

REPÚBLICA DE COLOMBIA
SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

Señor (a)
ILLUMINA, INC.
mde@mdelaw.com

Asunto: PATENTE DE INVENCION – PCT

Patente de Invención	PT	Patente de Modelo de Utilidad			
Vía Nacional					
Vía PCT (Fase Nacional)	PCT	Capítulo I	X	Capítulo II	
No. Solicitud Internacional	PCT/US2015/015939				
Fecha de Presentación Internacional	13 de febrero de 2015				

Como resultado del examen de fondo realizado, con fundamento en el Artículo 45 de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se comunica:

1. Documentos estudiados

Descripción:	NC2016/0001634	6 de septiembre de 2016
Reivindicaciones:	NC2016/0001634	6 de septiembre de 2016
	NC2016/0001634	27 de enero de 2017
Dibujos:	NC2016/0001634	6 de septiembre de 2016
Listado de secuencias:	NC2016/0001634	6 de septiembre de 2016
Prioridad(es):	País: US, ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA Número: 61/940,942 Fecha: 18 de febrero de 2014	
	País: US, ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA Número: 62/103,524 Fecha: 14 de enero de 2015	
	País: US, ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA Número: 62/043,060 Fecha: 28 de agosto de 2014	

2. Análisis de la Prioridad

Se acepta la reivindicación de prioridad porque esta solicitud fue presentada dentro del plazo establecido y el contenido técnico de esta solicitud corresponde con el de la prioridad reivindicada.

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

3. Objeto de la invención

De acuerdo con lo establecido en el numeral 1.2.2.2 del Capítulo Primero del Título X de la Circular Única para efectos del examen de patentabilidad, se tendrá en cuenta la tasa pagada por el solicitante al momento de comenzar el examen para las reivindicaciones adicionales; esto es que cuando la solicitud contenga más de diez (10) reivindicaciones y no se haya pagado la tasa complementaria, sólo se estudiarán las cubiertas por la tasa pagada. En el presente caso, se estudiarán las reivindicaciones 1 a 66 del capítulo reivindicatorio (Radicado NC2016/0001634 del 27 de enero de 2017).

Título de la solicitud: "MÉTODOS Y COMPOSICIONES PARA EL PERFILADO DE ADN".

El problema planteado en esta solicitud consiste en la necesidad de proporcionar un perfil de ADN completo e integral de un individuo.

Para resolver este problema técnico, la solicitud en estudio proporciona un método para construir una biblioteca de ácido nucleico que comprende: proporcionar una muestra de ácido nucleico, y amplificar la muestra de ácido nucleico con una pluralidad de cebadores seleccionados de entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO. 1 a 402, que hibridan específicamente con la al menos una secuencia diana que comprende un polimorfismo mononucleotídico (SNP) y al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem en una reacción multiplex para generar productos de amplificación, construyéndose de este modo una biblioteca de ácidos nucleicos, en el que cada uno de la pluralidad de cebadores que hibrida con la al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem tiene una baja temperatura de fusión, tiene una longitud de al menos 24 nucleótidos, o es rica en AT, o una combinación de los mismos.

El objeto de la presente solicitud se relaciona con la Clasificación Internacional de Patentes (CIP): C12Q 1/68.

4. Reivindicaciones relativas a un uso (Art. 14 D 486)

El uso de las reivindicaciones 42 y 43 no es patentable de acuerdo con el art 14, puesto que, a pesar de que los preámbulos mencionan *"Un método para uno o más identificación de biomarcadores de cáncer, identificación de anomalías genéticas o análisis de diversidad genética"* y *"Un método para uno o más bases de datos, medicina forense, investigaciones criminales, identificación de paternidad o identificación de personas"*, respectivamente, se reclama el uso del perfil de ADN en dichas aplicaciones.

5. De la solicitud de patente

Reivindicaciones (Art. 30 D 486, Art. 22 PCT)

Las reivindicaciones 1, 3, 6 a 12, 22 a 28, 30, 31, 38 a 41, 44 a 58 y 60 no son claras porque utilizan las expresiones *"al menos"*, *"pluralidad"*, *"baja temperatura de fusión"*, *"una o más"*, *"una secuencia diana corta"*, *"una secuencia diana larga"*, *"un producto de amplificación corto"*, *"un producto de amplificación largo"*, las cuales son imprecisas

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

y no permiten distinguir la invención del estado de la técnica. Se sugiere sustituirlas por un valor preciso o rango concreto.

Las reivindicaciones 1, 3, 27, 28, 30, 31, 44, 54, 55, 57, 58, 60 no son claras porque mencionan *"hibridan específicamente con la al menos una secuencia diana que comprende un polimorfismo mononucleotídico (SNP) y al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem en una reacción multiplex para generar productos de amplificación, construyéndose de este modo una biblioteca de ácidos nucleicos", "construyéndose de este modo el perfil de ADN de la muestra de ácido nucleico", "la pluralidad de cebadores hibrida específicamente con al menos 30 SNP", "la pluralidad de cebadores hibrida específicamente con al menos 50 SNP", "la pluralidad de cebadores hibrida específicamente con al menos 24 secuencias de repetición en tándem", "la pluralidad de cebadores hibrida específicamente con al menos 60 secuencias de repetición en tándem", "la amplificación de la muestra de ácido nucleico usando la pluralidad de cebadores en una sola reacción multiplex da como resultado al menos un producto de amplificación corto y al menos un producto de amplificación largo"*, los cuales corresponden a resultados a alcanzar y no definen el método, la pluralidad de cebadores ni el kit reclamado, puesto que las reivindicaciones incluirían no sólo la solución propuesta por el solicitante, sino todas las alternativas presentes o futuras que lleguen a ese resultado. Se sugiere reemplazarlos por las características esenciales que contribuyen a la obtención de ese efecto, esto es, la secuencia lógica de etapas y las condiciones técnicas del método, las SEQ ID NO de la pluralidad de cebadores o los componentes del kit.

Las reivindicaciones 60 a 66 carecen de sustento porque no se evidencia en la descripción el desarrollo del kit reclamado, la obtención de un reactivo para la reacción de amplificación ni la interacción entre dichos componentes que conformen una combinación verdadera, puesto que sólo se evidencia el desarrollo de los cebadores. Se le recuerda al solicitante que un kit de partes corresponde a una combinación de elementos que provienen de preparaciones individuales y forman una unidad funcional, cuya interacción directa genera un efecto sinérgico o un efecto técnico deseado, por lo que, la simple asociación de componentes no la convierte en una unidad funcional. Se sugiere restringir la solicitud a aquello que se encuentra debidamente sustentado en el capítulo descriptivo.

Descripción (Art. 28 y 29 D 486)

La descripción no divulga la invención de manera suficientemente completa para que la persona normalmente versada en la materia técnica correspondiente pueda ejecutarla, puesto que no se evidencia el desarrollo de un kit que comprenda los cebadores reclamados junto con un reactivo para la reacción de amplificación, ni la obtención de tampones de amplificación con las concentraciones de KCl reclamadas o pruebas técnicas que permitan asociar un efecto a los mismos. Se sugiere realizar las aclaraciones pertinentes.

6. Determinación del Estado de la Técnica

El estado de la técnica se determinó con base en la fecha de presentación de la solicitud de prioridad: 18 de febrero de 2014, y se encontraron los siguientes documentos que anticipan el objeto de esta solicitud:

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

Ítem	Documento	Título	Fecha de Publicación
D1	WO2006/004659	“Methods for analyzing short tandem repeats and single nucleotide polymorphisms”	12/enero/2006
D2	WO2011/091046	“Identification of polymorphic sequences in mixtures of genomic DNA by whole genome sequencing”	28/julio/2011

El documento D1¹ divulga métodos para el genotipado de una muestra que comprende ácido nucleico. Los métodos comprenden analizar loci de STR y SNP (Abstract).

El documento D2² divulga métodos que comprenden secuenciación del genoma completo para identificar polimorfismos en muestras que comprenden mezcla de genomas y para determinar y/o monitorear la presencia o ausencia de trastornos asociados con los polimorfismos identificados (Abstract).

7. Examen de Patentabilidad (Art. 14 D 486)

Novedad (Art 16 D 486)

La reivindicación 44 consiste en: *“Una pluralidad de cebadores seleccionados de entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO. 1 a 402 que hibridan específicamente con al menos una secuencia diana corta y al menos una secuencia diana larga en una muestra de ácido nucleico, donde cada uno de la pluralidad de cebadores que hibrida con la al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem tiene una baja temperatura de fusión, tiene una longitud de al menos 24 nucleótidos, o es rica en AT, o una combinación de los mismos, y donde la amplificación de la muestra de ácido nucleico usando la pluralidad de cebadores en una sola reacción multiplex da como resultado al menos un producto de amplificación corto y al menos un producto de amplificación largo, en el que cada uno de la pluralidad de cebadores comprende una o más secuencias marcadoras”* (Radicado NC2016/0001634 del 27 de enero de 2017).

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características Esenciales	D2
Una pluralidad de cebadores seleccionados de entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO. 1 a 402	Una pluralidad de cebadores que consiste en las SEQ ID NO: 113, 114, 129, 130, las cuales presentan 100% de identidad con las SEQ ID NO: 3, 4, 7 y 8 de la solicitud, respectivamente (Pág. 84, Tabla 15) (Ver alineamientos)
cada uno de la pluralidad de cebadores que hibrida con la al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem tiene una baja temperatura de fusión, tiene una longitud de al menos 24 nucleótidos, o es rica en AT, o una combinación de los mismos	Las SEQ ID NO: 129 y 130 tienen más de 24 nucleótidos de longitud (Pág. 84, Tabla 15)
cada uno de la pluralidad de cebadores comprende una o más secuencias marcadoras	Los cebadores ricos en AT comprenden una secuencia marcadora tipo “GC clamp” en cualquiera de sus extremos 3’o 5’ (Pág. 82 , líneas 29 a 34)

1https://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/originalDocument?CC=WO&NR=2006004659A1&KC=A1&FT=D&ND=3&date=20060112&DB=&locale=en_EP

2https://worldwide.espacenet.com/publicationDetails/originalDocument?CC=WO&NR=2011091046A1&KC=A1&FT=D&ND=3&date=20110728&DB=&locale=en_EP

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

De acuerdo con la tabla anterior, las características esenciales de la pluralidad de cebadores de la reivindicación 44 habían sido divulgadas previamente en el documento D2, por lo tanto, la materia reivindicada no es nueva. El documento D2 divulga una pluralidad de cebadores que consiste en las SEQ ID NO: 113, 114, 129 y 130, las cuales presentan 100% de identidad con las SEQ ID NO: 3, 4, 7 y 8 de la solicitud, respectivamente (Pág. 84, Tabla 15), tal como se evidencia en los alineamientos de las Figuras 1 a 4. Adicionalmente, las SEQ ID NO: 129 y 130 tienen más de 24 nucleótidos de longitud (Pág. 84, Tabla 15). A pesar de que el documento no divulga la temperatura de fusión ni el porcentaje de AT de las SEQ ID NO: 113 y 114, al ser estas 100% idénticas a las SEQ ID NO: 3 y 4 de la solicitud, se entiende que poseen las mismas características que las secuencias reclamadas en la reivindicación 44.

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
CA2786564_113      ACAGTAACTGCCTTCATAGATAG
WO2015126766_3    ACAGTAACTGCCTTCATAGATAG
*****
```

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```
1: CA2786564_113    100.00  100.00
2: WO2015126766_3  100.00  100.00
```

Figura 1 Alineamiento de la SEQ ID NO: 113 del documento D2 (CA2786564_113) con la SEQ ID NO: 3 de la solicitud

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
CA2786564_114      GTGTCAGACCCCTGTTCTAAGTA
WO2015126766_4    GTGTCAGACCCCTGTTCTAAGTA
*****
```

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```
1: CA2786564_114    100.00  100.00
2: WO2015126766_4  100.00  100.00
```

Figura 2 Alineamiento de la SEQ ID NO: 114 del documento D2 (CA2786564_114) con la SEQ ID NO: 4 de la solicitud

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
CA2786564_129      TTTGTATTTTCATGTGTACATTCGTATC
WO2015126766_7    TTTGTATTTTCATGTGTACATTCGTATC
*****
```


Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: CA2786564_129 100.00 100.00
2: WO2015126766_7 100.00 100.00

Figura 3 Alineamiento de la SEQ ID NO: 129 del documento D2 (CA2786564_129) con la SEQ ID NO: 7 de la solicitud

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

CA2786564_130 ACCTATCCTGTAGATTATTTTCACTGTG
WO2015126766_8 ACCTATCCTGTAGATTATTTTCACTGTG

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

1: CA2786564_130 100.00 100.00
2: WO2015126766_8 100.00 100.00

Figura 4 Alineamiento de la SEQ ID NO: 130 del documento D2 (CA2786564_130) con la SEQ ID NO: 8 de la solicitud

En consecuencia, la reivindicación 44 no es nueva, según lo divulgado en el documento D2.

Las reivindicaciones dependientes 45 a 58 y 60 a 66 no mencionan alguna característica que haga nueva la pluralidad de cebadores de la reivindicación 44, por lo cual se considera que no son nuevas.

Nivel Inventivo (Art. 18 D 486)

La reivindicación 1 consiste en: *“Un método para construir una biblioteca de ácido nucleico, que comprende: proporcionar una muestra de ácido nucleico, y amplificar la muestra de ácido nucleico con una pluralidad de cebadores seleccionados de entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO. 1 a 402, que hibridan específicamente con la al menos una secuencia diana que comprende un polimorfismo mononucleotídico (SNP) y al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem en una reacción multiplex para generar productos de amplificación, construyéndose de este modo una biblioteca de ácidos nucleicos, en el que cada uno de la pluralidad de cebadores que hibrida con la al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem tiene una baja temperatura de fusión, tiene una longitud de al menos 24 nucleótidos, o es rica en AT, o una combinación de los mismos”* (Radicado NC2016/0001634 del 27 de enero de 2017).

Comparación de las características técnicas esenciales, con las del estado de la técnica:

Características Esenciales	D1	D2
Un método para construir una biblioteca de ácido nucleico	Un método para construir una biblioteca de ácido nucleico	Un método para construir una biblioteca de ácido nucleico
Proporcionar una muestra de ácido nucleico	Proporcionar una muestra de ácido nucleico (Pág. 1, párr. [0004])	Proporcionar una muestra de cfDNA (Pág. 72, ejemplo 6)
Amplificar la muestra de ácido nucleico con una pluralidad de cebadores seleccionados de entre el grupo que consiste en	Amplificar una pluralidad de loci de STR y al menos un locus de SNP en la muestra (Pág. 1, párr. [0004]) con un set de cebadores	Amplificar independientemente la muestra con sets de cebadores que hibridan con secuencias que comprenden

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

las SEQ ID NO: 1 a 402, que hibridan con al menos una secuencia diana que comprende un polimorfismo mononucleotídico (SNP) y al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem en una reacción multiplex	específicos de STR (Pág. 43, reiv. 5) y al menos un cebador alelo específico de SNP (Pág. 43, reiv. 11)	SNPs (Pág. 79, párr. [00247]) y amplificar otra muestra con sets de cebadores que hibridan con secuencias que comprenden STRs (Pág. 83, párr. [00253]). Las SEQ ID NO: 113, 114, 129 y 130 presentan 100% de identidad con las SEQ ID NO: 3, 4, 7 y 8 de la solicitud, respectivamente (Pág. 84, Tabla 15) (Ver alineamientos)
Cada uno de la pluralidad de cebadores que hibrida con la al menos una secuencia diana que comprende una secuencia de repetición en tándem tiene una baja temperatura de fusión, tiene longitud de al menos 24 nucleótidos, o es rica en AT, o una combinación de los mismos	No menciona	Las SEQ ID NO: 129 y 130 presentan una longitud mayor a 24 nucleótidos (Pág. 84, Tabla 15)

El documento D1 se considera el estado de la técnica cercano a la invención definida en la reivindicación 1 porque divulga un método para el genotipado de una muestra de ácido nucleico que comprende analizar una pluralidad de loci de STR y al menos un locus de SNP en la muestra (Pág. 1, párr. [0004]). La muestra se amplifica con sets de cebadores específicos para STR marcados (Pág. 37, párr. [00110]) y en la misma mezcla se adiciona al menos un set de cebadores para identificar un alelo de SNP (Pág. 38, párr. [00111]).

Adicionalmente, el documento D1 menciona que el SNP proporciona información del fenotipo (Pág. 2, párr. [0007]) y que la muestra de ácido nucleico puede ser humana o animal y puede estar degradada o presente en bajas cantidades (Pág. 18, párr. [0056]).

La diferencia entre la invención definida en la reivindicación 1 y el método divulgado en D1 consiste en las secuencias de los cebadores y en que el documento D1 no establece que los cebadores que hibridan con la secuencia de repetición en tándem tienen una baja temperatura de fusión, tienen longitud de al menos 24 nucleótidos, o son ricos en AT, o una combinación de los mismos.

No hay evidencia de que incluir las secuencias de cebadores reclamadas proporcione algún efecto técnico diferente al del documento D1, puesto que los dos métodos permiten amplificar tanto SNP como STR.

Por lo tanto, el problema técnico objetivo que pretende resolver esta invención se puede formular así: “cómo modificar el método conocido en D1 para obtener un método alternativo”.

Sin embargo, métodos alternativos que comprenden la amplificación de STRs y SNPs utilizando cebadores con secuencias como las reclamadas ya están divulgados en el documento D2, que se refiere a métodos para identificar polimorfismos en muestras que comprenden mezclas de genomas y para determinar la presencia o ausencia de trastornos asociadas a los polimorfismos identificados (Pág. 2, párr. [0006]). Los polimorfismos a identificar pueden corresponder a STRs, SNPs o una combinación de ambos (Pág. 41, párr. [00163]). Las muestras se amplifican con sets de cebadores que

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

hibridan con secuencias que comprenden SNPs (Pág. 79, párr. [00247]) y/o con sets de cebadores que hibridan con secuencias que comprenden STRs (Pág. 83, párr. [00253]), los cebadores de SEQ ID NO: 113, 114, 129 y 130 presentan 100% de identidad con las SEQ ID NO: 3, 4, 7 y 8 de la solicitud, tal como se evidencia en los alineamientos de las Figuras 5 a 8.

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
CA2786564_113      ACAGTAACTGCCTTCATAGATAG
WO2015126766_3     ACAGTAACTGCCTTCATAGATAG
*****
```

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```
1: CA2786564_113   100.00  100.00
2: WO2015126766_3  100.00  100.00
```

Figura 5 Alineamiento de la SEQ ID NO: 113 del documento D2 (CA2786564_113) con la SEQ ID NO: 3 de la solicitud

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
CA2786564_114      GTGTCAGACCCTGTTCTAAGTA
WO2015126766_4     GTGTCAGACCCTGTTCTAAGTA
*****
```

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```
1: CA2786564_114   100.00  100.00
2: WO2015126766_4  100.00  100.00
```

Figura 6 Alineamiento de la SEQ ID NO: 114 del documento D2 (CA2786564_114) con la SEQ ID NO: 4 de la solicitud

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
CA2786564_129      TTTGTATTTTCATGTGTACATTCGTATC
WO2015126766_7     TTTGTATTTTCATGTGTACATTCGTATC
*****
```

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```
1: CA2786564_129   100.00  100.00
2: WO2015126766_7  100.00  100.00
```

Figura 7 Alineamiento de la SEQ ID NO: 129 del documento D2 (CA2786564_129) con la SEQ ID NO: 7 de la solicitud

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
CA2786564_130      ACCTATCCTGTAGATTATTTTCACTGTG
WO2015126766_8    ACCTATCCTGTAGATTATTTTCACTGTG
*****
```

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

```
1: CA2786564_130  100.00  100.00
2: WO2015126766_8 100.00  100.00
```

Figura 8 Alineamiento de la SEQ ID NO: 130 del documento D2 (CA2786564_130) con la SEQ ID NO: 8 de la solicitud

En consecuencia, la persona del oficio normalmente versada en la materia incluiría las secuencias de cebadores del documento D2 en el método divulgado en el documento D1 para llegar así al objeto de la reivindicación 1 de la solicitud. Por lo cual se considera obvia.

Las reivindicaciones dependientes 2 a 41 y 59 no mencionan alguna característica que, junto con las características de la reivindicación independiente, aporte nivel inventivo al método de la reivindicación 1, por lo cual se considera que no tienen nivel inventivo.

8. Conclusión

Las reivindicaciones 1 a 66 son afectadas por D1 y D2 de acuerdo a lo mostrado en el numeral 7 de este Oficio.

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

Ítem	Documento	Reivindicaciones afectadas	Requisito que afecta
D1	WO2006/004659	1 a 41 y 59	Nivel inventivo
D2	WO2011/091046	44 a 58 y 60 a 66	Novedad
		1 a 41 y 59	Nivel inventivo

En cumplimiento del artículo 45, de la Decisión 486 de la Comisión de la Comunidad Andina, se le indica que debe dar respuesta dentro del término de sesenta (60) días contados a partir de la fecha de notificación de la presente comunicación. En caso de no dar respuesta al presente requerimiento, o si a pesar de la respuesta subsistieran los impedimentos para la concesión, se denegará la patente.

Si como respuesta a este requerimiento el solicitante llegara a modificar: i) el capítulo reivindicatorio, ii) la descripción de la invención a proteger, iii) o presente un nuevo capítulo reivindicatorio, y desee que se realice un nuevo examen de patentabilidad a esta modificación, no deberá pagar la tasa de modificación voluntaria pero sí la correspondiente a la tasa de examen de patentabilidad. En todo caso, el número de requerimientos por no patentabilidad estará supeditado a que el término del estudio de patentabilidad no sea superior a 18 meses, contados desde la publicación de la solicitud de patente de invención. Adicionalmente, se le recuerda al solicitante que si como respuesta a este requerimiento llegara a modificar el capítulo reivindicatorio y éste contenga más de diez (10) reivindicaciones deberá pagar la tasa por reivindicación adicional.

Se invita al solicitante se sirva indicar, si así lo considera, su renuncia al término faltante para los sesenta (60) días.

Oficio N° 1228

Ref. Expediente N° NC2016/0001634

Notifíquese el presente oficio conforme a lo dispuesto en el Título I, Actuaciones ante la Superintendencia de Industria y Comercio; Capítulo sexto, publicación, comunicación, notificación y ejecutoria de las decisiones de la Superintendencia de Industria y Comercio, informándoles que contra el mismo no procede el recurso de la vía gubernativa.

Atentamente,



JOSÉ LUIS SALAZAR LÓPEZ
DIRECTOR DE NUEVAS CREACIONES (C)

Elaborado: TATIANA VARGAS RIVERA
Revisado: JUANITA ANDREA CARVAJAL GUERRA
Aprobado: JOSÉ LUIS SALAZAR LÓPEZ