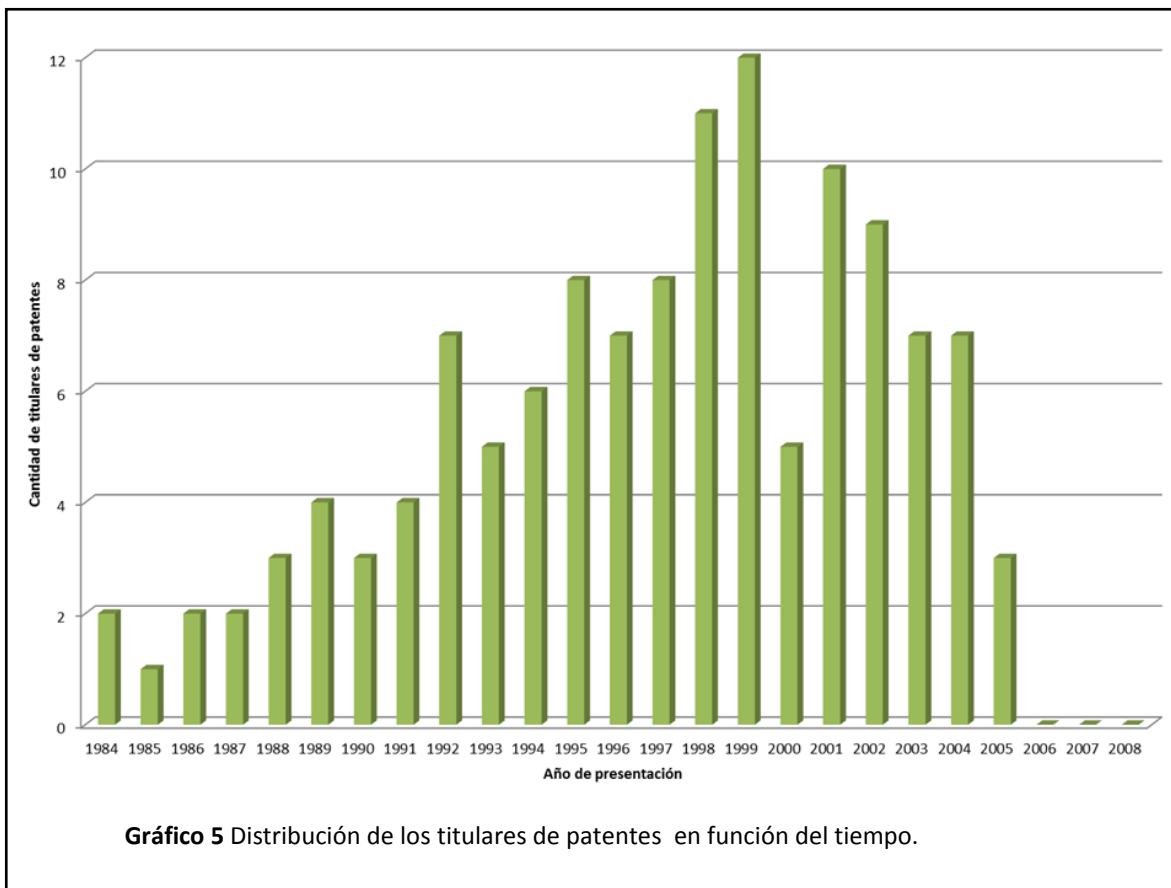
Hasta aquí, hemos presentado a los distintos actores y la cantidad de documentos de patente que han presentado para obtener protección, de forma de tener un panorama de los distintos solicitantes y titulares que están

---

<sup>74</sup> El número de Alianzas aparece en un orden de magnitud significativo debido a que se presenta la sumatoria de todas las alianzas entre los solicitantes presentes en la Base de datos del Anexo 1.

presentes en el renglón tecnológico que abarca esta tesis. Ahora bien, ¿qué paso tras la entrada en vigencia del ADPIC y la nueva ley de patentes en Argentina? ¿Hubo una fluctuación en el número de titulares? Para dilucidar esta interrogante se obtuvo el gráfico 5 que muestra el número de titulares de patentes respecto de los años de presentación.

Para realizar este gráfico, se contó el número de titulares que hubo durante cada año, es decir, sin tener en cuenta el número de patentes que obtuvieron en cada año. De esta manera, se puede observar cómo ha fluctuado el número de titulares, independientemente de los derechos obtenidos, durante la vigencia de cada ley de patentes en Argentina. Aquí se habla de titulares y no de solicitantes como en los gráficos anteriores porque para obtener este gráfico se contaron sólo los actores que hayan obtenido patentes dentro del período abarcado por este trabajo. Esta salvedad se debe a que durante la vigencia de la ley 111, como se mencionó en otro apartado, sólo permite el acceso a las patentes concedidas, de esta manera se compara el mismo tipo de dato durante toda la línea temporal.



Una visión amplia del gráfico 5 muestra un crecimiento en el número de titulares de patentes tras el año 1995 (en donde entra en vigencia la nueva ley) respecto a la cantidad de titulares presentes en la ley anterior. Se puede decir, entonces, que los titulares van aumentando su número con el correr de los años en especial tras el cambio de ley. Distintos autores afirmaban que la ley 111 era obsoleta y no protegía las innovaciones de la época (Cabanellas, 2001; Otamendi, 1983). Esto, sumado a que recién se empezaba a desarrollar este renglón tecnológico, hace pensar que bajo la vigencia de ley 111, pocos fueron titulares de las patentes. Pero al empezar a desarrollar un importante mercado agrícola-ganadero, aparecen muchos solicitantes, de distintos países que se interesan en proteger sus desarrollos. Se observa que en el año 2000 decae mucho el número de titulares. Esta caída es coincidente con el inicio de la crisis

económica que sufrió el país durante esos años. Igualmente, entre los años 2001 y 2004 se observa mayor cantidad de titulares de patentes que bajo la vigencia de la ley 111. El descenso que se registra desde el 2002 hasta tocar el cero en el año 2006 en adelante, puede explicarse porque se está graficando sólo a los titulares de patentes concedidas y, como se vio en el gráfico 3, la concesión de patentes, en esta área tecnológica en particular, desaparece

#### **4.4. De patentes de método a patentes de producto**

Aunque la ley no incluída la expresión “reivindicación” (ni su instituto), la jurisprudencia y las prácticas administrativas propiciaron su utilización, entre otras, para distinguir entre reivindicaciones de “procedimientos” y de “productos y procedimiento” donde se solicitaba la patente sobre los productos como objeto principal y al procedimiento como accesorio (Disp. 10/64).

Actualmente, las reivindicaciones están incluidas explícitamente en la norma y en el entendimiento de las directrices del INPI existen dos categorías principales de reivindicaciones:

- *Reivindicación de producto* incluye una sustancia o composiciones, como los compuesto químico, también cualquier entidad física (por ejemplo, objeto, artículo, aparato, máquina, o sistema que coopera con el aparato) que es producido por la habilidad técnica del hombre.

- *Reivindicación para actividad*<sup>75</sup> es aplicable a toda clase de actividades que implican el uso de algún producto material para efectuar un proceso; la actividad puede ejercerse sobre productos materiales, sobre energía, sobre otros procedimientos (como en los procedimientos de control) o sobre cosas vivas.

Estas definiciones fueron tenidas en cuenta durante el armado de la Base de datos para distinguir entre patentes de métodos y patentes de producto, Además, las descripciones de la Base de datos se armaron de manera de reconocer rápidamente si el documento de patentes reivindica productos o métodos. Así, se utilizaron expresiones como “*Secuencia de ADN...*”<sup>76</sup>, “*Casette de expresión...*”<sup>77</sup>, “*Polipéptido...*”<sup>78</sup> para marcar los documentos que reivindican producto y “*Método...*” o “*Procedimiento...*” para reconocer los documentos que reivindican metodología.

El gráfico 6 muestra claramente que el mayor porcentaje de los documentos reivindican productos. Esto puede deberse, como la literatura incluida en el capítulo teórico de esta tesis lo sugiere, a que las patentes sobre productos son

---

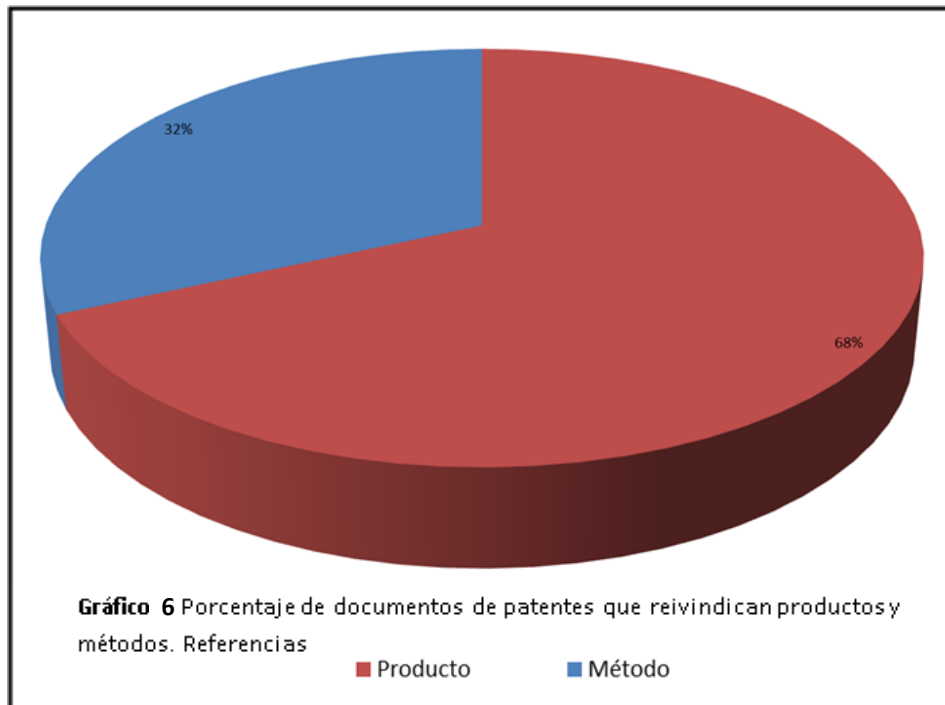
<sup>75</sup> En esta tesis se los denomina reivindicaciones de método.

<sup>76</sup> “*Orden preciso de bases en un ácido nucleico*”  
<http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&car=s> (consultado, 2013)

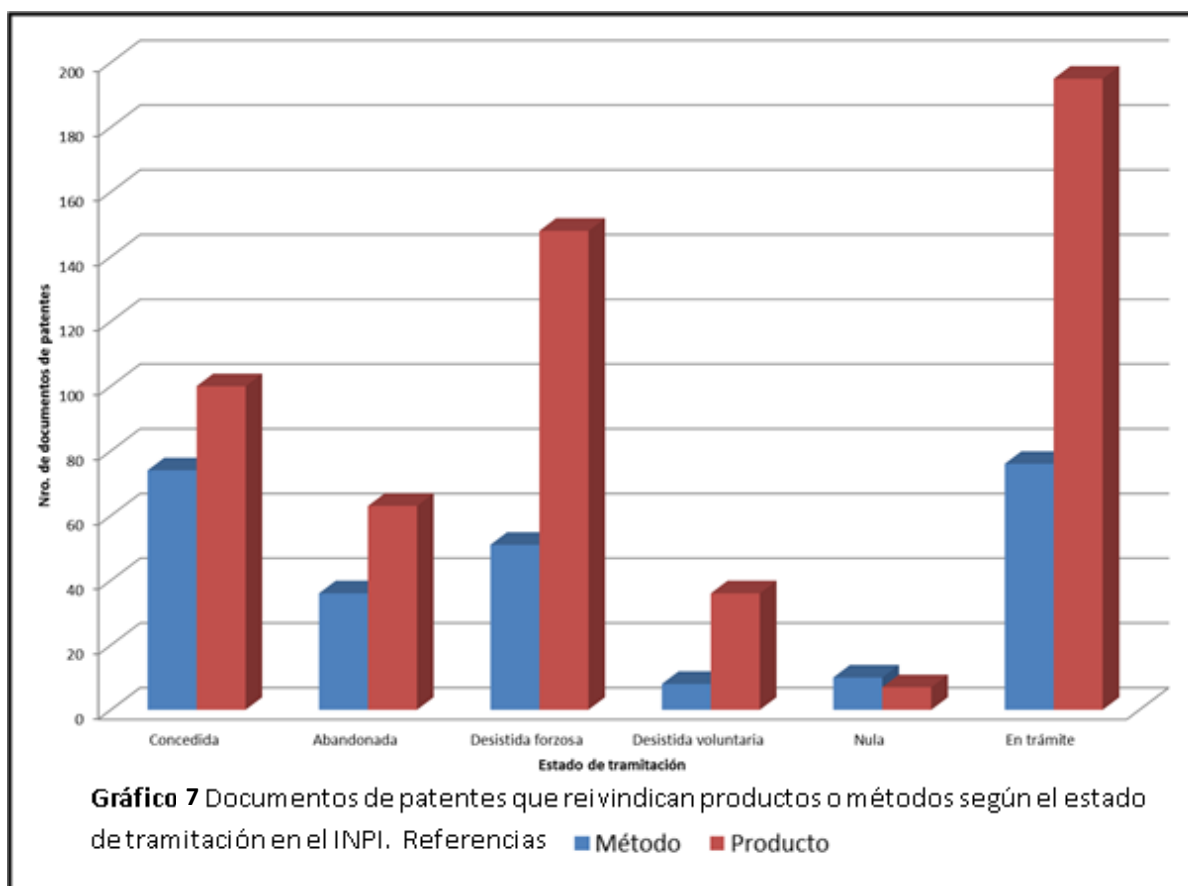
<sup>77</sup> “*También llamado construcción genética de expresión, es un fragmento de ADN obtenido por ingeniería genética que contiene una serie de elementos que permiten la expresión del gen de interés*”.  
<http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&car=c> (consultado, 2013)

<sup>78</sup> “*Polímero lineal compuesto de aminoácidos. Las proteínas están formadas por uno o más polipéptidos*”. <http://www.argenbio.org/index.php?action=glosario&car=p> (consultado, 2013)

más eficaces que las que recaen sobre procedimientos a la hora de protegerse de la competencia.



Como se observó en apartados anteriores, la mayoría de los documentos de patentes se encuentran en el dominio público, otros están “en trámite” y los menos son patentes concedidas. Al relacionar a los documentos de patentes que reivindican métodos y productos con los estados de tramitación de los documentos se obtiene el siguiente gráfico.



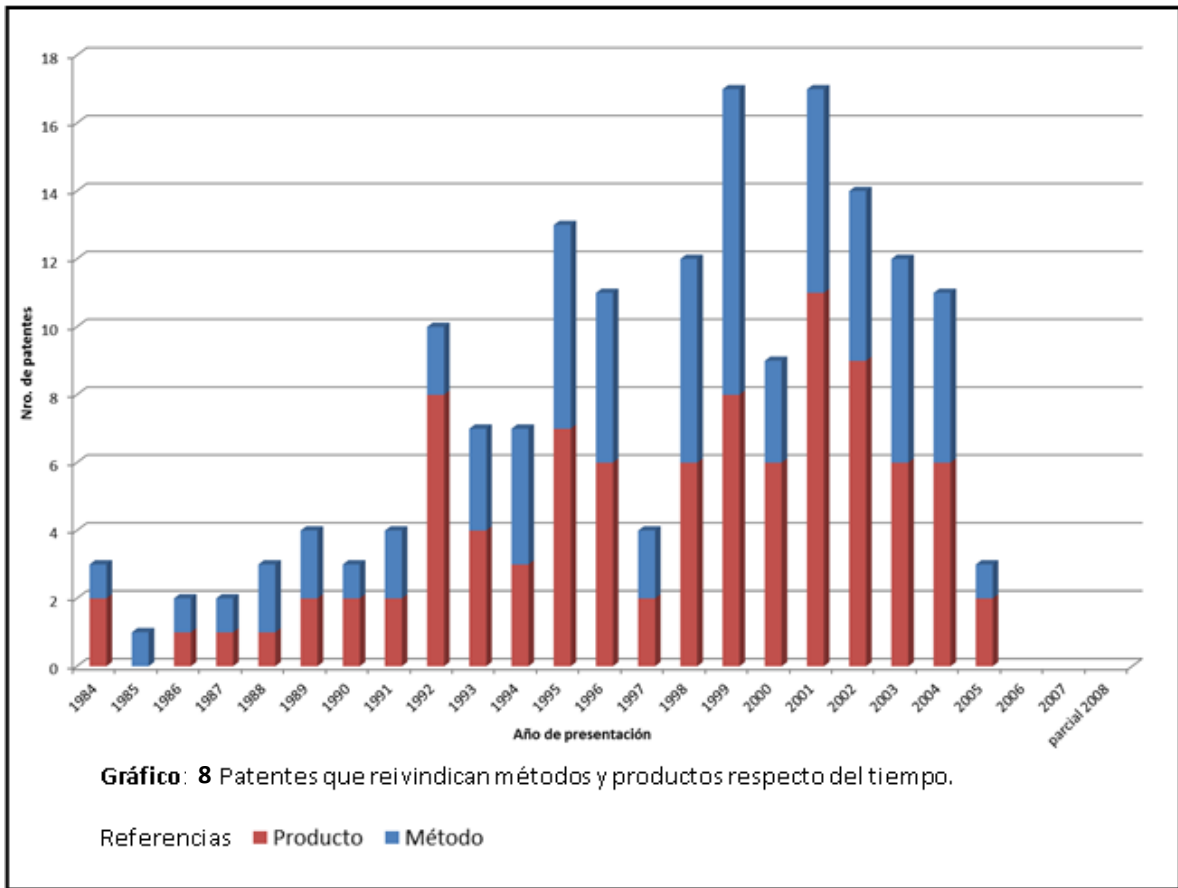
El gráfico 7 evidencia que existe una gran cantidad de documentos que reivindican productos a la espera de una resolución, es decir, “*en trámite*” y en menor proporción se encuentran los documentos “*en trámite*” que reivindican procedimientos. Eventualmente se podría especular con varias hipótesis: las patentes de procedimientos son menos complejas para examinar y resolver; las patentes de procedimientos cumplen más fácilmente con los requisitos objetivos de patentabilidad. A pesar de estas especulaciones se observa en el gráfico que a la hora de adjudicar una patente se han concedido más patentes que reivindican productos que métodos (este fenómeno se observa en casi todos los estados de tramitación). Esto va en línea con lo visto en el gráfico 6 donde se muestra que la mayoría de los documentos de patente reivindica productos. Esta prevalencia de los documentos de patentes que reivindican



productos puede estar relacionada con que en las patentes de productos no cabe la posibilidad de ingreso de productos equivalentes mientras está vigente la patente mientras que en la de procedimiento puede ocurrir que un competidor llegue al mismo producto con otro procedimiento. Con lo cual una patente de producto se dice ser “más fuerte” que una de procedimiento y es más elegida por los solicitantes de patentes a la hora de proteger una invención.

Conjuntamente, este gráfico refleja la gran cantidad de documentos que reivindican tanto productos como métodos que se encuentran en el dominio público. Cabe destacar que los documentos que reivindican productos y se encuentran desistidos forzoso superan ampliamente las patentes concedidas de productos. Esto puede estar relacionado con el hecho de que técnicamente esta tecnología progresa mucho más rápido que el trámite de patentes, con lo cual a medida que pasan los años del trámite los solicitantes se ven desalentados a continuar invirtiendo en la protección de una tecnología que ha quedado obsoleta.

Entonces, para mostrar qué ocurrió con los documentos de patente de productos y procedimientos temporalmente (que a su vez nos permite distinguir el periodo de la ley anterior y la vigente así como la aparición del ADPIC), se conjugaron las patentes concedidas que reivindican productos y métodos obteniéndose el siguiente gráfico.



El gráfico 8 muestra cómo hasta el 1996 la cantidad de documentos que reivindican productos es similar a la que reivindican métodos, salvo en dos excepciones que son el año 1985 que es una patente de método y el año 1992 que las patentes de productos<sup>79</sup>.

Puede observarse la fluctuación de la concesión de patentes durante la vigencia de ambas leyes. Se aprecia como a medida que se acerca el punto en que se produce el cambio de ley escala rápidamente el número de patentes concedidas hasta que cae abruptamente en el año 1997. Este patrón vuelve a repetirse entre los años 1998 y 2000.

<sup>79</sup> En estos dos años se habla de patentes porque sólo se muestran las patentes concedidas.

El año 2001 vuelve a exhibir un máximo de patentes concedidas y comienza a bajar paulatinamente hasta que en el año 2005 cae abruptamente y desaparecen las patentes concedidas.

Por último, salvo contadas excepciones como 1985, 1992, 2001, 2002 y 2005 años en los que las patentes de productos lideraron la concesión, el resto de años poseen equivalente cantidad de patentes de producto y de método.

Las fluctuaciones del gráfico 8 pueden estar relacionadas a diversos factores. Desde el punto de vista legal, se puede decir que la ley 24.481 modificó de manera significativa lo dispuesto por la ley 111, para hacer la nueva ley compatible con el ADPIC: definió lo que es una invención, se agregó como requisito la altura inventiva, se precisó la definición y uso de las reivindicaciones, hubo cambios en lo que no se consideraba patentable, entre otros. Desde el plano técnico, las innovaciones tecnológicas de estos últimos años se relacionan más con la obtención de insumos (como promotores, activadores de expresión) y secuencias específicas para mejorar las plantas agrónomicamente importantes con un gen de interés, que con la obtención de nuevos procedimientos. Esto produjo un aumento de solicitudes y la obtención de patentes sobre productos más que de procedimientos.

Sin embargo, estos no son los únicos factores a tener en cuenta: hay que agregar los cambios a nivel administrativo, de organización y de infraestructura que sufrió el INPI en esos años. Lengyel (2005) muestra en su trabajo que el Instituto encargado de administrar los registros marcarios y de patentes,

denominado DNPI (1985-1995), se desempeñaba como un brazo de la Secretaría de Industria en un subsuelo del edificio, con deficiencias de personal y equipamiento. Tras la firma del ADPIC, se reforma el DNPI, se contratan personal en todas las áreas de la propiedad industrial y específicamente en el área de patentes, lo que soluciona la situación paralizada en esta área. El INPI comienza con sus funciones en el diciembre de 1995 y su estructura es aprobada a través del decreto 1586/96. El INPI, se organiza por sectores y se computariza. Todos estos cambios le tomaron al INPI un tiempo de internalización y adaptación.

Además, cada nueva innovación incremental generalmente protege un producto, así como también, la metodología para la obtención y/o fabricación del producto. Así también, los cambios legislativos y estructurales dentro de la estructura del INPI trajo consigo un tiempo de adaptación a las nuevas normas. Todos estos factores explican las altas y bajas que se observan en el gráfico 8 respecto a la concesión tanto de patentes de productos como las patentes de procesos

## **Conclusión**

Los últimos años han sido escenario de profundos cambios en las formas en que se diseñan, producen, intercambian y consumen servicios. La creciente tendencia a establecer mercados ampliados, desregulados, con una fuerte injerencia privada en la producción y apropiación de bienes públicos, así como la reducción de barreras a la entrada en muchas de las industrias productoras de bienes que deben superar al iniciarse en un nuevo sector productivo, multiplican las oportunidades de negocios (Bisang, 2006:11).

En el caso de las empresas biotecnológicas las oportunidades económicas, que se inauguraron con la posibilidad de manipular organismos por diversas técnicas, han desencadenado entre los países industrializados una carrera por liderar la innovación y la comercialización de nuevos productos y procesos. Esto ha conducido a un notable aumento de las inversiones en I+D y a la búsqueda de mecanismos que aseguren la apropiación de los resultados innovadores (Correa, 1991)

En Argentina, la protección por DPIs se ha ido modificando a través del tiempo debido a los cambios normativos producidos a nivel nacional e internacional. De manera acorde, también ha variado la extensión de la protección que se solicita (mayor) así como también la protección que entienden los examinadores debería otorgarse. Esta variación no sólo responde al cambio del marco legal sino por las características de los procesos de innovación en este renglón tecnológico.

Por esto, resultó relevante estudiar el *proceso de apropiación* que se desarrolló y conocer la forma y los contenidos de las reivindicaciones, de manera de ayudar a acotar las incertidumbres y aunar criterios tanto de los agentes públicos como de los actores privados.

Para cumplir con los objetivos que se propusieron en esta tesis, se utilizó la Base de Datos que compila patentes o solicitudes de patentes (en sus distintos estadios de tramitación) pertenecientes al renglón tecnológico bajo análisis en esta tesis. Además, se agregó la doctrina y la jurisprudencia como marco conceptual y fuente de información así como los casos empíricos para obtener un análisis más integral de la problemática.

En el capítulo 1 se presentaron las fuentes de información utilizadas como insumos para la construcción de esta tesis, así como la metodología puesta a punto para la obtención de la fuente más abundante de datos, la Base de datos (ver Anexo 1). El capítulo 2 planteó, en principio, los fundamentos de los DPIs y en especial, los del derecho de patentes. Aquí se hace notar la importancia de los fundamentos económicos de este instituto, más relevantes que los fundamentos ideológicos. Por ello, se trabajó con el conocimiento definido como un bien económico, enfatizando los rasgos (económicos) que lo caracterizan. La apropiabilidad a su turno, se puede definir, tomando en conjunto a los distintos autores, como la capacidad del innovador (o solicitante, en esta tesis) para obtener beneficios de su invención. A continuación entonces, se presentaron los mecanismos más utilizados por las empresas o innovadores para apropiarse del conocimiento innovador.

Para finalizar este capítulo, se revisaron las obras de distintos autores que han estudiado esta temática, comparando los distintos mecanismos de apropiación en PD y PED y en diferentes tipos de industrias. Es remarcable, en estos estudios que, el sistema de patentes no es el más utilizado a la hora de proteger una invención, salvo en empresas de alta tecnología como son las farmacéuticas, químicas y las biotecnológicas.

Una vez establecido los fundamentos de los DPIs y el proceso de apropiación desde el punto de vista de la economía, se viró la mirada hacia el marco jurídico-técnico de este trabajo.

Así, en el capítulo 3 se analizó cómo eran las definiciones legales de objeto patentable, sus características y las reivindicaciones tanto de la ley 111 como de la ley 24.481. En este punto se incorporó los alcances e implicaciones del ADPIC de la OMC sobre la legislación nacional. De esta manera se pusieron en evidencia los cambios normativos pre- y post- ADPIC.

El ADPIC jugó un papel primordial en los cambios sufridos por las legislaciones de varios países y en particular la Argentina. Como se expresó en el capítulo 3, el Acuerdo reglamentó tanto las características de la materia patentable, así como las exclusiones de la patentabilidad entre otras cuestiones administrativas del sistema de patentes, como por ejemplo, vigencia de la protección durante 20 años desde la fecha de presentación. No obstante, la redacción del ADPIC posee silencios y áreas grises deliberados que permiten a

las legislaciones de los países miembros matizar las disposiciones nacionales o “localizarlas” para que sean más efectivas en su realidad económica social.

Se observaron diferencias en todos los campos elegidos de comparación entre la vieja y la nueva ley de patentes Argentina. Muchos de estos cambios sólo explicitaron criterios que se usaban en la práctica de patentamiento. Así, cuando se compararon las definiciones de lo que se considera invención patentable, la ley 111 admite la interpretación de que una invención es sinónimo de descubrimiento. Por su parte, el ADPIC habla de “*todas las invenciones*” en el art. 27.1 pero no define lo que denomina “invención”. En cambio, la ley 24.481 define taxativamente lo que se denomina invención. Este cambio en la definición se vio reflejado en la forma en que los solicitantes describieron al objeto inventivo dentro de las reivindicaciones, así como las correcciones que acompañaron este cambio por parte de los examinadores por medio de las vistas.

Respecto a las características de una invención patentable, se observó que la ley 111 establecía que para que una invención fuera patentable debía cumplir con dos requisitos esenciales: novedad y aplicación industrial. Asimismo, define lo que se considerará patentable e incluye una serie de exclusiones como, la falta de requisitos esenciales y las especiales, por ejemplo, las composiciones farmacéuticas o invenciones contrarias a la moral y las buenas costumbres

Aquí es donde más se hace evidente el cambio producido por el ADPIC ya que la ley 24.481 toma todos los cambios propuestos en el Acuerdo internacional



volcándolos a nuestra legislación. De esta manera, el Acuerdo permitió patentar sin excluir por campo de la tecnología, agregó a los requisitos esenciales la actividad inventiva y enumeró una serie de excepciones y exclusiones mucho más adecuadas a las necesidades económico-jurídico-técnicas de la actualidad.

Finalmente la cuestión de las reivindicaciones. El formato y los contenidos necesarios para armar una reivindicación eran muy similares en ambas leyes. La ley 111 no las tenía en cuenta como un ítem esencial, y por ello no estaban contempladas en la ley. Sin embargo, en la práctica y en la jurisprudencia se las consideraba como importantes. En cambio, la ley 24.481 les dio estatus de ley.

Cabe remarcar que la estrategia de los solicitantes a la hora de redactar las reivindicaciones fue cambiando no solo para adaptarse a los cambios en la normativa sino también a los cambios propios de la complejidad técnica de las invenciones biotecnológicas. Una constante en las solicitudes de patentes, estudiadas en esta tesis, es reivindicar la materia viva a pesar de pertenecer a las exclusiones de patentabilidad. Así como ampliar la protección, por ejemplo reivindicando las secuencias homólogas. Esto es advertido por los examinadores en etapas tempranas de tramitación y sobre todo en el examen de fondo.

Finalmente, el capítulo 4 esquematizó, a través de gráficos y tablas, la información compilada en la Base de datos. Los 804 documentos de patentes

que conforman la misma se agruparon en 5 grupos con temáticas fuertemente vinculadas con la I+D, durante el marco temporal de esta tesis. Otros datos de importancia recabados fueron el estado de tramitación de los documentos de patente, los actores que solicitaron la protección y los documentos de patentes que reivindican productos y métodos.

Al comparar el crecimiento del número de documentos de patentes en función del tiempo, variable muy importante a la hora de evaluar el proceso de cambio pre y post ADPIC, se vio claramente en todos los casos graficados, el momento en que irrumpe el ADPIC y se produce el cambio de legislación. Se observó un aumento desmedido de documentos, impulsado por la posibilidad de contar con toda la información que trajo la LP actual. De esta manera, se podría decir que se cumple con el fundamento del sistema de patentes que, como se dijo anteriormente, otorga un derecho exclusivo a cambio de que se brinde a la sociedad el fruto de su investigación.

En esta misma línea, se pudo observar gran cantidad de solicitantes que reivindicaron derechos sobre sus invenciones. Se corroboró que la gran mayoría de las solicitantes son empresas privadas. Se puede concluir que solo unas pocas, que en su mayoría son multinacionales, poseen una cartera de documentos de patentes más abultada, siempre teniendo en cuenta que se manejan datos de un renglón tecnológico acotado.

Asimismo, se puede remarcar cómo el sector público y las universidades van ganado espacio dentro de los rankings de patentabilidad, venciendo obstáculos

como la falta de presupuestos o el temor a solicitar por desconocimiento de las cuestiones de propiedad intelectual y, sobre todo, la dificultad de compatibilizar dos campos disciplinares tan distintos como el jurídico y el científico.

Para terminar, existen otras cuestiones interesantes que pueden ser abordados con la Base de datos generada, que excedían los límites de esta tesis pero que se desprenden de la misma y que pueden servir de base para investigaciones futuras:

- Estudiar la variación de los temas de investigación reivindicados temporalmente.
- Estudiar la relación entre las líneas de investigación (o los temas de investigados) y las patentes respecto a los objetos inventivos reivindicados y contrastar con los productos comerciales existentes en el mercado.



## Bibliografía

**Abortes, J., Soria, M.** (2008). *Economía del conocimiento y propiedad intelectual. Lecciones para la economía mexicana*. Universidad autónoma metropolitana. ED: Siglo XXI.

**Alvarez, A.G.** (1999). Cómo obtener una patente. En: Correa, C.M. (coord.). *“Derecho de patentes. El nuevo régimen legal de las invenciones y modelos de utilidad”*. Ed.: Editions Ciudad Argentina, Buenos Aires, Argentina. Capítulo II.

**Arrow, K.** (1962) Economic Welfare and allocation of resources for invention. En Nelson (ed.) *“The Rate and Direction of Inventive Activity”*. Princeton University Press

**Arundel, A.** (2001). *The Relative Effectiveness of Patents and Secrecy for Appropriation*. Research Policy, Vol. 30: 611-624.

**Arundel, A., Kabla I.** (1998). *What Percentage of Innovations are Patented Empirical Estimates for European Firms*. Research Policy, Vol. 27: 127-141.

**Astudillo Gómez, F.** (1995). *“La protección legal de las invenciones. Especial referencia a la biotecnología.”* Consejo de Publicaciones de la Universidad de los Andes, Venezuela. Colección: Ciencias Sociales, serie: Jurídica, 1ra edición.

**Bensadón, M.** (2007). *“Ley de patentes comentada”*. Lexis-Nexis, Buenos Aires.

**Bergel, S.D.** (1999). Requisitos y excepciones a la patentabilidad. Inventiones Biotecnológicas. En: Correa, C.M. (coord.). *“Derecho de patentes. El nuevo régimen legal de las invenciones y modelos de utilidad”*. Ed.: Ediciones Ciudad Argentina, Buenos Aires, Argentina. Capítulo I, pp. 13-83.

**Bergel, SD.** (1998). *“Acerca de la fecha de aplicación del Acuerdo TRIPS del GATT”*, ED, entrega diaria del 14-10-98.

**Bergel, SD.** (2009). *Acerca de la patentabilidad de los descubrimientos*. La Ley, año LXXIII, N° 112, N. 1-7.

**Bisang, R.; Díaz, A., Gutman, G.; Krimer, A.; Lavarello, P.; Sztulwark, S.; Cornejo, K.; Varela, L.; Britos, C. y Cajal Grossi, J.** (2006). *“Biotecnología y desarrollo. Un modelo para armar en la Argentina”*. Buenos Aires, Prometeo Libros.

**Blind, K., Edler, J.; Frietsch, R.; Schmoch U.** (2006) *Motives to Patent: Empirical Evidence from Germany*. Research Policy, Vol. 30: 655-672.

**Breuer Moreno, PC.** (1957). *“Tratado de patentes de invención”*. Abeledo Perrot, Buenos Aires. Tomo 1 y 2

**Brouwer, E.; Kleinknecht, A.** (1999). *Innovative Output, and a Firm's Propensity to Patent. An Exploration of CIS Micro Data*. Research Policy, Vol. 28: 915-624.

**Byma, J.; Leiponen, A.** (2007). *Can't Block, Must Run: Small Firms and Appropriability*. Working Paper Series 1-07, The Mario Einaudi Center for International Studies.

**Cabanellas de las Cuevas, G.** (2001). *"Derecho de las patentes de invención"*. Heliasta, Buenos Aires. Tomo 1 y 2.

**Cabanellas de las Cuevas, G.** (2006a). Patentabilidad. En: Etcheverry, RA. (dir.). *"Código de comercio y normas complementarias. Análisis doctrinario y jurisprudencial"*. Ed Hammurabi. Buenos Aires. Tomo 6, parte II, Cap. I.

**Cabanellas de las Cuevas, G.** (2006b). Derecho a la patente. En: Etcheverry, RA. (dir.). *"Código de comercio y normas complementarias. Análisis doctrinario y jurisprudencial"*. Ed Hammurabi. Buenos Aires. Tomo 6, parte II, Cap. II.

**CEP –Centro de Estudios para la producción.** (2006). *"Lógica sectorial del uso del sistema de patentes en Argentina"*. Síntesis de la Economía Real.

**Chaloupka, P.** (1995). *“Comentario crítico de la Ley de patentes”*. La Ley, p. D999

**Cincera, M.** (1997) *Patents, R&D and Technological Spillovers at the Firm Level: Some Evidence from Econometric Count Models for Panel Data*, Journal of Applied Econometrics, Vol. 12, N. 3.

**Cohen, W.; Nelson, R. y Walsh, J.** (2000). “Protecting Their Intellectual Assets: Appropriability Conditions and Why U.S. Manufacturing Firms patent (Or Not)”. NBER Working Paper Series, Working Paper 7552. Disponible en: [http://www.nber.org/papers/w7552.pdf?new\\_window=1](http://www.nber.org/papers/w7552.pdf?new_window=1) consultado 8 de diciembre de 2011.

**Cohen, W., Goto A, Nagata A., Nelson R. and Walsh J.** (2001). “R&D Spillovers and the Incentives to Innovate in Japan and the United States”, Working Paper.

**Combe, E. and Pfister, E.** (2000) *Patents Against Imitators: An Empirical Investigation on French Data*. Cahiers de la MSE.

**Coriat, B.; Orsi, F.; Weinstein, O.** (2003). *“Does Biotech reflect a New science-based innovation regime?”* En: *“Industry and Innovation”*. Carfax Publishing, Taylor & Francis Ltd, 10 (3), pp. 231-253.

**Coriat, B. y Orsi, F.** (2007) *“Derechos de Propiedad Intelectual e Innovación”*. Documento para el seminario Propiedad intelectual e



innovación, Buenos Aires. Disponible en: <http://www.ceil-piette.gov.ar/docpub/documentos/docparaseminarios/ds12coriat.pdf>  
consultado el 8 de diciembre de 2011.

**Correa, CM.** (1991). Patentes y biotecnología. Opciones para América Latina. En: “*Políticas de propiedad industrial de inventos biotecnológicos y uso de germoplasma en América Latina y el Caribe*”. Programa II: Generación y transferencia de tecnología. Editado por IICA. San José de Costa Rica.

**Correa, CM.** (1998). “*Vigencia y aplicación del acuerdo TRIPs*”. La Ley, p. E177.

**Correa, CM.** ed (1999). “*Derecho de patentes. El nuevo régimen legal de las invenciones y modelos de utilidad*”. Ediciones Ciudad Argentina, Buenos Aires, Argentina.

**Correa, CM.** (2003). *Política y gestión institucional de la propiedad intelectual*. Reunión Regional OMPI-CEPAL de expertos sobre el sistema nacional de innovación: propiedad intelectual, universidad y empresa.

**Correa, C.M.** (2004). *Tratados Bilaterales de Inversión: ¿Agentes de Normas Mundiales Nuevas para la Protección de los Derechos de Propiedad Intelectual?* Grain.

**Correa, C.M.** (2013). *Flexibilidades en el Acuerdo sobre los ADPIC en materia de patentes y seguridad alimentaria: opciones para los países en desarrollo*. Puentes. Vol. 14:2 <http://ictsd.org/i/news/puentes/161051/> (consultado, abril 2014).

**Cotec, Fundación para la innovación tecnológica** (2001). “*Innovación Tecnológica. Ideas Básicas*”. Colección Innovación Práctica, España.

**Davis, L.; Kjaer, K.** (2003a). *Patent Strategies of Small Danish High-Tech Firms*. The DRUID Summer Conference, Copenhagen, Denmark.

**Davis, L.; Kjaer, K.** (2003b) *Appropriability Strategies by Small Biotech Firms in Medican Valley: Does Location in the Cluster Matter*. The DRUID Summer Conference, Copenhagen, Denmark.

**Delich, V.** (2010). “*Introducción a los debates sobre Propiedad Intelectual*” Seminario obligatorio de la Maestría en Propiedad Intelectual, FLACSO.

**Duguet, E. ; Kabla, I.** (1998) *Appropriation Strategy and the Motivations to Use the Patent System: An Econometric Analysis at the Firm Level in French Manufacturing*. Annales d'Économie et Statistique, N. 49/50.

**Drahos, P.; Braithwaite, J.** (2004) “*Who Owns the Knowledge Economy? Political Organising Behind TRIPS*”. En: “The Corner House Briefing 32”.

**Echenique, V. y Spangenberg** (1999). *“Métodos de obtención y análisis de plantas transgénicas”*. Universidad Nacional del Sur, Dpto. de Agronomía.

**Estebanez, ME.** (2002). “Impacto social de la ciencia y la tecnología: estrategia para su análisis”, En: “El Estado de la Ciencia. Principales Indicadores de Ciencia y Tecnología Iberoamericanos/ Interamericano”. [www.redhucyt.oas.org/RICYT/interior/difusion/pubs/elc/14.pdf](http://www.redhucyt.oas.org/RICYT/interior/difusion/pubs/elc/14.pdf) (consultado agosto 2013).

**Fernández Sánchez, E** (2004). *“Formas de apropiación de las ganancias de la innovación”*. Universia Business Review.

**Fisher, W.** (2001). *“Theories of Intellectual Property Rights”*. Ed: Mimeo. Disponible en <http://www.law.harvard.edu/faculty/ffisher/iptheory.html> (consultado abril 2010).

**González-Álvarez, N.; Nieto-Antolín, M.** (2007). *Appropriability of Innovation Results: An Empirical Study in Spanish Manufacturing Firms*. Technovation, Vol. 27, pp. 280-295.

**Hearing, A., Pérez, EM., Rodríguez Andrés, MA.** (2012) *“Cómo proteger los derechos de Propiedad Industrial e Intelectual en el Sector TIC”*. Colección EOI Tecnología e Innovación. ED: Plan Avanza. <http://books.google.com.ar/books?id=avAtiiBMNv4C&pg=PA104&dq=apr>

opiabilidad+patentes&hl=es&sa=X&ei=0\_EUUYnUFejl0QGGyYCwDQ&ved=0CDEQ6AEwAQ#v=onepage&q&f=false (consultado, febrero 2013)

**Hanel, P.** (2005). *Current Intellectual Property Protection Practices of Manufacturing Firms in Canada' in Intelleetual Property and Innovation in the Knowledge-Based Economy*. J. Putnam (ed.), Industry Canada.

**Harabi, N.** (1995). *Appropriability of Technical Innovations. An Empirical Analysis*, Research Policy, Vol. 24: 981-992, 1995.  
[http://www4.lu.se/upload/CIRCLE/INN005/Harabi\\_Appropriability\\_of\\_tech\\_innovatiions.pdf](http://www4.lu.se/upload/CIRCLE/INN005/Harabi_Appropriability_of_tech_innovatiions.pdf) (consultado enero 2013).

**Hurmelinna, P; Puumalainen, K.** (2005). *The Dynamics of Appropriability Regimes*. The DRUID Tenth Anniversary Summer Conference, Copenhagen.

**Hurmelinna, P; Puumalainen, K.** (2007). *Nature and Dynamics of Appropriability: Strategies for Appropriating Returns on Innovation*. R&D Management, Vol. 37, N. 2.

**Hussinger, K.** (2005). *Is Silence Golden? Patent versus Secrecy at the Firm level*. Discussion Paper N. 37, Center for European Economic Research.

**ICTSD-UNCTAD** (2005). *“Resource Book on TRIPS and Development”*. Cambridge University Press, USA.

**Kreimer, P.; Thomas, H.** (2002). "La apropiabilidad social del conocimiento científico y tecnológico. Una propuesta de abordaje teórico y metodológico". En: Dagnino, R. y Thomas, H. (org.). "Un Panorama dos Estudos sobre Ciencia, tecnología e Sociedad en America Latina" Ed Cabral, Taubate.

**Konig, H.; Licht, G.** (1995). *Patents, R&D, and Innovation*. ifo Studien Zeitschrift fur empirische Wirtschaftsforschung 4/95, 521-43.

**Kors, J.** (2007). "Los secretos industriales y el know how." Ed. La Ley y Facultad de derecho UBA. Bs. As.

**Laursen, K. ; Salter, A.** (2005) *My Precious - The Role of Appropriability Strategies in Shaping Innovative Performance*. Working Paper N. 05-02, Danish Research Unit for Industrial Dynamics.

**Lengyel, M.F.** (2005). *The implementation of WTO: the case of Argentina*. Working Paper. FLACSO.

**Lengyel, M.F.; Bottino. G.** (2006), *Los Países de América Latina, el Sistema Mundial de Comercio y el desarrollo: el caso de la Propiedad Intelectual*. En *Propiedad Intelectual y tecnología*. La Ley, Buenos Aires.

**Levin, R.C.; Klevorick, A.K.; Nelson, R.R.; Winter, S.G.; Gilbert R.; Griliches, Z.** (1987). *Appropriating the Returns from Industrial Research*

*and Development*. Brookings Papers on Economic Activity, Vol. 1987, N. 3, Special Issue on Microeconomics, pp. 783-831.

**López, A.** (2009). *"Innovation and appropriability: empirical evidence and research agenda"*. WIPO.

**López, A.; Orlicki, E.** (2007). *Innovación y mecanismos de apropiabilidad en el sector privado en América Latina*. WIPO-ECLAC Research Project, mimeo.

**Lowenstein, Vanesa** (2003), *"Impacto de las Negociaciones de Inversiones sobre los Estándares de Protección de los Derechos de Propiedad Industrial"*. Publicado por la Universidad de Torino.

**Lowenstein, V.** (2007). *"Estándares mínimos y máximos en el Acuerdo sobre los ADPIC ¿Pisos y Techos?"*. Revista Puentes entre el Comercio y el Desarrollo Sustentable. Vol. VIII Nro. 4.

**Mansfield, E.** (1986). *Patents and Innovation: An Empirical Study*. Management Science, Vol. 32, No. 2: 173-181.

**Mansfield, E.; Schwartz, M.; Wagner, S.** (1981). *Imitation Costs and Patents: An Empirical Study*. The Economic Journal, Vol. 91, N. 364.

**Milesi, D.; Petelski, N.; Verre, V.** (2012) *Innovation and appropriation mechanisms: Evidence from Argentine microdata*. Technovation/ Elsevier, Vol. 33, N. 78-87.

**Moncayo von Hase, A.** (1999). El nuevo régimen de patentes de invención y límites a los derechos. En: Correa, C.M. (coord.). *“Derecho de patentes. El nuevo régimen legal de las invenciones y modelos de utilidad”*. Ed.: Ediciones Ciudad Argentina, Buenos Aires, Argentina. Capítulo III.

**Montanari, A.L.; Barchetta, L.; Ardila, F** (2012). *“Evolución de criterios de patentabilidad en Agrobiotecnología en Argentina*. En: Congreso Nacional e Internacional de Agrobiotecnología, Propiedad Intelectual y Políticas Públicas, Rosario, 23 al 25 de octubre de 2012

**Muñoz de Malajovich, MA.** (2004). *“Biotecnología”*. Universidad Nacional de Quilmes, Bernal, Buenos Aires, Argentina.

**Musungu, S.F; Dutfield, G.** (2003). *“Acuerdos Multilaterales y un mundo ADPIC plus: Organización Mundial de la Propiedad Intelectual (OMPI)”*. Cuáquera ante las Naciones Unidas (QUNO), Programa de Asuntos Internacionales de los Cuáqueros (QIAP), Centro Internacional de Comercio y Desarrollo Sostenible (ICTSD). Ginebra, Ottawa.

**Noir, H.** (2006). Concesión de la patente. En: Etcheverry, RA. (dir.). *“Código de comercio y normas complementarias. Análisis doctrinario y jurisprudencial”*. Ed Hammurabi. Buenos Aires. Tomo 6, parte II, Cap. III.

**Noir, H.** (2006). Concesión de la patente. En: Etcheverry, RA. (dir.). *“Código de comercio y normas complementarias. Análisis doctrinario y jurisprudencial”*. Ed Hammurabi. Buenos Aires. Tomo 6, parte II, Cap. III.

**O`Farrell, E.** (1998). *“Acerca de la vigencia del Tratado ADPIC”*. La Ley, p. C732.

**O`Farrell, MB. y Bensadón, M.** (2001). *“Jurisprudencia por aplicación del APIC en la Argentina”*. En: *“Derechos Intelectuales”*. Editorial Astrea, Ciudad de Buenos Aires.

**OECD** (1992), *“Technology and the economy. The key relationships. Primera parte: La innovación tecnológica: definiciones y elementos de base”*. En: Revista REDES, Vol. III, N° 6, mayo de 1996.

**Otamendi, J.** (1983) *“La reforma de la ley 111 de patentes de invención”*. La Ley, p. B888.

**Otamendi, J.** (1995). *“Respecto de un comentario sobre el acuerdo TRIPs y las patentes de invención”*. La Ley, p. E1176.



**Parkin, M., Esquivel, G y Ávalos, M.** (2006) *“Microeconomía, Versión para Latinoamérica”*. México, Pearson Educación, 7º edición. Cap. 5

**Penrose, E.** (1974). *“La economía del sistema internacional de patentes”*. Siglo Veintiuno Editores, México.

**Pizarro, G. y Etchenique, V.** (1999). *“Herramientas básicas para la transformación de plantas”*. En: Echenique, V. y Spangenberg, G. (1999). *“Métodos de obtención y análisis de plantas transgénicas”*. Universidad Nacional del Sur, Dpto. de Agronomía.

**Rai, AK., Eisenberg, RS.** (2003) *Bayh-Dole reform and the progress of biomedicine*. Law and Contemporary Problems, Vol. 6, N° 1/2, p. 289-314.

**Revista OMPI** (2005). *“La información sobre patentes: un tesoro escondido. La P.I. y las empresas”*. Revista OMPI N°1, enero-febrero 2005. [www.wipo.org/sme/es/documents/wipo\\_magazine/1\\_2005.pdf](http://www.wipo.org/sme/es/documents/wipo_magazine/1_2005.pdf) (Consultado 2007)

**Roffe, P.** (2004). *“Acuerdos bilaterales en un mundo ADPIC – plus: El Tratado de Libre Comercio entre Chile y Estados Unidos de Norteamérica”*. Oficina Cuáquera ante las Naciones Unidas (QUNO), Programa de Asuntos Internacionales de los Cuáqueros (QIAP), Centro

Internacional de Comercio y Desarrollo Sostenible (ICTSD). Ginebra, Ottawa.

**Roffe, P.** (2007) *“América Latina y la Nueva arquitectura internacional de la propiedad intelectual”*. La Ley, Buenos Aires.

**Sanchez Echagüe, I.** (2009) *“Soporte de las reivindicaciones de patentes”*. *La Ley*, LXXIII (220), pp. 1-3.

**Sattler, H.** (2003). *Appropriability of Product Innovations: An Empirical Analysis for Germany*. Research Papers on Marketing and Retailing N. 003, University of Hamburg.

**Scherer, F.M.; Herzstein Jr., S.; Dreyfoos, A.; Whitney, W.; Bachmann, O.; Pesek, C.; Scott, C.; Kelly, T.; Galvin, J.** (1959). *Patents and the Corporation: A Report on Industrial Technology under Changing Public Policy*. Harvard University, Graduate School of Business Administration, Boston, US.

**Sidebottom, DM.** (2001). *Updating the Bayh-Dole Act: Keeping the Federal Government on the cutting edge*. *Public contract law journal*, Vol. 30, N°2, p. 225-241.

**Taylor, C.; Silberstone, A.** (1973). *The Economic Impact of the Patent System*. Cambridge University Press, Cambridge.

**Teece, DJ.** (1986). *“Profiting from technological innovation: Implications for integration, collaboration, licensing and public policy”*. Research Policy. Cap. 15, pp. 285-305. <http://www.mbs.edu/home/jgans/tech/Teece-1986.pdf> (consultado ene 2013)

**Thumm, N.** (2003). *Research and Patenting in Biotechnology: A Survey in Switzerland*, Swiss Federal Institute of Intellectual Property, Publication.

**Thumm, N.** (2004). *Strategic Patenting in Biotechnology*. Technology Analysis and Strategic Management, 16:4, 529-538.

**Valle, A.I.** (2007), reportaje a Antonio Trombetta, en MPI Newsletter n° 1. Buenos Aires.

**Valle, A.I. & Delich, V.** *Instituciones del comercio internacional: Acuerdo general sobre aranceles y comercio (1947)*. Maestría en relaciones internacionales, Facultad de Derecho y Ciencias Sociales, UBA

**Veugelers, R., and Cassiman, B.** (1999), “Make and Buy in Innovation Strategies: Evidence from Belgian Manufacturing Firms”, Research Policy, 28, 63-80.

**Vidaurreta, GS.** (2010). *“De cómo el criterio utilitarista de justificación primó en los albores del sistema de patentes. Estudio de casos:*

*Inglaterra, Estados Unidos y Francia. (Desde el Medioevo a la primer Revolución Industrial).* Tesis de maestría. FLACSO. Buenos Aires.

**Vivas-Eugui, D.** (2003). *“Acuerdos regionales y bilaterales y un mundo más allá de los ADPIC: El Acuerdo de Libre Comercio de las Américas (ALCA)”*. Oficina Cuáquera ante las Naciones Unidas (QUNO), Programa de Asuntos Internacionales de los Cuáqueros (QIAP), y el Centro Internacional de Comercio y Desarrollo Sostenible (ICTSD). Ginebra, Ottawa.

**Witthaus, M.** (2006a). *Biotecnología. Las exclusiones de la patentabilidad y su alcance.* En: Etcheverry, RA. (dir.). *“Código de comercio y normas complementarias. Análisis doctrinario y jurisprudencial”*. Ed Hammurabi. Buenos Aires. Tomo 6, parte II, Cap. I.

**Witthaus, M.** (2006b). *“Propiedad industrial sobre las plantas transgénicas”*. En: “Derechos Intelectuales”. Astrea, Buenos Aires tomo 9.

**Zamudio, T.** (2001). *“Protección Jurídica de las innovaciones. Patentes, D.O.V.´s, Genoma Humano, Biodiversidad.”* AD-Hoc SRL, Buenos Aires.

**Zuccherino, D.R.; Mitelman, C.O.** (1998). *“Patentes de invención. Introducción al estudio de su régimen legal”*. Ed Ad-Hoc

## **Fallos/ Sentencias**

Diamond v. Chakrabarty, 79-136 (Corte Suprema de Estados Unidos 1980).

## **Normas Nacionales e Internacionales**

Acuerdo de los ADPIC.

Ley de Patentes de Invención N° 111.

Ley de patentes de Argentina N° 24.481 modificada por las leyes 24.572 y 25.589 (LP).

Decreto No. 260/96, Reglamentario de la LP (RLP)

Disposición No. 633/01 de la Administración Nacional de Patentes sobre microorganismos.

Disposición No. 10/64 Bases para el estudio de solicitudes de patentes de invención del INPI.

Res. No. 243/03. Directrices de patentamiento del INPI.



## Anexo 1

### Boletín de la Base de datos: Transgénesis vegetal

#### Grupo 1: Metodologías e insumos generales para la transformación genética de plantas

##### 1.1.0. Métodos de transformación vía *Agrobacterium tumefaciens*

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
110001	P303901	13/05/85	Procedimiento para la introducción de ADN viral en material vegetal	Método para insertar ADN de virus vegetales en plantas mediado por <i>Agrobacterium</i> . El material vegetal transformado puede ser protoplastos, células de cultivos, células de tejidos vegetales, polen, tecas de polen, células de huevo, sacos embrionarios o cigotos en diferentes estadios de desarrollo.	C
110002	P309220	16/06/87	Microorganismo de transferencia de la especie <i>Agrobacterium</i> que está en condiciones de incorporar material genético de plantas monocotiledóneas	Un <i>Agrobacterium</i> capaz de transformar monocotiledóneas con secuencias virales. Como ADN viral se menciona genomas de virus fitopatógenos como Maize Streak Virus. Se recomienda zonas de crecimiento (tallo y vainas foliares) como lugar de inoculación. La ventaja postulada es ser adecuada para transformar monocotiledóneas. Se señala interés para las siguientes plantas monocotiledóneas: gramíneas, maíz, arroz, trigo, cebada, centeno, avena o mijo.	C
110003	P325538	27/07/92	Un método mejorado para la transformación intermediada por <i>Agrobacterium</i> de células de soja cultivadas	Método para producir una planta de soja transgénica mediado por <i>Agrobacterium</i> . La infección de <i>Agrobacterium</i> es en un hipocotilo o nódulo cotiledonario, provenientes de una semilla de soja germinada. La mejora de la invención reside en utilizar acetorsiringona para inducir el trabajo de <i>Agrobacterium</i> . Otros inductores utilizables son: alfa-hidroxiacetosiringona, acetovanillona, siringaldehído, ácido siringico y ácido sinapínico y mezclas de los mismos.	C
110004	P329235	30/08/93	Procedimiento para la producción de plantas transgénicas, enteramente transformadas en generación TO a partir de meristemas	Procedimiento para la producción de plantas transgénicas que comprende: a) una etapa de transformación genética de un explanto meristemático, b) una etapa de cultivo selectivo y c) la regeneración a partir de la etapa b). El método comprende bombardeo del explanto seguido por transformación vía <i>Agrobacterium tumefaciens</i> . Se utiliza la invención para transformar una especie vegetal oleaginosa, una especie de la familia de las leguminosas, las judías y una especie de la familia de las cucurbitáceas. La mejora de la invención es haber logrado un método que permite transformar merisistemas en los que todas sus células estén transformadas.	C
110005	P970100116	13/01/96	Un método para la transformación de árboles, propágulos, plantas de semillero de un árbol, semillas y germoplasma transformados con dicho método.	Método de transformación de árboles mediado por <i>Agrobacterium</i> . El método comprende: a) efectuar una hendidura de 1 mm de profundidad o más, en un nodo cotiledonario o un meristema axilar o apical de un árbol, b) introducir vía <i>Agrobacterium</i> una o más secuencias de cualquier ADN exógeno en la hendidura y, c) un paso de selección que comprende co-cultivar el tejido en un medio que contiene nutrientes, reguladores de crecimiento y agente de selección. La mejora de este	A

				método es reducir el estrés sufrido por el material en la transformación. Se utiliza para: Eucalyptus, Populus, Malus y se señala especial interés para Eucalyptus globulus y Eucalyptus grandis.	
110006	P980101976	30/04/97	Transformación del sorgo mediante Agrobacterium	Método para transformar sorgo via Agrobacterium tumefaciens. El plásmido utilizado es un vector super-binario como PHP11264 y PHP10525. Como tejido vegetal para la transformación se utilizan embriones inmaduros extraídos de una planta de sorgo madura.	DF
110007	P980102740	13/06/97	Un proceso para producir material vegetal modificado genéticamente que comprende una o más secuencias de ADN de interés, establemente incorporadas	Proceso para producir material vegetal transformado via Agrobacterium, caracterizado porque se utiliza sobre brotes, extremos o ápices de brotes, brotes enraizados o plántulas. El material a transformar es estimulado con traumas menores, hiperhidricidad suave o cobertura total por un medio de cultivo líquido. Una mejora es que el medio de cultivo es líquido y oxigenado. De este modo, el medio de cultivo es susceptible de ser mantenido y reajustado, fácil y rápidamente. La transformación puede utilizarse tanto para monocotiledóneas como para dicotiledóneas. Se señala interés para plantas leñosas: pinus y eucalyptus.	DF
110008	P980103398	15/07/97	Método de transformación basado en el polen que utiliza medios sólidos.	Método para producir una planta transgénica mediante la a. Obtención de polen. b. Aplicar un manto de Agrobacteria a un medio de cultivo de polen sólido. Agrobacteria fue transformada con secuencia de gen heterólogo que se le modifico el codon usage. c. Aplicar el polen al medio sólido, d. Dejar el polen transgénico germinar y desarroll ar en el medio. e.Fertilizar una planta con el polen transgénico f.Obtener semillas y una planta transgénicas.	C
110009	P990106312	11/12/98	Método de transformación de plantas mediada por Agrobacterium con eficiencia mejorada	Método para producir plantas transgénicas mediado por Agrobacterium, caracterizado porque en el co-cultivo se extrae la humedad del explanto inoculado con Agrobacterium haciendo de este modo que el explanto se reduzca en no más del 50 % de su peso. Se señala la utilización de esta invención para monocotiledóneas (trigo, maíz o arroz) y dicotiledóneas (soja). Se recomienda infectar callos embriogénicos.	DF
110010	P000106844	21/12/99	Procedimiento para la preparación de plantas fértiles establemente transformadas de la especie Tagetes y las plantas y semillas obtenidas de dicho procedimiento.	Método para obtener Tagetes transgénicas transformando mediante Agrobacterium tumefaciens un gen extraño. Selección y regeneración.	DF
110011	P000100688	17/02/00	Método de transformación de soja.	Método para producir soja transgénica transformada mediante Agrobacterium, mediante a) Germinar la semilla de soja. b) Aislar un embrión y preparar un explante. c) Transformar una célula meristemática embrionica con vector desarmado de Agrobacterium que contiene una construcción heteróloga con un gen marcador de selección. d) Cultivar y seleccionar las células transformadas. e) Inducir la formación brotes transformados. f) Obtener una soja transgénica.	C
110012	P00100882	29/02/00	Métodos para la producción de plantas genéticamente modificadas, materiales de plantas y productos de plantas producidos por los mismos	Método para producir plantas transgénicas de la especie Eucalyptus y Pinus, mediado por Agrobacterium. La zona de infección es el tallo. La mejora de la invención radica en aumentar la reproducibilidad del protocolo de regeneración, reducir la duración de regeneración, aumentar la eficiencia de regeneración en plantas (anteriormente 0 – 5%) y aumentar la eficiencia de transformación.	DV
110013	P010103960	18/08/00	Método de transformación genética de árboles leñosos, método de obtención de plantas de árboles leñosos transgénicos y uso de plantas obtenidas.	Método de transformación de árboles, especialmente eucalipto, mediado por Agrobacterium. El método hace uso de semillas esterilizadas las que son sonicadas para incrementar la eficiencia de transformación por parte de las células bacterianas.	DF
110014	P010104763	10/10/00	Transformación mejorada y regeneración de tejido de pino embriogénico transformado	Método para producir plantas transgénicas de la especie Pinus, mediado por Agrobacterium. El método se caracteriza porque se minimiza el daño a las células debido a la infección por Agrobacterium.	C
110015	P000106089	17/11/00	Transformación del algodón mediada por Agrobacterium y de alta eficiencia,	Método para obtener algodón transgénico transformando mediante Agrobacterium el tejido de peciolas. Consiste en a) Obtener explantes de peciolas	N



			utilizando explantes de peciolos.	de algodón. b) Transformar con un Agrobacterium tumefaciens que contiene un vector con gen exógeno y un marcador seleccionable. c) Cultivar e inducir la formación callos. d) Seleccionar callos transformados. e) Inducir la formación de embriones transformados. f) Regenerar algodón transgénicos.	
110016	P050101530	20/04/04	Métodos para transformación de alta eficiencia y regeneración de cultivos de plantas en suspensión	Método para producir plantas de algodón transgénicas mediado por Agrobacterium. El método posibilita transformar monocotiledóneas y dicotiledóneas pero se señala interés en algodón.	C
110017	P050102309	07/06/04	Transformación de porotos de soja	Método, mediado por Agrobacterium, para producir una planta de soja. La zona de infección es tejido meristemático axilar de un nudo de hoja primario o superior de una semilla germinada de soja. El medio de cultivo comprende al menos un factor de crecimiento de brotes. Algunas mejoras de la invención son: no utilizar una fase proliferativa, obtención de brotes fenotípicamente positivos viables de 4 a 6 semanas, ser en gran medida independiente de genotipo y cultivar y proliferación de gran cantidad de primordios de brotes (100 a 1.000). Se señala interés en utilizar la cepa desarmada de Agrobacterium rhizogenes K599.	DF
110018	P050103688	02/09/04	Cepas Agrobacterium desarmadas, Ri - plásmidos y métodos de transformación basados en los mismos	Método para producir una planta transgénica mediada por variantes de cepa "desarmada" de Agrobacterium K599 (NCPBP 2659). Esas cepas se caracterizan por no inducir fenotipo de raíz velluda. Se señala interés para transformar con este método los siguientes géneros: Medicago, Lycopersicon, Brassica, Cucumis, Solanum, Juglans, Gossypium, Malus, Vitis, Antirrhinum, Populus, Fragaria, Arabidopsis, Picea, Capsicum, Chenopodium, Dendranthema, Pharbitis, Pinus, Pisum, Oryza, Zea, Triticum, Triticale, Secale, Lolium, Hordeum, Glycine, Pseudotsuga, Kalanchoe, Beta, Helianthus y Nicotiana.	En trámite
110019	P050104647	05/11/04	Transformación y selección de Eucalyptus urophylla	Método para transformar una célula de un explanto de la especie E. grandis x E. urophylla. El método es genotípicamente independiente y comprende entre otros pasos: precultivar los explantos en presencia de un inductor de Agrobacterium (acetosyringona) y utilizar un medio de cultivo que acelere la regeneración de brotes. El explanto es una hoja, un peciolo, tejido internudo, tejido floral o un tejido embriogénico. El método posibilita transformar: monocotiledóneas y dicotiledóneas. Se señala interés para producir maíz, trigo, pino, eucalyptus, Arabidopsis y tabaco.	DF

### 1.1.1. Métodos de transformación directa

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
111001	P300334	11/05/84	Procedimiento para la transferencia directa e integración de ADN extraño en el material hereditario de protoplastos de plantas y para la expresión y replicación de ADN extraño,	Procedimiento para transferir ADN a protoplastos. La transferencia genética se lleva a cabo mediante: tratamiento con polietilenglicol, shock térmico o electroporación, o una combinación de dos o tres de esos procedimientos. La mejora de la invención es posibilitar la transferencia directa de un gen sin utilización de vectores biológicos. El procedimiento es apropiado para monocotiledóneas y dicotiledóneas.	C
111002	P309485	05/12/86	Procedimiento mejorado para la transformación de protoplastos vegetales	Procedimiento para la transformación de protoplastos donde una vez aislados, estos son cultivados con iones nitrato, fosfato, sulfato, potasio, cobalto, zinc, cobre, magnesio, vitaminas, una fuente energética y de carbono, reguladores del crecimiento y un agente modificador de la membrana. La invención es utilizable para monocotiledóneas y dicotiledóneas.	C
111003	P311458	21/07/87	Procedimiento para transferir genes en plantas	Procedimiento para la transformación genética de granos de polen,	C

111004	P330786	21/01/94	Instrumento para introducción de genes accionado a gas, cartucho para ser usado en dicho instrumento y método de funcionamiento de dicho instrumento	Pistola para introducir material génico en tejidos vivos, accionada a helio y que utiliza partículas de oro para transportar genes.	C
111005	P332934	29/07/94	Método para producir cereales transgénicos	Método para producir cereales transgénicos por el bombardeo de embriones inmaduros y otros meristemas de, por ejemplo, maíz, trigo, cebada, arroz, centeno o sorgo.	C
111006	P000105310	07/10/99	Composiciones y métodos para la modificación genética de plantas	Método mediado por electroporación para modificar ADN nuclear, plastidial y/o mitocondrial de plantas. El método comprende: a) electroporar una microspora de la planta en presencia de una secuencia recombinogénica conformada por: i) una región de por lo menos 6 pares de bases homóloga a la secuencia blanco, ii) una región que contiene por lo menos una región heteróloga de interés con la que se quiere reemplazar la secuencia blanco y iii) una segunda secuencia homóloga a la primera i); b) cultivar la microspora para producir un embrión; c) obtención de planta. Se describe la transformación para monocotiledóneas y dicotiledóneas, entre otras: Brassica, soja, maíz, arroz, algodón.	DF
111007	P000106283	29/11/99	Métodos y composiciones para la introducción de moléculas en células	(I) Método para la introducción de moléculas en células de plantas, animales y bacterias, y (II) un aparato de emisión de aerosol. El método comprende: a) preparar una solución que contiene moléculas de carbohidratos, polinucleótidos, reguladores de crecimiento de plantas, péptidos o combinaciones de ellos, b) producir gotas de aerosol que comprenden esas moléculas, c) acelerar las gotas de aerosol hacia una célula y d) impactar dicha célula con esas gotas de aerosol aceleradas. En plantas se utiliza para transformar monocotiledóneas (maíz) y dicotiledóneas (soja).	A
111008	P040103742	15/10/04	Método para transformar plantas y equipo para ser usado con ese fin	Método para transformar plantas que comprende: hacer germinar una semilla y crecer la planta sobre la superficie de un dispositivo microporoso con asistencia de un medio nutritivo para luego transformar la planta o una parte de ella por infiltración al vacío, vía agrobacterium. Asimismo, se señala la posibilidad de obtener plantas transgénicas por transformación directa durante la germinación de una semilla en presencia de un gen heterólogo.	DF
111009	P080104369	05/10/07	Métodos para transferir sustancias moleculares a células vegetales con nanopartículas.	Método para obtener una planta transgénica que consiste en: a) Disponer de una célula vegetal con pared celular. b) Revestir una nanopartícula con la secuencia de ADN de interés. c) Poner en contacto a) y b) para nanopartícula se absorba en la pared celular.	En trámite

### 1.1.2. Métodos de transformación plastidial

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
112001	P990100992	11/03/98	Método de transformación de plástido mejorado, molécula de ácido nucleico para ser usada en dicho método, gen quimérico, vector de transformación de planta, y planta, célula de planta, semilla de planta, tejido de planta, o plástido de planta transgénica.	Método mejorado de transformación de plástidos que utiliza un gen quimérico. El gen quimérico esta compuesto por: a) una secuencia de flanco 5' de la secuencia codificante del gen de ARNr 16S del plástido de Arabidopsis, b) un promotor aislado de un gen plastidial ClpP, en el que se mutaron cuanto menos el 10% de sus nucleótidos. El promotor también podría ser aislado del gen plastidial psbB, c) una secuencia codificante de interés (ninguna en particular) y d) una secuencia de flanco 3' del gen de ARNr de valina.	A
112002	P990103391	10/07/98	Construcción y método para producir una proteína en una célula de planta.	Construcción génica apropiada para la expresión de proteínas eucariotas en plástidos vegetales. La construcción utiliza promotores plastidiales, regiones de homología la genoma plastidial para	DF

				su inserción un sitio de unión a ribosoma. Se señala su utilidad para la producción de alta cantidad de péptidos de mamíferos como hormonas, agente hematopoyético, inhibidor de proteinasa, etc.	
112003	P990103392	10/07/98	Método para incrementar la producción de una proteína en una célula de planta y una construcción	Método para transformar plástidos de una célula vegetal con la siguiente construcción: a) un promotor funcional en plástido, b) un sitio de unión a ribosoma; c) una secuencia de interés y d) una región de terminación de transcripción. Adicionalmente, la construcción comprende: e) un gen marcador de selección y f) regiones de ADN homólogas al plástido que flanquean la construcción. El sitio de interés b) comprende la secuencia líder del gen 10 y el sitio rbcLRBS.	DF
112004	P000103842	27/07/99	Genes quiméricos novedosos	Gen quimérico que comprende: a) una secuencia de ADN proveniente de un plástido de Arabidopsis. La secuencia de "a" comprende una región promotora de un gen clpP y una región promotora de un gen psbB. De la secuencia "a" se divierten dos secuencias de ácido nucléico: secuencia b) operativamente ligada con el extremo 3' y secuencia c) operativamente ligada con el extremo 5'. Estas dos secuencias se encuentran en orientación divergente y corresponden a una secuencia codificante que confiere tolerancia a un herbicida y a otra de interés.	DF
112005	P020104942	20/12/01	Procedimiento para la transformación de plástidos vegetales	Método para transformar plástidos caracterizado por prescindir de zonas homólogas en los vectores de transformación. El plástido a transformar debe tener una secuencia de reconocimiento de recombinasa R1. El método combina un constructo de transformación que comprende una secuencia de inserción flanqueada por una secuencia de recombinación R2, y una recombinasa específica de la secuencia, adecuada para la inducción de recombinación de R1 y R2. Otras ventajas son, que se elimina la utilización de vectores grandes cuya manipulación es incómoda, se facilita la recombinación homóloga y se elimina tener que identificar para cada planta una zona homóloga. Se utiliza la invención para transformar: Arabidopsis thaliana, tabaco, tagetes, trigo, centeno, avena, cebada, colza, maíz, papa, remolacha azucarera, soja, girasol, zapallo y maní.	A
112006	P030104480	04/12/03	Plantas leguminosas trasplantómicas Fértiles	Método para la obtención de planta trasplantómica fértil. La planta trasplantómica se caracteriza por tener un gen quimérico que comprende: a) una región homóloga que comprende el 16SrRNA y el tARN de Valina en la posición 5', seguido por b) al menos un casete de expresión que comprende, los siguientes elementos uno ligado al otro: 1) un promotor, en general son útiles los promotores derivados del plástoma de una planta, se utiliza el promotor Prn de tabaco 2) un gen de interés y, 3) un terminador, en general son útiles los terminadores derivados del plástoma de una planta, se utiliza el terminador del tabaco psbA seguido por c) una segunda secuencia homóloga ubicada en posición 3', donde se inserta un casete de expresión. La segunda secuencia homóloga se caracteriza por ser una región intergénica, a saber: entre el gen tARN de Valina y el operón rpsl2/7. El método para obtener la planta trasplantómica fértil es bombando y se señala su relevancia para soja.	C

### 1.1.3. Métodos varios para transformación

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
113001	P298632	18/11/83	Un vector de ADN que comprende un promotor, un gen estructural externo y un sitio de poliadenilación, y célula vegetal modificada genéticamente.	Vector de ADN que contiene un promotor, un sitio de poliadenilación derivados de T-DNA (TxCSs), capaz de controlar la transcripción y traducción de un gen y el gen de interés. Sistema de transformación vía T-DNA. Métodos para obtener plantas dicotiledóneas transgénicas.	C
113002	P950100067	09/11/94	Nuevo vector para introducir un gen deseado en una planta y métodos para obtener una planta transgénica, método para producir una planta transgénica libre de la influencia de un gen marcador, y una planta transgénica con dos o más genes deseados.	Vector para introducir un gen de interés en una planta, obteniéndose una planta transgénica libre de marcador seleccionable. El vector comprende un gen de interés y un gen marcador de selección cuyo producto induce una anomalía fenotípica en la planta (isopentenyltransferase o genes rol de Agrobacterium tumefaciens) y que está ubicado dentro de un elemento removable (transposón). También se reivindica el método para obtener una planta transgénica libre de marcador de selección al seleccionar por la presencia y consecutivamente por la ausencia de la anomalía fenotípica. Se utiliza la invención para transformar: zanahoria, papa, tabaco, algodón, alfalfa, arroz, maíz, soja, eucalypto, acacia.	C
113003	P980100140	14/01/97	Método para mejorar la eficiencia de la transformación	Método para mejorar la eficiencia de transformación. La mejora de la eficiencia de la transformación se logra optimizando sintéticamente el marcador de selección y el gen reportero utilizados de acuerdo al uso de codones de la especie receptora. Adicionalmente, la región 5' puede comprender una secuencia líder. Se señala su aplicación en monocotiledóneas y dicotiledóneas. Se señala especial interés para maíz.	DV
113004	P980101427	31/07/97	Método para la transformación de células vegetales, célula vegetal transformada, célula transgénica y método para aumentar de copias bajo en un proceso de transformación vegetal	Método para transformar plantas que aumenta la estabilidad del material transformado e incrementa el número de plantas transformadas obtenidas. Esto se logra flanqueando, al casete de expresión, por al menos una región scaffold. El constructo comprende: a) una secuencia de polinucleótidos scaffold unida a la región 5' del casete de expresión, b) cualquier promotor funcional, c) cualquier secuencia de interés, d) un terminador que procure poliadenilación. Adicionalmente puede usarse un casete de expresión policistrónico. La invención se utiliza para transformar monocotiledóneas y dicotiledóneas, entre otras, algodón, alfalfa, tomate, maní, arroz, trigo, maíz, soja, entre otras.	DF
113005	P990106556	18/12/98	Método de regeneración de algodón	Método para transformar plantas de algodón. Esta mejora puede ser aplicada a transformación via Agrobacterium o directa. El método se caracteriza por aumentar la frecuencia de los callos embriogénicos utilizando la oscuridad o condiciones de luminosidad limitada, o luz verde, durante la inducción de los embriones. Se utiliza el método aplicado en tejidos de callos no embriogénicos proveniente de hipocótilo, cotiledón, raíz, peciolo, antera, hoja, o flor. A su vez, se utiliza otro método para la preparación del tejido embriogénico que comprende cultivar tejido de callos en un medio que contiene como antioxidante ácido ascórbico o el inhibidor de etileno aminoetoxivinilglicina. También se utiliza como matriz del medio un soporte de sílica/aluminio, tela, fieltro, o papel de filtro.	DF
113006	P000103867	28/07/99	Procedimiento de obtención de líneas isotransgénicas	Procedimiento de obtención de líneas isotransgénicas de plantas que comprende transformar células vegetales de un híbrido de planta constituido por el cruzamiento de dos líneas parentales: una línea de interés y otra línea apta para la transformación, con un vector portador de un ADN-T que contiene un transgen y posterior retrocruza con la línea parental de interés, de los	DF

				transformantes primarios híbridos seleccionados. Se señala interés para maíz, trigo, colza, girasol, guisante, soja, cebada.	
113007	P010104764	10/10/00	Selección mejorada de tejido embriogénico de pino genéticamente modificado	Método para regenerar plantas genéticamente modificadas de pino a través de la regulación de la diferenciación por el empleo de ácido abscísico y un osmoprotector.	N
113008	P010105652	08/12/00	Procesos y vectores para producir plantas transgénicas.	Un proceso para producir plantas transgénicas que involucra vector carente de promotor funcional para la transcripción de una secuencia de interés. Dicha secuencia será expresada bajo control de un promotor presente en el genoma del hospedador contigua al sitio de inserción. Asimismo, el vector contiene una secuencia de unión a ribosomas de plantas (IRES) y una señal de terminación de traducción. El vector puede estar incorporado en un transposón de modo de dirigir la inserción de la construcción a un sitio transcripcional deseado en el genoma nuclear hospedador.	C
113009	P020102183	11/06/01	Método de obtención de una planta monocotiledónea	Método de obtención de una planta monocotiledónea transgénica, que contiene un gen de interés sin marcador de selección. El método comprende: a) transformar una célula que no posee una transposasa activa con un gen marcador de selección en fase con las secuencias movilizables de un transposón y un gen de interés fuera del elemento transposón; b) seleccionar las plantas transformadas con el marcador de selección; c) cruzar la planta obtenida por otra equivalente pero que contiene una transposasa activa; d) seleccionar células de la F1 que contengan el gen de interés y carezcan del marcador de selección y d) regenerar plantas a partir de dichas células.	A
113010	P020102493	04/07/01	Sistemas de recombinación para eliminar secuencias de ácido nucleico a partir del genoma de organismos eucariotas	Sistema de recombinación y procedimientos que permiten eliminar transgenes (especialmente marcadores de selección) del genoma de plantas transgénicas. El sistema comprende: i) una secuencia de homología A, ii) una secuencia de reconocimiento para la inducción de roturas específicas de ADN bicatenario y c) una secuencia de homología B, presentando A y B una longitud y homología suficientes para asegurar la recombinación homóloga y una ubicación que delimite el fragmento de ADN a ser eliminado y iv) una enzima apropiada para efectuar roturas de ADN bicatenario en la secuencia de reconocimiento ii), cuya expresión es inducible. Se señala interés para Arabidopsis thaliana, tabaco, trigo, centeno, cebada, avena, colza, maíz, papa, remolacha azucarera, soja, girasol o maní.	C
113011	P020102833	27/07/01	Método de transformación para obtener plantas libres de marcadores y plantas obtenidas con el mismo	Procedimiento y T-DNA para transformar células vegetales donde la postulada novedad reside en la no utilización de gen marcador de selección de manera de obtener transformantes libre de marcador de selección.	C
113012	P060102225	27/05/05	Métodos y composiciones para facilitar el fito mejoramiento.	Un método de producir una planta transgénica que comprende las etapas de a) proporcionar una base de datos que identifica un valor de al menos una característica agronómica para al menos dos haplotipos distintos del genoma de un conjunto de germoplasma; (b) transformar una planta parental con un ADN recombinante para producir al menos dos eventos transgénicos, en el que el ADN recombinante se introduce en unión con los al menos dos haplotipos distintos del genoma de dicha planta madre; ee) hace referencia al valor forthe base de datos de dicha característica agronómica para los eventos relacionados con los haplotipos distintos, y ed) selección de una planta para la cría, comprendiendo dicha planta el evento transgénico que tiene un haplotipo mayor valor referenciada.	En trámite

## 1.2.0. Promotores

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
120001	P310950	26/05/87	Construcción de ADN que comprende un elemento de expresión	Promotores del gen de la proteína de almacenamiento napin, EA9 o de la proteína transportadora de ácidos grasos involucrada en la biosíntesis de ácidos grasos. Estas regiones pueden obtenerse de Brassica napus o campestris, soja, judía, cártamo o alazor, maíz, algodón, tomate, o Cuphea. La invención es utilizada en dicotiledóneas como Brassica, algodón, soja, girasol y cártamo.	C
120002	P960101870	24/03/95	Molécula de ADN aislada que comprende un promotor ALS3 y método para producir una proteína externa en una planta huésped.	Promotor constitutivo ALS3 unido a un gen de interés. El promotor comprende un fragmento XbaI/NcoI upstream al gen estructural ALS3 de Brassica napus o con al menos una similitud de secuencia del 65%.	C
120003	P960102613	18/05/95	Molécula de ácido nucleico, recombinante, útil para un vector, planta transgénica, semilla de una planta transgénica, célula de una planta transgénica, método para otorgar resistencia a las enfermedades de una planta transgénica, y método para aumentar la expresión de la transcripción de una secuencia de ADN y los mismos.	Promotor del gen epi-5-aristolochene synthase del metabolismo de los terpenos aislado del género Nicotiana o de conífera y funcional para regular la expresión inducida por un patógeno de planta (hongo, bacteria o virus).	C
120004	P960103783	26/07/95	Moléculas para controlar la expresión de genes en plantas, método de modificar plantas con dichas moléculas y composiciones, y plantas, partes de plantas o células de plantas obtenidas	Promotor ZmDj1 de maíz y/o una secuencia líder upstream al codón de inicio de traducción de una secuencia de interés. El promotor y el líder pueden ser utilizadas de manera independiente. Se reivindica la invención para expresar genes en la mayoría de tejidos de maíz.	DV
120005	P970100423	01/02/96	Promotor aislado proveniente de la planta de tabaco, molécula ADN aislada, construcción de gen quimérico, vector, método de expresión constitutiva, célula.	Promotor constitutivo aislado de Nicotiana tabacum unido operativamente a un gen de interés. Se reporta mayor nivel de expresión que el promotor 35s de CaMV.	C
120006	P980105909	22/03/96	Un ADN que codifica para una cisteinproteasa.	Sistema de expresión que contiene u promotor cistein-proteasa clase 1,2 o 6 que expresa gene de interés en tejidos específico como maíz, cotiledónes, hojas y tallo. Este ptromotor esta unido a un promotor que disrumpe la expresión de genes mediante la aplicación de un químico inductor externo. Méto de obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas.	DF
120007	P970103594	07/08/96	Secuencias promotoras específicas de meristemas de los brotes, construcción de ácido nucleico, célula vegetal transgénica y método para proveer transcripcción aumentada de una secuencia de ácido nucleico.	Promotor UFO (Unusual Flower Organ) de Boca de Dragón y secuencias similares, específico para los meristemas de brotes. La construcción comprende regiones iniciadoras de la transcripción y la traducción y de terminación transcripcional. Se describe la invención para angiospermas y gimnospermas y para monocotiledóneas (maíz, trigo, arroz) y dicotiledóneas (tomate, tabaco, algodón, alfalfa). En especies arboladas se mencionan álamo y pino.	A
120008	P970103965	30/08/96	Una molécula de ácido nucleico aislada del endosperma, vector, una célula huésped, un método para producir un producto genético extraño y un método para producir una planta	Promotores END1 y NUC1 de cebada operativos en endosperma y en nucela respectivamente. La invención se utiliza en maíz, cebada, girasol y soja. La mejora consiste en procurar alteraciones de tipos y cantidades asi también como aumentar defensas en el principal órgano de almacenamiento de los embriones en germinación.	DF

120009	P980102589	03/06/97	Una construcción de ácido nucleico con un promotor mejorado (clpP) del gen que codifica una proteasa dependiente de ATP, un vector que la contiene y un método que emplea dicha construcción para expresar establemente una proteína exógena en los plástidos de plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas	Promotor clpP-53 o clpP-111 unido operativamente a una secuencia codificante de por lo menos una proteína exógena. La mejora de la invención es utilizar una ARN polimerasa de codificación nuclear que dirige la expresión en raíces, semillas y tejido meristemático. La invención tiene aplicación inclusive en: maíz, algodón y arroz.	A
120010	P970105748	05/12/97	Una molécula de ADN que comprende las regiones intergénicas del virus Bunchy top de Bananas (BBTV). Un vector que contiene dicha molécula, un método para expresar genes no-BBTV empleando dicha molécula de ADN, células de plantas que contienen dicha molécula.	Secuencias de ADN que codifican promotores, aislados del virus Banana Bunchy Top Virus (BBTV), que promueven, aumentan, regulan o modifican la transcripción de genes que no son del virus (GUS, NPTII, gen de resistencia a insectos, a herbicidas o genes que promueven el crecimiento). Método para obtener un cassette de expresión formado por dichos promotores más cualquiera de las secuencias codificantes y las plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas que los expresen.	DF
120011	P980106275	12/12/97	Promotor vegetal quimérico y construcción génica quimérica	Promotor constitutivo quimérico que comprende un promotor mínimo unido a elementos activadores de la transcripción provenientes de otros promotores pero donde cada uno de ellos no exhiben especificidad tisular. El promotor quimérico es resultado de la combinación entre: a) el promotor de la ferredoxina de Arabidopsis thaliana y el promotor RoID de Agrobacterium rhizogenes o b) el promotor de la S-adenosil metionina sintetasa con el de la plastocianina, ambos de A. Thaliana.	A
120012	P990100800	26/02/98	Molécula de ácido nucleico aislada que tiene una secuencia nucleotídica para un promotor que es capaz de iniciar una transcripción constitutiva en una célula de planta, construcción ADN, vector, célula huésped, método para expresar en forma constitutiva una secuencia nucleotídica heteróloga en una planta, célula de planta, planta y semilla.	Promotores constitutivos para expresión en monocotiledóneas (maíz) y en dicotiledóneas. Los promotores fueron aislados de la región no traducida 5' que flanquea a los genes de maíz H2B; metalotioneína-1; alfa-tubulina 3-18; factor elfa-11, elfa-15 y elfa-16 de elongación; proteína rps8 ribosomal; proteína cab-10 y cab-20 de adhesión a clorofila a/b; gliceraldehído-3-fostato deshidrogenasa gpc4.	DV
120013	P990100801	26/02/98	Genes y promotores de la familia del maíz pr1, molécula de ácido nucleico aislada, construcción de adn, vector, célula huésped, método para inducir la expresión de una secuencia nucleotídica heteróloga en una planta, método para expresar en forma constituyente una secuencia nucleotídica heteróloga en una planta, célula de planta establemente transformada con una construcción de adn, planta, semilla y método para crear o para mejorar resistencia a la enfermedad en una planta.	Promotores inducibles y constitutivos aislados a partir de una familia de genes de maíz que codifican proteínas relacionadas con patogénesis (PR-1) y útiles para regular la expresión de genes PR-1 con el fin de mejorar la resistencia a enfermedades en una planta.	DV
120014	P990102315	14/05/98	Método para preparar una planta transgénica monocotiledónea que no pertenece al género coix, que exprese un gen seleccionado, planta transgénica fértil, planta progenie y método para criar plantas.	Promotor del gen de la gamma coixina de Coix lacryma-jobi específico de endosperma de semilla, apropiado para expresar proteínas heterólogas en plantas monocotiledóneas transgénicas, particularmente maíz.	C
120015	P990104948	02/10/98	Un vector, un método para producir células transformadas, una célula transformada y método de expresión de un gen.	Un vector que contiene un promotor unido operativamente a una secuencia heteróloga de interés, un terminador capaz de funcionar en células de plantas. Método para la obtención de plantas transgénicas.	C

120016	P980106271	10/12/98	Molécula de ADN aislada, seleccionada a partir de secuencias regulatorias per5, cassette de genes recombinante que comprende dichas secuencias, plásmido que comprende dicha molécula de ADN, planta transformada y semilla o grano que comprende dicho cassette de genes y dicho constructo y método para expresar un gen de interés comprendido en dicha molécula de ADN.	Promotor per5 y sus secuencias regulatorias (intrón per5) aislado del gen peroxidasa catiónica preferencial de la raíz del maíz. Obtención de constructos con genes de interés y métodos para la obtención de plantas transgénicas.	N
120017	P990106658	21/12/98	Promotor de S-adenosil-L-metionina sintetasa y su uso en la expresión de genes transgénicos en plantas	Promotor constitutivo del gen S-adenosil-L-metionina sintetasa de soja. Se destaca su operatividad en la mayoría de los tejidos celulares. Se señala interés para monocotiledóneas (maíz, arroz, trigo, cebada y palmera) y dicotiledóneas (Arabidopsis, soja, Brassica oleaginosa, maní, girasol, alazor, algodón, tabaco, papa y cacao. Se pone especial énfasis en soja.	A
120018	P000100020	01/02/99	Sistema de expresión	Promotor inducible alcA de la enzima ADH 1 de, por ej. A. nidulans. Este promotor es activable por la proteína reguladora alcR en presencia del inductor alcohol o cetona. Se describe la invención para girasol, tabaco, caña de azúcar, algodón, soja, maíz, cebada, arroz, sorgo, tomates, papa, frutas, etc.	A
120019	P000101286	25/03/99	Composiciones y métodos para la modificación de la expresión génica	Promotores (112 secuencias) constitutivos, inducibles, de alta, media y baja expresión, tejido específicos, etc. Aislados de Pinus radiata y Eucalyptus grandis. Se señala interés en su empleo en plantas leñosas, especialmente para Eucalyptus grandis y Pinus radiata. Promotor de región codificadora de Super Ubiquitina con UTR, Super Ubiquitina con intron, 4-Cumarato-CoA Ligasa (4CL), celulosa sintasa, específicos de hoja, O-metil transferasa, específicos de raíz, proteína de recubrimiento de polen, alergeno de polen, proteína inducida por auxina, específicos de flor, deshidrogenasa de gliceraldehído-3-fosfato, específicos de brote, anhidrasa carbónica, isoflavona reductasa, deshidrogenasa de gliceraldehído-3-fosfato, específicos de xilema, específicos de meristema, proteína de tipo de senescencia, específica de polen homóloga de nodulina, sucrosa sintasa, específico de flor, O-metil transferasa, factor de elongación A, homólogo MIF, chalcona sintasa, específicos de xilema desconocidos, específicos de polen desconocidos, proteína específica masculina de Pinus radiata (PrMALE1), UDP glucosa glicosil transferasa, factor de elongación A1, S-adenosilmetionina sintetasa, UDP glucosa 6 deshidrogenasa, lacasa 1, arabinogalactano de tipo 1, arabinogalactano de tipo 2, Ouinasa de tipo receptor de raíz y proteína 2 de transferencia de lípidos de Pinus radiata (PrL TP2).	C
120020	P990101423	10/05/99	Un fragmento de ADN que conduce naturalmente la expresión de un gen vegetal que codifica para hexosa oxidasa o una porción o una variante del fragmento de ADN; una secuencia de ADN quimérico que comprende el fragmento de ADN; células vegetales, plantas y partes de plantas que comprenden la secuencia de ADN quimérico, un replicon, microorganismos que comprenden el replicon; uso de la secuencia de ADN quimérico y uso de una porción o variante del fragmento de ADN.	Secuencia (fragmento) de ADN quimérico que codifica las enzima hexosa oxidasa MS59 y WL64, aisladas de Heliantus annuus y Lactuce sativa, respectivamente. Estas enzimas son capaces de promover la transcripción, inducible por patógeno, de una secuencia de ADN asociada al introducirla en la planta. Materiales y métodos para obtener el vector y el cassette de expresión para la obtención de plantas transgénicas resistentes a patógenos.	A



120021	P000104446	26/08/99	Expresión de genes de plantas bajo el control de promotores V-ATPasa constitutivos	Promotor constitutivo de la subunidad c de la v-ATPasa de Beta vulgaris isoforma 2. Se reivindica para monocotiledóneas y dicotiledóneas. Entre ellas: remolacha azucarera, tabaco, arroz, papa, girasol, cebada, soja, sorgo, maíz y A. thaliana. Una mejora de este promotor sobre el 35S CaMV (entre otros) consiste en poder expresar pese a condiciones de estrés. Esta característica lo hace idóneo para expresar genes marcadores de selección y genes que confieren resistencia. Es aún activo en células que no contienen un gran vacuola central.	DF
120022	P000104437	27/08/99	Un método para la expresión de una secuencia de ácido nucleico que resulta de interés en semillas de lino y la semilla de lino transgénica preparada de acuerdo con dicho método	Promotores de oleosina y de proteína de reserva 2S de lino y activos en semilla. Se señala interés para soja, girasol, algodón, tabaco, alfalfa, cebada, avena, sorgo, papa, arroz, etc.	N
120023	P00104852	16/09/99	Secuencias regulatorias para el control de la expresión de genes en plantas	Promotores (23 secuencias) tejido específicos (diferentes tejidos) aislados de maíz y sus combinaciones. Se señala interés para monocotiledóneas. Se protege además promotores quiméricos entre los mencionados con el promotor CaMV-35S o con una secuencia directriz de CAB de trigo o con una secuencia de intrón de actina de arroz o con secuencias de tránsito a cloroplastos. Se incluye promotores identificados en bibliotecas de hoja, tallo, endosperma, lámina, hoja, brote primario, raíz primaria, meristema, mazorca estilos en crecimientos y espiguilla inmadura,	DV
120024	P000106358	02/12/99	Promotor de sintasa MIP de maíz	Promotor del gen de la mio inositol 1 P sintasa de maíz, específico de embriones, útil para expresar en genes heterólogos en plantas mono y dicotiledóneas transgénicas.	C
120025	P000106716	16/12/99	Nuevas construcciones de expresión en plantas	Promotor quimérico compuesto por la combinación del promotor del Factor de elongación 1 alfa (EF1 $\alpha$ ) de Arabidopsis y el promotor del Figwort mosaic virus. Este promotor quimérico es apropiado para expresar secuencias codificantes en hojas y otros tejidos de algodón, tomate y girasol. Se menciona su aplicación para la expresión de los caracteres de resistencia a herbicidas y control de insectos.	C
120026	P010103388	08/01/00	Aislamiento y caracterización de un promotor de actina específico de fibra de algodón	Promotor del gen CFACT1 de actina de algodón de fuerte actividad específica de fibra.	C
120027	P010101384	27/03/00	Promotores del virus de la rizadura amarilla del cestrum	Promotor constitutivo aislado del virus de la rizadura amarilla de la Dama de Noche o cestrum (CmYLCV). Se señala su interés para maíz, trigo, sorgo, arroz, soja, tabaco, algodón, remolacha azucarera, centeno, tabaco, árboles de maderas como coníferas, etc.	C
120028	P010102938	20/06/00	Composiciones y métodos para la modificación de la expresión génica	Listado de 127 secuencias promotoras de distintos genes y con características varias y distintas especificidades de tejidos, aisladas de Eucalipto grandis y Pinus radiata. Se señala interés para Eucalipto y Pino. Reiteran los promotores indicados en el documento # 121013 y agregan promotores de: O-metiltransferasa de ácido cafeico, UDP glucosa glicosiltransferasa, UDP glucosa 6 deshidrogenasa, lacasa 1, arabinogalactano de tipo 1, factor promotor de floración 1 (FPF1), agamoso, factor de transcripción Dreb1A, proteína 19 Inducida por sequedad, proteína de tolerancia a la salinidad, LT1-16 inducido por baja temperatura, kinasa tipo receptor espppecífico de xilema, específico de raíz y factor de elongación 1 alfa.	DF

120029	P010103352	13/07/00	Polinucleótido aislado de Zea mays (ZMAXIG1) y su aplicación en la regulación genética de plantas	Promotor ZmAxigi, aislado de Zea mays, inducible por auxina. Preferencialmente dirige la expresión hacia tejidos reproductores. Se reivindica para monocotiledóneas y dicotiledóneas: maíz, soja, girasol, sorgo, canola, trigo, alfalfa, algodón, arroz, etc.	DV
120030	P010105835	18/12/00	Promotor de arcelina-5 y usos del mismo	Promotor aislado de Arcelina-5 de Phaseolus vulgaris y similares como las regiones 5' de dSSU, PethSP70 y GmHSP17, 9. Asimismo se reivindican las regiones 3' no traducidas de los genes de Arcelina 5, NOS, E9, ADR, /s, 11s y albúmina. La mejora de la invención es la eficiencia de promotores de Arcelina en cultivos como maíz y soja.	En trámite
120031	P020100013	17/01/01	Una molécula de ADN y un método para producir una planta que la contiene.	Promotor específico de antera de algodón, gen CoFS. Método para expresar un transgen bajo el control del promotor.	C
120032	P020100406	08/02/01	Secuencias reguladoras en plantas	Promotor del gen de la gamma-tocoferol metiltransferasa (GMT) de Brassica napus y Arabidopsis, con sitio de unión para un factor de transcripción con dedo de zinc. Se propone su uso en conjunto con el gen GMT para incrementar la síntesis de vitamina E en otras especies.	A
120033	P020100596	22/02/01	Promotor constitutivo de Arabidopsis	Promotor constitutivo ENDO (endomembrana) de Arabidopsis thaliana. Se señala su interés en algodón, arroz, maíz, trigo, cebada, avena, centeno, aceite de colza, papa, soja, girasol, caña de azúcar, remolacha azucarera, alfalfa y plátano.	A
120034	P020104234	07/11/01	Promotores para la regulación de la expresión de los genes en las raíces de las plantas.	Promotores MRS1, MRS2 y MRS3 de maíz, específicos para la expresión de proteínas heterólogas en raíces de plantas transgénicas de, preferiblemente, arroz y maíz.	C
120035	P030102735	31/07/02	Promotores con preferencia por raíz de maíz y uso de los mismos.	Promotores GL4 y GL5 de maíz, específicos de raíz, adecuados para la expresión de proteínas heterólogas en maíz.	C
120036	P030104321	22/11/02	Promotores de la preferencia vascular	Ochenta y cinco secuencias de nucleótidos correspondientes a promotores aislados de Eucaliptus grandis y Pinus radiata que son capaces de conferir especificidad vascular a la transcripción de secuencias codificantes en células vegetales. También se incluyen construcciones y métodos para usar las secuencias reguladoras para modificar la transcripción de polinucleótidos endógenos y/o heterólogos.	DF
120037	P030104738	27/12/02	Promotor artificial para la expresión de secuencias de ADN en células vegetales	Un promotor artificial que promueve altos niveles de expresión en células de mono y dicotiledóneas. Otros elementos reguladores de la expresión transcripcional pueden ser insertados upstream de este promotor para conferirle respuesta temporal, órgano, o tejido específico. Este promotor puede ser funcionalmente insertado entre cualquier promotor activo en células de plantas y una secuencia cualquiera de ADN, para incrementar los niveles de transcripción/traducción de esta última.	C
120038	P040100465	14/02/03	Secuencias reguladoras en plantas para el control selectivo de la expresión genética.	Promotor A6 sintético, de soja, que expresa actividad en zonas de abscisión, raíz, meristema apical, hojas, pared de vainas y flores. Se señala su interés en Glycine genus, trigo, maíz, centeno, arroz, sorgo, caña de azúcar, tabaco, tomate, papa, algodón, alfalfa y girasol.	DF
120039	P040101317	18/04/03	Secuencias reguladoras de plantas para el control selectivo de la expresión genética	Promotor CVY-CIK1 aislado de maíz inducible por bajas temperaturas. El promotor y sus variantes expresan en monocotiledóneas (trigo, maíz, centeno, arroz, sorgo, avena, cebada, y mijo) y dicotiledóneas (tabaco, tomate, papa, soja,	En trámite

				algodón, canola, alfalfa y girasol). Se señala su interés para expresar genes de resistencia a estrés abiótico (frío, salinidad y sequía).	
120040	P040102817	08/08/03	Moléculas promotoras para usar en plantas	Promotor P-Os.TPI (triosephosphate isomerase) de arroz ( <i>Oryza sativa</i> cv Nipponbare) y variantes del mismo que expresan en monocotiledóneas (trigo, maíz, centeno, arroz, sorgo, caña de azúcar, avena, cebada y mijo) y dicotiledóneas (tabaco, tomate, papa, soja, algodón, canola, girasol y alfalfa). En una variante el promotor contiene en el extremo 3' una región no traducida para incrementar la estabilidad de ARNm.	C
120041	P040103054	25/08/03	Elementos reguladores de la tubulina para usar en plantas	Promotores y otros elementos regulatorios del gen de tubulina de <i>Zea mays</i> y <i>Oryza sativa</i> , y se utilizan para monocotiledóneas: trigo, maíz, arroz, sorgo, cebada, avena, turfgrass, caña de azúcar y mijo, y para dicotiledóneas: tabaco, tomate, papa, soja, algodón, canola, girasol y alfalfa.	En trámite
120042	P040103502	25/09/03	Elementos regulatorios de actina para su uso en plantas	Promotores y otros elementos regulatorios del gen de actina de <i>Zea mays</i> y <i>Oryza sativa</i> y se utilizan para monocotiledóneas: trigo, maíz, arroz, sorgo, cebada, avena, turfgrass, caña de azúcar y mijo y para dicotiledóneas: tabaco, tomate, papa, soja, algodón, canola, girasol y alfalfa.	En trámite
120043	P040103630	07/10/03	Promotor para la expresión de trasgenes específicos para la epidermis de plantas	Promotor quimérico que expresa en epidermis vegetal caracterizado porque comprende una primera secuencia aislada del promotor GSTA1 (Glutathione-S-transferase) y una segunda secuencia aislada del intrón del gen WIR1a, ambas de trigo. Se señala su interés en trigo, cebada y gramíneas.	C
120044	P040104879	22/12/03	Promotor de metalotioneína de maíz 2 y métodos para usar el mismo	Promotor del gen de metalotioneína 2 (MT2) de maíz, que expresa en raíz de monocotiledóneas y dicotiledóneas, por ej. maíz, canola, alfalfa, arroz, centeno, sorgo, mijo, girasol, tomate, coníferas, etc. Se señala interés para maíz.	DF
120045	P040104878	22/12/03	Promotor de metalotioneína de maíz 1 y métodos para usar el mismo	Promotor del gen de metalotioneína 1 (MT1) de maíz, que expresa en raíz de monocotiledóneas y dicotiledóneas, por ej. maíz, canola, alfalfa, arroz, centeno, sorgo, mijo, girasol, tomate y coníferas. Se señala interés para maíz.	DF
120046	P050100217	20/01/04	Promotores quiméricos para uso en plantas	Promotor quimérico que comprende i) un enhancer de un promotor de Caullimovirus fusionado con ii) un promotor de un gen de actina. El enhancer i) corresponde al promotor 35S-CaMV, en tanto que el promotor ii) corresponde al gen de actina de <i>Arabidopsis</i> o de arroz. Se señala interés para monocotiledóneas y dicotiledóneas.	En trámite
120047	P050102400	15/06/04	Composiciones y métodos para la modificación de la expresión génica	Construido que comprende secuencias promotoras aisladas de <i>Lolium perenne</i> , <i>Festuca arundinacea</i> o <i>Arabidopsis thaliana</i> ligadas a otros elementos genéticos, que se usan para regular la expresión. Se utiliza la invención para monocotiledóneas y dicotiledóneas. Especialmente para monocotiledóneas: <i>Lolium</i> y <i>Festuca</i> .	En trámite
120048	P050103822	13/09/04	Moléculas promotoras para uso de plantas	Promotores P-Dgat1 y P-Dgat2 (Diacilglicerol acil transferasa) aislados de <i>Arabidopsis thaliana</i> . Se indica que resultan apropiados para la expresión en dicotiledóneas de genes exógenos para producir aceite en semillas. Se señala el interés para tabaco, tomate, papa, soja, algodón, canola, girasol y alfalfa.	En trámite

120049	P050103844	14/09/04	Moléculas promotoras para uso en plantas	Promotores P-Gm.701202739 y P-Gm.701209813 de Glycine max y el P-At.TT2 de Arabidopsis thaliana. Se señala la utilización en dicotiledóneas como tabaco, tomate, papa, soja, algodón canola, girasol y alfalfa. Se indica su uso para expresar un gen que confiere un contenido de aceite alterado en la semilla de una planta.	En trámite
120050	P050104012	24/09/04	Moléculas promotoras para uso en plantas	Promotores P-BN y SW1, 2 y 3 de Brassica napus que expresan preferentemente en la pared del silique, siendo útiles para la producción de plantas transgénicas con caracteres deseados en las semillas. Se utiliza la invención para expresar genes relacionados con calidad protéica, contenido de nutrientes y contenido de aceite. Se señala interés para expresar en dicotiledóneas, en especial, tabaco, tomate, papa, soja, algodón, girasol y alfalfa.	En trámite
120051	P050104798	16/11/04	Promotor del gen CR1BIO de maíz y su uso para dirigir la expresión transgénica con preferencia por las raíces en plantas	Promotor Cr1Bio, aislado del gen Cr1Bio de maíz, que expresa en raíces. La invención se puede utilizar en monocotiledóneas y dicotiledóneas, pero se señala especial interés para maíz.	A
120052	P060100149	13/01/06	Gen y promotor CYCLO1 de maíz	Promotor del gen CYCLO1 de maíz, con preferencia de expresión en raíz y gen que codifica proteína CYCLO1.	A
120053	P060100195	19/01/06	Un promotor inducible de Desoxihipusina sintetasa de maíz	Promotor inducible del gen de desoxihipusina sintetasa de maíz, con preferencia de expresión en raíz.	A

### 1.2.1. Reguladores de la Expresión, varios

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
121001	P319931	15/06/90	Secuencias de ADN, fragmento peptídico codificado por los mismos, molécula de ADN recombinante, vector de clonación, vector de transformación y/o de expresión, vector bidireccional, organismo hospedante, procedimiento para la liberación e inclusión selectiva de productos de expresión, procedimiento para la preparación de una secuencia de ADN corta y de una molécula de ADN recombinante y procedimiento para detectar secuencias de destino "targeting".	Péptido señal, aislado de la región 3'-terminal de quinasa o glucanasa de Nicotiana tabacum, que es capaz de dirigir el producto del gen de interés a vacuola.	C
121002	P328585	25/06/93	Un cassette de expresión para la expresión de genes quiméricos en plantas, gen quimérico para la transformación de plantas y vector para la transformación de plantas que lo comprenden y cepa de Agrobacterium SP que comprende dicho vector	Terminador del gen H4748 que codifica una histona de Arabidopsis thaliana. Se menciona que su utilización en combinación con el promotor del mismo gen, incrementaría la expresión de un gen de interés.	C
121003	P332811	01/08/94	Método para preparar una célula de planta modificada genéticamente	Método para controlar la expresión de un gen de interés. La misma se consigue por el empleo de un estímulo químico (tetraciclina) que produce una modificación estructural irreversible del gen de interés, lo cual permite su expresión. El método comprende la presencia de tres genes: gen 1 conformado por un promotor asociado a un gen interés. Entre el promotor y el gen se encuentra una secuencia bloqueadora flanqueada por sitios de reconocimiento para una recombinasa; el gen 2 que codifica para la recombinasa operable en 1, bajo un promotor reprimible, y un gen 3 que codifica el represor del promotor de 2.	C

				El gen 3, codifica un represor del promotor del gen 2, impidiendo por tanto, la expresión de la recombinasa. Bajo un estímulo químico (tetraciclina), la función represiva del compuesto represor es suprimida, la recombinasa se expresa y se remueve la secuencia bloqueadora del gen 1, en las secuencias de escisión específicas, uniéndose directamente la secuencia de interés con su promotor. Sin la aplicación del estímulo químico el gen de interés no se expresa debido a la presencia de la secuencia bloqueadora. Se señala interés para algodón.	
121004	P960100849	30/12/94	Un método para la expresión de un polipéptido recombinante por una célula huésped	Métodos y secuencias para dirigir la expresión de proteínas ectópicas a cuerpos oleosos de semillas. Se utilizan secuencias parciales de oleosinas de Brassica y Arabidopsis thaliana, fusionadas al gen de interés.	C
121005	P960105369	29/11/95	Reforzador para un promotor de genes, procedimiento para incrementar su expresión, gen quimérico que comprende dicho reforzador y planta transformada por el procedimiento.	5 secuencias nucleotídicas del promotor del gen PetE de arveja, que codifican uno o más enhancers. El método que comprende unir el enhancer a un promotor y expresar un gen de interés en tejido fotosintético (flor, hoja) o no fotosintéticos (raíz, tubérculo, semilla, stems). Se señala interés para monocotiledóneas (maíz, trigo, caña azucarada, girasol, etc.), y dicotiledóneas (papa, soja, arveja, girasol, etc.).	C
121006	P060100512	29/11/95	Reforzador para un promotor de genes, método para activar o incrementar la expresión de un promotor de genes, secuencia de ADN quimérico, plantas, células y propágulos que comprenden dichos reforzadores	Enhancer aislado del gen de plastocianina de arveja que incrementa la transcripción en raíz, tubérculo, semilla, tallo, flor y hoja. El enhancer se caracteriza por tener conformada su secuencia nucleotídica por bases A y T en más de un 50%. El enhancer opera en monocotiledóneas y dicotiledóneas. Se señala interés en papa, tabaco, algodón, soja, trigo, centeno, arroz, maíz, girasol, arveja, centeno, lechuga, zapallo, cebada y remolacha azucarera.	En trámite
121007	P970102566	13/06/96	Una secuencia de ácido nucleico aislada, un vector que la comprende, una célula de planta transgénica, una semilla de dicha planta y un método para disminuir la transcripción de una secuencia de ADN en una planta transgénica.	Promotor de la isoprenoide sintetasa de nicotiana, regulable negativamente y secuencia de su represor. Este complejo regulatorio es utilizable para disminuir o inhibir la transcripción de un gen X (cualquiera) en una planta. Diferentes promotores regulables pueden controlar la expresión del represor, de lo que dependerá el consiguiente nivel de expresión del gen X.	A
121008	P980104036	15/08/97	Genes vegetales que codifican DR1 y DRAP1, un complejo represor general de la transcripción	Fragmentos de ácido nucleico que codifican las proteínas Dr1 de arroz, soja y trigo y DrAP1 de maíz y trigo, ambas relacionadas con la regulación de la expresión génica. El constructo Dr1 fusionado al DrAP1 funciona como un complejo represor general de la transcripción.	DF
121009	P980105950	26/11/97	Métodos y composiciones útiles para la activación de transgenes silenciosos	Método para controlar la expresión de genes endógenos de plantas a través de la expresión de versiones antisentido para inactivar específicamente la expresión de un gen de interés. En particular, se trata del cruzamiento de dos plantas establenmente transformadas, una con el gen antisentido del gen de interés, bajo regulación de un promotor inducible por un regulador de la transcripción expresado constitutivamente por la otra parental. Solo la planta producto del cruzamiento expresa la versión antisentido lo que inhibe la expresión del gen endógeno.	A

121010	P990101916	27/04/98	Reguladores de la transcripción y expresión génica	Genes ASF1 y ASF2 aislados de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> que codifican proteínas anti-silentes y proteínas del grupo polycomb. La invención puede utilizarse para monocotiledóneas y dicotiledóneas y permite la modulación de la expresión génica.	DV
121011	P990102815	11/06/98	Célula vegetal monocotiledónea o semilla de ella, planta o parte de una planta, método para hacer una célula vegetal monocotiledónea, método para hacer una planta, uso de una construcción de expresión para producir una célula de planta o semilla monocotiledónea y uso de una construcción de expresión para producir una planta transgénica.	Construcciones génicas para expresar secuencias de mamíferos en plantas monocotiledóneas transgénicas. El caset puede incluir señales de retención en RE, 5'UTRs, KDEL, HDEL y otros elementos reguladores de la expresión. Se señala lo adecuado para expresar anticuerpos en plantas transgénicas.	DF
121012	P990102851	17/06/98	Ligandos para la modulación de la expresión de genes exógenos mediante un complejo de receptores de ecdisona	Método para modular la expresión de genes heterólogos en plantas en el cual un complejo receptor de ecdisona (que comprende un dominio de enlace a ADN, un dominio de enlace a un ligando, un dominio de transactivación y un ligando) se pone en contacto con una construcción de ADN que comprende un gen heterólogo y un promotor activable por el complejo receptor.	C
121013	P990104200	20/08/98	Promotores con preferencia por semillas	Promotores específicos de semilla de los genes Cim (mensaje inducido por citoquinina), cZ19B1 (zeína de maíz) y mi1ps (mioinositol-1-fostato sintetasa) que pueden ser aislados de varias especies. Se utilizan para monocotiledóneas: maíz, trigo, cebada, sorgo, arroz y centeno.	DF
121014	P990104566	10/09/98	Nuevos receptores de ecdisona y métodos de uso de los mismos	Método para modular la expresión de genes heterólogos en plantas a través de la transformación genética con tres construcciones conformadas, al menos, por: 1) Promotor A, constitutivo, inducible o tejido específico unido operativamente con una secuencia codificante de un receptor de ecdisona, 2) Promotor B que responde a el mencionado receptor unido a su ligando, unido a una secuencia codificante cuya expresión desea modularse.	DF
121015	P990105688	09/11/98	Ácidos nucleicos y polipéptidos de activadores de la transcripción y métodos de uso de los mismos	Activador de la transcripción LEC1, aislado de maíz, soja, trigo, arroz, Veronia y Argemone, que expresa en cotiledón, y estimula el crecimiento en células con el potencial para iniciar o mantener el crecimiento embrionario. Se utiliza la invención para maíz, soja, sorgo, trigo, arroz, alfalfa, girasol, canola y algodón.	DV
121016	P990102457	25/05/99	Método relacionado con la regulación de la expresión genética, células de planta, plantas y su progenie, y semillas.	Método para alterar la expresión de un gen en una planta via transformación genética utilizando secuencias de ARN sentido y anti-sentido que tienen la capacidad de formar una molécula de ARN de doble cadena. La invención puede aplicarse en monocotiledóneas y dicotiledóneas.	C
121017	P000103078	23/06/99	Gen involucrado en el silenciamiento de genes epigenéticos	Secuencia codificante del gen DDM1 de <i>Arabidopsis thaliana</i> substancialmente modificada, cuya expresión en una planta transgénica impide o revierte el silenciamiento de otros genes.	DF
121018	P000101065	18/08/99	Composiciones y métodos para la modificación de la transcripción génica.	Factor de transcripción de la familia MYB, aislado de <i>Pinus radiata</i> y eucalipto, cuya expresión en plantas permite la activación de la ruta biosintética de la lignina y otras de interés.	DF
121019	P010100266	21/01/00	Métodos y composiciones para modular la expresión en plantas	Método para diseñar y sintetizar ADN correspondiente a dominios de dedos de Zinc fusionables a genes de interés de manera de obtener proteínas de fusión que incluyan un dominio de unión a ADN. El gen de interés puede codificar un producto	C

				que afecta la biosíntesis, la modificación, el tráfico celular, el metabolismo y la degradación de un péptido, una proteína, un oligonucleótido, una vitamina, un oligosacárido, un hidrato de carbono, un lípido o una molécula pequeña. La invención se puede utilizar en monocotiledóneas o dicotiledóneas. Se señala especial interés para: tabaco, tomate, papa, banana, poroto de soja, pimienta, trigo, centeno, arroz, espinaca, zanahoria, maíz y cereal.	
121020	P010103462	21/07/00	Código para el reconocimiento de dominios de dedos de zinc, y usos de los mismos.	Constructo que comprende dominios de dedos de zinc artificial o aislados para ser ligada a un gen de interés. Este constructo es utilizado para modular la expresión. Se señala especial interés para tomate, maíz y arroz. Otras utilidades señaladas son inhibir la replicación viral y detectar las alteraciones en los sitios de unión para las proteínas de dedos de zinc.	A
121021	P010104006	22/08/01	Reducción de la transmisión de transgenes en plantas	Método para reducir la transmisión de transgenes a la progenie de plantas. El método utiliza un constructo de expresión que comprende: 1) un gen que confiere un fenotipo modificado unido a un promotor y ambos flanqueados por una secuencia de escisión A, 2) un gen que codifica para una recombinasa específica para las secuencias de escisión A y un promotor inducible. En el punto 2, el gen y el promotor se encuentra separados por una secuencia bloqueante que, a su vez, está flanqueada por a cada lado por segundas secuencias de escisión B. Por otro lado la invención comprende expresar el constructo antes mencionado en una planta, y luego cruzar esta con otra transformada con un casete de expresión que comprende un promotor ligado a un gen que codifica para una recombinasa específica para las secuencias de escisión B.	A
121022	P030102202	21/06/02	Construcciones de ARN de intrones cadena doble y uso de las mismas	Una construcción génica para ser utilizada en plantas transgénicas que contiene ADN cuyo transcrito corresponde a un RNA antisentido de un intrón de un gen endógeno (o una familia de genes que comparten ese intrón). Este transcrito antisentido forma una estructura de doble cadena con el intrón transcrito a partir del gen endógeno, lo que desencadena su silenciamiento. Se hace referencia a construcciones que incluyen secuencias antisentido de los intrones de las enzimas omega -3 y omega-6 desaturasas.	En trámite
121023	P030102566	18/07/02	Métodos para usar polinucleótidos artificiales y composiciones de los mismos para reducir el silenciamiento de transgenes	Polinucleótidos sintéticos (35 en total) entre los que se encuentran dos codificantes para péptidos de tránsito a cloroplastos (CTP2 de Arabidopsis), uno con uso de codones para arabidopsis y otro para maíz. Se señala interés para trigo, maíz, arroz, soja, algodón, papa, pasto, árboles, sorgo y frutales.	En trámite
121024	P050102360	09/06/04	Péptidos de tránsito a plástidos.	Cincuenta y siete polipéptidos de tránsito a plástidos de maíz, soja, tomate, papa, algodón, girasol, alfalfa, lechuga y tabaco. Apropriados para el direccionamiento de toxinas Bt, EPSPS, GAT, ALS y aquellas proteínas que modifiquen la fisiología del plástido en plantas transgénicas..	En trámite
121025	P060100064	07/01/05	Método para disparar la interferencia de ARN	Método para suprimir la expresión de genes elegidos. El método permite diseñar construcciones que expresan fragmentos específicos de transcritos simple cadena del gen de interés y hace uso de estos	En trámite

				miARNs, producidos en la célula vegetal por transformación genética, para iniciar la producción de siARNs.	
121026	P060101224	30/03/05	Clonación y caracterización de los micro ARNs del arroz	35 microARNs de arroz capaces de regular la expresión de factores de la transcripción como GRL (glutamate-receptor-like) o MADS-Box, o de diversos procesos fisiológicos que incluyen: proteína kinasas F-box, dirigent-like protein, glutamate receptor-like proteins, RNA binding protein, retrotransposon y 17 otras proteínas con funciones desconocidas.	A
121027	P050105268	15/12/05	Una molécula aislada de ADN potenciadora de la expresión de una secuencia codificante, fragmento, variante genética, casete, vector, célula, planta y semilla que contengan la molécula.	Intrones de los genes COX5c-1, COX5c-2 y COX5c-3 de Arabidopsis thaliana, potenciadores de la expresión en raíces y meristemas, principalmente. Se señala su aplicación en monocotiledóneas y dicotiledóneas como maíz, trigo arroz, papa, girasol, soja, tabaco y algodón.	En trámite

### 1.3.0. Marcadores de selección y visualizables

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
130001	P970100213	19/01/96	Un método para impartir tolerancia frente a un aminoácido análogo del triptofano a una célula de planta de maíz, un método para seleccionar células de plantas de maíz transformadas y un método para alterar el contenido de triptofano en una planta de maíz.	Gen de antrililato sintetasa de maíz resistente a la inhibición por L-triptofano cuya expresión en células de maíz les confiere la capacidad de crecer en presencia de ese análogo de triptofano haciendo posible su selección in vitro.	C
130002	P980101552	19/01/96	Un método para impartir tolerancia frente a un aminoácido análogo del triptofano a una célula de planta dicotiledónea, un método para alterar el contenido de triptofano en una planta dicotiledónea y un método para seleccionar células de plantas dicotiledóneas.	Gen de antranilato sintetasa de maíz resistente a la inhibición por L-triptofano cuya expresión en células de dicotiledóneas les confiere la capacidad de crecer en presencia de ese análogo de triptofano haciendo posible su selección in vitro.	C
130003	P970101802	01/05/96	Una molécula de ADN aislada que codifica una proteína fluorescente verde como marcador rastreable para la transformación de plantas, un método para la producción de plantas transgénicas, un vector de expresión, una planta transgénica y células de dichas plantas	Marcador visualizable, aislado de Aequorea victoria, que codifica una proteína fluorescente verde (GFP). Como método de transformación se utiliza el bombardeo de embriones inmaduros de maíz y meristemas de girasol. Se señala interés de la invención para regenerar células de Zea, Brassica y Helianthus.	DF
130004	P980101646	09/04/97	Molécula de ADN recombinante, vector, célula huésped, kit que comprende una molécula de ADN recombinante, procedimiento para seleccionar células vegetales transformadas, célula vegetal transgénica, tejido vegetal que comprende células vegetales, y uso de una molécula de ADN.	Gen marcador de selección, aislado de levaduras, que codifica la enzima 2-DOG-6-P fosfatasa. Esta proteína, es capaz de otorgar resistencia al 2-DOG presente en un medio de cultivo. La invención puede ser utilizada tanto para monocotiledóneas como para dicotiledóneas. Se señala especial interés para trigo, cebada, arroz, colza, arveja, maíz, betarraga, caña de azúcar o papa.	A
130005	P980101810	18/04/97	Nuevo marcador de selección	Gen marcador de selección, aislado de una biblioteca genómica del hongo Myrothecium verrucaria, que codifica para la cianamida hidratasa capaz de convertir la cianamida en urea, lo que permite que las plantas que expresen este gen resistan la presencia de cianamida. Se han realizado pruebas en plantas de tomates, papa, arroz y arabidopsis. Se señala interés para monocotiledóneas: arroz, trigo y banana y dicotiledóneas: papa.	A



130006	P980103630	23/07/97	Transformación de plástidos mejorada de plantas superiores y producción de plantas transgénicas con resistencia a los herbicidas.	Método para la producción de una planta resistente a un herbicida que consiste en transformar con uno o más secuencias de ADN de marcadores seleccionables que se expresan en el plástido de la planta.	DF
130007	P990105353	23/10/98	Genes marcadores optimizados para la expresión en plantas	Marcador visualizable sintético (GFPV1-PO), aislado de <i>Aequorea victoria</i> , que codifica para una proteína fluorescente verde (GFP). Se señala especial interés para maíz y de algodón.	DF
130008	P010102022	28/04/00	Método para utilizar el gen <i>ahas2</i> mutante de maíz como marcador seleccionable.	Método para utilizar el gen <i>ahas2</i> mutante de maíz como marcador seleccionable mediante: a) Transformar un protoplasto de arroz con una construcción que contiene la secuencia de ADN de <i>ahas2</i> mutante aislado de maíz unido operativamente al promotor. b) Cultivar y seleccionar en un medio de crecimiento con imidazolinona (0,1 mM a 0,5 mM). c) Luego, incrementar la concentración de imidazolinona (0,5mM a 1mM) y seleccionar los callos resistentes. d) Inducir la formación de brotes y raíces en ausencia de una imidazolinona. e) Identificar las plantas de arroz transformadas de planta de arroz.	DF
130009	P030104394	28/11/03	Genes de la fosfotransferasa de neomicina y procedimiento para la selección de células recombinantes de producción elevada.	Genes sintéticos que codifican para neomicina fosfotransferasas de menor actividad enzimática diseñados para su utilización en células de mamíferos.	C
130010	P050100807	03/03/04	Plantas deficientes en la expresión de TTG3, ácidos nucleicos, polipéptidos TTG3 y métodos para su utilización.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido TTG3 (transparent testa glabrous) aislada de <i>Arabidopsis thaliana</i> . Marcador de selección. Obtención de plantas transgénicas que tienen niveles alterados de TTG3.	DF
130011	P060103637	22/08/06	Métodos y composiciones para la expresión de un polinucleótido de interés.	Secuencia de ADN quimérica que codifica un dominio potenciador transcripcional, variantes activas y fragmentos. Obtención de construcciones compuestas la secuencia potenciadora transcripcional unida operativamente a un promotor heterólogo y a una secuencia de interés. Método para la obtención de plantas transgénicas.	En trámite

## Grupo 2: Resistencia a plagas y patógenos de plantas

### 2.0.0. Genéricos

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
200001	P313340	08/03/88	Secuencias de ADN no codificada y genes químicamente regulables.	Promotores de genes <i>pr</i> (relacionados con patogénesis) que permiten la inducción de la resistencia sistémica adquirida (SAR) mediante la utilización de una familia de reguladores químicos como el ácido salicílico. Método de screening de plantas resistentes a patógenos a través de la inclusión de un gen reportero como luciferasa.	C
200002	P316424	20/06/89	Secuencia de ADN quimérico, molécula de ADN recombinante, plásmidos y métodos para producir ADN quimérico.	Método para inducir la transcripción de un gen en una planta o tejido de planta, transformando a la misma con los genes de los promotores <i>tabacco PR-1a</i> y <i>Arabidopsis PR-1</i> más la secuencia codificante de interés. La inducción se realiza mediante reguladores químicos como el ácido salicílico.	C

200003	P326564	12/11/92	Proteína antimicrobiana, composición que la codifica y vector y sistema biológico que comprende dicha secuencia.	Proteína de planta con unión a quitina que posee un dominio rico en cisteína/glicina, aislado de semillas de Capsicum, Briza, Catapodium, Baptisia, Microsensis y Delphinium. Obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a hongos y bacterias.	C
200004	P328203	18/05/93	Procedimiento para inducir un efecto necrótico en una célula específica de un organismo.	Método para inducir necrosis en una célula específica mediante la transformación de una planta con un cassette formado por un promotor unido a un gen que codifica una proteína necrótica (ej: Rnasa, Proteasa, etc.) y otro promotor unido un gen que codifica un inhibidor de la proteína necrótica (ej.: inhibidor de Rnasa, o de proteasa). Estos promotores actúan conjuntamente tras el ataque del patógeno (estímulo) y le confieren a la planta resistencia a patógenos.	C
200005	P330171	24/11/93	Una molécula de ADN de doble filamento, recombinante, y método para producir plantas resistentes a la enfermedad, transformadas genéticamente, mediante dicha molécula de ADN.	Secuencia de ADN que codifica la proteína Aspergillus glucosa oxidasa (AGO), aislada de Aspergillus niger, que confiere a la planta (en especial la papa) de resistencia a patógenos mediante la introducción de un cassette de expresión formado por un promotor funcional en plantas, la secuencia codificante de AGO y una región 3'-UTR.	C
200006	P960102613	18/05/95	Molécula de ácido nucleico, recombinante, útil para un vector, planta transgénica, semilla de una planta transgénica, célula de una planta transgénica, método para otorgar resistencia a las enfermedades a una planta transgénica, y método para aumentar la expresión de la transcripción.	Métodos y secuencias para obtener una planta de tabaco transgénica resistente a enfermedades mediante la introducción de un constructo que posee la secuencia phytophthora elicitor unida a un elemento que regula la transcripción (inducible por un elicitor o un patógeno) y un promotor funcional. La secuencia phytophthora elicitor induce, en la planta, a la respuesta hipersensible (HR) que aumenta la resistencia.	C
200007	P970103620	09/08/96	Molécula de ácido nucleico aislada, vector, célula, planta transgénica que la incluyen, semilla y célula de dicha planta, polipéptido de resistencia adquirida codificado por dicha molécula, método para producir dicha molécula, método para producir dicho polipéptido, anticuerpo substancialmente puro que se liga a dicho polipéptido y método para aislar dicho gen de resistencia adquirida..	Secuencia de ADN que codifica a la proteína NPR1 de Arabidopsis thaliana que es parte de la cascada de transducción de señales que activa el sistema de resistencia sistémica adquirida (SAR) en las plantas. Materiales y métodos para la obtención del aislamiento, la secuencia de cADN, el cassette de expresión y la planta transgénica con resistencia a patógenos.	DF
200008	P970106160	27/12/96	Método para la protección de plantas.	Método para obtener una planta transgénica resistente a patógenos transformando con cassette que contiene un promotor activo en plantas más una secuencia de ADN que codifica la proteína NIM1. Esta proteína, aislada de Arabidopsis thaliana, es parte de la cascada de transducción de señales que activa el sistema de resistencia sistémica adquirida (SAR) de las plantas.	DF
200009	P990100894	04/03/98	Secuencia de nucleótidos aislada para regular la muerte celular y aumentar la resistencia a enfermedades, a patógenos de plantas, gen quimérico, vector de transformación planta transformada, semilla, método para aumentar la resistencia a enfermedades de un patógeno en una planta, método para producir plantas estériles macho, y método para determinar la efectividad de una composición para uso como pantalla solar.	Secuencia de ADN que codifica la proteína (Les22), aislada de Zea mays, que cataliza la decarboxilación secuencial de uroporphyrinogen III a coproporphyrinogen III. Método para obtener plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a patógenos mediante la transformación con un cassette de expresión formado por un promotor inducible por el patógeno más la secuencia codificante antisentido Less22. La expresión de la secuencia antisentido disrumpe el metabolismo de las porfirinas que lleva a la activación de la respuesta hipersensible (HR).	DV

200010	P990101422	31/03/98	Método para inducir resistencia a patógenos en plantas; proteína que tiene actividad isocorismato sintetasa y secuencia de nucleótidos y cepa de Agrobacterium que comprende dicho vector; promotor inducible por patógeno y uso de dicho promotor; células vegetales capaces de sobreexpresar isocorismato sintetasa y plantas que comprenden dichas células vegetales.	Método para inducir resistencia a patógenos en plantas mediante la transformación con un cassette formado por un promotor inducible por el patógeno más las secuencias codificantes de las enzimas isochorismate synthase y/o isochorismate pyruvate lyase. Estas enzimas inducen la producción de ácido salicílico que activa a la respuesta hipersensible (HR) de la planta. Las secuencias de los genes de las enzimas pueden seleccionarse del siguiente grupo: entC aislado de Escherichia coli, orfA de Pseudomonas fluorescens, pchA de Pseudomonas aeruginosa y ics de Catharantus roseus estos genes codifican la isochorismate synthase y orfD aislado de Pseudomonas fluorescens y pchB que codifican la isochorismate pyruvate lyase.	A
200011	P990104883	29/09/98	Receptor TMOF, polinucleotido aislado, compuesto, método para controlar una plaga, método para identificar insecticidas, método para rastrear compuestos inhibidores de síntesis de tripsina, sonda de ADN, y molécula de ARN	Secuencia de ADN que codifica para el receptor de la hormona Trypsin Modulating Oostatic Factor (TMOF) utilizado para el screening de nuevos agentes de control pesticida.	DV
200012	P990105776	12/11/98	Composiciones Pad4 y métodos para las mismas.	Secuencia de ADN (genómica y cADN) que codifica la proteína PAD4, aislada de Arabidopsis thaliana, que activa la expresión de los mecanismo de defensa de la planta mediante la regulación positiva de los niveles de fitoalexinas y la proteína PR-1. Método para producir una planta transgénica resistentes.	DF
200013	P000101510	02/04/99	Promotor inducible por patógenos.	Secuencia de ADN que codifica un promotor, aislado de Arabidopsis thaliana, que mediante la inducción de un patógeno expresa la secuencia codificante asociada. Método de obtención de plantas transgénicas resistentes a patógenos.	DF
200014	P000101894	23/04/99	Polinucleótidos de NPR1 de maíz y métodos de uso de los mismos.	Secuencias de ADN que codifican a la proteína NPR1 y al promotor de NPR1 aisladas de Zea mays. Esta proteína controla el comienzo del mecanismo de resistencia sistémica adquirida (SAR). Método de obtención de una planta transgénica resistente enfermedades mediante la transformación un cassette de expresión que contiene al promotor y a la secuencia codificante de NPR1. Método para modular su expresión.	DF
200015	P000102326	14/05/99	Vides resistentes a un patógeno.	Secuencia de ADN que codifica la proteína PR-5, aislada Vitis vinifera. Método para obtener células vegetales, derivadas de embriones somáticos, mediante la transformación de la secuencia codificante junto con un promotor que se expresa en plantas.	A
200016	P000103197	24/06/99	Proteínas insecticidas y nematocidas.	Secuencia de cADN que codifica una proteína, aislada del hongo Xeroconomus chryserteron. Posee actividad tóxica contra insectos y nematodos con direccionamiento a cierto distinto targets. Método de detección y construcción de una librería de DNA de Xeroconomus ssp. Obtención de plantas, o partes de plantas, transgénicas resistentes.	DF
200017	P990106059	31/08/99	Nuevo método para identificar genes de tipo no-huésped contra enfermedades de plantas.	Materiales y métodos para indentificar secuencias de ADN que codifiquen proteínas que confieran resistencia a patógenos de plantas tipo no-huésped que consiste en seleccionar una planta con dicha resistencia (Solanum microdonturn), aislar las secuencias del gen de resistencia (gen R) e inferir homología, transformar una planta susceptible (Nicotiana benthamiana) a los patógenos con la secuencia incógnita homóloga a las secuencias del gen R,	A

				enfrentar la planta transgénica con el patógeno ( <i>Phytophthora infestans</i> ) y evaluar la expresión de una respuesta hipersensible (HR).	
200018	P990106524	17/12/99	Método para proteger a una planta o parte de dicha planta contra infestación por insectos o nematodos, planta transgénica y su progiene sexual obtenida a partir del mismo, medio de expresión biologicamente funcional, célula hùésped transformada mediante el anterior, composición agrícola que controla o ataca insectos o nematodos y peptido inhibidor del dominio de la tiroglobulina del tipo I repetido	Secuencia de ADN que codifica para un inhibidor de la cystein-proteasa digestiva que posee actividad tóxica contra insectos y nematodos que contengan la proteasa. Este inhibidor fue aislado de <i>Actinia equina</i> L. Métodos para la obtención de un cassette de expresión, una secuencia optimizada para la expresión en plantas y plantas transgénicas resistentes.	DV
200019	P010101009	06/03/00	Nuevos genes de plantas monocotiledóneas y usos de los mismos	Secuencias de ADN que codifican homólogos a la proteína NIM1 de <i>Arabidopsis thaliana</i> . Estas secuencias fueron aisladas de <i>Triticum aestivum</i> y <i>Orzyva sativa</i> e inician la cascada de transducción de señales que activa el sistema de resistencia sistémica adquirida (SAR) en las plantas monocotiledóneas. Métodos para la obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas resistentes a enfermedades.	DV
200020	P010101383	23/03/00	Receptores para activadores de respuesta hipersensible y sus usos.	Secuencias de ADN que codifican las proteínas R6p y HrBP1p aisladas de <i>Oryza</i> y <i>Arabidopsis thaliana</i> , respectivamente. Ambas proteínas son receptores de los elicitores de la respuesta hipersensible (HR) de patógenos de plantas mono- y dicotiledóneas, en especial contra el patógenos <i>Erwinia amylovora</i> . Método para obtener plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas transformandolas con un vector de expresión que contenga la secuencia codificante respectiva. Método para identificar compuestos que se unan a dichas proteínas en células de planta target. Método para aumentar la receptividad al tratamiento con elicitores de HR mediante el uso de las plantas transgénicas obtenidas. Método para obtener plantas transgénicas resistencia a enfermedades.	DF
200021	P020103324	03/09/01	Nuevas secuencias de ácido nucléico y su uso en procedimientos para lograr una resistencia a un agente patógeno en las plantas.	Método de silenciamiento génico para disminuir la expresión de la proteína RacB (aislada de <i>Hordeum vulgare</i> , <i>Oryza sativa</i> y <i>Zea mays</i> ) mediante la expresión de ARN de doble cadena. Este procedimiento permite la obtener plantas transgénicas con resistencia a patógenos.	N
200022	P030102213	21/06/02	Método para aumentar la resistencia de una planta frente a por lo menos un patógeno de plantas	Método para obtener una planta transgénica resistente a patógenos mediante un constructo formado por un promotor que se expresa en plantas y una secuencia codificante que codifica la proteína defensina que posee actividad antipatogénica a través de la formación de poros multiméricos en las membranas externas o internas de los patógenos	DF
200023	P030102214	21/06/02	Defensinas de plantas.	Secuencias de ADN que codifican a las proteínas defensinas que presentan actividad antipatogénica a través de la formación de poros multiméricos en las membranas externas o internas de los patógenos. Estas proteínas se aislaron de las plantas <i>Picramnia pentandra</i> , <i>Vernonia mespilifolia</i> y <i>Helianthus annuus</i> . Obtención de plantas transgénicas resistentes al hongo <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> , insectos y el nematodo quístico de soja.	En trámite

200024	P050103147	28/07/04	Método para aumentar la resistencia a los patógenos en plantas.	Método para aumentar la resistencia inducida (RI) contra patógenos en plantas mediante la incorporación de una construcción que expresa un receptor (JA-1, COX2 y RKS) de un compuesto de la señal sistémico (ácido jasmónico, ácido salicílico y brasinoesteroides) que activa RI	DF
200025	P060100295	26/01/05	Péptidos señal de defensa en plantas	Secuencias de ADN que codifican para péptidos señal de defensa (AtPep y otros) aislados de distintas plantas mono- y dicotiledóneas (entre ellas Arabidopsis thaliana). Estos péptidos inducen la inmunidad innata de las plantas. Cassette de expresión para obtener plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a patógenos. Kits para su detección.	DF
200026	P050102204	27/05/05	Moléculas de ácido nucléico que codifican polipéptidos ciclotidas y métodos de uso de las mismas.	Secuencias de ADN que codifican a la proteína ciclotida aislada de Viola spp. Estas secuencias se presentan en forma cíclica y lineal. Fueron optimizadas para mejorar su expresión en plantas y mediante un cassette de expresión se obtuvieron plantas mono y dicotiledóneas (en especial soja) transgénicas resistentes al hongo Sclerotinia sclerotiorum y los nematodos Panagrellus redivivus y C. elegans.	DF
200027	P060103072	19/07/05	ARN de doble hebra estabilizada in planta.	Constructo de ADN recombinante que transcribe un ARN doble cadena (dsARN) con mayor estabilidad mediante un incremento en la resistencia a la enzima RNasa III de planta, responsable del procesamiento de dsARN en plantas. El incremento de dicha resistencia consiste en un grupo de cambios en la secuencia de dsARN. Estos dsARN permiten el silenciamiento génico de genes de patógenos de plantas.	En trámite
200028	P070100590	13/02/06	Selección y estabilización de constructos de ARN ds	Método de silenciamiento génico mediante la expresión de un ARN de doble cadena (dsARN) capaz de reducir la expresión del gene que codifica la proteínas escenciales para los patógenos de plantas, en especial Diabrotica spp. El método optimiza expresión de los dsARN para aumentar la especificidad de los ARN pequeños de interferencia (siARN) y entre otras variables. Obtención de plantas transgénicas resistentes	En trámite
200029	P070102618	14/06/06	axmi-031, axmi-039, axmi-040 y axmi-049, una familia de genes de delta-endotoxinas y métodos para usarlos	Secuencias de ADN que codifican las proteínas AXMI-031, AXMI-039, AXMI-040, SYNAXMI-031 y variantes, aisladas de distintas cepas de Bacillus thuringiensis o aislamientos de suelo, que actúan como delta-endotoxinas. Métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a insectos Coleópteros y Lepidópteros y a nematodos como Heterodera schactii.	En trámite
200030	P070102651	15/06/06	Una familia de proteínas pesticidas y métodos de uso de las mismas	Secuencias de ADN que codifican las proteínas tipo AXMI, aisladas de distintas cepas de Bacillus thuringiensis, que actúan como delta-endotoxinas. Métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a insectos Coleópteros, Lepidópteros y Dípteros y a nematodos.	En trámite

## 2.1.0. Resistencia a insectos

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
210001	P298063	24/09/83	Un gen estructural insecticida para ser aplicado a una célula vegetal no embrionaria, un vector de ADN que comprende a dicho gen estructural insecticida, una cepa bacteriana que contiene dicho gen, un plásmido correspondiente y un método de modificación.	Secuencia de ADN que codifica una delta endotoxina (cry1Ac por BLAST) perteneciente a <i>Bacillus thuringiensis</i> var <i>kurstaki</i> HD-73. Esta toxina permite la obtención de plantas dicotiledóneas y gemnospermas transgénicas (algodón, tabaco) resistentes a insectos del orden de los Lepidópteros y Diptera. La construcción está bajo el control de un promotor expresable en plantas y la transformación fue mediada via <i>Agrobacterium tumefaciens</i> .	C
210002	P302890	18/01/85	Gen quimérico, célula de planta y proteína que lo comprenden, molécula sintética de ADN que codifica dicha proteína y método para proteger plantas con dicho gen.	Secuencia parcial o total de ADN que codifica una proteína Bt2 (cry1Ab por BLAST). Perteneciente a <i>Bacillus thuringiensis</i> berliner 1715. Esta proteína es una toxina que permite obtener plantas resistentes contra insectos del orden de los Lepidópteros.	C
210003	P310889	18/05/88	Método para proteger plantas de Zea Mays contra el daño causado por patógeno.	Método para controlar larvas de insectos de las familias Lepidópteros, Coleópteros y Dipteros. Consiste en la alimentación de dichas larvas con una planta fértil (o células) Zea mays transgénicas que contiene un ADN (sintético o aislado) que codifica una proteína de <i>Bacillus thuringiensis</i> con propiedades tóxicas.	C
210004	P314873	09/09/88	Gen protéico insecticida de BT modificado, un vector de clonación de ADN modificado y una célula que contiene el gen, un método para producir una proteína toxina y un método para producir dicho gen.	Secuencia ADN, sintetizada químicamente, que codifica una proteína insecticida equivalente a la proteína nativa de <i>Bacillus thuringiensis</i> var. berliner 1715. Dicha secuencia fue diseñada para ser ampliamente expresada en plantas mono y dicotiledóneas. Para hacerlo se tuvo en cuenta el codon usage de las plantas.	C
210005	P316229	24/02/89	Un gen quimérico modificado que codifica una proteína insecticida de <i>Bacillus thuringiensis</i> , un vector que lo contiene, y un método para mejorar la expresión de un gen heterólogo.	Secuencia de ADN sintética que codifica una proteína insecticida con cambios significativos para expresar mayor cantidad en plantas. Entre otras modificaciones, se proponen cambios en la secuencia ATTTA (presente en procariontas y no en eucariotas).	C
210006	P318889	22/01/90	Un procedimiento para producir una planta Zea Mays transgénica fértil.	Método para obtener una Zea mays transgénica fértil que contiene un gen que codifica para una endotoxina de <i>Bacillus thuringiensis</i> para obtener una planta transgénica, y su progenie, resistente a insectos.	C
210007	P323353	04/10/91	Secuencia de ADN con una actividad insecticida mejorada en maíz, vector recombinante promotor, métodos de producción de dicha secuencia, de protección de plantas de Maíz contra plagas de insectos y de producción de la progenie de dicha planta.	Secuencias ADN sintéticas (completa y troncada) que codifican proteínas CryIA(b) con modificaciones para maximizar la expresión en Maíz transgénico resistente a Lepidópteros y Coleópteros. Derivan del gen nativo cryIA(b) de <i>Bacillus thuringiensis</i> var. <i>Kurstaki</i> HD-1. Se modificó el "codon usage", poseen promotores específicos y constitutivos, una región híbrida con la proteína nativa, son estables al calor entre otros cambios.	C
210008	P950100237	22/11/94	Toxinas noveles.	Secuencia de ADN que codifica una neurotoxina, denominada BrhTX-1, aislada de <i>Bracon hebetor</i> . Esta neurotoxina es tóxica para insectos del orden de los Lepidópteros. Permite la obtención de plantas, o células de plantas, transgénicas resistentes a insectos.	DV

210009	P960103689	08/08/95	Un cassette de expresión génica para vegetales inducible químicamente que comprende una secuencia que codifica una proteína insecticida, una célula vegetal, un tejido vegetal, plantas y semillas transformadas con el cassette, un método de controlar INS.	Un cassette de expresión de un gen, que codifica la proteína Cry1A de <i>Bacillus thuringiensis</i> , inducible químicamente en plantas. El cassette tiene un promotor unido a la secuencia del regulador, derivada del gen alcR que codifica la proteína reguladora y un promotor inducible, derivado del gen alcA, unido al gen cry1A.	C
210010	P970104383	24/09/96	Proteína cristalina CryET33 ó 34 y método de preparación; segmentos de ácido nucléico aislados y purificados; célula huésped recombinante; métodos para usar un segmento de ADN y para detectar una secuencia de ácido nucléico; conjunto de elementos de detección de ácidos nucleicos; composiciones peptídicas y de célula de <i>Bacillus thuringiensis</i> ; anticuerpo purificado; método de detección de proteína cristalina péptodo; conjunto de elementos de inmunodetección; célula de <i>Bacillus thuringiensis</i> y composición que la contiene y método de preparación de una proteína cristalina.	Secuencias de ADN que codifican las proteínas CryET33 y CryET34 aisladas de <i>Bacillus thuringiensis kurstaki</i> cepas EG10327, EG2158, EG2159 Y EG11403. Estas proteínas son tóxicas para insectos del orden de los Coleópteros. Método para preparar plantas transgénicas resistentes.	C
210011	P060102842	24/09/96	Célula vegetal recombinante transformada para expresar un polipéptido insecticida, método para preparar dicha célula, anticuerpo purificado, método de detección de un polipéptido y conjunto de elementos (kit) de inmunodetección.	Proteínas insecticidas CryET33 CryET34 y similares que son tóxicas para insectos Coleópteros, entre ellos <i>Popillia japónica</i> y <i>Tribolium castaneum</i> . Método para la obtención de células vegetales transgénicas resistentes y un kit de inmunodetección.	En trámite
210012	P970104617	07/10/96	Una proteína CryLCA5 aislada de <i>Bacillus thuringiensis</i> , un fragmento N-terminal de dicha proteína, un gen sintético que codifica dicha proteína, un rocío insecticida y método para proteger una cosecha de plantas de una peste de insectos Lepidoptera.	Secuencia ADN sintética que codifica la protoxina CryICa5 truncada de 630 aminoácidos, aislada de <i>Bacillus thuringiensis</i> . Esta protoxina fue sintetizada químicamente modificando el "codon usage" para aumentar su expresión en plantas. Obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a insectos del orden de los Lepidópteros.	DF
210013	P970105065	30/10/96	Novedosas toxinas pesticidas y secuencia de polinucleótidos que codifican estas toxinas.	Toxinas pesticidas, pertenecientes a las familias Mis y Sup, aisladas de un numeroso grupo de cepas de <i>Bacillus thuringiensis</i> . Método de identificación mediante PCR, se listan un grupo de "primers" y sondas para uso. Método para la obtención de huésped transformado y control de peste animal no mamífero.	A
210014	P970105449	20/11/96	Delta endotoxinas de amplio espectro.	Secuencias de ADN híbridas que codifican distintos dominios de las proteínas nativas Cry1Ac, Cry1F y Cry1Ab, aisladas de distintas cepas de <i>Bacillus thuringiensis</i> . La combinación de estos dominios produce toxinas híbridas con un rango de especificidad más amplio contra insectos de las familias de Coleópteros, Lepidópteros y Dipteros. Método de obtención de plantas transgénicas resistentes.	C
210015	P970105581	27/11/96	Plantas transgénicas que expresan delta-endotoxinas activas contra Lepidopteros.	Secuencias de ADN que codifican para las familias de proteínas Cry1A, B, C, D, E, F, H, I y J (aislada de <i>Bacillus thuringiensis</i> ) con la región que se encuentra entre los bucles 1 y 2 modificada para aumentar su actividad insecticida contra insectos del orden de los Lepidópteros. Presentan las secuencias y sondas utilizadas. Obtención de plantas transgénicas resistentes, entre otros vectores.	A
210016	P970105949	19/12/96	El control de insctos, una planta monocotiledónes transgénica fértil, una célula, tejido o semilla de planta transgénica, un descendiente transgénico de la planta y el uso de un ADN recombinante y una planta.	Método para el control de insectos del orden de Coleópteros y Lepidópteros. Consiste en la alimentación o el contacto de dichos insectos con Maíz transgénico que contiene una secuencia de un gen que codifica para la enzima peroxidasa, aislada de Tabaco, tóxica para los insectos. A esta	A

				secuencia se le realizaron distintas modificaciones para obtener una mayor expresión en plantas.	
210017	P980100111	10/01/97	Proteína con características tóxicas que presenta actividad contra el Escarabajo pulga, secuencia de ADN, secuencia aislada de nucleótidos y gen quimérico.	Secuencia de ADN que codifica para una proteína Cry11 aislada de Bacillus thuringiensis C-18. Esta proteína es un insecticida de amplio rango contra insectos, nematodos y en especial contra el Escarabajo pulga. Métodos de aislamiento y purificación. Obtención de plantas o células de plantas transgénicas resistentes.	DV
210018	P980101152	13/03/97	Secuencia polinucleotídica que codifica una toxina activa para Lepidopteros, dicha toxina activa, un huésped transformado, un cebador oligonucleotídico y método para controlar una plaga de Lepidopteros.	Secuencias de ADN que codifican las toxinas 192M4, HD573, HD525 y 8612 aisladas de cepas de Bacillus thuringiensis 192M4, HD525, HD573 y 8612, respectivamente. Materiales y métodos para el control de insectos, la identificación y caracterización de los genes que codifican dichas toxinas.	A
210019	P980101133	13/03/97	Polipéptido, ácido nucléico aislada, cassette de expresión, célula vegetal transformada transgénica, planta transgénica fértil, semilla de la planta transgénica, métodos para producir una planta transgénica y método para producir una semilla transgénica.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido Bx1 de Maíz. Este polipéptido pertenece a la vía biosintética de las benzoxazinonas y es tóxico para los insectos ya que obstruye la actividad protolítica en el tracto digestivo de los mismos. Se obtienen plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes.	DF
210020	P980101151	13/03/97	Método para controlar una plaga vegetal con una toxina de Bacillus thuringiensis, cultivo biológicamente puro, secuencia de polinucleótido que codifica una toxina pesticida y toxina pesticida de un BT aislado.	Materiales y métodos para el control de insectos pertenecientes al orden de los Lepidópteros y para la obtención de plantas transgénicas resistentes. Con dicho objetivo utilizan toxinas pesticidas, en especial la proteína Cry5Ac, aisladas de distintos cultivos de Bacillus thuringiensis, como PS17, PS86Q3 y HD511.	A
210021	P980102483	29/05/97	Proteína sustancialmente purificada que presenta propiedades insecticidas, secuencias de ADN, vector, molécula aislada de nucleótidos, organismo, método para controlar el Gusano de la raíz del Maíz, célula vegetal transformada.	Secuencia de ADN que codifica para el polipéptido Pentin-1 aislado de las especies Pentaclethra macrophylla y Pentaclethra macroloba. Este polipéptido posee actividad insecticida y permite la obtención de Maíz transgénico resistente a "corn rootworm" pertenecientes al orden de los Coleópteros.	DF
210022	P980103704	31/07/97	Toxinas Bacillus thuringiensis que es activa contra pestes de Coleopteros, secuencias de polinucleótidos, un huésped recombinante, un vector de transferencia de ADN recombinante una toxina Cry6A de Bacillus thuringiensis. Una toxina de Bacillus thuringiensis.	Secuencia del gen cry6A total y/o parcial (denominada R443 en el texto) aislada de Bacillus thuringiensis PS86A1. Dicha secuencia codifica una proteína que posee actividad insecticida contra insectos del orden de los Coleópteros. Además, presentan los materiales y métodos para obtener la toxina y plantas transgénicas resistentes.	A
210023	P980103931	08/08/97	Método para controlar una plaga de insectos homópteros, cepa aislada PS66D3 y toxina o porción activa, gen que codifica dicha toxina y célula huésped transformada con el gen.	Método para el control de insectos del orden de los Homópteros a partir de una toxina aislada de las cepas HD969, PS66D3 y PS50C de Bacillus thuringiensis. Se obtienen de plantas transgénicas resistentes.	A
210024	P980104142	22/08/97	Método para aumentar la expresión de una proteína extraña codificada por un gen extraño en plantas, método para reprimir plagas en un lugar, método para aumentar el tiempo durante el cual puede aplicarse un herbicida y composición para aplicar en dichos métodos.	Método para aumentar la expresión de una proteína extraña endotoxina de BT codificada por un gen extraño en plantas tratadas con aldicarb. El método permite reprimir plagas.	C
210025	P980105727	12/11/97	Genes optimizados en plantas que codifican toxinas pesticidas.	Secuencias de ADN que codifican de proteínas pertenecientes a la familia de toxinas cry, en especial CryIF; CryIA(b) y CryIA(c), aislada de Bacillus thuringiensis. Se obtuvieron proteínas Cry truncadas activas contra insectos del orden de los Lepidópteros, se optimizaron para aumentar su expresión en plantas y se	C



				utilizó la parte activa sólo y se fusionaron para aumentar la actividad insecticida.	
210026	P970105497	12/11/97	Secuencias de polinucleótidos optimizadas para la expresión de toxinas pesticidas en plantas, toxina codificada por dicha secuencia, construcción de ADN, método para controlar una peste y célula huésped transformada.	Secuencia de ADN truncada que codifica para la proteína CryIF aislada de Bacillus thuringiensis PS811. Esta secuencia es la porción tóxica de dicha proteína y permite la obtención de plantas transgénicas resistentes a insectos del orden de los Lepidópteros. La secuencia de cryIF fue modificada para optimizar su expresión en plantas. Además, se obtuvo una proteína quimérica mediante la fusión de las secuencias, truncadas y optimizadas para la expresión en plantas, de los genes cryIF y cryIA(b). Esta construcción cryIF/cryIA(b) permite también la obtención de plantas resistentes a Lepidópteros.	C
210027	P980106508	18/12/97	Polipéptido Cry3Bb de B. thuringiensis aislado modificado, composición, polinucleótido, vector, virus, célula huésped transformada, planta transgénica, progénie, semilla, planta, método para controlar la población se insectos Coleopteros, método.	Secuencias de ADN sintéticas que codifican variantes de la proteína Cry3Bb modificadas por distintas estrategias de mutagénesis. Con estas variaciones se pretende hacer cambios en las secuencias aminoacídicas, que codifica para dichas toxinas, y de esta manera aumentar y/o hacer más específica la actividad insecticida contra insectos del orden de los Coleópteros.	C
210028	P990100667	20/02/98	Molécula de ácido nucléico aislada, gen quimerico, vector recombinante, célula huésped, planta toxina, composición que comprende dicha toxina, método para producir dicha toxina, método para producir una planta resistente a insectos, método para mutagenizar una molécula de ácido nucléico.	Secuencia de ADN que mediante la co-expresión de 3 ORFs (hph 2, orf 2 y orf 5) codifica una toxina activa contra insectos del orden de los Lepidópteros y Coleópteros. Esta secuencia fue aislada de Photorhabdus luminescens y permite la obtención de plantas transgénicas resistentes.	DF
210029	P980100818	24/02/98	Método para controlar la infestación de una planta de soja por un insecto de la familia Tortricidae para preparar una célula de una planta de Soja transgénica, progenies, semilla, secuencia de ácidos nucléicos y su uso y célula de soja huésped.	Método para obtener soja transgénica resistente al insecto de la familia Tortricidae mediante la transformación de la planta con un cassette de expresión que contiene la secuencia de ADN que codifica la proteína Cry1Ac.	C
210030	P990101428	01/04/98	Molécula de ADN, planta transformada con dicha molécula, huésped recombinante transformado para expresar una proteína insecticida quimerica, proteína insecticida, método para proteger a las plantas contra plagas de insectos y composición entomocida para el control de insectos Lepidopteros.	Secuencia de ADN sintética que codifica un híbrido entre la porción de la toxina N-terminal del gen cryIB y la protoxina C-terminal del gen cryIA(b). Esta construcción permite la obtención de Maíz transgénico resistente a insectos del orden de los Lepidópteros. Ambos genes fueron optimizados para aumentar expresión en Maíz.	A
210031	P990102242	12/05/98	Polinucleótido aislado, proteína pesticida para el control de plagas de Coleópteros, huésped y método para controlar plagas.	Secuencias ADN que codifican las proteínas 86A1 y 52A1, aisladas de Bacillus thuringiensis P86A1 y P52A1, que poseen actividad insecticida contra Coleópteros, en especial Phyllotreta. Las secuencias fueron modificadas para optimizar su expresión en plantas.	DF
210032	P990105354	23/10/98	Genes optimizados para la expresión en plantas que codifican toxinas pesticidas del tipo cytC	Secuencia de ADN que codifica la proteína CytC que posee actividad tóxica contra insectos. La secuencia fue modificada para optimizar su expresión en plantas.	DF
210033	P990105600	04/11/98	Métodos mejorados de transformación de plantas para que expresen delta-endotoxinas.	Método para la obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a insectos Lepidópteros. Se produce un constructo que contiene un promotor funcional en plantas, una secuencia que codifica un polipéptido con direccionamiento a plástidos y en el mismo marco de lectura una secuencia que codifica la toxina Cry2Ab de Bacillus thuringiensis que carece de actividad contra Dipteros.	C

210034	P000102140	04/05/99	Composiciones polipeptídicas tóxicas para Coleópteros y plantas transgénicas resistentes a insectos.	Secuencias de ADN que codifican proteínas CryET76, CryET80 y CryET84 que expresan una toxina que permite la obtención de plantas transgénicas resistentes a insectos del orden de los Coleópteros. Se revelan métodos de purificación y sondas inmunológicas para su detección. Además, se muestra su uso como biopesticida.	C
210035	P000103098	29/06/99	Proteínas insecticidas y combinaciones sinérgicas de las mismas.	Proteína insecticida aislada del hongo Paecilomyces farinosus. Su uso como insecticida y en combinación con las endotoxinas Cry11a y Cry11b de Bacillus thuringiensis para causar un efecto tóxico sinérgico. Métodos de detección y obtención de plantas transgénicas resistentes.	DF
210036	P000103366	01/07/99	Gen sintético cryIC y plantas transgénicas que expresan el mencionado gen.	Secuencia de ADN sintética que codifica la proteína CryIC de Bacillus thuringiensis aizawai. La secuencia del gen cryIC fue modificada en un 65% para aumentar su expresión en plantas y la eficiencia en la obtención de plantas transgénicas resistentes, como por ejemplo tabaco, algodón, maíz entre otras. Esta proteína es tóxica para insectos del orden de los Lepidópteros.	A
210037	P990104801	19/08/99	Expresión mejorada de proteínas insecticidas Cry3B en plantas	Proteínas Cry3 o sus variantes, Cry3B o Cry3Bb2 derivadas de Bacillus thuringiensis tenebrionis con actividad tóxica para insectos del orden de los Coleópteros. Método para la construcción del cassette de expresión que contiene la secuencia cry3 y obtención de plantas transgénicas resistentes.	C
210038	P000104851	15/09/99	Composiciones de D-endotoxina de Bacillus thuringiensis activas contra Lepidopteros y métodos de uso.	Secuencia de ADN que codifica a la proteína CryET31, aislada de Bacillus thuringiensis, que tiene una actividad tóxica contra insectos del orden de los Lepidópteros.	DF
210039	P990106733	23/12/99	Un polipéptido quimérico, una molécula aislada de ácido nucleico que lo codifica, un vector, una célula huésped transformada con dicho vector, un método para producir el polipéptido, un método para producir una planta resistente a plagas, una planta transgénica, un método para controlar o exterminar plagas, una composición, un método para producir una proteína dañina para la planta, una semilla.	Secuencia de ADN híbrido que codifica al polipéptido señal proteínasa-inhibidor de papa I o II (funciona como direccionamiento a vacuola) y las proteínas avidina o estreptoavidina que se utilizan para el control de insectos. Método para obtener plantas transgénicas resistentes a insectos de manera que no sea nocivo para la planta.	C
210040	P000106942	28/12/99	Proteínas insecticidas de Bacillus thuringiensis.	Secuencias de ADN que codifican las proteínas (o parte de ellas) Cry1Bf, Cry1Jd y Cry9Fa que permiten la obtención de plantas transgénicas resistentes a insectos. Estas proteínas fueron aisladas de Bacillus thuringiensis S0202BG y S02739C.	C
210041	P010102311	15/05/00	Composición de polipéptidos tóxicos contra insectos Anthonomus y métodos para el uso de las mismas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína LTC851 aisladas de Bacillus thuringiensis cepas EG4135 y EG4268. Estas proteínas son tóxicas para insectos del orden de los Coleópteros en especial contra Anthonomus grandis Boheman. Método para preparar plantas mono y dicotiledóneas transgénicas resistentes	DF
210042	P010102359	18/05/00	Proteínas insecticidas secretadas (ISP)	Proteínas artificiales, truncadas y optimizadas para su expresión y direccionamiento en plantas denominadas lsp1A y lsp2A. Estas proteínas permiten la obtención de plantas transgénicas (en especial Maíz) resistentes a insectos del orden de los Coleópteros. Se presentan secuencias de ADN que codifican dichas proteínas insecticidas. Estas proteínas fueron aisladas de Brevibacillus laterosporus.	C

210043	P010104018	25/08/00	Toxinas insecticidas y secuencias de ácido nucleico que las codifican.	Método para el control de insectos mediante distintas combinaciones de las secuencias de ADN de la parte N-terminal dominios I y II de la proteína Cry1Ab con la parte C-terminal del dominio III de Cry1C provenientes de Bacillus thuringiensis. Método de obtención de plantas transgénicas resistentes.	DF
210044	P010104317	12/09/00	Proteínas de Bacillus thuringiensis inhibidoras de insectos, fusiones y métodos de uso de las mismas.	Secuencias de ADN que codifican a las proteínas CryET33, CryET34, t1C100 y t1C101, aisladas de Bacillus thuringiensis, que poseen actividad tóxica contra insectos del orden de los Coleópteros. Mediante la fusión de las secuencias se obtuvieron las combinaciones de proteínas: CryET33/CryET34, CryET34/CryET33, t1C100/t1C101, t1C101/t1C100, CryET33/t1C101 o t1C100/CryET34 todas estas construcciones permiten expresión mayor y más segura de la toxina completa en la planta. Método de detección.	DF
210045	P010105418	20/11/00	Polinucleotido aislado, primer y segundo polinucleotico cebador, método para detectar el suceso vegetal de algodón 531, molécula de polinucleotido aislado obtenida por dicho método, equipo de detección de ácido nucleico y método para determinar la cigosidad del genoma de una planta de algodón.	Evento MON531 de algodón resistente a lepidópteros (cry1Ac) y primers para su detección.	C
210046	P020100051	09/01/01	Nuevas proteínas insecticidas de Bacillus thuringiensis.	Secuencia de ADN nativa o artificial que codifica para las proteínas Cry2Ae, Cry2Af y Cry2Ag (aisladas de Bacillus thuringiensis) que poseen actividad insecticida contra insectos del orden de los Lepidópteros. La secuencia artificial de Cry2Ae fue modificada para aumentar su expresión en algodón y maíz y permitir el direccionamiento a distintas organelas. Materiales y métodos para la detección.	En trámite
210047	P020100961	19/03/01	Proteínas Cry modificadas, sensibles a la pepsina; proceso para incrementar la sensibilidad de las proteínas Cry a la pepsina, polinucleótidos que codifican dichas proteínas modificadas; genes quiméricos que incluyen dichos polinucleótidos y vectores de expresión o de transformación que comprende los genes mencionados; organismos hospedantes transformados por dichos vectores; plantas que contienen dichos genes y los granos y partes de dichas plantas; procedimiento para producir las proteínas Cry modificadas cultivando los organismos transformados mencionados y anticuerpos mono y policlonales dirigidos contra la proteínas Cry modificadas mencionadas	Proteína Cry1, 3, 4, 7, 8, 9, 10, 16, 17, 19 o 20; en especial la proteína Cry9Ca1 modificada por mutagénesis dirigida en al menos un sitio, dentro del dominio I, para ser sensible a la proteasa pepsina. Esta proteasa produce la degradación de las proteínas Cry en mamíferos que la posean, sin perder su actividad insecticida.	A
210048	P020101138	30/03/01	Toxinas insecticidas aisladas de Bacillus thuringiensis y sus usos.	Secuencias de ADN que codifican una toxina activa contra insectos del orden de los Lepidópteros que hibridiza, en condiciones establecidas, con un fragmento natural o sintético (2,4 kb) del gen vip3B y todas las secuencias que codifiquen algo similar.	En trámite
210049	P020102188	11/06/01	Evento MON 15985 en algodón y composiciones y métodos para la detección del mismo.	Evento MON15985 de algodón resistente a lepidópteros (cry2Ab) y primers para su detección.	En trámite
210050	P020103249	31/08/01	Toxinas Cry3A modificadas y secuencias de ácido nucleico que las codifican.	Proteína Cry3A modificada para su expresión en maíz y con el agregado de un sitio de reconocimiento a Catepsina-G. Este sitio es reconocido por una proteasa digestiva de los insectos que causa un porcentaje mayor de mortalidad de los mismos. Se obtuvieron 8 toxinas modificadas en distintas posiciones de los dominios de la proteína.	C

210051	P020104884	17/12/01	Evento de maíz	Evento VIP1034 de maíz resistente a lepidópteros (vip3) y a herbicida (pat) y primers para su detección.	A
210052	P030100713	06/03/02	Novedosas toxinas Vip3, procedentes de Bacillus thuringiensis y métodos par su utilización.	Secuencia de ADN que codifica una toxina activa contra insectos. La secuencia pertenece a la familia de genes vip de Bacillus thuringiensis. Se expresa en plantas y otros vectores transgénico, en particular maíz, algodón y Escherichia coli. Métodos de obtención.	En trámite
210053	P030100998	22/03/02	Proteínas insecticidas de Bacillus thuringiensis.	Secuencias de ADN que codifican una variedad de proteínas pequeñas (23-33 Kda) pertenecientes a la familia de las ISP3, aisladas de Basillus thuringiensis. Estas proteínas son sintéticas y son toxicas para los insectos.	En trámite
210054	P030101574	03/05/02	Expresión inducible por lesiones en plantas.	Incremento de la expresión de genes cry de Bacillus thuringiensis mediante la utilización de un promotor TR2' que se inducido por lesiones en plantas monocotiledóneas.	C
210055	P030101573	03/05/02	Plantas resistentes a insectos y métodos para obtener las mismas.	Secuencia de ADN que codifica una proteína Cry1Ab modificada perteneciente a Bacillus thuringiensis que posee actividad insecticida. Se expresa en cultivos como maíz, algodón y arroz.	C
210056	P030102703	29/07/02	Evento de maíz PV-ZMIR 13 (MON863), Plantas, composiciones y métodos para la detección del mismo.	Evento de maíz PV-ZMIR 13 (MON863) resistente a coleópteros (cry3Bb) y métodos para su detección.	En trámite
210057	P030103941	29/10/02	Planta de algodón transgénica (COT102) con resistencia a insectos mediada por la proteína VIP3A	Método y primers para detección del evento COT102 de algodón resistente a lepidópteros (vip3a) .	En trámite
210058	P030104174	12/11/02	Secuencias de ADN de la región genómica TCD de Photorhabdus luminiscens	Secuencias de ADN que codifican las secuencias TcdA1, TcdB2, TccC3, TccC4 y TccC5 aisladas de Photorhabdus luminiscens W-14. Estas proteínas pertenecen al complejo de toxinas TC. Método de obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a insectos.	DF
210059	P040100071	13/01/03	Gen que interviene en la resistencia al pulgón Aphis Gossypii	Secuencia de ADN (genómica y cADN) que codifica la proteína Vat aislada de Cucumis melo. Esta proteína permite la obtención de plantas transgénicas (algodón, tomate) resistentes al insecto Aphis gossypii y a la transmisión de los virus de cual este insecto es vector. Materiales y métodos para la detección del gen vat y similares.	DF
210060	P040100032	21/01/03	Método para la inhibición de insectos	Método para controlar o inhibir insectos del orden de los Lepidópteros mediante la obtención de plantas trasgénicas que produzcan un complejo de toxinas: las Proteínas A, B y C. Cada una de estas proteínas tóxicas consiste en un grupo de secuencias obtenidas de los organismos Xenorhabdus, Photorhabdus y Paenibacillus. Las proteínas clase B y C aumentan la toxicidad a las proteínas clase A, siendo importante que las tres proteínas del complejo se exprese combinando una o más secuencias de cada grupo.	DF
210061	P030100031	21/01/03	Proteínas de TC de Xenorhabdus y genes para el control de plagas	Secuencia de ADN que codifica para la proteína XptA2, perteneciente al complejo de toxinas TC, aislada de Xenorhabdus nematophilus. Esta proteína posee actividad insecticida y fue modificada para aumentar su expresión en Algodón, Maíz y Soja.	DF
210062	P040101508	02/05/03	Evento de maíz TC1507 y métodos de detección del mismo	Evento de maíz TC1507 resistente a lepidópteros (cry1F) y tolerante al herbicida glufosinato de amonio (pat) y métodos para su detección.	En trámite

210063	P040102399	07/07/03	Proteínas secretadas insecticidas de especies de Bacillus y usos de las mismas	Secuencias de ADN que codifican las proteínas Tic901, Tic1201, Tic407, Tic417 y Tic431 aisladas de Bacillus thuringiensis. Estas proteínas poseen actividad tóxica contra insectos del orden de los Coleópteros. Materiales y método de detección.	En trámite
210064	P040104424	01/12/03	Plantas de algodón resistentes a insectos y métodos para su detección.	Método y primers para detección del evento COT202 de algodón resistente a lepidópteros (vip3a) .	DF
210065	P040104423	01/12/03	Plantas de algodón resistentes a insectos y métodos para su detección.	Método y primers para detección del evento COT203 de algodón.	DF
210066	P040104674	15/12/03	Planta de maíz MON88017 y composiciones y métodos de detección de la misma	Evento MON88017 de maíz resistente a coleópteros (cry3Bb1) y tolerancia a glifosato (cp4) y primers para su detección.	En trámite
210067	P040104700	16/12/03	Composiciones de genes y proteínas insecticidas secretadas de Bacillus thuringiensis y usos de las mismas	Secuencias de ADN que codifican las proteínas Tic900, Tic402, Tic403, Tic404, Tic434, tic961, tic962, tic963, tic965 y tic966 aisladas de Bacillus thuringiensis. Estas proteínas poseen actividad tóxica contra insectos del orden de los Lepidópteros. Se optimizan las secuencias para su expresión en plantas monocotiledóneas.	En trámite
210068	P040104877	22/12/03	Miembros de la familia Cry9 de Bacillus	Grupo de secuencias de ADN truncadas o completas que codifica para la familia de proteínas Cry9 que posee actividad insecticida contra insectos del orden de los Lepidópteros. Las secuencias o fragmentos de las mismas fueron modificadas para su mejor expresión en plantas.	En trámite
210069	P040104880	23/12/03	Activación de toxinas contra insectos en las plantas	Método para obtener plantas transgénicas resistentes a insectos mediante el uso de un cassette de expresión que contiene una protoxina Cry8Bb1 que posee un sitio de activación proteolítica. Este sitio es activado por las proteasas de las plantas y permite la obtención de la toxina Cry8Bb1 activa.	A
210070	P040104900	24/12/03	Genes que codifican proteínas con actividad pulgicida	Método para obtener una proteína Cry8Bb1 modificada en un sitio proteolítico alterado para resistir la degradación o inactivación que producen las proteasas de las plantas.	En trámite
210071	P050100059	07/01/04	Proteínas y genes de complejos de toxina de Xenorhabdus bovienii y uso	Secuencia de ADN que codifica las proteínas XptB1xb, XptA1xb, XptC1xb y XptA1xb aisladas de Xenorhabdus bovienii ILM104. Estas proteínas poseen actividad insecticida contra insectos. Materiales y método de detección.	DF
210072	P050100232	22/01/04	Péptidos para inhibir insectos	Secuencias de ADN que codifican los fragmentos peptídicos, que actúan como receptores de las proteínas Cry de Bacillus thuringiensis. Estos receptores son CR12-MPED, CR11-MPED, Btr1a, PCAP y Ano-Cad y en conjunto con las toxinas Cry permiten la obtención de Algodón y Maíz transgénico resistente a insectos del orden de los Lepidópteros.	En trámite
210073	P050100610	20/02/04	Lipasas y métodos mde uso en plantas	Secuencias de ADN que codifican para 4 lipasas distintas (aisladas de diferentes organismos) que poseen actividad insecticida. Método para la obtención de Maíz transgénico resistente a insectos mediante la introducción de una combinación entre una secuencia de dichas lipasas y una secuencia que codifique para una proteína insecticida de Bacillus thuringiensis. Esta combinación produce un efecto sinérgico.	DF

210074	P050100609	20/02/04	Métodos para aumentar la resistencia a insectos en las plantas.	Secuencias de ADN que codifican para 7 lipasas distintas (aisladas de diferentes organismos) que poseen actividad insecticida. Método para la obtención de Maíz transgénico resistente a insectos mediante la introducción de una combinación entre una secuencia de dichas lipasas y una secuencia que codifique para una proteína insecticida de <i>Bacillus thuringiensis</i> . Esta combinación produce un efecto sinérgico.	DF
210075	P050100712	25/02/04	Polipéptidos cristalinos y polinucleótidos de <i>Bacillus thuringiensis</i> y composiciones con los mismos.	Secuencias de ADN que codifican para un numeroso grupo de proteínas pertenecientes a la familia de las Cry2A de <i>Bacillus thuringiensis</i> . Estas secuencias se obtuvieron mediante la técnica "DNA shuffling" y poseen actividad insecticida mejorada contra un amplio rango de insectos.	En trámite
210076	P050100794	02/03/04	Proteínas de fusión de complejos de toxinas insecticidas	Secuencias de ADN fusionadas (con o sin secuencia linker) que codifican para las proteínas clase A, B y C pertenecientes al complejo TC aislado de <i>Xenoharbdus</i> entre otras bacterias. Estas proteínas puede estar dispuestas en cualquier posición. Las proteínas clase B y C potencian la actividad insecticida de la proteína clase A.	En trámite
210077	P050100835	05/03/04	Combinaciones de Cry1AB y Cry1FA como herramienta para el control de la resistencia de los insectos	Método para el control de insectos del orden de los Lepidópteros mediante la expresión de una proteína química compuesta por los dominios, con actividad tóxica, de las proteínas Cry1Ab y Cry1F en Maíz.	En trámite
210078	P050101167	25/03/04	Evento MIR604 de maíz	Evento MIR604 de maíz resistente a coleópteros (cry3A055) y primers para su detección.	En trámite
210079	P040103858	26/03/04	Líneas transgénicas de algodón cry1F y cry1Ac e identificación evento específica de las mismas.	Eventos 281-24-236 (cry1F) y 2006-210-23 (cry1Ac) de algodón resistentes a lepidópteros, el apilamiento de ambos eventos y primers para su detección.	En trámite
210080	P070104029	09/04/04	Composiciones y métodos para el control de infecciones de insectos en plantas.	Método que utiliza el procedimiento de silenciamiento génico para controlar insectos Coleópteros (en especial, corn rootworm) mediante la introducción en la dieta de ARN de doble cadena (dsARN), que codifican proteínas esenciales para los insectos. Métodos la obtención de plantas transgénicas resistentes que contengan dichos dsARN. Método y secuencias necesarias para obtener los dsARN y producir los cassettes de expresión en plantas.	En trámite
210081	P050101401	09/04/04	Métodos para el control de infecciones de insectos en plantas.	Método que utiliza el procedimiento de silenciamiento génico para controlar insectos Coleópteros mediante la introducción en la dieta de ARN de doble cadena (dsARN), que codifican proteínas esenciales para los insectos. Métodos la obtención de plantas transgénicas resistentes que contengan dichos dsARN. Método y secuencias necesarias para obtener los dsARN y producir los cassettes de expresión en plantas.	En trámite
210082	P050104089	29/09/04	Evento DAS-59122-7 de maíz y método para su detección	Evento DAS-59122-7 de maíz resistente a Coleópteros (cry34Ab1/cry35Ab1) y primers para su detección.	En trámite
210083	P050104196	05/10/04	Ciclotido vegetal insecticida con actividad contra insectos del orden homóptera	Secuencias de ADN que codifican para 3 péptidos pequeños denominados Cyclotide, aislados de <i>Viola</i> spp., que aumentan el sistema de defensa de la planta y en especial permiten la obtención de plantas trasgénicas resistentes a insectos del orden de los Homópteros. Una de las secuencias fue modificada para optimizar su expresión en Maíz y Soja.	DF

210084	P040104233	17/11/04	Resistencia a insectos por inhibición de expresión génica	Secuencias de ADN modificadas que transcriben ARN de doble cadena capaces de reducir la expresión de genes que codifican proteínas eIF1A, a-tubulina, EcR y a-actina esenciales para los insectos <i>Aphis gossypii</i> y <i>Myzus persicae</i> . Método de silenciamiento génico mediante la expresión del ARN de doble cadena quimérico dentro de células del floema de una planta.	En trámite
210085	P060100798	02/03/05	Fuentes para, y tipos de, proteínas activas insecticidas y polinucleótidos que codifican proteínas antecedentes	Secuencia de ADN que codifica la proteína <i>Tcp1Gz</i> , aislada del hongo <i>Gibberella zeae</i> , que actúa como potenciador ya que fusiona a las proteínas clase B y C de la cualquier proteína clase A, que posee actividad insecticida. Métodos de detección de las proteínas y obtención de plantas transgénicas resistentes u otros vectores. Se describen otras secuencias en las que se modifica el codon usage para su expresión en plantas o las proteínas clase B y/o C fueron aisladas de otros organismos.	DF
210086	P060102379	08/06/05	Secuencias de reconocimiento de proteasas específicas para insectos	Método para obtener plantas transgénicas resistentes a insectos mediante el uso de un cassette de expresión que contiene una protoxina, en especial de la familia de proteínas <i>Cry8</i> , que posee un sitio de activación proteolítica que es activado por las proteasas presentes el intestino del insecto permitiendo la obtención de la toxina activa. Se muestra un grupo de secuencias de los sitios de activación proteolítica.	En trámite
210087	P060103813	31/08/05	Secuencias de nucleótidos que codifican proteínas insecticidas <i>Cry1</i> .	Secuencias de ADN que codifican una proteína <i>CryIA.105</i> , aislada de <i>Bacillus thuringiensis</i> . Estas proteínas son tóxicas contra insectos del orden de los <i>Lepidópteros</i> y fueron modificadas para mejorar su expresión en plantas mono- y dicotiledóneas.	En trámite
210088	P060103814	31/08/05	Composiciones insecticidas y métodos para crear plantas transgénicas resistentes a los insectos	Secuencias de ADN que codifican para las proteínas <i>ET29</i> , <i>ET37</i> , <i>Tic809</i> , <i>Tic810</i> y <i>Tic812</i> aisladas de distintas cepas de <i>Bacillus thuringiensis</i> . Las tres primeras proteínas poseen actividad insecticida contra insectos del los ordenes <i>Coleópteros</i> y <i>Hemípteros</i> . Las últimas dos proteínas ( <i>Tic810</i> y <i>812</i> ) funcionan como chaperonas de las toxinas aumentando su actividad contra dichos insectos. Se optimizaron las secuencias de las proteínas para mejorar su expresión en plantas mono- y dicotiledóneas. Métodos para la construcción de cassettes que expresan una toxina y una chaperona en forma conjunta.	DF
210089	P060104056	16/09/05	Método para el control genético de infestaciones de insectos en plantas y composiciones para los mismos	Secuencias de ADN transcriben ARN de doble cadena ( <i>dsARN</i> ) que con el procedimiento de silenciamiento génico permite controlar insectos <i>Coleópteros</i> (en especial <i>Diabrotica</i> ) mediante la introducción en la dieta de los <i>dsARN</i> , que codifican proteínas esenciales para los insectos. Métodos la obtención de plantas transgénicas resistentes que contengan dichos <i>dsARN</i> . Método necesarios para obtener los <i>dsARN</i> y producir los cassettes de expresión en plantas.	En trámite
210090	P050105362	20/12/05	Complejo de toxina de <i>Xenorhabdus</i> .	Grupo de secuencias de ADN que codifican proteínas clases B y C, pertenecientes al complejo de toxinas de <i>Xenorhabdus</i> <i>Xwi</i> , que funcionan como potenciadores de la expresión de una toxina activa contra insectos <i>Lepidópteros</i> . Método de obtención de Maíz transgénico resistente.	En trámite

210091	P070101139	21/03/06	Génes que codifican proteínas insecticidas	Secuencias de ADN que codifican para las familias de proteínas Cry1C, Cry1B y Cry1D que son tóxicas contra insectos. Estas proteínas fueron modificadas para mejorar su expresión en plantas mediante el agregado de intrones y una secuencia que permite el direccionamiento a plástidos.	En trámite
210092	P060102949	07/07/06	Planta /célula de planta de soja transgénica, progenie y semilla de la misma, segmento aislado de ácidos nucleicos y uso del mismo, método para preparar una planta /célula de planta de soja y método para controlar la infestacion por plaga de insecto	Método para obtener una soja transgénica resistente a insectos de la familia Tortricidae mediante la expresión de una endotoxina, de la familia de la Cry1, aislada de Bacillus thuringiensis.	En trámite
210093	P080101406	05/04/07	Método para identificar la presencia del evento de transformación EE-GH5 en plantas transformadas que confiere resistencia a insectos.	Evento EE-GH5 de algodón (Gossyrium hirsutum) resistente a Helicoverpa sp. o Heliothis sp. (cry1Ab) y primers para su detección.	En trámite
210094	P080103976	14/09/07	Genes sintéticos de delta-endotoxina AXMI-004 y métodos de uso de los mismos.	Secuencias de ADN sintética que codifican a las proteínas AXMI-004, delta endotoxina de Bacillus thuringiensis, que poseen actividad tóxica contra insectos Coleópteros y Lepidopteros. Método de obtención de plantas transgénicas resistente a insectos.	En trámite

## 2.2.0. Resistencia a hongos

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
220001	P321827	25/02/91	ADNc derivado de ARN, una enzima de oxalato de oxidasa codificada por dicho ADNc, una composición fungicida agrícola que la comprende, célula de planta tratada con la misma y métodos correspondientes.	Método para combatir patógenos fúngicos (Sclerotinia sclerotorum) mediante la obtención de plantas transgénicas dicotiledóneas (girasol) transformadas con un constructo integrado por un promotor que se expresa en plantas, un gen que codifica la enzima oxalato oxidasa y una región de poliadenilación. Esta enzima degrada o reduce el contenido del ácido oxálico, componente clave del ataque patogénico.	C
220002	P333100	12/08/94	Método para detoxificar un producto de hidrólisis de fumonisina o un producto de hidrólisis de un a micotoxina estructuralmente relacionada, célula de planta transgénica que expresa la catabolasa AP1, método para producir dicha catabolasa, microorganismo de ingeniería genética que produce dicha catabolasa, composiciones probiótica e inoculante para alimentos que comprenden a dicho microorganismo.	La enzima AP1 catabolasa es capaz de degrada fumonisina en los organismo Exophiala spinifera, Rhinocladia atrovirens y una bacteria. Permite la producción de Maíz transgénico resistente a hongos. Métodos de obtención.	C
220003	P970102829	26/06/96	Método para la producción de una planta transgénica con resistencia a un patógeno de planta.	Método para producir una Vitis vinifera 'Thompson Seedless' transgénica resistente a patógenos fúngicos. Esto se produce mediante la expresión de un péptido lítico (Shiva-1) que confiere la resistencia vía Agrobacterium tumefaciens.	C
220004	P970105885	13/12/96	Segmento de ácido nucleico purificado, molécula ADN aislada, célula huésped recombinante, método para usar un segmento que codifica un polipéptido fungicida de Alfalfa aislado y dicho polipéptido fungiciday método para controlar hongos patógenos en las plantas.	Proteínas AlfAFP1 y AlfAFP2, aisladas de plantas de Alfalfa, que poseen actividad antifúngica contra un amplio espectro de hongos. Método para la detección de dichas proteínas y para la obtención de plantas transgénicas resistentes.	A
220005	P980105638	07/11/97	Gen que codifica la tanatina, vector que lo contiene y plantas transformadas obtenidas, resistentes a las enfermedades.	Secuencia de ADN que codifica al péptido Thanatin, aislado del Psodius maculiventris adulto, que posee actividad antifúngica contra un amplio rango de hongos. Método para la obtención de plantas transgénicas	DF



				resistentes, en especial tabaco, mediante la formación de un constructo que exprese al péptido.	
220006	P990100968	06/03/98	Molécula de ácido nucléico aislado que confiere, mejora, o facilita la resistencia a un patógeno en una planta, método para identificar una secuencia genética resistente a patógeno, o una secuencia genética similar a la resistente a patógeno en una planta, construcción genética, secuencia de promotor aislada, proteína resistente a patógeno, molécula de anticuerpo, método para producir una planta con resistencia mejorada a un patógeno de planta y planta producida por dicho método.	Secuencia de ADN que codifica las proteínas Rp1-D, Rpg1 y hrp1, aisladas e maíz o cebada, que posee actividad fungicida contra Puccinia sorghi. Métodos para obtener cassettes de expresión y plantas transgénicas resistentes.	DF
220007	P990101719	15/04/98	Heliomicina, fragmentos de ácidos nucléicos codificantes de la heliomicina y composiciones farmacéuticas que las contienen.	Secuencias de ADN que codifican al péptido Heliomicina, aislada de Heliothis virescens, que posee actividad antigúngica contra los hongos Cladosporium herbarum, Fusarium culmorum, Fusarium graminearum o Phhytophthora cinnamomi. Estos péptidos son ricos en cisteínas y responden a una fórmula general: péptido (1-10 aminoácidos)-cys-péptido (1-6 aminoácidos)-cys-péptido(3 aminoácidos)-cys-péptido(1 aminoácidos)-cys-péptido(1-7 aminoácidos)-cys-péptido(1 aminoácidos)-cys-péptido(1-5 aminoácidos).	DF
220008	P990102529	29/05/98	Células, plantas y semillas de algodón genéticamente diseñadas para expresar proteínas en enlace de quitina insecticidas y fungicidas (lectinas), método para producir una lectina pesticida, método para producir una planta de algodón resistente a plagas, y método para matar una plaga de algodón.	Método para la obtención de algodón transgénico resistente a hongos mediante un cassette de expresión que contiene la proteína Lectina, en especial las lectina barley, nettle y hevein. Estas lectinas poseen también actividad pesticida contra insectos.	DF
220009	P990103490	15/07/98	Secuencia aislada de polinucleótido, cassette de expresión recombinante, vector, célula huésped, célula vegetal transformada, planta, semilla polipéptido aislado, métodos para reducir la patogenicidad de un hongo, que produce fumonisina, o una micotoxina estructuralmente relacionada, método de degradación de la fumonisina.	Secuencia de ADN que codifica la proteína Aminopoliolaminooxidasa (APAO) aislada de Exophiala spinifera. Esta proteína dentro de un cassette de expresión permite la obtención de plantas transgénicas resistentes a hongos productores de fumonisina o micotoxinas similares. Método de detección de fumonisinas.	A
220010	P990104171	19/08/98	Nueva proteína antifúngica de Festuca y su uso en el contril de enfermedades de las plantas.	Secuencias de ADN que codifican polipéptidos, aislados de Festuca, que poseen actividad antifúngica. Método para la obtención de plantas transgénicas resistentes.	A
220011	P000101054	12/03/99	Proteína Ve y secuencias de ácido nucléico, composiciones y método para la resistencia de las plantas a los patógenos.	Secuencia de ADN (genómica y cADN) que codifica la proteína Ve, aislada de Lycopersicon esculentum y Solanum chacoense. Esta proteína, dentro de un cassette de expresión, permite la obtención de plantas transgénicas resistentes a hongos del género Verticillum.	A
220012	P000101434	31/03/99	Planta transgénica y métodos.	Método para obtener trigo, maíz, cebada o arroz transgénico resistente a Fusarium mediante la expresión de 3-o-acetiltransferasa aislada de Fusarium sporotrichioides, Fusarium graminearum y Saccharomyces cerevisiae. Esta enzima cataliza la acetilación de diferentes tricotecenos (micotoxinas) reduciendo su toxicidad. Presenta las secuencias de la enzima.	DF

220013	P990103491	21/05/99	Ácido nucléico aislado, vector, cassette de expresión recombinante, célula huésped, célula de una planta transgénica, plantatransgénica, semilla transgénica, proteína aislada, polipéptido, método para reducir la patogenicidad de un hongo productor de fumosina o una micotoxina estructuralmente relacionada, método para degradar una fumonisina, o una micotoxina estructuralmente relacionada, método para elaborar una enzima amino poliolamino oxidasa, método para identificar células vegetales transformadas, métodos para detectar una fumonisina, una micotoxina estructuralmente relacionada, el producto hidrolizado de la fumonisina o el producto hidrolizado de una micotoxina estructuralmente relacionada.	Secuencias de ADN que codifican la proteína Aminopoliolaminoxidasa (APAO) aislada de distintas cepas de <i>Exophiala spinifera</i> y <i>Rhinoctadiella atrovirens</i> . Estas proteínas dentro de un cassette de expresión permiten la obtención de plantas transgénicas resistentes a hongos productores de fumonisina o micotoxinas similares. Método de detección de fumonisinas.	A
220014	P000103002	17/06/99	Procedimiento para elevar la resistencia de las plantas de cultivo contra los agentes patógenos fúngicos y bacterianos mediante métodos de genética molecular.	Método para aumentar la resistencia de plantas (Manzanas y vides) contra hongos ( <i>Venturia inaequalis</i> y <i>Botrytis cinerea</i> ) y bacterias mediante la inhibición total o parcial de la enzima flavanona 3-hidroxilasa (F3H) a través de distintos métodos moleculares.	DF
220015	P010103293	13/07/00	Genes de lipoxigenación, promotores, péptidos de tránsito y proteínas de los mismos.	Promotor de la enzima lipooxigenasa (LOX), aislado de <i>Oryza sativa</i> , que inducido químicamente expresa la secuencia codificante asociada. Secuencia de cADN que codifica la enzima LOX, aislada de <i>Oryza sativa</i> , que expresada en plantas les confiere resistencia a hongos.	DF
220016	P030103843	22/10/02	Planta transgénica con actividad quitinasa.	Grupo de secuencias de ADN que codifican el polipéptido quitinasa. Estas secuencias fueron modificadas y clonadas dentro de un cassette de expresión para obtener plantas transgénicas resistentes: Maíz transgénico resistente a hongos del género <i>Fusarium</i> y Soja transgénica resistente a nematodos del género <i>Heterodera</i> . Estas secuencias para aumentar su actividad tóxica en un gran porcentaje respecto de una secuencia de referencia: la quitinasa A del maíz. Método de detección de las quitinasas.	DF
220017	P050100569	17/02/04	Gen que interviene en la resistencia a Sclerotinia	Secuencia de ADN que codifica la proteína Pk-p de <i>Helianthus anthurus</i> . Esta proteína es una lectin-proteína quinasa y mediante un cassette de expresión puede obtenerse plantas transgénicas resistentes al hongo <i>Sclerotinia</i> .	DF
220018	P050101907	13/05/04	Secuencias de ácidos nucleicos y su uso en procedimientos para obtener una resistencia a patógenos en plantas	Método de silenciamiento génico mediante la expresión de un ARN de doble cadena capaz de reducir la expresión del gene que codifica la proteína callose-sintetasa (CSL) aislada de <i>Hordeum vulgare</i> , <i>Zea mays</i> , <i>Oryza sativa</i> , <i>Triticum aestivum</i> y <i>Arabidopsis thaliana</i> . Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas resistentes a hongos de las familias Pucciniaceae, Mycosphaerellaceae y Hypocreaceae.	DF
220019	P050102603	24/06/04	Procedimiento para incrementar la resistencia a los agentes patógenos en plantas transgénicas por expresión de una peroxidasa	Método para obtener plantas transgénicas resistentes a hongos tipo mildew transformándola con un vector de expresión compuesto por un promotor constitutivo y tejido-específico, una secuencia de ADN, que codifica una proteína HvBgt1 y secuencias regulatorias. La proteína HvBgt1 fue aislada de <i>Hordeum vulgare</i> y <i>Arabidopsis thaliana</i> y posee actividad peroxidasa que aumenta la resistencia tipo no-huésped.	En trámite

220020	P050102772	02/07/04	Polipéptidos antifúngicos para plantas	Secuencias de ADN, optimizada, que codifican una proteína antifúngica aislada de distintas cepas <i>Penicillium simplicissimum</i> , <i>Penicillium miczynskii</i> y <i>Monascus raber</i> . Obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes mediante la expresión de la proteína.	DF
220021	P050103089	28/07/04	Procedimiento para la generación de plantas transgénicas con resistencia aumentada a patógenos por modificación del contenido y/o la actividad de factores despolimerizantes de actina.	Materiales y método para obtener una planta transgénica resistente a patógenos, en especial contra hongos de la familia <i>Blumeria graminis</i> f. sp., mediante la alteración del contenido y/o la actividad del factor despolimerizante de actina respecto de una planta wild-type.	En trámite
220022	P060100958	14/03/05	Procedimiento para aumentar la resistencia a los hongos de plantas transgénicas mediante la inhibición de la expresión genética en patógenos fúngicos inducida por el huésped.	Secuencias de ADN modificadas que transcriben ARNi capaces de reducir la expresión de genes que codifican para la proteína Ribonucleasa P de <i>Blumeria graminis</i> . Método de silenciamiento génico mediante la expresión del ARNi quimérico trigo y cebada.	DF
220023	P060101352	28/04/05	Polinucleótidos y métodos para obtener plantas resistentes a patógenos fúngicos	Secuencia de ADN que codifica la proteína Rcg1 aislada de <i>Zea mays</i> . Obtención de un cassette de expresión para la obtención de maíz transgénico resistente a <i>Clotletotrichum graminicola</i> . Materiales y método para la detección.	En trámite
220024	P060104888	08/11/05	Uso de polinucleótidos Armadillo repeat (Arm1) para lograr una resistencia contra agentes patógenos en plantas	Método para aumentar la resistencia a patógenos fúngicos (Pucciniaceae, Mycosphaerellaceae y Hypocreaceae) mediante secuencias de ADN, aisladas de distintas plantas, que transcriben ARN de doble cadena capaces de reducir la expresión de genes que codifican la proteína ARM1, una B-catepsina (o similares).	En trámite
220025	P070100133	12/01/06	Uso de polinucleótidos de Estomatina (stm1) para obtener resistencia a patógenos en plantas	Método de silenciamiento génico mediante la expresión de un ARN de doble cadena capaz de reducir la expresión del gene que codifica la proteína Estomatina (STM1) aislada de <i>Hordeum vulgare</i> , entre otros. Obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a hongos de las familias Pucciniaceae, Mycosphaerellaceae y Hypocreaceae.	En trámite
220026	P070101530	12/04/06	Genes y proteínas de resistencia a enfermedades en plantas	Secuencias de ADN que codifican las familias de proteínas AP2, Myb, HLH, WRKY, G1795, G1792, G30, G1791 y G28 que actúan como factores de transcripción que junto a un promotor permiten la obtención de plantas transgénicas resistentes a hongos del género <i>Botrytis</i> , <i>Sclerotinia</i> , <i>Etysiphe</i> y <i>Fusarium</i> .	DF
220027	P070101716	24/04/06	Promotores inducibles por enfermedades	Grupo de secuencias promotoras (sitio de unión a RNA polimerasa) que unidas a secuencias codificantes que confieren resistencia a patógenos (en especial factores de transcripción G1795, G1792, G30, G1791 y G28 aislados de <i>Arabidopsis thaliana</i> ). Método para la obtención de plantas transgénicas resistentes a hongos del género <i>Sclerotinia</i> , <i>Botrytis</i> y <i>Erysiphe</i> .	En trámite

### 2.3.0. Resistencia a bacterias

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
230001	P960102999	07/06/95	Ácidos nucleicos aislados que comprenden RRK, plantas transgénicas que comprenden dichos genes, y métodos de aplicación de los genes RRK para mejorar resistencia a enfermedades en plantas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína Xa21, aislada de <i>Oryza longistaminata</i> , que le confiere a las plantas de tomate y arroz resistencia a <i>Xanthomonas</i> spp. Materiales y método para la obtención de plantas transgénicas.	DF
230002	P980103948	13/08/97	Construcción de ácidos nucleicos aislada, célula de planta transgénica y método para aumentar la resistencia a <i>Xanthomonas</i> en una planta.	Secuencias de ADN que codifican proteínas vegetales de la familia RRK. Dichas secuencias fueron aisladas de arroz ( <i>Oryza longistaminata</i> ), maíz, tomate y mandioca; poseen actividad antibacteriana contra <i>Xanthomonas</i> . Método de obtención plantas (arroz y tomate) transgénicas resistentes la bacteria mediante la introducción de un cassette de expresión con un promotor que se expresa en plantas unido a la secuencia RRK.	DF
230003	P990104044	14/08/98	Compuestos útiles para afectar la resistencia en plantas y métodos relacionados con estos.	Secuencias de ADN que codifican una proteína de avirulencia capaz de provocar una respuesta hipersensible (HR) en especial contra <i>Xanthomonas oryzae</i> sp. <i>Orizicola</i> . Método para obtener plantas transgénicas resistentes.	DV
230004	P020100292	29/01/01	Control de infección bacteriana por mitigación de las comunicaciones de célula de patógenos.	Método para inactivar la molécula señal acyl homoserine lactone (AHL) que es la responsable del control de expresión de genes de virulencia en bacterias como <i>Erwinia carotovora</i> . Esto se consigue mediante la transformación de un cassette de expresión que contiene al gen <i>ahiA</i> (enzima de inactivación de AHL) en plantas transgénicas.	A
230005	P060105526	14/12/05	Polipéptidos que tienen actividad antimicrobiana y polinucleótidos que codifican para los mismos	Secuencia de ADN que codifican polipéptidos aislados de <i>Pseudomonas fluorescens</i> y de <i>Gamsyella cionopage</i> que poseen actividad antimicrobiana. Las secuencias de dichos polipéptidos pueden ser naturales o modificadas, completas o un fragmento. Con todas estas variantes se hacen cassettes de expresión para la obtención de plantas transgénicas resistentes.	En trámite

### 2.4.0. Resistencia a nematodos

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
240001	P321883	05/03/91	Control de plagas.	Método para la obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a nematodos. Mediante la utilización del inhibidor tripsina cowpea (CpTis) que es inhibidor proteínasa de la familia Bowman-Birk aislado de <i>Vigna unguiculata</i> .	C
240002	P322269	03/05/91	Secuencia de nucleótidos que codifica para una toxina proteica activa en nematodos, un huésped que las contiene, y procedimiento para la identificación y obtención de las composiciones que la contienen.	Secuencias de ADN que codifican toxinas de <i>Bacillus thuringiensis</i> activas contra nematodos. Dichas toxinas pertenecen a los grupos de genes CryV y CryVI cuyos productos de expresión escogidos son las proteínas PS33F2, PS63B y PS69D1.	C
240003	P324494	13/03/92	Procedimiento para producir plantas resistentes a los nematodos de nudosidad de raíz, y gen quimérico.	Método para producir plantas transgénicas resistentes a nematodos root knot ( <i>Meloidogyne</i> spp.) mediante una gen que se expresa en las células gigantes y/o en las células hipertroicas que acompañan de la raíz knot de la planta más un promotor, de dicho gen, que se fusiona a la secuencia codificante.	C

240004	P980106626	18/05/98	Proteína aislada involucrada en la resistencia a nematodos, secuencia de ADN aislada, vector de transformación, planta, semilla y método para aumentar la resistencia a nematodos en una planta.	Secuencias de ADN (genómico y cADN) que codifican proteínas con actividad nematocida aislada de Zea mays y Glycine max. Método de obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistente a nematodos mediante la incorporación de un cassette de expresión.	DV
240005	P010100061	07/01/00	Moléculas de ácidos nucleicos y otras moléculas asociadas con la resistencia a Nematodo Quístico en Soja.	Secuencias de ADN que codifican para proteínas pertenecientes al alelo Rhg1y Rhg4 que permiten la obtención de soja transgénica resistente a nematodos quísticos de soja, Heterodera glycines, mediante la incorporación de un cassette de expresión que las contienen.	N
240006	P020103859	16/10/01	Composiciones y métodos para promover resistencia a nematodos en plantas.	Secuencias sintéticas de ADN que codifican promotores denominados SCP1, UCP3 y SUP que regulan la expresión de secuencias heterólogas resistentes a nematodos en plantas. Métodos para la obtención y expresión de plantas mono- y dicotiledóneas (en especial soja) transgénicas resistentes a nematodos.	DV
240007	P030103721	10/10/02	Proteínas insecticidas y/o nematocidas	Proteína nematocida e insecticida. Se presentan distintas secuencias artificiales de ADN y aminoácidas con cambios puntuales o en diversos motivos de las mismas. Materiales y métodos para la detección de las secuencias y obtención del constructo de expresión.	A
240008	P040100368	05/02/03	Ácidos nucleicos que codifican agentes antihelmiticos y plantas preparadas a partir de los mismos.	Secuencia de ADN que codifica la enzima diacilglicerol aciltransferasa (DAGAT) que cataliza la producción de un ácido graso monoinsaturado con actividad nematocida y cuya expresión confiere resistencia a nematodos a una planta mono o dicotiledóneas. Método para obtener el cassette de expresión y la planta transgénica.	C
240009	P040100047	09/07/03	Composiciones y métodos para controlar nematodos parasíticos.	Materiales y métodos para controlar nematodos mediante la técnica de silenciamiento génico utilizando secuencias de cADN que transcriben ARN de doble cadena capaces de reducir la expresión de genes que codifican proteínas esenciales como ARN polimerasa II, la proteína de esperma principal y la ARN quitina-sintasa.	En trámite
240010	P040102745	01/08/03	Proteínas nematocidas.	Secuencia de ADN que codifica una proteína con actividad nematocida aislada del hongo Lepista nuda. La secuencia fue modificada en su "codon usage" para aumentar su expresión en plantas. Método para obtener el cassette de expresión y la planta transgénica.	DF
240011	P050100687	24/02/04	Composiciones y métodos que usan interferencia de ARN para el control de nematodos.	Secuencias de cADN que transcriben ARN de doble cadena capaces de reducir la expresión de genes que codifican la proteína chaperonina citosólica, la proteína shock de calor-90, la proteína Y65B4BR.5a y Pat-10 pertenecientes al nematodo Heterodera glycines. Métodos para obtener soja transgénica resistente a nematodos.	C
240012	P050103261	04/08/04	Ácidos nucleicos que codifican agentes antihelmiticos y plantas preparadas a partir de los mismos	Secuencia de ADN que codifica la enzima diacilglicerol aciltransferasa (DAGAT) que cataliza la producción de un ácido graso monoinsaturado con actividad nematocida y cuya expresión confiere resistencia a nematodos a una planta mono o dicotiledóneas. Método para obtener el cassette de expresión y la planta transgénica.	En trámite
240013	P050103409	13/08/04	Composiciones y métodos que usan interferencia de ARN para el control de nematodos.	Secuencia de ADN que transcribe ARN de doble cadena capaz de reducir la expresión del gen que codifica la proteína Pas-5 del nematodo Heterodera glycines. Métodos para obtener soja transgénica resistente a nematodos.	En trámite
240014	P070100564	10/02/06	Identificación y uso de genes blanco para el control de nematodos parásitos de plantas	Secuencias de ADN que transcriben ARN de doble cadena capaces de reducir la expresión de un grupo de genes que codifican proteínas esenciales del nematodo Heterodera glycines. Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a nematodos.	En trámite

## 2.5.0. Resistencia a virus

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
250001	P297442	04/08/83	Procedimiento para el mantenimiento y la proliferación de cepas virales y sus derivados.	Proceso de mantenimiento y proliferación de genomas CaMV defectuosos y no infecciosos en plantas. Apunta a obtener plantas, células o protoplastos transgénicos resistentes a virus via Agrobacterium.	C
250002	P318279	03/11/89	Un constructo ADN recombinantes, una planta y sonda que incluye dicho constructo.	Secuencia de S y L ARN que codifican para distintas proteínas pertenecientes al virus del manchado del tomate (TSWV) de la familia de Tospovirus. Se realiza una construcción con una secuencia de ADN que codifica para dichos ARNs con modificaciones por codones sinónimos, un promotor y un terminador de expresión que funcionen en plantas. Producción de plantas mono o dicotiledóneas transgénicas resistentes a virus.	C
250003	P960103355	30/06/95	Gen quimérico, planta monocotiledónea, método para producir una planta monocotiledónea resistente a virus, y método para proteger la progenie de una planta monocotiledónea de infección viral.	Secuencia de mRNA policistónico del virus mosaico enano de maíz cepa B que codifica proteínas viral. Esta secuencia fue modificada agregando una detención prematura del transcripto para que sea incapaz de traducirse completamente. Método de obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas resistentes a virus mediante el agregado de un cassette de expresión que contiene la secuencia anterior.	DF
250004	P980104828	29/09/97	Método para seleccionar una vid transgénica o componente de una vid que tiene una resistencia aumentada a la enfermedad de "Fanleaf" y na célula de planta transformada con un vector de expresión.	Secuencia de aminoácidos de la proteína de revestimiento del Grapevine fanleaf virus (GFLV) aislamiento "Geneva" que al ser expresado, dentro del vector correspondiente, le confiere a la planta de uva resistencia contra GFLV. Método y secuencia de ADN para armar el vector.	A
250005	P990101990	29/04/98	Proteína o polipéptido del virus mosaico de las hojas de la vid, molécula de ADN y ARN aislada, sistema de expresión, célula huésped, planta transgénica o un componente de la misma, método para conferir resistencia a la enfermedad viral en dicha planta o componente, un antipuerpo o porción de adhesión al mismo o una sonda, método para detectar un virus en una muestra y método para detectar una molécula de ácido nucleico en una muestra.	Proteínas metiltransferasas y proteinasas aisladas de Grapevine Leafroll virus tipo 3 (GLRaV-3). Método y sistema de expresión para conferirle a una planta (uva o cítrico) resistencia contra enfermedades virales, en especial a los serotipos del virus GLRaV-1, 2, 3, 4, 5 y 6.	DF
250006	P010101532	30/03/01	Construcción genética quimérica, vector que la contiene y método para conferir, a una planta, resistencia al Virus del Mal de Río Cuarto	Construcción quimérica para conferir resistencia al Virus del Mal de Río Cuarto (MRCV) a una planta monocotiledónea mediante silenciamiento génico post-transcripcional. Métodos y secuencias.	En trámite
250007	P020103173	23/08/02	Un método para conferir resistencia al virus Y de la papa a plantas.	Método para conferir resistencia al Virus Y de la papa (PVY) a plantas de la familia Solanaceae mediante la transformación con un vector que contiene partes de las secuencias codificantes de las proteínas P1, replicasa y cápside de PVY.	C
250008	P040100887	17/03/04	Secuencia de ácidos nucleicos aislada que codifica un ARN genómico del virus del Mal de Río Cuarto, construcciones y vectores que la comprenden, y métodos para conferir, a una planta, resistencia al virus del Mal de Río Cuarto.	Construcción quimérica para conferir resistencia al Virus del Mal de Río Cuarto (MRCV) a una planta monocotiledónea mediante silenciamiento génico post-transcripcional. Métodos y secuencias completas y parciales.	En trámite

## Grupo 3: Resistencia a herbicidas

### 3.0.0. Genérico

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
300001	P315847	13/05/85	Método para producir un cultivo con mayor resistencia al efecto dañino de un herbicida.	Método para proteger a un cultivo de la inhibición de crecimiento producida por herbicidas de las familias sulfonilurea e imidazolinona mediante la combinación de la incorporación de un gen (xa17) de resistencia al herbicida, que codifica la enzima AHAS, más el tratamiento de las semillas del cultivo con químico antidoto (1,8-naphthalic).	C
300002	P319648	09/05/90	Método para proteger o prevenir un cultivo de Maíz contra el daño debido a la aplicación de una combinación de compuestos pesticidas.	Método para proteger una planta de maíz del daño producido por la combinación de un herbicidas inhibidores de AHAS y un insecticida organofosforado, alterando la susceptibilidad del maíz a la combinación mediante la incorporación de un gen de resistencia que codifican una AHAS alterada y aplicando al maíz la combinación (herbicida+insecticida).	C
300003	P322083	08/04/91	Ácido nucleico aislado de un gen de heliantina, elemento regulador que forma parte de dicho aislado, gen quimérico vegetal operativamente ligado a dicho elemento regulador; vectores de transformación que incluyen dicho gen y método para producir plantas.	Aislamiento de la secuencia regulatoria de la región 5' del gen hag3a que regula de múltiples maneras la expresión de la proteína Heliantina de Helianthus annuus. Esta secuencia regulatoria unida operativamente al gen aroA y a un promotor CaMV 35S le confiere a la planta (algodón, tabaco, maíz, soja, rape-oil) resistencia al Glifosato de manera controlada.	C
300004	P960103618	19/07/95	Gen quimérico para la transformación de plantas que comprende una secuencia que codifica una enzima de tolerancia a herbicida, vector y cepa de Agrobacterium sp. Que lo comprenden y procedimiento de construcción de dicho gen.	Secuencias regulatorias: promotor más la región 5' no codificadoras de genes de histona vegetal tipo H3.3 (denominada intrón 1) aislados de Arabidopsis thaliana y Zea mays que permite la expresión de genes en regiones de la planta de crecimiento rápido. Construcción génica que contiene las secuencias regulatorias y de direccionamiento unidas a un gen quimérico que codifica una EPSPS modificada para la obtención de plantas transgénicas resistentes a Glifosato.	C
300005	P990100339	30/01/98	Molécula de ADN con una secuencia de nucleótido aislada a partir de una planta que codifica una enzima involucrada en la biosíntesis de riboflavina, quimérico, vector recombinante, célula huésped, proceso para producir secuencias, de nucleótidos, molécula de ADN mezclado, planta o semilla, enzima de planta aislada, método para seleccionar un producto químico, producto quimérico identificado mediante el proceso de selección, método para suprimir el crecimiento de una planta, planta, célula de planta, o tejido de planta, y método para suprimir selectivamente el crecimiento de hierbas en un campo que contiene un cultivo de semillas o plantas de cultivo plantadas.	Secuencia de ADNc que codifica la enzima que tiene actividad bifuncional de ciclohidrolasa II de GTP/sintetasa de DHBP en la biosíntesis de riboflavina. Esta enzima aislada de Arabidopsis thaliana, es resistente a inhibidores de dicha actividad enzimática (herbicidas). Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas resistentes a herbicidas.	DF

300006	P990101235	19/03/99	Proceso para seleccionar plantas leguminosas transformadas en su línea germinal.	Procedimiento para seleccionar plantas leguminosas transgénicas resistentes a imidazolinona y glifosato mediante: 1. Transformación vía biobalística de genes capaces de conferir la resistencia en células meristémicas apicales de la planta. 2. Inducir la formación de brotes mediante el cultivo en un medio con citoquinina. 3. Selección de los brotes mediante el cultivo en un medio que contiene el herbicida de interés en concentración variable.	C
300007	P990103390	10/07/98	Construcción; plástido de célula de planta; planta, semilla de planta, célula de planta o progenie de la misma; método para producir tolerancia a un herbicida en una célula de planta.	Construcción y métodos para aumentar la expresión de genes que le confiere a la planta resistencia a glifosato, imidazolinona o sulfonilurea en plástidos de plantas. Consta de un promotor plastídico (Prm) unido a RBS (rbCL) del bacteriófago T7, una secuencia codificante de las enzimas ESPS y/o AHAS y una región terminador de transcripción (TpsbA).	A
300008	P000103533	10/07/99	Expresión de genes de tolerancia a herbicidas en plástidos vegetales.	Construcción y métodos para expresar en plástidos un gen que le confiera a la planta resistencia a herbicidas. Consta de un promotor funcional en plástidos vegetal unido a un sitio de unión a ribosomas (RBS), una secuencia ADN que confiere la resistencia, una región terminador de transcripción, un gen marcador de selección de las células vegetales y regiones de ADN homólogas del genoma de dichos plástidos flanqueando los componentes de la construcción.	DF
300009	P020100541	16/02/01	Procedimiento para identificar sustancias con acción herbicida.	Procedimiento para identificar sustancias con efecto herbicida En este procedimiento la expresión o actividad de secuencias de ADN o proteínas mencionadas se reduce o bloquea durante la transcripción, traducción, procesamiento y/o modificación de dichas secuencias. Se identifican por el método High-Throughput-Screening (HTS). Materiales y métodos para la obtención de plantas transgénicas resistentes a herbicidas.	En trámite
300010	P030102968	16/08/02	Procedimiento para la identificación de sustancias con acción herbicida.	Procedimiento para identificar sustancias con efecto herbicida En este procedimiento la expresión o actividad de secuencias de ADN o proteínas mencionadas se reduce o bloquea durante la transcripción, traducción, procesamiento y/o modificación de dichas secuencias. Se identifican por el método High-Throughput-Screening (HTS). Materiales y métodos para la obtención de plantas transgénicas resistentes a herbicidas.	En trámite
300011	P050101115	22/03/04	Métodos y composiciones para analizar genes AHASL de plantas.	Método para detectar un gen subunidad grande de AHAS (AHASL) que le confiere al trigo tolerancia a imidazolinona. Consiste en obtener el ADN genómico del trigo, se lo utiliza como molde se hace una nested-PCR con primers específicos para el gen y para el alelo mutado (S653(At)N) y se detectan los productos de la PCR.	En trámite
300012	P050101750	30/04/04	Genes con resistencia a los herbicidas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína AAD-1 (ariloxialcanoato dioxigenasa) que le confiere a la planta resistencia a ariloxialcanoato. Se combina la secuencia anterior mediante apilamiento de genes para otorgar resistencia a múltiples herbicidas. Obtención de plantas transgénicas resistentes a herbicidas.	En trámite
300013	P060103638	24/08/05	Composiciones que proporcionan tolerancia a múltiples herbicidas y métodos par usarlas.	Método para controlar malezas en un área de cultivo con semillas o plantas que contienen un constructo con una primer secuencia (GAT) que le confiere a la planta tolerancia a glifosato y una segunda secuencia (ALS) que le confiere resistencia a imidazolinona ambos unidos operativamente a promotores activos en plantas.	En trámite



300014	P070100997	09/03/06	Polinucleótido que codifican un gen de resistencia a herbicida de maíz y métodos de uso del mismo.	Secuencia de ADN que codifica la proteína NSF1 relacionado con la familia del citocromo P450 aislado de Zea mays, que le confiere resistencia natural a los herbicidas: inhibidores de ALS, de síntesis de pigmentos, de PPO, de PSII y auxinas sintéticas. Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas resistentes a uno o varios de los herbicidas listados.	En trámite
300015	P060101207	29/03/06	Construcciones de ADN que contienen la secuencia codificante del gen hahb-10 de Helianthus annuus, método para generar plantas con el ciclo de vida acortado y con alta tolerancia a herbicidas y plantas transgénicas con dicha secuencia.	Método para obtener plantas transgénicas con un ciclo de vida acortado y alta tolerancia a herbicidas cuyo principio de funcionamiento sea a través de generar estrés oxidativo (Herbicida Paraquat) mediante el diseño, construcción e introducción de una molécula de ADN compuesta por un promotor unida a una secuencia de ADN que codifica un factor de transcripción Hahb-10, un fragmento activo, delección o variante genética del mismo y un 3- UTR.	En trámite
300016	P070102438	06/06/06	Métodos de control de malezas.	Método para controlar malezas en el que se aplica una cantidad eficiente de herbicida sobre una planta dicotiledónea transgénica resistente al mismo. Método para obtener una planta transgénica resistente a dicamba transformándola con una secuencia artificial de ADN que codifica la enzima dicamba monooxigenasa (DMO) aislada de Pseudomonas maltophilia.	En trámite
300017	P070102852	28/06/06	Evento de soja 3560.4.3.5 y composiciones y métodos de identificación y/o detección del mismo.	Evento 3560.4.3.5 (glifosato transferasa/acetolactato sintetasa) de soja tolerante a glifosato e inhibidores de AHAS y materiales y métodos para su detección.	En trámite

### 3.1.0. Resistencia a Glifosato

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
310001	P321880	05/03/91	Secuencia de ADN de la región de péptidos de tránsito vegetales; gen quimérico que incluye dicha secuencia útil para transformar plantas y mejorar su resistencia a herbicidas y procedimiento para la construcción de dicho gen.	Un cassette de expresión del gen aroA, codifica la proteína mutante EPSPS de Salmonella thyphymurium, que le confiere a plantas mono y dicotiledóneas resistencia a glifosato. El cassette tiene promotor constitutivo (CaMv35S), péptido tránsito a plástido (RuBisCO) y señal de poliadenilación.	C
310002	P321881	05/03/91	Gen quimérico para conferir a las plantas mayor tolerancia a los herbicidas; vectores para la transformación de plantas que incluyen dicho gen y procedimiento para construir dicho gen.	Un cassette de expresión del gen aroA, codifica la proteína mutante EPSPS de Salmonella thyphymurium, que le confiere a plantas mono y dicotiledóneas resistencia a glifosato. El cassette tiene promotor específico (histona H3, H4) y constitutivo (CaMv35S), péptido tránsito a plástido (RuBisCO) y señal de poliadenilación.	C
310003	P000102085	29/04/99	Polinucleótido aislada, vector, planta, material vegetal, método para controlar hierbas, método para producir plantas, usos de dicho polinucleótido en la producción de tejidos vegetales y/o plantas fértiles completas, método para seleccionar material biológico transformado y método para regerar una planta fértil transformada.	Secuencia de ADN genómica que codifica una EPSPS wt aislada de Oryza sativa y mutante que le confiere a la plantas resistencia al glifosato. Construcción de un cassette de expresión compuesto por uno o dos enhancers (de poliubiquitina de maíz y actina de arroz) que aumentan la expresión del promotor, el promotor, el péptido de tránsito a cloroplastos, la secuencia codificante (con dos mutaciones puntuales) y el terminador de transcripción del gen EPSPS de Oryza sativa. Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas resistentes a glifosato, en especial maíz y trigo. Además, utilizan la construcción para agregar otros genes de interés.	A

310004	P000102086	29/04/99	Polinucleótido aislado, vector, planta, material vegetal, método para controlar hierbas, método para producir plantas, uso de dicho polinucleótido en la producción de tejidos vegetales y/o plantas fértiles completas, método para seleccionar material biológico transformado y método para regenerar una planta fértil transformada.	Secuencia de ADN genómica que codifica una EPSPS wt aislada de <i>Oryza sativa</i> y mutante que le confiere a la plantas resistencia al glifosato. Construcción de un cassette de expresión compuesto por uno o dos enhancers (de plastocianina de la cebada y GOS2 de arroz) que aumentan la expresión del promotor, el promotor, el péptido de tránsito a cloroplastos, la secuencia codificante (con dos mutaciones puntuales) y el terminador de transcripción del gen EPSPS de <i>Oryza sativa</i> . Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas resistentes a glifosato, en especial maíz y trigo. Además, utilizan la construcción para agregar otros genes de interés.	A
310005	P000102087	29/04/99	Polinucleótido aislado, vector, planta, material vegetal, método para controlar hierbas, método para producir plantas, uso de dicho polinucleótido en la producción de tejidos vegetales y/o plantas fértiles completas, método para seleccionar material biológico transformado y método para regenerar una planta fértil transformada.	Secuencia de ADN genómica que codifica una EPSPS wt aislada de <i>Oryza sativa</i> y mutante que le confiere a la plantas resistencia al glifosato. Construcción de un cassette de expresión compuesto por uno o dos enhancers (de virus FMV35S y CaMC35S 1 y 2, de poliubiquitina de maíz, actina de arroz plastocianina de la cebada y GOS2 de arroz) que aumentan la expresión del promotor, el promotor, el péptido de tránsito a cloroplastos, la secuencia codificante (con dos mutaciones puntuales) y el terminador de transcripción del gen EPSPS de <i>Oryza sativa</i> . Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas resistentes a glifosato, en especial maíz y trigo. Además, utilizan la construcción para agregar otros genes de interés.	En trámite
310006	P010101130	09/03/00	Métodos para obtener plantas tolerantes a glifosato y a composiciones que lo contienen.	Secuencia de ADN que codifica una enzima EPSPS aislada de <i>Eleusine indica</i> , que posee una resistencia natural al glifosato y Km para PEP <10 uM. Materiales y métodos para obtener el cassette de expresión compuesto por un promotor funcional en plantas, una secuencia que codifica un péptido de tránsito a cloroplastos, la secuencia codificante y una secuencia de poliadenilación. Obtención de plantas transgénicas resistentes a glifosato.	C
310007	P010102985	22/06/00	Construcción y par de moléculas de ADN; Método para detectar la presencia de una molécula de ADN; molécula de ADN; Método para introducir mediante cría una característica de tolerancia a glifosato en plantas de maíz; juego de elementos para detectar ADN y planta, progenie y partes de maíz tolerante a glifosato.	Evento PV-ZMGT32 (nk603) de <i>Zea mays</i> tolerante a glifosato y materiales y métodos para su detección	C
310008	P010104580	29/09/00	Planta de trigo tolerante a glifosato 33391 y composiciones y métodos para la detección de la misma.	Método para mejorar la resistencia al glifosato de plantas de trigo transformando con el constructo pMON30139 que contiene dos cassettes de expresión. El primero posee: promotor e intrón de actina 1 de arroz, una secuencia que codifica un péptido de tránsito a cloroplastos, secuencia EPSPS resistente a glifosato y un terminador transcripcional. El segundo está compuesto por promotor CaMV 35S, un intrón Hsp70, una secuencia que codifica un péptido de tránsito a cloroplastos, secuencia EPSPS resistente a glifosato y un terminador transcripcional. Evento Trigo 33391 de <i>Triticum aestivum</i> .	C
310009	P010104581	29/09/00	Plantas resistentes a herbicidas.	Una enzima EPSPS resistente al glifosato modificada respecto de la EPSPS wt (aislada de soja y <i>Brassicca napus</i> ) mediante la mutagénesis de una región conservada de la secuencia proteica. Materiales y métodos para la obtención de constructos que expresen la proteína modificada y plantas	C

				transgénicas resistentes a glifosato.	
310010	P010105001	25/10/00	Molécula aislada de DNA, método para detectar en algodón la presencia de adn del evento pv-ghgt07(1445), equipo de detección de adn, método para cultivar una planta de algodón, método para determinar la cigosidad del adn y secuencia aislada de cebador de nucleótidos.	Evento PV-GHGT07(1445) de algodón tolerante a glifosato y primers para su detección.	C
310011	P010105074	30/10/00	Nuevos genes de glifosato N-Acetil transferasa (GAT).	Secuencia de ADN que codifica un polipéptido que tiene actividad glifosato N-acetil transferasa (GAT) aislados Basillus, modificadas con codon usage para ser expresada en plantas. Materiales y métodos para la obtención de distintas variantes del polipéptido, constructos para su expresión y plantas transgénicas resistentes a glifosato.	En trámite
310012	P030101509	30/04/02	Genes de glifosato N-acetil transferasa (GAT).	Secuencias de ADN que codifican enzima con actividad glifosato-N-acetil transferasa (GAT) que cataliza la acetilación del glifosato. Se modifica el codon usage para su expresión en plantas. Materiales y métodos para la obtención de constructos y plantas transgénicas resistentes a glifosato. Revela métodos para utilizar GAT como marcador de selección.	En trámite
310013	P040100305	31/01/03	Eventos de tolerancia a glifosato en alfalfa y métodos para su detección.	Eventos de alfalfa J-101 y J-163 resistentes a glifosato y métodos para su detección.	En trámite
310014	P040100434	12/02/03	Evento de algodón 88913 y composiciones y métodos para su detección	Evento MON88913 de algodón resistente a glifosato (cp4) y primers para su detección	En trámite
310015	P040100492	18/02/03	5-Enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintetasa (EPSPS) clase I resistente a glifosato.	Secuencia de ADN que codifica EPSPS clase I aislada de plantas (Zea mays, Arabidopsis, Lettuce) que confiere resistencia a glifosato. Se la modifica mediante mutagénesis sitio-dirigida obteniendo la secuencia aminoacídica GX4X1X2RX3 donde X1 y X2 son cualquier aminoácido, X4 es Ile o Leu y X3 se selecciona del grupo que consiste en Thr, Gly, Cys, Ala y Ile. Materiales y métodos para la obtención de plantas transgénicas resistentes.	En trámite
310016	P040101477	29/04/03	Genes de glifosato-N-acetiltransferasa.	Secuencia de ADN aislada o recombinante que codifica la proteína glifosato-N-acetiltransferasa (GAT) aislados de Bacillus y Pseudomonas, que cataliza la acetilación del glifosato. Materiales y métodos para la obtención cassette de expresión (se modifica codon usage para mejorar su expresión en plantas) y de plantas (tabaco, maíz) transgénicas resistentes a glifosato.	En trámite
310017	P050102620	24/06/04	EPSPS microbiana resistente a glifosato.	Secuencia de ADN quimérico compuesto por un promotor funcional en plantas, una secuencia de EPSPS (aislada de Thermotoga maritima) que le confiere resistencia al glifosato y fue modificada en distintos dominios para aumentar la su expresión en plantas, una secuencia de direccionamiento a cloroplastos y un terminado. Materiales y métodos para la obtención de plantas mono y dicotiledóneas resistentes al herbicida.	En trámite
310018	P050105576	29/12/04	Genes GRG-8 que confieren resistencia a herbicidas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína GRG-8 aislada de la cepa ATX4145, que es similar a EPSPS clase II y le confiere a la planta resistencia a glifosato. Obtención de variantes funcionales a grg8 por mutagénesis. Obtención de plantas transgénicas resistentes.	En trámite
310019	P060100873	09/03/05	Plantas tolerantes a herbicidas que inhiben EPSPS.	Secuencias de ADN quimérico combinadas que codifican enzimas EPSPS mutada (Tre 102 y Ser 106) aislada de maíz, que confiere resistencia a glifosato. Una esta unida operativamente a un promotor constitutivo	DF

				(CsVMV) y la otra un promotor dependiente de la replicación celular (Histona H4A748). Materiales y métodos para preparar los secuencia quimérica, vectores de expresión y plantas (canola) transgénicas resistentes al herbicida.	
310020	P060101402	08/04/05	Identificación de una nueva clase de EPSP sintetasa.	Secuencias de ADN que codifican enzima EPSP sintetasa clase III (aisladas de distintos organismos) que le confiere resistencia a glifosato y contienen alguno de los dominios enumerados. Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a glifosato.	En trámite
310021	P060101550	22/06/00	Construcción de ADN; método para introducir mediante cría una característica de tolerancia a glifosato en plantas de maíz; método para producir dicha planta de maíz; planta progenie y partes de maíz tolerantes a glifosato, célula de planta, método para producir una planta de maíz que tolera la aplicación de glifosato, y método para crecer una planta de maíz.	Evento PV-ZMGT32 (nk603) de Zea mays tolerante a glifosato y materiales y métodos para su detección	En trámite
310022	P060103443	08/08/05	Plantas de algodón con tolerancia a herbicidas y métodos para identificarlas.	Evento EE-GH3 (epsps) de Gossypium hirsutum tolerante a glifosato y materiales y métodos para su detección.	En trámite
310023	P060105284	01/12/05	Genes GRG23 y GRG51 que confieren resistencia a herbicidas.	Secuencia de ADN que codifica las proteínas GRG23 y GRG51 (homólogas a EPSPS), aisladas de Arthrobacter globiformis y un aislamiento desconocido, que le confieren a la planta resistencia a glifosato. Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes al herbicida.	En trámite
310024	P070100122	12/01/06	Dominios de EPSP sintetasa que confiere resistencia al glifosato.	Secuencias de ADN que codifican enzima EPSP sintetasa (aisladas de distintos organismos) que posee un bucle Q con una polaridad incrementada y alguno de los dominios enumerados, le confiere resistencia a glifosato. Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a glifosato.	En trámite
310025	P070102518	09/06/06	Genes de EPSP sintetasa que confieren resistencia a herbicidas.	Secuencias de ADN que codifican enzima EPSP sintetasa aisladas de distintos organismos que confieren resistencia a glifosato y son termo estables. Se obtienen secuencias variantes mediante la técnica "DNA shuffling". Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a glifosato.	En trámite
310026	P070102591	13/06/06	EPSP sintetasa mejoradas: composiciones y métodos de uso de las mismas.	Secuencias de ADN que codifican enzima EPSP sintetasa aisladas de Enterobacteriaceae y de un aislamiento desconocido, que le confiere resistencia a glifosato y contienen alguno de los dominios enumerados. Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a glifosato.	En trámite
310027	P070102853	27/06/06	Gen de EPSP sintetasa que confiere resistencia a herbicidas.	Secuencia de ADN genómico y artificial que codifica la proteína GRG32 (homóloga a EPSPS), aisladas de un aislamiento desconocido, que le confieren a la planta resistencia a glifosato. Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes al herbicida.	En trámite
310028	P070102854	27/06/06	GRG33, GRG35, GRG36, GRG37, GRG38, GRG39 y GRG50: genes de EPSP sintetasa que confieren resistencia a herbicidas.	Secuencias de ADN genómico y artificial que codifican la proteína GRG33, GRG35, GRG36, GRG37, GRG38, GRG39 y GRG50 (homóloga a EPSPS), aisladas de un aislamiento desconocido, que le confieren a la planta resistencia a glifosato. Se obtienen secuencias variantes mediante la técnica "DNA shuffling". Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes al herbicida.	En trámite

### 3.2.0. Resistencia a imidazolinona

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
320001	P322857	31/07/91	Secuencia de ácido nucléico de monocotiledóneas, enzima codificada por dicha secuencia, vector, célula de planta y construcción de ácido nucléico que comprenden dicha secuencia, y método que la utilizan.	Secuencia de ácido nucléico que codifica una enzima AHAS aislada de la línea de maíz X112 que contiene la sustitución de una serina por una asparagina en la posición 621, respecto del maíz wt, que le confiere resistencia específica a las imidazolinonas. Materiales y métodos para obtener plantas monocotiledóneas (en especial maíz) transgénicas resistentes a imidazolinonas.	C
320002	P990105451	29/10/98	Vectores para conferir resistencia herbicida a las plantas, y método para obtener plantas mejoradas.	Secuencias de ADNc y genómico que codifican las subunidades pequeña y grande de AHAS de Arabidopsis thaliana. La subunidad grande posee una mutación (met124 por his) que le confiere a plantas mono y dicotiledóneas resistencia a imidazolinonas. La sub unidad pequeña mejora el nivel de actividad enzimática. Materiales y métodos para la obtención de vectores de expresión y las plantas transformadas.	C
320003	P020102581	09/08/01	Una planta de trigo que comprende ácidos nucléicos, una parte de planta, una célula de planta, una semilla producida por la planta, un ácido nucléico IMI aislado, un método para controlar las malezas, un método para modificar la tolerancia de las plantas y un método para producir una planta transgénica.	Secuencias de ADN que codifican la enzima AHAS (denominada IMI), aislada de Triticum aestivum Teal, que se modifica mediante una mutación (sustitución de Ser con Asp) en una secuencia conservada del Dominio E para incrementar la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt. Obtención de plantas de trigo transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite
320004	P020102582	09/08/01	Plantas de trigo que tienen resistencia aumentada a herbicidas de Imidazolinona.	Secuencias de ADN que codifican la enzima AHAS (denominada IMI) que se modifica mediante una mutación (sustitución de Ser con Asp) en una secuencia conservada del Dominio E para incrementar la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt. Obtención de plantas de trigo transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	DF
320005	P020102583	09/08/01	Plantas de trigo que tienen resistencia aumentada a herbicidas de Imidazolinona.	Secuencias de ADN que codifican la enzima AHAS (denominada IMI) que se modifica mediante una mutación (sustitución de Ser con Asp) en una secuencia conservada del Dominio E para incrementar la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt. Obtención de plantas de trigo transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite
320006	P040101855	28/05/03	Plantas de trigo con mayor tolerancia a herbicidas de imidazolinona.	Secuencias de ADN que codifican la enzima AHAS (denominada IMI), aislada de Triticum turgicum subespecie Durum, que se modifica mediante una mutación (sustitución de Ser con Asp) en una secuencia conservada del Dominio E para incrementar la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt. Obtención de plantas de trigo transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite
320007	P040103111	29/08/03	Plantas de arroz que tienen tolerancia aumentada a herbicidas de imidazolinona.	Secuencias de ADN que codifican la enzima AHAS modificada mediante un mutágeno químico produciendo la sustitución de Ala 96 por Thr 96 para incrementar la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt (IRGA 417). Obtención de plantas de arroz transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona (denominadas IMINTA).	En trámite
320008	P050102485	16/06/04	Polinucleótidos que codifican proteínas AHASL maduras para crear plantas tolerantes a imidazolinona.	Secuencia de ADN que codifica una AHASL, modificada en una Asp en la posición 579, que le confiere a la planta resistencia a imidazolinona. Métodos para obtener cassette de expresión y plantas mono y dicotiledóneas resistentes al herbicida.	En trámite

320009	P050103206	30/07/04	Plantas de girasol con resistencia herbicida, polinucleótidos codificantes de las subunidades largas de la proteína ácido acetohidroxi-sintetasa con resistencia herbicida, y métodos de uso.	Secuencias de ADN que codifican la proteína AHASL1 (subunidad grande) que posee Leu, Ala, Thr, Arg o Ile en la posición 182 (o equivalente) para incrementar la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la Helianthus annuus línea HA89 wt. AHASL1 se aísla, amplifica y secuencian a partir de Helianthus annuus línea HA89 mutagenizada con EMS. Obtención cassettes de expresión (que se expresa en cloroplastos) y de plantas, en especial girasol, transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite
320010	P050103242	04/08/04	Secuencias de subunidades pequeñas de sintetasa de acetohidroxiácida de monocotiledóneas y métodos de uso.	Secuencias de ADN que codifican AHASS, aislada de Zea mays, Orysativa y Triticum aestivum, que incrementa la actividad específica a AHASL. Métodos para obtener cassette de expresión que expresan AHASS en plantas monocotiledóneas o fusionados con AHASL que le confiere resistentes a imidazolinonas.	En trámite
320011	P050105018	01/12/04	Mutación implicada en el aumento de la tolerancia a los herbicidas imidazolinona en las plantas.	Método para controlar malezas donde se le aplica una cantidad efectiva de herbicida de imidazolinona a la maleza y la planta que presenta una secuencias de ADN que codifican la enzima AHAS (denominada IMI), aislada de Triticum aestivum cultivar Shiloh, que se modifica mediante una mutación (sustitución Ala por Thr) en una secuencia conservada del Dominio C para incrementar la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt. Se obtienen plantas de triticale transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite
320012	P060100787	02/03/05	Plantas de arroz resistentes a herbicidas, polinucleótidos que codifican proteínas de subunidad grande de ácido acetohidroxi sintetasa resistentes a herbicidas, y sus métodos de uso.	Secuencia de ADN que codifica la subunidad grande 1 de la enzima AHAS (AHASL1) modificada en un aminoácido lo que incrementa la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt (Oryza sativa). Obtención del cassette de expresión y de plantas de arroz transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite
320013	P060102847	01/07/05	Plantas de girasol resistentes a herbicidas, polinucleótidos que codifican proteínas de subunidades mayor de acetohidroxiácidos sintetasa resistentes a herbicidas y métodos de uso.	Secuencia de ADN que codifica la subunidad grande 1 de la enzima AHAS (AHASL1) modificada en un aminoácido lo que incrementa la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt (Helicmthus annuus). Obtención del cassette de expresión y de plantas de girasol transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite
320014	P060104911	09/11/05	Plantas de girasol con resistencia herbicida con una nueva mutación en el gen que codifica la subunidad mayor de acetohidroxiácido-sintetasa, polinucleótidos aislados y métodos para su uso.	Secuencia de ADN que codifica la subunidad grande 1 de la enzima AHAS (AHASL1) modificada en un aminoácido lo que incrementa la resistencia al herbicida imidazolinona respecto de la wt (Helicmthus annuus). Obtención del cassette de expresión y de plantas de girasol transgénicas y no transgénicas resistentes a imidazolinona.	En trámite

### 3.3.0. Resistencia a herbicidas varios

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
330001	P960102830	02/06/95	Gen quimérico que expresa la hidroxifenil-piruvato-dioxigenasa (HPPD), vector, célula de planta y método de tratamiento selectivo con herbicidas que lo comprenden.	Secuencias de ADN de genes quiméricos que codifica la enzima HPPD, aislada de Pseudomonas fluorescens A32, Arabidopsis thaliana, Daucus Carotta que le confieren a la planta resistencia contra herbicidas de la familia de isoxazoles. El gen quimérico posee una zona de regulación promotora, una secuencia codificadora heteróloga, una para un	C

				péptido de tránsito a (a plástidos), un enhancer, una sitio poliadenilación. Materiales y métodos para obtener vector de expresión y la planta transgénica resistente.	
330002	P970103160	16/07/96	Construcción quimérica que comprende al menos dos genes quimera elementaes, vector que los comprende, célula vegetal que los contiene y procedimiento de transformación de plantas para hacerlas tolerantes a herbicidas.	Secuencias de ADN de genes quiméricos que codifican las enzimas HPPD, aislada de Pseudomonas fluorescens, y EPSPS, aislada de Arabidopsis thaliana que le confieren a la planta resistencia contra herbicidas de la familia de isoxazoles y glifosato. Materiales y métodos para obtener vector de expresión y la planta transgénica resistente (tabaco).	C
330003	P980105637	07/11/97	Hidroxifenilpiruvato-dioxigenasa mutada, secuencia de ADN y obtención de plantas que contienen un gen tal, tolerantes a los herbicidas.	Secuencia de ADN que codifica una enzima HPPD activa, aislada de Pseudomonas fluorescens, mutada mediante sustitución de ciertos aminoácidos en una secuencia (posición 290 a 350) del C-terminal para que sea menos sensible a la acción herbicida de los inhibidores de HPPD. Materiales y métodos para la obtención del cassette de expresión y la planta transgénica resistente.	DF
330004	P980105795	17/11/97	Gen quimérico que tiene un promotor dependiente de la luz, que confiere la tolerancia a los inhibidores de la HPPD.	Un cassette de expresión compuesto por un promotor light-dependent (RuBisCO small subunit), activadores y/o secuencias para péptidos de transitos, secuencia que codifica una enzima HPPD (que le confiere a la planta resistencia a herbicidas) y la secuencia terminador y/o de poliadenilación. Materiales y métodos para obtener plantas mono y dicotiledóneas resistente a herbicidas. Métodos para control de malezas.	DF
330005	P990101962	30/04/98	Método para otorgar resistencia a las plantas contra compuestos de control de malezas, método para proteger y método para seleccionar una planta obtenida mediante el método anterior.	Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistentes a herbicidas que inhiben a la enzima protoporfirinogeno IX oxidasa (PPO) introduciendo una secuencia que codifica una proteína subunidad de unión a PPO de planta o una proteína magnesio quelatasa de microorganismos fotosintético o sus variante que contienen una delección en la señal de tránsito a organelas.	En trámite
330006	P000103390	13/08/99	Oxidasa de protoporfirinógeno tolerante a herbicidas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima protoporfirinogen-oxidasa (PPO) aislada de distintas plantas de interés y modificada por mutagénesis para conferirle a las plantas resistencia a los herbicidas difenileteres, derivados piridínicos y otros. Materiales y métodos para aislar la secuencias, estrategia de mutagénesis, obtención de constructo que dirigen la expresión a plástidos y plantas mono y dicotiledónes resistentes a los herbicidas.	DF
330007	P000104957	21/09/99	Secuencias GST de soja y su uso en la producción de plantas resistentes a herbicidas.	Secuencia de cADN que codifica la enzima Glutation-S-transferasa (GST) que conjugada con homoglutation-S-transferasa (hGST) le confiere a la planta una mayor resistencia a los herbicidas fomesafen y acifluorfen. Métodos para obtener constructo de expresión y plantas transgénicas resistente a herbicidas.	DF
330008	P000106066	16/11/99	Producción de plantas resistentes a los inhibidores peroxidantes de la oxidasa X protoporfirinógena.	Secuencia de ADN que codifica enzima protoporfirinogeno-IX-oxidasa (PPO), aislada de Nicotiana tabacum y Arabidopsis thaliana, modificada mediante mutagénesis para resistir a los inhibidores peroxidantes de dicha enzima. Materiales y métodos para la obtención de los cassette de expresión y plantas	DF

				transgénicas resistentes a herbicidas de difeniléter.	
330009	P020102943	06/08/01	Plantas de algodón tolerantes a herbicidas y métodos para producir e identificar las mismas	Evento EE-GH1 de algodón resistente a glufosinato, bialafos o fosfinotricina (bar de Sterptomyces hygrosopicus) y materiales y métodos para su detección.	En trámite
330010	P990100339	30/01/98	Molécula de ADN con una secuencia de nucleótido aislada a partir de una planta que codifica una enzima involucrada en la biosíntesis de riboflavina, quimérico, vector recombinante, célula huésped, proceso para producir secuencias de nucleótidos, molécula de ADN mezclado, planta o semilla, enzima de planta aislada, método para seleccionar un producto químico, producto químico identificado mediante el proceso de selección, método para suprimir el crecimiento de una planta, y método para suprimir selectivamente el crecimiento de hierbas en un campo que contiene un cultivo de semillas o planta de cultivo plantadas.	Secuencia de ADN que codifica la subunidad beta del complejo enzima sintasa (lumazine sintasa) unido a la secuencia de ADN que codifica la enzima bifuncional GTP ciclohidrolasa II / DHBP sintasa pertenecientes a la biosíntesis de riboflavina. Métodos para obtener plantas con tolerancia a herbicidas.	DF
330011	P000102763	04/06/99	Magnesio quelatasa.	Fragmento de ADN quimérico que codifica una subunidad quelatasa magnesio. Métodos para la construcción de un constructo quimérico que codifica toda o una parte sustancial de la subunidad quelatasa magnesio, en orientación sentido o antisentido. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de la subunidad quelatasa magnesio.	DF
330012	P020104066	25/04/02	Gen de resistencia a herbicida sintético.	Secuencia de ADN sintética que codifica la enzima que degrada 2,4-diclorofenolacético (2,4-D) a diclorofenol, que confiere resistencia a las plantas contra el herbicida auxina ácido 2,4-D ó 2,4-D amina. Se modifica el codon usage para su expresión en plantas mono y dicotiledóneas ya que la secuencia proviene de Alicalingenes eutrophus. Materiales y métodos para la obtención de plantas transgénicas resistentes.	En trámite
330013	P020104019	24/10/02	Método para mejorar rendimiento de cosecha.	Un método para mejorar el rendimiento de un cultivo (tabaco y algodón) que comprende: el cultivo de plantas transgénicas que comprenden ADN heterólogo seleccionado del grupo que consiste en 2,4 ácido-diclorofenoxiacético (2,4-D) para producir un cultivo, las plantas transgénicas son capaces de metabolizar al menos una auxina sintética herbicida; la aplicación de una auxina sintética a las plantas por lo menos una vez durante su crecimiento, la auxina sintética ser uno que puede ser metabolizado por las plantas transgénicas, y cosechar el cultivo.	DF
330014	P050101840	07/05/04	Genes de resistencia a inhibidor de la biosíntesis de carotenoides y métodos de uso en plantas.	Secuencia de ADN que codifica una proteína fitoene desaturasa (PDS) aislada de Arabidopsis thaliana que fue modificada por sustitución de un aminoácido obteniendo una proteína resistente al inhibidor de la biosíntesis de carotenoides (CBIRP) que le otorga a la planta resistencia aumentada a un compuesto inhibidor de la biosíntesis de carotenoides (CBI) respecto de la wt. Métodos para la obtención de plantas mono y dicotiledóneas transgénicas resistentes a los herbicidas.	En trámite



330015	P060103697	25/08/05	Gen de resistencia a herbicidas, composiciones y método.	Secuencia de ADN que codifica enzima protoporfirinogeno-IX-oxidasa (PPO), aislada de <i>Amaranthus tuberculatus</i> , que por una delección del residuo Gly-Gly (210-211) le confiere resistencia a herbicidas inhibidores de PPO. Materiales y métodos para la obtención de los cassette de expresión y plantas mono- y dicotiledóneas (tabaco, maíz, <i>Arabidopsis</i> ) transgénicas resistentes a herbicidas.	En trámite
330016	P060104708	28/10/05	Genes resistentes a herbicidas y usos de los mismos.	Secuencia de ADN que codifica la enzima AryloxyAlkanoate Dioxygenase (AAD-12), aislada de <i>Delftia acidovarans</i> , que le confiere a las plantas resistencia al herbicida 2,4-D y pyridyloxy, ambos complementan la acción del glifosato. Se modificó el "codon usage" para aumentar su expresión en plantas y se plantea la posibilidad de obtener genes apilados. Materiales y métodos para la obtención de los cassette de expresión y plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a herbicidas.	En trámite
330017	P070102436	06/06/06	Enzima DMO modificada y métodos de uso de la misma.	Secuencia de ADN que codifica una variante de la enzima dicamba monooxigenasa (DMO), aislada de <i>Pseudomonas maltophilia</i> , que confiere a las plantas resistencia al herbicida dicamba. La variante se obtuvo mediante la modificación, vía PCR, de Trp112 por Cys112 lo que confiere mayores niveles de tolerancia al herbicida. Materiales y métodos para la obtención de los cassette de expresión y plantas mono- y dicotiledóneas (en especial tabaco, tomate, soja y <i>Arabidopsis</i> ) transgénicas resistentes a herbicidas.	En trámite
330018	P070102519	08/06/06	Glutamina sintetasa bacterianas y métodos para usarlas.	Secuencia de ADN que codifica una enzima Glutamina sintetasa (GS), aislada de <i>Serratia marcescens</i> ATX20345, que posee una resistencia natural al glufosinato. Se realizan variantes de la secuencia mediante mutagénesis al azar y dirigida a oligos para mejorar la calidad. Materiales y métodos para obtener plantas transgénicas resistente al herbicida.	En trámite
330019	P070102437	26/02/07	Peptidos tránsito cloroplasticos para el direccionamiento eficiente de DMO y sus usos.	Secuencia de ADN recombinante que codifica un péptido de tránsito a cloroplastos unida operativamente a la secuencia de DMO, lo que permite un procesamiento y localización eficiente de la enzima DMO en la planta y un aumento en la resistencia de las mismas al herbicida dicamba. Obtención del constructo de expresión y plantas mono- y dicotiledóneas (en especial soja, algodón, maíz y colza) transgénicas resistentes al herbicida.	En trámite

## Grupo 4: Calidad en plantas

### 4.0.0. Genérico

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
400001	P313554	09/06/88	Vector que comprende un gen que codifica sintasa de ácido dihidropicolínico (DHDPS) resistente a la inhibición de realimentación por lisina L libre y plásmido capaz de replicarse.	Método para aumentar el nivel de L-lisina en la planta que consiste en: transformar expresar en una planta con la secuencia de ADN codifica la enzima ácido dihidrodipicolínico sintasa (DHDPS). Esta enzima resistente la inhibición por retroalimentación produciendo endogenamente la L-lisina libre. Esta secuencia esta unida operativamente a una secuencia que codifica un péptido de tránsito al cloroplasto (CTP) que es donde se localiza en los DHDPS.	C
400002	P324545	19/03/92	Fragmento de ácido nucléico aislado, microorganismo transformado y métodos para aumentar el contenido de lisina y treonina en las semillas de plantas.	Fragmentos de secuencias de ADN quimérico que codifican la enzima aspartocinasa (AKIII), que es insensible a la inhibición por lisina aislada de Escherichia coli, unida operativamente la proteína de tránsito a cloroplasto unida a la enzima ácido dihidrodipicolínico sintasa (DHDPS), también insensible a lisina, y unido a proteína rica en lisina, lisina cetoglutarato reductasa, todo unido operativamente a secuencias reguladoras específicos de semillas. Obtención de plantas con mayores niveles de lisina o treonina en las semillas.	C
400003	P329235	30/08/93	Procedimiento para la producción de plantas transgénicas, enteramente transformadas en generación T0 a partir de meristemas.	Método para producir un girasol transgénico mediante: 1) transformar un explante meristemático de girasol en generación T0; 2) Cultivo selectivo 3) Regenerar brotes transformados.	C
400004	P333395	02/09/94	Aislado de ADN, vector de transformación, método para producir un polipéptido de oxidasa de ACC de Brassica recombinante, y métodos para inhibir un evento inducible por etileno en una planta.	Secuencia de cADN y ADN genómico que codifica la enzima ACC oxidasa de Brassica oleracea. Esta enzima es esencial en la producción de etileno. Obtención de construcciones antisentido de las secuencias de ADN para control del nivel de ACC oxidasa de la maduración y el envejecimiento de plantas.	C
400005	P960103316	26/06/95	Moléculas de ácido nucléico.	Secuencia de ADN que codifica la preproteína, que tras la maduración presenta la actividad de dímero de mistelectina. Obtención de vectores y plantas transgénicas.	DF
400006	P970100323	26/01/96	Moléculas y construcciones de ADN para aumentar la expresión de genes foráneos; Células y plantas transformadas y método para producirlas.	Secuencia de ADN que codifica para la región de unión nuclear andamiaje aislada de tabaco. Obtención de una construcción de ADN que contiene: una región de iniciación de la transcripción, un gen estructural, operativamente asociado y una región de unión al andamiaje. Obtención de plantas transgénicas con expresión de genes foráneos aumentada.	DF
400007	P970102134	20/05/96	Métodos para producir protoplastos de mandioca.	Método para producir protoplastos de mandioca mediante la producción de un callo embriogénico friable de explantes, transformar con un gen de interés y el aislamiento de protoplastos.	C

400008	P970103483	31/07/96	Métodos para alterar la velocidad de maduración de una planta, para aumentar la producción de biomasa de una planta determinada, para disminuir los tiempos de generación de un programa de cultivo de plantas, y para seleccionar una planta que tiene una velocidad de desarrollo alterada.	Método de controlar la tasa de maduración de una planta a través de la inhibición de la expresión de la secuencia de ADN que codifica la metiltransferasa mediante la transformación con una construcción antisentido del cADN de metiltransferasa y su regeneración.	DF
400009	P980101873	25/04/97	Una secuencia quimérica de ácido nucleico que codifica una proteína de fusión, un vector de expresión que comprende dicha secuencia quimérica, una célula huésped transformada que contiene dicho vector, la proteína de fusión obtenida y un método <i>in vitro</i> para la preparación de un polipéptido recombinante.	Método para la preparación de un polipéptido recombinante: 1) transformar una planta con un vector de expresión con una secuencia de ADN capaz de regular la transcripción unido operativamente a una secuencia de ADN quimérico que codifica la proteína de fusión propéptido quimosina completa unida al ORF del propéptido de quimosina, operativamente unido a una región de terminación. 2) Cultivar la célula 3) Obtener la proteína de fusión 4) Poner en contacto la proteína con proteasa aspártica madura que es capaz de escindir la quimosina pro-peptido y liberar el polipéptido recombinante.	C
400010	P980105046	10/10/97	Métodos para obtener variedades de plantas.	Secuencias de ADN codifican los polipéptidos AtMSH3 y AtMSH6 aislados de <i>Arabidopsis thaliana</i> . Estos polipéptidos son parte del sistema de reparación (mismatch) del ADN. Método para aumentar la variación genética en una planta mediante la obtención de una planta híbrida. Obtención de vectores de expresión y genes quiméricos.	DF
400011	P990101563	07/04/98	ADN aislado que demuestra función génica que altera la iniciación de la fase de reproducción <i>in vivo</i> en una planta. ARN aislado, un gen ID aislado, polipéptidos, plantas, semillas y tejidos que los incluyen y métodos de preparación y utilización de los mismos.	Secuencia de ADN que codifica una proteína Id aislada de maíz. Esta proteína funciona en la fase de iniciación de reproducción que comienza con la inducción floral. Método para producir plantas transgénicas con inducción floral retrasada o inhibida mediante el uso de cDNA antisentido.	DF
400012	P990101634	10/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica toda o una porción sustancial de proteínas reguladoras del ciclo celular en plantas y semillas, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dicha proteína, método para obtener dicho fragmento de ácidos nucleicos, productos obtenidos por dichos métodos y método para evaluar por lo menos un compuesto respecto de su capacidad de inhibir la actividad de una proteína de regulación del ciclo celular.	Secuencia de ADN que codifica la proteína CDC2 quinasa. Esta proteína es reguladora del ciclo celular. Método para la obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de la proteína reguladora del ciclo celular.	DF
400013	P990102089	31/12/98	Método para incrementar la calidad de forraje de una planta.	Método para mejorar la calidad de forraje transformando la planta con una secuencia de ADN que codifica una proteína de almacenamiento que co-expresan altos niveles tanto de proteínas zeína de 15 kD como de 10 kD que se acumulan en altos niveles como cuerpos proteicos en el tejido vegetal de la planta. Se obtienen plantas transgénicas con altos niveles de aminoácidos que contienen azufre, como metionina y los cuerpos proteicos son resistentes a la digestión del rumen o a la degradación ambiental.	DV
400014	P000103973	02/08/99	Gen mutante de la familia <i>gras</i> y plantas con desarrollo reducido que constan del mencionado gen.	Secuencia de ADN mutante que codifica la proteína de la familia <i>GRAS</i> modificada en la secuencia: Gly Tyr X1 Val Glu Glu donde X1 es Arg o Asp. Obtención de plantas transgénicas con el desarrollo reducido.	DF

400015	P990103851	03/08/99	Regulación reductiva (down-regulation) mediada por anticuerpos en proteínas vegetales.	Cassette de expresión que contiene un promotor funcional en plantas unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica para la cadena simple de anticuerpo -TP1 (SCAb-TP1) y una región de terminación. La expresión de este constructo se une a esteroil-ACP delta-9 desaturasa de maíz, péptidos de tránsito, y resultando en la disminución de los niveles de estado estacionario de la esteroil-ACP delta-9 desaturasa en orgánulos de plantas.	DV
400016	P010100603	11/02/00	Gen que provoca deshiscencia y método para regular la dehiscencia.	Secuencia de ADN que codifica la proteína SGT10166 aislada de Arabidopsis thaliana y mutaciones de la secuencia. Esta proteína es similar a la clase base de hélice-bucle-hélice de factores de transcripción y le otorga la planta la prevención de la dispersión de semillas a través del proceso de dehiscencia del fruto maduro. Obtención de plantas transgénicas.	C
400017	P010103352	13/07/00	Polinucleótido aislado de Zea mays (ZMAXIG1) y su aplicación en la regulación genética de plantas.	Secuencia de ADN que codifica un polinucleótido promotor auxina-inducido (ZmAxig1) unido a un elemento de regulación transcripcional. Obtención de plantas transgénicas que en presencia de auxina inducen la transcripción de genes de interés.	DV
400018	P020102922	02/08/01	Método para mejorar las características de semillas.	Método para alterar las características del maíz de semillas: 1) transformar con un cassette de expresión recombinante una secuencia de ADN que codifica el polipéptido DEK1, unido operativamente a un promotor capaz de expresar en la semilla. 2) Cultivar en condiciones de formación de la planta. 3) Expresar el polinucleótido por un tiempo suficiente para alterar el número o la configuración de células de aleurona de las semillas de la planta de maíz. El polipéptido está envuelto en la diferenciación celular de las células de aleurona.	A
400019	P030101554	03/05/02	Promotores de USP específicos de semillas para la expresión de genes en plantas.	Secuencia de ADN que codifica un promotor USP aislado de Vicia faba. Este promotor es capaz de transcribir una secuencia de interés en semillas. Obtención de plantas transgénicas.	En trámite
400020	P030101701	15/05/02	Método para aumentar el tamaño de semillas y órganos de una planta.	Método para aumentar el tamaño de los órganos de una planta: 1) transformando con una construcción que contiene un promotor funcional en plantas, operativamente unido a una secuencia de ADN, seleccionada de un grupo de secuencias de interés, que codifica una proteína de interés unido operativamente a una región de terminación. 2) Selección de la planta deseada.	C
400021	P030102330	28/06/02	Secuencia de ácido nucleico; proteína de fusión que la comprende; construcción de dicho ácido, vector que comprende dicha secuencia o dicha construcción; métodos para producir un producto de interés y calcitonina a partir de dicha secuencia.	Secuencia de ADN que codifica la proteína Y-Zeína, unida operativamente a una secuencia de ADN que codifica un polipéptido capaz de dirigir y retener una proteína en el retículo endoplásmico (ER). Otra secuencia de ADN que codifica un polipéptido con un sitio de escisión específico por medios enzimáticos o químicos. Una tercera secuencia de ADN que codifica un producto de interés.	C
400022	P030103234	05/09/02	Polinucleótidos aislados que regulan la floración de hierbas forrajeras y métodos de uso.	Grupo de secuencias de ADN que codifican distintos polipéptidos aislados de Lolium perenne y Festuca arundinacea que regulan la floración. Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas.	En trámite

400023	P030101556	05/05/03	Promotores temporales de semillas para la expresión de genes en plantas.	Secuencia de ADN que codifica promotor sle2, aislado de Glicina max, capaz de transcribir secuencias heterólogas temporalmente en semillas. Obtención de una construcción de ADN que contiene el promotor unido operativamente una secuencia de ADN de interés. Obtención de plantas transgénicas expresando el gen de interés.	En trámite
400024	P040102153	20/06/03	Isoformas de EIF-5A: EIF-5A de senescencia inducida; EIF-5A de herida inducida; EIF-5A de crecimiento y DHS.	Secuencia de ADN antisentido que codifica a la deoxihipusina sintasa (DHS) aislada de canola. Esta enzima inhibe la expresión de DHS endógeno en una planta de canola. Método de obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas.	En trámite
400025	P050100392	02/02/04	Alteración de la estructura de la raíz durante el desarrollo de la planta.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido RTCS (rootless for crown an seminal roots), aislados de maíz. Este polipéptido altera la estructura de la raíz durante el desarrollo de la planta. Obtención de constructos y plantas transgénicas con la estructura de la raíz alterada.	DF
400026	P050100862	05/03/04	Método para modificar características de semillas en plantas.	Método para modificar la proliferación celular en una planta modulando la expresión un grupo de secuencias de ADN que codifican polipéptidos capaces de modular directa o indirectamente la proliferación celular dentro de los integumentos y de las cubiertas de semillas.	En trámite
400027	P050101583	21/04/04	Maíz transgénico con propiedades nutricionales.	Secuencia de ADN que codifica la proteína mutante ADP-glucosa pirofosforilasa (AGPasa) aislada de Escherichia coli. Esta proteína es un doble mutante denominado GlgC que posee una sustitución de Pro por Asp y Glu por Lis. Obtención de maíz transgénico con niveles elevados de aminoácidos y aceites.	En trámite
400028	P050103150	29/07/04	Métodos y composiciones para modular la floración y la madurez en las plantas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína RAP2.7 aislada de maíz. Esta proteína modula el tiempo de floración en las plantas, la sobreexpresión causa floración más tardía y la inhibición causa floración precóz. La proteína esta unida operativamente a la secuencia de ADN que codifica al regulador VGT (enhancer de RAP2.7). Métodos para obtener constructos y plantas transgénicas que modifican su madurez y floración.	En trámite
400029	P050103386	11/08/04	Reducción de zaina en semillas de maíz transgénico.	Constructo de ADN recombinante que contiene un promotor operativamente unido a una secuencia de ADN anti-sentido de una pluralidad de genes blanco de zeina de maíz formando una estructura de loop y generar la supresión de los genes. Obtención de vectores y plantas transgénicas.	En trámite
400030	P050104069	29/09/04	Modificación del desarrollo y la morfología de las plantas.	Método para modificar la morfología de una planta introduciendo gen quimérico que contiene un promotor específico de la yema o del brote lateral unido operativamente a una secuencia ADN que codifica la proteína inactivadora de ribosoma (RIP). Este constructo altera el metabolismo o causar la muerte de las células específicas y las células cercanas.	En trámite
400031	P060102407	08/06/05	Plantas con características de crecimiento mejorado y método para desarrollar las mismas.	Método para mejorar las características de crecimiento de las plantas sobreexpresando la secuencia de ADN que codifica el receptor rico en repeticiones de leucina kinasa RKSII mutado para inactivar un dominio de quinasa y la selección de las plantas con mayor rendimiento de semillas. Obtención de vectores y plantas transgénicas.	En trámite

400032	P060102639	17/06/05	Genes de señalización celular y métodos relacionados con los mismos.	Grupo de secuencias de ADN que codifican para proteínas involucradas en la señalización celular, la regulación del fenotipo de la planta aislados de Eucalyptus y Pinus. Obtención de vectores y plantas transgénicas.	DF
400033	P060102924	06/07/05	Plantas con aumento del rendimiento y un método para prepararlas.	Método para incrementar el rendimiento de semillas introduciendo y expresando una secuencia de ADN que codifica la enzima Ste20-like quinasa, aislada de Arabidopsis thaliana, unida operativamente a un promotor constitutivo (GOS2). Obtención de vectores y plantas transgénicas.	En trámite
400034	P060104889	07/11/05	Plantas con características de crecimiento mejoradas y un método para desarrollarlas.	Método para aumentar el rendimiento de plantas modulando la expresión de una secuencia de ADN que codifica el polipéptido homeodominio zipper de leucina hox5 clase 1 (HDZip) que posee: una caja ácida, una clase 1 homeodominio, y un zipper de leucina con más de 5 heptads.	En trámite
400035	P060104903	08/11/05	Plantas con características de crecimiento aumentado y un método para obtenerlas.	Método para aumentar el rendimiento de plantas y resistencia al estrés reduciendo la expresión de la secuencia de ADN que codifica un polipéptido DEL1 mediante la tecnología de silenciamiento génico y seleccionar las plantas que tienen mayor rendimiento.	En trámite
400036	P060105334	01/12/05	Plantas con características de crecimiento mejoradas y métodos para desarrollar las mismas.	Método para mejorar las características de crecimiento en plantas modulando la expresión de una secuencia de ADN que codifica una GPR (proteína relacionada con el crecimiento). Obtención de construcciones y plantas transgénicas.	En trámite
400037	P060100059	06/01/06	Plantas transgénicas con características agronómicas mejoradas.	Secuencia de ADN que codifica una proteína con dominios Homeobox Pfam y proteína HALZ Pfam. Estas secuencias están unidas operativamente a un promotor funcional en plantas. Obtención de plantas transgénicas con aumento de la eficiencia de uso del nitrógeno, el aumento de rendimiento, eficiencia mejorada uso del agua, mayor tolerancia al estrés por frío y composiciones de semillas mejoradas.	En trámite
400038	P070100415	01/02/06	Genes de isopentil transferasa de soja y métodos para su uso.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido isopentenil transferasa (IPT) aislado de Glicine Max. Este polipéptido cataboliza la síntesis y control del nivel de citoquinas, envuelto en la modulación de desarrollo de raíces, floral, hoja, brotes, senescencia, tamaño y peso de semilla y tolerancia al estrés abiótico. Obtención de plantas transgénicas que modulan el nivel de citoquina.	En trámite
400039	P070101329	31/03/06	Genes de maíz para controlar el crecimiento y tamaño de órganos en plantas y su uso en la mejora de plantas de cultivo.	Secuencia de ADN que codifica polipéptido regulado por auxina involucrado en el tamaño de los órganos (ZmARGOS) aislado de maíz. Este polipéptido es responsable de controlar el crecimiento, el tamaño del órgano y el rendimiento en plantas. Obtención de vectores y plantas transgénicas.	En trámite
400040	P070101654	19/04/06	Moléculas de polinucleótidos aislados que corresponden a alelos mutantes y tipo salvajes del gen de maíz D9 y métodos para usarlas.	Secuencia de ADN que codifican el polipéptido ZmD9 aislado de maíz. Este polipéptido, variante de las proteínas DELLA, permite modificar el crecimiento de plantas disminuyendo o aumentando la su altura, alterando de tallo y crecimiento de raíz. Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas que lo expresen.	En trámite
400041	P070102495	08/06/06	Plantas con características de crecimiento mejoradas y método para prepararlas.	Método para mejorar las características de crecimiento de las plantas modulando de la expresión de una secuencia de ADN que codifica la proteína ciclina dependiente de quinasa (CDK) y sus variantes. Selección	En trámite

				de las plantas con características mejoradas.	
400042	P070102904	29/06/06	Rendimiento mejorado y tolerancia al estrés en plantas transgénicas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína G1988, aislada de <i>Arabidopsis thaliana</i> , y posee un dominio conservado B-Box Zinc Finger necesario para la función de regular la transcripción y alterar los rasgos de la planta. Le otorga a la planta una sensibilidad reducida a la luz y aumenta la tolerancia a bajas concentraciones de nitrógeno. Métodos obtención de plantas dicotiledóneas transgénicas.	En trámite
400043	P070101664	18/04/07	Polipéptidos aislados y polinucleótidos que los codifican, que aumentan la eficiencia de uso de fertilizantes, la resistencia al estrés, la biomasa y el vigor.	Construco quimérico que expresa un grupo seleccionado de secuencias de ADN que codifican distintas proteínas que aumentan la eficiencia de uso de fertilizantes, la resistencia al estrés, la biomasa y el vigor. Estas secuencias están unidas operativamente a un promotor. Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas que las expresan.	En trámite

#### 4.1.0. Aminoácidos y proteínas de reserva

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
410001	P322933	09/08/91	Proteínas de almacenamiento sintéticas con una estructura definida que contienen niveles programables de aminoácidos esenciales para mejorar el valor nutritivo de las plantas.	Secuencia de ADN sintética que codifica un polipéptido de almacenamiento de semillas sintéticas (SSP). Obtención de una cassette de expresión compuesto por un promotor y una secuencia que dirige la expresión dentro de la vacuola vegetal y obtención de plantas transgénicas con alto contenido de lisina y metionina.	C
410002	P326714	30/11/92	Fragmento de ADN aislado y purificado que codifica una oxalato descarboxilasa, molécula recombinante y célula de planta transformada.	Secuencia de ADN que codifica la enzima descarboxilasa oxalato aislada de <i>Collyba velutipes</i> . Esta enzima degrada el ácido oxálico y protege a la planta de los efectos perjudiciales de ácido oxálico. Obtención de plantas transgénicas con un contenido reducido de ácido oxálico.	C
410003	P327560	02/03/93	Gen quimérico y método para aumentar el contenido ácido sulfoamínico de una planta dicotiledónea.	Construco quimérico compuesto por el promotor B-faseolina específico de dicotiledóneas (aislado de poroto), una secuencia de localización intracelular unido a la secuencia de ADN que codifica para Zeína (aislada de maíz) y una secuencia no codificante. Obtención de plantas dicotiledóneas (en especial, colza y soja) transgénicas con un contenido aumentado de metionina.	C
410004	P331547	04/04/94	Método para reducir el nivel de una proteína endógena en una célula de planta.	Método para reducir el nivel de proteína endógena en una semilla de planta transformando con la secuencia de ADN que codifica una proteína preseleccionada (2S, a-hordotionina) sobreexpresada en semilla de manera que inhiba la síntesis de la proteína endógena (inhibidor de tripsina y quimiotripsina). La proteína preseleccionada requiere un aminoácido (Met, Gly, Lys, Cys, Try, Tyr) limitante necesario para producir la construcción primaria de la proteína endógena.	C
410005	P960102842	02/06/95	Proteínas derivadas de alfa-hordiotonina con alto contenido de treonina.	Secuencia de ADN que codifica una a-hordotionina aislada de <i>Hordeum vulgare</i> y modificada para aumentar el contenido de treonina en la planta. Obtención de plantas mono y dicotiledóneas con un alto contenido de treonina.	DV

410006	P070100465	19/01/96	Planta y semilla transformada.	Secuencia de ADN que codifica la enzima antranilato sintasa aislado de Zea mays. Esta enzima, sensible a la inhibición por L-triptofano libre, le confiere a la planta tolerancia a un aminoácido análogo del triptófano y altera el contenido de triptófano libre. Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas con alto contenido de L triptofano.	N
410007	P070100466	19/01/96	Planta y semilla transformada con antranilato sintetasa resistente a la inhibición por L-triptofano.	Secuencia de ADN que codifica la enzima antranilato sintasa aislado de Zea mays. Esta enzima, sensible a la inhibición por L-triptofano libre, le confiere a la planta tolerancia a un aminoácido análogo del triptófano y altera el contenido de triptófano libre. Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas con alto contenido de L triptofano.	N
410008	P970102604	14/06/96	Método para reducir la cantidad de una proteína de reserva de semilla de soja y expresión de dos genes en dichas semillas, planta de soja y semillas transgénicas.	Secuencia de ADN quimérico que codifica una proteína híbrida porción de glicina y una beta-conglicinina seleccionadas de un grupo. Obtención de plantas (en especial, soja) transgénicas con reducción de la cantidad proteína de almacenamiento en semilla.	DF
410009	P980103597	22/07/97	Método para desactivar secuencias de ácidos nucleicos defoliantes en plantas de algodón; vectores o plásmidos y productos que provienen de dichas plantas transformadas.	Secuencia de ADN que codifica una proteína le otorga a Gossypium hirsutum L características de auto-defoliación en el estadio de apertura de la cápsula. Esta secuencia se activa de manera química con imina-etileno o con una irradiación ionizante. Obtención de plantas de algodón transgénicas con esta característica.	A
410010	P970105512	25/11/97	Una secuencia de ADN aislado, un constructo de ADN, una célula de planta transgénica, una planta, un método para la modulación de la cantidad de lignina de una planta, un método para producir una planta, un método para modificar la actividad de una enzima en una planta.	Grupo de secuencias de ADN aisladas de eucalipto asociadas con la biosíntesis de lignina. Método para modular el contenido de lignina en plantas. Obtención de cassettes de expresión y plantas transgénicas con contenido y estructura de lignina alterados.	DF
410011	P980106256	10/12/97	Método para alterar la composición de aminoácidos de una proteína nativa de interés, proteína elaborada y polinucleótido.	Secuencia de ADN que codifica proteína b-de almacenamiento vegetativo (VSPb). Esta proteína posee una secuencia de aminoácidos modificada que unida a un anticuerpo monoclonal aumentan los niveles de Met, Leu, Ile, y Val. Obtención de constructos y plantas mono- y dicotiledóneas (en especial, soja y maíz) transgénicas con aumento del contenido de Met.	DF
410012	P980100068	07/01/98	Polipéptido; un ácido nucleico que lo codifica: un cassette de expresión recombinante; células vegetales transformadas; una semilla; una proteína que comprende dicho polipéptido; un promotor heterólogo; una composición de alimentos para animales; un método para aumentar el valor nutricional de una	Secuencias de ADN que codifican polipéptidos inhibidores de proteasas. Estas proteasas incrementan el contenido de aminoácidos esenciales en la planta. Obtención de un cassette de expresión y plantas transgénicas con niveles de aminoácidos aumentado.	DV
410013	P990101901	24/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica enzimas de la biosíntesis del ácido fítico, gen quimérico, célula huésped transformado, polipéptido, métodos para alterar el nivel de expresión de dichas enzimas, métodos para obtener dicho fragmento, productos que se obtienen por dichos métodos.	Secuencia de ADN que codifica la enzima 1,3,4-trifosfato inositol 5/6 quinasa aislada de Zea mays. Esta enzima pertenece a la vía biosintética del ácido fítico. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de ácido fítico.	DV
410014	P990101902	24/04/98	Fragmento aislado de ácido nucleico que codifica enzimas de la biosíntesis de carotenoides, gen quimérico, célula huésped transformado, polipéptido, métodos para alterar el nivel de expresión de dichas enzimas, métodos para obtener dicho fragmento, productos que se obtienen por dichos métodos y método para evaluar la capacidad de un compuesto para inhibir la actividad de	Secuencia de ADN que codifica la enzima fitoena desaturasa aislada de Oryza sativa. Esta enzima pertenece a la vía biosintética del carotenoides. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados carotenos.	DF



			dichas enzimas.		
410015	P990101903	24/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica una inositol 1,3,4-trifosfato 5,6 quinasa, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dicha enzima, métodos para obtener dicho fragmento, productos obtenidos por dichos métodos.	Secuencia de ADN que codifica la enzima 1,3,4-trifosfato inositol 5/6 quinasa aislada de Zea mays. Esta enzima pertenece a la vía biosintética del ácido fítico. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de ácido fítico.	DF
410016	P990101938	27/04/98	Genes útiles para incrementar el contenido proteico de plantas, proteínas codificadas por dichos genes, células de plantas transfectadas con dichos genes y métodos para incrementar el contenido proteico o no proteico de plantas.	Secuencia de ADN quimérica que codifica una proteína que posee una alfa-helice anfifílica y una lámina beta-plegada. Esta proteína fue diseñada para poseer elevados niveles de los aminoácidos esenciales necesarios para la nutrición humana. Obtención de plantas transgénicas que expresan dicha proteína.	DF
410017	P990104287	29/08/98	Método de transformación de árboles para modificar las características de las fibras en árboles.	Método para modificar las características de la fibra en los árboles incorporando un gen quimérico que contiene un promotor unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica un gen capaz de modificar la extensión de fibra de células paredes, y regenerar una planta que tiene un genoma alterado.	C
410018	P990105084	09/10/98	Materiales y métodos para la modificación del contenido de lignina en las plantas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima a-amilasa aislada de Pinus radiata. Esta enzima forma parte de la vía biosintética de lignina. Obtención de constructo y plantas transgénicas que modulan la producción de lignina.	C
410019	P990106473	17/12/98	Procedimiento para aumentar la producción de cisteína, metionina y células vegetales y glutatión en plantas, sobreexpresando las enzimas SAT de cloroplastos, proteínas de fusión de péptidos de tránsito que incluyen dichas enzimas SAT, secuencias de ácidos nucleicos que codifican proteínas de fusión, genes quiméricos que comprenden una secuencia que codifica dicha proteína de fusión, vectores de clonación y/o de expresión que comprenden dichos genes quiméricos, procedimiento de transformación de organismos hospedantes utilizando dichas secuencias de ácidos nucleicos y células vegetales que comprenden al menos un de dichas secuencias o uno de dichos genes quiméricos.	Método para aumentar la producción de cisteína mediante la sobreexpresión de la enzima serin acetil transferasa (SAT) aislada de Arabidopsis thaliana. Esta enzima es clave en la biosíntesis de cisteína, así como también metionina y glutatión.	A
410020	P000100987	05/03/99	Método para mejorar el valor agronómico y nutricional de las plantas.	Secuencias de ADN que codifican las enzimas fitoeno sintetasa (PSY), fitoeno desaturasa (PDS), gama caroteno desaturasa (ZDS) y licopeno ciclasa (CYC) de diversos orígenes. Estas enzimas forman parte de la ruta de biosíntesis de carotenoides. Obtención de plantas transgénicas que acumulan beta-caroteno.	DF
410021	P960102843	07/04/99	Proteína derivada de alfa-hordotionina de alto contenido en metionina, secuencias de nucleótidos, ARN y ADN, cassette de expresión, vector de transformación bacteriana, vector de transformación bacteriana, células bacteriana y vegetales transformadas, célula o cultivo de tejidos de maíz y método para potenciar el contenido de.	Secuencias de ADN que codifican derivados de alfa hordotionina, aislado de Hordeum vulgare, y modificado por una sustitución sitio específica con residuos de metionina. Estas construcciones proporcionar enriquecimiento de metionina en las plantas.	DV
410022	P000103114	22/06/99	Proteínas auxinas vegetales.	Secuencia de ADN que codifica la proteína transportadora de auxina. Esta proteína media los efectos de la hormona vegetal auxina. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de auxina.	DF

410023	P000103654	16/07/99	Un método para modular la expresión de genes que inducen el rasgo partenocarpico en plantas.	Secuencia de ADN derivada del gen rolA de Agrobacterium rhizogenes. Esta secuencia reduce la expresión del rasgo partenocárpico causado por el gen DefH9-iaaM en plantas transgénicas. Obtención de plantas transgénicas sin malformaciones causadas por el gen DefH9-iaaM.	DV
410024	P990104800	18/08/99	Molécula de ADN recombinante y método para proveer una mejor expresión genética en las plantas.	Secuencia de ADN recombinante que contiene un promotor unido a una secuencia líder no traducida y a una secuencia interventora, aisladas de una secuencias de ADN relacionadas con un grupo de secuencias determinado. Unido a una secuencia codificante de ADN de interés; y a una región no traducida terminador. Método para aumentar la expresión de genes de interés en plantas.	C
410025	P000104638	15/09/99	Método para aumentar el contenido de aminoácido libre de una planta.	Método para aumentar el contenido total de amino ácido libre transformando la planta con un vector que posee una secuencia de ADN que codifica un translocador de ATP/ADP plastidial. Determinar y seleccionar plantas con contenido de amino ácido libre aumentado.	C
410026	P000105418	13/10/99	Sistema y métodos de expresión de proteína de alto rendimiento.	Método para aumentar la producción de proteínas sobreexpresando la secuencia de ADN que codifica la enzima piruvato carboxilasa (PEP).	
410027	P010101404	24/03/00	Método para modificar la composición de lignina y aumentar la digestibilidad in vivo de forrajes.	Método para modular el contenido de lignina en una leguminosa forrajera transformando con un vector que posee un promotor específico de tejido de lignificación unido operativamente a un ORF que codifica la enzima caffeoil CoA 3-O-metiltransferasa aislada de Medicago sativa.	N
410028	P010101521	31/03/00	Procedimiento para la obtención de leguminosas con mayor contenido proteico y período de llenado de semillas más prolongado.	Método para la producción de leguminosas (en especial, vicia sp.) con mayor contenido de proteína en las semillas transformando con dos vectores binarios independientes, uno posee una secuencia de ADN recombinante que codifica un inhibidor de la proteína ADP glucosa pirofosforilasa (AGP) y fosfoglucomutasa plástido (pPGM) para producir la sobreexpresión de sacarosa y el otro un gen marcador de selección. Se regenera la planta, se elimina el marcador y se selecciona fenotípicamente la planta con mayor contenido proteico.	A
410029	P010102258	12/05/00	Métodos para producir compuestos carotenoides y aceites especiales en semillas de plantas.	Método para alterar el contenido de carotenoides en las semillas de maíz transformando con una construcción compuesta por una región de iniciación de la transcripción, un péptido de tránsito de plástido, una secuencia de ADN que codifica la región codificante de gen de biosíntesis de carotenoides y una región de terminación de la transcripción y cultivar dicha planta transformada. Obtención de plantas transgénicas con el contenido de carotenoides alterada.	DF
410030	P010104110	30/08/00	Plantas transgénicas que contienen señuelos moleculares que alteran el contenido proteico en las mismas.	Secuencia de and que codifica la proteína Nic unida operativamente a un elemento regulatorio, seleccionado de un grupo de secuencias, que aumentan o disminuyen el nivel de la proteína. Obtención de tabaco transgénica con cantidad reducida de nicotina.	DF
410031	P010104227	05/09/00	Métodos para el control simultáneo en plantas del contenido y composición de lignina, y del contenido de celulosa.	Método para introducir múltiples genes en plantas y árboles transformando, mediante vía Agrobacterium, simultánea con múltiples genes 4CL, CA1d5H, AldOMT, SAD y CAD y sus combinaciones, pertenecientes a la biosíntesis de lignina. Obtención de plantas transgénicas con	DF

				contenido de lignina aumentado (en especial siringilo).	
410032	P010104226	05/09/00	Ingeniería genética en plantas de lignina enriquecida con siringilo.	Secuencia de ADN que codifica la enzima sinapil alcohol deshidrogenasa (SAD) aislado de Aspen Populus tremuloides. Esta enzima regula la biosíntesis de siringil-lignina en las plantas. Obtención de plantas enriquecidas con siringil-lignina.	DF
410033	P020101638	04/05/01	Un ADN aislado que codifica para una antrilato sintasa monomérica, el vector, la semilla y la planta transgénica que lo comprende; el método para alterar el contenido de triptofano en dicha planta; el método para hacer alimento animal o alimento humano y alimento animal o humano obtenido.	Secuencia de ADN que codifica la antranilato sintasa monomérica (AS) aislada de Arobactrium tumefaciens. Esta enzima es la primera de la ruta de biosíntesis de L-triptofano. Obtención de vectores y plantas transgénicas con niveles de L-triptofano elevados..	En trámite
410034	P020102492	09/07/01	Método para aumentar el contenido de glutamato de plantas y las plantas que tienen contenido aumentado de glutamato.	Método para aumentar el contenido de ácido glutámico mediante la inactivación de la enzima glutamato glioxilato aminotransferasa (GGT) en la planta.	C
410035	P020104756	10/12/01	Fitasas y procedimiento de producción de dichas fitasas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima fitasa aislada de Penicillium sp. Esta enzima es importante para el almacenamiento de fósforo. Obtención de cassettes de expresión y plantas transgénicas que acumula fósforo.	DF
410036	P020105150	28/12/01	Fitasa tolerante a las variaciones de temperatura para alimento animal.	Método para preparar una planta transgénica que expresa una fitasa termotolerantes transformando con un cassette de expresión posee un promotor unido operativamente a secuencia de ADN que codifica una fitasa termotolerantes (que conserva al menos 40% de actividad después de 30 minutos a 60 ° C).	A
410037	P030100317	01/02/02	Transportadores de aminoácidos en un tejido vegetal.	Método para incrementar el contenido de aminoácidos en plantas que consiste en preparar una secuencia de ADN que codifica un transportador vegetal de aminoácidos (AAP-6) aislado de Arabidopsis unido operativamente a un promotor activo en el tejido. Transformar y cultivar.	En trámite
410038	P030104863	24/12/02	Plantas con características de crecimiento modificadas y método para obtener las mismas.	Método aumentar el área de superficie de las hojas y prolongar la fase de crecimiento vegetativo de una planta disminuyendo la expresión de una secuencia de ADN que codifica una proteína con dedos de zinc tipo C2H2. Constructos y vectores de expresión.	C
410039	P040100391	06/02/03	Método para modificar características de crecimiento en plantas.	Método para modificar características del crecimiento de una planta modificando la expresión de una secuencia de ADN que codifica la proteína metionina aminopeptidasa (MAP).	En trámite
410040	P040101047	01/04/03	Plantas con características de crecimiento modificadas y método para obtener las mismas.	Método para incrementar el rendimiento de una planta modulando la expresión de una secuencia de ADN que codifica el dominio ATPasa (TAD).	C
410041	P040101154	04/04/03	Modulación de la actividad de citoquininas en plantas.	Método para modular las acción de las citoquininas en plantas transformando con un cassette de expresión recombinante de un promotor (Zag2,1, ZAP, tb1, PCNA2 y kn1 aislados de maíz) unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica para la enzima isopentenil transferasa aislada de Agrobacterium, Arabidopsis o Petunia.	C
410042	P030101555	05/05/03	Una molécula aislada de ADN que codifica una antranilato sintetasa, una construcción de ADN que comprende un cassette de expresión, un método para alterar el contenido de triptofano en una planta y un método para elaborar un alimento para animales o un alimento	Secuencia de ADN que codifica la enzima antranilato sintasa (AS) monomérica aislada de Agrobacterium tumefaciens. Esta enzima cataliza la primer reacción de la biosíntesis de triptofano. Obtención vectores y plantas transgénicas con nivel de triptofano elevado.	En trámite

			para humanos.		
410043	P040102905	15/08/03	Métodos y medios para alterar las características de las fibras en plantas productoras de fibras.	Método para modificar la fibra de algodón alterando la fase de elongación y la deposición callosa en el cuello del plasmodesmo en la base la célula de la fibra, mediante la introducción cassette de expresión que posee un promotor específico unido operativamente a la secuencia de ADN que codifica la enzima 1,3-beta-glucanasa. Este cassette reduce la producción de la enzima mediante la tecnología de silenciamiento génico.	C
410044	P040104142	10/11/03	Aumento del contenido de treonina de semillas mediante la alteración de la actividad de la treonina aldolasa.	Construcción de ADN compuesta por un promotor unida una secuencia de ADN que silencia la expresión de treonina aldolasa una secuencia diana mitocondrial y un terminador. Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas con niveles aumentados de treonina e isoleucina.	A
410045	P040104629	11/12/03	Composiciones de maíz ricas en lisina y métodos de detección de las mismas.	Construcción de ADN, compuesto por el promotor de la globulina 1, el intrón de actina 1, el péptido de tránsito a cloroplastos del ácido dihidrodipicolínico sintetasa (DHDPs) aislados de maíz, unidos operativamente a la secuencia de ADN que codifica DHDPs de <i>Corynebacterium</i> y por último una región no traducida 3' de globulina 1 aislado de maíz. Obtención de evento maíz LY038 con niveles aumentados de lisina.	En trámite
410046	P050100454	10/02/04	Semilla de maíz transgénica con mayor contenido de aminoácidos.	Construcción de ADN recombinante compuesto por un promotor unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica ceto glutarato reductasa o la sacaropina dehidrogenasa, orientadas en el sentido contrario del marco de lectura. Obtención de semillas de maíz transgénico con contenido de aminoácidos mejorado (en especial lisina) mediante el mecanismo de supresión génica con un loop de ARN.	En trámite
410047	P040101544	06/05/04	Plantas con niveles elevados de uno o más aminoácidos.	Construcción de ADN que posee un cassette de expresión compuesto por un promotor funcional en planta unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica un polipéptido exógeno insensible a retroalimentación desaminasa treonina aislada de <i>Arabidopsis thaliana</i> y otro cassette con un promotor funcional unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica un polipéptido exógeno ácido aceto hidroxil sintetasa (AHAS) aislado de <i>Escherichia coli</i> . Obtención de plantas transgénicas con niveles elevados de aminoácidos.	En trámite
410048	P050102088	20/05/04	Plantas transformadas con polinucleótidos de Mio-inositol quininas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína mio-inositol quinasa (MIK) aisladas de maíz, sorgo, girasol y soja. Esta proteína es parte de la ruta de biosíntesis de fitato. Obtención de plantas transgénicas con reducción del nivel de fitato y aumento del nivel de fósforo.	A
410049	P050102079	20/05/04	Polinucleótidos de proteínas asociadas con la resistencia a múltiples drogas en maíz y métodos para usarlos.	Secuencia de ADN que codifica la proteína asociada a la resistencia a múltiples drogas (ZmMRP3) aislado de <i>Zea mays</i> . Esta proteína proviene del maíz mutante bajo en ácido fítico 1 (Lpa1) que fue mutagenizada con EMS. Obtención de plantas transgénicas con reducción del nivel de fitato y aumento del nivel de fósforo no de fitato.	En trámite
410050	P050103985	22/09/04	Composiciones y métodos para modular lignina en plantas.	Secuencias de ADN que codifican el citocromo P450 aislados de <i>Eucalyptus</i> y <i>Pinus</i> . Son útiles en la regulación del proceso de lignificación, fenotipo de la	En trámite

				planta y la expresión de la síntesis monolignol, y su transporte. Obtención de vectores y plantas transgénicas que modulan la expresión de lignina.	
410051	P050103988	22/09/04	Modificación del contenido de lignina en plantas.	Construcción de ADN compuesta por un promotor, vascular y constitutivo, unido operativamente a un primer segmento de ADN que codifica 4-coumarato coA ligasa (4CL) que pertenece a la ruta biosintética monolignol, una secuencia espaciadora de ADN y un segundo segmento de ADN que es complementaria a la primer segmento de ADN. Otros genes, además de 4CL, que se pueden utilizar son C3H, CCR, C4H o CcoAOMT. Esta construcción se puede utilizar para reducir o modular el contenido de lignina en las plantas suprimiendo los genes de interés codificando un dsARN y ARNi.	En trámite
410052	P050104762	12/11/04	Histidina quinasa con actividad sensora de citoquinina y métodos de uso de las mismas en plantas y células vegetales.	Secuencia de ADN que codifica polipéptido de histidina quinasa aislada de Arabidopsis thaliana. Esta enzima participa de la transducción intracelular de señales en células eucariotas y procariotas. Obtención de plantas transgénicas que modulan la actividad de la quinasa de histidina y los niveles de citoquinina.	En trámite
410053	P060100941	10/03/05	Semilla de maíz con contenido de lisina mejorado sinérgicamente.	Secuencia de ADN que codifica una secuencia antisentido complementaria a toda o parte del mRNA alfa-zeína, una secuencia de ADN que codifica lisina insensible aspartato quinasa (AK) o sintasa de ácidos dihidrodipicolínico (DHDPS), y la secuencia de ADN que codifica una secuencia antisentido complementaria a toda o parte del mRNA maíz lisina-cetoglutarato reductasa (LKR) y sacaropina deshidrogenasa (SDH). La expresión de estas secuencias resultadas en una sinergia para aumentar el contenido de lisina libre de las semillas de maíz.	En trámite
410054	P060101806	16/05/05	Plantas y semillas de maíz con mejoramiento de asparagina y proteína.	Secuencia de and que codifica la enzima asparagina sintetasa aislada de distintos organismos. Método para producir plantas transgénicas (en especial, maíz) con niveles mejorados de proteína y aminoácidos.	En trámite
410055	P060103565	15/08/05	Componentes transportadores de nitrato.	Secuencia de ADN que codifican los componentes de transporte de alta afinidad de nitrato (HATS) aislado de maíz. Obtención de constructos y plantas transgénicas con niveles alterados de los componentes de transporte de nitrato.	DF
410056	P060104349	03/10/05	Semilla de planta transgénica con mayor contenido de lisina.	Construcción de ADN que posee un cassette de expresión que codifica la enzima ácido dihidrodipicolínico sintetasa, resistente a la inhibición por retroalimentación por L-lisina libre, y una secuencia de ADN que se transcribe una molécula de ARN que suprime a la enzima lisina cetoglutarato reductasa o sacaropina deshidrogenasa unidas a un promotor de semilla mejorada. Obtención de plantas transgénicas con altos niveles de lisina libre.	En trámite
410057	P060104877	10/11/05	Secuencias DOF (que se unen a ADN con un dedo) y métodos para usarlas.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido Dof (DNA binding with one finger). Es un fragmento biológicamente activo del dominio Dof. Obtención de plantas transgénicas que modulan el nivel de Dof modulando el uso de nitrógeno.	En trámite

410058	P060104680	19/12/05	Semilla de maíz transgénica con lisina libre mejorada.	Construcción de ADN recombinante compuesto por un promotor específico del endospermo unido operativamente a una secuencia que suprime a las proteínas lisina cetoglutarato reductasa/sacarpina dihidrogenasa (LKR-SDH) endógena y promotor específico de embrión unido operativamente a una segunda secuencia de supresión de LKR-SDH en posición opuesta al primer promotor. Obtención de maíz transgénico con altos niveles de lisina libre.	En trámite
410059	P060105583	20/12/05	Métodos y composiciones para incrementar la capacidad de almacenamiento de nitrógeno en plantas.	Método para aumentar la capacidad de almacenamiento de nitrógeno en una planta introduciendo un constructo compuesto por un promotor unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica la proteína de almacenamiento vegetativo (VSP) derivado de monocotiledóneas, se selecciona de un grupo de secuencias. Obtención de plantas monocotiledónea transgénicas con capacidad incrementada de almacenamiento de nitrógeno.	En trámite
410060	P060105745	23/12/05	Utilización eficaz de nitrógeno en plantas monocotiledóneas.	Método para aumentar la eficiencia de utilización del nitrógeno en las plantas monocotiledóneas introduciendo un constructo que posee un promotor específico para monocotiledóneas unido a la secuencia de ADN de la enzima alanina aminotransferasa. Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas con niveles altos de nitrógeno.	En trámite
410061	P060105741	23/12/05	Proteínas del receptor del factor de nodulación de soja ácidos nucleicos que codifican a las mismas y usos de las mismas.	Secuencias de ADN que codifican las proteínas del receptor del factor de nodulación de soja GmNFR1a, GmNFR1b, GmNFR5a y GmNFR5b. Los promotores de GmNFR1a, GmNFR1b, GmNFR5a y GmNFR5b útiles para expresar secuencias autólogas o heterólogas en plantas. Obtención de plantas transgénicas que modulan la expresión del receptor del factor de nodulación de soja y le otorga a la planta la capacidad de aumentar o inhibir la nodulación o fijación de nitrógeno.	En trámite
410062	P070100404	09/02/06	Genes para mejorar la eficiencia de la utilización de nitrógeno en los cultivos.	Secuencia de ADN que codifica la Ferredoxina NADP+ reductasa. Esta enzima es importante en la asimilación de carbono y nitrógeno. Obtención de constructos y plantas transgénicas con niveles alterados de utilización y absorción de nitrógeno.	En trámite
410063	P070101076	17/03/06	Selección de D-aminoácidos para soja.	Método para obtener Glicine max transgénica introduciendo una construcción de ADN que posee un promotor unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica la enzima D-serina, aislada de <i>Petropelium crispum</i> . Luego, se incubaba, selección, transferencia y regenera.	En trámite
410064	P070102365	31/05/06	Manipulación del metabolismo del nitrógeno.	Método para aumentar la asimilación, acumulación, utilización de nitrógeno total en organismos fotosintéticos activos mediante la sobreexpresión de un transportador de amonio. Luego, la expresión de la enzima glucosa-6-fosfato-deshidrogenasa en plástidos de organismos y por último, cultivar el organismo. Obtención de constructos y plantas transgénicas con un nivel aumentado de nitrógeno total.	En trámite

## 4.2.0. Ácidos grasos y aceites

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
420001	P323396	10/10/91	Un ácido nucléico aislado que codifica a la delta 6-desaturasa bacteriana y método para transformar células vegetales con dicho ácido nucléico y la 6-desaturasa codificada por dicho ácido nucléico.	Secuencia de ADN que codifica la enzima delta 6-desaturasa aislado de <i>Borago officinalis</i> . Esta enzima convierte el ácido linoleico en ácido gama-linolénico (GLA). Obtención de constructo posee un promotor, la región de codificación y terminación del delta 6-desaturasa y secuencias reguladoras heterólogas. Obtención de plantas transgénicas que producen GLA.	C
420002	P333365	31/08/94	Método para producir aceites de semillas de plantas de soja con niveles inferiores y superiores a los normales de ácidos palmítico y esteárico.	Secuencia de ADN que codifica un fragmento la enzima acil-ACP tioesterasa vegetal específica para el sustrato C16 acil-ACP, aislado de soja o canola. Esta enzima cataliza la hidrólisis de tioésteres de palmitoil- estearoil y oleoil-ACP. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de ácidos grasos saturados.	C
420003	P960100849	30/12/94	Un método para la expresión de un polipéptido recombinante por una célula huésped.	Método para la expresión de un polipéptido recombinante en una planta o bacteria introduciendo la secuencia de ADN quimérico que posee una secuencia de ADN capaz de regular la transcripción, una secuencia de ADN que codifica el polipéptido de fusión recombinante compuesto por una secuencia de ADN que codifica una porción de la proteína de oleosina (target a la fase lipídica) unido en el marco de lectura a una secuencia de ADN que codifica el polipéptido recombinante y una secuencia de ADN que codifica una región funcional de terminación. Cultivar para producir el polipéptido de fusión recombinante.	C
420004	P950100809	30/12/94	Método para producir organismos vegetales transgénicos con un mayor contenido de ácido $\delta$ -linolénico (GLA) y de ácido octadecatetraenóico en organismos vegetales y método para producir organismos vegetales transgénicos provistos de resistencia mejorada al enfriamiento.	Método para producir de plantas transgénicas que producen ácido gama-linolénico (GLA) transformando la con una secuencia de ADN que codifica la enzima delta 6-desaturasa aislado de <i>Borago officinalis</i> . Esta enzima convierte el ácido linoleico en GLA y regenerando la planta con mayor contenido de GLA.	C
420005	P970100835	04/03/96	Un fragmento de DNA del Avellano, un fragmento de DNA recombinante y un polipéptido de fusión.	Secuencia de ADN que codifica la enzima delta 12 desaturasa (FAD2-N) aislada de <i>Corylus avellana</i> L. Esta enzima pertenece a la fracción microsomal y es parte de la producción de ácido linoléico. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de desaturasa y de ácidos grasos.	A
420006	P970105348	20/11/96	Método para obtener concentraciones de aceites mayores que lo normal en la semilla de una planta mediante la alteración del metabolismo del carbono en la semilla.	Método para mejorar la acumulación de aceite y reducir la producción de almidón mediante la disminución o inhibición de la enzima ADP-glucosa pirofosforilasa del embrión. Este procedimiento altera el metabolismo del carbono en la semilla conduce a una alteración de la biosíntesis de almidón y la biosíntesis y acumulación de aceite.	DF
420007	P980101624	11/04/97	Método para la alteración de la composición de ácidos grasos de cadena media en semillas vegetales que expresan una tioesterasa que prefiere cadena media vegetal heteróloga.	Método para producir y alterar las cadenas de ácidos grasos medianos en semillas de plantas transgénicas expresando la sintetasa b-cetoacil-ACP sintasa (KAS), que es un factor proteico heterólogo, aislado de <i>Cuphea</i> . Expresada junto a una proteína acil-ACP tioesterasa.	C

420008	P060104795	11/04/97	Construcción de ADN.	Secuencias de ADN que codifican las enzimas sintetasa b-cetoacil-ACP sintasa (KAS) y acil-ACP tioesterasa aislada de Cuphea. Obtención de constructos y plantas transgénicas con niveles alterados de las cadenas de ácidos.	En trámite
420009	P990101226	20/03/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica una enzima de la biosíntesis de los lípidos, gen quimérico, célula huésped, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dichas enzimas, método para producir un ácido graso insaturado, semilla, aceite, método para producir aceite, método para reducir el nivel de ácidos grasos, método para obtener dicho fragmento y productos obtenidos.	Secuencia de ADN que codifica la enzima acil-CoA elongasa aislada de Limnanthes douglasii. Esta enzima está implicada en la biosíntesis de lípidos. Obtención de constructos y plantas transgénicas con niveles alterados de lípidos.	A
420010	P990101399	30/03/98	Método para producir aceites de plantas, que tienen niveles de ácidos grasos modificados y semillas y progenie de dichas plantas.	Método para obtener una planta con niveles alterados de ácidos grasos saturados introduciendo un constructo que posee un elemento regulador promotor, un fragmento de una secuencia de ADN que codifica una palmitoil-CoA delta-9 desaturasa aislada de Aspergillus y una secuencia de terminación transcripcional.	C
420011	P980104974	10/04/98	Una delta5-delta6- o delta12-desaturasa de ácido graso, su uso, uno o más aceites vegetal/es aislados de células vegetales que expresan dicha desaturasa, un aceite vegetal, o fracción del mismo obtenido usando dicha desaturasa, y una composición farmacéutica, una fórmula nutricional tal como una fórmula para bebés, un suplemento dietario y un sustituto dietario, un cosmético, y un producto alimenticio para consumo animal que comprende dichos aceite vegetal o fracción.	Secuencias de ADN que codifican las enzimas delta (D)-5 desaturasa, delta (D) 6-desaturasa y delta (D) 12-desaturasa aisladas de Mortierella. Obtención de constructos y plantas transgénicas con elevada producción de ácidos poliinsaturados grasos de cadena larga (ácido docosahexaenoico, ácido eicosapentaenoico, delta (a)-linolénico, ácido gamma-linolénico, ácido araquidónico).	DV
420012	P990102808	11/06/98	Genes de desaturasa para alterar los perfiles de lípidos en maíz, planta de maíz o parte de la misma, grano de maíz, semilla, aceite, alimento para animales, uso del aceite, producto y método para mejorar la calidad de la carne de un animal.	Secuencia de ADN parcial que codifica un promotor de oleosina de maíz unido operativamente a la secuencia de ADN que codifica un enzima delta 9 estearoil-ACP desaturasa aislada de maíz. Este constructo permite modificar el perfil de lípidos de maíz. Obtención de maíz transgénicos con niveles alterados de lípidos.	A
420013	P990104050	14/08/98	Métodos para aumentar el contenido de estearato en el aceite de soja.	Método para aumentar el nivel de estearato en plantas de soja introduciendo una construcción de ADN que posee un promotor funcional unido a una secuencia de ADN que codifica la proteína acil-ACP tioesterasa y una región de terminación.	C
420014	P990104118	20/08/98	Genes de enzimas modificadoras de ácidos grasos vegetales asociadas con la formación de dobles enlaces.	Secuencia de ADN que codifica una enzima que modifica el contenido de ácido graso vegetal asociados con un fragmento conjugado formador de doble enlace. Método para alterar niveles de ácidos grasos con dobles enlaces conjugados. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de perfiles lipídicos.	A
420015	P990104430	02/09/98	Genes de la elongasa y usos de los mismos.	Secuencia de ADN que codifica la enzima elongasa aislada de Mortierella alpina. Esta enzima se utiliza en la conversión de ácido gamma linolénico (GLA) a ácido linolénico dihomogamma (DGLA), utilizado en la producción de ácidos grasos poliinsaturados. Método para producir enzima elongasa, en especial en Saccharomyces cerevisiae y entre otros huéspedes como plantas.	DF



420016	P990106179	03/12/98	Desaturasas ligadas a membrana.	Secuencias de ADN que codifican delta-6 desaturasas aislada de <i>Picramnia pentandra</i> , <i>Zea mays</i> y <i>Glicine max</i> . Esta enzima es el primer paso para la síntesis de ácido gama-linoléico (GLA). Obtención de vectores y plantas transgénicas que producen GLA.	DF
420017	P990101608	08/04/99	Procedimiento de producción de ácidos grasos ramificados mediante plantas genéticamente modificadas, ácido nucleico aislado recombinante, vector, célula de planta, planta transgénica, utilización de una planta transgénica o parte de ella para producir ácidos grasos ramificados, composición, utilización de un ester de ácido graso ramificado para la preparación de una composición lubricante, procedimiento para la preparación de una planta transgénica capaz de producir ácidos grasos ramificados.	Método para producir ácidos grasos ramificados mediante la introducción de la secuencia de ADN que codifica las enzimas metiltransferasa, ciclopropano ácido graso sintetasa, metilmalonil CoA o malonil CoA descarboxilasa. Obtención de constructos y plantas transgénicas que produce ácido graso ramificado.	C
420018	P000105600	27/10/99	Un procedimiento para la modificación de plantas.	Método para aumentar el nivel de 4-desmetilesteroles en las semillas y modificar la producción de isoprenoles expresando un la proteína HMG-reductasa no inhibida por feedback.	DF
420019	P000104228	16/08/99	Método para la producción de ácido caléndico, un ácido graso que contiene enlaces dobles conjugados en delta 8,10,12 y ácidos grasos relacionados con una modificación en la posición delta 9.	Secuencia de ADN que codifica una enzima que modifica ácidos grasos vegetales asociados con la formación de enlaces dobles conjugados en la posición delta 9, aislada de <i>Canlendula officinalis</i> o <i>Dimorphotheca sinuata</i> . Obtención de constructos que poseen secuencias reguladoras adecuadas y funcionales en plantas y plantas transgénicas con perfiles alterados de lípidos.	A
420020	P000104427	26/08/99	Secuencias de ácido nucleico y métodos de uso para la producción de plantas con ácidos grasos poliinsaturados modificados.	Secuencia de ADN que codifica el promotor e intrones de la secuencias genómicas de la enzima desaturasa aislados de <i>Glicine max</i> . Esta secuencia es capaz de catalizar la inserción de dobles enlaces en las posiciones delta 12 y 15.	En trámite
420021	P000106159	25/11/99	Genes del musgo de la <i>Physcomitrella patens</i> que codifican proteínas que participan en la síntesis de los ácidos grasos poliinsaturados y lípidos.	Secuencias de ADN que codifican proteínas relacionada al metabolismo de lípidos (LMRPs), aisladas de <i>Physcomitrella patens</i> . Obtención de vectores de expresión recombinantes que contienen LMRP aislados, mutados, proteínas de fusión, péptidos antigénicos y plantas transgénicas con perfiles lipídicos y de ácidos grasos modificados.	A
420022	P060104884	19/01/00	Composiciones con mayores niveles de fitoesterol obtenidas de plantas con menores niveles de saponina triterpeno.	Método para producir mayor nivel fitosteroles mediante el procesamiento de una planta donde se expresa un constructo de ADN recombinante que disminuye la actividad de la enzima b-amirina sintasa para aumentar la producción de un fitosterol. El constructo esta compuesto por una porción de la secuencia de ADN que codifica para la b- amirina sintetasa, un intrón (de isoflvone sintetasa) , y la secuencia invertida de la anterior secuencia.	A
420023	P010100619	09/02/00	Constructo génico y procedimiento para preparar PUFAS.	Secuencia de ADN que codifica la enzima elongasa aislada de <i>Physcomitrella patens</i> . Esta enzima es parte de las biosíntesis de ácidos grasos polinintaturados (PUFAs). Obtención de una construcción génica, vectores y plantas transgénicas con un contenido más alto de ácidos grasos poliinsaturados y triglicéridos con al menos dos dobles enlaces.	C
420024	P010101758	14/04/00	Un procedimiento para modificar plantas.	Método para aumentar el nivel de esteroles (en especial, cicloartenol) en plantas transformando con una secuencia de ADN que codifica la enzima esterol metil	DV

				transferasa (SMT1).	
420025	P010103489	21/07/00	Secuencia aislada de ácido nucléico, método para alterar el fenotipo de un vegetal y método para analizar la actividad de la tioesterasa acilcoenzima A que la emplean, célula huésped y vegetal transgénico comprendiendo dicha secuencia de ácido nucléico, aceite y semillas del vegetal transgénico, secuencia aislada de ácido nucléico, que codifica una tioesterasa acilcoenzima A vegetal, composición comprendiendo una primera secuencia de ácido nucléico, método para producir variantes de tioesterasas acilcoenzima A, proteína purificada, proteína producida por la expresión de la secuencia de ácido nucléico y composición que comprende la proteína purificada.	Secuencia de ADN que codifica la acil-coenzima A tioesterasas aislada de Arabidopsis thaliana. Variantes naturales y mutantes. Esta enzima regula el metabolismo de ácidos grasos. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de la acil-CoA tioesterasas.	DF
420026	P010103488	21/07/00	Secuencias de DNA que codifican la síntesis de AcilCO-A sus variantes y usos de las mismas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima acil-CoA sintetasa (ACS) aislada de Arabidopsis thaliana. Variantes naturales y mutantes. Esta enzima cataliza la esterificación de ácidos grasos y coenzima A. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de ACS.	DF
420027	P010103555	25/07/00	Polinucleótido aislado, construcción de ácido nucléico, célula huésped, planta transgénica de Brassica, soja y maíz, semilla y progenie de la misma, método para modificar el contenido de ácidos grasos saturados en la célula huésped, método para incrementar la expresión de B-cetoacil-ACP sintetasa y aceite que se obtiene.	Secuencia de ADN que codifican b-cetoacil ACP sintetasa (KAS) aislada de cianobacterias. Obtención de una construcción de ADN que posee un promotor funcional en soja, la secuencia de ADN que codifica la proteína KAS y un región de terminación y plantas transgénicas con niveles alterados de ácidos grasos saturados.	En trámite
420028	P010103894	17/08/00	Piruvato: NADP+ oxidorreductasa y usos de la misma.	Secuencia de ADN que codifica la piruvato NADP+ oxidorreductasa (PNO). Esta enzima aumenta la síntesis de acetil CoA y la producción de ácidos grasos, carotenoides, vitaminas, isoprenoides, etc. Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas que modulan la síntesis de acetil CoA.	En trámite
420029	P010104012	22/08/00	Secuencias de nucleótidos de una nueva clase de genes divergentes de delta-9-estearoil-ACP desaturasa.	Secuencia de ADN que codifica la enzima delta-9 ácido graso desaturasa divergente. Obtención de un cassette de expresión y obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de la enzima y de ácidos graso.	DF
420030	P000105861	08/11/00	Semillas que contienen un aceite con elevado contenido oleico y elevado contenido estearico, plantas que producen estas semillas, el aceite contenido en las semillas y métodos para producir las semillas, planta y aceite.	Método de obtención de semillas de plantas que contienen mayor porcentajes de aceite (ácidos oleico, linoleico, palmítico, esteárico, palmitoleico y ascléptico) y menor porcentaje en peso en base al contenido total de ácidos grasos.	N
420031	P020100038	05/01/01	Construcción recombinante; vector recombinante; célula huésped transformada; cultivo de células; planta transgénica; órgano de almacenamiento, semilla, progenie, parte y población uniforme de plantas; proceso para aumentar la formación de productos de la vía de los esteroides en una célula huésped transformada, método para producir una planta; aceite; composición de ester de sitioesterol; composición reductora de colesterol; alimento; composición farmacéutica; método para tratar o prevenir una concentración elevada de plasma de colesterol en lipoproteínas de baja densidad; método para prepara una composición aditiva para alimentos; molécula aislada de ADN y método para producir escualeno	Secuencia de ADN que codifican la enzima 3-hidroxi-3-metilglutaril coenzima A (HMG-CoA) reductasa y secuencia de ADN que codifica la enzima escualeno epoxidasa. Obtención de un constructo que posee un un promotor funcional y una secuencia de terminación unidos operativamente a cada secuencia codificante. Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de esteroides y esteroides.	C

			epoxidasa o obtusifoliol c14a-demetilasa.		
420032	P020100289	25/01/01	Secuencia de nucleótidos aislada, polipéptido purificado, método para producir una desaturasa, vector, célula huésped, célula de mamíferos, célula vegetal, una planta y tejido vegetal, planta transgénica, ácidos o aceites vegetales, método para producir un ácido graso poliinsaturado y composición.	Secuencia de ADN que codifica las enzimas delta 5-desaturasa aislada de Isochrysis galbana y Thraustochytrium aureum y la delta 6-desaturasa aislada de Saprolegnia diclina. Estas enzimas, delta 5-desaturasa esta implicada en la conversión del ácido dihomo- $\gamma$ -linolénico (DGLA) en ácido araquidónico (AA) y el ácido eicosapentaenoico (EPA) y Delta-6 desaturasa convierte de ácido linoleico (LA) a $\gamma$ -linolénico (GLA). Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de AA, EPA y GLA.	En trámite
420033	P020100517	19/02/01	Método para aumentar el contenido de aceite en vegetales y semillas de vegetales transgénicos.	Método para aumentar el contenido de aceite y ácido graso en las plantas transgénicas mediante la expresión específica de un anticuerpo anti-ácido abscísico (ABA). Obtención de un constructo compuesto por promotor USP cuyo control es ecresando el anticuerpo anti ABA.	A
420034	P020101099	26/03/01	Nuevo gen de elongasa y proceso para la producción de ácidos grasos delta 9 poliinsaturados.	Secuencia de ADN que codifica una elongasa aislada de Isochrysis. Esta enzima alarga el ácido alfa-linolénico por al menos dos átomos de carbono, mientras que la gamma-linolénico no se alarga. Obtención de plantas transgénicas que produce grandes cantidades de aceites con un alto contenido de ácidos grasos insaturados.	En trámite
420035	P020102464	29/06/01	Construcción quimérica, célula de planta y método para alterar el fenotipo de aceites en una planta.	Secuencia de ADN que codifican para un receptor tipo quinasa, MAP quinasa, factores de transcripción HAP5, LIP15, CKC, polipéptido tipo caleosina, ATP citrato liasa, SNF1, HAP3/LEC1. Estas secuencias son lipasa vegetal. Obtención de plantas transgénicas con perfil alterado de lípido.	C
420036	P020102694	20/07/01	Genes de la desaturasa del ácido graso de la granada y procedimiento para la preparación de ácidos grasos insaturados.	Secuencias de ADN que codifica delta 5,6,8 y 12 desaturasas aisladas de Mortirella o Schizochytrium. Obtención de constructos, vectores y plantas transgénicas con mayor contenido de ácidos grasos insaturados.	DF
420037	P020105078	21/12/01	Composición que comprende una secuencia de ácido nucleico aislado que codifica una sintetasa de ácido graso de ciclopropano, organismo, vegetal, célula vegetal, semilla y bacteria transformados, aceite obtenido de dicho vegetal y dicha bacteria, método para expresar la sintetasa de la SAGCPA en los vegetales.	Una semilla de soja, que presenta una composición de aceites que comprende entre 55 y 75% en peso de ácido oleico, entre 10 y 30% en peso de ácido linoleico, 4% o menos en peso de ácido linolénico y 6% o menos en peso de ácidos grasos saturados.	DF
420038	P030100094	14/01/02	Composición que comprende un polipéptido de hidroxilasa de ácido graso lesquerella modificado, molécula de ADN recombinante, vector de expresión y organismo transformado con la molécula de ADN recombinante; planta, célula de planta y semilla de planta transformada; aceite obtenido de dicha semilla; célula de levadura transformada; célula bacteriana transformada y aceite obtenido de la misma; método para producir una hidroxilasa modificada, método para alterar el fenotipo de una planta y método para evaluar la desaturación del ácido graso o la actividad de hidroxilación de una enzima.	Secuencia de ADN que codifica proteína hidroxilasa modificada en la Thr o Ile 149 aislada de Lesquerella fendleri. Obtención de plantas transgénicas que producen ácidos grasos hidroxilados.	DF

420039	P030101010	21/03/02	Construcciones de ácidos nucleicos y métodos para producir composiciones de aceites de semillas alteradas.	Cassette de expresión recombinante compuesto por un primer conjunto de secuencias de ADN que tiene la capacidad de suprimir la expresión endógena de al menos dos genes seleccionados del grupo formado por los genes FAD2, FAD3 y FATB y un segundo conjunto de secuencias de ADN que tiene la capacidad de incrementar la expresión endógena de al menos un gen seleccionado del grupo formado por un gen de b-cetoacil-ACP sintetasa I, un gen de b-cetoacil-ACP sintetasa IV y un gen de d-9-desaturasa. Obtención de soja transgénica que posee una composición aumentada de aceites (en especial, ácido oleico, ácido linoleico, ácido linolénico y ácidos grasos saturados).	En trámite
420040	P030102200	21/06/02	Secuencia de ácidos nucleicos y métodos de uso para la producción de plantas con ácidos grasos poliinsaturados modificados.	Secuencias de ADN que codifican para los intrones: intrón 1 FAD2-2B, intrón 4 FAD 3-1B y FAD 3-1C e intrón 3C FAD 3-1A. Obtención de un constructo que posee un promotor unido a la secuencia de ADN que codifica para 2 de los intrones y una segunda secuencia de ADN que codifica para otros dos intrones, esta secuencia esta unida en configuración policistronica al promotor o esta unida a un segundo promotor. Obtención de soja transgénicas con niveles alterados de ácido linolénico..	En trámite
420041	P030102765	31/07/02	Secuencias de ácidos nucleicos de diacilglicerol aciltransferasa y productos asociados.	Secuencia de ADN que codifica la enzima diacilglicerol aciltransferasa (DGAT) aislada de Mortierella ramanniana, Saccharomyces cerevisiae y Neurospora crassa. Esta enzima cataliza el paso final de la producción de triacilglicerol. Obtención de constructos y plantas transgénicas que produzcan de triacilgliceroles.	En trámite
420042	P030104718	19/12/02	Un procedimiento para la producción de compuestos de ácidos grasos poliinsaturados y constructo de gen.	Método para la producción de compuestos de ácidos grasos poliinsaturados con omega 3 y 6, en plantas, introduciendo una secuencia de ADN que codifica una a-9-elongasa, una segunda secuencia de ADN que codifica un a-8-desaturasa y, si necesario, 1/3 de secuencia de ADN que codifica una a-5-desaturasa. Luego, cultivo y cosecha de del organismo.	C
420043	P030102201	20/06/03	Secuencias de ácidos nucleicos relacionados con tioesterasas y métodos de uso para la producción de plantas con composición de ácidos grasos modificada.	Cassette de expresión compuesto por un promotor funcional en plantas que producen un mRNA unido a una secuencia de ADN que codifica un intrón I-VII FATB aislado de soja. Obtención de plantas con niveles alterados de ácidos grasos saturados e insaturados.	DF
420044	P040102992	21/08/03	Ácido graso de desaturasas de primula.	Secuencias de ADN que codifican enzimas desaturasas aisladas de Primula. Esta enzima modula el número y la ubicación de enlaces dobles en la cadena larga de poli-ácidos grasos insaturados (LC-PUFA). Obtención de plantas transgénicas (en especial, soja) con cantidades mejoradas de aceite con ácido esteárico (SDA) y ácidos grasos con omega 3 y 6.	C
420045	P050101524	16/04/04	Expresión de las desaturadas de ácidos grasos en maíz.	Secuencias de ADN que codifican enzimas desaturasas aisladas de Primula. Esta enzima modula el número y la ubicación de enlaces dobles en la cadena larga de poli-ácidos grasos insaturados (LC-PUFA). Obtención de plantas transgénicas (en especial, Zea mays) con cantidades mejoradas de aceite con ácido esteárico (SDA).	En trámite
420046	P050101613	22/04/04	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido HIO040 (High Oil). Obtención de plantas transgénicas que producen un alto contenido de aceite.	DF

420047	P050101612	22/04/04	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido HIO041 (High Oil). Obtención de plantas transgénicas que producen un alto contenido de aceite.	DF
420048	P050102207	28/05/04	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido HIO1004 (High Oil). Obtención de plantas transgénicas que producen un alto contenido de aceite.	En trámite
420049	P050102208	28/05/04	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido HIO1005 (High Oil). Obtención de plantas transgénicas que producen un alto contenido de aceite.	En trámite
420050	P050102206	28/05/04	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido HIO1002 (High Oil). Obtención de plantas transgénicas que producen un alto contenido de aceite.	En trámite
420051	P050102472	16/06/04	Moléculas de ácido nucleico que codifican polipéptidos tipo Wrinkled1 y métodos de uso en plantas.	Secuencias de ADN que codifican las proteínas WRINKLED-1-like (Wr1-like) aislada de Arabidopsis thaliana, Brassica napus, Glycine max, Oryza sativa, Triticum aestivum. Esta proteínas estan asociadas al metabolismo de regulación de azúcares y y lípidos (LMP). Método de obtención del constructo y de plantas transgénicas con altos niveles de aceites y el contenido de ácidos grasos alterado (especialmente, en hoja).	En trámite
420052	P040102219	24/06/04	Elevación de niveles de aceite en plantas.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido HIO1001 GBBS(High Oil 1001 granule bound strach syntese). Obtención de plantas monocotiledóneas transgénicas que producen un alto contenido de aceite y almidón.	DV
420053	P050102764	02/07/04	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido HIO (High Oil). Obtención de plantas transgénicas que producen un alto contenido de aceite.	En trámite
420054	P050103314	09/08/04	Rutas del metabolismo y de señalización de lípidos en la epidermis en plantas.	Método para obtener plantas transgénicas con composiciones lipídicas y polímeros de la matriz extracelular alterados integrando una secuencia que codifica un ARN anti-sentido, o por co-supresión, o por una ribozima que corta específicamente los transcritos, o por un anticuerpo que producen la expresión disminuida del gen APB24 aislado de Arabidopsis thaliana, que codifica una proteína de cadena larga de ácido graso alcohol deshidrogenasa. Así como también una secuencia que codifica un elemento que se puede transponer o un ADN-T que producen la expresión disminuida del gen APB24 aislado de Arabidopsis thaliana, que codifica una proteína de cadena larga de ácido graso alcohol deshidrogenasa inactiva.	En trámite
420055	P050103936	20/09/04	Genes de Arabidopsis que codifican proteínas que participan en el metabolismo de azúcares y lípidos y métodos de uso.	Secuencia de ADN que codifica proteínas del metabolismo lipídico (LMP) asociados aisladas de Arabidopsis thaliana. Estas proteínas están asociadas a la regulación del metabolismo del azúcar y lípidos. Obtención de plantas transgénicas que modulan los niveles de lípidos, ácidos grasos, almidones, o proteínas de almacenamiento de semillas.	En trámite
420056	P050104273	08/10/04	Ciertas plantas con niveles de ácidos grasos "no saturados", o saturados reducidos en semillas, y aceite derivado de las semillas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima delta-9 desaturasa aislada de canola. Obtención de constructos con un promotor específico de semilla y se obtienen plantas transgénicas con reducción de ácidos grasos saturados.	En trámite
420057	P050104421	22/10/04	Plantas con contenido de aceite modificado.	Secuencia de ADN que codifica un polipéptido HIO128.4 aislado de Arabidopsis thaliana. Obtención de planta transgénica con alto contenido de aceite.	En trámite

420058	P050104422	22/10/04	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Secuencia de ADN que codifica un polipéptido H10123.3 aislado de Arabidopsis thaliana. Obtención de planta transgénica con alto contenido de aceite.	En trámite
420059	P050104423	22/10/04	Plantas con contenido de aceite modificado.	Secuencia de ADN que codifica un polipéptido H10128.5 aislado de Arabidopsis thaliana. Obtención de planta transgénica con alto contenido de aceite.	En trámite
420060	P050105340	20/12/04	Moléculas de ácido nucleico que codifican polipéptidos tipo KCS y métodos de uso.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido b-cetoacil-CoA sintetasa (KCS). Este polipéptido es parte de las proteínas de metabolismo de lípidos (LMP). Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de aceites y ácidos grasos.	DF
420061	P050105338	20/12/04	Moléculas de ácido nucleico que codifican genes de desaturasa de ácidos grasos de plantas y métodos de uso.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido ácido graso desaturasa 2 (FAD2). Este polipéptido es parte de las proteínas de metabolismo de lípidos (LMP). Obtención de plantas transgénicas con niveles alterados de aceites y ácidos grasos.	En trámite
420062	P060100435	09/02/05	Miembros de la familia de desaturasa de ácido graso omega-3 y usos de éstos.	Secuencia de ADN que codifica el polipéptido ácido graso omega-3 desaturasa (FAD3) aislada de Linum usitatissimum unida a su región promotora. Identificación de alelos mutantes FAD3 y obtención de marcadores para el tipo salvaje y mutado los alelos. Obtención de planta transgénica con niveles alterados de ácidos grasos (en especial, ácido linoléico).	En trámite
420063	P060102090	23/05/05	Cartamo con ácido Gamma-Linoléico elevado.	Secuencia de ADN que codifica una delta 6-desaturasa aislada de Saprolegnia diclina. Esta enzima activa la síntesis de ácido gamma-linoleico (GLA) de ácido linoléico. Obtención de plantas transgénicas (en especial, cártamo) que producen altos niveles de GLA.	En trámite
420064	P060102196	26/05/05	Elevación de aceite en plantas monocotiledóneas.	Método para producir una planta monocotiledónea que tiene aumento de aceite en semilla introduciendo un secuencia de ADN que codifica un fosfofructoquinasa aislado de Escherichia coli o Schizosaccharomyces pombe, unida operativamente a un promotor mejorado.	En trámite
420065	P060103212	25/07/05	Combinación de proteínas de metabolismo lipídico y sus usos.	Secuencias de ADN que codifican proteínas del metabolismo lipídico que en combinación se obtienen plantas transgénicas con niveles alterados de ácidos grasos y aceites.	A
420066	P060103314	28/07/05	Polipéptido con actividad de lipasa.	Secuencias de ADN que codifican polipéptidos con actividad fosfolipasa o triacilglicerol lipasa (TAG). Obtención de constructos y plantas transgénicas con perfiles de fosfolípidos alterados.	DF
420067	P060103461	09/08/05	Procedimiento para preparar ácido araquidónico y/o ácido eicosapentaenoico en plantas útiles transgénicas.	Método para producir ácido araquidónico o ácido eicosapentaenoico en plantas transgénicas introduciendo las secuencias de ADN que codifican una delta 6-desaturasa, delta-6-elongasa y delta 5-desaturasa unido a un promotor constitutivo y el terminador que se expresen en las plantas.	En trámite
420068	P060104819	02/11/05	Procedimiento para la preparación de ácido gamma-linoléico y/o ácido esteáridónico en Brassicaceae y Linaceae transgénicas.	Método para obtener ácido gamma-linoléico y ácido esteáridónico en plantas transgénicas (en especial, Brassicaceae) introduciendo las secuencias de ADN que codifican una delta 6-desaturasa unido a un promotor constitutivo y el terminador que se expresen en las plantas.	En trámite
420069	P060104865	07/11/05	Procedimiento para aumentar el contenido total de aceite en plantas oleaginosas.	Método para aumentar el contenido glicerol-3-fosfato en plantas transgénicas expresando la secuencia de ADN que codifica glicerol-3-fosfato deshidrogenasa	En trámite

				(G3PDH) aislada de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	
420070	P070100039	04/01/06	Plantas mutantes de FAD – 2 y alto contenido de ácido oléico.	Secuencia de ADN que codifica una proteína delta-12 oleato desaturasa (FAD2) con sustitución en la posición aminoacídica 108 Gly por Asp y en la posición 118 Leu por Phe. Obtención de plantas (en especial, Brassica) con un alto de ácido oleico.	En trámite
420071	P060100131	12/01/06	Generación de plantas con contenido alterado de aceite.	Método para obtener una planta transgénicas con un alto contenido de aceite introduciendo un vector de transformación que posee un promotor heterólogo constitutivo unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica un polipéptido HIO (High Oil) aislado de <i>Arabidopsis thaliana</i> . Cultivar las células progenitoras transformadas e identificar de el fenotipo de alto contenido de aceite.	En trámite
420072	P070100414	31/01/06	Fosfopanteteinil transferasas de bacterias.	Secuencia de ADN que codifica la enzima fosfopanteteinil transferasa aislada de <i>Moritella marina</i> . Esta enzima es necesaria para la activación de un complejo policetido sintasa para sintetizar ácido graso poliinsaturados de cadena larga (LC-PUFA). Obtención de constructos y plantas transgénicas con niveles elevados de ácido docosahexaenoico y el ácido eicosapentaenoico.	En trámite
420073	P050100533	21/02/06	Procedimiento para la producción de ácidos grasos poliinsaturados.	Método para obtener plantas transgénicas conteniendo ácido eicosapentaenoico, ácido docosapentaenoico y ácido docosahexaenoico expresando las secuencias de ADN que codifican los polipéptidos delta 6-desaturasa, delta 6-elongasa delta 5-desaturasa, delta 5-elongasa y delta 4-desaturasa aisladas de diversos orígenes. Estas secuencias fueron adaptadas mediante codon usage para que sean funcionales en plantas.	En trámite
420074	P070101157	21/03/06	Mutantes de FAD-2 y plantas ricas en oléico.	Secuencia de ADN que codifica una proteína delta-12 oleato desaturasa (FAD2) con delección en la posición aminoacídica 1421, 215, 1453 y sustitución en la posición 118 Leu por Phe. La mutagénesis se llevo a cabo con EMS (ethyl methane sulfonate), Obtención de plantas transgénicas (en especial, Brassica) con un alto de ácido oleico.	En trámite

#### 4.3.0. Oligo y polisacáridos

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
430001	P322829	24/07/91	Gen quimérico capaz de expresarse en vegetales y microorganismos transformados y método para obtener vegetales con niveles modificados de sacaridos.	Secuencia de cADN quimérico que codifica la enzima galactinol sintetasa aislado de <i>Cucurbita pepo</i> . La sobreexpresión de esta enzima varía el contenido de D-galactosa de la planta. Obtención de vectores de expresión con secuencias regulatorias necesarias para la planta. Método para obtener plantas transgénicas y microorganismos transgénicoas con niveles de sucrosa.	C

430002	P960100878	04/01/95	Procedimiento para producir trehalosa en las células de las plantas, plantas o partes de las mismas que incluyen dichas células, procedimiento para obtenerla, un gen expresible de la planta quimérica, vector y genoma de planta recombinante ue lo comprende y célula de la planta que tiene dicho genoma.	Método para producir trehalosa y trehalasa en las células de una planta cultivandola en presencia de un inhibidor de trahalasa. La planta (especialmente, Solanum tuberosum) fue modificada mediante la incorporación de la secuencia de ADN del gen trehalosa fosfato sintetasa aislado de Escherichia coli.	C
430003	P960101325	10/02/95	Molécula de ADN recombinante de doble cadena y célula vegetal.	Método para producir una planta (en especial, papa, tomate, trigo, banana, manzana, uva y pera) transgénica que contenga un vector de expresión con un promotor funcional en planta unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica la enzima sacarosa fosforilasa (aislada de Leuconostoc mesenteroides) unida a un terminador funcional en plantas. Esta enzima aumenta la hidrólisis de la sacasora y aumenta el contenido de almidón, aceite y proteínas.	N
430004	P040102598	10/02/95	Método para producir una planta transgénica.	Método para producir una planta (en especial, papa, tomate, trigo, banana, manzana, uva y pera) transgénica que contenga un vector de expresión con un promotor funcional en planta unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica la enzima sacarosa fosforilasa (aislada de Leuconostoc mesenteroides) unida a un terminador funcional en plantas. Esta enzima aumenta la hidrólisis de la sacasora y aumenta el contenido de almidón, aceite y proteínas.	C
430005	P970105728	09/12/96	Un cassette de expresión y un método para alterar el contenido nutricional de semillas de plantas de Maíz.	Método para inhibir la expresión de una proteína de reserva (especialmente, a-zeína) de la semilla de maíz transformando la célula de maíz con un cassette de expresión que consta de una secuencia ADN preseleccionada unida operativamente a un promotor funcional en maíz, que codifica un ARN complementario a todo o parte de un mRNA que codifica la proteína de almacenamiento. Y Regeneración de una planta transgénica con menor contenido de proteína de almacenamiento en semilla.	N
430006	P970105937	18/12/96	Gen de rafinosa sintasa; proteína rafinosa sintasa codificada por el anterior; fragmento genético de dicho gen; método para la detección, amplificación y obtención del gen o del fragmento genético mencionados; gen quimérico que comprende al primero y transformante que lo comprende; plásmido que comprende dicho gen y microorganismo transformado mediante el mismo; método de modificación metabólica mediante dicho gen; método de producción de dicha proteína rafinosa sintasa; anticuerpo anti-rafinosa sintasa y método para la detección de una proteína rafinosa sintasa mediante este último.	Secuencia de cADN que codifica la enzima rafinosa sintetasa aislada de Vicia faba. Es una proteína capaz de producir rafinosa Método para obtener plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas con mayor contenido de rafinosa.	C
430007	P980101641	08/04/97	Fragmento de ácido nucléico aislado, gen quimérico, método para elaborar una planta de soja, producto de proteínas de soja y método para producirlo y método para utilizar una planta de soja homocigota.	Secuencia de ADN (fragmento) que codifica la enzima mio-inositol-1-fosfato sintetasa de soja o un muntante de la misma enzima capaz de disminuir (silenciar) la expresión del gen nativo. Esta enzima mutada produce disminución en el contenido de ácido fítico y rafinosa. Método para obtener (y utilizar) soja transgénica o transformada homocigota con un contenido menor de ácido fítico y rafinosa-estaquiosa y mayor de sacarosa.	C



430008	P980102405	22/05/97	Molécula de ácido nucleico que codifica una proteína vinculadora de sucrosa, proteína vinculadora de sucrosa y método para producir una proteína vinculadora de sucrosa.	Secuencia de cADN que codifica una proteína de unión a sacarosa (SBP) aislada de <i>Glicine max</i> . Esta proteína involucrada en el uptake de sacarosa. Método para obtener el vector de expresión y plantas transgénicas.	A
430009	P980105319	24/10/97	Una rafinosa sintetasa, método para producir rafinosa, ADN, gen quimérico, planta transformada y método para cambiar el contenido de oligosacáridos de la familia de la rafinosa en una planta.	Secuencia de ADN que codifica la enzima Rafinosa sintetasa aislada de pepino y soja. Esta enzima posee actividad para producir sacarosa y galactinol. Método para obtener el vector de expresión y plantas transgénicas con niveles de rafinosa.	DF
430010	P980105416	30/10/97	Inhibición pre y post cosecha de la transformación de productos almacenados.	Método para inhibir la removilización de compuestos de almacenamiento pre- y post-cosecha en plantas transformando con una secuencia de ADN que codifica la proteína trehalosa fosfato sintetasa (TPS) aislada de <i>Escherichia coli</i> . Obtención del vector de expresión (promotor patatín) y la planta transgénica, en especial papa.	A
430011	P980106257	08/12/97	Un vector de expresión, una célula transformada y método para producir una variedad de <i>Pisum sativum</i> sin almidón y con un nivel elevado de sacarosa.	Secuencia de ADN que codifica la proteína BSG (blown starch grain) aislada de <i>Pisum sativum</i> . Esta proteína aumenta los niveles de sacarosa y disminuye los niveles de alcohol sólido insoluble. Obtención de plantas transgénicas con altos niveles de sacarosa.	C
430012	P990101063	12/03/98	Método para incrementar el nivel de fructano que se acumula en las células de una planta monocotiledónea transgénica y semillas de la misma.	Método para aumentar los niveles de fructosa que se acumulan en células de en una planta monocotiledónea (en especial, <i>Zea mays</i> ) transgénica que consta de: a) preparar una secuencia de ADN quimérica que codifica la enzima Fructosiltransferasa (FTF) unida operativamente a una secuencia regulatoria que funciona en monocotiledóneas. b) Transformar la planta y c) regenerar. Esta enzima es esencial en la vía metabólica de la fructosa.	DV
430013	P990101380	26/03/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica toda o una porción substancial de una enzima involucrada en la biosíntesis de carbohidratos en semillas y plantas, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dicha enzima, métodos para obtener dicho fragmento, productos obtenidos por dichos métodos.	Secuencia de ADN que codifica la proteína Brittle-1-like aislada de trigo. Esta proteína, cuando muta causa la acumulación de azúcares. Obtención de constructos y plantas transgénicas.	DV
430014	P990101632	09/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica toda o una porción substancial de una proteína de transporte de sacarosa, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido de dicha proteína, método para alterar el nivel de expresión de dicha proteína en una célula huésped, método para obtener dicho fragmento y productos que se obtienen con dichos métodos.	Secuencias de ADN que codifican la proteína transportadora de sacarosa aislada de <i>Daucus carota</i> , <i>Oryza sativa</i> , <i>Ricinus communis</i> y <i>Vicia faba</i> . Esta proteína es importante para el control de transporte y distribución de carbohidratos. Método para obtener una planta transgénica con niveles alterados de la proteína.	DV
430015	P990101961	30/04/98	Un ácido nucleico que comprende una secuencia nucleotídica que codifica una rafinosa sintetasa y un promotor heterólogo que está operativamente ligado a la secuencia de nucleótidos, vector que lo comprende, microorganismo modificado y método para producir una rafinosa sintetasa.	Secuencia de ADN que codifica la enzima Rafinosa sintetasa aislada <i>Glicine max</i> , <i>Beta vulgaris L.</i> , <i>Brassica juncea</i> , <i>Brassica napus</i> . Esta enzima posee actividad para producir sacarosa y galactinol. Método para obtener el vector de expresión y plantas transgénicas con niveles de rafinosa.	C

430016	P990103019	23/06/98	Ácido nucleico aislado relacionado con la producción de hemicelulosa en plantas, casete de expresión, célula huésped, planta transgénica, semilla, proteína aislada, secuencia de ácido ribonucleico, método para modular el nivel de polipéptido de una proteína glicosilada de forma reversible (RGP) en una planta, método para modular el nivel de xiloglucano en una planta.	Secuencia de ADN que codifica al polipéptido glicosilado reversible (RGP) aislado de Zea mays. Este polipeptido tiene actividad glucan sintetasa1 y es importante en la formación de hemicelulosa. Método para obtener el cassette de expresión y la planta transgénica con niveles alterados de RGP.	DV
430017	P990104123	17/08/98	Celulosa sintetasas del maíz y usos de las mismas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima celulosa sintetasa aislada de Zea mays. Método de obtención cassette de expresión y de plantas transgénicas que modula la expresión de celulosa.	DV
430018	P990104368	02/09/98	Molécula de ácido nucleico que codifica una fructosiltransferasa, fructosiltransferasa codificada por dicha molécula, vector que la contiene, célula huésped y célula vegetal transformada con dicha molécula o vector, plantas, partes de plantas y material de propagación que contienen dichas células vegetales, y su uso, procedimientos de preparación de células huésped, plantas, fructosiltransferasa, polifruktosa y tensioactivos con los anteriores.	Secuencia de ADN que codifica la enzima Fructosiltransferasa (ADD) aislada de Asparagillus spp. Esta enzima es importante en la generación de polifruktosas tipo inulina. Método para obtener un cassette de expresión con reguladores de expresión RNA y una señal de localización intra/extracelular y obtención de plantas transgénicas con niveles de polifruktosa elevados.	En trámite
430019	P990106323	17/12/98	Materiales y métodos para la modificación del contenido, la composición y el metabolismo de los isoprenoides.	Secuencias de ADN que codifican parte enzimas con actividad en la vía de biosíntesis de isoprenoides aisladas de Eucalyotus grandis y Pinus radiata. Método para la obtención de plantas (en especial, madera) transgénicas con el metabolismo de las ioprenoides alterados.	A
430020	P990106416	17/12/98	Tiorredoxina y procesamiento de granos.	Método para aumentar la eficiencia de la separación de almidón y proteína en un proceso de molienda de cereales, que consiste 1) remojar el grano a una temperatura elevada en presencia de tiorredoxina y la tiorredoxina reductasa, 2) separar los componentes de almidón y proteína del grano. Dicho grano proviene de planta transgénica que expresa las secuencias de ADN que codifican tiorredoxina y la tiorredoxina reductasa termoestables. Método de obtención del cassette de expresión y la planta transgénica.	A
430021	P000100587	10/02/99	Modificadores de udp-glucosa.	Secuencia de ADN que codifica la enzima UDP-glucosa pirofosforilasa aislada de Glicine max. Esta enzima cataliza la conversión de G-1-P y UDP-glucosa importante en la biosíntesis de hemicelulosa, pectina y almidón. Método para obtener plantas transgénicas con UDP- glucosa modificada.	A
430022	P990101155	17/03/99	Un procedimiento para incrementar el crecimiento y el rendimiento vegetal e incrementar la resistencia de una planta al stress y para modificar la producción de celulosa en una planta, dicha planta, un vector de ADN de expresión y una semilla modificada genéticamente.	Método para incrementar el crecimiento y rendimiento de la planta mediante la introducción de una secuencia de ADN que codifica uridina difosfatog-glucosa pirofosforilasa (UDPG-PPase) aislada de Acetobacter xylinum. Esta enzima modifica el nivel del precursor (glucosa uridina difosfato, UDP-glucosa) de celulosa, aumentando el crecimiento y el rendimiento de la planta. Obtención de una planta transgénica.	DF
430023	P000102341	13/05/99	Expresión de sedoheptulosa 1,7 bifosfatasa en plantas transgénicas.	Método para aumentar la asimilación de carbono en una planta que consiste en 1) Transformar una planta con un cassette de expresión que contiene un promotor unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica la enzima sedoheptulosa 1,7-bifosfatasa (SBPasa) aislada de Chlorella sosokiniana y a un terminador. 2) Regenerar. Esta enzima	C

				cataliza una reacción irreversible y regula la participación de C entre la fase de recuperación del Ciclo de Calvin y la biosíntesis de sacarosa y almidón.	
430024	P000102458	21/05/99	Un vector, un método para producir una célula vegetal transgénica y un método para producir una planta transgénica.	Secuencia de ADN que codifica la enzima celulosa sintetasa aislada de Populus tremuloides. En especial, un fragmento de esta secuencia que contiene un dominio de unión a UDP-glucosa. Esta enzima es importante en la biosíntesis de lignina y celulosa. Cassette de expresión que contiene un promotor específico para la enzima unida a un fragmento de elementos de respuesta mecánica al estrés (MSRE). Método para obtener plantas transgénicas con niveles alterados de celulosa sintetasa.	C
430025	P000104330	20/08/99	Utilización de una secuencia de ADN codificante para una dihidroorotasa.	Método para obtener plantas con elevado contenido de polisacáridos mediante la sobreexpresión de un gen del metabolismo de la pirimidina.	DF
430026	P000106123	18/11/00	Síntesis de polímeros de fructosa en plantas monocotiledóneas.	Obtención de un cassette de expresión que contiene un promotor específico de tejido unido a una señal de direccionamiento a plastidos y unido a una secuencia de ADN que codifica la enzima fructosiltransferasa. Esta enzima pertenece a la biosíntesis de polímeros de fructosa y a la obtención de fructo-oliosacáridos (FOS). Método para obtener plantas monocotiledóneas transgénicas con niveles aumentados de polímeros de fructosa y mezcla de FOS/almidón.	A
430027	P030100953	19/03/02	Optimización de procesamientos de glicano en plantas.	Secuencia de ADN que codifica una enzima glicosiltransferasa híbrida compuesta por una región transmembrana, aislada de Arabidopsis thaliana, y la región catalítica, aislada de mamífero (humano). Esta enzima híbrida permite optimizar el procesamiento de glicanos n en plantas. Métodos para obtener un vector de expresión y plantas transgénicas con glicoproteína con glicanos bi-antennarios complejos.	En trámite
430028	P050102361	22/06/04	Homólogos de galactinol sintetasa en plantas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima galactinol sintetasa aislada de soja. Esta enzima cataliza la síntesis de galactinol y está envuelta en la biosíntesis de oligosacáridos de rafinosa. Método para obtener un constructo y una planta transgénica	En trámite
430029	P050103341	11/08/04	Ácidos nucleicos que confieren alteraciones en los lípidos y azúcares en plantas II.	Método para producir una planta transgénica con niveles modificados de compuestos de almacenaje de semillas. Transformación con un vector de expresión que codifica una proteína que regula el metabolismo de lípidos y azúcares (LMP) aislada de Physcomitrella patens, Brassica napus, Glycine max, Zea mays, Oryza sativa.	DF
430030	P040104222	16/11/04	Método para incrementar la producción de carbohidratos en plantas.	Un método para obtener una planta que poseen un tejido sumergido, con un incremento en el contenido de carbohidratos totales o solubles o endógenos respecto a la planta de control. En este método se seleccionan plantas transgénicas que en su nucleoma posee un polinucleótido que está unido operativamente a un elemento de control transcripcional y que codifica una sacarosa isomerasa, que cataliza la conversión de sacarosa a un azúcar endógeno. Obtención de las plantas transgénicas capaces de acumular sucrosa como producto de almacenaja.	En trámite

430031	P050104873	19/11/04	Secuencias de ácidos nucleicos de Arabidopsis y Brassica que confieren alteraciones en lípidos y azúcares en plantas, y métodos de uso.	Secuencias de ADN que codifican la enzima digalactosil diacilglicerol sintasa 1-like (DGD1-like) aislada de Brassica napus. Esta enzima regula el metabolismo de azúcar y lípidos (LMP). Obtención de mono y dicotiledóneas plantas transgénicas que modulan los compuestos de almacenaje en semilla (en especial, aceites).	DF
430032	P050105333	21/12/04	Plantas de caña azucarera con contenido incrementado de carbohidratos de almacenamiento.	Un método para aumentar el contenido de carbohidratos de almacenamiento de una planta de caña de azúcar, respecto a la planta control, transformando la planta con una secuencia de ADN que codifica una enzima fructosil transferasa.	En trámite
430033	P060101620	26/04/05	Arabinofuranosidasa.	Secuencia de ADN que codifica la enzima alfa-L-arabinofuranosidasa aislada de Moropilus giganteus. Esta enzima hidroliza la terminal no reducible del residuo alfa-L-arabinofuranosida. Método de obtención de plantas transgénicas.	En trámite
430034	P060102175	25/05/05	Moléculas de ácido nucleico que codifican polipéptidos similares a ECHI y métodos de uso.	Secuencias de ADN que codifican la enzima peroxisomal enoil CoA putativa hidratasa / isomerasa (ECH1) aislada de Brassica napus, Glicine max y Linum uritatisimum. Pertenece a vía de proteínas del metabolismo lipídico (LMP) y permite a la manipulación de ácido graso, aumento del nivel de aceite y la alteración de la composición de ácidos grasos en plantas y semillas. Método de obtención de plantas transgénicas.	A
430035	P060102380	07/06/05	Moléculas de ácido nucleico codificadoras de polipéptidos simil sacarosa sintetasa y métodos de uso.	Secuencias de ADN que codifican la enzima sacarosa sintasa-like (S US-like) aislada de Arabidopsis thaliana, Brassica napus, Glicine max, Zea mays, tritium aestivum, Oriza sativa y Phisconutrella patens Pertenece a vía de proteínas del metabolismo lipídico (LMP) y permite a la manipulación de ácido graso, aumento del nivel de aceite y la alteración de la composición de ácidos grasos en plantas y semillas. Método de obtención de plantas transgénicas.	En trámite
430036	P060102749	24/06/05	Método para alterar la reactividad de las paredes de las células vegetales.	Un método para incrementar la cantidad de oligosacáridos cargados positivamente (o polisacáridos) en la pared celular secundaria de una célula vegetal, mediante la transformación con el gen quimérico en la célula vegetal. Este gen posee un promotor expresable en plantas unido operativamente a una región de ADN que codifica una N-acetilglucosamina transferasa, que posee un direccionamiento a las membranas del aparato de Golgi-aparato, una secuencia de terminación de la transcripción y región de poliadenilación.	En trámite
430037	P060104119	20/09/05	Moléculas de ácido nucleico que codifican polipéptidos simil constitutivos de triple respuesta 1 y métodos de uso.	Secuencias de ADN que codifican las proteínas Triple Constitutiva Respuesta-like a (CTRI-like) aisladas de Brassica napus y Arabidopsis thaliana. Pertenece a vía de proteínas del metabolismo lipídico (LMP) y permite a la manipulación de ácido graso, aumento del nivel de aceite y la alteración de la composición de ácidos grasos en plantas y semillas. Método de obtención de plantas transgénicas.	En trámite
430038	P060104691	26/10/05	Moléculas de ácido nucleico que codifican polipéptidos simil fosfatidatocitidilil transferasa y métodos para su uso.	Secuencias de ADN que codifican los motivos de la enzima fosfatidato citidililtransferasa-like (PCT-like). Pertenece a vía de proteínas del metabolismo lipídico (LMP) y permite a la manipulación de ácido graso, aumento del nivel de aceite y la alteración de la composición de ácidos grasos en plantas	A

				y semillas. Método de obtención de plantas transgénicas.	
--	--	--	--	--	--

### 4.3.1. Modificación del almidón

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
431001	P960105792	20/12/95	Método para producir una variedad de maíz, con estructura fina de almidón modificada, dicha variedad de maíz, dicho almidón y método para preparar alimento espesado.	Método para controlar la estructura fina del almidón de un almidón derivado de un grano de maíz que consiste en: a) Preparar un gen quimérico que consta de un fragmento de ácido nucleico suficiente para suprimir la expresión endógena de la enzima de la vía de almidón (SBE) I y II de maíz, unido operativamente en orientación sentido o anti sentido a un promotor que se expresa en el tejido endosperma del maíz y a una secuencia regulatoria de la transcripción. b) Transformar una planta de maíz para obtener un maíz transgénico con un aumento del tamaño de las ramas de la cadena de amilopectina.	A
431002	P980102895	17/06/97	Molécula de ADN recombinante de cadena doble, célula vegetal transgénica que la contiene, producto alimentario, material de propagación y proceso para incrementar la tasa de fotosíntesis rendimiento, crecimiento y uniformidad de sólidos en plantas y método para procesar papas fritas.	Secuencia de ADN recombinante compuesto por un promotor funcional en células vegetales unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica la enzima fructosa-1,6-bisfosfato aldolase (FDA) aislada de Escherichia coli. Esta enzima cataliza la reacción reversible para convertir triosafosfato en fructosa-1,6-bisfosfato. Obtención de plantas (en especial papa) transgénicas con mayor capacidad de biosíntesis de almidón de hoja y producción de sacarosa.	N
431003	P990103716	28/07/98	Método para producir un cultivo de cereal transformado, variedad de maíz, almidón, harina y método para preparar un alimento engrosado.	Gen quimérico que consta de un fragmento de ADN suficiente para suprimir la expresión de la enzima endógena almidón sintetasa B unido operativamente a un promotor que dirige la expresión y un terminador. Se obtiene una planta de cereal transgénica que almidón con una relación porcentual molar mayor de de las cadenas (entre DP7 y DP11) amilopectina.	DF
431004	P990104139	19/08/98	Una secuencia de ácido nucleico direccionada a un plástido, una secuencia de B-amilasa novedosa, un promotor sensible a un estímulo y usos de la misma.	Secuencia de ADN que codifica la 6-a-amilasa aislado de Arabidopsis thaliana. Esta enzima es un paso en la biosíntesis del almidón Posee una secuencia de direccionamiento a cloroplasto y un promotor que se estimula con la luz y el azúcar. Método para obtención de plantas transgénicas con niveles aldedados de almidón.	En trámite
431005	P990105664	09/11/98	Molécula de ácido nucleico que codifica una proteína R1, vector que la contiene, célula huésped, plantas, procedimiento para la producción de dichas plantas, procedimiento para la producción de una proteína codificada por una molécula de ácido nucleico y proteína codificada por una molécula de ácido nucleico, anticuerpo, molécula de ADN, vector que contiene una molécula de ADN, célula huésped que contiene una molécula de ADN, célula de planta transgénica, planta transgénica que contiene una célula vegetal, molécula de ARN, procedimiento para la producción de células vegetales transgénicas que sintetizan un	Secuencia de ADN que codifica la enzima R1, aislada de Oryza sativa. Que mediante el efecto de cosupresión, esta enzima le otorga a la planta una estructura de almidón modificada. Método para obtener plantas transgénicas con la estructura del almidón modificada.	En trámite

431006	P990105886	19/11/98	Plantas genéticamente modificadas con almidón alterado.	Método para obtener una planta (maíz o trigo) transgénica con almidón modificado introduciendo un gen que cuenta con un promotor unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica la enzima glucógeno sintetasa aislada de microorganismos (Escherichia coli, Agrobacterium, Sallmonella, Bacillus), un terminador y la regeneración de la planta. La modificación del almidón le otoga a la planta menor viscosidad, un grado alterado de retrogradación y estabilidad al congelamiento-descongelamiento.	c
431007	P000101087	12/03/99	Plantas modificadas genéticamente con almidón alterado.	Método para reducir la pérdida de rendimiento de almidón en maíz o trigo, cultivados a alta temperatura, transformando las plantas con un casste de expresión que consta de una secuencia de ADN que codifica la enzima glucógeno sintetasa (aislada de Agrobacterium, Salmonella o Bacillus) unida operativamente a un pomotor y a un terminador. Obtención de trigo o maíz transgénico con la estructura almidón alterado.	DF
431008	P000102838	11/06/99	Moléculas de ácido nucléico del Trigo, célula de plantas transgénicas y plantas y el uso de las mismas para la producción de almidón modificado.	Secuencia de ADN que codifica la enzima R1, Triticum aestivum. Esta enzima le otorga a la planta una estructura de almidón modificada. Método para obtener plantas transgénicas con la estructura del almidón modificada.	DF
431009	P010100981	01/03/00	Plantas transgénicas que presentan un mayor rendimiento en semillas, una mayor biomasa y un mayor indice de cosecha.	Método para aumentar el número de semillas producidas por una planta que consiste en: 1) Transformar con la secuencia de ADN que codifica el polipéptido SH2-REV6 aislado de Zea mays. Este polipéptido aumenta la síntesis y contenido de almidón. 2) Regeneración de la planta.	DF
431010	P000104551	31/08/00	Almidones producidos por la expresión de genes heterólogos de la sintetasa de almidón ligada a gránulos (GBSSI).	Secuencia de ADN que codifica la enzima sintetasa de almidón ligada a gránulos (GBSSI). Esta enzima altera la amilasa del gano. Método para la obtención de plantas transgénicas que produce el almidón.	DF
431011	P020100915	14/03/01	Mutantes termoestables de enzimas para la biosíntesis de almidón.	Secuencia de ADN que codifica una subunidad mayor mutante de la enzima ADP-glucosa pirofosforilasa de la endosaperma de Zea mays que le otorga a la planta de cereal estabilidad térmica. Método de obtención de planta mono- y dicotiledónea transgénica.	c
431012	P020104033	24/10/01	Manipulación del tamaño y la cantidad de gránulos de almidón.	Secuencia de ADN que codifica la proteína FtsZ aislada de Solanum tuberosum. Esta proteína es esencial para la división celular. Método de obtención de vectores y plantas de cereal transgénica donde se modifica el tamaño del gránulo de almidón.	En trámite
431013	P020104673	03/12/01	Variantes de ADP-glucosa pirofosforilasa que afectan la sensibilidad al fosfato y su empleo en olants transgénicas para la regulción de la biosíntesis del almidón.	Secuencia de ADN quimérica que codifica la subunidad pequeña de la proteína ADP glucosa pirofosforilasa (AGP), asilada distintas plantas (maíz y papa) que cuando se expresa con la subunidad grande de AGP, la enzima AGP expresada es más sensible al fosfato inorgánico lo que produce cambios en los parametros de rendimiento de la planta y en la biosíntesis de almidón ya que es la enzima principal. Método de obtención de plantas trasngénicas.	c
431014	P030100504	03/12/01	Planta transgénica.	Secuencia de ADN quimérica que codifica la subunidad grande de a-glucosa-1-pirofosforilasa (AGP) de maíz y la subunidad menor de AGP de papa. Esta enzima posee una disminución de la sensibilidad en presencia de fosfato inorgánico. Esta ezima pertenece a la	DF

				biosíntesis de almidón. Obtención de plantas transgénicas que regulan la biosíntesis de almidón.	
431015	P030100539	19/02/02	Mutantes de enzimas de biosíntesis de almidón estables con respecto al calor.	Secuencias polinucleotídicas mutantes (sintéticas) que codifican las enzimas ADP glucosa pirofosfatasa (AGP) y la sintetasa soluble de almidón (SSS) del endosperma del maíz. Estas enzimas confieren una resistencia al estrés producido por las altas temperaturas en plantas dicotiledóneas.	DF
431016	P040103530	30/09/03	Plantas con actividad restringida de una enzima de ramificación de la clase 3.	Secuencia de ADN que codifica la enzima Ramificada clase 3 vegetal aislada de Solanum tuberosum. Esta enzima cataliza parte de biosíntesis del almidón. Mediante la tecnología de ARNi, entre otras, reducen la actividad de la enzima. Método para obtener plantas transgénicas con estructura de almidón modificada.	En trámite
431017	P040103531	30/09/03	Plantas con actividad aumentada de una enzima de ramificación de la clase 3.	Secuencia de ADN que codifica la enzima Ramificada clase 3 vegetal aislada de Solanum tuberosum. Esta enzima cataliza parte de biosíntesis del almidón. Método para obtener plantas transgénicas con estructura de almidón modificada.	DF
431018	P050100808	05/03/04	Plantas con actividad aumentada de distintas enzimas fosforilantes del almidón.	Secuencias de ADN que codifican las proteínas OK1 y R1 que expresadas en la planta aumenta la actividad fosforilante en el almidón, aumentando el contenido y distribución de la carga de fosfatos y se modifica la estructura del almidón. Método de obtención de plantas transgénicas con la estructura de almidón modificada.	En trámite
431019	P050100809	05/03/04	Plantas con actividad aumentada de una enzima fosforilante de almidón.	Secuencia de ADN que codifica la proteína OK1 que expresada en la planta aumenta la actividad fosforilante en el almidón, aumentando el contenido y distribución de la carga de fosfatos y se modifica la estructura del almidón. Método de obtención de plantas transgénicas con la estructura de almidón modificada.	En trámite
431020	P050100810	05/03/04	Procedimientos para la identificación de proteínas con actividad enzimática fosforiladora de almidón.	Método de identificación de proteínas que participan en la fosforilación del almidón. Método de obtención de plantas transgénicas con la estructura de almidón modificada utilizando la proteína identificada.	En trámite
431021	P050103492	18/08/04	Plantas con enzima fosforilante del almidón con una actividad aumentada en plástidos.	Secuencia de ADN que codifica la proteína R3 que participa en la fosforilación del almidón. La expresión de esta proteína provoca el aumento del contenido y distribución de la carga de fosfatos y la modificación de la estructura del almidón. Método de obtención del vector de expresión y plantas transgénicas con la estructura de almidón modificada.	En trámite
431022	P050105283	17/12/04	Planta transformada que expresa una dextrantransferasa y sintetiza un almidón modificado.	Secuencia de ADN que codifica la enzima DSR-S dextrantransferasa aislada de Leuconostoc mesenteroides. Es una glucosiltransferasa que se expresa en plástidos. Método para la obtención de vectores (con direccionamiento a plástidos) y plantas transgénicas que poseen la estructura del almidón modificada.	En trámite
431023	P060100972	15/03/05	Evento de maíz 3272 y métodos para su detección	Evento 3272 de maíz con almidón modificado (amy797E) y primers para su detección	En trámite
431024	P060103159	22/07/05	Gen y enzima glucano diquinasa de Chlamydomonas reinhardtii almidón modificado sus usos y métodos de producción.	Secuencia de ADN que codifica la enzima glucano-diquinasa aislada de Chlamydomonas reinhardtii. Método para la obtención de vectores y plantas transgénicas que poseen la estructura del almidón modificada (Viscosidad y contenido de fosfatos).	DF

431025	P060103162	22/07/05	Sobreexpresión de sintasa de almidón en vegetales.	Método para aumentar el contenido de fosfato en el almidón, que consta en introducir y sobreexpresar una secuencia de ADN que codifica la enzima sintasa soluble de almidón II (SSII) aislada de trigo. Método para obtener plantas (en especial, papa, maíz o arroz) transgénicas con mayor contenido de fosfatos en el almidón	En trámite
--------	------------	----------	--	--	------------

#### 4.4.0. Resistencia a estrés biótico y abiótico

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
440001	P970105377	19/11/96	Polipéptidos anticongelantes (AFPS) y un producto comestible que contiene AFPS.	Secuencias de ADN que codifican polipéptidos anticongelantes (AFPS) aislados de zanahorias. Obtención de plantas transgénicas tolerantes al congelamiento.	DF
440002	P980101750	16/04/97	Método de producción de una planta transgénica y de cultivo; Ácido nucleico aislado, enriquecido, libre, de células y/o recombinante de utilidad para la producción de dicha planta y célula vegetal que lo comprende.	Secuencia de cADN que codifica una proteína de unión a hierro (Ferritina), aislada de <i>Medicago sativa</i> , unida a un péptido de tránsito. Esta proteína se expresa en un tejido vegetativo y permite la reducción del daño celular en respuesta al estrés biótico y abiótico, producido por los radicales libres. Métodos para la obtención de plantas transgénicas resistentes a estrés biótico y abiótico.	A
440003	P980105855	18/11/97	Método para producir una planta transgénica, parte de una planta, material de multiplicación o producto derivado de los mismos; método para producir un cultivo de plantas; ácido nucleico recombinante, aislado, enriquecido o libre de la célula, útil para producir una planta transgénica según el primer método; molécula de ácido nucleico recombinante, aislado, enriquecido o libre de la célula, útil para identificar el ácido nucleico anterior y célula de planta útil para producir una planta transgénica por dicho método.	Método para obtener plantas transgénicas con elevado nivel de expresión de la enzima homóloga aldosa-reductasa homóloga (MsALR <sub>h</sub> ) aislada de alfalfa. Esta enzima le otorga mayor resistencia frente a condiciones de estrés biótico y abiótico. Obtención de vectores de expresión.	A
440004	P000106692	16/12/99	Genes de <i>Moho</i> tomados de la <i>Physcomitrella patens</i> que codifica proteínas que intervienen en la síntesis de carbohidratos.	Secuencias de ADN que codifican proteínas relacionadas con el metabolismo de los hidratos de carbono (CMRPs) aislados de <i>Physcomitrella patens</i> se describen. Obtención de constructos, vectores de expresión recombinantes y plantas transgénicas que producen almidón, azúcares solubles y polisacáridos de la pared celular.	DF
440005	P020104703	04/12/01	Maíz transgénico con fenotipo mejorado.	Secuencias de ADN que codifican para diversas proteínas que le otorga a la <i>Zea mays</i> resistencia a distintas condiciones de estrés biótico y abiótico. El constructo consta de un promotor ligado a operativamente a un ADN heterólogo. Métodos para la obtención de maíz transgénicos resistentes al estrés biótico y abiótico.	En trámite
440006	P050101646	26/04/04	Activadores de la transcripción que participan en la tolerancia a estrés abiótico.	Secuencias de ADN que codifican a la proteína ZmCBF1 y ZmCBF2 aisladas de <i>Zea mays</i> . Estas proteínas regulan el mecanismo de aclimatación al frío (cold acclimation). Método de obtención de una planta mono- y dicotiledóneas transgénica resistente al frío mediante la transformación un cassette de expresión que contiene al promotor con respuesta a estrés o con preferencia a un tejido.	En trámite



440007	P050104004	24/09/04	Plantas resistentes al estrés.	Método para obtener una planta transgénica con resistencia aumentada al estrés, disminución de los niveles de Reaction Oxygen Spicies (ROS) o aumento de los niveles de NADH en condiciones de estrés. El cassette consiste en un promotor que se exprese en plantas unido operativamente a una secuencia de ADN que codifica para la enzima nicotinamidasasa y una región de terminación y poliadenilación.	En trámite
440008	P040104332	23/11/04	SNOW1: interactúa con ICE1 y regula la expresión de CBF3 y la tolerancia al congelamiento en Arabidopsis.	Secuencia de ADN que codifica la proteína Snow1, aislado de Arabidopsis thaliana. Esta proteína le otorga a la planta tolerancia al frío ya que junto al promotor CBF3 y la interacción con el factor de transcripción Ice1 regulan la tolerancia al frío. Cassettes de expresión para la sobreexpresión de Snow1 y obtener plantas transgénicas resistentes al frío.	DF
440009	P050105082	03/12/04	Polinucleótidos de DHA e isoformas de EIF-5A y métodos de utilización.	Secuencia de ADN que codifica una isoforma de la proteína Factor de iniciación eucariótica 5A (elf-5A) de crecimiento del álamo. Esta proteína esta involucrada en el inicio de síntesis celular de proteínas eucarióticas e involucrada en el proceso de senescencia celular. Secuencia de ADN que codifica la enzima deoxihipusina sintetasa (DHS) que activa elf-5A. Métodos y vectores para aumentar la biomasa de la planta de álamo y modular la expresión de DHS mediante la utilización de mutantes knock down. Obtención de plantas transgénicas que modulen la expresión de dichos factores.	En trámite
440010	P060100241	24/01/05	Composiciones y métodos para usar reguladores de respuestas para modular el desarrollo de una planta.	Método para afectar el crecimiento de una planta introduciendo un constructo, que modula la expresión de citiquinas, que consiste en un promotor unido a una secuencia de ADN que codifica el polipéptido RR (Regulador de la Respuesta) tipo A. La planta adquiere cambios fenotipicos como tolerancia al estrés, rendimiento, vigor, crecimiento de las raíces.	En trámite
440011	P060100254	24/01/05	Evaluación transgénica de alelos mutantes activados de SOS2 determina el papel fundamental de la actividad de su quinasa y del dominio regulador C-terminal en la tolerancia a la sal en Arabidopsis thaliana.	Método para aumentar la tolerancia a sales mediante la sobreexpresión del gen que codifica la proteína SOS2 mutante (Salt Overly Sensitive) aislado de Saccharomyces cerevisiae y Arabidopsis thaliana. Obtención de cassette de expresión y de una planta transgénica resistente a sales.	A
440012	P060101209	30/03/05	Método para aumentar la expresión de los genes de defensa contra el estrés.	Método para inducir la expresión de al menos 2 los genes de defensa: espermidina exógena sintasa (SPDS), S-adenosilmetionina exógena decarboxilasa (SAMDC), arginina exógena decarboxilasa (ADC), ornitina decarboxilasa (ODC), espermina sintetasa (SPMS) más un promotor funcional en plantas. Obtención de plantas transgénica resistentes al estrés (alta y baja temperatura, salinidad, otros).	En trámite
440013	P060102314	04/06/05	Aumento de la tolerancia al estrés mediante la aplicación de neonicotinoides en plantas modificadas mediante ingeniería para ser tolerantes al estrés.	Método para aumentar la tolerancia de la planta al estrés mediante la combinación sinérgica de un compuesto de la familia de las nonicotinoides y una planta transgénica que expresa un cassette de expresión que expresa una molécula RNA inhibitoria del gen PARP. Método para obtener el cassette y la planta transgénica.	En trámite
440014	P060102508	05/06/05	Métodos para incrementar la resistencia de las plantas a condiciones de hipoxicas.	Método para aumentar la resistencia al estrés de plantas en condiciones hipoxicas o anoxicas reduciendo la expresión de los genes PARP, PARG y enzimas de la via adenina nicotinamida dinucleotido salvage mediante el silenciamiento genico de los genes con dsRNAs. Además, el método busca aumentar la penetración en raíz mediante la utilización de una serie de quimicos especificos para ese fin.	En trámite

440015	P060102641	17/06/05	Polipéptidos relacionados al estrés de proteínquinasa similar a lecitina y métodos de usos en plantas.	Método para aumentar la tolerancia de la planta a sequía, frío y sales, transformando con una secuencia de ADN que codifica la proteína LPKSRPs (Lectin-like Protein Kinase Stress-Related Polipeptids), aislado de Physcomitrella patens. Esta proteína pertenece a la familia de las protein-kinasa y cataliza de manera reversible la transferencia del grupo fosfato del ATP a serina, trosnina y tirosina. Cassettes de expresión para la sobreexpresión de PpLLPK-1 y obtener plantas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
440016	P060103059	15/07/05	Aumento del rendimiento en plantas con sobreexpresión de los genes HSRP.	Método para afectar el crecimiento de una planta introduciendo un constructo, que modula la expresión de cituquinas, que consiste en un promotor unido a una secuencia de ADN que codifica el polipéptido RR (Regulador de la Respuesta) tipo A. La planta adquiere cambios fenotipicos como tolerancia al estrés, rendimiento, vigor, crecimiento de las raíces.	En trámite
440017	P060103075	18/07/05	Aumento del rendimiento en plantas con sobreexpresión de los genes SHSRP.	Secuencia de ADN que codifica la proteína SHSRPs (Serine Hidroxymethyltransferase-like Protein Stress-Related Polipeptids), aislado de Arabidopsis thaliana. Esta proteína juega un rol importante en la vía fotorespiratoria y en la biosíntesis de serina. Cassettes de expresión para la sobreexpresión de AtHSL1 y obtener plantas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
440018	P060103076	18/07/05	Aumento del rendimiento en plantas con sobreexpresión de los genes ACCDP.	Secuencia de ADN que codifica la proteína ACCDPs (1-Aminocyclopropane-1-carboxilate desaminase-like Protein Stress-Related Polipeptids), aislado de Arabidopsis thaliana. Esta proteína reduce los niveles de etileno en r aumenta a elongación de las raíces en la planta. Cassettes de expresión para la sobreexpresión de ACC y obtener plantas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
440019	P060103098	19/07/05	Aumento del rendimiento en plantas con sobreexpresión de los genes MTP.	Secuencia de ADN que codifica la proteína MTPs (Membrane transporter-like Protein Stress-Related Polipeptids), aislado de Arabidopsis thaliana. Esta proteína esta involucrada en el transporte de auxinas de la planta. Cassettes de expresión para la sobreexpresión de AtAGR1 - 5 y obtener plantas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
440020	P070100941	07/03/06	Composiciones y métodos para incrementar la tolerancia de las plantas a una gran densidad de población.	Método para aumentar la performance de crecimiento de la planta en condiciones de alta densidad de población que consta de: 1) Transformar células de planta con un constructo que contiene un polinucleótido Zm-ELF3 aislado de Zea mays, 2) regeneración de la planta. Consta de Sobreexpresión del gen elf3 y downregulation del factor de transcripción gen bhlh-041 de aislado de Arabidopsis. Permite obtener plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas tolerantes a condiciones de poca luz.	En trámite
440021	P070102338	30/05/06	Plantas con características realizadas relacionadas con el rendimiento y un método para realizar las mismas.	Un método para aumentar la resistencia al estrés abiótico en las plantas modulando la expresión de la secuencia de ADN que codifica el polipéptido regulador de rendimiento de semilla (SYR) que posee un dominio rico en Leu, los motivos conservado tripéptido 1 y 2. Obtención de plantas transgénicas resistentes al estrés abiótico y con un aumento en la eficiencia de absorción de nutrientes.	En trámite
440022	P060104901	08/11/06	Tolerancia al estrés en plantas.	Un factor de transcripción dominio APL/ERC y subsecuencia VAHD o dominio bHLH unido operativamente a un promotor inducible por estrés para opbenter una planta transgénica que tolere al estrés, en especial a la privación de agua. Método para obtener la planta transgénica.	En trámite

#### 4.4.1. Resistencia a estrés ambiental

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
441001	P329210	25/08/93	Método para producir una planta monocotiledónea transgénica fértil.	Método para producir una planta monocotiledónea transgénica fértil, en especial maíz, con resistencia a sequía: 1) Preparación del cassette de expresión que contiene un promotor un péptido de tránsito a cloroplasto de maíz y un gen mtID que codifica la enzima manitol-1-fosfato dehidrogenasa o un gen que codifica para las enzimas thalosa-6-fosfosintetasa, mioinositol-O-metil transferasa o la proteína embriogénica tardía. 2) Transformación mediante bombardeo de microproyectiles, electroporación o transformación de protoplastos. 3) Regeneración de las plantas 4) Identificación de las plantas monocotiledóneas transgénicas.	C
441002	P332269	29/07/94	Un polipéptido quimérico que tiene actividad de piruvato ortofosfato diquinasa, estable al frío, un DNA clonado que lo codifica, un vector recombinante y método para producir el polipéptido.	Polipéptido quimérica con actividad piruvato ortofosfato diquinasa (PPDK - Piruvato Ortostato Dikinasa), enzima importante vía C4, que se le sustituyó un grupo de residuos de aminoácidos o aminoácidos específicos aislados de <i>Flaveria brownii</i> y <i>Flaveria bidentis</i> , respectivamente. Esta sustitución le otorga al polipéptido estabilidad al frío. Método para la obtención de plantas transgénicas resistentes al frío.	C
441003	P332691	10/05/95	Un vector recombinante que contiene un inserto de ADN que codifica a la enzima fosfoenolpiruvato carboxiquinasa (PCK) activa de plantas C4 y células transformadas con el mismo.	Secuencia de cADN que codifica la proteína PCK (fosfoenol piruvato carboxiquinasa), aislada de <i>Urochloa panicoides</i> . Estas proteínas les otorgan a la planta resistencia al estrés ambiental, como sequía, calor, frío, y sales. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	C
441004	P980100571	10/02/97	Método para transformar una planta C3 y un gen quimérico de utilidad en el mismo.	Método para transformar una planta C3 que consiste en introducir dos gens que codifican para una fosfoenolpiruvato carboxiquinasa (PEPC) y una fosfoenolpiruvato carboxiquinasa (PCK) unidas a un péptido de transporte en la planta C3 de manera de proveerle a la planta una vía fotosintética C4.	A
441005	P990105140	12/10/98	Molécula de ADN recombinante, vector que la comprende, célula hospedante que la contiene, procedimiento de producción de plantas transgénicas que comprenden dicha molécula, vector o célula, célula vegetal o planta transgénica obtenida por dicho procedimiento, partes cosechables o material de propagación de dichas plantas, y uso de dicha molécula o vector.	Secuencia de ADN que codifican una serin proteasa, similar subtilina, aislada de <i>Arabidopsis thaliana</i> . Esta enzima regula la densidad de las estomas de la planta. Obtención de cassettes de expresión, vectores y plantas transgénicas con estomas modificados.	A
441006	P000102623	28/05/99	Métodos para modular la eficiencia en el aprovechamiento de agua o la productividad de una planta.	Método para disminuir la conductancia estomática en el estado estacionario en la planta, en especial maíz y soja, aumentar la eficiencia en el uso del agua: 1) se transforma las células de la planta (vía <i>Agrobacterium</i> ) con un constructo que tiene un promotor (guard cell o epidermal cell promoter) unido operativamente a un gen que codifica la enzima C4 NADP-malic, aislada de maíz, que disminuye la acumulación de malato en la planta y un péptido de tránsito a cloroplasto. 2) Regeneración de la planta. 3) Selección para regeneración de la planta con el carácter de interés.	DF

441007	P020101246	04/04/01	Procedimiento para la obtención de plantas C4 de metabolismo carbonado modificado.	Método para obtener una planta transgénica del tipo C4 que le otorga tolerancia a estrés hídrico mediante la transformación con un cassette de expresión que codifica la proteína fosfoenolpiruvato carboxilasa (PEPC). Regeneración de la planta.	En trámite
441008	P020102058	31/05/01	Composiciones y métodos para aumentar la tolerancia a stress en plantas.	Método para producir una planta transgénica con aumento en la resistencia a sequía que consiste en: 1) Obtención de un constructo (dsARNi) que contiene un promotor unido operativamente a alfa fernesiltrasferasa (FT, aislada de Arabidopsis thaliana) que inhibe la actividad de FT, retrasa la senescencia o aumenta la sensibilidad hormona de planta ABA (ácido absicico). 2) Insertar el constructo en un vector. 3) Transformación. 4) Crecimiento y regeneración.	C
441009	P020102933	01/08/01	Polipéptidos y ácidos nucleicos de prenil proteasa CAAX y métodos de usos de los mismos.	Método para producir una planta transgénica resistentes a sequía mediante la alteración (aumento o inhibición) de la expresión, o de la actividad, enzima CaaX Prenil Proteasa (CPP). Esta enzima cataliza el clivado proteolítico del tripeptido -aaX en el 2º paso del proceso de prenilación. Se revelan las secuencias de ADN que codifican la enzima CPP aisladas de Arabidopsis thaliana (AtCPP), Brassica napus (BmCPP) y Glicine max (GmCPP).	DF
441010	P030101373	22/04/03	Método para incrementar la velocidad de fotosíntesis en plantas, mejorando la piruvato ortofosfato dicinasa.	Método para aumentar el nivel de expresión de una proteína en una planta C4 en el cual se transforma a la planta con un cassette de expresión que tiene un promoto unido al gen que codifica la enzima piruvato ortofosfato dicinasa vegetal (PPDK) aislada de Flaveria brownii y un terminador de expresión.	En trámite
441011	P030101532	02/05/03	Gen de un factor de transcripción inducible por condiciones de estrés hídrico y ácido absicico de Helianthus annuus, promotor y plantas transgénicas.	Secuencia de ADN y cADN que codifica un factor de transcripción Hahv-4, aislado de Helianthus annuus, que le otorga a la planta tolerancia a estrés hídrico. Métodos para la obtención de plantas transgénicas resistentes al estrés hídrico.	En trámite
441012	P050104797	15/11/04	Gen sos1 de halophila que confiere tolerancia a la sal.	Secuencia de ADN (gen sos) que codifica la proteína TSOS1, aislado de Thellungiella halophila. Esta proteína de membrana afecta el transporte de Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> y le otorga a la planta tolerancia a sales. Métodos y cassettes de expresión con un promotor inducible para la obtención de plantas transgénicas resistentes a sales.	A
441013	P050104391	20/10/04	Polipéptidos simil scarecrow relacionados con estrés y métodos de uso en plantas.	Secuencia de ADN que codifica la proteína SCL (simil Scarecrow), aislado de Physcomitrella patens y Glycine max. Esta proteína le otorga a la planta tolerancia a estrés ambiental, en especial a sequía. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
441014	P050104557	29/10/04	Polipéptidos de tránsito vesicular relacionados con estrés y métodos de uso en plantas.	Secuencia de ADN que codifica un polipéptido de vesícula de tráfico relacionado con el estrés (VTSRP), aislado de Physcomitrella patens. Este polipéptido es importante en la modulación a la respuesta al estrés con lo que le otorga a la planta tolerancia a estrés ambiental, en especial a sequía. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas transgénicas (en especial, maíz, soja, algodón y canola) resistentes a estrés ambiental.	En trámite
441015	P050104850	17/11/04	Polipéptidos de caseína quinasa relacionados con el estrés y métodos de uso en plantas.	Secuencia de ADN que codifica un polipéptido de caseína-quinasa relacionado con el estrés (CKSRP), aislado de Physcomitrella patens. Este polipéptido le otorga a la planta tolerancia a estrés ambiental, en especial a sequía. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite

441016	P060103545	12/08/05	Secuencia de ácidos nucleicos que codifican proteínas asociadas con respuestas a estrés abiótico y células vegetales y plantas con aumento de tolerancia a estrés ambiental.	Secuencias de ADN obtenidas a partir de ADN amplificado de una librería cADN o genómica utilizando una serie de primers revelados que le confieren a la planta una actividad metabólica alterada gracias a la transformación de la misma con proteínas SRP (Stress-Related Protein) que le otorga a la planta resistencia al estrés ambiental, como sequía, calor, frío, y sales. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
441017	P050105569	28/12/05	Regulación de la tolerancia al estrés medioambiental en plantas con el uso del gen dreb2a modificado.	Secuencia de ADN que codifica la proteína DREB2A (Dehydration Responsive Element), aislada de <i>Arabidopsis thaliana</i> . Estas proteínas les otorgan a la planta resistencia al estrés ambiental, como sequía, calor, frío, y sales. Cassettes de expresión que posee un promotor con respuesta al estrés y señal de localización nuclear. Método para la obtención de plantas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	C
441018	P070101252	24/03/06	Proteínas que se relacionan con la respuesta al estrés abiótico y homólogos.	Secuencias de ADN que codifican la proteína SRP (Stress-Related Protein), aislados de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> y <i>Escherichia coli</i> . Estas proteínas les otorgan a la planta resistencia al estrés ambiental, como sequía, calor, frío, y sales. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
441019	P070101565	13/04/06	Polipéptidos relacionados con estrés y métodos para su uso en plantas.	Secuencias de ADN que codifican la proteína AKT (Active Potassium Channel Transporter), aislados de <i>Physcomitella patens</i> (PpAKT-3), <i>Glycine max</i> (GmAKT-2) y <i>Triticum aestivum</i> (TaAKT-1). Estas proteínas, pertenecen a la familia de las SRP, le otorga a la planta resistencia al estrés ambiental, como sequía, calor, frío, y sales. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas mono- y dicotiledóneas transgénicas resistentes a estrés ambiental.	En trámite
441020	P070102784	23/06/06	Plantas de cultivo transgénicas con mayor tolerancia al estrés.	Secuencia de ADN que codifica la proteína NF-YB, aislados de <i>Arabidopsis thaliana</i> , y una proteína marcadora que le otorga a la planta resistencia contra el estrés hídrico. Esta proteína se expresa en tejido de hojas en un nivel de hasta 40 pg/ug de proteína total. Métodos y promotores necesarios para la expresión y obtención de plantas transgénicas resistentes a estrés hídrico.	En trámite

#### 4.5.0. Rendimiento

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
450001	P030102939	14/08/02	Plantas con crecimiento modificado y métodos para obtenerlas.	Secuencias de ADN que codifican un polipéptido retinoblastoma 1 (Rb1) en una planta. Obtención de plantas transgénicas con características de crecimiento modificado (reduce o elimina la disponibilidad de Rb1).	DF
450002	P040100480	17/02/03	Preparación de organismos con un crecimiento más rápido y/o un mayor rendimiento.	Secuencia de ADN que codifica un polipéptido L450 que le confiere un crecimiento más rápido. Obtención de vectores de expresión y plantas transgénicas.	En trámite
450003	P050102665	28/06/04	Polinucleótidos y polipéptidos reguladores de la cantidad de células, y métodos para usarlos.	Secuencia de ADN que codifica polipéptidos relacionados con la proteína reguladora del número de células (CNR). Estos polipéptidos son importantes para el mecanismo de	DF

				heterosis que aumenta el rendimiento de los cultivos. Obtención de plantas transgénicas que modulan a CNR.	
450004	P050101310	02/04/04	Secuencias de citoquinina oxidasa y métodos de uso de las mismas.	Secuencias de ADN que codifican la proteína Citoquina oxidasa (CKX), aislados de Zea mays. Esta enzima regula y controla el nivel de citoquina la cual regula la división celular y por ende el desarrollo, morfología y fisiología de la planta. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas transgénicas con un mayor rendimiento.	DF
450005	P050103922	17/09/04	Secuencias de isopentenil transferasa y métodos de uso de las mismas en plantas.	Secuencias de ADN que codifican la proteína Isopentenil Transferasa (IPT). Esta enzima regula y controla el nivel de citoquina la cual regula la división celular y por ende el desarrollo, morfología y fisiología de la planta. Métodos y cassettes de expresión para la obtención de plantas transgénicas con un mayor rendimiento.	En trámite
450006	P050105470	21/12/04	Plantas transgénicas con caracteres agronómicos mejorados.	Un constructo que cuenta con promotor unido operativamente a una secuencia de ADN, aislada de planta, hongo o bacteria, que codifica una proteína que tiene al menos un dominio de aminoácidos en la secuencia que exceda el cutoff de la colección de Pfam para los alineamientos de secuencias de aminoácidos con una familia de dominios de proteínas identificados por nombre Pfam en la Tabla 28. Se seleccionan las plantas regeneradas con el ADN recombinante y le otorgan a la planta los siguientes rasgos aumentados: uso eficiente de agua, tolerancia al frío, aumento del rendimiento, aumento de proteína y aceite en semillas. Obtención de plantas transgénicas.	En trámite
450007	P050105517	24/12/04	Plantas teniendo mayor rendimiento y método para producir las.	Método para incrementar el rendimiento de la planta bajo condiciones sin estrés aumentando la actividad en un plástido de un factor de elongación de la traducción (EFTu) que posee los dominios de unión a GTP (en cualquier orden): GXXXXGK y DXXG y NKXD y S/L/K/GC/G LNIF, en donde X es cualquier aminoácido, y los dominio EFTu ALMANPAIKR o KD / G EE SI. Estos factores se introducen y expresan en la planta modificados mediante mutagénesis dirigida de sitio, evolución dirigida, recombinación homóloga, tilling y activación de T-DNA.	En trámite
450008	P050105518	24/12/04	Plantas con aumento del rendimiento y método de preparación.	Método para incrementar el rendimiento de las plantas en plantas cultivadas bajo condiciones sin estrés mediante:1) la introducción y expresión en el citosol de la planta una construcción formada por un promotor endosperma-específico unido operativamente a la secuencia de ADN que codifica un polipéptido DnaJ tipo 1 (confiere tolerancia al calor) que posee un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal, y 2) Selección de una planta con mayor rendimiento.	En trámite
450009	P060100317	27/01/05	Plantas con aumento del rendimiento y un método para obtenerlas.	Método para incrementar el rendimiento de planta mediante la modulación de la expresión la secuencia de ADN que codifica el polipéptido de Translocación Sarcoma Sinovial (SYT), aislado de Arabidopsis, compuesto por: un dominio SNH (SYT N-terminal homology), un dominio de rico en Met, y una dominio rico en QG. Seleccionar las plantas que tienen mayor rendimiento. SYT es un coactivador transcripcional que interactúa con el factor de regulación del crecimiento (GRF).	En trámite

450010	P060102019	25/05/05	Métodos para mejorar la arquitectura y el rendimiento de plantas de cultivo.	Método para mejorar las características de la planta, transformando la planta con un cassette de expresión recombinante que contiene secuencia de ADN que codifica un Regulador del desarrollo de la planta (PDR) aislado de Arabidopsis, funciona como un regulador del desarrollo de las plantas dicotiledoneas.	En trámite
450011	P060102902	05/07/05	Plantas con rendimiento aumentado y un método para prepararlo.	Método para incrementar el rendimiento de la planta que consiste en modular la expresión de una secuencia de ADN que codifica un polipéptido que tiene dos dominios WRKY, aislado de Arabidopsis, y que posee un dominio rico en ProSer y dos motivos dedo de zinc-C2-H2. Selección de las plantas que tienen mayor rendimiento.	En trámite
450012	P060104060	15/09/05	Plantas con rendimiento aumentado y un método para prepararlo.	Método para incrementar el rendimiento de la planta que consiste en expresar una secuencia de ADN que codifica un polipéptido OsLEA3a (Osyra sativa Late Embryogenesis Abundant) se expresa en condiciones de deshidratación. Selección de las plantas que tienen mayor rendimiento.	En trámite
450013	P070100810	28/02/06	Plantas que presentan aumento en el rendimiento y método para lograrlo.	Método para aumentar rendimiento de la planta que consiste en incrementar la expresión de una secuencia de ADN que codifica un factor de transcripción MYB dominio (MYB-TF). Selección las plantas que tienen mayor rendimiento.	En trámite
450014	P070101402	31/03/06	Plantas con características relacionadas con el rendimiento aumentado y un método para su desarrollo.	Método para mejorar el rendimiento de la planta que consiste en reducir de expresión de un gen endógeno OsMADS15, controla la formación de órganos, en dicha planta. nto relacionados con rasgos en plantas. Además, se modula la expresión del polipéptido HAL3, de los factores de transcripción PLT, basiche-lix-loop-hélice (bHLH) y SPL15 que aumentan el rendimiento de la planta. Obtención de las construcciones y plantas transgénicas.	En trámite

## Grupo 5: Miscelaneas

### 5.0.0. Genérico

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
500001	P970100335	08/01/96	Secuencias de DNA que codifican un translocadoe de fosfato de fosfoenol piruvato y plásmidos, bacterias, levaduras y plantas que contienen este translocador.	Secuencias de nucleótidos de Brassica oleracea var. botryris (coliflor) que codifican un transportador de fosfato - fosfoenolpiruvato, cuya expresión en plantas modifica la formación de compuestos fenólicos, sobre todo la de aminoácidos aromáticos y flavonoides	DF
500002	P970102097	16/05/96	Fragmento de ácido nucleico aislado, vector que lo comprende, célula que contiene dicho vector, método para identificar un gen de una planta, gen recombinante aislado y gen aislado de una planta que codifica un polipéptido	Gen SPY de Arabidopsis y similares cuya expresión en plantas transgénicas controla el desarrollo de una planta afectando la respuesta a giberelinas.	DF
500003	P980100969	04/03/97	Métodos y composiciones para controlar la muerte celular y la resistencia a enfermedades en plantas.	Secuencia de ADN que codifica a la proteína Lls1 que suprime la muerte celular en plantas. Método para obtener una planta transgénica mediante la transformación de un cassette de expresión formado por un promotor que se expresa en plantas y la	DV

				secuencia codificante de Lls1.	
500004	P980102047	30/04/97	Procedimiento para obtener plantas tolerantes a fungicidas, cassette de expresión de polipéptidos que contienen dicha tolerancia; uso de dicho cassette y el uso de dichas plantas transformadas; con dicho cassette y procedimiento para combatir hongos fitopatógenos utilizando fungicidas que se ligan a dichos polipéptidos.	Procedimiento para obtener plantas tolerantes al fungicida metoximino alfa (o-tolyloxi) o-tolyacetato (BAS490F) por la expresión constitutiva de polipéptidos ligantes a ese fungicida como anticuerpos o fragmentos de anticuerpos monocatenarios. La invención es practicable tanto en plantas monocotiledóneas como dicotiledóneas.	A
500005	P980102242	14/05/97	Un proceso para modificar la floración en plantas.	Método para atrasar o adelantar la floración en plantas a través de la expresión del gen ATH1 de Arabidopsis thaliana en sus versiones sentido y antisentido respectivamente. La invención puede utilizarse en monocotiledóneas (maíz, trigo, caña de azúcar, girasol) o dicotiledóneas (arroz, centeno, sorgo, soja).	C
500006	P980102999	24/06/97	Materiales recombinantes y métodos para la producción de hidroxilasa de limoneno	Secuencias codificantes de la enzima limoneno 6 hidroxilasa de Menta spicata y de limoneno 3 hidroxilasa de Menta piperita, apropiadas para incrementar la producción de transcarveol o transiso piperitenol en plantas transgénicas que las expresan.	A
500007	P980105046	10/10/97	Métodos para obtener variedades de plantas	Genes AtMSH3 y AtMSH6, aislados de Arabidopsis thaliana, que codifican para las proteínas AtMSH3 y AtMSH6. Estas proteínas están involucradas en la reparación de la incompatibilidad de un ADN de una planta. Además estas proteínas son homólogas a los genes de MMR en E. Coli y a los genes MMR en fermentos y humanos. La mejora de la invención consiste en haber aislado esos genes homólogos a estos otros de plantas superiores. Además se protege un constructo de expresión que codifica un polipéptido capaz de interferir en la expresión de los genes aquí protegidos. Se señala interés de la invención para transformar con el constructo antes mencionado las siguientes especies: Brassicaceae, Poaceae, Asteraceae, Malvaceae, Fabaceae, Linaceae, Canabinaceae, Dayaceae y Cucurbitaceae.	DF
500008	P990101632	09/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifican toda o una porción sustancial de una proteína de transporte de sacarosa, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido de dicha proteína, método para alterar el nivel de expresión de dicha proteína en una célula huésped, método para obtener dicho fragmento y productos que se obtienen con dichos métodos	Trece secuencias de ADN aisladas de maíz, arroz, soja, vermonia y trigo que codifican proteínas transportadoras de sacarosa. Las secuencias pueden utilizarse para incrementar, direccionar o disminuir el transporte de sacarosa a distintos compartimentos de la célula vegetal de monocotiledóneas y dicotiledóneas.	DV
500009	P990101633	09/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifican toda o una porción sustancial de una proteína reguladora del ciclo celular en plantas y semillas, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dichas proteínas en una célula huésped, métodos para obtener dichos fragmentos de ácidos nucleicos y productos que se obtienen con dichos métodos	Secuencias de ADN que codifican total o parcialmente las proteínas kinasas CDC2 y PITSLRE de maíz, arroz, soja y trigo y similares. Método para alterar el ciclo celular (inicio de síntesis de ADN e inicio de mitosis) de plantas transgénicas a través de la expresión de las kinasas mencionadas.	DF
500010	P990101634	09/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica toda o una porción sustancial de proteínas reguladoras del ciclo celular en plantas y semillas, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dicha proteína, método para obtener dicho fragmento de ácidos	Secuencia de ADN que codifica toda o parcialmente una proteína reguladora del ciclo celular en plantas y semillas seleccionado del grupo formado por la proteína CDC2 y la proteína PITSLRE. Método para alterar el ciclo celular de plantas (inicio de síntesis de ADN e inicio de mitosis) de plantas transgénicas a	DF



			nucleicos, productos obtenidos por dichos métodos y método para evaluar por lo menos un compuesto respecto de su capacidad de inhibir la actividad de una proteína de regulación del ciclo celular	través de la expresión de la kinasa mencionada.	
500011	P990101635	09/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica una proteína transportadora de hexosas, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dicha enzima, métodos para obtener dicho fragmento, productos obtenidos por dichos métodos	Secuencias de ADN aisladas que codifican proteínas transportadoras de hexosas de maíz, arroz, sorgo o trigo. Método para aumentar o reducir el nivel de expresión de una proteína transportadora de hexosas.	DV
500012	P000102692	06/04/99	Composiciones que afectan la muerte celular programada y su uso en la modificación del desarrollo de plantas en silvicultura	Genes y construcciones génicas involucradas en el control de la muerte celular programada que expresadas en árboles son capaces de modular su desarrollo.	DV
500013	P000103654	16/07/99	Un método para modular la expresión de genes que inducen el rasgo partenocárpico en plantas	Utilización de una secuencia de nucleótidos derivada del intrón del gen rol A de A. rhizogenes para modular la expresión del gen DefH9-iaaM que induce el rasgo partenocárpico en las plantas transgénicas que lo expresan	DV
500014	P010102903	21/06/00	Método para separar los componentes almidón y proteína del grano en un proceso de molido, planta transgénica, casete de expresión quimérica, método para producir grano, molécula de ácido nucleico aislada, gen quimérico, vector recombinante, célula huésped transgénica, y semilla de planta transgénica	5 secuencias de Methanococcus jannaschii y Archaeoglobus fulgidus que codifican la tioredoxina y, 2 secuencias Methanococcus jannaschii que codifican la tioredoxina reductasa utilizables para producir granos de plantas (preferiblemente maíz o soja) transgénicas con altos niveles de esas proteínas. Método para separar los componentes almidón y proteína del grano en un proceso de molido.	DF
500015	P010103244	07/07/00	Gen de pendúnculo no articulado (Jointless) de tomate	3 secuencias de ADN de tomate que codifican el gen jointless, responsable de la producción de una zona de abscisión en las cercanías del fruto o flor de una planta. La alteración de su expresión tiene interés en aquellos cultivos susceptibles de cosecha mecánica como algodón, oil rape seed, y soja.	DF
500016	P010105737	08/12/00	Modificación de la expresión del gen de la sacarosa sintetasa en tejidos vegetales y usos de las misma	Métodos y secuencias para alterar la expresión de sacarosa sintetasa con el objeto de modificar las propiedades de las fibras en plantas de algodón.	C
500017	P010105914	19/12/00	Métodos para la producción de proteínas redox y complejos proteicos heteromultiméricos, composiciones relacionadas.	Método para la producción de complejos proteicos multiméricos de proteínas redox o inmunoglobulinas, asociadas a cuerpos grasos en semillas de plantas transgénicas. El direccionamiento a cuerpos grasos se consigue por la asociación de las proteínas de interés con oleosinas o caleocinas.	En trámite
500018	P020102285	20/06/01	Algas transgénicas para suministro de antígenos a un animal	Método para expresar péptidos heterólogos en algas transgénicas (Chlamydomonas reinhardtii, entre otros) y la administración de los mismos, por ingesta, a mamíferos, pájaros, crustáceos con especial interés en peces.	N
500019	P020103269	29/08/01	Secuencia de ácido nucleico de fotomorfogénesis constitutiva 1 (cop 1) de Zea mays y uso de la misma	Secuencia de ADN ZmCOP1 de maíz, que codifica una proteína que interviene en la respuesta de evasión de sombra de una planta. Se señala su utilidad para expresar en maíz, soja, trigo, algodón, girasol, canola, zanahoria, tomate, limón, arándano, zarzamora, entre otros, y para efectuar siembras de alta densidad como también para mejorar rendimientos.	En trámite
500020	P010105658	03/12/01	Novedosas endoproteinasas de cacao y su utilización en la producción de saborizantes de cacao.	Secuencias de ADN derivadas de Th. cacao que codifican para endoproteinasas aspárticas cuya expresión en plantas transgénicas de cacao colabora en la producción industrial de cacao mejorando el sabor del producto final.	DF

500021	P030101936	30/05/02	Fitasas modificadas	Secuencias de ADN que codifican fitasas de <i>Aspergillus niger</i> modificadas para incrementar su termoestabilidad. Su expresión en plantas transgénicas permite la elaboración de composiciones alimentarias con niveles adecuados de fitasas activas para incrementar la disponibilidad de fósforo para el ganado.	DF
500022	P020105150	30/12/02	Fitasa tolerante a las variaciones de temperatura para alimento animal	Secuencia de ADN que codifica una fitasa tolerante a variaciones de temperatura expresable en semillas de monocotiledóneas o dicotiledóneas, lo que confiere la capacidad de sobrevivir a la etapa de acondicionamiento de calor encontrada en un molino de pellet durante la formulación de la alimentación animal. La presencia de esta fitasa activa aumenta la aptitud nutricional de la formulación alimenticia.	A
500023	P040101722	19/05/03	Composición farmacéutica que comprende lectina KM	Composición farmacéutica que comprende lectina KM y métodos de producción de lectina KM obtenida entre otras formas, a partir de plantas transgénicas que expresan un gen heterólogo.	En trámite
500024	P040104950	30/12/03	Genes del ciclo celular y métodos de uso relacionado	Genes de pino y eucalipto involucrados en el ciclo celular y responsables de la expresión de importantes características fenotípicas para madera como fortaleza, densidad, dimensiones de fibras, etc.	DF
500025	P050100392	02/02/04	Alteración de la estructura de la raíz durante el desarrollo de la planta	Un método para alterar la estructura de la raíz de una planta por la expresión heteróloga del gen RTCS de maíz, arroz o partes de ellos y la utilización de la planta transgénica obtenida en programas de mejoramiento.	DF
500026	P050100862	05/03/04	Método para modificar características de semillas en plantas	Un método para modificar el tamaño de las semillas de Brassica, soja, maní girasol y otros, al modular la proliferación celular por la expresión regulada de genes involucrados en alguna forma de acción hormonal como MNT, IPT1 o ARGOS o genes del ciclo celular como CYCD3;1 o CYCB1;1 bajo la acción de promotores expresables en integumentos o cubierta seminal.	En trámite
500027	P050100950	12/03/04	Semillas de soja transgénicas con actividad reducida de lipoxigenasas	Secuencias de ADN de los genes LOX 1, 2 y 3 de soja que codifican lipoxigenasas utilizables para su expresión en plantas transgénicas de manera de suprimir parcialmente la expresión de lipoxigenasas endógenas y mejorar así aspectos del sabor de los alimentos derivados de sus semillas.	DF
500028	P050102665	28/06/04	Polinucleótidos y polipéptidos reguladores de la cantidad de células, y métodos para usarlos	Gen ZmCNR02, aislado de maíz, que es un regulador negativo de la cantidad de células en un tejido. La regulación negativa de su expresión puede ser utilizada para producir fenotipos heteróticos (aumento de rendimiento). Se señala interés para monocotiledóneas y dicotiledóneas, en especial: maíz, soja, girasol, sorgo, canola, trigo, alfalfa, algodón, arroz, cebada, mijo, maní y cacao.	DF
500029	P050103150	29/07/04	Métodos y composiciones para modular la floración y la madurez en las plantas	Secuencias de nucleótidos de RAP2.7 del maíz cuya expresión modula el momento de floración (tardía o más precoz). Otra secuencia de ADN que actúa como regulador/potenciador de RAP2.7, denominada VGT1, que actúa como elemento de ARNi o como elemento de ADN o ARN regulatorio que regula directamente la expresión de los genes de floración.	En trámite

## 5.1.0. Producción de macho estériles

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
510001	325311	02/07/92	Secuencias de ADNc específico de anteras, secuencias de ADN genómico y secuencias de ADN recombinantes	Promotores ant32 y ant43D específicos de antera y utilizables para conferir el carácter de esterilidad masculina por su combinación con secuencias codificantes cuya expresión es letal para la células vegetales que lo expresan.	C
510002	326092	22/09/93	Métodos para la producción de plantas macho estériles y método para la producción de una semilla híbrida	Método dual para producir plantas con esterilidad masculina donde dos plantas parentales transgénicas son cruzadas para obtener progenie estéril. El parental 1 expresa específicamente en anteras un transactivador. El parental 2 expresa en anteras un polipéptido cuya acción impide la formación de polen viable y cuya expresión es activable por el transactivador provisto por el Parental 1.	C
510003	P950100235	22/11/94	Elemento regulador específico de las microsporas	Método para producir plantas con esterilidad masculinas utilizando un vector cuya expresión interrumpe la función de las microsporas. Constructo de gen quimérico de promotores específicos de antera como Bnm1, con secuencias codificantes como toxinas (producto del gen rolB, barnasa, difteria, proteína antiviral de hierba mala, etc) o versiones antisentido de genes endógenos (tubulina, ubiquitina, chalcona sintetasa).	C
510004	P960101286	16/02/95	Métodos para mantener la esterilidad en las plantas	Método para mantener la esterilidad en una planta por la ligación del gen que produce la esterilidad (dam metilasa, barnasa o p.AN::Tox) con un gen que provee a la semilla que lo expresa de una resistencia a un agente selectivo del tipo herbicida	C
510005	P950100457	07/06/95	Sistema genético nuclear reversible para la esterilidad masculina de plantas transgénicas	Método para producir semilla híbrida a partir de una planta macho estéril que involucra el cruzamiento de A) una planta transgénica macho estéril que contiene un gen cuya expresión inhibe la formación de polen viable bajo control de un promotor específico de células formadoras de polen y un sitio de unión a un operador protéico cuya unión evita la expresión de dicho gen, por B) polen de una planta transgénica que expresa específicamente en polen al operador protéico referido bajo el control de otro promotor específico de células productoras de polen. El producto de la cruce resulta en semillas híbridas de fertilidad restaurada. Se menciona su aplicación en maíz.	C
510006	P960102983	07/06/95	Método para producir plantas transgénicas macho estéril por expresión de un gen heterólogo de avidina, restauración de fertilidad, formación de un híbrido y plantas transgénicas obtenidas	Método para producir plantas de maíz, soja o girasol macho estériles por la expresión de un gen de avidina bajo control de un promotor específico de antera. Método para restaurar la fertilidad masculina por cruzamiento de las plantas mencionadas con polen proveniente de una segunda planta transgénica que expresa específicamente en anteras un gen de avidina antisentido. La cruce permite obtener semillas híbridas fértiles.	DV

510007	P960102748	07/06/95	Molécula de ADN aislada reguladora específica para el tapetum, vectores de expresión y métodos de uso, métodos para producir una planta con esterilidad masculina y casete quimérico regulador para anteras	Método para controlar la producción de polen en maíz por el empleo de un elemento regulador específico de anteras para regular un gen cuya expresión es letal para las células del tapetum, por ejemplo, barnase, toxina diftérica u otros. Un método para restaurar el fenotipo fértil por cruzamiento de la planta transgénica mencionada por otra que por el empleo del mismo elemento regulador expresa específicamente en células del tapetum un inhibidor de barnasa, una ribozima de toxina diftérica u otros..	DV
510008	P960103701	24/07/95	Método para inhibir la expresión genética en un tejido vegetal y plantas obtenidas por dicho método	Método para producir plantas monocotiledóneas macho estériles por la expresión específica, en células formadoras de polen, de genes T-urf13, alfa o beta tubulina, cdc25, translocador de adeninas, activador de origen de replicación u otros cuya expresión es letal para dichas células al alterar funciones esenciales.	A
510009	P970101176	28/03/96	Método para la producción de plantas masculinas estériles y un vector empleado en dicho método	Método para producir plantas macho estériles por la reducción específica para células de anteras, de la expresión de una proteína-quinasa CCaMK dependiente de calcio/calmodulina. Lo anterior se puede obtener por la expresión del gen CCaMK en su versión antisentido.	A
510010	P980103015	23/06/97	Región reguladora con preferencia por tejidos masculinos y método para el uso de la misma	Promotor Ms45 de maíz específico de tejidos masculinos y su utilización para conferir el carácter de esterilidad masculina a una planta de maíz, soja, girasol y trigo, entre otras, a través de la expresión en dichos tejidos de una proteína citotóxica como avidina o DAM metilasa o secuencias antisentido de genes críticos como chalcona sintetasa..	C
510011	P980105449	30/10/97	Un método para producir plantas con esterilidad masculina, adn recombinante utilizado, vector, (...)	Método para producir plantas macho estériles por la expresión específica para células de anteras, de una proteína-quinasa CCaMK dependiente de calcio/calmodulina de Escherichia coli, flanqueada por sitios de acción de una recombinasa. El fenotipo estéril puede revertirse en la progenie del cruzamiento de dicha planta por otra transgénica que expresa en el mismo tejido una recombinasa específica para los sitios mencionados.	A
510012	P990100632	20/02/98	Secuencias de ácidos nucleicos recombinantes que comprende una secuencia promotora en polen, un casete de expresión y un sistema de expresión que contiene a la misma, un método para producir una planta, una célula vegetal, una planta, un método para inducir esterilidad masculina en plantas, un método para controlar la fertilidad en una planta, un vector ARN viral replicable y un método para transformar polen.	Promotor del gen ZmC5 de maíz específico de polen y apropiado para la expresión en ese tejido de genes tales como barnase, adenine nucleotide translocator, mutant tubulins, T-urf, trehalose phosphate phosphatase (TPP) o ribozyme para la obtención de plantas macho estériles	DF
510013	P990101003	09/03/98	Método para producir plantas con esterilidad masculina, dichas planta, células vegetales que contienen en su genoma una primera molécula de ADN, método para producir semillas híbridas, dichas semillas y las plantas logradas de estas, y plantas transgénicas y semillas con las células vegetales correspondientes.	Secuencia de nucleótido que codifican un gen de resistencia a glifosato junto con otra secuencia que codifica la versión antisentido de la misma, siendo esta última expresable en tejido masculino. Las plantas que expresan el constructo revierte a macho estériles en presencia de glifosato.	DF
510014	P990105526	03/11/98	ADN que comprende un gen específico de antera de arroz y planta transgénica transformada con el mismo.	Promotor de arroz específico de tapetum, endotecium y tejidos conectivos de anteras (no de microsporas), apropiado para regular la expresión de secuencias codificantes de RNAasa, DTA, Turf13, pectato liasa, gin recombinasa, iaaL y cyta toxin. Y producir plantas macho estériles de arroz, trigo, maíz o sorgo.	DF

510015	P000100474	03/02/99	Plantas transgénicas.	Método para atenuar los efectos de la introgresión de un rango genético mediante ingeniería genética de un cultivo a una maleza.	DF
510016	P000101206	17/03/99	Un polinucleótido, un promotor de tejido reproductor de plantas, una construcción de adn y la planta transgénica obtenida	Promotor PrAG1 específico de tejidos reproductivos de Pinus radiata para ser utilizado en la producción de pinos y eucaliptos estériles por la expresión de un gen letal para esas células.	DF
510017	P010100655	14/02/00	Método para influir el desarrollo polínico por modificación del metabolismo de la sacarosa	Secuencia de ADN que codifica una sacarosa isomerasa expresable en anteras o polen produciendo plantas transgénicas masculinas estériles .	D
510018	P010104519	26/09/00	Secuencias de nucleótidos que intervienen en la fertilidad masculina en plantas y método de uso de las mismas	Secuencias de nucleótidos que intervienen en la fertilidad masculina en plantas, moléculas de ADN y secuencias de aminoácidos de las mismas. También se identifican secuencias promotoras y las regiones esenciales de las mismas. Las secuencias de nucleótidos son de utilidad para manipular la fertilidad masculina en plantas	C
510019	P010104811	14/10/00	Sistema de muerte celular en plantas	Gen RIP aislado de maíz que codifica para una proteína inhibidora de ribosoma. El gen se inserta en un constructo de expresión que comprende un promotor inducible.	En trámite
510020	P010104812	14/10/00	Sistema de muerte celular en plantas	Un constructo de expresión que produce muerte celular. El constructo comprende: un gen aislado de la hierba de carmín (Phytolacca americana) que codifica para tres proteínas antivirales PAP <sup>1</sup> , PAP-S y PAP II. El constructo comprende dos genes: un gen de una proteína antiviral de hierba carmín desactivada y un gen activador del primero. Ambos genes son disparados por promotores inducibles. El constructo comprende además el sitio de clivaje de la proteasa N1a del virus "etch" de tabaco (TEV) ubicado entre la proteína antiviral de hierba carmín y la secuencia bloqueante.	A
510021	P010105737	08/12/00	Modificación de la expresión del gen de la sacarosa sintetasa en tejidos vegetales y usos de las misma	Métodos y medios para obtener plantas con esterilidad masculina, plantas con frutos sin semillas o modular la calidad de las fibras en plantas productoras de fibras tal como algodón, mediante la modulación de la actividad sacarosa sintetasa.	C
510022	P030100785	08/03/02	Procedimiento de producción de semillas híbridas de maíz	Método de producción y multiplicación de plantas de maíz con esterilidad masculina nuclear artificial (AMS). Estas plantas son homocigotas para un transgen que confiere esterilidad masculina y heterocigotas para un gen de restauración de la fertilidad ligado a un marcador de fenotipo "grano pequeño". Las mismas se obtienen al: a) cruzar una planta masculina estéril heterocigota para el transgen AMS con una planta restauradora de la fertilidad que comprende en su genoma un gen de restauración de la fertilidad ligado a un marcador de fenotipo "grano pequeño", b) seleccionar por el fenotipo "grano pequeño" las semillas de maíz que comprenden en su genoma un gen de restauración de la fertilidad, c) autofecundar las plantas resultantes de las semillas seleccionadas en la etapa (b), d) seleccionar las semillas homocigotas para el transgen AMS y heterocigotas para el gen de restauración.	DF
510023	P040104699	16/12/03	Transgenes supresores de genes dominantes y métodos de uso de los mismos	Método para producir esterilidad masculina en progenie de plantas de maíz. El método comprende cruzar dos plantas fértiles que contiene inactivado el gen de fertilidad BS7 o SB200. La inactivación de esos genes se logra expresando una molécula de ácido nucleico exógena que codifica una molécula de hpARN, en los tejidos reproductivos	En trámite

				masculinos. Además se protege el gen MS45 restaurador de la fertilidad masculina.	
510024	P050103987	22/09/04	Construcciones de ablación reproductiva	Un método para conferir esterilidad reproductiva a una planta sin alterar el crecimiento vegetativo que comprende: i) un promotor con actividad con preferencia por los tejidos reproductores masculinos ligado a un gen aislado de la enzima barnasa ( <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> ) y ii) un promotor no específico ligado a un gen barstar. Se señala interés de la invención para <i>Eucalyptus</i> o <i>Pinus</i> . Además se protege la enzima de barnasa aislada.	En trámite
510025	P060102747	24/06/05	Secuencias de nucleotidos que median en la fertilidad masculina de las plantas y método para usarlas	Método para producir plantas de maíz con esterilidad masculina por el silenciamiento del gen Ms26, de manera que dichas plantas son constitutivamente estériles. La introducción de un segunda secuencia de Ms26 bajo control de un promotor inducible, permite revertir el fenotipo en forma controlada.	En trámite

## 5.2.0. Metabolismo Secundario

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
520001	P970103979	09/08/97	Construcción de ADN, método para mejorar la producción de tocofenoles, compuestos carotenoides y aceites par fines específicos en semillas vegetales, la utilización de la expresión de genes de carotenoides en el rastreo de transformados, plantas y semillas.	Método para incrementar el contenido de carotenoides de una planta por la expresión heteróloga del gen isopentenil difosfato, geranilgeranil pirofosfato, fitoeno sintetasa y/o fitoeno desaturasa. Las plantas señaladas son brassica, algodón, soja y girasol, entre otras.	A
520002	P980105393	29/10/97	Secuencia de ácidos nucleicos, alelos, molécula de ácidos nucleicos, proteína y microorganismo que influye en el contenido de tocoferol en plantas y/o células vegetales transgénicas, dichas plantas y/o células vegetales transgénicas o sus partes y productos, y un procedimiento para su elaboración	Procedimiento para aumentar el contenido de tocoferol en plantas transgénicas a través de la expresión del gen de la enzima geranilgeranil reductasa de <i>Nicotiana tabacum</i> . Se presentan ejemplos en tabaco.	A
520003	P980106415	16/12/97	Producción de lignina siringilica en gimnospermas	Método para modificar la estructura de la lignina de gimnospermas (con interés en pino loblolly) a través del incremento de monómeros siringílicos, por la expresión de las secuencias codificantes de las enzimas FA5H-1 y 2, bi-O-metil transferasa o 4-cumarato CoA ligasa (4CL) de <i>Liquidambar styraciflua</i> , bajo regulación de los promotores de los genes de fenilalanina amonio ligasa o 4CL 1B o 3B de <i>Pinus taeda</i> .	N
520004	P990101854	24/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica un polipéptido de por lo menos 40 aminoácidos, que tiene al menos un 80% de identidad, basado en el método clustal de alineamiento, con una enzima de la biosíntesis de carotenoides en semillas y plantas, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, método para alterar el nivel de expresión de dicha enzima, métodos para obtener dicho fragmento, productos obtenidos por dichos métodos y método para evaluar	Dos secuencias de ADN, aisladas de soja, que codifican para las enzimas fitoeno sintetasa y zeaxantina epoxidasa, reguladoras de la biosíntesis de carotenoides y utilizables para su expresión en plantas. Método para incrementar o disminuir el nivel de esas enzimas y alterar los niveles de zeaxantina.	DV

			al menos un compuesto por su habilidad para inhibir la actividad de dicha enzima		
520005	P990101902	24/04/98	Fragmento aislado de ácidos nucleicos que codifica enzimas de la biosíntesis de carotenoides, gen quimérico, célula huésped transformada, polipéptido, métodos para alterar el nivel de expresión de dichas enzimas, métodos para obtener dicho fragmento, productos que se obtienen por dichos métodos y método para evaluar la capacidad de un compuesto para inhibir la actividad de dichas enzimas	Dos secuencias de ADN, aisladas de arroz, que codifican para las enzimas fitoeno desaturasa o zeta caroteno desaturasa reguladoras de la biosíntesis de carotenoides y utilizables para su expresión en plantas. Método para incrementar o disminuir el nivel de esas enzimas y alterar los niveles de zeaxantina.	DF
520006	P000101958	27/04/99	Sobreexpresión de una secuencia de ADN que codifica para una 5-fosfato de 1-desoxi-d-xilulosa-reductoisomerasa en plantas	Una secuencia de ADN de Arabidopsis thaliana que codifica la 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate reductoisomerase (DXPRI), para producir plantas con contenidos elevados de tocoferol, carotenos, vitamina K, Chlorophyll y pterterpene. La invención se puede utilizar en arroz, centeno, girasol, papa, algodón, tomate, caña de azucar, alfalfa, canola, soja, etc.	A
520007	P000102199	07/05/99	Ácidos nucleicos y polipéptidos de la fitil/preniltransferasa, y usos de los mismos	Secuencias de ADN de maíz que codifican para las enzimas fitil/preniltransferasa, reguladoras de la síntesis de tocoferol y plastoquinina, y utilizables para su expresión en plantas. Método para incrementar el nivel de esas enzimas y alterar los niveles de tocoferol y plastoquinina. La invención puede utilizarse en: soja, sorgo, canola, alfalfa, Brassica, manzana, papa, arroz, girasol, maíz, Arabidopsis thaliana, etc.	DF
520008	P000103001	17/06/99	Procedimiento para obtener plantas con un mayor contenido de flavonoides y compuestos fenólicos.	Método para aumentar el contenido en flavonoides en una planta transgénica por la reducción de la expresión del gen codificante de la enzima flavanona 3 hidroxilasa. La invención es aplicable a uva, cerezas, ciruelas, tomates, frutillas, berries, etc.	DF
520009	P000104140	10/08/99	Acumulación de poliaminas en plantas	Un método para producir una planta transgénica con niveles elevados de poliaminas putrescina, spermidina o spermina, a través de 1) la expresión aumentada de las enzimas arginina decarboxilasa u ornitina decarboxilasa por el empleo de promotores como ubiquitina 1 y 2) la inhibición del catabolismo de esas poliaminas a través de la expresión de versiones antisentido de las secuencias codificantes de las enzimas diamina oxidasa o polyamina oxidasa, utilizando promotores como CaMV o ENOD. La invención mejora el crecimiento y desarrollo de una planta monocotiledónea o dicotiledónea.	DF
520010	P000103954	11/08/99	Cassette de expresión; vector recombinante que lo comprende; microorganismo que comprende este último; uso del vector o del microorganismo para transformar una planta; plantas transgénicas; uso del cassette de expresión, vector, microorganismo o planta transgénica para obtener tocoferoles y proceso de preparación de tocoferoles.	Un cassette de expresión compuesto por: secuencia de ADN que codifica la enzima 4-hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD), para mejorar la síntesis de tocoferol, y unida operativamente a una secuencia de ADN que codificación de un péptido de tránsito específico de organela de una planta. Un vector recombinante que comprende al menos un cassette de expresión de acuerdo con lo descrito. Transformación mediada por Agrobacterium tumefaciens. Método para la obtención de plantas transgénicas.	DF
520011	P000106284	01/12/99	Molécula de ADN que codifica una UDP-glucosa; Aglicon-glucosiltransferasa, UDP-glucosa: aglicon-glucosil-transferasa, método para el aislamiento de una UDP-glucosa: aglicon-glucosil-transferasa, método para producir UDP-glucosa: aglicon-glucosiltransferasa recombinante pura, planta transgénica y	Secuencias de ADN que codifican para UDP-glucosa:aglicon glucosil transferasa que conjuga cinhidridinas y terpenoides con glucosa y cuya expresión en una plantas transgénica permite modular la síntesis de los correspondientes glucósidos involucrados en aromas, sabores y colores de productos de origen vegetal.	DV

			método para obtener una planta transgénica		
520012	P000106693	16/12/99	Genes de moho y algas que codifican proteínas que intervienen en las síntesis de tocoferoles y carotenoides	Secuencias de ADN de <i>Physcimitrella patens</i> o <i>Ceratodon purpureus</i> , que codifican las enzimas <i>y-topherol-methyltransferase</i> ( <i>gamma-TMT type 1</i> ), <i>2-methyl-6-phytylplastoquinol methyltransferase</i> ( <i>gamma-TMT type II</i> ) y/o <i>4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase</i> , reguladoras de la biosíntesis de tocoferoles y carotenos y utilizables para su expresión en plantas. Método para incrementar o disminuir el nivel de esas enzimas y alterar los niveles de tocoferoles y carotenos en planta.	A
520013	P010101585	03/04/00	Expresión y purificación de polipéptidos bioactivos auténticos a partir de plantas.	Método para producir citoquinas en plantas transgénicas y la purificación a partir de las mismas. Comprende la producción de TGF-beta, PDGF, EGF, VEGF, FGF, hGH, G-CSF y quemoquinas,	DF
520014	P010103757	07/08/00	Genes de la vía del fosfato de metil-D-eritritol.	La presente invención proporciona e incluye ácidos nucleicos, proteínas y anticuerpos asociados con los nuevos genes de la vía MEP. La invención abarca además métodos que utilizan tales moléculas, por ejemplo en el aislamiento de genes, el análisis de genes y la producción de plantas transgénicas. La presente invención también incluye plantas transgénicas modificadas para expresar proteínas asociadas con la vía MEP (producción de tocoferol)	En trámite
520015	P010100986	01/03/01	Manipulación de niveles de tocoferol en plantas transgénicas	Un constructo de expresión que comprende una secuencia de <i>Synechocystis</i> que codifica para la enzima <i>2-methyl-6-phytylplastoquinol/2-methyl-6-solanylplastoquinol-9 methyltransferase</i> , reguladora de la biosíntesis de tocoferoles en plantas. Su expresión en una planta transgénica reemplaza el delta tocoferol por gama tocoferol.	DF
520016	P020100855	09/03/01	Procedimiento para preparar vitamina E, construcción de ácido nucleico, combinación de construcciones de ácido nucleico, procedimiento para preparar organismos genéticamente modificados, uso de estos últimos y uso de ácidos nucleico, construcciones de estos y combinaciones de construcciones en dicho procedimiento.	Un procedimiento para producir vitamina E en plantas que comprende transformar una planta con una secuencia de ADN de <i>Rattus norvegicus</i> que codifica una enzima <i>tirisinaminotransferasa</i> ; una secuencia de... Estas plantas, presentan un mayor actividad de la <i>hidroxifenilpiruvato-dioxygenasa</i> , actividad de la <i>homoenil-pirofosfato-oxidoreductasa</i> , actividad de la <i>geranilgeranil-pirofosfato-oxidoreductasa</i> , actividad de la <i>2-metil-6-fitilhidroquinon-metiltransferasa</i> , actividad de la <i>tocopherolciclara</i> y actividad de la <i>y-tocopherolmetiltransferasa</i> . Método para incrementar o disminuir el nivel de esas enzimas y alterar los niveles de tocoferoles en planta.	DF
520017	P020101690	09/05/01	Genes Tyra y usos de los mismos	Un casete de expresión que comprende: un promotor unido a una secuencia de ADN de <i>Erwinia herbicola</i> o <i>Escherichia coli tyrA</i> que codifican las enzimas con actividad <i>chorismate mutase</i> y <i>prephenate dehydrogenase</i> productoras de Vitamina E y utilizables para su expresión en plantas. Adicionalmente el casete de expresión con actividad <i>phytyl prenyltransferase</i> y <i>hydroxyphenylpyruvate dehydrogenase</i> y utilizables para su expresión en plantas. El casete de la invención es utilizable en: canola, maíz, <i>Arabidopsis</i> , <i>Brassica campestris</i> , <i>Brassica napus</i> , soja, <i>crambe</i> , <i>mustard</i> , <i>castor bean</i> , maní, sésamo, algodón, lino, girasol etc.	C



520018	P020102185	08/06/01	Modificación de los niveles de Nicotina y Nitrosamina en el tabaco	Una secuencia de ADN de <i>Nicotiana tabacum</i> que codifica todo o parte de la enzima quinolato fosforribosil transferasa reguladora de la biosíntesis de nicotina, y utilizables para su expresión en plantas. Las plantas transformadas con esta secuencia presentan una cantidad reducida de nicotina y/o nitrosaminas específicas de tabaco. Se señala interés para Burley, Flue u Oriental.	A
520019	P010105390	20/07/01	Regulación de la expresión de flavonoides en alfalfa usando genes reguladores de maíz	Una secuencia del gen Lc regulatorio de maíz que codifica una proteína reguladora de la biosíntesis de flavonoides, antocianinas y taninos condensados y su utilización en plantas de alfalfa, trébol blanco y otras leguminosas forrajeras para aumentar o disminuir los niveles de los flavonoides mencionados.	DF
520020	P030100946	19/03/02	Ácidos nucleicos y polipéptidos de homogentisato prenil transferasa (HPT) y usos de los mismos	Secuencias de DNA de soja, <i>Allium porum</i> , <i>Cuphea pulcherrima</i> , <i>Arabidopsis thaliana</i> u <i>Oryza sativa</i> que codifican la enzima homogentisato prenil transferasa y su expresión en plantas para incrementar el contenido de tocofenoles. Su expresión es de interés en canola, maíz, soja, <i>Arabidopsis</i> , <i>Phaseolus</i> , maní, alfalfa, trigo, sorgo, algodón, <i>aucalyptus</i> , girasol, <i>Brassica napus</i> , café, etc.	C
520021	P030100939	22/03/02	Composiciones y métodos para alterar el contenido de tocotrienoles	Secuencia de DNA de <i>Hordeum vulgare</i> que codifica la enzima homogentisato geranilgeranil transferasa y su expresión en plantas para incrementar el contenido de tocotrienoles. Se señala interés para transformar maíz, trigo, arroz, sorgo, centeno, soja, <i>Brassica sp</i> , alfalfa, girasol, algodón, maní y papa.	DF
520022	P020103128	20/08/02	Genes de metiltransferasa y usos de los mismos	Secuencias de ácidos nucleicos que codifican enzimas que intervienen en la biosíntesis de tocoferoles. Las secuencias fueron aisladas de: <i>Arabidopsis thaliana</i> , <i>Oryza sativa</i> , <i>Goseypium hirsutum</i> , <i>Cuphea pulcherrima</i> , <i>Brassica napus</i> , <i>Lycopersicon esculentum</i> , <i>Glycine max</i> , <i>tagete erecta</i> , <i>Sorghum bicolor</i> y <i>Zea mays</i> , entre otras. Estas codifican para las enzimas tyrA, slir1736, ATP2, dxs, dxr, GGPPS, HPPD, GMT, MTA, tMT2, AANT11, slr1737 y un constructo antisentido homogentisic acid dioxygenase. Método para incrementar el contenido de gamma-tocoferol y alfa-tocoferol a través de su expresión en plantas transgénicas de canola, maíz, <i>Brassica campestris</i> , <i>Brassica napus</i> , soja, maní, sésamo, girasol, etc.	En trámite
520023	P020104034	24/10/02	Metiltransferasa aromáticas y usos de las mismas	Secuencias de los genes tocoferol metil transferasa y tyrA, slr1736, HPT, GMT, tocoferol ciclasa, dxs, dxr, GGPPS, HPPD, AANT1, slr1737, IDI y GGH que codifican enzimas involucradas en la síntesis de tocoferol y cuya expresión en plantas transgénicas permite modificar el contenido del mismo. Se señala su interés para transformar alfalfa, brassica, , algodón, maíz y soja, entre otros.	DF
520024	P040101917	04/06/03	Método para reducir los efectos perniciosos de la nicotina administrada por vía oral o dérmica.	Método para obtener tabaco con contenido reducido en nicotina por expresión reducida de las enzimas quinolato fosforribosil transferasa, putrecina n-metil transferasa, n-metilputrcina oxidasa, ornitina decarboxilasa, SAM sintetasa, NADH dehidrogenasa o fosforribosilantranilato isomerasa.	A
520025	P070100292	23/01/06	Métodos y composiciones para modular el contenido de tocol.	Método para obtener una planta transgénica con un incremento del contenido de tocol con dominio tipo LEC1 B que se introduce la secuencia de ADN que codifica un polipéptido con un dominio B tipo LEC1.	A

### 5.3.0. Biofábricas

Nro INTA	Nro Solicitud	Fecha de Prioridad	Título	Descripción	Estado
530001	P970101956	09/05/96	Plantas transgénicas que expresan la glicoproteína G de la rabia y glicoproteínas así obtenidas	Gen que codifica para la glicoproteína G de la rabia y método para producir una planta transgénica. Constructo de expresión que comprende la secuencia codificante de la glicoproteína G de la rabia y una secuencia que codifica un péptido señal N-terminal de origen vegetal. Además se caracteriza y se protege la glicoproteína.	A
530002	P980103428	14/07/97	Secuencia de ADN que codifica para un gen de Hidroxifenilpiruvato-dioxigenasa y su sobreproducción en plantas.	Secuencia de ADN que codifica la enzima HPPD. Materiales y métodos para construir un vector de expresión que sobreexpresa la enzima para elevar el contenido de vitamina E en la planta. Método de obtención de la planta transgénica, en especial Nicotiana tabacum cv. Xanthi y Hordeum vulgare. Método para identificar inhibidores de HPPD y generar plantas transgénicas resistentes a herbicidas inhibidores de HPPD utilizando el vector de expresión.	A
530003	P000105350	13/10/99	Inmunología oral basada en un producto vegetal que contiene un antígeno de superficie de la hepatitis	Un método para obtener una inmunorespuesta humana al antígeno de la superficie de la hepatitis B (HbsAg) que comprende proveer al humano determinadas cantidades de papa genéticamente modificada que expresa dicho epitope.	DF
530004	P000105352	13/10/99	Inmunología oral basada en un producto vegetal que contiene un antígeno de patógeno no enterico	Un método para obtener una inmunorespuesta humana al antígeno de la superficie de la hepatitis B (HbsAg) que comprende proveer al humano determinadas cantidades de papa genéticamente modificada que expresa dicho epitope.	DF
530005	P010103057	29/06/00	Procedimiento para la obtención de químicos finos por cultivo de organismos que presentan una vía de shikimato modificada, composición de ácido nucléico, uso de dicho ácido nucléico para la obtención de plantas transgénicas, organismo genéticamente modificado, procedimiento para la producción del mismo y uso de dicho organismo genéticamente modificado.	Preparación de productos químicos finos (I) mediante cultivo de organismos en la que ha sido la vía de shikimato (SP) modificados con respecto al tipo salvaje. Reivindicaciones independientes también se incluyen para lo siguiente: (a) construcción de ácido nucleico (A1) que contiene una secuencia que codifica (i) un péptido de tránsito de plástido (PTP), y (ii) un ácido 265 aminoácidos (aa) secuencia (4), reproducido, o sus derivados (formado por sustitución, inserción o delección de aa) o secuencias con homología al menos 30% en el nivel de AA y que tiene actividad corimato mutasa (CM), (b) construcción de ácido nucleico (A2) que contiene una secuencia que codifica CM y / o prefenato deshidrogenasa (PH), unida a al menos una secuencia reguladora de la transcripción o la traducción en las plantas, (c) los organismos modificados genéticamente (B) en el que el flujo de metabolito en la SP, y por lo tanto el contenido de (I), se alterados con respecto al tipo salvaje, y (d) método para la preparación de (B).	A
530006	P010102874	15/06/01	Un método para la elaboración de glicoproteínas que tienen una glucosilación de tipo humano	Método para producir, en plantas, una glicoproteína que tiene una cadena de azúcar de tipo humano y que comprende transformar una planta con una secuencia de ADN que codifica para una proteína de interés y otra que codifica una glicosiltransferasa de mamífero. La glicosiltransferasa puede ser una beta 1,4-galactosiltransferasa, manosidasa I o II o N-acetilglucosaminiltransferasa I. Se señala para la papa, tabaco, tomate, arroz, maíz, soja, alfalfa, rábano, espinaca y guisante.	DF
530007	P020104379	14/11/01	Anticuerpos Anti-il-6, sus usos composiciones, métodos y usos	Una secuencia de ADN que codifica un anticuerpo anti-IL-6 quimérico y humanizado, derivado del anticuerpo CLB-8 murino y expresable en plantas.	C

530008	P030100953	19/03/02	Optimización de procesamiento de glicoproteína en plantas	Secuencias de ADN que codifican glicosiltransferasas de fusión conformadas por fragmentos de origen vegetal y fragmentos de mamíferos, hongos, anfibios o peces. Estas enzimas quiméricas tienen la capacidad de catalizar la glicosilación de proteínas con glicanos del complejo tipo bi-antenarios con residuos de galactosa y sin fucosa ni xilosa. Asimismo la porción vegetal de la enzima quimérica asegura su operatividad en plantas.	En trámite
530009	P030100954	19/03/02	Expresión de GnTIII en plantas	Secuencia de DNA que codifica para la enzima N-acetilglucosaminiltransferasa III (GnTIII) humana para la producción en plantas transgénicas de glicoproteínas recombinantes con patrón de glicanos del tipo complejo de mamíferos y ausencia de xilosa y fucosa.	En trámite
530010	P030102330	28/06/02	Producción de péptidos y proteínas por acumulación de cuerpos protéicos derivados de retículo endoplasmático en plantas.	Método para producir proteínas heterólogas en plantas transgénicas donde se consigue estabilizar el producto por la fusión del mismo con un fragmento de una gamma zeína de manera que las proteínas de fusión se compartimentalizan en organelas llamadas cuerpos proteicos derivadas del retículo endoplasmático. La proteína de interés puede luego clivarse enzimáticamente de manera de separarla del fragmento de zeína.	C
530011	P040100261	31/01/03	Antígenos recombinantes del virus de la Hepatitis A obtenidos en células vegetales	Antígenos recombinantes del virus de la Hepatitis A obtenidos del citosol de plantas transformadas con construcciones genéticas que contienen genes quiméricos del VHA. Los antígenos se caracterizan porque contienen solamente pentámeros o pentámeros y envolturas vacías. El antígeno puede ser administrado por vía parental u oral, El constructo génico puede expresarse en monocotiledóneas y dicotiledóneas. Se señala especial interés para zanahoria, arroz, tabaco y plantas con frutos comestibles.	A
530012	P040100270	31/01/03	Anticuerpos de virus anti-dengue. Composiciones y métodos de uso.	Secuencias de nucleótidos que codifican para cadenas pesadas y livianas de anticuerpos contra una proteína del virus del Dengue, expresables en modelos eucariotas, entre ellos plantas transgénicas.	A
530013	P040101520	05/05/03	Composiciones inmunoprolácticas y terapéuticas estables derivadas de células vegetales transgénicas y métodos para su producción	Método para expresar antígenos vacunales en células vegetales transgénicas. Se describen para ello antígenos del virus de Newcastle, de la bursitis infecciosa y de la influenza aviar. El casete de expresión descrito puede utilizarse en monocotiledóneas o dicotiledóneas	DF
530014	P040101521	06/05/03	Vectores y células para la preparación de composiciones inmunoprotectoras derivadas de plantas transgénicas	Secuencia de DNA que codifica la proteína HN del virus de Newcastle, optimizadas a codones vegetales para su expresión en plantas. La invención es utilizada para la producción de vacunas en plantas. Se señala interés en papa, tomate y tabaco.	En trámite
530015	P040102114	17/06/03	Un método para la expresión de insulina en semillas de vegetales, una planta con capacidad para obtener semillas, una semilla vegetal, una secuencia de ácido núcleo y su uso	Método para la producción de insulina en semillas. El método comprende: 1) un promotor capaz de controlar la expresión en raíz, 2) una secuencia que codifica para un polipéptido insulínico y 3) una secuencia que codifica para un polipéptido con capacidad de retener al polipéptido insulínico en un compartimento intracelular delimitado por membrana (organela de almacenamiento derivada del RE que preferencialmente es un cuerpo aceitoso). Se puede utilizar para monocotiledóneas o dicotiledóneas, preferencialmente en plantas aceitosas (Cártamo, lino o Arabidopsis).	C
530016	P040102766	04/08/03	Anticuerpos dirigidos a C-Met.	Secuencias de ácidos nucleicos aisladas y sintéticas que codifican para un anticuerpo (anti-c.Met) humano que inhibe la expresión de c-Met, disminuyendo el desarrollo tumores u otras vías relacionadas con enfermedades como cáncer. Método para expresar dichos secuencias nucleotídicas en plantas. Método para aislar las secuencias de las plantas transgénicas que	DF

				expresan.	
530017	P040102977	19/08/03	Productos de tabaco con exposición reducida.	Un cigarrillo compuesto por una Nicotina tabacum transgénica con mayor contenido de nicotina que expresa una secuencia de ADN que regula la producción de nicotina y una relación de producción de alquitrán a nicotina de entre 3 y 8 (método FTC o ISO). Método para la elaboración de un cigarrillo y obtención de Nicotina transgénica.	En trámite
530018	P040102032	06/11/03	Polipéptidos antimicrobianos	Polipéptidos con actividad antimicrobiana que comprenden al menos 19 aminoácidos seleccionados de forma independiente de formas D o L. En una realización preferida el huésped es una célula fúngica (levadura o filamentosa). Puede utilizarse en monocotiledónea (pastos, forrajes, céspedes y cereales) o dicotiledónea (tabaco, papa, remolacha, legumbres, plantas crucíferas y Arabidopsis thaliana). Los polinucleótidos pueden utilizarse para combatir cualquier foco de sujeción a contaminación por bacterias, hongos, levadura o algas.	C
530019	P040102033	06/11/03	Polipéptidos antimicrobianos	Polipéptidos con actividad antimicrobiana que comprenden al menos 18 aminoácidos seleccionados de forma independiente de formas D o L y que se prolongan por la secuencia de aminoácidos R-W-L. En una realización preferida, el primer aminoácido de la secuencia de aminoácidos es glicina. En una realización preferida el huésped es una célula fúngica (levadura). Puede utilizarse en monocotiledónea (pastos) o dicotiledónea (tabaco, soja, papa etc.). Los polinucleótidos pueden utilizarse en alimentos para animales.	DF
530020	P040104214	14/11/03	Métodos de producción de apolipoproteínas en las plantas transgénicas	Método para expresar apolipoproteínas en Arabidopsis y en cártamo. El método comprende transformar dichas plantas con un constructo de expresión que comprende: a) un promotor constitutivo específico de semilla y, b) una secuencia de ácido nucleico que codifica para un polipéptido de apolipoproteína y/o proapolipoproteína (humana, bovina o porcina). Adicionalmente se utiliza c) un polipéptido estabilizador y d) un péptido señal. Se prefiere utilizar como explano células de semilla.	En trámite
530021	P030104373	27/11/03	Producción de inmunoglobulinas en plantas con una fucosilación reducida.	Inmunoglobulina producida por plantas transgénicas que posee al menos un glicano afucosilado (sin fucosa) unido a la inmunoglobulina. Materiales y métodos la obtención de vectores de expresión, plásmidos, plantas transgénicas que producen la inmunoglobulinas.	DF
530022	P050100053	09/01/04	Anticuerpos contra MadCAM	Secuencias de ADN que codifican para un anticuerpo humano anti MadCAM (molécula de adhesión celular de adhesina mucosal) expresable en plantas transgénicas.	En trámite
530023	P040101094	01/04/04	Cassettes de ADN para la expresión de proteínas inmunogénicas del virus de la enfermedad de newcastle, vectores que los contienen, células vegetales, plantas transgénicas, composiciones de vacunas y métodos para elaborar dichas composiciones	Cassettes de ADN que codifican para las proteínas hemoaglutinina-neuraminidasa (HN) o la proteína de fusión (F) del virus de la enfermedad de Newcastle para su expresión en plantas transgénicas. Las plantas transgénicas o partes de las mismas se pueden utilizar como composiciones de vacunas comestibles o para la elaboración de composiciones de vacunas inyectables para inmunizar animales contra el virus de la enfermedad de Newcastle.	C
530024	P040102842	09/08/04	Construcciones de ADN que codifican cápsides vacías del virus de la aftosa, vectores, plantas transgénicas, células vegetales, composiciones de vacunas, composiciones alimenticias y métodos para expresar en plantas dichas cápsides vacías	Construcciones de ADN que codifican cápsides del virus de la fiebre aftosa que poseen actividad inmunogénica, métodos para expresar en plantas transgénicas dichas cápsides vacías y composiciones de vacunas y alimenticias que son útiles para inmunizar animales contra el virus de la fiebre aftosa.	En trámite

530025	P050101276	24/09/04	Mimeticuerpos de GLP-1 humanos, composiciones y usos	Secuencia de ADN que codifica para un mimeticuerpo de GLP-1 humano. Métodos para producirlos en plantas transgénicas y composiciones que lo contienen, utilizables para diagnóstico y tratamiento de la diabetes tipo 2.	DF
530026	P050104747	12/11/04	Polipéptidos que tienen actividad antimicrobiana y polinucleótidos que los codifican.	Polipéptido con actividad antimicrobiana de origen bacteriano o fúngico y del tipo defensiva, para ser expresado en células de cualquier tipo y utilizarse, en forma purificada, por su acción microbicida.	DF
530027	P050104869	19/11/04	Polipéptidos con actividad antimicrobiana y polinucleótidos que los codifican.	Polipéptidos con actividad antimicrobiana de origen bacteriano o fúngico y del tipo defensiva, para ser expresados en células de cualquier tipo y utilizarse, en forma purificada, por su acción microbicida.	DF
530028	P050104995	29/11/04	Producción de proteínas de fusión recombinante dentro de ensamblajes similares a cuerpos proteicos recombinantes (ESCPR)	Secuencias de ADN y procedimientos para preparar proteínas de fusión que se expresan como un ensamblaje recombinante similar a cuerpos proteicos recombinantes en células de plantas no superiores. Esta proteína de fusión contiene dos secuencias fusionadas en las que una es una secuencia inductora de cuerpos proteicos (heteróloga con respecto al hospedador) y la otra es la secuencia de un producto de interés.	N
530029	P050105433	30/12/04	Vacuna para aumentar el crecimiento basada en epítopes neutralizantes	Proteína de fusión expresable en plantas transgénicas conformado por una proteína de envoltura de virus vegetal y un dominio inmunogénico del péptido Factor 8 de Crecimiento y Diferenciación (GDF8) que actúa como inmunógeno donde los anticuerpos que induce en un animal que lo recibe promueven el crecimiento del músculo esquelético de dicho animal dado que el GDF8r endógeno, naturalmente, inhibe ese crecimiento.	En trámite
530030	P060101082	18/03/05	Polipéptidos con actividad antimicrobiana y polinucleótidos que los codifican.	Polipéptidos con actividad antimicrobiana de origen bacteriano o fúngico y del tipo defensiva para ser producidos, por ejemplo, en plantas transgénicas y con aplicación en terapias medicinales.	En trámite
530031	P060102345	06/06/05	Polipéptidos con actividad antimicrobiana y polinucleótidos que los codifican.	Polipéptidos con actividad antimicrobiana de origen bacteriano o fúngico, del tipo defensiva, para ser expresados, por ejemplo, en plantas transgénicas y aplicación en terapias medicinales.	En trámite
530032	P060103709	26/08/05	Polipéptidos con actividad antimicrobiana y polinucleótidos que los codifican.	Polipéptidos con actividad antimicrobiana de origen bacteriano o fúngico para ser expresados, por ejemplo, en plantas transgénicas y utilizados como suplemento dietario en feedlot por su acción microbicida.	En trámite

## Anexo 2

**Tabla 6: Número de documentos de patentes respecto a cada solicitante.**

Solicitante	Nº documentos de patentes
Monsanto	94
Alianzas	73
Pioneer	63
BASF	60
Du Pont	51
Univ. Extranjeras	46
Syngenta	33
Bayer	24
Dow	17
Rhone-Poulenc	17
Cropdesign	16
Mycogen	16
Novartis	16
Advanced	12
Athenix	12
Calgene	12
Agrinomics	11
Zeneca	11
Ciba- Geigy	8
Novozymes	7
Arbogen	6
Dekalb	6
INTA	6
IPK	6
Plant Genetic	6
Sembiosys	6
American Cyanamid	5
Aventis	5
Renissen	5
Sungene	5
Chatellard	4
Commonwealth	4
Japan Tobacco	4
Mendel	4

Metanomics	4
Sumitomo	4
Temasek	4
Biocem	3
Ecogen	3
ERA	3
Min. Agri. Canada	3
Performance	3
RHOBIO	3
Unilever	3
Abbott	2
Arcadia	2
Boehringer	2
Cent. Ing Gen-Biotec	2
Centocor	2
Cornell	2
Divergence	2
Genplante-Valor	2
INRA	2
Inst. Agrobiology	2
John Innes	2
Schockey & Browse	2
Secre. Agri. US	2
Senesco	2
Vector Tobacco	2
Westvaco	2
22ND Century	1
Adisseo	1
Agri. Center Japan	1
Ajinomoto	1
Asgrow Seed	1
Avebe	1
Bao	1
BC Research	1
Bioceres	1
Biogemma	1
Bioriginal	1
Boyce	1
British Group	1
BTG	1
Chemie Linz	1
Cigan et al	1
Cimaglio	1
Cold Spring	1

CONICET	1
Consejo Sup. Inv.	1
Delta & Pine	1
Demegen	1
Doan & Linstad	1
Eden	1
Embapra	1
Evogene	1
Expressive	1
Gemstar	1
Genesis	1
GINESTRA	1
Greenovation	1
Health	1
Icon	1
Imperial Chemical	1
Inst. New Zeland	1
Inst. Singapore	1
International Paper	1
Janey, Barbour & Meyer	1
Kazusa	1
Max Planck	1
Midwest	1
Mogen	1
Molecular Genetics	1
National Strach&Chemical	1
Nickerson	1
Nippon Paper	1
Noble Foundation	1
Phytoculture	1
Powdereject	1
Ptoduits Nestles	1
Purdue Foundation	1
Research & Develop	1
Rohm & Haas	1
Salk Institute	1
Seminis	1
Shell	1
Soremartec	1
Suzano	1
Total Raffinage	1
Toyo Boseki	1
United Agri. Prod.	1
Valigen	1



Van der Haven	1
Verdia	1
Virgin Cotton	1
Viscum	1
Vitallity	1
Washinton Foundation	1