

# WIPO Sequence

## Versión 2.1.0

### Manual de uso

*La finalidad de este documento es proporcionar instrucciones sobre cómo realizar operaciones básicas con la aplicación de escritorio WIPO Sequence. Normalmente, la herramienta está destinada a solicitantes de patente (o sus representantes) que desean presentar una solicitud de patente con una lista de secuencias.*

# WIPO SEQUENCE

## Versión 2.1.0

### MANUAL DE USO

#### ÍNDICE

	<u>Página #</u>
<b>1</b> <b>Introducción</b> .....	<b>5</b>
<b>1.1</b> <b>Descripción general</b> .....	<b>5</b>
<b>1.2</b> <b>Requisitos del sistema</b> .....	<b>5</b>
1.2.1 Instalación .....	6
1.2.1.1 Windows .....	6
1.2.1.2 Linux .....	6
1.2.1.3 OS X (macOS) .....	6
1.2.1.4 Instalación silenciosa .....	6
1.2.2 Desinstalar .....	7
1.2.2.1 Windows .....	7
1.2.2.2 Linux .....	7
1.2.2.3 OS X (macOS) .....	7
1.2.3 Proceso de actualización automática .....	7
1.2.4 Vulnerabilidad de Log4J .....	9
<b>2</b> <b>Funciones de la herramienta</b> .....	<b>9</b>
<b>3</b> <b>Descripción general de la herramienta</b> .....	<b>13</b>
<b>3.1</b> <b>Elementos principales de la herramienta</b> .....	<b>13</b>

---

3.1.1	Página.....	13
3.1.2	Vistas .....	14
3.1.3	Secciones .....	14
3.1.4	Superposiciones .....	15
3.1.5	Cuadros .....	15
3.1.6	Vistas de panel .....	16
3.1.7	Paneles de edición .....	17
3.1.8	Selectores de fecha .....	18
<b>3.2</b>	<b>Lector de PDF.....</b>	<b>19</b>
<b>3.3</b>	<b>Navegación con el teclado.....</b>	<b>20</b>
<b>4</b>	<b><i>Página principal.....</i></b>	<b>20</b>
<b>4.1</b>	<b>Vista inicial de proyectos.....</b>	<b>22</b>
4.1.1	Crear proyecto.....	23
4.1.2	Importar proyecto.....	24
4.1.3	Importar lista de secuencias.....	27
4.1.4	Validar la lista de secuencias .....	31
4.1.5	Eliminar proyectos .....	34
<b>4.2</b>	<b>Personas y organizaciones.....</b>	<b>35</b>
4.2.1	Crear .....	35
<b>4.3</b>	<b>Organismos personalizados.....</b>	<b>36</b>
4.3.1	Crear organismos personalizados.....	36
4.3.2	Exportar organismos personalizados .....	36
4.3.3	Importar organismos personalizados .....	38
<b>4.4</b>	<b>Preferencias del sistema.....</b>	<b>39</b>
<b>5</b>	<b><i>Página del proyecto.....</i></b>	<b>41</b>
<b>5.1</b>	<b>Datos del proyecto.....</b>	<b>42</b>
5.1.1	Información básica.....	42

---

---

5.1.1.1	Imprimir proyecto .....	43
5.1.1.2	Importar información de otro proyecto .....	47
5.1.1.3	Validar proyecto .....	49
5.1.1.4	Exportar proyecto.....	52
5.1.1.5	Generar la lista de secuencias.....	53
5.1.2	Información general .....	55
5.1.2.1	Identificación de la solicitud .....	55
5.1.2.2	Identificación de las solicitudes de prioridad.....	56
5.1.2.3	Solicitante e inventor.....	57
5.1.2.4	Título de la invención .....	58
5.1.3	Secuencias .....	59
5.1.3.1	Crear secuencia.....	59
5.1.3.2	Importar secuencias.....	62
5.1.3.3	Insertar secuencias .....	67
5.1.3.4	Reordenar las secuencias .....	68
5.1.3.5	Edición masiva .....	70
5.1.3.6	Editar secuencias.....	73
5.1.3.7	Características .....	74
5.1.3.8	Calificadores .....	83
<b>5.2</b>	<b>Informe de verificación.....</b>	<b>88</b>
<b>5.3</b>	<b>Calificadores dependientes del idioma .....</b>	<b>90</b>
5.3.1	IMPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE .....	90
5.3.2	EXPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE .....	94
<b>5.4</b>	<b>Informe de importación .....</b>	<b>94</b>
5.4.1	Cuadro de informe de importación .....	96
5.4.2	Cuadro de datos modificados.....	97
<b>5.5</b>	<b>Visualización de lista de secuencias .....</b>	<b>97</b>

---

<b>5.6</b>	<b>Ayuda .....</b>	<b>101</b>
<b>5.7</b>	<b>Preferencias.....</b>	<b>102</b>
<b>6</b>	<b><i>Formatos de archivo</i> .....</b>	<b>103</b>
<b>6.1</b>	<b>Formato ST.25 .....</b>	<b>103</b>
<b>6.2</b>	<b>Formato de varias secuencias.....</b>	<b>103</b>
<b>6.3</b>	<b>Formato RAW .....</b>	<b>104</b>
<b>6.4</b>	<b>Formato FASTA.....</b>	<b>104</b>
6.4.1	Archivo FASTA con una secuencia .....	104

# 1 INTRODUCCIÓN

## 1.1 DESCRIPCIÓN GENERAL

WIPO Sequence es una herramienta de escritorio que permite:

- i) **crear/editar una lista de secuencias en formato XML conforme a la Norma ST.26 de la OMPI;**
- ii) **verificar la conformidad de una lista de secuencias en formato XML con los requisitos de la Norma ST.26 de la OMPI.**

La Norma ST.26 de la OMPI puede consultarse en:

<https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/es/pdf/03-26-01.pdf>

En el presente documento se describe cómo pueden utilizar WIPO Sequence los solicitantes de patente o sus representantes. En el capítulo 2 figura una lista completa de las funciones de la herramienta.

## 1.2 REQUISITOS DEL SISTEMA

La herramienta WIPO Sequence es compatible con los siguientes sistemas operativos:

- Windows 10 versión 1803 (arquitectura de 32 y 64 bits)
- Linux: Ubuntu versión 18.04, y CentOS 7 versión 1804
- MacOS versión 10.13 (arquitectura de 64 bits)

Además de las versiones mencionadas, también es compatible con estas otras:

- Windows 7 y superior (arquitectura de 32 y 64 bits)
- Ubuntu versión 12.04 y posteriores
- MacOS versión 10.9 (arquitectura de 64 bits)

La herramienta WIPO Sequence requiere las siguientes especificaciones mínimas de *hardware*:

- CPU: 1,6 GHz
- RAM: 4 GB
- Espacio libre en el disco duro: 1 GB (es posible que se requiera un disco duro adicional para almacenar la información relativa a las listas de secuencias)
- Resolución de pantalla: 1366 x 768

## 1.2.1 Instalación

### 1.2.1.1 Windows

El archivo de instalación de WIPO Sequence en Windows es el mismo para las arquitecturas de 32 y 64 bits. Se deberán seguir los pasos indicados en el asistente de instalación.

Es necesario especificar que quizá se experimenten ciertos problemas con el rendimiento de la herramienta, o esta no funcione correctamente si se utiliza la versión de 32 bits.

Los archivos de base de datos utilizados para almacenar la información de los proyectos junto con el registro de la herramienta se almacenan en la siguiente dirección:

```
C:\Users\\AppData\Roaming\ST26_authoring
```

Cuando se actualiza o se desinstala la aplicación, esos archivos no se eliminan, por lo que, si se vuelve a instalar la aplicación, se pueden recuperar los datos de los proyectos.

### 1.2.1.2 Linux

WIPO Sequence se proporciona mediante un archivo AppImage (<https://appimage.org/>) que se ejecuta en la mayoría de las distribuciones de Linux, incluidas CentOS y Ubuntu. Para ejecutar la aplicación, se puede hacer doble clic en el archivo o utilizar la línea de comandos.

Antes de ejecutarse, aparecerá un mensaje en el que se pide seleccionar si debe crearse un acceso directo en el escritorio.

### 1.2.1.3 OS X (macOS)

WIPO Sequence se instala en el sistema operativo MacOS de 64 bits mediante un archivo de extensión dmg. Para ello, se deberá hacer doble clic en el archivo y seguir las instrucciones del asistente.

Los archivos de base de datos utilizados para almacenar la información de los proyectos junto con el registro de la herramienta se almacenan en la siguiente dirección:

```
/Users/<username>/Library/Application Support/ST26_authoring
```

Cuando se actualiza o se desinstala la aplicación, esos archivos no se eliminan, por lo que, si se vuelve a instalar la aplicación, se pueden recuperar los datos de los proyectos.

### 1.2.1.4 Instalación silenciosa

WIPO Sequence permite la opción de instalación “silenciosa”, mediante el uso de los siguientes indicadores durante la instalación (con el archivo de instalación .exe):

- /S: para iniciar la instalación silenciosa

- */allusers*: para instalar la herramienta, de modo que esté disponible para todos los usuarios de Windows en el equipo de escritorio (debe ponerse en marcha con una conexión como administrador).

## 1.2.2 Desinstalar

### 1.2.2.1 Windows

WIPO Sequence incluye un asistente de desinstalación que puede iniciarse mediante la opción “Añadir o quitar programas” de Windows.

Con el fin de eliminar todos los archivos de registro y los archivos utilizados para almacenar la información de los proyectos, es necesario borrar la siguiente carpeta:

```
C:\Users\<user>\AppData\Roaming\ST26_authoring
```

### 1.2.2.2 Linux

La aplicación se desinstala de la computadora eliminando el archivo *Applmage* de Linux. Además, se puede quitar la entrada de menú correspondiente eliminando el archivo de extensión *desktop* que se encuentra en:

```
$HOME/.local/share/applications/.
```

Para eliminar todos los archivos de registro y los archivos utilizados para almacenar la información de los proyectos, es necesario suprimir la siguiente carpeta:

```
/Users/<username>/.config/ST26_authoring
```

### 1.2.2.3 OS X (macOS)

En OS X la aplicación se puede desinstalar entrando en la carpeta *Aplicaciones* a través de *Finder*.

Para eliminar todos los archivos de registro y los archivos utilizados para almacenar la información de los proyectos, es necesario suprimir la siguiente carpeta:

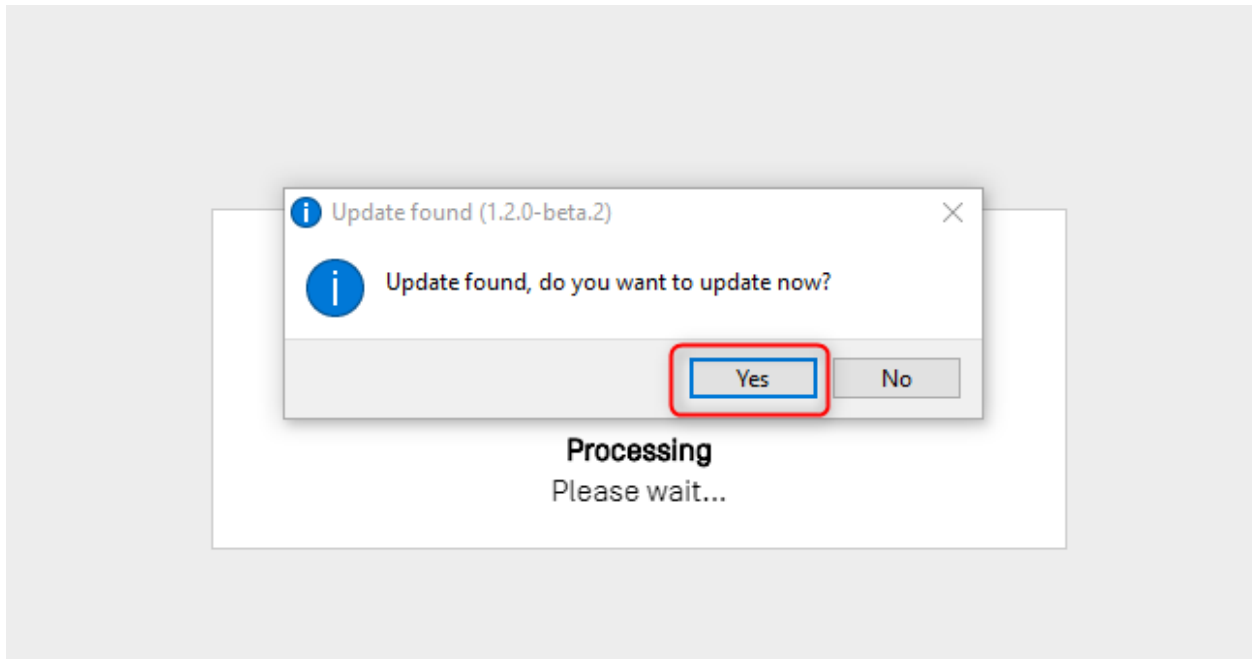
```
/Users/<username>/Library/Application Support/ST26_authoring
```

## 1.2.3 Proceso de actualización automática

Tras iniciar WIPO Sequence, la herramienta comprobará si hay actualizaciones disponibles y, si encuentra una, nos pedirá que instalemos la actualización de la nueva versión estable.



Se recomienda no saltarse la etapa de actualización para asegurarse de que la versión utilizada se ajusta a lo dispuesto en la última versión de la Norma ST.26.

**Nota:**

*Para que el proceso de actualización automática pueda realizarse, la computadora debe estar conectada a Internet y deben estar habilitados los permisos de acceso HTTP de la herramienta al sitio web de la OMPI. Tenga presente que no se envía ningún tipo de información del usuario al servidor de actualización de la OMPI.*

*Se recomienda esperar con paciencia hasta que se descargue e instale la nueva versión y no desviar la atención de la aplicación.*

## 1.2.4 Vulnerabilidad de Log4J

Se ha detectado un ataque de día cero contra la popular biblioteca de JavaScript Log4J2, mediante un programa intruso que permite al atacante ejecutar código de manera remota<sup>1</sup>.

Según la documentación de Spring Boot, solo son vulnerables las aplicaciones que usan log4j-core e incluyen entradas en los mensajes de registro, y dado que WIPO Sequence Validator solo utiliza log4j-to-slf4j y log4j-api, ambos no pueden ser objeto de ataque por sí solos. Por lo tanto, esta vulnerabilidad no afecta a WIPO Sequence.

## 2 FUNCIONES DE LA HERRAMIENTA

En este capítulo se describen todas las funciones que incorpora la herramienta en su versión actual (2.0.0). A continuación figura una lista de las funciones enumeradas siguiendo el orden alfabético inglés.

id.	Función
1	Añadir un nombre de organismo personalizado y una descripción a la lista de nombres de organismos del sistema
2	Añadir un título de invención y su correspondiente código de idioma a un proyecto
3	Añadir información de la solicitud (ya sea la solicitud en curso o la previa) a un proyecto
4	Añadir información de una característica a una secuencia
5	Añadir la característica "source" y sus calificadores obligatorios a una secuencia
6	Añadir nuevos nombres de organismos a la lista de nombres de organismos almacenados en el sistema
7	Añadir información de los calificadores a una característica

---

<sup>1</sup> <https://spring.io/blog/2021/12/10/log4j2-vulnerability-and-spring-boot>

8	Añadir datos de información general de la lista de secuencias a un proyecto
9	Añadir un nombre de secuencia a una secuencia seleccionada
10	Cambiar el orden de las secuencias en la lista de secuencias generada
11	Crear un espacio de trabajo en el que se guarden los datos relativos a una lista de secuencias
12	Crear una instancia de la estructura de datos 'secuencia' y establecer sus atributos con los valores obtenidos de un nodo XML de datos de secuencia en formato ST.26 recibido como entrada
13	Crear una secuencia e insertarla en la lista
14	Crear un calificador "translation" para una característica "CDS" seleccionada y su secuencia traducida asociada
15	Crear un nuevo nombre de persona u organización
16	Eliminar una secuencia
17	Visualizar la lista de secuencias generada
18	Visualizar los datos modificados tras la importación de una secuencia
19	Editar los atributos de una instancia de la estructura de datos 'calificador'
20	Editar los atributos de un proyecto
21	Editar los atributos de una secuencia
22	Editar los atributos de una instancia de la estructura de datos 'característica'
23	Activar o desactivar las normas de verificación seleccionadas
24	Exportar calificadores de texto libre, con fines de traducción en formato XLIFF
25	Exportar todos los datos almacenados en un proyecto para que se puedan importar posteriormente a la misma instancia o a una instancia diferente del sistema
26	Exportar la lista de nombres de organismos personalizados a un archivo que pueda importarse posteriormente a una instancia diferente del sistema

27	Exportar la lista de secuencias generada en formato legible por humanos (.html o .txt)
28	Generar una lista de secuencias
29	Importar una lista de nombres de organismos personalizados desde un archivo
30	Importar todos los datos almacenados en un archivo de proyecto
31	Importar datos de un archivo de listas de secuencias en formato ST.25 a un proyecto recién creado
32	Importar datos de un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 a un proyecto recién creado
33	Importar datos de un archivo FASTA a un proyecto existente
34	Importar de una vez varias secuencias desde un archivo
35	Importar al proyecto en curso (proyecto de destino) los datos de otro proyecto (proyecto de origen)
36	Analizar una secuencia en formato de varias secuencias y revisarla para devolver sus cuatro partes (nombre de la secuencia, tipo de molécula, organismo y residuos)
37	Imprimir datos del proyecto o de la lista de secuencias generada en formato ST.26
38	Proporcionar información de localización para una característica seleccionada
39	Proporcionar al sistema una cadena de residuos que contenga símbolos no válidos e informar de los residuos incorrectos tras la validación
40	Registrar los datos que han sido modificados durante la importación, de modo que los datos originales y los modificados se visualicen después de la importación
41	Eliminar del proyecto todos los datos asociados a una secuencia y reenumerar adecuadamente las secuencias restantes
42	Asignar al atributo "INSDQualifierMolType" de una secuencia uno de los valores predefinidos
43	Establecer y guardar las preferencias del sistema (número máximo de símbolos de residuos mostrados por línea, etc.)

44	Guardar en el sistema información sobre un solicitante o inventor (por ejemplo, el nombre, su correspondiente código de idioma y su traducción o transliteración a caracteres latinos (si procede), su dirección, etc.) para poder utilizarla posteriormente en otros proyectos
45	Traducir una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con una tabla de código genético especificada
46	Verificar un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 y enumerar los problemas en un informe de verificación que contenga mensajes de advertencia y error
47	Verificar los datos almacenados en un proyecto y enumerar los problemas en un informe de verificación que contenga mensajes de advertencia y error
48	Importar calificadores de texto libre de pares original-destino en formato XLIFF, a los fines de facilitar traducciones en un proyecto
49	Edición masiva de anotaciones de secuencias, incluido el calificador "mol_type"

## 3 DESCRIPCIÓN GENERAL DE LA HERRAMIENTA

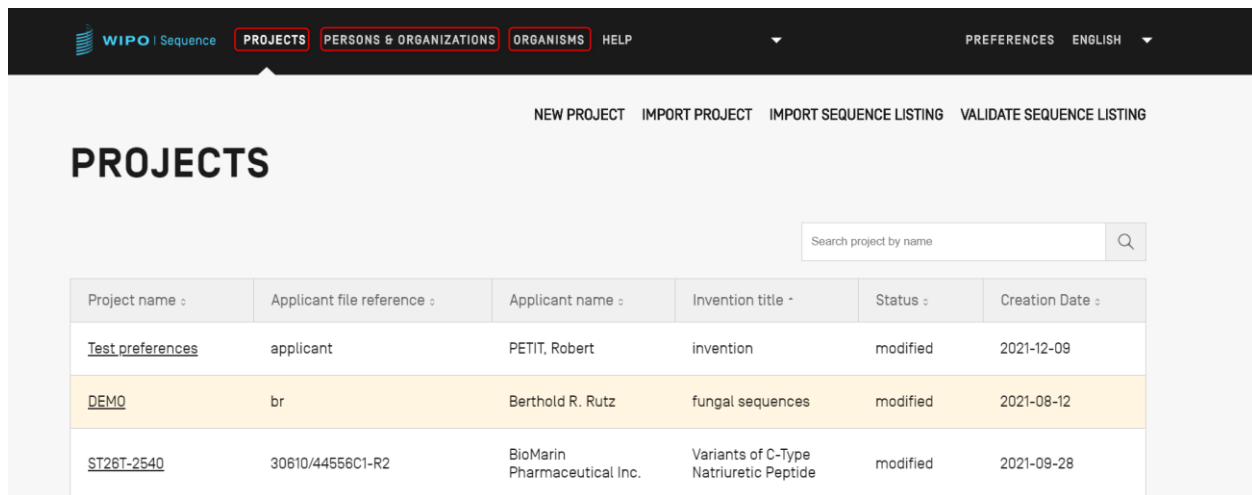
### 3.1 ELEMENTOS PRINCIPALES DE LA HERRAMIENTA

En esta sección se describen los elementos principales de la herramienta. La finalidad de proporcionar esta información detallada es que nos familiaricemos con los componentes comunes de la herramienta de escritorio.

#### 3.1.1 Página

La Página es el espacio principal para las vistas de la herramienta. Hay dos páginas más importantes que incluyen vistas:

- La página principal
  - Vista inicial de proyectos
  - Vista de personas y organizaciones
  - Vista de organismos personalizados
  - Vista de preferencias
- La página de proyecto (accesible desde la vista de proyectos)
  - Vista de datos de proyecto
  - Vista de informe de verificación
  - Vista de calificadores dependientes del idioma
  - Vista de informe de importación
  - Vista de visualización de lista de secuencias



The screenshot shows the main interface of the WIPO Sequence tool. At the top, there is a dark navigation bar with the WIPO Sequence logo and several menu items: PROJECTS, PERSONS & ORGANIZATIONS, ORGANISMS, and HELP. On the right side of the navigation bar, there are links for PREFERENCES and ENGLISH. Below the navigation bar, there are four main action buttons: NEW PROJECT, IMPORT PROJECT, IMPORT SEQUENCE LISTING, and VALIDATE SEQUENCE LISTING. The main content area is titled 'PROJECTS' and features a search bar labeled 'Search project by name'. Below the search bar is a table with the following data:

Project name	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date
<a href="#">Test_preferences</a>	applicant	PETIT, Robert	invention	modified	2021-12-09
<a href="#">DEMO</a>	br	Berthold R. Rutz	fungal sequences	modified	2021-08-12
<a href="#">ST26T-2540</a>	30610/44556C1-R2	BioMarin Pharmaceutical Inc.	Variants of C-Type Natriuretic Peptide	modified	2021-09-28

Figura 1. Página principal

### 3.1.2 Vistas

La visualización de cada subconjunto diferente de datos dentro de una misma página se denomina vista.

### 3.1.3 Secciones

Algunas vistas pueden incluir secciones. Las secciones permiten compartimentar convenientemente las vistas de gran tamaño.

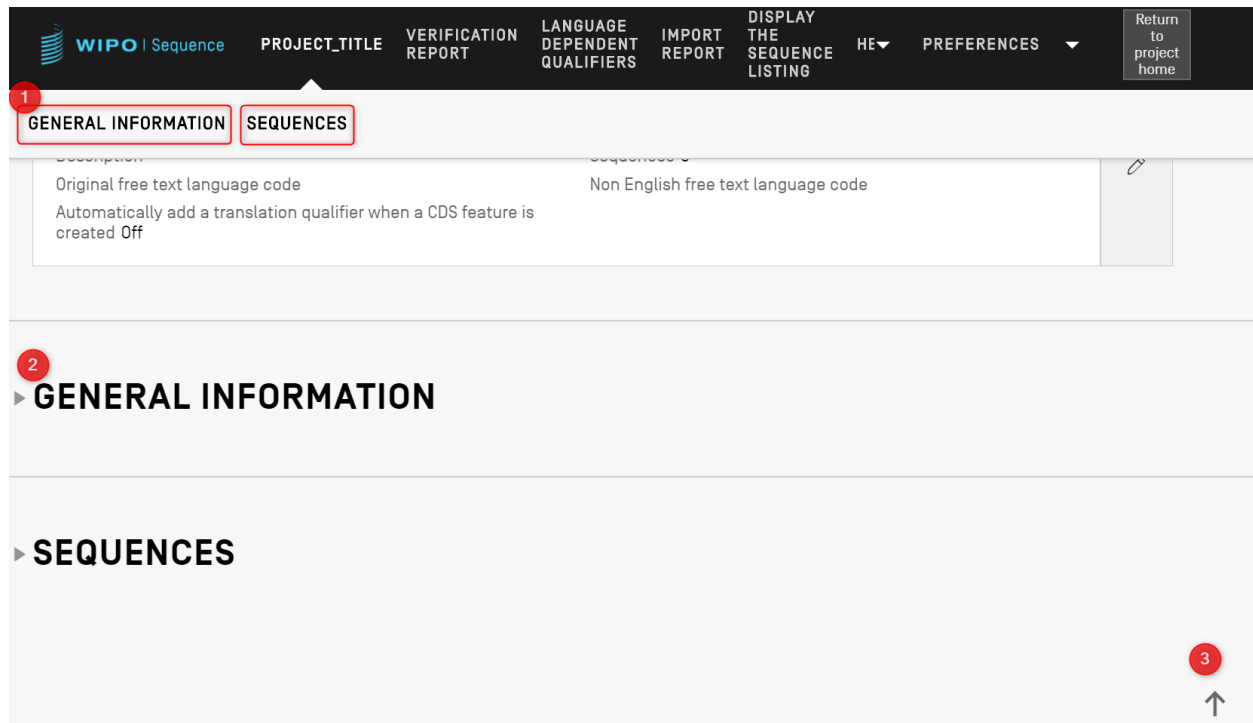


Figura 2. Vista de datos de proyecto

La vista de datos de proyecto, mostrada en la Figura 2, incluye dos secciones cuyo contenido puede ocultarse: Información general y Secuencias. En la parte superior de la vista de datos de proyecto, hay dos enlaces a través de los cuales se puede acceder a cada una de las secciones (1); el contenido de las secciones se puede ocultar (indicado con un pequeño triángulo a la izquierda) para facilitar la navegación (2); se puede hacer clic en el icono de la flecha para desplazarse a la parte superior de la vista de datos de proyecto (3).

### 3.1.4 Superposiciones

Cuando un panel requiere que se introduzca o modifique información, puede aparecer una superposición sobre la vista de panel, que pasa a estar inactiva, como se muestra en el ejemplo de la Figura 3.

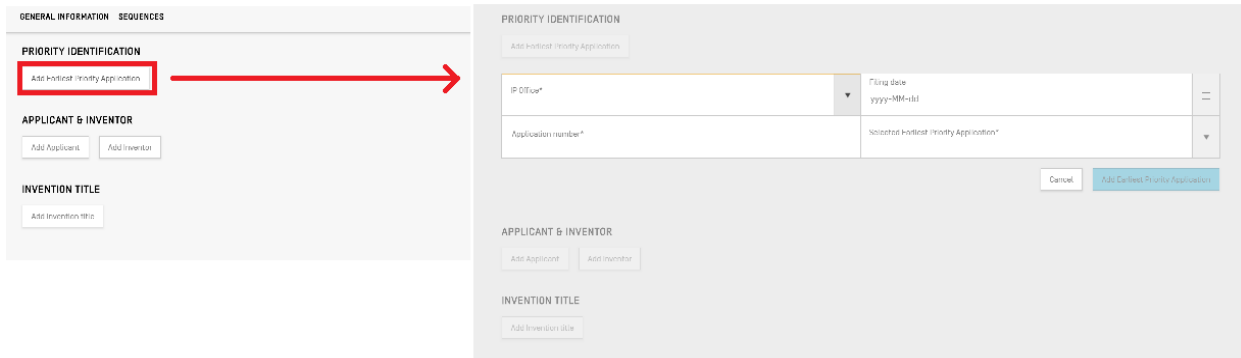


Figura 3. Superposición

Cuando se visualiza la superposición, no se puede utilizar ningún elemento de la vista que queda detrás de ella, y solo se pueden modificar los elementos de la superposición que no aparecen sobre un fondo gris.

### 3.1.5 Cuadros

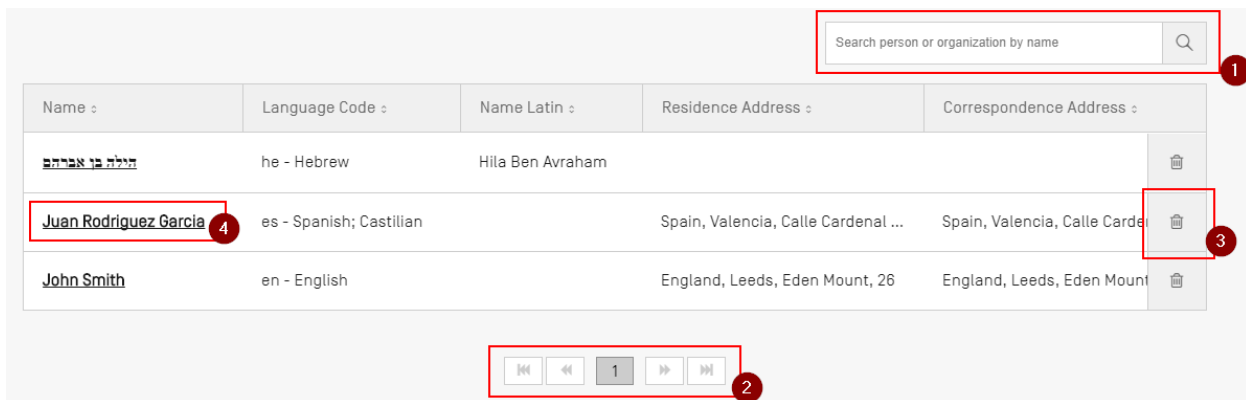


Figura 4. Cuadros

En la Figura 4 se muestra un ejemplo de cuadro. Cuando la función de búsqueda está activada dentro del cuadro, se pueden introducir datos relativos a lo que se busca y hacer clic en el icono de búsqueda situado a la derecha de la barra de búsqueda (1). Para que se vuelva a mostrar la lista completa de elementos del cuadro, hay que borrar los datos en la barra de búsqueda y hacer clic en el icono de búsqueda (1).

Se puede acceder a todas las filas del cuadro haciendo clic en los botones situados debajo del cuadro, en caso de que no se muestren todas en una sola página (2). Para eliminar una entrada de un cuadro, basta con hacer clic en el icono de la papelera situado a la derecha de la fila



correspondiente (3). Para abrir la vista de edición de una entrada en un cuadro, se deberá hacer clic en el valor subrayado de la fila (el subrayado indica que el elemento se puede clicar) (4).

The screenshot shows a table with the following data:

Name :	Language Code :	Name Latin :	Residence Address :	Correspondence Address :
<u>הילה בן אברהם</u>	he - Hebrew	Hila Ben Avraham		
<u>Juan Rodriguez Garcia</u>	es - Spanish; Castilian		Spain, Valencia, Calle Cardena...	Spain, Valencia, Calle Carde
<u>John Smith</u>	en - English		England, Leeds, Eden Mount, 26	England, Leeds, Eden Moun

Below the table is a pagination control showing '1' and navigation arrows. Below that is an edit form with the following fields:

Name*	Juan Rodriguez Garcia	Residence Address	Spain, Valencia, Calle Cardenal Benlloch, 10
Language*	es - Spanish; Castilian	Correspondence Address	Spain, Valencia, Calle Cardenal Benlloch, 10
Name Latin			

At the bottom right of the form are 'Cancel' and 'Save' buttons.

Figura 5. Edición de cuadro

Tras seleccionar una entrada, aparecerá una superposición sobre la vista previa con un panel de edición debajo del cuadro.

### 3.1.6 Vistas de panel

Las vistas de panel muestran un conjunto de datos. Los elementos de una vista de panel pueden distribirse en varias columnas. A cada elemento se le asigna una etiqueta y, opcionalmente, un valor.

The screenshot shows a panel titled 'GENERAL INFORMATION' with a sub-section 'APPLICATION IDENTIFICATION'. The data is as follows:

Application Identified Before the assignment of the application number	IP Office AI - Anguilla
Applicant file reference 4342	Application number 32424
	Filing date 2022-01-03

There is a red circle with the number '1' next to an edit icon (pencil) on the right side of the panel.

Figura 6. Vista de panel

Como se muestra en la Figura 6, cuando en una vista de panel se hace clic en el botón con el icono del lápiz (1), la vista de panel pasa a ser un panel de edición.

### 3.1.7 Paneles de edición

Cuando se abre un panel de edición, aparecen los campos que pueden modificarse. Una vez que se haya terminado de editar los valores de esos campos, se podrá guardar los cambios realizados o descartarlos haciendo clic en los botones “Save” (1) o “Cancel” (2), respectivamente (mostrados en la Figura 7).

**Nota:**

Los campos que se visualizan pero no se pueden modificar estarán desactivados.

▼ GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

IP Office GB	
Application Identification* <input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number <input type="radio"/> After the assignment of the application number	Applicant file reference* ABC1234 <small>Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided.</small>
Application number 98968268463829	Filing date 2019-02-21

Cancel (2) Save (1)

Figura 7. Panel de edición

### 3.1.8 Selectores de fecha

Siempre que se requiera introducir una fecha, podrá hacerse mediante un selector de fecha. Al hacer clic en el icono del calendario (1), se abrirá el selector de fecha (2), como se muestra en la Figura 8.

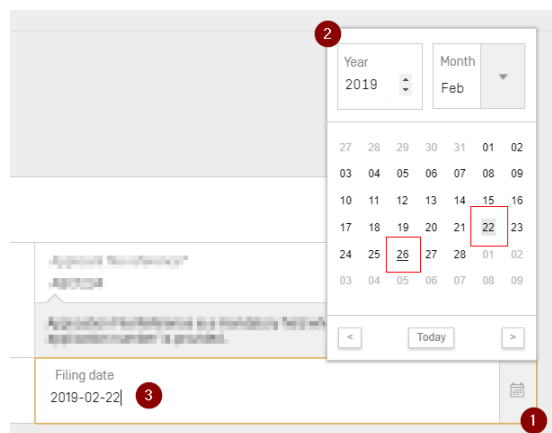


Figura 8. Selector de fecha

El día seleccionado aparece sobre un fondo gris (22°), y el día de utilización se indica con un subrayado en negro (26°). Se considera que la semana comienza en domingo.

No obstante, también se podrá teclear la fecha deseada en el formato adecuado (“AAAA-MM-DD”) (3).

### 3.2 LECTOR DE PDF

Cuando se hace clic en el botón de impresión de un informe de verificación para una lista de secuencias concreta, de un informe de importación o de un conjunto de datos del proyecto, se genera un archivo PDF y se abre en un lector de PDF. Para descargar el archivo y guardarlo, se deberá hacer clic en el icono de descarga situado en la parte superior derecha del visualizador (1), mostrado en la Figura 9.

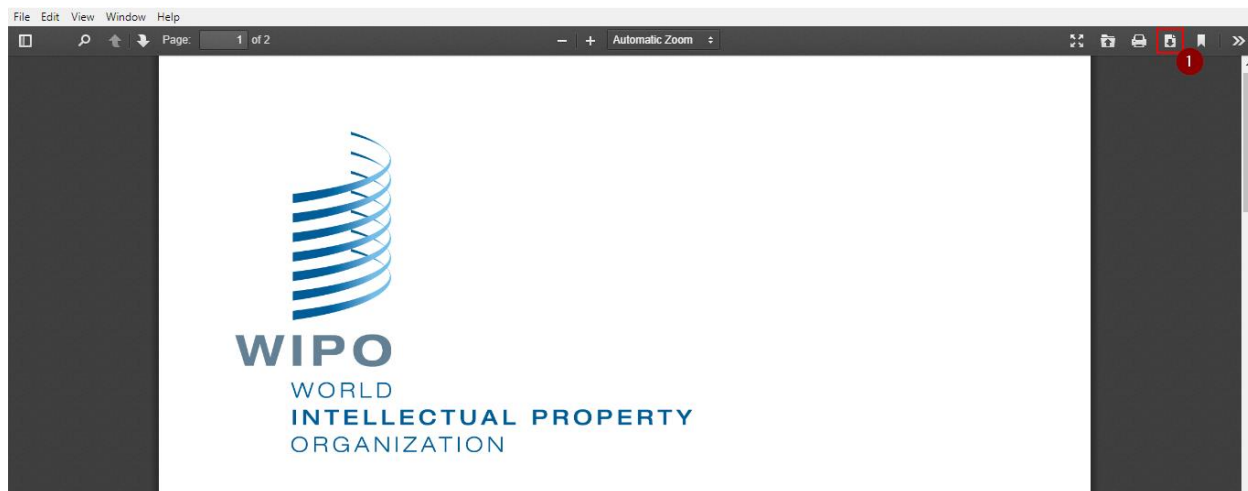


Figura 9. Visualizador de PDF

### 3.3 Navegación con el teclado

WIPO Sequence permite una navegación básica por medio del teclado. La tecla del TABULADOR permite navegar entre los distintos elementos y la tecla de ESPACIO se usa para seleccionar las casillas y los botones de opciones.

Durante la navegación se hace visible el resaltado de atención para el botón de “edición”:

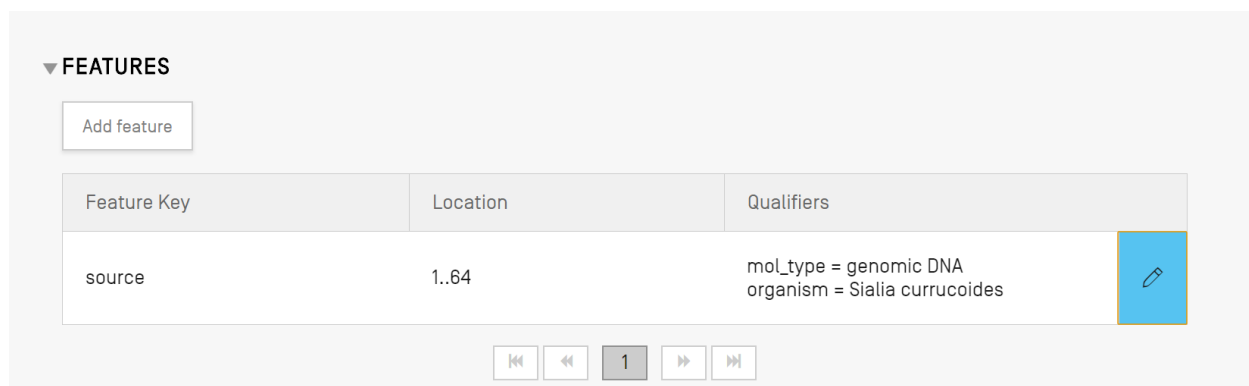


Figura 10 Resaltado en el botón de la funcionalidad de edición

Lo mismo ocurre al colocar el cursor y activarse el resaltado de atención en el campo de información superior izquierda.

Por ejemplo, al crear un nuevo proyecto, solo hay un campo obligatorio, el cursor y el resaltado de atención se encuentran en el campo del nombre del proyecto (Figura 11, más abajo):

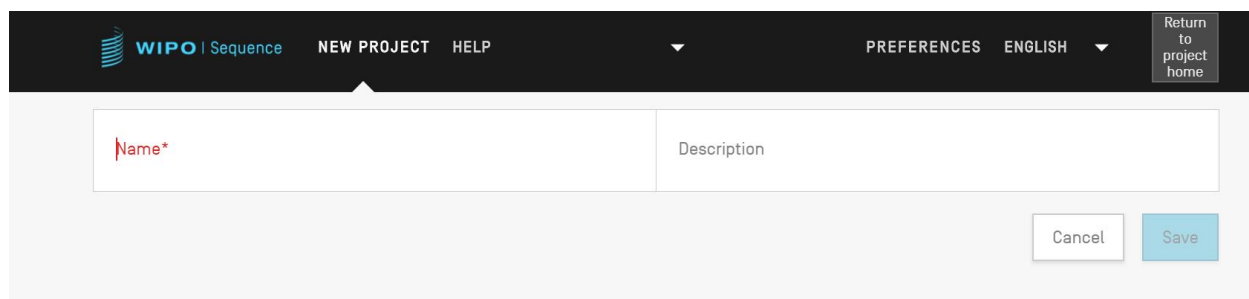


Figura 11 Resaltado de atención del cursor en el campo obligatorio

## 4 PÁGINA PRINCIPAL

La página principal de la herramienta consta de 3 vistas esenciales:

La vista de **proyectos** (Figura 12), la vista de **personas y organizaciones** (Figura 13) y la vista de **organismos** (Figura 14).

**PROJECTS**

NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

Search project by name

Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :
<a href="#">cds_feature</a>	15123-W0-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
<a href="#">160K_500_SEQ</a>	A400: 66076	University of Tokyo	COPOLYMER INCLUDING UNCHARGED HYDROPHILIC BLOCK AND CATIONIC POLYAMINO ACID BLOCK HAVING HYDROPHOBIC GROUP IN PART OF SIDE CHAINS, AND USE THEREOF	modified	2021-09-07
<a href="#">160K_100_SEQS</a>	A400: 66076	University of Tokyo	aaaaaaaa	modified	2021-09-06
<a href="#">cds_feature</a>	15123-W0-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	invalid	2021-09-02
<a href="#">cdsFeatures</a>	15123-W0-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-01

Figura 12. Vista de proyectos

**PERSONS & ORGANIZATIONS**

CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION

Search person or organization by name

Name :	Language Code :	Name Latin :	Residence Address :	Correspondence Address :
Джо_Смит				
Джейн_Эйр				
Влад	ru - Russian	test name		

Figura 13. Vista de personas y organizaciones

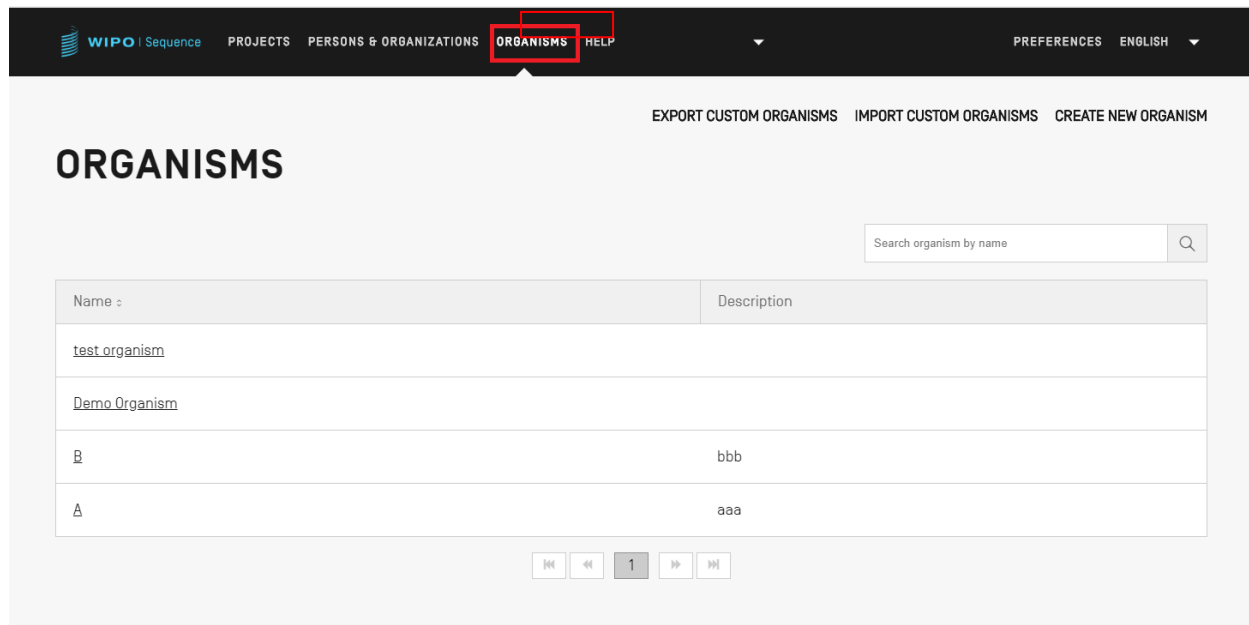


Figura 14. Vista de organismos

#### 4.1 VISTA INICIAL DE PROYECTOS

En este capítulo se describen las diferentes opciones disponibles en la vista inicial de proyectos.

Un proyecto es la estructura de objetos que la herramienta utiliza para almacenar los datos necesarios en la generación de una lista de secuencias. Una vez que se ha verificado que los datos almacenados en el proyecto se ajustan a la Norma ST.26 de la OMPI, la herramienta los utiliza como valores en la lista de secuencias generada.

En esta vista se expone la lista de los proyectos creados y se da la opción a de ordenarlos o usar la función de búsqueda para filtrarlos por nombre del proyecto, referencia de expediente del solicitante, nombre del solicitante, título de la invención, estado y fecha de creación.

---

**Nota:**

*La herramienta puede mostrar un máximo de 1.000 proyectos. Si no se muestra un proyecto en la vista inicial de proyectos, se deberá usar la función de búsqueda para encontrarlo por su nombre, ya que se encontrará almacenado localmente pero no de forma visible en dicha vista.*

---

### 4.1.1 Crear proyecto

Para crear un proyecto nuevo, se deberá acceder a la vista inicial de proyectos (véase la Figura 15).

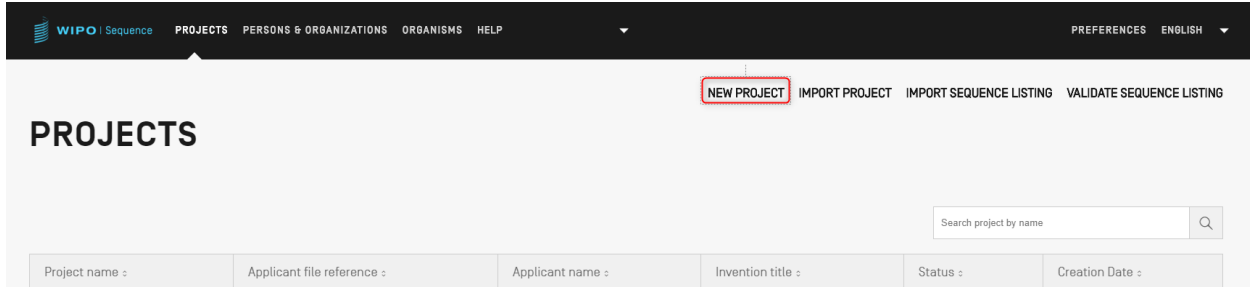


Figura 15. Proyecto nuevo – a)

- 1) Habrá que hacer clic en el enlace “NEW PROJECT” en la parte superior de la vista, marcado en la Figura 15. En la siguiente vista, la herramienta solicitará un nombre (obligatorio) y una descripción (opcional).

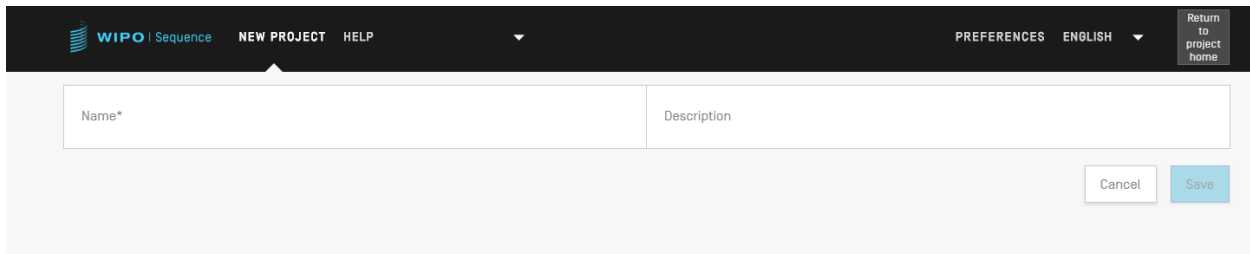
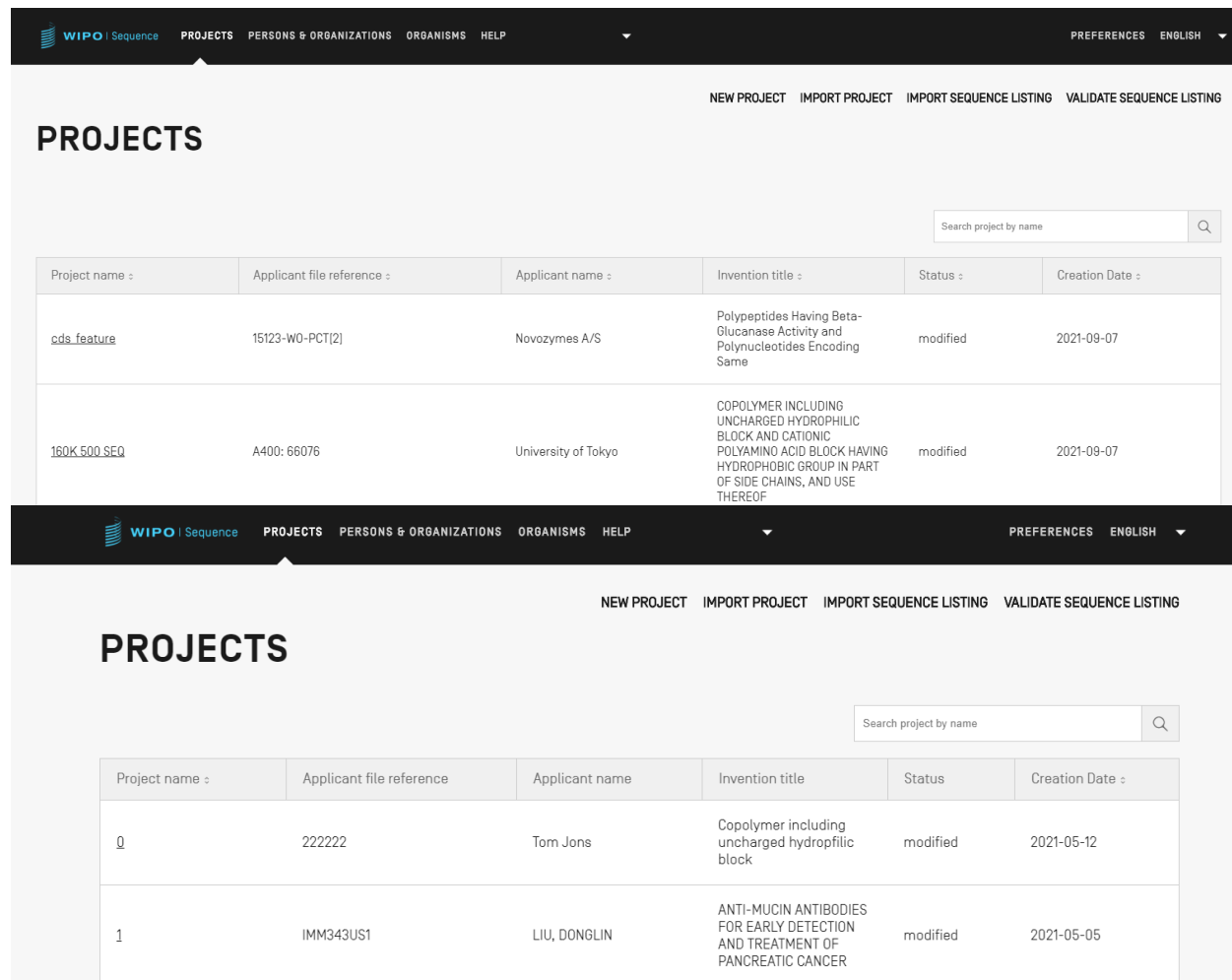


Figura 16. Proyecto nuevo – b)

- 2) Cuando se introduzca un valor en el campo del nombre, se activará el botón “Save” para poder guardar el proyecto nuevo. En la Figura 17 se muestra la lista de proyectos en la que se incluye el proyecto nuevo (en la vista inicial de proyectos).





The screenshot shows the 'PROJECTS' page in the WIPO Sequence application. The page includes a navigation bar with 'PROJECTS', 'PERSONS & ORGANIZATIONS', 'ORGANISMS', and 'HELP'. There are also links for 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. A search box is present with the text 'Search project by name'. Below the search box is a table with the following data:

Project name	Applicant file reference	Applicant name	Invention title	Status	Creation Date
<a href="#">cds_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07
<a href="#">160K_500_SEQ</a>	A400: 66076	University of Tokyo	COPOLYMER INCLUDING UNCHARGED HYDROPHILIC BLOCK AND CATIONIC POLYAMINO ACID BLOCK HAVING HYDROPHOBIC GROUP IN PART OF SIDE CHAINS, AND USE THEREOF	modified	2021-09-07

Figura 17. Proyecto nuevo – c)

### 4.1.2 Importar proyecto

Esta función permite importar a la herramienta un proyecto previamente exportado, según se describe en el apartado 5.1.1.4 Exportar proyecto. Para importar un archivo de proyecto, se deberá acceder a la vista inicial lista de proyectos.

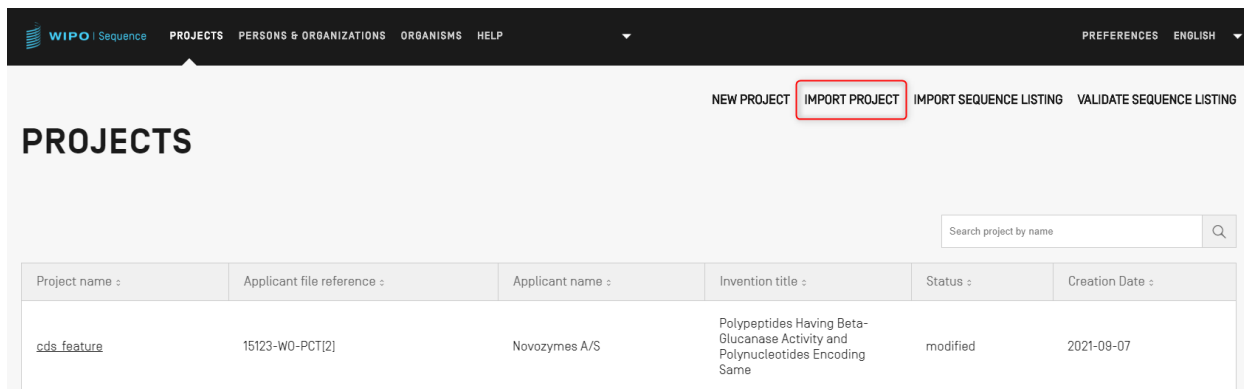


Figura 18. Importar proyecto

- 1) Habrá que hacer clic en el enlace “IMPORT PROJECT” situado en la parte superior de la vista, y marcado en la Figura 19.

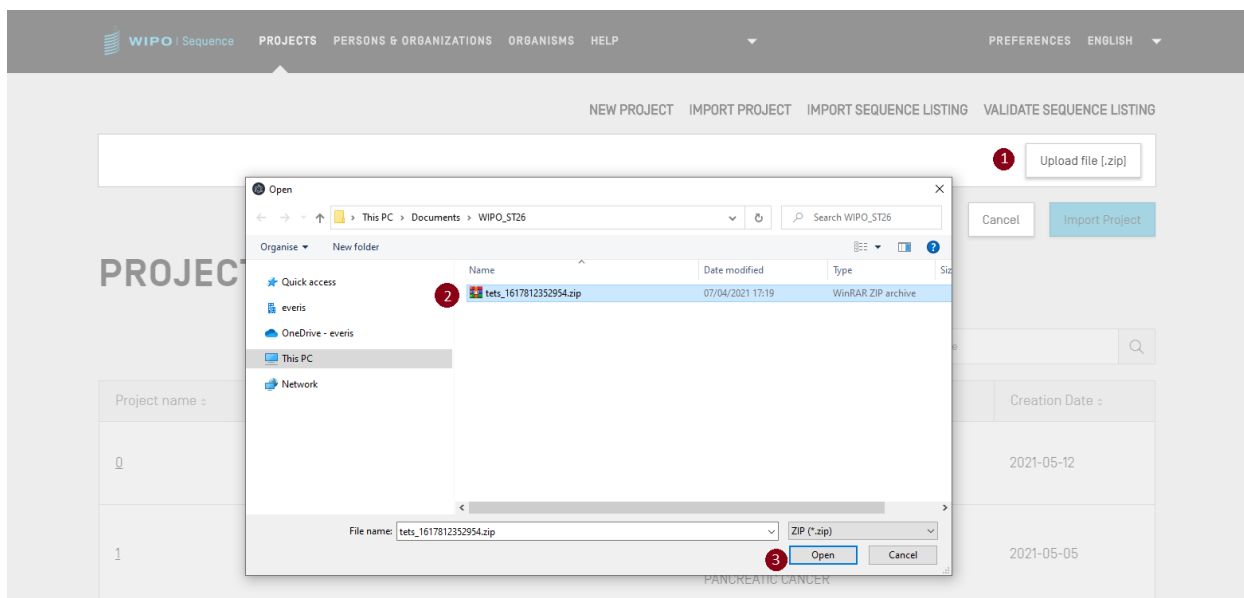


Figura 19. Cuadro de diálogo para importar proyecto

- 2) En la pantalla de superposición, mostrada en la Figura 19, se deberá hacer clic en el botón “Upload file [.zip]” (1).
- 3) En el cuadro de diálogo que se abre, mostrado en la Figura 20, se debe seleccionar el archivo de proyecto que se va a importar (2 y 3).

Figura 20. Selección de secuencias en la importación de proyecto

- 4) Si la casilla de verificación “Select Range Sequences” no está marcada, se importarán todas las secuencias. Para seleccionar las secuencias que se deseen importar al proyecto, se deberá marcar la casilla de verificación “Select Range Sequences” (1) e introducir los identificadores de dichas secuencias en el campo correspondiente (2) (véase la Figura 21). Se puede indicar una sola secuencia, una lista de secuencias mediante sus respectivos identificadores separados por comas o un intervalo de secuencias utilizando el formato x-y para introducir sus identificadores.

Ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

Por defecto, el número total de secuencias del proyecto importado se mostrarán como intervalo, esto es, secuencias de tipo “1-”

- 5) Por último, se deberá hacer clic en el botón azul “Import Project” (3), que se muestra en la Figura 21.

Si el proyecto se importa correctamente, aparecerá el siguiente mensaje sobre fondo azul en la parte superior de la vista.

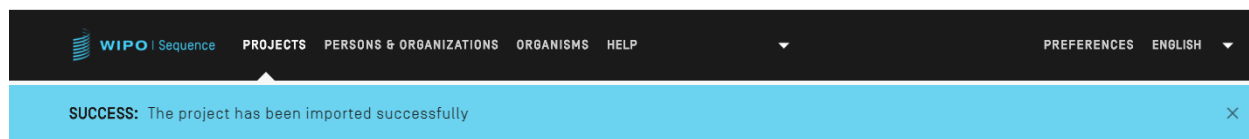


Figura 21. Mensaje relativo a la importación de proyecto

*Error conocido: WIPO Sequence puede generar muchos errores no previstos al importar el proyecto: no está clara la causa del error. Ocurre sobre todo cuando la herramienta se queda colgada. Si se experimentan problemas, se sugiere reintentar lanzar el proceso de importación de nuevo.*

### 4.1.3 Importar lista de secuencias

Desde la vista inicial de proyectos, se puede importar información de secuencias exclusivamente desde una lista de secuencias en formato ST.26 o ST.25. Los archivos tendrán la extensión xml para el formato ST.26 y txt para el formato ST.25.

- 1) En primer lugar, se deberá hacer clic en el enlace “IMPORT SEQUENCE LISTING” situado en la parte superior de la vista mostrada en la Figura 22.

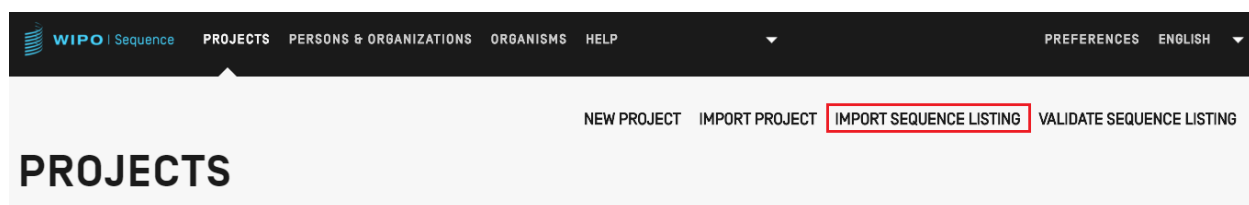


Figura 22. Importar lista de secuencias

- 2) En la superposición que se abre, habrá que hacer clic en el botón “Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml]” (1), y seleccionar en el cuadro de diálogo que aparece el archivo de la lista de secuencias que se deseen importar (2). A continuación, se introducirá en el campo “Project Name” un nombre para el proyecto nuevo que se va a crear (3).

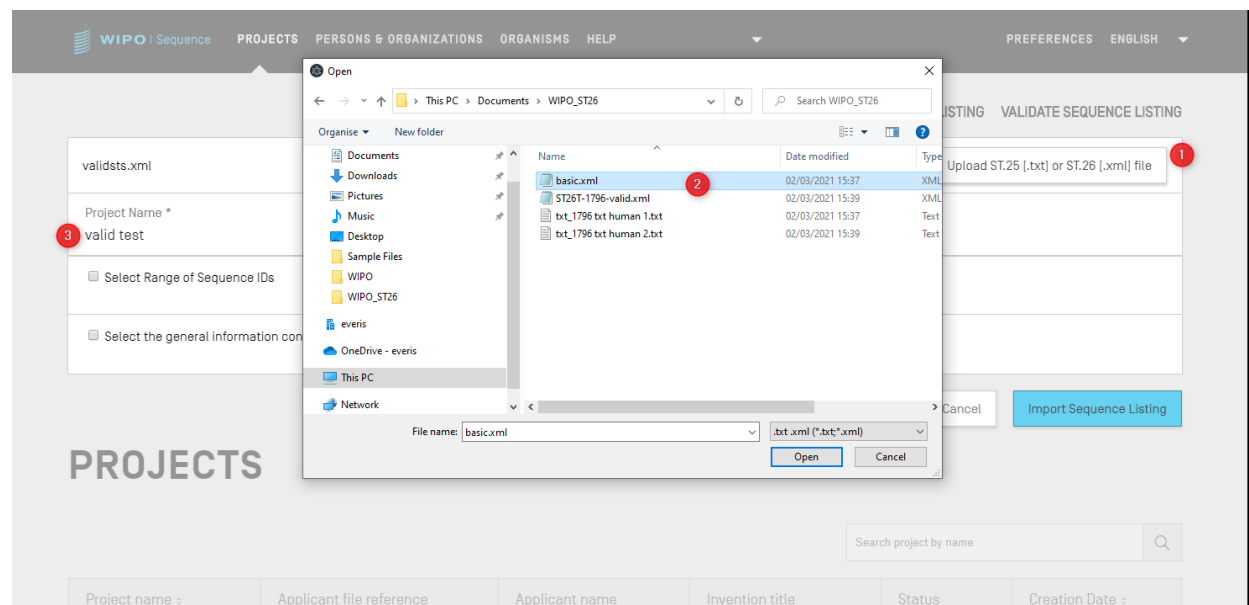
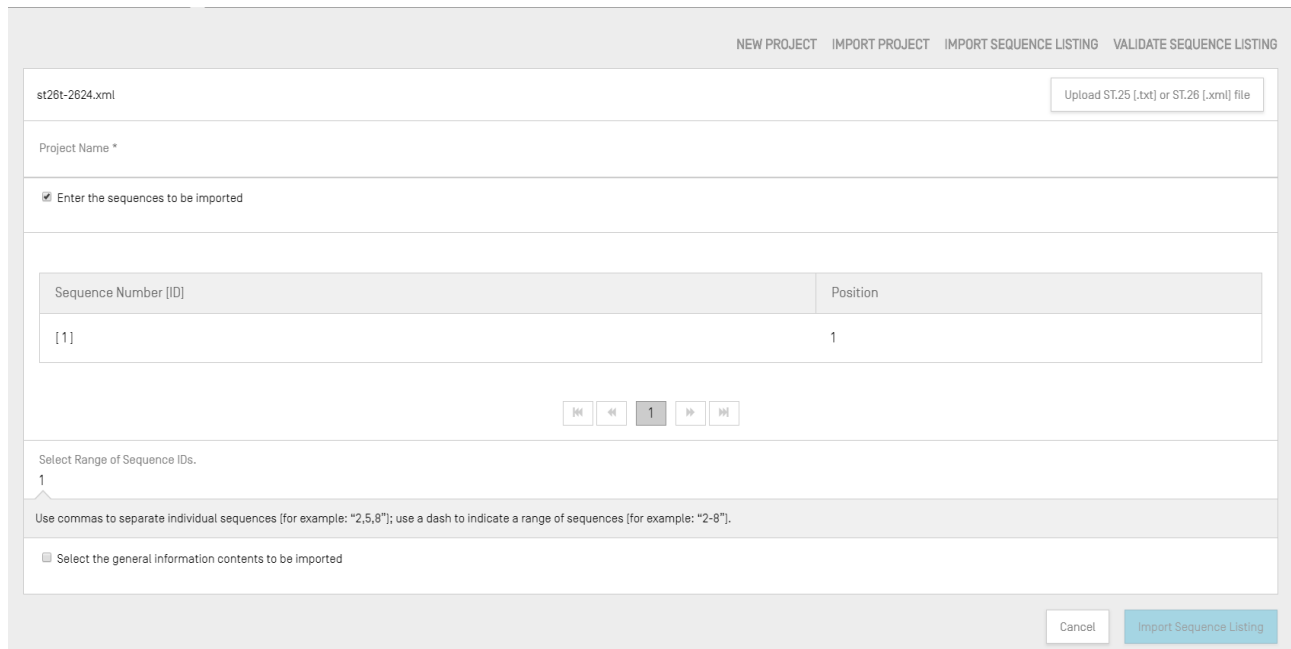


Figura 23. Cuadro de diálogo para importar lista de secuencias

En la Figura 24 se muestran las dos casillas de verificación que permitirán especificar las secciones que se importarán al proyecto nuevo: “Select Range Sequences” y “Select the general information contents to be imported”.



The screenshot shows the 'Import Sequence Listing' interface. At the top, there are navigation links: 'NEW PROJECT', 'IMPORT PROJECT', 'IMPORT SEQUENCE LISTING', and 'VALIDATE SEQUENCE LISTING'. Below these, there is a file upload area with the text 'st26t-2624.xml' and a button 'Upload ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml] file'. A 'Project Name \*' field is present. A checked checkbox 'Enter the sequences to be imported' is visible. Below this is a table with two columns: 'Sequence Number [ID]' and 'Position'. The table contains one row with the value '[1]' in the first column and '1' in the second. Below the table is a pagination control with buttons for first, previous, current (1), next, and last. Below the pagination is a section titled 'Select Range of Sequence IDs.' with a dropdown menu showing '1'. Below this is a text box with instructions: 'Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").' A checkbox 'Select the general information contents to be imported' is present. At the bottom right, there are 'Cancel' and 'Import Sequence Listing' buttons.

Sequence Number [ID]	Position
[1]	1

Figura 24. Selección de intervalo en la importación de lista de secuencias

Marcando la primera casilla de verificación, se podrán especificar las secuencias concretas que se desean importar de la lista de secuencias. Se puede indicar una sola secuencia, una lista de secuencias mediante sus respectivos identificadores separados por comas o un intervalo de secuencias utilizando el formato x-y para introducir sus identificadores.

Ejemplo: "1, 3, 7, 13-20, 30-50".

Por defecto, el número total de secuencias de la lista importada se mostrará como intervalo.

El cuadro mostrado en la Figura 24 tiene dos columnas, una correspondiente al identificador de secuencia y la otra a la posición en la que aparecerá cada secuencia en la lista de secuencias.

Project Name  
Insectidal Proteins |

Select Range Sequences

Select the general information contents to be imported

<input checked="" type="checkbox"/>	Element	Origin Element Value	Target Element Value
<input checked="" type="checkbox"/>	Application Identification		IP Office = GB Application number = 34892756 Filing date = 2019-05-02
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant File Reference		Applicant file reference = ABCD1234567
<input checked="" type="checkbox"/>	Earliest Priority Application Identification		IP Office = GB Application number = 128432643875345 Filing date = 2019-05-01
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant Name		Name = James Wilson
<input checked="" type="checkbox"/>	Invention Title Bag		Invention title = Insecticide protein, Language code = en

The data for the selected attributes will be overwritten

Figura 25. Selección de información general en la importación de lista de secuencias

Al marcar la segunda casilla de verificación se habilitará una lista de casillas de verificación que permitirán seleccionar los atributos que se deseen importar, como se muestra en la Figura 25.

- 3) Por último, se deberá hacer clic en el botón azul "Import Project" para crear el proyecto nuevo.

Si la lista de secuencias se importó correctamente, aparecerá un cuadro de datos modificados, como el que se muestra en la Figura 26, en el que se informa de los cambios automáticos efectuados durante la importación en los datos de la lista de secuencias en formato ST.25, formato de varias secuencias o formato RAW, con el fin de ajustarlos a los requisitos de la Norma ST.26.

---

*Nota: Para importar una lista de secuencias, el sistema distingue entre mayúsculas y minúsculas respecto de las características y los calificadores, por lo que deben ajustarse a los valores previstos en el Anexo I de la Norma ST.26 de la OMPI.*

*Asimismo, es importante señalar las listas de secuencias compatibles con la Norma ST.25 que se importen deben ser válidas o no podrá garantizarse el funcionamiento de WIPO Sequence.*

---

The screenshot shows the 'Import Report' interface. At the top right, there is a 'Print Report' button. Below the title, there is a section titled 'Changed Data' containing a table with the following data:

Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Origin Sequence ID	Sequence ID Number
	Sequence	u	Sequence Residue		All 'u' symbols in sequence are not permitted and should be changed to 't' symbols and that either a modified_base [uracil in DNA] or misc_feature [combined RNA/DNA molecule] is needed.		10

At the bottom of the table, there are navigation buttons: a left arrow, a right arrow, a page number '1', and another right arrow.

Figura 26. Datos modificados en la importación de lista de secuencias

Si el formato del archivo era ST.25, la vista de informe de importación incluirá un cuadro de informe de importación y un cuadro de datos modificados. En la Figura 26 se muestra un ejemplo de informe de datos modificados y en la Figura 27 un ejemplo de informe de importación.

The screenshot shows the 'Import Report' interface with a navigation bar at the top. The navigation bar includes the WIPO Sequence logo, 'PROJECT DEMO', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLIS', and a 'Return to project home' button with a red '2' notification. Below the title, there is a section titled 'Import Report Messages' containing a table with the following data:

Type of Note	Data Element	Message Text	Detected Sequence
Global	<400>	The symbol 'u' is not permitted and must be changed to a 't'. A 'modified_base' should be used to identify a uracil in a DNA sequence. A 'misc_feature' along with a 'note' qualifier should be used to identify each fragment of a DNA/RNA hybrid sequence	
Global		Please provide appropriate value(s) for the qualifier 'mol_type' of the following SEQ ID NO(s): 1, 2, as prescribed by Annex VII, ST.26.	

At the top right of the 'Import Report' section, there is a 'Print Report' button with a red '1' notification.

Figura 27. Informe de importación generado en la importación de lista de secuencias

Se podrá volver a la vista inicial de proyectos (2) o imprimir un informe de los cambios en formato PDF (1), como se muestra en la Figura 27.

Para saber cómo se puede descargar el archivo PDF, véase la sección 3.2.

El proceso de importación puede fallar si hay errores en el archivo de la lista de secuencias. En ese caso, tras el intento de importación, se notificará mediante un mensaje en fondo rojo que se ha producido un error durante la importación (véase la Figura 28).

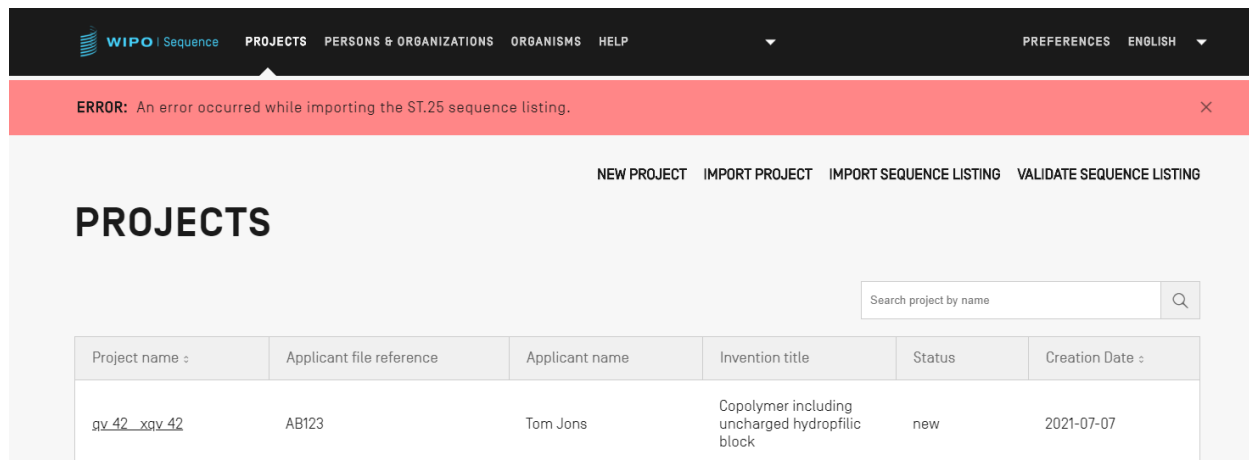


Figura 28. Informe de importación generado en la importación de una lista de secuencias en formato ST.26

Además, la herramienta da sus mejores resultados ateniéndose al límite de 100.000 secuencias. Cuando se trabaje con listas de secuencias de gran tamaño, se puede usar la siguiente solución: dividir el proceso de importación en una serie de etapas escogiendo un intervalo específico de las secuencias que se deben importar y así importar cada secuencia en un proyecto, intervalo por intervalo. De este modo, por ejemplo, una lista de alrededor de 100.000 secuencias se puede dividir en una serie de 10 x 10.000 secuencias, las cuales se pueden importar individualmente. Las primeras 10.000 secuencias serían las utilizadas para la creación del proyecto.

#### 4.1.4 Validar la lista de secuencias

Se puede validar un archivo de listas de secuencias en formato ST.26 haciendo clic en el enlace "VALIDATE SEQUENCE LISTING" que aparece en la parte superior derecha de la vista de proyectos, como se muestra en la Figura 29.

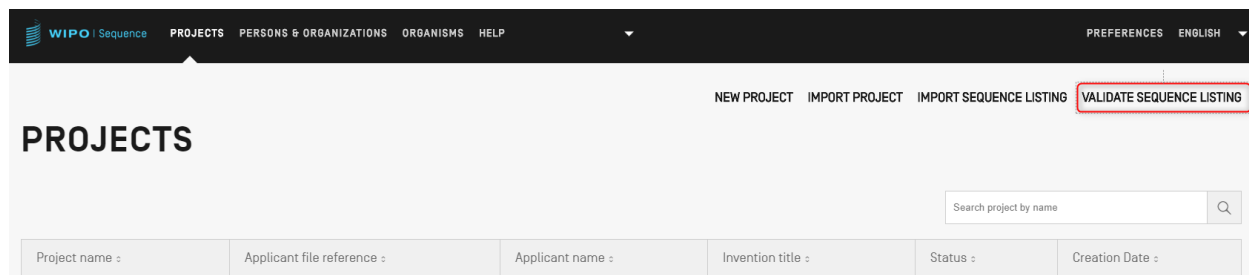


Figura 29. Validar lista de secuencias

A continuación, se deberá hacer clic en el botón "Upload file ST.26 [.xml]" (1), y luego seleccionar el archivo en el cuadro de diálogo (2).

Por último, habrá que hacer clic en el botón "Validate Sequence Listing" (3).



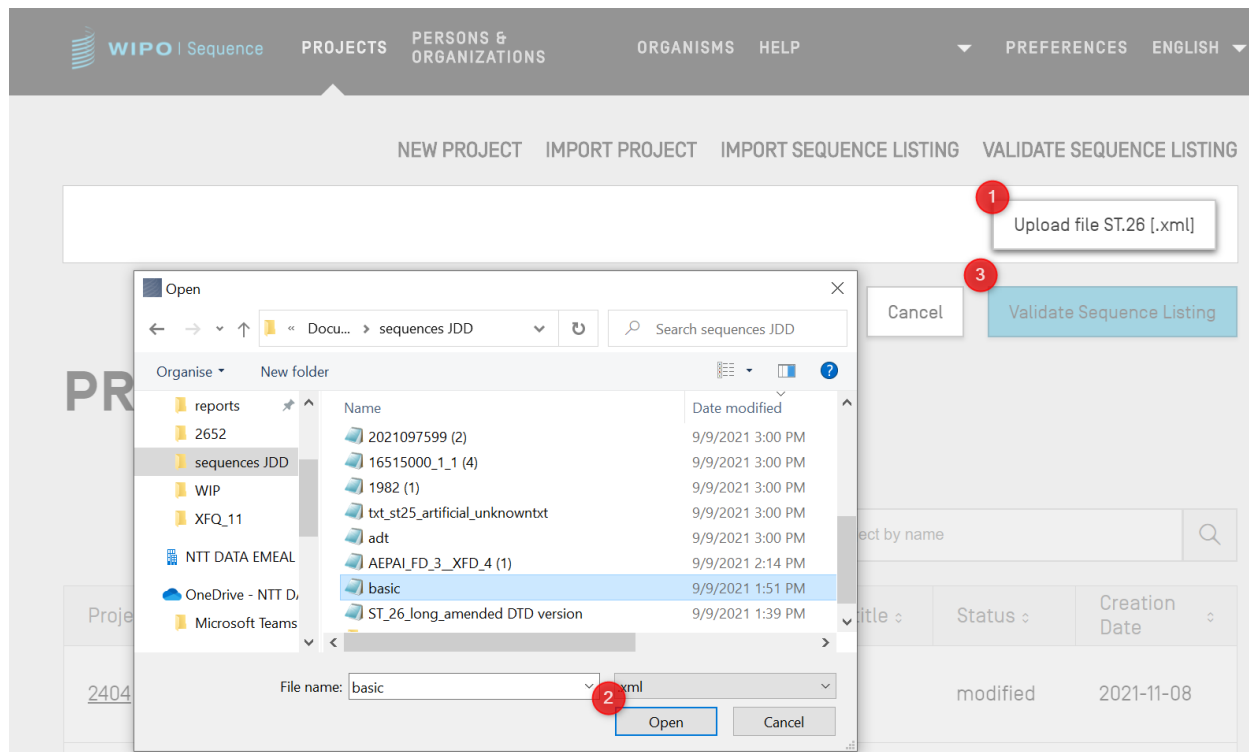


Figura 30. Cuadro de diálogo para validar la lista de secuencias

Si la lista de secuencias pasa la validación, aparecerá sobre fondo azul un mensaje como el que se muestra en la Figura 31:



Figura 31. Mensaje de validación de la lista de secuencias realizada correctamente

Si la lista de secuencias no supera la validación, se abrirá un informe de verificación en el navegador que incluirá un cuadro con los errores de validación, como se muestra en la Figura 32.

## Verification report

### Verification Report Information

Production Date	2022-02-12
1 Verification report (XML)	C:\Users\aterrass\AppData\Roaming\ST26_authoring\QT05.xml
2 Verification report (HTML)	C:\Users\aterrass\AppData\Roaming\ST26_authoring\QT05.html

### Verification Messages

Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
ERROR	Qualifier Value	The mandatory qualifier value for qualifier 'note' is missing.		1
WARN	Qualifier Value	The English language value for qualifier 'note' is missing. Certain IP Offices require English language qualifier values.		1
ERROR	Qualifier Value	The mandatory qualifier value for qualifier 'note' is missing.		1
WARN	Qualifier Value	The English language value for qualifier 'note' is missing. Certain IP Offices require English language qualifier values.		1
ERROR	Qualifier Value	The element includes non-permitted characters: м,о,л,е,к,у,а. Only printable characters (including the space character) from the Unicode Basic Latin code table (except the reserved characters) are permitted.	молекула	1
ERROR	Feature Key	The feature key SOURCE is not valid for amino acid sequences. Feature keys for amino acid sequences must be selected from WIPO ST.26 Annex I, Section 7.	SOURCE	2
ERROR	Feature Qualifiers	Mandatory qualifier mol_type is missing.	MOL_TYPE,ORGANISM	2
ERROR	Feature Qualifiers	Mandatory qualifier organism is missing.	MOL_TYPE,ORGANISM	2
ERROR	Qualifier Name	The qualifier name MOL_TYPE is not valid for this SOURCE feature.	MOL_TYPE	2
ERROR	Qualifier ID	This qualifier contains an id attribute. The qualifier id attribute is permitted only for a qualifier with a language-dependent free text value.	q5	2
ERROR	Qualifier Name	The qualifier name ORGANISM is not valid for this SOURCE feature.	ORGANISM	2
ERROR	Non English Qualifier Value	Non-English qualifier free text is permitted only for a qualifier that allows language-dependent free text.	Человек	2

Figura 32. Cuadro de errores de verificación en la validación de la lista de secuencias

La ubicación del archivo HTML se mostrará junto con el informe de verificación en XML (1) y (2) lo que permite acceder a los archivos y copiarlos en una ubicación diferente si así se desea.

Se debe permitir que se ejecute un archivo interno de comandos en la máquina personal para que el formato se muestre correctamente: controles ActiveX en el navegador de Internet Explorer. Se debe hacer clic en "allow blocked content" para que el formato se cargue correctamente. De lo contrario, las secuencias no se mostrarán en el formato estándar y no tendrán la misma legibilidad.

#### Nota:

Para validar una lista de secuencias, el archivo en formato ST.26 ha de cumplir los siguientes requisitos:

- Deberá estar codificado en formato UTF-8 y contener caracteres válidos de acuerdo con la especificación XML 1.0
- Deberá contener una línea de DOCTYPE como la siguiente:

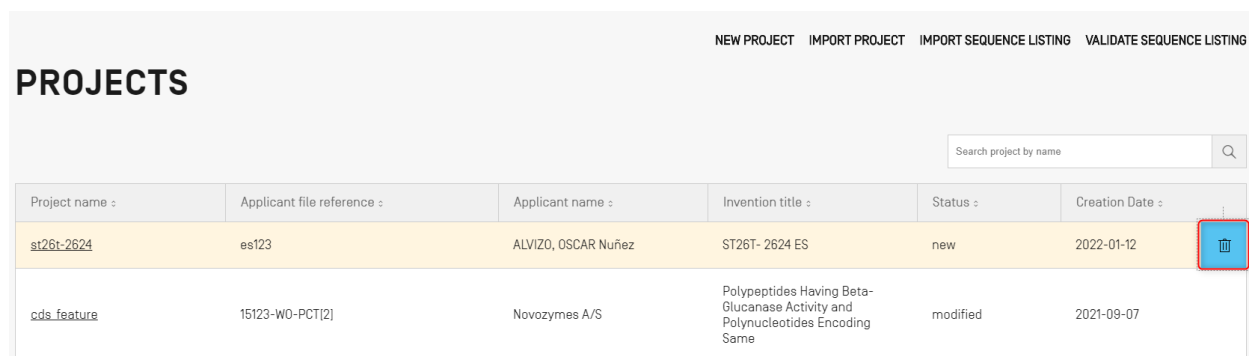
```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//ES" "ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

- El atributo dtdVersion deberá ajustarse a la versión de la DTD:
- Deberá ser compatible con el archivo ST26SequenceListing\_V1\_3.dtd<sup>2</sup>.

<sup>2</sup> Esta es la versión actual de la DTD en el momento de la publicación de este documento.

### 4.1.5 Eliminar proyectos

Para eliminar un proyecto, habrá que acceder a la vista de proyectos, mostrada en la Figura 33.



NEW PROJECT IMPORT PROJECT IMPORT SEQUENCE LISTING VALIDATE SEQUENCE LISTING

## PROJECTS

Search project by name


Project name :	Applicant file reference :	Applicant name :	Invention title :	Status :	Creation Date :	
<a href="#">st26t-2624</a>	es123	ALVIZO, OSCAR Nuñez	ST26T- 2624 ES	new	2022-01-12	
<a href="#">cda_feature</a>	15123-WO-PCT[2]	Novozymes A/S	Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same	modified	2021-09-07	

Figura 33. Eliminar proyecto

Se deberá hacer clic en el botón con el icono de la papelera de la fila del cuadro de la vista inicial de proyectos correspondiente al proyecto que se desea eliminar.

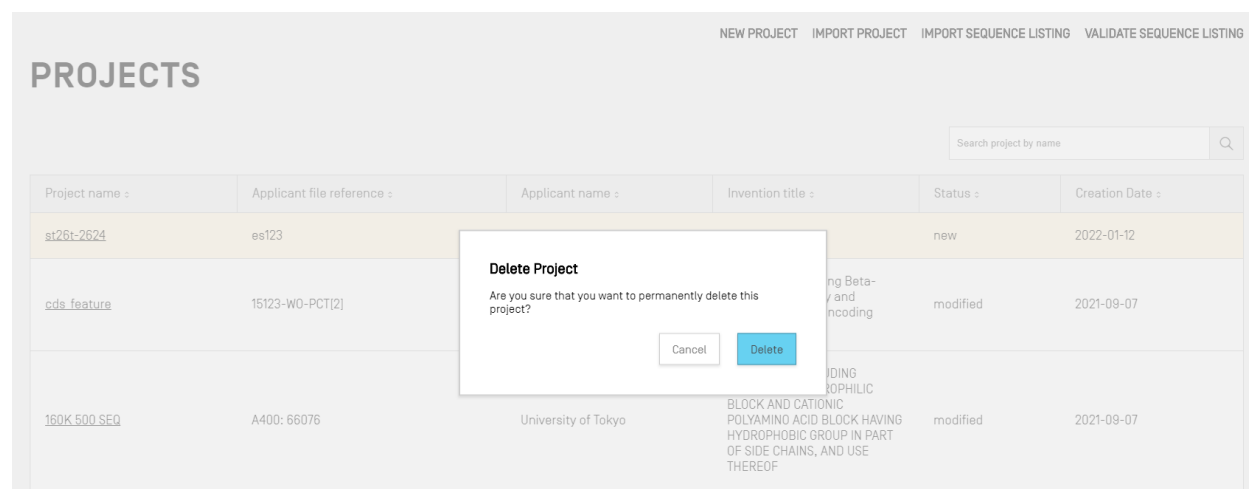


Figura 34. Confirmación de eliminación de proyecto

En la ventana emergente, habrá que hacer clic en “Delete” para confirmar que se desea eliminar el proyecto seleccionado.

## 4.2 PERSONAS Y ORGANIZACIONES

### 4.2.1 Crear

Para introducir una persona u organización nueva, hay que acceder a la vista de personas y organizaciones.

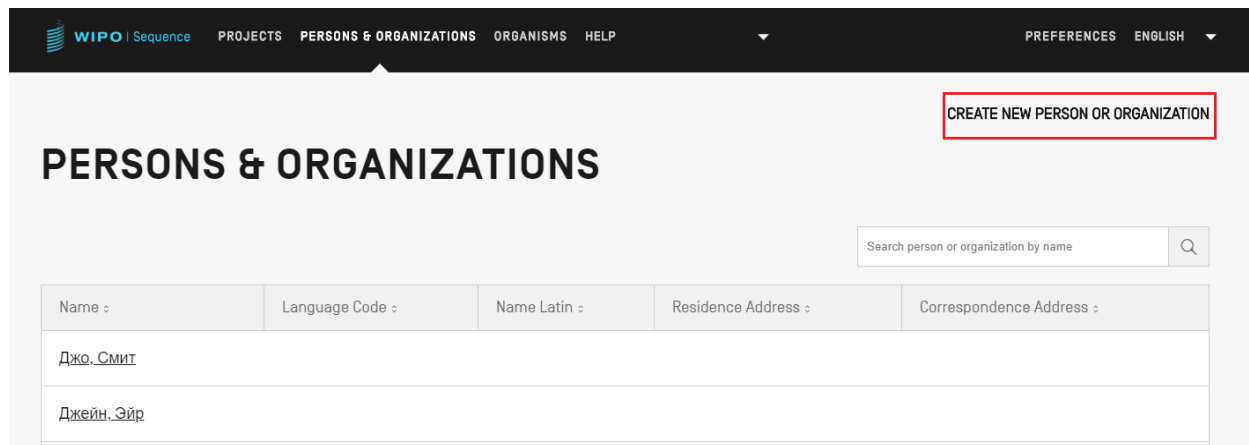


Figura 35. Crear nueva persona u organización

En primer lugar, se deberá hacer clic en el enlace “CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION” en la parte superior de la vista, mostrado en la Figura 36.

Figura 36. Panel para crear nueva persona u organización

En la vista siguiente, habrá que rellenar al menos los campos obligatorios (indicados con un ‘\*’) correspondientes a los datos de la nueva persona u organización. En lo que respecta al solicitante o inventor, se trata únicamente del nombre (si se facilita en caracteres latinos) y el idioma.

Si el nombre de la persona u organización no se escribe con caracteres latinos, deberá introducirse su versión latinizada en el campo “Name Latin”. Si no se proporciona ese dato, el proyecto no se validará cuando se genere o valide la lista de secuencias en formato ST.26.

### 4.3 ORGANISMOS PERSONALIZADOS

Para crear, editar, importar, exportar o eliminar un organismo personalizado, habrá que acceder a la vista de organismos.

#### 4.3.1 Crear organismos personalizados

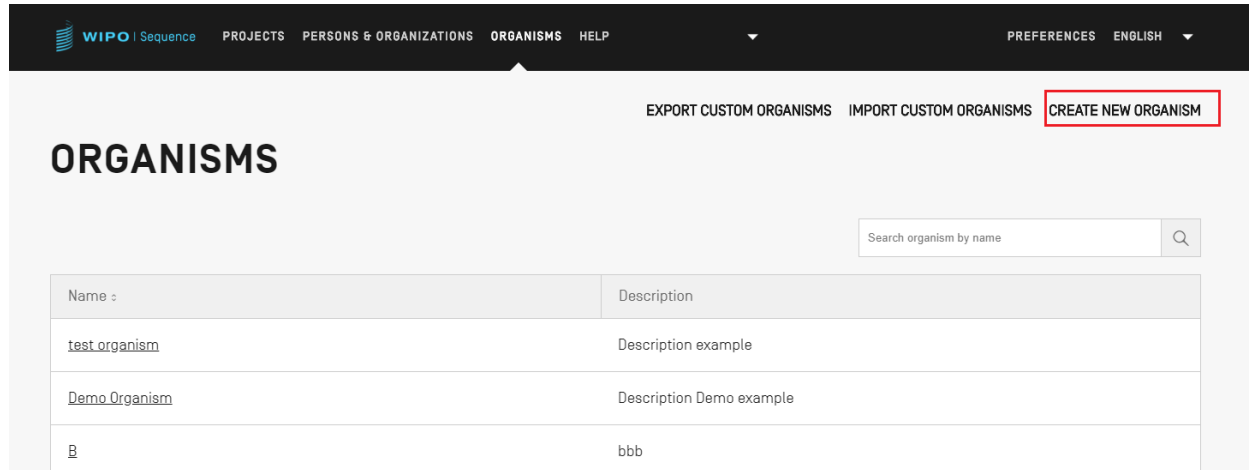


Figura 37. Crear nuevo organismo

Para introducir un nuevo organismo personalizado, hay que hacer clic en el enlace “CREATE NEW ORGANISM” situado en la parte superior de la vista, como se muestra en la Figura 37. En la siguiente ventana (Figura 38), se introducirá el nombre del nuevo organismo y se hará clic en “Save”. Si se precisa una descripción de dicho organismo personalizado, podrá añadirse opcionalmente.

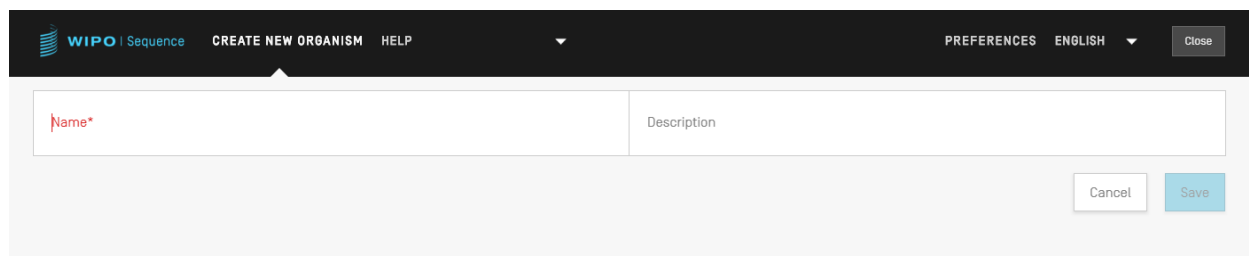


Figura 38. Formulario para crear nuevo organismo

#### 4.3.2 Exportar organismos personalizados

Todos los organismos personalizados, y sus descripciones, que se encuentran almacenados en la herramienta pueden exportarse y guardarse en un archivo de texto de modo que la lista de organismos puede modificarse fuera de la herramienta o importarse posteriormente. Para

exportar dicha lista, en primer lugar, hay que hacer clic en el enlace “EXPORT CUSTOM ORGANISMS”, que aparece marcado en la Figura 39:

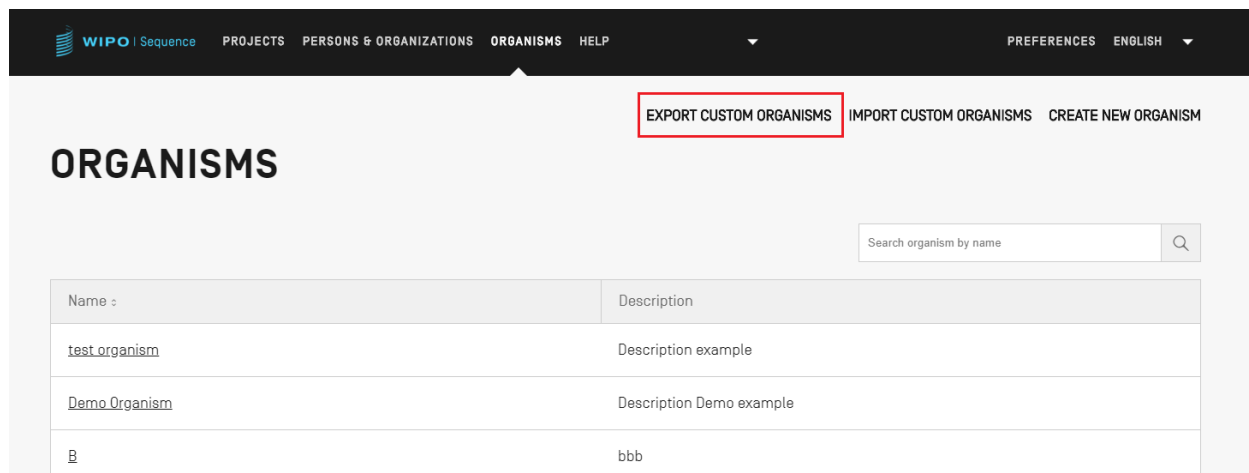


Figura 39. Exportar organismos personalizados

A continuación, se abrirá un cuadro de diálogo en el que se podrá asignar un nombre al archivo y elegir su ubicación (véase la Figura 40).

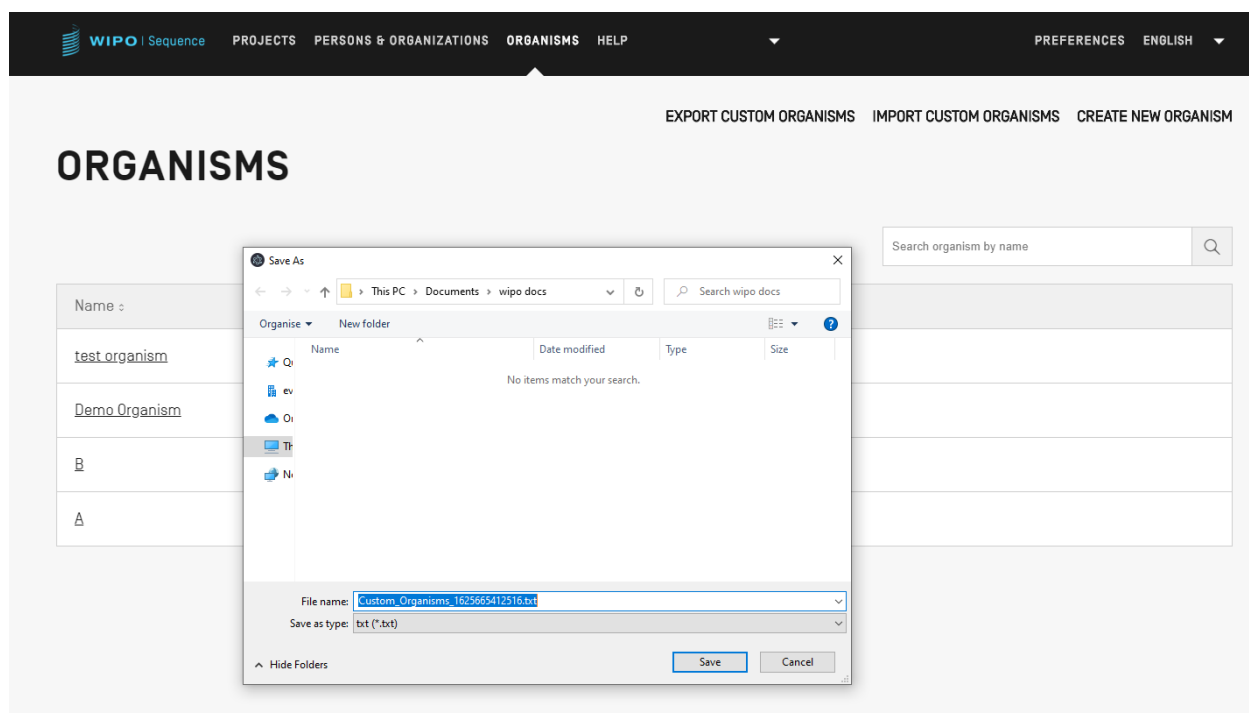
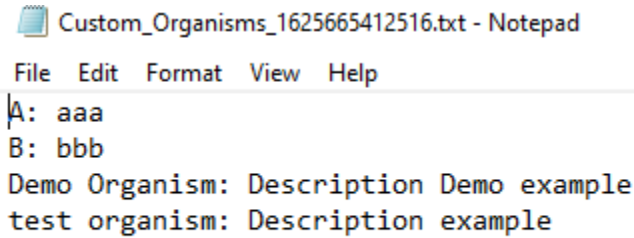


Figura 40. Cuadro de diálogo para exportar organismos personalizados

Para consultar un ejemplo de archivo que se exporta en formato .txt y donde se incluyen tanto el nombre como la descripción del organismo —los cuales pueden editarse e importarse a la herramienta— véase la Figura 41.



```
Custom_Organisms_1625665412516.txt - Notepad
File Edit Format View Help
A: aaa
B: bbb
Demo Organism: Description Demo example
test organism: Description example
```

Figura 41. Ejemplo de archivo de organismo especializado

### 4.3.3 Importar organismos personalizados

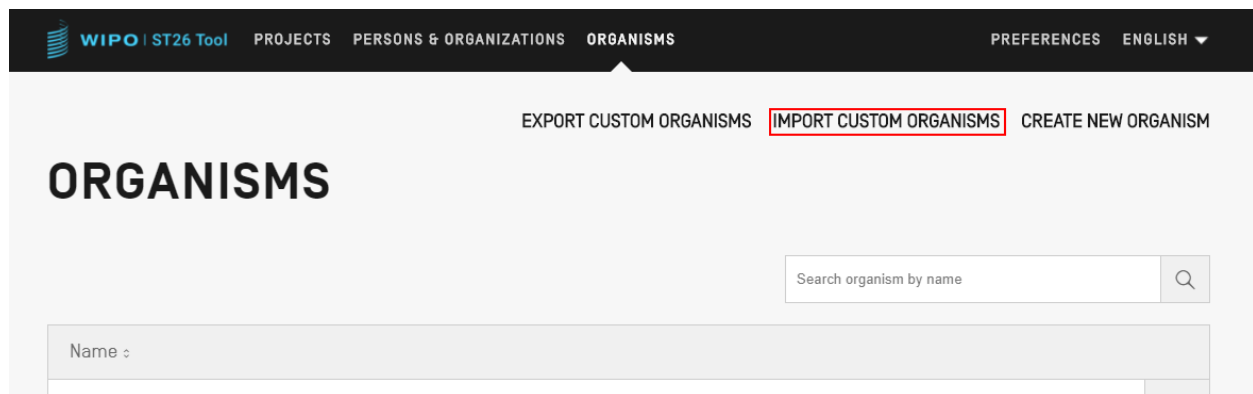


Figura 42. Importar organismos personalizados

Para importar la lista de organismos personalizados, en primer lugar, se hará clic en el enlace “IMPORT CUSTOM ORGANISMS” situado en la parte superior de la vista de organismos, como se muestra en la Figura 42. Aparecerá entonces una superposición debajo del cuadro de organismos, como se muestra en la Figura 43.

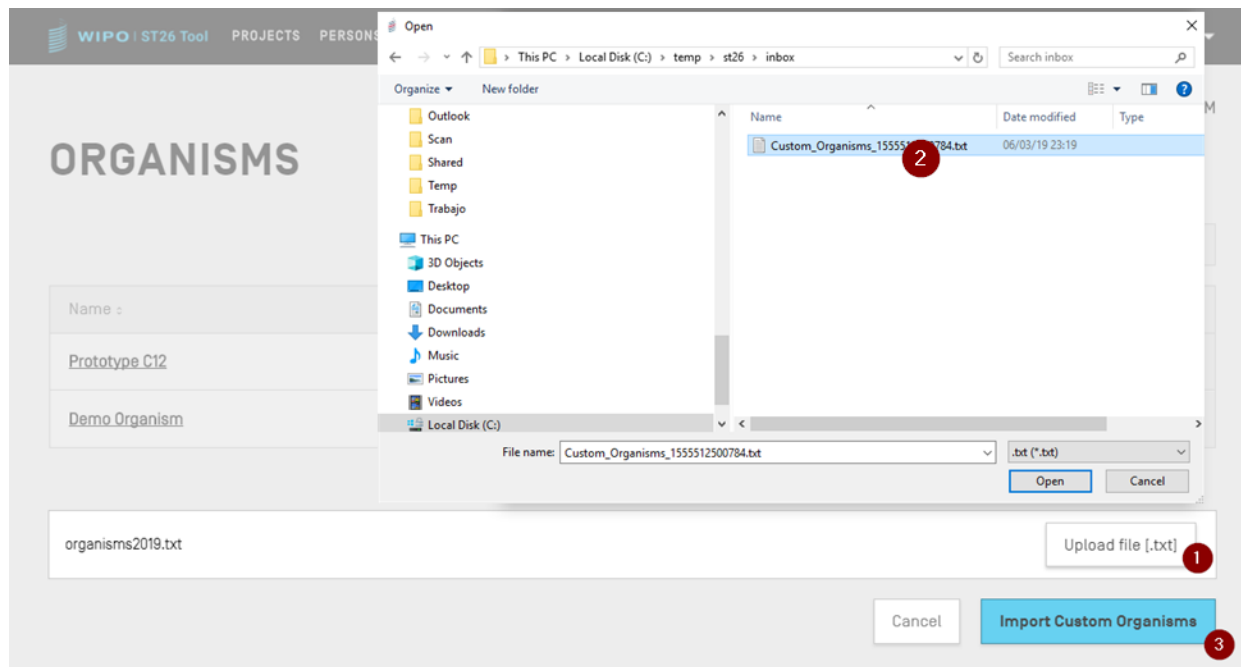


Figura 43. Cuadro de diálogo para importar organismos personalizados

- 1) Se deberá hacer clic en el botón “Upload file [.txt]” (1).
- 2) Se seleccionará en el cuadro de diálogo que se abre el archivo de los organismos personalizados (2).
- 3) Y, por último, se hará clic en el botón azul “Import Custom Organisms” (3).

**Nota:**

El archivo que se desee importar deberá ser un archivo de texto (\*.txt) que contenga una lista de nombres de organismos personalizados en formato de texto simple (UTF-8), con un nombre por línea.

#### 4.4 PREFERENCIAS DEL SISTEMA

La vista de preferencias del sistema permite modificar varios parámetros de configuración de WIPO Sequence. Los valores establecidos para dichos parámetros se aplicarán a todos los proyectos creados o editados con la herramienta (véase la Figura 44).



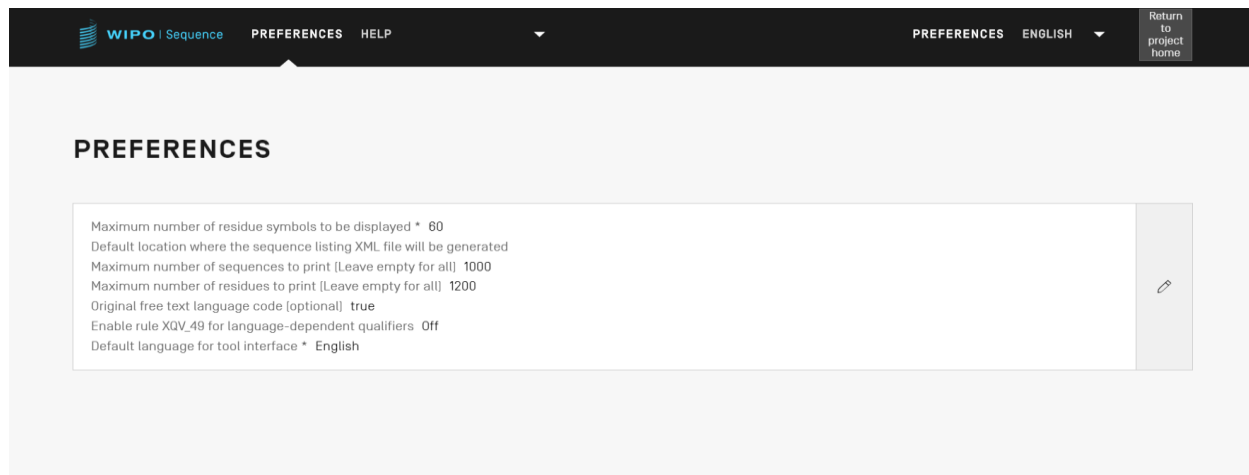


Figura 44. Resumen de las preferencias del sistema

Para modificar las preferencias del sistema, habrá que hacer clic en el icono del lápiz que aparece en la vista, lo que abrirá el panel de edición mostrado en la Figura 45:

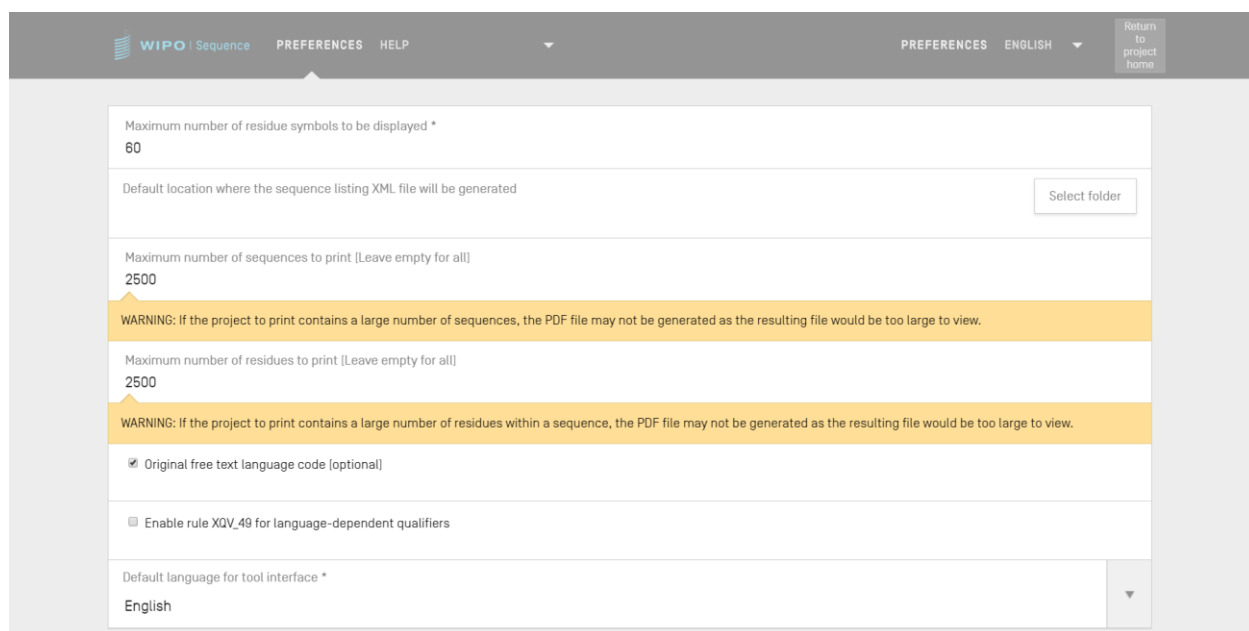


Figura 45. Configuración de las preferencias del sistema

Los parámetros de configuración que se pueden modificar en ese panel son (por orden):

- El número máximo de símbolos de residuos que se mostrarán. Este parámetro establece el número de residuos que se mostrarán por fila cuando se visualice una secuencia, y que, por defecto, es de 60 residuos.
- La ubicación predeterminada donde se generará el archivo XML de la lista de secuencias en formato ST.26. No es necesario facilitar dicha ubicación.

- El número máximo de secuencias que se imprimirán. Para imprimir las todas se debe dejar en blanco. El valor por defecto es de 1.000 secuencias.
- El número máximo de residuos que se imprimirán. Para imprimirlos todos se debe dejar en blanco. El valor por defecto es de 1.200 residuos.
- Código de idioma del texto libre original: si se activa esta casilla, aparecerá una advertencia durante la validación si el código de idioma de texto libre original no se ha facilitado. Por defecto, esta opción está desactivada.
- Activar XQV\_49: si se activa esta casilla, aparecerá una advertencia si no hay ningún valor en inglés para el calificador proporcionado de texto libre dependiente del idioma. Por defecto, esta opción está desactivada.
- Idioma por defecto de la interfaz. Se trata del idioma en que se mostrará la interfaz cuando se inicie WIPO Sequence. El idioma por defecto es el inglés.

**Nota:**

*Los parámetros tercero y cuarto son relevantes cuando se imprime el proyecto en formato PDF. Debe tenerse presente que, si la lista de secuencias es muy larga, el PDF obtenido podría tener varios miles de páginas y su visualización resultaría inviable.*

## 5 PÁGINA DEL PROYECTO

La página de proyecto se compone de seis vistas que permiten navegar entre las diferentes tareas (véase la Figura 46):

1. Vista de datos de proyecto (1) (indicado con el nombre del proyecto, mostrado como "Project"): vista principal que contiene toda la información del proyecto;
2. Vista de informe de verificación (2): desde donde se puede acceder al informe de verificación;
3. Vista de calificadores de texto libre dependientes del idioma (3): desde donde se puede acceder a los calificadores de texto libre dependiente del idioma, y además se pueden exportar e importar;
4. Vista de informe de importación (4): desde donde se puede acceder al informe de importación;
5. Vista de visualización de lista de secuencias (5): desde donde se puede acceder a los formatos legibles por humanos de las listas de secuencias en formato ST.26;
6. Menú de ayuda: incluye referencias al manual de uso y a la Norma ST.26; y
7. Vista de preferencias (6).

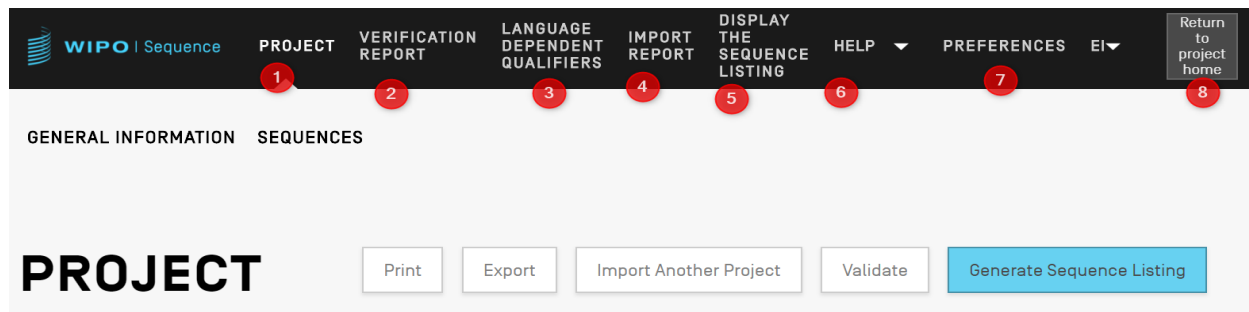


Figura 46. Cabecera de la página de proyecto

Se puede volver a la vista de proyectos (en la página principal) haciendo clic en el botón “Return to project home” (8) situado en el extremo derecho de la cabecera de la página de proyecto.

## 5.1 DATOS DEL PROYECTO

### 5.1.1 Información básica

En la parte superior de la vista de datos de proyecto aparece un cuadro con la información básica del proyecto, como se muestra en la Figura 47.

La información básica incluye:

- El nombre del proyecto
- La fecha y hora de creación del proyecto
- El estado del proyecto (posibles valores: nuevo, modificado, generado, no válido, válido, advertencia): téngase presente que este no es un campo modificable
- El nombre del archivo importado (en caso de que el proyecto se haya importado)
- La descripción del proyecto: opcional
- El número de secuencias (calificado con la etiqueta ‘Sequences’)
- El código de idioma de texto libre de origen para los calificadores de texto libre
- El código de idioma para el texto libre distinto del inglés
- Una casilla para para añadir automáticamente un calificador de traducción cuando se crea una característica “CDS” (función a nivel de proyecto)

The screenshot shows the 'PROJECT' section of the WIPO Sequence interface. At the top, there is a navigation bar with the following items: 'WIPO | Sequence', 'PROJECT', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'Return to project home'. Below the navigation bar, there are two tabs: 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The 'PROJECT' title is prominently displayed. To the right of the title are five buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. Below these buttons is a table containing project details:

Project Name PROJECT	Creation date 2022-01-12
Status new	File Name ST26T-2557
Description	Sequences 1
Original free text language code	Non English free text language code
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created Off	

Figura 47. Sección de información básica

#### 5.1.1.1 Imprimir proyecto

Se puede imprimir un proyecto específico entrando en la correspondiente vista de datos de proyecto y haciendo clic en el botón “Print” situado en la parte superior de dicha vista (véase la Figura 48).

This screenshot is identical to the one in Figure 47, but the 'Print' button is highlighted with a red rectangular box to indicate the action to be taken.

Figura 48. Imprimir proyecto

A continuación, aparecerán dos casillas de verificación para seleccionar la información que se desea imprimir del proyecto: información general y/o información de la secuencia (véase la Figura 49).

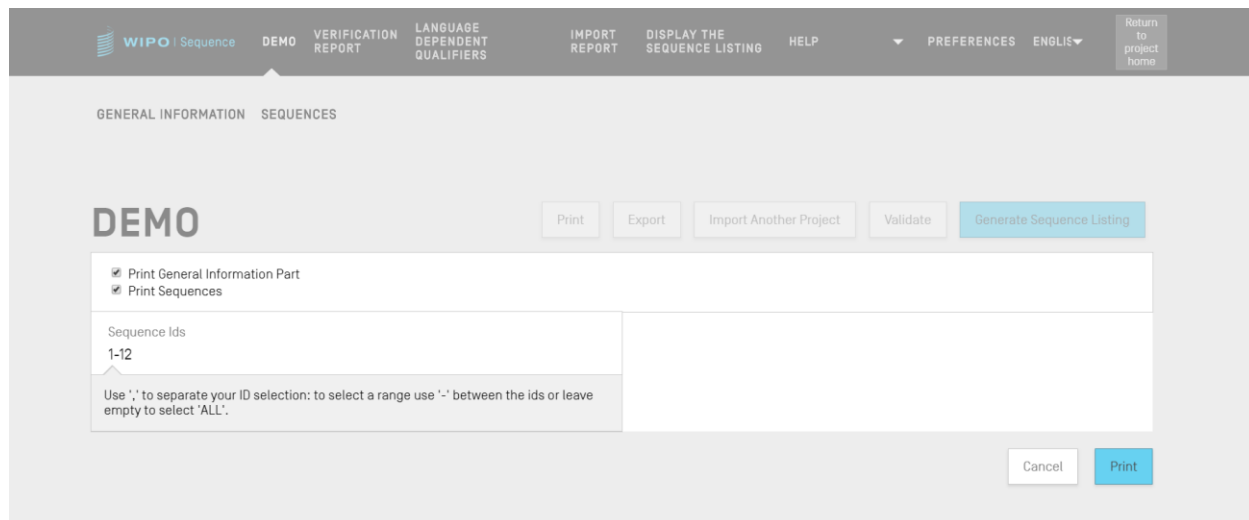


Figura 49. Sección de selección de información en el panel de imprimir proyecto

Si se selecciona “Print Sequences”, se podrá especificar qué secuencias se desean imprimir indicando el intervalo de identificadores en el campo “Sequence IDs”, o simplemente imprimirlas todas si se deja este campo en blanco.

Por defecto, el número total de secuencias del proyecto se mostrará como intervalo.

Tras hacer clic en el botón azul “Print”, si el archivo PDF se genera correctamente, la herramienta lo abrirá en un lector de PDF en el que se podrá revisar.

Para saber cómo se puede descargar el archivo PDF, véase la sección **3.2**.

Usando cualquier navegador de Internet, también existe la opción de guardar la lista de secuencia en formato HTML mostrada en formato de archivo PDF.

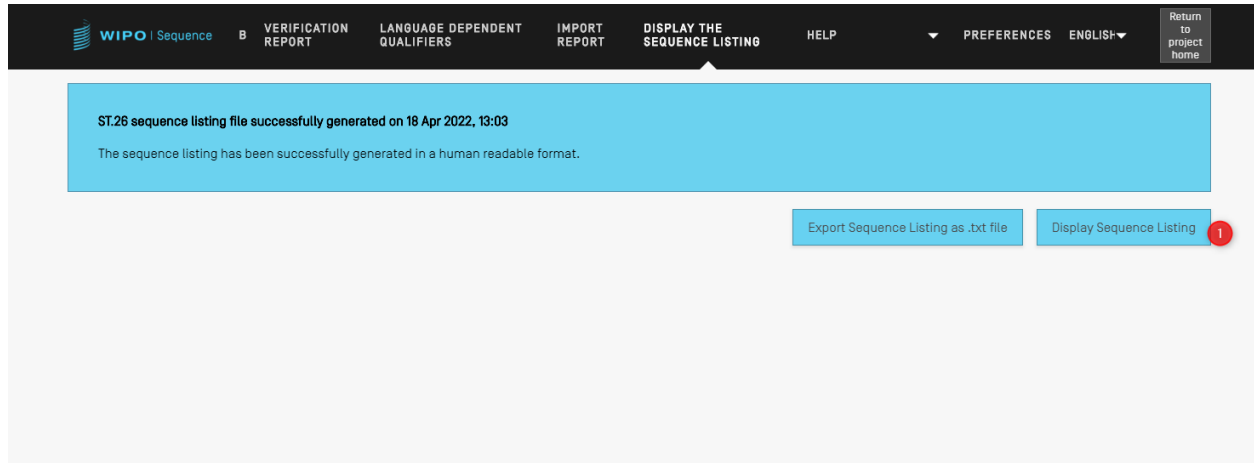


Figura 50. Selección de opción de muestra de la lista de secuencias

File | C:/Users/aterass/AppData/Roaming/ST26\_authoring/Project\_1066/generated.html

### Sequence Listing

<b>1</b>	<b>Sequence Listing Information</b>	
1-1	File Name	B.xml
1-2	DTD Version	V1_3
1-3	Software Name	WIPO Sequence
1-4	Software Version	1.2.0-beta.3
1-5	Production Date	2022-04-18
1-6	Original free text language code	ae
1-7	Non English free text language code	
<b>2</b>	<b>General Information</b>	
2-1	Current application: IP Office	AE
2-2	Current application: Application number	123
2-3	Current application: Filing date	2022-03-03
2-4	Current application: Applicant file reference	13
2-5	Earliest priority application: IP Office	AI
2-6	Earliest priority application: Application number	123
2-7	Earliest priority application: Filing date	2022-03-03
2-8zh	Applicant name	Bowen, David J
2-8ae	Applicant name: Name Latin	
2-9	Inventor name	
2-9ae	Inventor name: Name Latin	
2-10pt	Invention title	TEST
2-11	Sequence Total Quantity	1
<b>3-1</b>	<b>Sequences</b>	
3-1-1	Sequence Number [ID]	1

Figura 51. Lista de secuencias en formato PDF

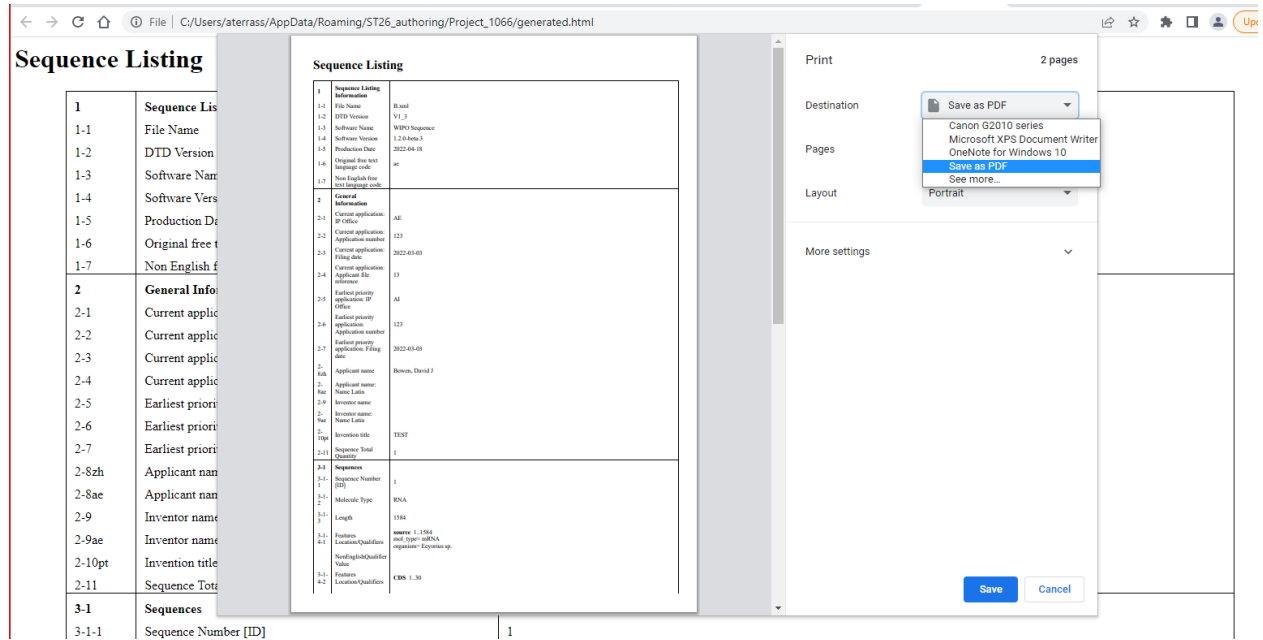


Figure 52. Selección de opción de guardar lista de secuencias en formato PDF

### 5.1.1.2 Importar información de otro proyecto

Se podrá copiar en el proyecto que esté abierto información de otros proyectos almacenados en la herramienta. La información importada podrá destinarse a la sección “General Information”, la sección “Sequences”, o ambas.

*Nota: la información general importada reemplazará la información general del proyecto en curso, mientras que las secuencias importadas se añadirán a la lista de secuencias del proyecto.*

En primer lugar, se deberá hacer clic en el botón “Import Another Project”, situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto (véase la Figura 53).

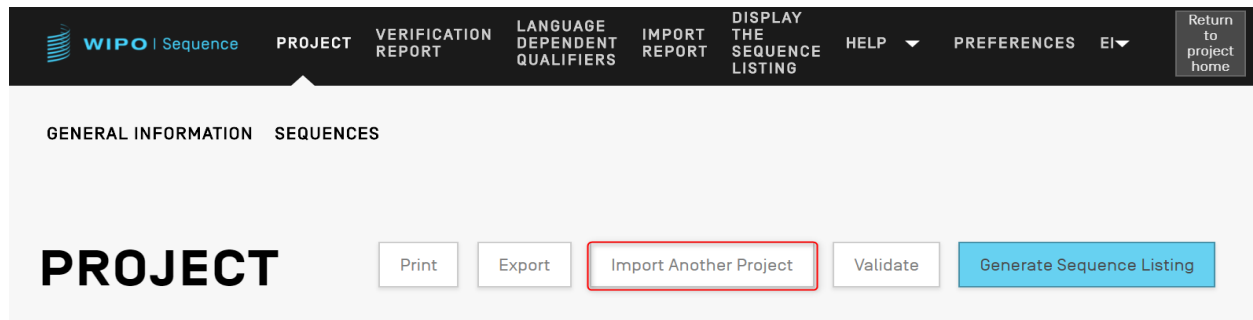


Figura 53. Importar otro proyecto

Se abrirá una superposición, como se muestra en la Figura 54. Habrá que seleccionar primero el proyecto del que se desea importar información.

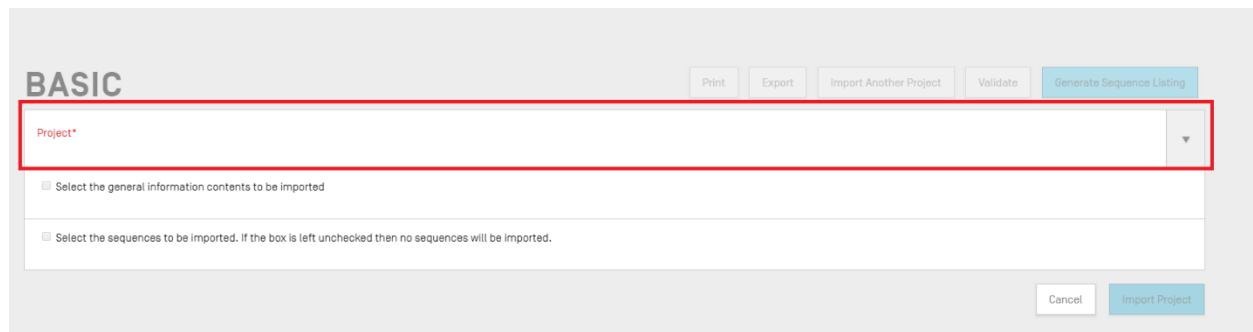


Figura 54. Selección de proyecto de destino en el panel para importar otro proyecto

A continuación, como se muestra en la Figura 55, se podrá marcar la casilla de verificación para incluir datos de la sección de información general (1) del proyecto y también si desean importar secuencias (2) proporcionando un intervalo de identificadores de secuencia (3) para especificar las secuencias que se desean importar al proyecto en curso.

Por defecto, el número total de secuencias del proyecto se mostrará como intervalo.



WIPO | Sequence PROJECT DEMO VERIFICATION REPORT LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

## PROJECT DEMO

Print Export Import Another Project Validate Generate Sequence Listing

Project\*  
1941-AMBIGUOUS

1 Select the general information contents to be imported

2  Select the sequences to be imported. If the box is left unchecked then no sequences will be imported.

Select Range of Sequence IDs.	Total Sequences
1-6	6

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

Cancel Import Project

Figura 55. Panel para importar otro proyecto

Si se marca la casilla de verificación de información general, aparecerá un cuadro con toda la información general de ambos proyectos: el proyecto seleccionado (proyecto de origen) y el proyecto en curso (proyecto de destino).

**Nota:**

*Si no se selecciona la casilla "Select the general information contents to be imported", ningún dato general de la lista de secuencias se importará al proyecto.*

Entonces habrá que seleccionar los datos de información general que serán reemplazados en el proyecto de destino por los correspondientes del proyecto de origen, como se muestra en la Figura 56.

Project\*  
1941-AMBIGUOUS

Select the general information contents to be imported

<input type="checkbox"/>	Element	Origin Element Value	Target Element Value
<input checked="" type="checkbox"/>	Application Identification	IP Office = FR Application number = 123123123 Filing date = 2022-04-18	IP Office = ES Application number = 1 Filing date = 2021-03-01
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant File Reference	Applicant file reference = 123124	Applicant file reference = ABC1234
<input checked="" type="checkbox"/>	Earliest Priority Application Identification	IP Office = FR Application number = 123123 Filing date = 2022-04-18	IP Office = ES Application number = 1 Filing date = 2021-03-01
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant Name	Name = AP-HM Language code = fr Name Latin = AP-HM	Name = Steven Language code = es
<input checked="" type="checkbox"/>	Inventor Name		Name = Steven Language code = es
<input checked="" type="checkbox"/>	Applicant List	Applicant name = AP-HM	Applicant name = Steven
<input checked="" type="checkbox"/>	Invention Title Bag	Invention title = TEST, Language code = fr	Invention title = AMBIGUOUS, Language code = es

The data for the selected attributes will be overwritten

Figura 56. Selección de datos de información general en el panel para importar otro proyecto

Por último, una vez que se han seleccionado los datos de información general y las secuencias que se desean importar al proyecto, se deberá hacer clic en el botón azul “Import Project”, que se muestra en la parte inferior de la Figura 56.

**SUCCESS:** The project has been imported successfully.

Figura 57. Mensaje de importación de otro proyecto realizada correctamente

Como se muestra en la Figura 57 (Mensaje de importación de otro proyecto realizada correctamente) aparece un mensaje sobre fondo azul si los elementos se importan correctamente.

### 5.1.1.3 Validar proyecto

Antes de generar la lista de secuencias en un archivo XML conforme con la Norma ST.26, el proyecto se someterá a una prueba de validación. Este paso se realiza siempre antes de generar la lista de secuencias, pero también puede realizarse en cualquier otro momento.

Para validar un proyecto, se deberá hacer clic en el botón “Validate” situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto, y marcado en la Figura 58.

The screenshot shows the 'PROJECT DEMO' page in the WIPO Sequence application. The top navigation bar includes links for PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. Below the navigation, there are tabs for 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The main heading is 'PROJECT ...'. Below this heading are several buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate' (highlighted with a red border), and 'Generate Sequence Listing'. A table below the buttons displays project details:

Project Name project demo	Creation date 2022-01-12
Status new	File Name
Description	Sequences 2
Original free text language code	Non English free text language code
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created Off	

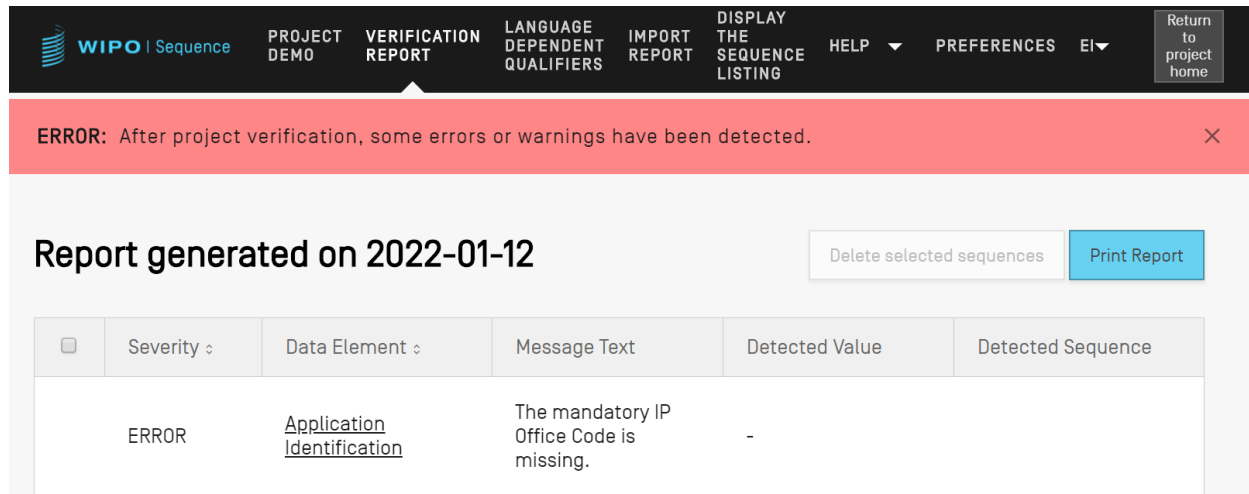
Figura 58. Validación de proyecto

Una vez finalizada la validación, aparecerá la vista de informe de verificación con los errores o advertencias de verificación que se hayan podido producir. En la Figura 59 se muestra el mensaje que aparecerá si el resultado de la validación es satisfactorio.

The screenshot shows the 'VERIFICATION REPORT' page in the WIPO Sequence application. The top navigation bar includes links for TESTSTRAIN, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. A blue success message banner at the top reads: 'SUCCESS: The project has been successfully verified'. Below this, a light blue box contains the text: 'Report successfully generated on 2022-01-12' and 'This project does not contain any errors or warnings.'

Figura 59. Proyecto validado sin errores

Si durante el proceso de validación se producen errores o advertencias, se generará un informe de verificación que incluirá un cuadro con las normas y directrices de verificación que se han incumplido. En la Figura 60 se muestra un ejemplo de informe de verificación. En cada fila del cuadro se indica si se trata de un error, que deberá resolverse, o de una advertencia, que podrá ser ignorada.



The screenshot displays the WIPO Sequence application interface. At the top, a navigation bar includes the logo and menu items: PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. Below the navigation bar, a red error banner reads: 'ERROR: After project verification, some errors or warnings have been detected.' The main content area shows a report titled 'Report generated on 2022-01-12' with two buttons: 'Delete selected sequences' and 'Print Report'. A table below the report lists the detected error.

<input type="checkbox"/>	Severity ↕	Data Element ↕	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
	ERROR	<a href="#">Application Identification</a>	The mandatory IP Office Code is missing.	-	

Figura 60. Proyecto validado con errores y advertencias

#### 5.1.1.4 Exportar proyecto

Se podrá exportar cualquier proyecto a un archivo .zip para tener una copia de seguridad de los datos del proyecto o, si se desea, para importarlo desde otra computadora de escritorio que tenga instalado WIPO Sequence (véase la Figura 61).

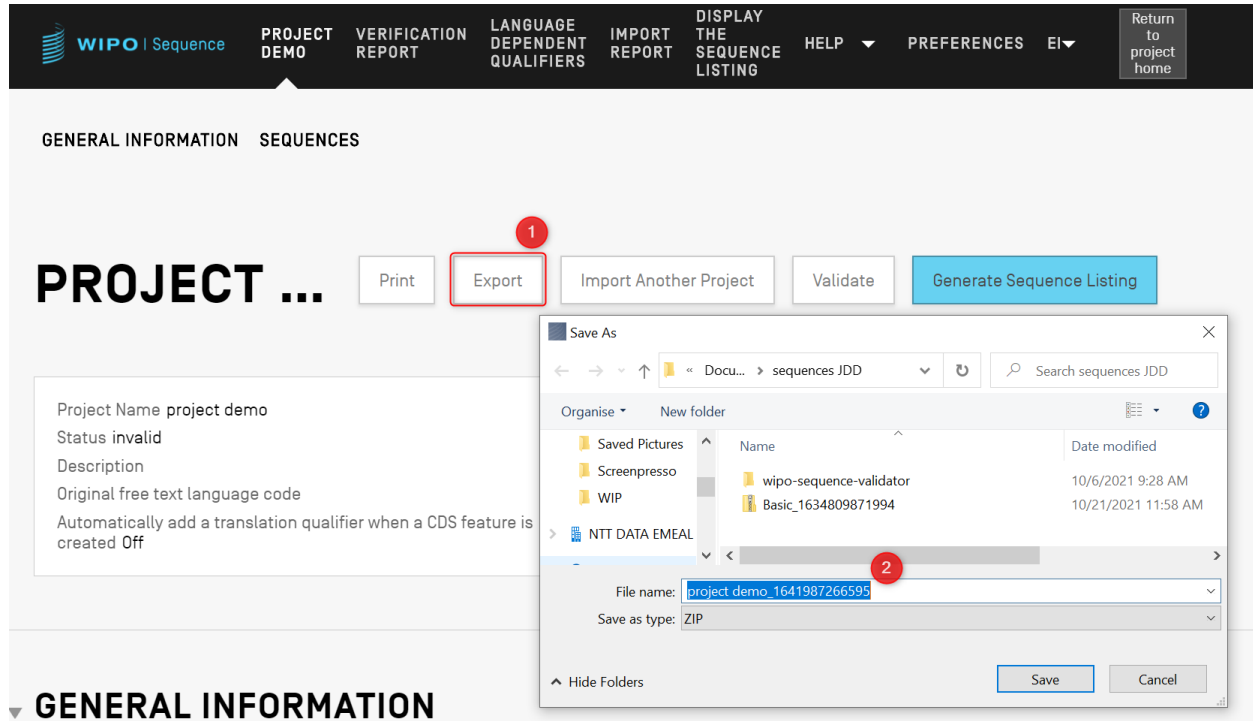
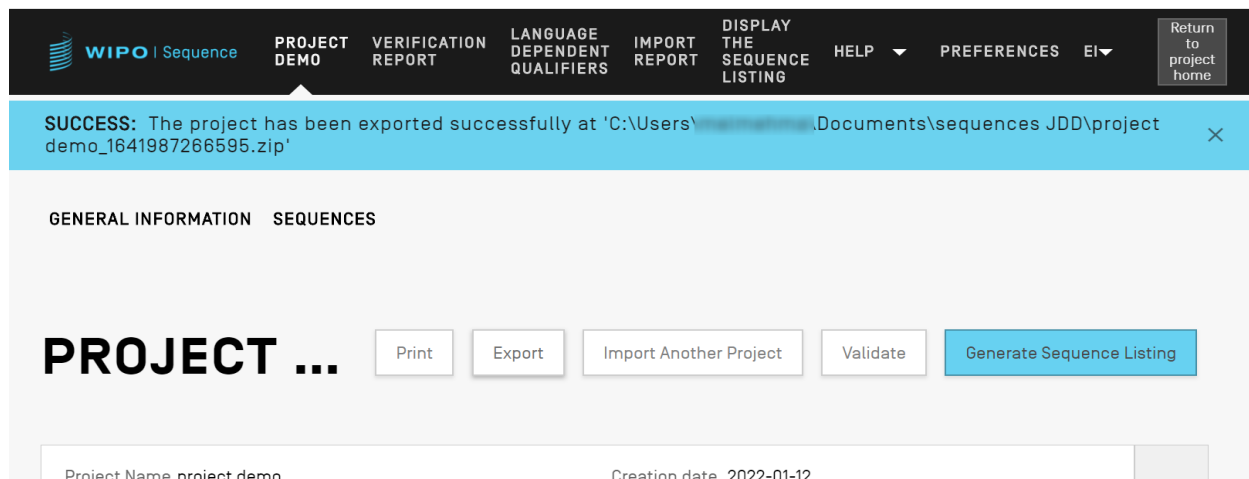


Figura 61. Exportar proyecto

- 1) Se deberá hacer clic en el botón “Export” situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto.
- 2) En el cuadro de diálogo que aparece, se podrá asignar un nombre al archivo y elegir la ubicación en la que se desea guardar el proyecto.

Si el proyecto se exporta correctamente, en la parte superior de la vista aparecerá un mensaje sobre fondo azul que incluirá el nombre y la ubicación del proyecto, como se muestra en la Figura 62.

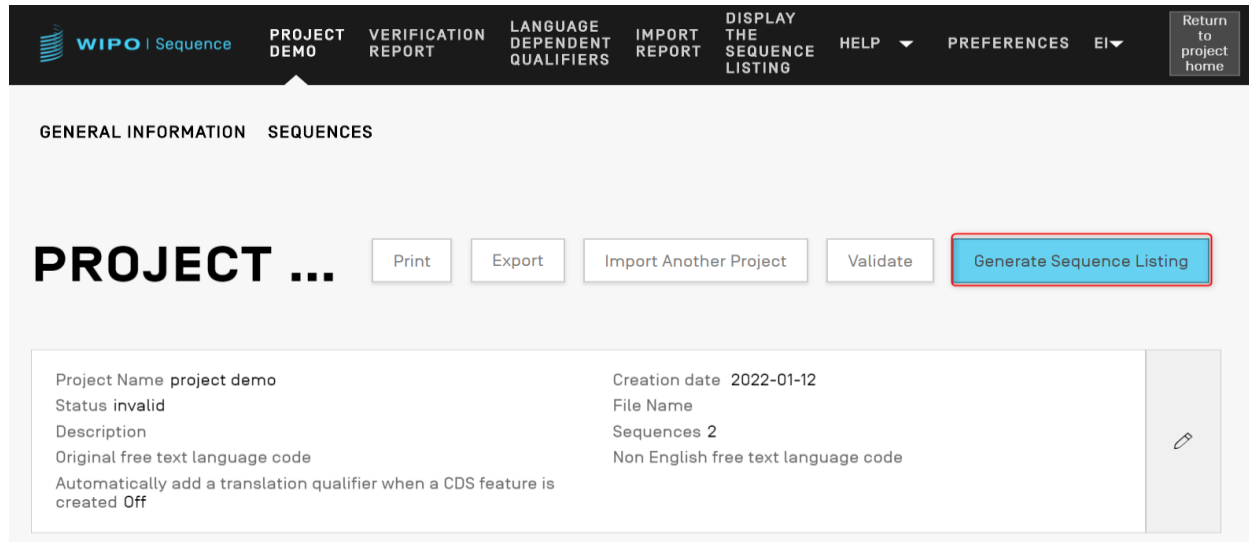


The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application with options like PROJECT DEMO, VERIFICATION REPORT, LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS, IMPORT REPORT, DISPLAY THE SEQUENCE LISTING, HELP, PREFERENCES, and a 'Return to project home' button. A blue success message banner at the top reads: 'SUCCESS: The project has been exported successfully at 'C:\Users\...Documents\sequences JDD\project demo\_1641987266595.zip''. Below the banner, the 'GENERAL INFORMATION' tab is active, displaying 'PROJECT ...' and a row of buttons: Print, Export, Import Another Project, Validate, and Generate Sequence Listing. A table below shows 'Project Name project demo' and 'Creation date 2022-01-12'.

Figura 62. Mensaje de exportación de proyecto realizada correctamente

### 5.1.1.5 Generar la lista de secuencias

Una última acción, y quizás la más importante, que se puede realizar para un proyecto concreto consiste en generar la lista de secuencias. Para ello, se deberá hacer clic en el botón azul “Generate Sequence Listing”, situado en la parte superior de la vista de datos de proyecto y marcado en la Figura 63, lo que activará automáticamente el proceso de validación del proyecto que se realizará antes de generar la lista (véase el apartado 5.1.1.3).



This screenshot is similar to Figure 62 but shows the 'Generate Sequence Listing' button highlighted with a red rectangle. The 'GENERAL INFORMATION' tab is active, showing 'PROJECT ...' and the same row of buttons. Below, a table displays project details: 'Project Name project demo', 'Status invalid', 'Description', 'Original free text language code', 'Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created Off', 'Creation date 2022-01-12', 'File Name', 'Sequences 2', and 'Non English free text language code'. An edit icon is visible on the right side of the table.

Figura 63. Generar lista de secuencias

Si el proyecto pasa la validación, se abrirá un cuadro de diálogo, marcado en la Figura 64, para seleccionar la ubicación en la que se desea guardar el archivo XML de la lista de secuencias generada de conformidad con la Norma ST.26.

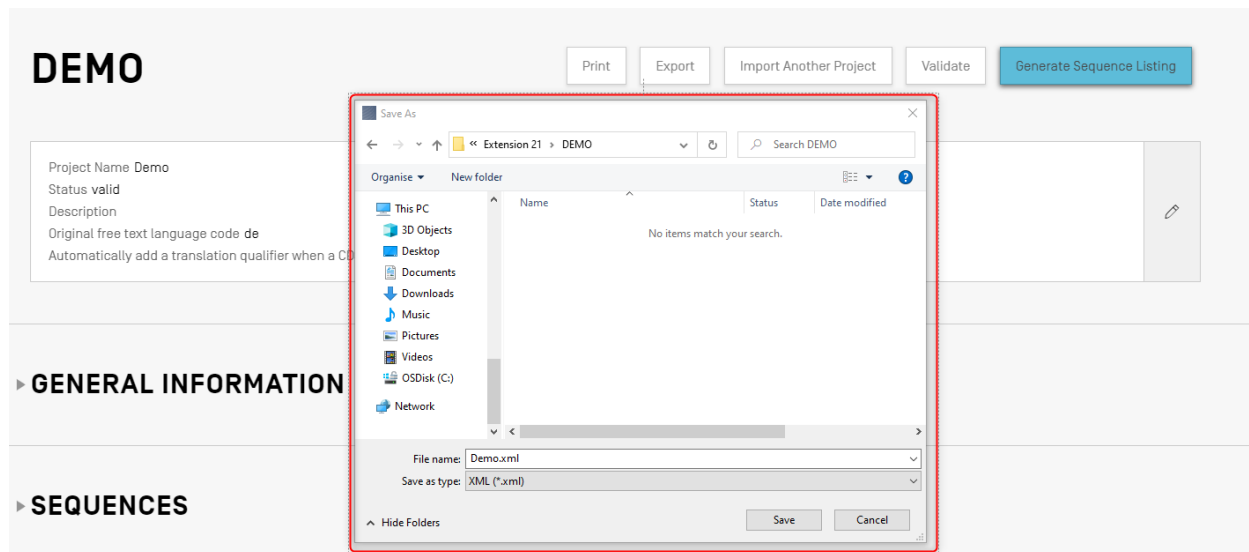


Figura 64. Cuadro de diálogo para generar lista de secuencias

**Nota:**

Hay un problema conocido al usar la distribución de Linux: parece una "v" al sugerir el nombre del archivo por defecto. Para resolver este problema, debe suprimirse manualmente la "v" extra antes de guardar.

Si el proyecto no supera la validación, se mostrará la vista de informe de verificación junto con un mensaje sobre fondo rojo como el de la Figura 65.

**ERROR:** The ST.26 sequence listing file cannot be generated because the project contains errors.

**Report generated on 2022-01-21** Delete selected sequences Print Report

<input type="checkbox"/>	Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
<input type="checkbox"/>	ERROR	<u>Qualifier Molecule Type</u>	The value of the qualifier 'mol_type' is not one of the permitted values for a DNA sequence or the value is missing.	rRNA	Sequence 1
<input type="checkbox"/>	ERROR	<u>Feature Location</u>	The feature location includes a residue number greater than the length of the sequence, which is invalid.	1..50	Sequence 1

Figura 65. Generación de lista de secuencias fallida

## 5.1.2 Información general

En la sección de información general se podrá introducir información relativa a la solicitud de patente, que se utilizará para asociar la lista de secuencias generada con dicha solicitud.

### 5.1.2.1 Identificación de la solicitud

Dentro de la sección “General Information”, la subsección “Application Identification” contiene información sobre el estado de la solicitud de patente y sobre el proyecto seleccionado (véase la Figura 66).

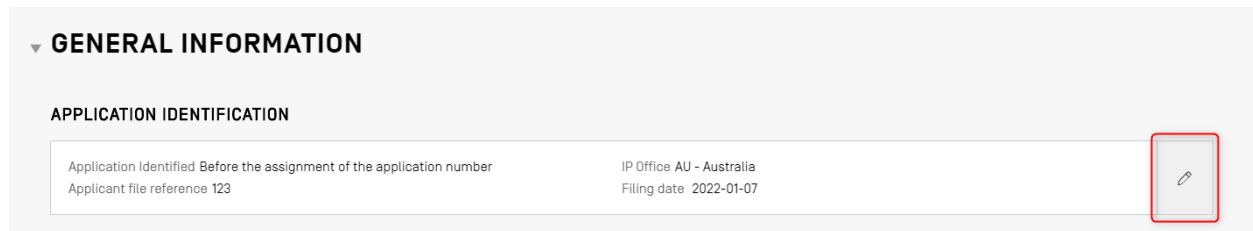


Figura 66. Identificación de la solicitud

Para editar la información dentro de la subsección “Application Identification”, hay que hacer clic en el icono del lápiz (marcado en la Figura), a la derecha del cuadro de la subsección. Luego, se deberá proporcionar la información que se indica a continuación (véase la Figura 67):

- 1) Si ya se ha asignado un número de solicitud, se deberá seleccionar el código de la Oficina de Propiedad Intelectual (oficina de PI) en la que se presentó la solicitud (código de la Norma ST.3 de la OMPI).
- 2) Habrá que indicar si ya ha sido notificado el número de solicitud o si se acaba de proporcionar dentro del expediente de la solicitud, marcando el botón de opción correspondiente.
- 3) En el caso de no disponer del número de solicitud, se DEBERÍA proporcionar la referencia del expediente del solicitante en este campo.
- 4) Si ya se ha asignado un número a la solicitud de patente, deberá facilitarse.
- 5) La fecha de presentación de la solicitud, si se ha fijado una, se seleccionará con el selector de fechas.
- 6) Por último, se hará clic en el botón azul “Save”.

**Nota:**

*Con independencia de lo que se introduzca, siempre aparecerá una advertencia en el informe de verificación en la que se indica que falta el número de identificación de la solicitud y que dicho número es obligatorio si se ha asignado (“The application identification number is absent. The application number is mandatory if the application number has been assigned”).*



**GENERAL INFORMATION**

**APPLICATION IDENTIFICATION**

IP Office BD	
Application Identification* <input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number <input type="radio"/> After the assignment of the application number	Applicant file reference* 123456 <small>Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided.</small>
Application number 12345	Filing date 2019-02-20

Cancel Save

Figura 67. Panel de edición de identificación de la solicitud

### 5.1.2.2 Identificación de las solicitudes de prioridad

Para añadir una solicitud de prioridad al proyecto, se deberá hacer clic en el botón “Add Earliest Priority Identification” en la sección “General Information” de la vista de datos de proyecto, que se marca en la Figura 68.

**GENERAL INFORMATION**

**APPLICATION IDENTIFICATION**

Application Identified Before the assignment of the application number Applicant file reference 123	IP Office AU - Australia Filing date 2022-01-07
--	--

**PRIORITY IDENTIFICATION**

Add Priority Application

Figura 68. Solicitud de prioridad más antigua

Para establecer la solicitud de prioridad seleccionada como la más antigua, se deberá elegir “Yes” en el menú desplegable del campo “Selected Earliest Priority Application”. De esta manera se establecerá la solicitud de prioridad seleccionada como la más antigua cuando se genere la lista de secuencias.

Para terminar, hay que hacer clic en el botón azul “Add Earliest Priority Application” en la superposición que se muestra en la Figura 69.

Figura 69. Panel de edición de solicitud de prioridad más antigua

### 5.1.2.3 Solicitante e inventor

Para añadir al proyecto datos relativos a un nuevo solicitante o inventor, habrá que hacer clic en el botón “Add Inventor” o “Add Applicant” de la sección “General Information” de la vista de datos de proyecto. Los pasos en ambos casos son idénticos, por lo que el proceso se describe de forma general, y deberá realizarse dos veces si se tiene que incluir tanto al solicitante como al inventor en el proyecto, aunque el solicitante sea también el inventor.

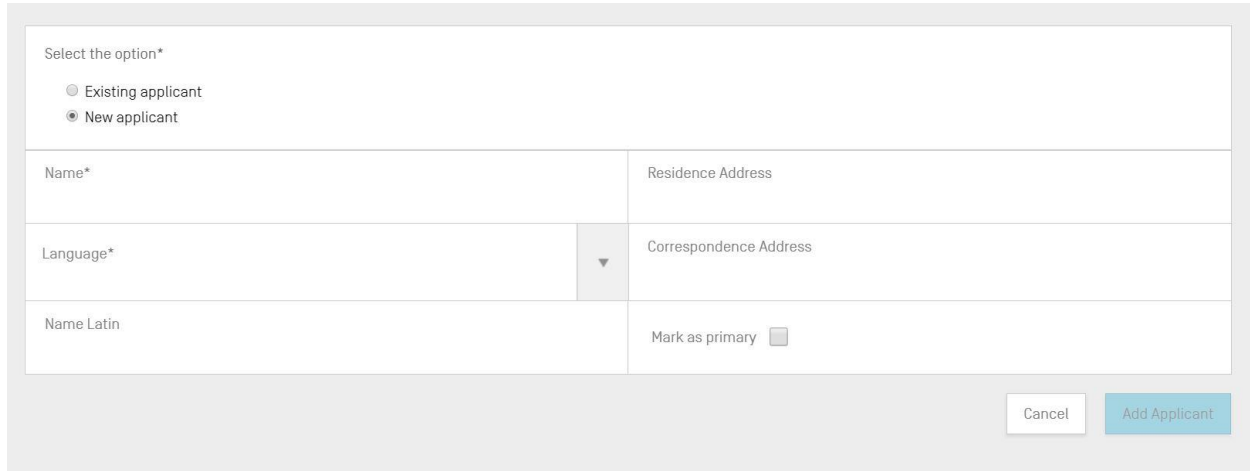
Se abrirá la superposición con dos botones de opción mostrada en la Figura 70. Si se selecciona “Existing applicant/inventor”, se podrá elegir en el menú desplegable entre las personas y organizaciones guardadas en el equipo en el que esté instalada la herramienta de escritorio. En la Figura 70 se muestra una lista de tres solicitantes existentes, incluido “John Smith”.

Figura 70. Añadir solicitante/inventor existente

Si se selecciona “New applicant/inventor”, habrá que rellenar el panel de edición de la misma manera que cuando se introduce una nueva persona/organización (véase la subsección 4.2.1 y la Figura 71).

*Téngase presente que solo es necesario un solicitante para que se considere válida la lista de secuencias. Por tanto, se debe marcar como primario un solicitante y/o inventor. Ese será el solicitante/inventor que aparecerá en la lista de secuencias generada.*

Finalmente, una vez introducida la información, habrá que hacer clic en el botón “Add Applicant/Inventor” que se muestra en la Figura 71. Dado que aún no se incluyen los campos obligatorios que figuran a continuación, no se podrá añadir el solicitante, y el botón “Add applicant” aparece inactivo.



Formulario para añadir un nuevo solicitante/inventor. El formulario contiene los siguientes campos:

- Seleccione la opción\*
  - Existing applicant
  - New applicant
- Nombre\* (campo de texto)
- Dirección de residencia (campo de texto)
- Lenguaje\* (menú desplegable)
- Dirección de correspondencia (campo de texto)
- Nombre en latín (campo de texto)
- Marcar como primario

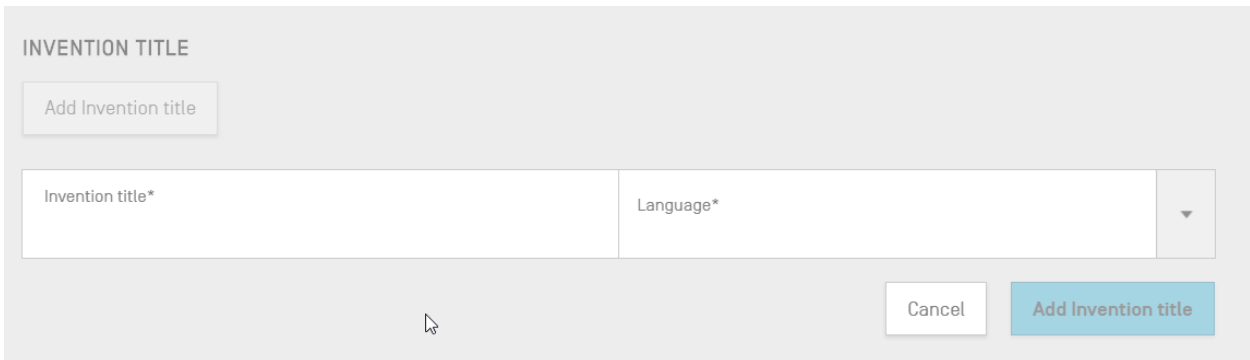
En la parte inferior derecha del formulario hay dos botones: "Cancel" (gris) y "Add Applicant" (azul, deshabilitado).

Figura 71. Añadir nuevo solicitante/inventor

#### 5.1.2.4 Título de la invención

La última subsección de “General Information” es “Invention Title”.

- 1) Para añadir un nuevo título de la invención, se deberá hacer clic en el botón “Add Invention title”, que se muestra en la Figura 72.



Formulario para añadir el título de la invención. El formulario contiene los siguientes campos:

- INVENTION TITLE
- Botón "Add Invention title" (gris)
- Título de la invención\* (campo de texto)
- Lenguaje\* (menú desplegable)

En la parte inferior derecha del formulario hay dos botones: "Cancel" (gris) y "Add Invention title" (azul, deshabilitado).

Figura 72. Añadir título de la invención

- 2) En esa superposición, habrá que introducir el título de la invención e indicar el idioma en el que se proporciona.
- 3) Por último, se deberá hacer clic en el botón azul “Add Invention title”.

De acuerdo con la Norma ST.26 de la OMPI, el título de la invención debe proporcionarse obligatoriamente en el idioma de presentación de la solicitud. No obstante, se puede incluir el

título de la invención en el proyecto en más de un idioma —aunque solo uno por idioma— siguiendo los pasos anteriores en cada caso.

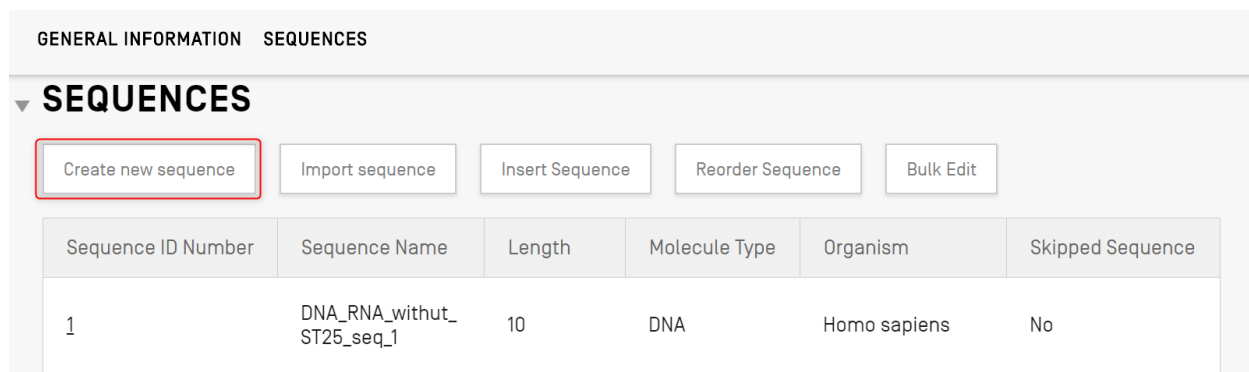
### 5.1.3 Secuencias

La sección “Sequences” de la vista de datos de proyecto permite proporcionar información técnica relativa a las secuencias.

Para crear, importar, insertar o reordenar una secuencia, habrá que desplazarse hasta la sección “Sequences” en la parte inferior de la vista de datos de proyecto. En los apartados siguientes se explican los pasos que hay que seguir para realizar esas acciones.

#### 5.1.3.1 Crear secuencia

- 1) Se deberá hacer clic en el botón “Create new sequence”, marcado en la Figura 73.



GENERAL INFORMATION SEQUENCES

▼ SEQUENCES

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	DNA_RNA_withut_ST25_seq_1	10	DNA	Homo sapiens	No

Figura 73. Crear nueva secuencia

El resto de los pasos se muestran en la Figura 74:

- 2) Existe la opción de asignar un nombre a la secuencia en el campo “Sequence name”, para que sea más fácil distinguirla. Si se deja en blanco, la herramienta de escritorio asignará un nombre por defecto a cada secuencia nueva, que comenzará con 'Seq' y continuará con un número asignado de forma consecutiva y en orden ascendente ('Seq\_1', 'Seq\_2', 'Seq\_3') (1).

Se deberá seleccionar uno de los tres tipos de molécula permitidos según la Norma ST.26 y proporcionados en el menú desplegable ('ADN', 'ARN' y 'AA') (2). Habrá que introducir

la secuencia en el campo de texto “Residues”<sup>3</sup> (3). Y, si desea crear una secuencia con segmentos de ADN y ARN, se deberá seleccionar 'ADN' como tipo principal de molécula.

Asimismo, se deberá rellenar obligatoriamente el campo 'Organism name' correspondiente a la secuencia que se está creando. Se podrá seleccionar uno de los organismos predefinidos en la base de datos de la herramienta de escritorio o uno de los organismos personalizados que se hayan creado y guardado localmente. Basta con empezar a escribir el nombre del organismo y aparecerá una lista desplegable con opciones de estas dos fuentes (4).

Además, se puede clasificar el organismo seleccionando un calificador del tipo de molécula<sup>4</sup> entre los valores proporcionados en el menú desplegable (5), que varían en función del tipo de molécula previamente seleccionado.

Si se selecciona la opción “Mark as an intentionally skipped sequence” (6), se desactivarán en el panel todos los campos obligatorios y se ignorará la secuencia guardada cuando se valide el proyecto y se genere la lista de secuencias (se asignará el valor '000' a los residuos).

Si se marca “The sequence contains both DNA & RNA segments” (6), el panel se expandirá y mostrará varios campos que permitirán describir cada uno de los segmentos de ADN y ARN mediante la característica “misc\_feature”. La localización de cada uno de los segmentos definidos se almacenará en una característica “misc\_feature” diferente (7) de la secuencia, junto con un calificador “note” con el tipo de molécula seguido del valor del campo de texto “Further Text”. Se podrá introducir tantas de estas características como sea necesario haciendo clic en el botón “Add new ‘misc\_feature’ feature”, a fin de describir todos los segmentos de la secuencia completa: los de ADN y los de ARN.

---

<sup>3</sup> Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, Secciones 1 y 3, para consultar las tablas de símbolos válidos de nucleótidos y aminoácidos.

<sup>4</sup> Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, Secciones 6 y 8, para consultar los valores del calificador “mol\_type” o “MOL\_TYPE” en las tablas de nucleótidos y aminoácidos, respectivamente.

The screenshot shows the 'Create new sequence' panel in the WIPO Sequence tool. It contains several input fields and a large text area for residues. Red circles with numbers 1 through 7 highlight specific elements:

- 1: 'Sequence Name' field with placeholder 'Name/Description for sequence'.
- 2: 'Molecule Type\*' dropdown menu with 'DNA' selected.
- 3: The 'Residues\*' text area containing a long string of nucleotide sequence.
- 4: 'Organism name\*' field with 'Saaristoa firma' entered.
- 5: 'Qualifier Molecule Type' dropdown menu with 'genomic DNA' selected.
- 6: A checked checkbox labeled 'The sequence contains both DNA & RNA fragments'.
- 7: A 'Molecule Type' dropdown menu with 'RNA' selected, located in a table below the main form.

At the bottom of the panel, there are four buttons: 'Cancel', 'Add new 'misc\_feature' feature', 'Create sequence', and 'Create & Display Sequence'.

Figura 74. Panel de crear nueva secuencia

- 3) Para finalizar, habrá que hacer clic en el botón gris “Create sequence” o en el botón azul “Create & Display Sequence”.

Si se hace clic en el botón azul “Create & Display sequence”, después de crearse la secuencia se mostrará, debajo de la sección “Sequences” de la vista de datos de proyecto, una subsección cuyo contenido puede ocultarse en la que se podrán revisar los valores de la secuencia creada.

La secuencia recién creada aparecerá en la última posición de la lista de secuencias, y se le asignará el siguiente número de identificador de secuencia disponible.

Para saber cómo reordenar la lista de secuencias, véase el apartado **5.1.3.4**.

▼ **SEQUENCE 2**

Sequence Number (ID) 2	Molecule Type DNA
Sequence Name Name/Description for sequence	Organism Saaristoa firma
Length 1792	Contains DNA and RNA fragments

▼ **FEATURES**

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
misc_feature	7..13	note = RNA
source	1..1792	mol_type = genomic DNA organism = Saaristoa firma

1

▼ **SEQUENCE**

atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcoatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	80
ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcoatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	160
ttcattgaat	ctacttcoatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	240
ctacttcoatt	gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcoatt	320
gaatctactt	cattgaatct	acttcattga	atctacttca	ttgaatctac	ttcattgaat	ctacttcoatt	gaatctactt	400

Figura 75. Visualización de la secuencia

### 5.1.3.2 Importar secuencias

Las secuencias también pueden ser importadas al proyecto desde un archivo. Los formatos de archivo aceptados<sup>5</sup> son **el formato RAW, el formato de varias secuencias, el formato FASTA, el formato ST.26 y el formato ST.25**. Cuando se seleccione un archivo, la herramienta de escritorio detectará automáticamente su formato.

<sup>5</sup> Véase el capítulo de formatos de archivo de este documento (capítulo 6).

1) Se deberá hacer clic en el botón “Import sequence”, marcado en la Figura 76.

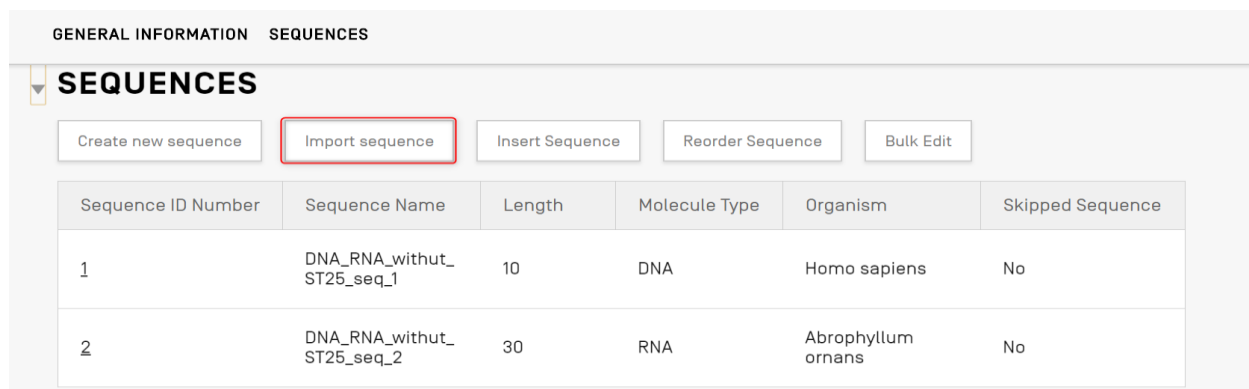


Figura 76. Importar secuencia

2) A continuación, habrá que hacer clic en el botón “Upload file [.txt, .xml]”, que se muestra en la Figura 77.

Al abrirse el cuadro de diálogo, se seleccionará el archivo que contiene los datos de la secuencia que se desea importar. La herramienta de escritorio detectará el formato del archivo y realizará algunas comprobaciones de validación durante la importación.

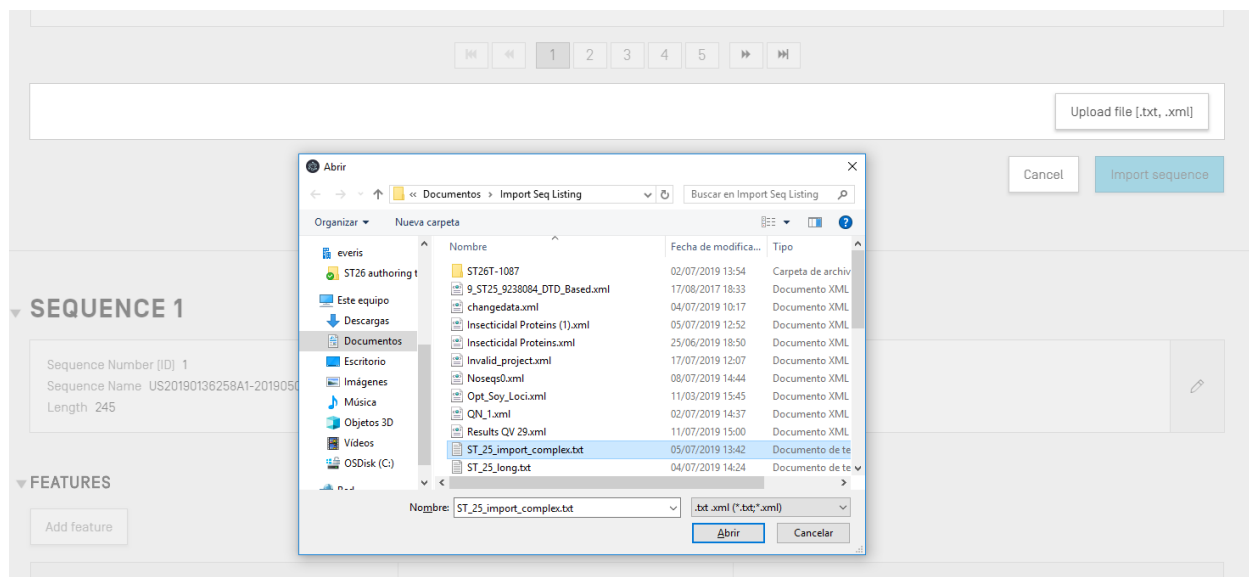


Figura 77. Cuadro de diálogo para importar secuencias

Hay cinco formatos aceptados por la herramienta para la importación de secuencias: formato RAW, formato de varias secuencias, formato FASTA, formato ST.26 y formato ST.25. En el capítulo 6 del presente documento se describen estos formatos de archivo.

En caso de que se seleccione un archivo que esté en formato ST.25 o ST.26 (véase la Figura 78), se verá en primer lugar la casilla de verificación “Select Range Sequences” (1). Al marcarla, se abrirá un cuadro (2) con los identificadores de las secuencias contenidas en el archivo y el orden en que estas serán añadidas a la lista de secuencias del proyecto.



Si no se desean importar todas las secuencias al proyecto, se pueden introducir los identificadores de determinadas secuencias (3).

Se puede indicar una sola secuencia, una lista de secuencias mediante sus respectivos identificadores separados por comas o un intervalo de secuencias utilizando el formato x-y para introducir sus identificadores.

Por ejemplo: “1, 3, 7, 13-20, 30-50”.

Sequence Number [ID]	Position
[1]	1
[2]	2
[3]	3

Figura 78. Importar secuencias desde un archivo en formato ST.25 o ST.26

Cuando se importe un archivo en formato de varias secuencias (véase la sección 6.1 para saber más sobre este formato y la Figura 79), aparecerá la casilla de verificación “Select Range Sequences” (1), y, al marcarla, un cuadro con los identificadores de las secuencias contenidas en el archivo, así como con datos de cada secuencia en la columna “Detail” (2), incluidos el nombre de la secuencia, el tipo de molécula y el nombre del organismo.

Se deberán seleccionar los identificadores de las secuencias que se deseen importar a la lista de secuencias del proyecto (3). Por defecto, el número total de secuencias del archivo de la lista de secuencias seleccionada se mostrará como intervalo.

C:\Users\...Downloads\multisequence\_u\_t.txt Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

Enter the sequences to be imported

Sequence Number [ID]	Position
[ 1 ]	< First Sequence;DNA;Abies alba>
[ 2 ]	< Second Sequence;RNA; >
[ 3 ]	< Second Sequence;AA; >
[ 4 ]	< Third Sequence;DNA;Abies alba>

Select Range of Sequence IDs.  
1-4

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

Cancel Import sequence

Figura 79. Importar secuencias desde un archivo en formato de varias secuencias

Los últimos dos formatos de archivo admitidos en la importación de secuencias son los formatos RAW y FASTA (secciones 6.3 y Error! Reference source not found.). Con estos formatos solo se puede definir una única secuencia por archivo. Cuando se seleccione un archivo RAW para su importación, la herramienta abrirá el panel de edición que se muestra en la Figura 80, y cuando se importe un archivo FASTA se mostrará el panel de edición de la Figura 81. Se deberá proceder a rellenar los campos obligatorios.

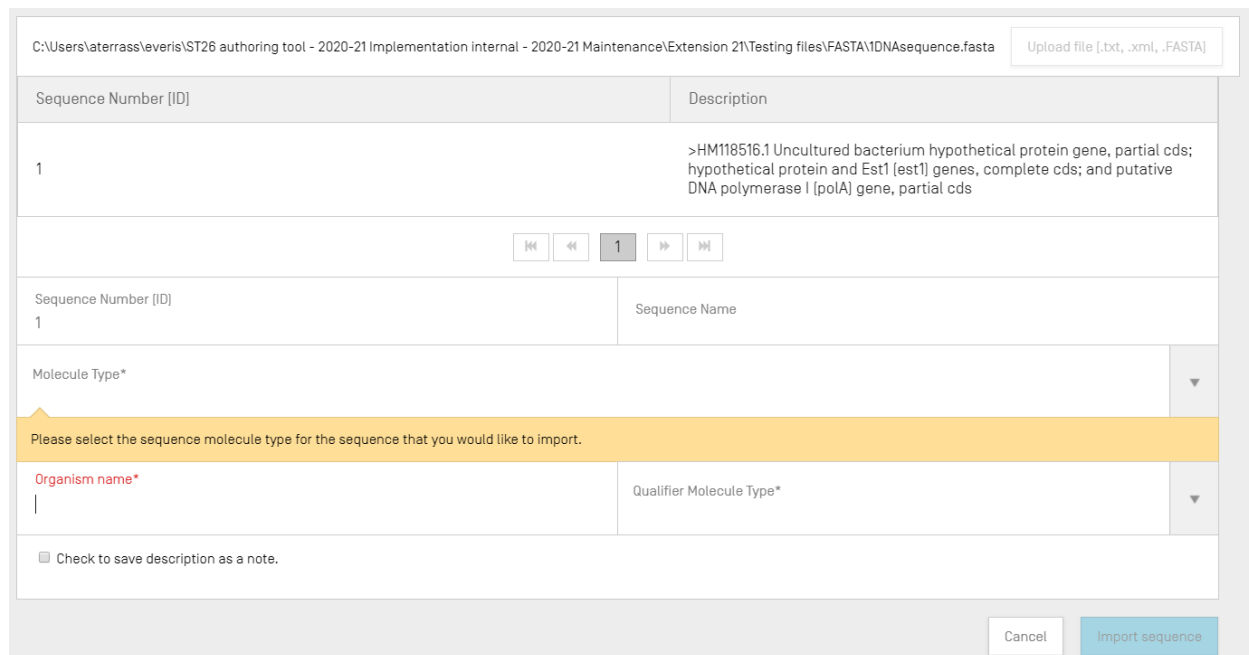
C:\Users\aterrass\everis\ST26 authoring tool - 2020-21 Implementation internal - 2020-21 Maintenance\Extension 21\Testing files\3AAraw.txt Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

The file selected is in raw format. Please select the sequence molecule type in order to import the sequence.

Sequence Name	Molecule Type*	▼
Organism name *	Qualifier Molecule Type	▼

Cancel Import sequence

Figura 80. Importar secuencias desde un archivo en formato RAW



The screenshot shows a web-based interface for importing sequences. At the top, there is a file path and an "Upload file [txt, xml, FASTA]" button. Below this is a table with two columns: "Sequence Number [ID]" and "Description". The table contains one entry with ID "1" and a detailed description of a bacterium's hypothetical protein gene. Below the table is a navigation bar with buttons for first, previous, current (1), next, and last. Underneath is a form with fields for "Sequence Number [ID]" (filled with 1) and "Sequence Name". A "Molecule Type\*" dropdown menu is highlighted with a yellow background and contains the text "Please select the sequence molecule type for the sequence that you would like to import." Below this are fields for "Organism name\*" and "Qualifier Molecule Type\*", both with dropdown arrows. A checkbox labeled "Check to save description as a note." is also present. At the bottom right, there are "Cancel" and "Import sequence" buttons.

Sequence Number [ID]	Description
1	>HM118516.1 Uncultured bacterium hypothetical protein gene, partial cds; hypothetical protein and Est1 [est1] genes, complete cds; and putative DNA polymerase I [polA] gene, partial cds

Navigation: [First] [Previous] [1] [Next] [Last]

Sequence Number [ID]: 1

Sequence Name: [Empty]

Molecule Type\*  
Please select the sequence molecule type for the sequence that you would like to import.

Organism name\* [Empty]

Qualifier Molecule Type\* [Empty]

Check to save description as a note.

Buttons: Cancel, Import sequence

Figura 81. Importar secuencias desde un archivo en formato FASTA

3) Para finalizar, se deberá hacer clic en el botón azul "Import sequence".

Después de la importación, se accederá a la vista de informe de importación que se describe en la sección **5.4**

### 5.1.3.3 Insertar secuencias

Para insertar una secuencia en una posición específica de la lista de secuencias, se deberá hacer clic en el botón “Insert Sequence” situado en la parte superior de la sección “Sequences” (marcado en la Figura 82).

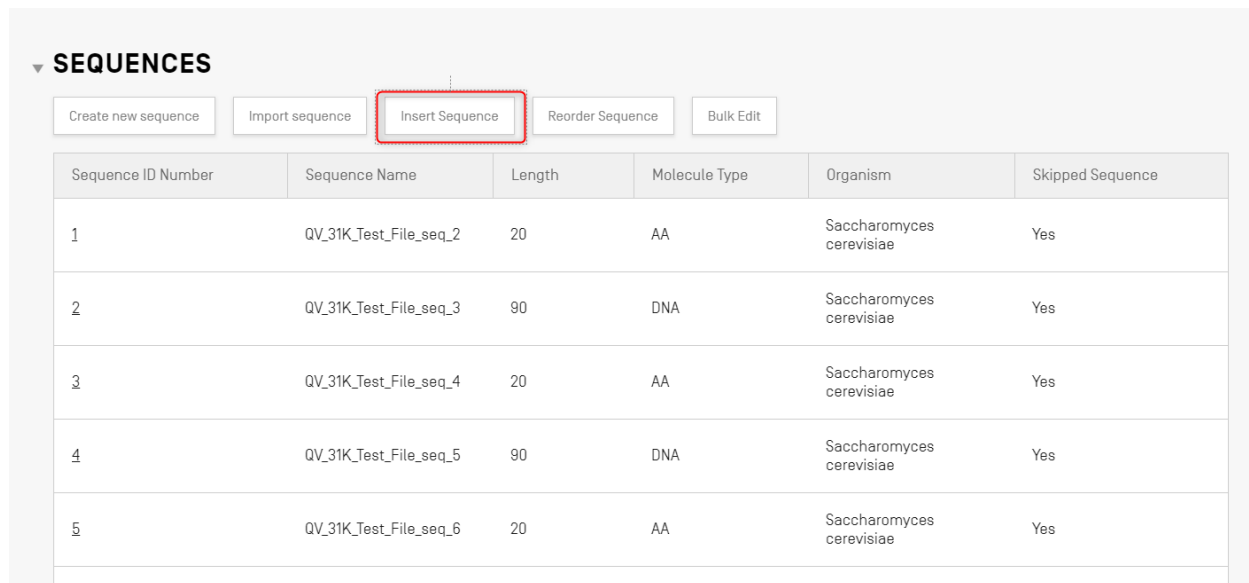


Figura 82. Insertar secuencia

Aparecerá una superposición con un panel de edición (véase la Figura 83). Se deberá introducir toda la información requerida cuando se crea una secuencia (véase el apartado 5.1.3.1) así como, en la parte superior izquierda del panel, la posición en la que se desea que aparezca la secuencia en la lista de secuencias (véase el campo marcado en la Figura 83).

Sequence Number [ID]\*  
3

Sequence Name  
inserted sequence

Molecule Type\*  
DNA

Residues\*  
gtaggaaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacatgtaggaatgtaggaatgtaggaatctacat

Organism name \*  
Wohlfahrtiopsis bishoppi

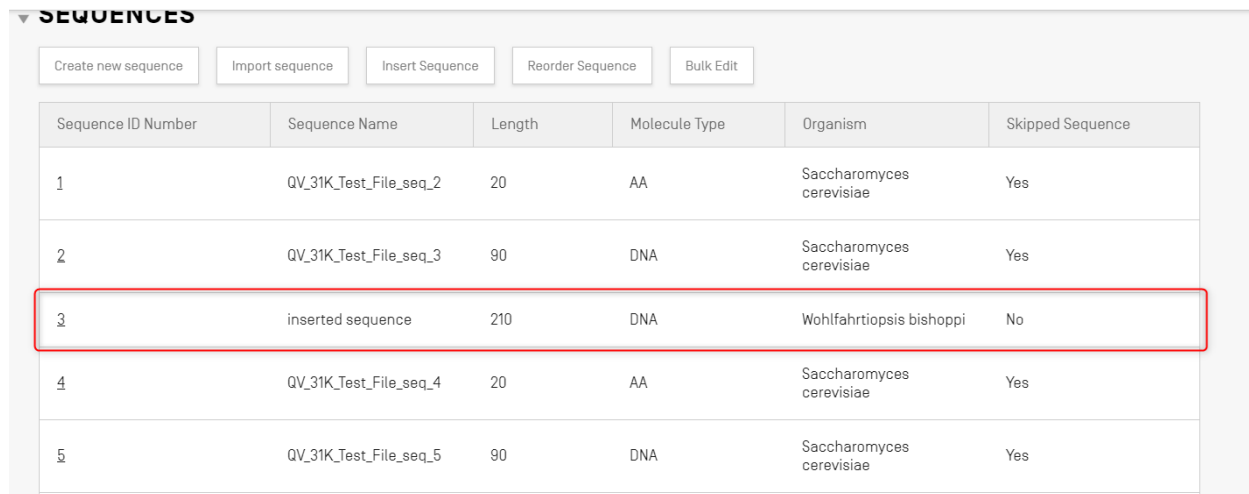
Qualifier Molecule Type  
genomic DNA

Mark as an intentionally skipped sequence  
 The sequence contains both DNA & RNA fragments

Cancel Insert sequence Insert & Display Sequence

Figura 83. Panel de inserción de secuencia

Por último, se podrá hacer clic en los botones “Insert sequence” o “Insert & Display Sequence”, también marcados en la Figura 83.



**SEQUENCES**

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
3	inserted sequence	210	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	No
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figure 84. Secuencia insertada

Si se hace clic en el botón azul “Insert & Display sequence”, tras crearse la secuencia se abrirá un cuadro de la secuencia cuyo contenido puede ocultarse, debajo de la lista de secuencias que figura en la vista de datos de proyecto y que se muestra en la Figure 84.

#### 5.1.3.4 Reordenar las secuencias

Se puede cambiar el orden de aparición de las secuencias dentro de la lista de secuencias de un proyecto según los pasos que se indican a continuación (el proceso de modificación del orden de las secuencias se muestra en las Figura 85 (estado inicial) a Figura 87 (estado final).

- 1) Se deberá hacer clic en el botón “Reorder Sequence”, marcado en la Figura 85.

**SEQUENCES**

Create new sequence Import sequence Insert Sequence **Reorder Sequence** Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
3	inserted sequence	256	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	No
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
6	QV_31K_Test_File_seq_6	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figura 85. Reordenar las secuencias

- 2) Habrá que seleccionar la secuencia cuya posición se desea cambiar, así como la nueva posición que ocupará en la lista de secuencias, como se indica en la Figura 86.

10 20190509-1458 Artificial sequence  
S00001\_seq\_SEQ ID NO 15

1 2 3 4 5

Sequence Number (ID)\* 3  
New Sequence Position 2

To select a range use "-" between the ids

Cancel Reorder Sequence

Figura 86. Panel de reordenación de las secuencias

3) La secuencia seleccionada aparecerá en la segunda posición (véase la Figura 87).

**SEQUENCES**

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
2	inserted sequence	256	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	No
3	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	Yes
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	Yes

Figura 87. Secuencias reordenadas

### 5.1.3.5 Edición masiva

Se puede usar la opción “Bulk Edit” cuando es necesario introducir cambios en múltiples secuencias. Si bien es posible entrar en cada secuencia individual y editarla, esta opción sería inviable para proyectos con un gran número de secuencias.

1) Hacer clic en “Bulk edit”, como se muestra en la siguiente Figura:

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

**SEQUENCES**

Create new sequence Import sequence Insert Sequence Reorder Sequence Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
1	DNA_RNA_withut_ST25_seq_2	30	RNA	Abrophyllum ornans	No
2	DNA_RNA_withut_ST25_seq_1	10	DNA	Homo sapiens	No

Figura 88. Edición masiva

2) Escoger el tipo de edición (“Type of bulk edit”): 'Qualifier molecule type', 'Organism' o 'Feature':

Type of bulk edit\*  
Qualifier molecule type

Select Range of Sequence IDs\*

Select the type of bulk edit to continue

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

Molecule Type\*  
DNA

Qualifier Molecule Type\*

Only DNA/RNA sequences allow editing of the qualifier 'mol\_type' because for amino acid sequences this qualifier value is automatically set to 'protein'.

The qualifier 'mol\_type' of hybrid DNA/RNA sequences, where the 'combinedIndicator' = 'Yes', cannot be bulk edited.

Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol\_type'.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
3	500 sequences_seq_3	15	DNA	Vaccaria hispanica	genomic DNA

Figura 89. Tipo de edición masiva

Como se muestra en la Figura 89 , el Sistema informa al usuario de que SOLO en las secuencias de ácidos nucleicos se puede editar el valor del calificador 'mol\_type' (porque el mismo valor para las secuencias de aminoácidos lo configura automáticamente el sistema a la opción 'protein').

3) Después de seleccionar el tipo de molécula, el sistema requiere que se seleccione el tipo de secuencia de ácido nucleico a la que se aplicará la edición masiva

Type of bulk edit\*  
Qualifier molecule type

Select Range of Sequence IDs\*  
3,7

Select the type of bulk edit to continue

Use commas to separate individual sequences (for example: "2,5,8"); use a dash to indicate a range of sequences (for example: "2-8").

Molecule Type\*  
DNA

Qualifier Molecule Type\*  
unassigned DNA

Only DNA/RNA sequences allow editing of the qualifier 'mol\_type' because for amino acid sequences this qualifier value is automatically set to 'protein'.

The qualifier 'mol\_type' of hybrid DNA/RNA sequences, where the 'combinedIndicator' = 'Yes', cannot be bulk edited.

Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol\_type'.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
3	500 sequences_seq_3	15	DNA	Vaccaria hispanica	genomic DNA

Figura 90. Calificador de tipo de molécula por actualizar

Como se muestra en la Figura 90, el sistema también advierte de que el calificador "mol\_type" para las secuencias en las que el organismo = "synthetic sequence"



deben ser “other DNA” u “other RNA”, y de que, si se cambian esos valores, se generará un error en durante la validación del proyecto.

- 4) El sistema muestra para su selección la lista de las secuencias sobre las que se puede hacer una edición masiva.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
3	500 sequences_seq_3	15	DNA	Vaccaria hispanica	unassigned DNA
7	500 sequences_seq_7	16	DNA	Wabasso hilairoides	unassigned DNA

Figura 91. Calificador de tipo de molécula actualizado

Cuando el tipo de edición masiva es sobre el organismo:

- 1) Escoger en “Type of bulk edit”, “Organism” (1). Se debe introducir el intervalo de identificadores de secuencia que se debe editar (2). A continuación, si se ha escogido modificar el valor de organism por “synthetic construct”, el sistema notificará que el calificador de tipo de molécula se cambiará automáticamente a “other DNA” u “other RNA”, conforme al tipo de molécula. (3)

Figura 92. Edición masiva - Organismos

Cuando el tipo de edición masiva se refiere a las características:

- 1) Escoger en “Type of bulk edit”, “Feature” (1). Se deberá introducir el intervalo de identificadores de secuencias que se deben editar (2) y el tipo de molécula (3). A continuación, si se ha optado por modificar el valor de la localización de característica mediante

“complement(join(1..30,61..90))”, el sistema actualizará toda característica CDS existente respecto de la secuencia 2 y 3 por el valor facilitado.

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Qualifier molecule type
1	QV_31K_Test_File_seq_2	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	protein
2	inserted sequence	256	DNA	Wohlfahrtiopsis bishoppi	genomic DNA
3	QV_31K_Test_File_seq_3	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	genomic DNA
4	QV_31K_Test_File_seq_4	20	AA	Saccharomyces cerevisiae	protein
5	QV_31K_Test_File_seq_5	90	DNA	Saccharomyces cerevisiae	genomic DNA
6	Seq_9	26	DNA	Eacles sp.	other DNA

Figura 93 Edición masiva - Característica

### 5.1.3.6 Editar secuencias

Para editar una secuencia, se deberá hacer clic en su identificador, como se indica en la Figura 94 (identificador de secuencia '1').

**Nota:**

Todas las listas de secuencias compatibles con la Norma ST.26 de la OMPI deben comenzar con SEQ ID #1 y seguir numerándose de manera consecutiva durante el resto de la secuencia.

**SEQUENCES**

Create new sequence   Import sequence   Insert Sequence   Reorder Sequence   Bulk Edit

Sequence ID Number	Sequence Name	Length	Molecule Type	Organism	Skipped Sequence
<u>1</u>	DNA_RNA_withut_ST25_seq_2	30	RNA	Abrophyllum ornans	No
<u>2</u>	DNA_RNA_withut_ST25_seq_1	10	DNA	Homo sapiens	No

Figura 94. Editar secuencia

Se abrirá una subsección en la vista de datos de proyecto debajo de la sección “Sequences”, como se muestra en la Figura 95.

Dicha subsección se compone de un panel de edición de información básica (1), un cuadro de características (2) y un panel de edición de residuos de la secuencia (3).

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

▼ SEQUENCE 1

Sequence Number [0] 1   Molecule Type AA  
 Sequence Name ST25\_221\_BINDING\_edited\_seq\_1   Organism synthetic construct  
 Length 10

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
source	1..10	mol_type = protein organism = synthetic construct

▼ SEQUENCE

ACXEWKDDKCC 10

Figura 95. Edición y visualización de la secuencia

### 5.1.3.7 Características

De acuerdo con la Norma ST.26 de la OMPI, toda secuencia DEBERÁ tener asociada al menos una característica “source”, según el tipo de molécula. Cada característica “source” debe tener dos calificadores obligatorios: “organism” y “mol\_type”.

El cuadro de características tiene tres columnas: la clave de caracterización, la localización de la característica dentro de la secuencia genética y los calificadores asociados a la característica de la secuencia.

La localización de la característica indica el segmento de la secuencia al que corresponde la característica. Los formatos permitidos para especificar la localización de la característica se establecen en la Norma ST.26 de la OMPI y son los siguientes:


- Número único de residuo: x
- Números de residuos que limitan un tramo de secuencia: x..y
- Residuos antes del primero, o después del último, residuo especificado: <x, >x, <x..y, x..>y, <x..>y
- Un sitio entre dos números de residuo adyacentes: x^y
- Números de residuo unidos por un enlace cruzado entre cadenas: x..y

Los **operadores** de localización pueden utilizarse para formar descriptores de localización complejos:

- “**join** (location, location, ... location)”: Las localizaciones indicadas están unidas (colocadas extremo con extremo) para formar una secuencia contigua.
- “**order** (location, location, ... location)”: Los elementos se encuentran en el orden especificado pero ninguna información permite determinar si la unión de esos elementos es razonable.
- “**complement** (location)”: Indica que la característica está localizada en la cadena complementaria al tramo de la secuencia especificado por el descriptor de localización, cuando se lee en el sentido de 5' a 3' o en el sentido que imite el sentido de 5' a 3'.

Para añadir una nueva característica a la secuencia, hay que hacer clic en el botón “Add feature” en la sección “Features” de la secuencia seleccionada, como se marca en la Figura 96.

▼ **SEQUENCE 2**

Sequence Number (ID) 2 Sequence Name Inserted sequence Length 41	Molecule Type DNA Organism Wohlfahrtiopsis bishoppi	
--	--	---

▼ **FEATURES**

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
<a href="#">source</a>	1..41	mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi

⏪ ⏩ 1 ⏪ ⏩

▼ **SEQUENCE**

gatagtatgt atatatagta gtatgatgat gatatgatga t	41
---	----

Figura 96. Añadir característica

A continuación, en la superposición que aparece (mostrada en la Figura 97) hay que seleccionar una clave de caracterización<sup>6</sup> del menú desplegable y especificar la localización de la característica dentro de la secuencia.

<sup>6</sup> Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, secciones 5 y 7, para consultar las tablas de claves de caracterización para secuencias de nucleótidos y aminoácidos.

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
source	1..23	mol_type = genomic DNA organism = Tinamus osgoodi

Feature 1

Feature Key\*  
D\_segment

Feature Location\*  
4..15

For a detailed explanation of the format of the feature location please [click here](#)

▼ QUALIFIERS

Add qualifier

Cancel Create Feature

Figura 97. Superposición para añadir característica

También se pueden añadir calificadores a la característica dentro de la sección “Sequences”, como se describirá en el siguiente apartado (**Error! Reference source not found.**).

Feature 1

Feature Key\*  
CDS

Feature Location\*  
1..13

Automatic addition of a translation qualifier is currently on. This means a separate sequence will be generated and a protein\_id qualifier created if the translation qualifier value meets the minimum length requirement.

For a detailed explanation of the format of the feature location please [click here](#)

Se ha añadido un enlace para contar con una explicación detallada del formato de la localización de la característica. El formato se encuentra al final de la oración ‘click here’. El enlace se ha subrayado, como en la Figura 98 para que sea más fácil identificarlo.

Figura 98. Enlace para la localización de la característica

Por último, hay que hacer clic en el botón azul “Create Feature”, que se muestra en la Figura 97.

#### 5.1.3.7.1 Características “CDS”

Las características “CDS” se utilizan para describir la secuencia de codificación respecto de una proteína<sup>7</sup>. Una característica “CDS” puede incluir de manera opcional la traducción en aminoácido del segmento de la secuencia a la que pertenece, y, si se satisface el requisito relativo a la longitud mínima, aparecerá como secuencia independiente dentro del proyecto. Dentro de la característica “CDS” de la secuencia original, hay una referencia al identificador de la secuencia traducida del aminoácido y provista en el calificador “protein\_id”.

Cuando se crea una característica “CDS” para una secuencia, se puede añadir automáticamente a la característica el calificador “translation” (con la utilización del código estándar (1 – Standard Code) como código genético) con un valor de calificador del trozo de residuo de la secuencia traducido, según indica la localización de la característica. También es posible generar un calificador “protein id” y una secuencia independiente de aminoácido marcando la casilla respectiva de información básica provista en la parte superior de la página de información del proyecto (véase la Figura 102). No obstante, este calificador no es obligatorio y puede eliminarse después de la generación. También podrá crearse manualmente calificadores “translation” y “protein\_id” que tengan como referencia el identificador de la traducción de la secuencia asociada que también haya sido creada por el usuario.

**Nota:**

*En la versión 2.1.0, la casilla “Automatically add a translation qualifier” está marcada por defecto.*

### Creación automática de características “CDS”

Los pasos para crear automáticamente un calificador de caracterización “CDS” son los siguientes:

- 1) En la sección de la secuencia en cuestión, hay que hacer clic en el botón “Add feature” y seleccionar “CDS” como clave de caracterización, lo que creará un calificador “translation”. Si se marca la casilla “automatically add a translation qualifier” en la información básica, se añadirá automáticamente un calificador “translation”, su valor, y un calificador “protein\_id” y su secuencia de aminoácidos conexas aparte (si procede) cuando se añada una característica “CDS” a una secuencia de nucleótidos.

---

<sup>7</sup> <https://www.ddbj.nig.ac.jp/ddbj/cds-e.html>

2) También existe la opción de crear manualmente un calificador “translation”.

Figura 99. Crear calificador “translation”

3) Cuando se termine de editar la característica y sus calificadores asociados, se deberá hacer clic en el botón “Create Feature” para guardarla. En la Figura 100 se muestra una característica “CDS” creada.

Feature Key	Location	Qualifiers
CDS	1..13	protein_id = 3 translation = MYIN
source	1..237	mol_type organism = test bla

Figura 100. Característica “CDS”


La herramienta genera entonces **una secuencia nueva\*** dentro del proyecto en cuestión con los siguientes atributos:

- **Identificador de secuencia** = el siguiente número disponible para identificar la secuencia.
- **Longitud** = longitud de la secuencia traducida.
- **Nombre de la secuencia** = el valor indicado en el campo “Sequence Name” del calificador “translation” (véase la Figura 99). Si no se proporciona ningún nombre, se asignará a la secuencia un nombre por defecto ('Seq\_#').
- **Tipo de molécula** = “AA”.
- **Nombre del organismo** = el mismo valor proporcionado para la secuencia original.
- **Calificador del tipo de molécula** = “protein”.
- **Residuos de la secuencia** = valores traducidos de la secuencia original.




En la Figura 101 se muestra un ejemplo del resultado de este proceso.



▼ **SEQUENCE 3**

Sequence Number (ID) 3 Sequence Name Seq_3 Length 4	Molecule Type AA Organism Caballerocotyla klawei	
---	---	---

▼ **FEATURES**

Feature Key	Location	Qualifiers	
COILED	1..4	note = qual val	
source	1..4	mol_type = protein organism = Caballerocotyla klawei	




Figura 101. Característica "CDS" creada y secuencia generada

**\*Nota relativa a la creación de la secuencia traducida:**

La secuencia traducida se crea solo si su longitud es de al menos 4 caracteres definidos específicamente (por ejemplo, "AXTG" es una secuencia de 3 caracteres).

Si se modifica el calificador "translation" y su nuevo valor tiene menos de 4 residuos definidos específicamente, se eliminará la traducción de la secuencia asociada, así como el calificador "protein\_id".

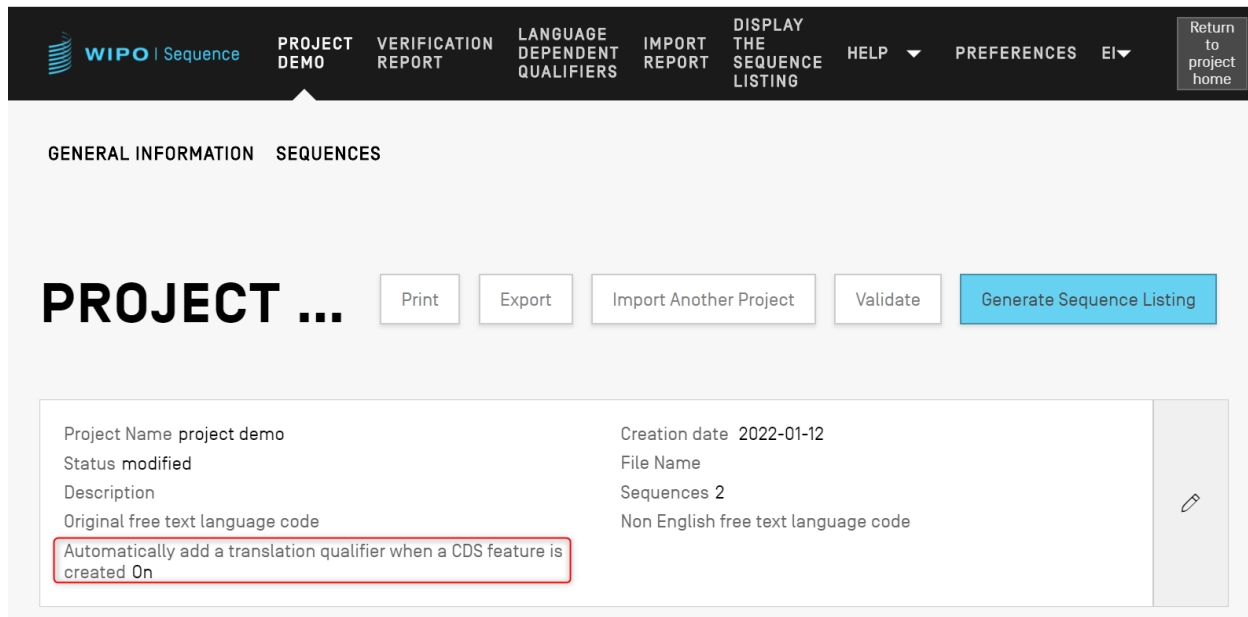
Project Name*	Creation date
project demo	2022-01-We
Status	File Name
modified	
Description	Sequences 2
Original free text language ...	Non English free text langu...
<input checked="" type="checkbox"/> Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created	
Automatically add a translation qualifier, its value, and a protein_id qualifier and associated separate amino acid sequence (if appropriate) when a CDS feature is added to a nucleotide sequence.	
Cancel Save	

Figura 102. Casilla de activación de la tramitación automática de traducción de la característica “CDS”

### Consejo sobre el uso de características “CDS” al incluir un calificador “pseudo” o “pseudogene”:

Asegúrese de que la traducción automática esté desactivada en el momento de añadir un calificador “pseudo” o “pseudogene” a una característica “CDS”.

Si la traducción automática no está desactivada cuando se añada un calificador “pseudo” o “pseudogene” a una característica “CDS”, en el momento de la actualización de dicha característica, el calificador “translation” se incluirá automáticamente. Para corregir este error, desactive la traducción automática para el proyecto y después abra la característica “CDS” y elimine los calificadores “translation” y “protein\_id”, y a continuación actualice la característica.



The screenshot shows the 'PROJECT ...' section of the WIPO Sequence interface. The top navigation bar includes 'WIPO | Sequence', 'PROJECT DEMO', 'VERIFICATION REPORT', 'LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS', 'IMPORT REPORT', 'DISPLAY THE SEQUENCE LISTING', 'HELP', 'PREFERENCES', and 'Return to project home'. Below the navigation bar, there are tabs for 'GENERAL INFORMATION' and 'SEQUENCES'. The 'PROJECT ...' section contains several buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. A table displays project details:

Project Name	project demo	Creation date	2022-01-12
Status	modified	File Name	
Description		Sequences	2
Original free text language code		Non English free text language code	
Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created		On	

Figura 103. Activación de la tramitación automática de traducción de la característica “CDS”

Si se desea generar automáticamente el calificador “translation”, podrá establecerse en el panel de edición del calificador el valor de la tabla del código genético que deberá utilizarse para traducir y el nombre de la secuencia. Cuando se cree la característica, la herramienta realizará la traducción y añadirá el calificador “protein\_id” a la característica y una nueva secuencia con el valor de la traducción.

La traducción se realizará de nuevo, solo si la localización de la característica o uno de los calificadores “transl\_table”, “transl\_except”, o “codon\_start” cambia su valor, en cuyo caso se actualizará la secuencia vinculada.

**Nota:**

Si se modifica el valor del calificador “translation”, se actualizará automáticamente el valor de la secuencia vinculada. Sin embargo, si se modifica la secuencia de nucleótidos vinculada, el valor del calificador “translation” no cambiará. Si el calificador “protein\_id” se modifica después de la creación de la característica, la secuencia dejará de estar vinculada a la secuencia original.

### Consejos sobre el uso del codón de terminación:

Normalmente, los codones de terminación solo deberían encontrarse al final de una característica “CDS”, indicando el punto final de la secuencia de aminoácidos codificada. No deberían encontrarse nunca en medio de una característica “CDS” a menos que haya un calificador “transl\_except” que indique que el codón de terminación debe traducirse en un aminoácido particular.

Si se encuentra un codón de terminación en medio de una característica “CDS” (resaltado en amarillo más abajo), y no hay un calificador “transl\_except” que indique que dicho codón debe ser traducido en un aminoácido en particular, como se muestra en la Figura 104, entonces la herramienta debería detener la traducción en ese punto y mostrar un mensaje sobre fondo rojo en el que se notifique que no se generará ninguna traducción.

**ERROR:** No translated sequence will be generated as the CDS feature contains an improper internal stop codon. Please ensure that the correct genetic code table has been selected or whether qualifiers 'transl\_except' or 'codon\_start' are required.

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
CDS	1..13	translation
source	1..237	mol_type organism = test bla

1

SEQUENCE

atgaaatca acccagtagt actacaatca tgatcaaccc agtagtacta caatcatgat caaccocagta gtactacaat catgatcaac ccagtagtac tacaatcatg atcaaccocag tagt

Figura 104. Casilla de traducción automática activada donde la secuencia contiene un codón de terminación incorrecto

Asimismo, debería aparecer un error en el informe de validación, para advertir de que hay un problema con la secuencia codificadora, como se muestra en la Figura 105.

WIPO | Sequence TEST PROJECT VERIFICATION REPORT LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP PREFERENCES ENGLISH Return to project home

**ERROR:** After project verification, some errors or warnings have been detected.

Report generated on 2022-02-12

Delete selected sequences Print Report

<input type="checkbox"/>	Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
<input type="checkbox"/>	ERROR	<a href="#">Feature Key</a>	The CDS feature contains an improper internal stop codon. Please ensure that the correct genetic code table has been selected or whether qualifiers 'transl_except' or 'codon_start' are required.	CDS	Sequence 1

Figura 105. Secuencia con error de verificación por un codón de terminación incorrecto

### 5.1.3.8 Calificadores

Para ver los calificadores de una característica, se deberá seleccionar la característica correspondiente en el cuadro de características de la secuencia en cuestión. En el ejemplo mostrado en la Figura 106 se ha marcado el icono del lápiz para la característica "source".

GENERAL INFORMATION SEQUENCES

3 Seq\_3 4 AA Caballerocotyla klawei No

1

▼ SEQUENCE 2

Sequence Number (ID) 2  
Sequence Name ST25\_221\_BINDING\_edited\_seq\_2  
Length 237

Molecule Type DNA  
Organism Caballerocotyla biparasitica

▼ FEATURES

Add feature

Feature Key	Location	Qualifiers
CDS	1..13	protein_id = 3 translation = MYIN
source	1..237	mol_type organism = Caballerocotyla biparasitica

1

Figura 106. Visualización de calificadores

Al hacer clic en el icono de lápiz se abrirá una superposición de características, como se muestra en la Figura 107.

Feature 2

Feature Key source  
Feature Location\* 1..237

For a detailed explanation of the format of the feature location please [click here](#)

▼ QUALIFIERS

Add qualifier 2

Qualifier Name	Qualifier Value
mol_type	
organism	Caballerocotyla biparasitica

1

Cancel Update feature

Figura 107. Añadir/editar calificadores

Se podrán editar los calificadores existentes haciendo clic en el icono del lápiz situado a la derecha de cada fila (1), o se podrá añadir un nuevo calificador a la característica seleccionada haciendo clic en el botón "Add qualifier" (2).

Cuando se edita o se añade un calificador, se muestran los dos campos que aparecen en la Figura 108: el “Qualifier name”<sup>8</sup> (que debe seleccionarse en el menú desplegable) y el “Qualifier value”.

The screenshot shows a panel titled "QUALIFIERS" with a sub-header "QUALIFIERS" and a button "Add qualifier". Below this, there are two rows of existing qualifiers:

Qualifier Name: mol_type	Qualifier Value: genomic DNA	
Qualifier Name: organism	Qualifier Value: Tinamus osgoodi	

Below the existing qualifiers is a form to create a new qualifier. It consists of a "Qualifier Name" dropdown menu with a list of options: cell\_line, cell\_type, chromosome, clone, clone\_lib. To the right is a "Qualifier Value" text input field. At the bottom right of the form are two buttons: "Cancel" and "Create Qualifier".

Figura 108. Panel de calificadores

El campo “Qualifier value” se mostrará de forma diferente en función del tipo de calificador:

- **Calificadores con valores predefinidos.** El campo consta de un menú desplegable en el que se puede seleccionar uno de los valores predefinidos para el calificador, como se muestra en el siguiente ejemplo:

The screenshot shows a form for creating a qualifier. The "Qualifier Name" dropdown is set to "organelle". The "Qualifier Value" dropdown is open, showing a list of predefined values: chromatophore, hydrogensome (highlighted in blue), mitochondrion, and nucleomorph.

Figura 109. Calificadores con valores predefinidos

- **Calificadores con valores de texto libre.** El valor del campo tiene formato de texto libre. Además de los valores de nombre y calificador, que solo pueden introducirse en inglés, existen dos campos adicionales que permiten introducir tanto el código del idioma (por ejemplo, “ru”) y el valor del idioma en cuestión en el valor de calificador en idioma distinto del inglés, como se muestra en el siguiente ejemplo:

<sup>8</sup> Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, secciones 6 y 8, a fin de consultar todos los posibles calificadores para secuencias de nucleótidos y aminoácidos.

Figura 110. Calificadores con valores de texto libre

Al campo del código de idioma se le asigna el mismo valor que al de “Non English Free text language code” que se incluye en los datos del proyecto.

Se puede proporcionar una serie de valores en idioma distinto del inglés respecto de cada idioma seleccionado, ya sea introduciéndolos manualmente o importando el idioma apropiado desde un archivo XLIFF (véase la sección 5.1.3.2 para más detalles sobre la importación).

- **Calificadores con formato predefinido.** El valor del campo tiene formato de texto libre, pero se valida para garantizar que se ajusta a las normas pertinentes establecidas en la Sección 6 del Anexo I de la Norma ST.26 de la OMPI.<sup>9</sup> A continuación se muestra un ejemplo en el que la fecha no se ha introducido en el formato adecuado:

Figura 111. Calificadores con formato predefinido

- **Calificadores sin valor permitido.** El campo “Qualifier value” no es editable, como se muestra en el siguiente ejemplo:

Figura 112. Calificadores sin valor permitido

<sup>9</sup> Véase la Norma ST.26 de la OMPI, Anexo I, Sección 6, para consultar las normas relativas a esos calificadores.

*Nota: La localización de característica para la característica "source" no puede editarse después de ser creada, y los calificadores "mol\_type" y "organism" solo pueden editarse, no eliminarse.*

Se deberá hacer clic en el botón azul "Create Qualifier" para añadir el calificador recién creado, o en "Save" para guardar los cambios realizados en el calificador existente.

Por último, una vez añadido o modificado el calificador, habrá que hacer clic en el botón "Update feature", situado en la parte inferior de la superposición de características, como se muestra en la Figura 113, para proceder.

The screenshot shows a web interface for editing a feature. At the top, it is titled "Feature 2". Below this, there are two input fields: "Feature Key" with the value "source" and "Feature Location\*" with the value "1..339". A link is provided for a detailed explanation of the feature location format. Below the feature details, there is a section titled "QUALIFIERS" with a dropdown arrow. Underneath, there is an "Add qualifier" button and a table of existing qualifiers:

Qualifier Name	Qualifier Value	Action
mol_type	other DNA	
organism	synthetic construct	

At the bottom right of the interface, there are two buttons: "Cancel" and "Update feature". The "Update feature" button is highlighted with a red rectangular box.

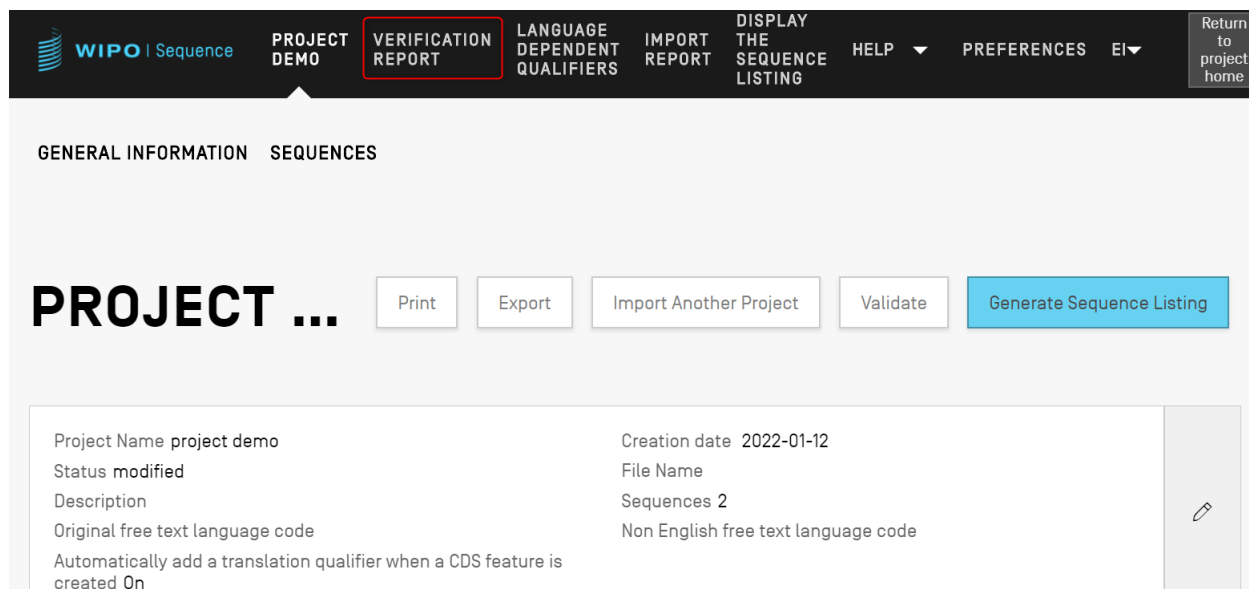
Figura 113. Actualizar característica



## 5.2 INFORME DE VERIFICACIÓN

Para abrir el informe de verificación correspondiente a la lista de secuencias de un proyecto, se deberá hacer clic en el enlace “VERIFICATION REPORT” de la barra de menú situada en la parte superior de la vista de datos del proyecto.

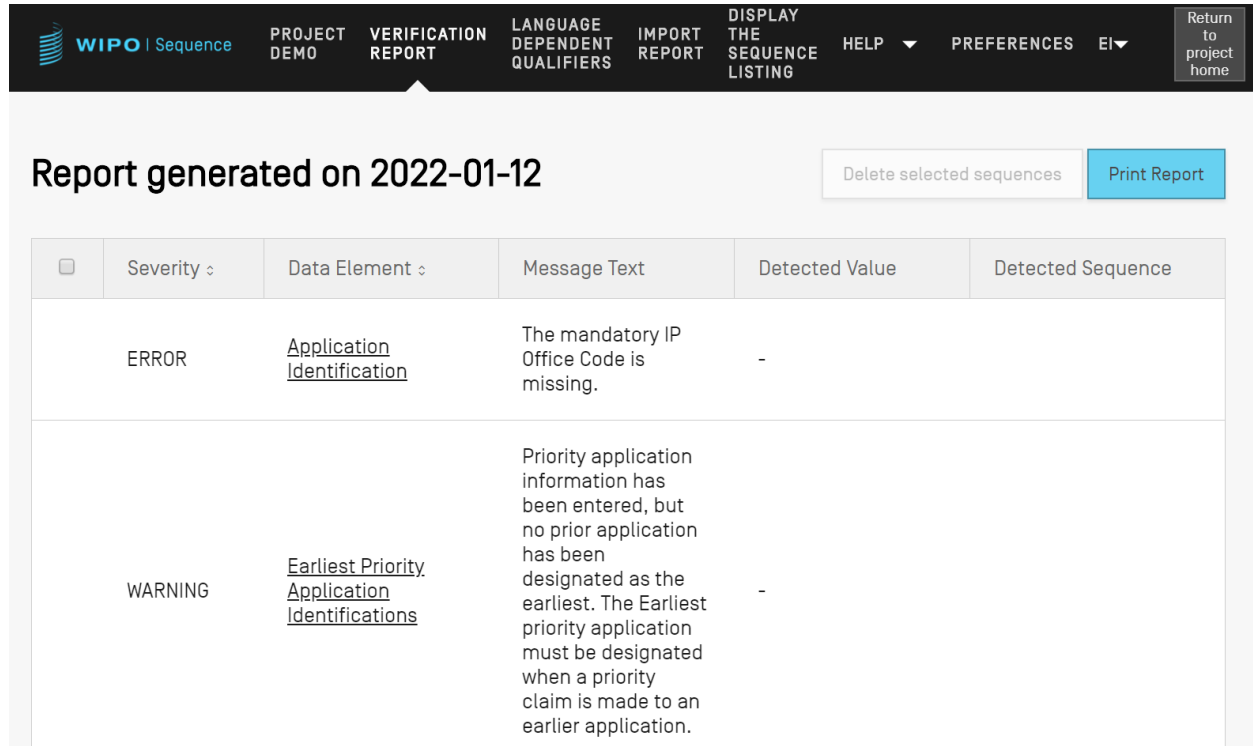
Se puede obtener más información sobre cómo generar el informe de verificación en el apartado **5.1.1.3**.



The screenshot shows the top navigation bar of the WIPO Sequence application. The 'VERIFICATION REPORT' menu item is highlighted with a red box. Below the navigation bar, the 'GENERAL INFORMATION' tab is selected, and the 'SEQUENCES' sub-tab is active. The main content area displays the project name 'PROJECT ...' and several action buttons: 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. Below these buttons, a table of project details is visible, including 'Project Name project demo', 'Status modified', 'Description', 'Original free text language code', 'Creation date 2022-01-12', 'File Name', 'Sequences 2', and 'Non English free text language code'. An edit icon is present on the right side of the table.

Figura 114. Vista/botón de verificación

Dependiendo de si la lista de secuencias del proyecto es válida o no, aparecerá el cuadro mostrado en la Figura 115, con los errores y las advertencias que se han producido, o el mensaje mostrado en la Figura 116, con el que se informa de que la validación se ha realizado correctamente.



Report generated on 2022-01-12

Delete selected sequences Print Report

<input type="checkbox"/>	Severity	Data Element	Message Text	Detected Value	Detected Sequence
	ERROR	<a href="#">Application Identification</a>	The mandatory IP Office Code is missing.	-	
	WARNING	<a href="#">Earliest Priority Application Identifications</a>	Priority application information has been entered, but no prior application has been designated as the earliest. The Earliest priority application must be designated when a priority claim is made to an earlier application.	-	

Figura 115. Informe de verificación con errores

Se puede exportar el informe de verificación en formato PDF haciendo clic en el botón “Print Report”, que aparece en la esquina superior derecha de la Figura 115. El informe generado se mostrará en el visualizador de PDF, como se explica en la sección 3.2.



Report successfully generated on 2021-10-11

This project does not contain any errors or warnings.

Figura 116. Informe de verificación sin errores

### 5.3 CALIFICADORES DEPENDIENTES DEL IDIOMA

Los calificadores que permiten valores de texto libre en un proyecto aparecerán descritos en la vista de calificadores dependientes del idioma de la página de proyecto a la que se accede a través del enlace “LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS”.

Cualquier calificador dependiente del idioma que se añada al proyecto en curso aparecerá en dicha vista, como se muestra en la Figura 117.

Sequence ID Number	Sequence Name	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Qualifier Value	Non English Qualifier Value-[e
1	transl_except_se q_1	source	1..64	q1	organism	Sialia currucoides	

Figura 117. Vista de calificadores dependientes del idioma

Se podrá modificar el valor de texto libre traducido asociado a un calificador haciendo clic en el valor del nombre del calificador, como se muestra en la Figura 117 (1), lo que abrirá una superposición con un panel de edición debajo del cuadro.

Se deberá facilitar el código del idioma original y el del idioma de destino para la exportación de archivos XLIFF con los calificadores de texto libre, donde los valores traducidos deberán ser provistos por los traductores antes de reimportar el archivo XLIFF.

#### 5.3.1 IMPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE

Si se hace clic en el botón “IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS”, la herramienta abrirá el explorador de archivos y se podrá navegar hasta encontrar y seleccionar el archivo (.XLIFF) que se desee importar. Se facilitarán pasos de validación múltiple para garantizar que se realizan las asociaciones correctas entre los valores de idioma origen y de destino.

El archivo seleccionado debe contener los siguientes datos:

- Nombre del proyecto
- El código de idioma de destino
- El código de idioma de origen
- Respecto de cada elemento de la unidad XLIFF:

- El identificador único del calificador (con el siguiente formato: un número precedido de la letra “q”)
- El valor del calificador en la etiqueta del idioma de origen
- El valor del calificador en la etiqueta del idioma de destino

```
<xliff xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance" xsi:schemaLocation="urn:oasis:names:tc:xliff:document:1.2 http://docs.oasis-open.org/xliff/v1.2/os/xliff-core">
  <file original="basic1" datatype="plaintext" source-language="en" target-language="fr">
    <body>
      <trans-unit id="q1" sequenceIDNumber="1" sequenceName="basic_seq_1" featureKey="source" featureLocation="1..26" qualifierName="organism">
        <source>Una virus</source>
        <target>organism fr</target>
      </trans-unit>
      <trans-unit id="q2" sequenceIDNumber="2" sequenceName="basic_seq_2" featureKey="source" featureLocation="1..26" qualifierName="organism">
        <source>Una virus</source>
        <target>organism fr</target>
      </trans-unit>
    </body>
  </file>
</xliff>
```

Figura 118. Ejemplo de archivo XLIFF válido

Una vez que se haya confirmado el archivo seleccionado que se desea importar, la herramienta instará a que se verifique si realmente se quiere continuar confirmando las etapas de verificación (véanse las Figura 119 aFigura 123).

- El sistema compara el nombre del proyecto contenido en el archivo de entrada con el nombre del proyecto seleccionado:

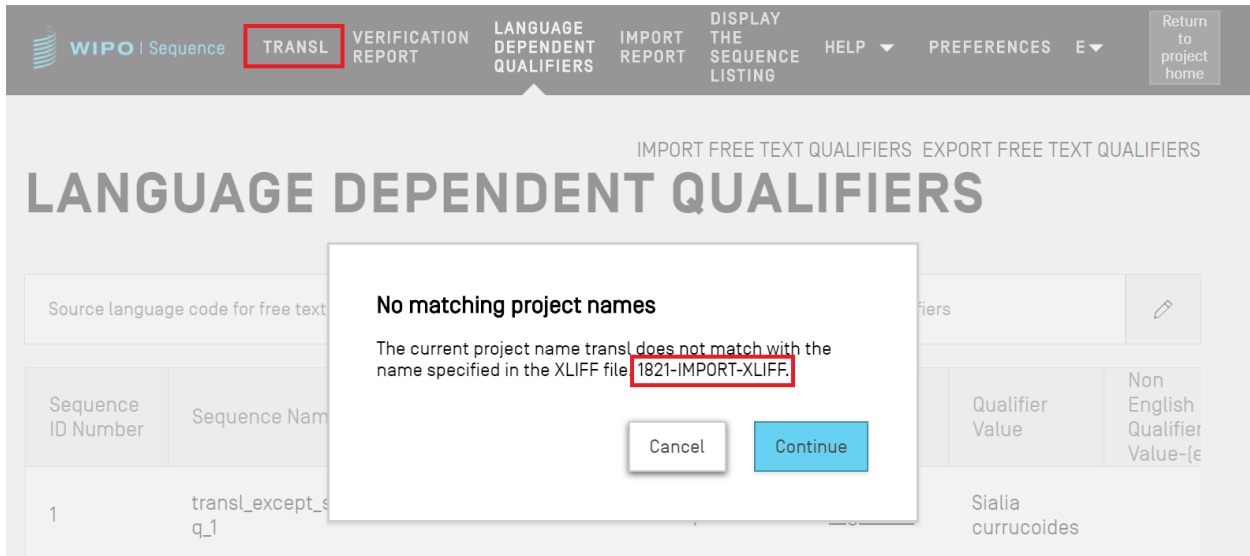


Figura 119. Validación del nombre del proyecto

- El sistema notificará si no se ha podido asociar algún calificador:

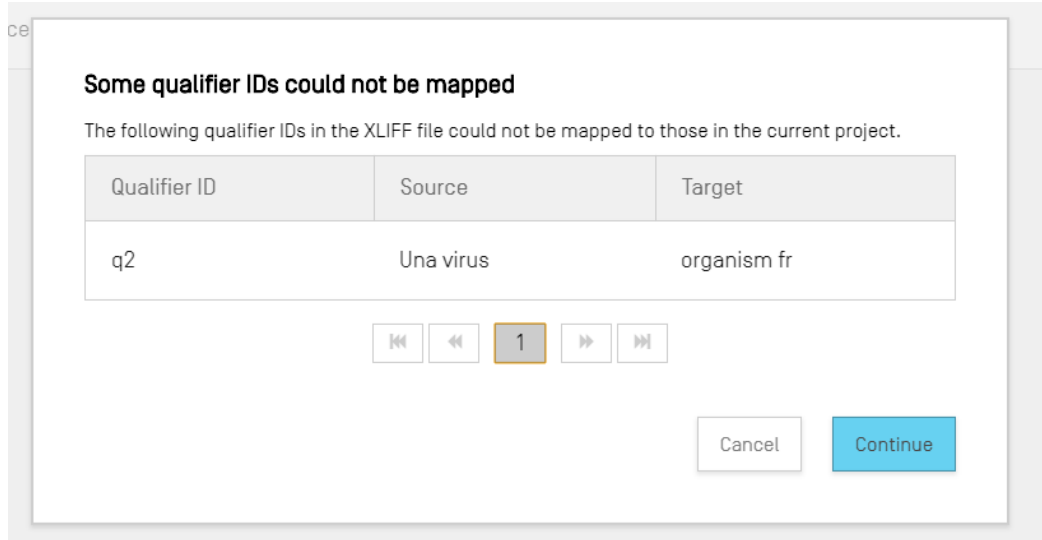


Figura 120. Validación de la asociación de los calificadores

- El sistema notificará cambios relativos al idioma de origen y a los valores de los calificadores:

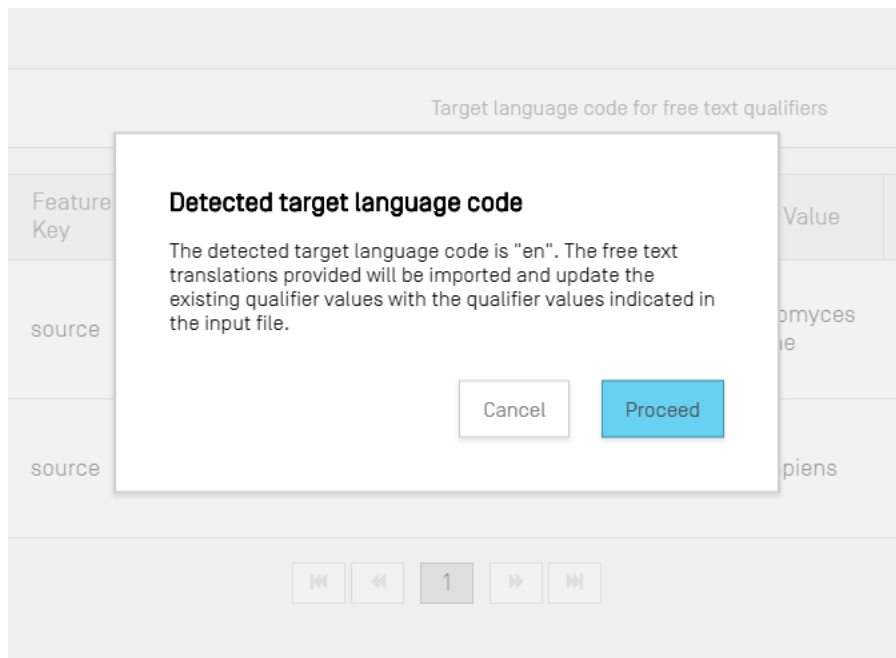


Figura 121. Validación del idioma de origen

- El sistema notificará cambios relativos al idioma de destino y a los valores de los calificadores traducidos:

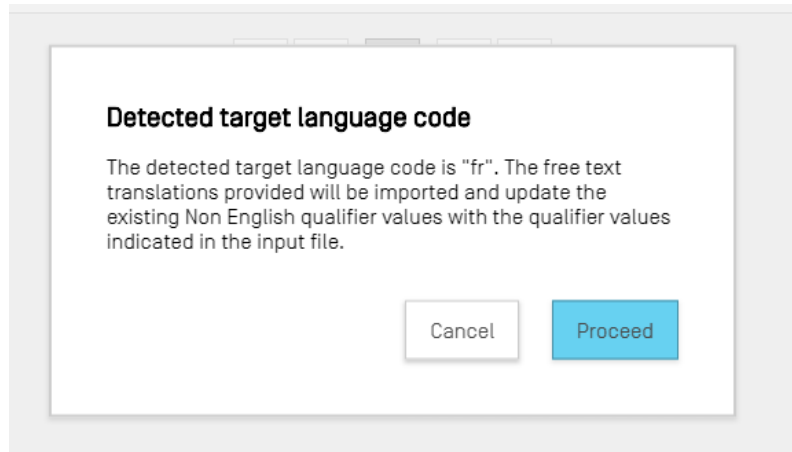


Figura 122. Validación del idioma de destino

Después se recibirá en la parte superior, y sobre fondo azul, el mensaje 'SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY', así como un informe de importación en el cual se expondrán en detalle los valores previos y actuales importados respecto de los calificadores de texto libre dependientes del idioma.

**SUCCESS:** The free text qualifiers have been imported correctly

[< RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS](#)

## IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS REPORT

Sequence ID Number	Feature Key	Feature Location	Qualifier ID	Qualifier Name	Original qualifier value	Original Non English qualifier value	Imported qualifier value
2	source	1..19	q3	organism	Sialia currucoides		Construction synthétique
1	source	1..64	q1	organism	Sialia currucoides		

Figura 123. Informe de la importación del calificador de texto libre

Se puede regresar a la vista de calificadores de texto libre haciendo clic en el botón 'RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS', resaltado en la Figura 123.

### 5.3.2 EXPORTAR CALIFICADORES DE TEXTO LIBRE

Si se hace clic en el botón “EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS” en la parte superior de la vista y, a continuación, en el cuadro de diálogo, se selecciona el nombre del archivo y la ubicación para guardar el archivo de texto de los calificadores, **todos** los calificadores de texto libre del proyecto se exportarán y guardarán en formato de archivo XLIFF.

El archivo incluirá:

- El idioma original del proyecto.
- El idioma de destino del proyecto.
- Los valores de los calificadores de texto libre.
- Los valores traducidos de los calificadores de texto libre.<sup>10</sup>
- La información del calificador y la característica asociadas incluida en el cuadro que se muestra en la Figura 123.

Este archivo puede visualizarse, editarse e importarse de nuevo en la herramienta tras facilitar la traducción adecuada siguiendo los pasos indicados en la sección **5.3.1**.

### 5.4 INFORME DE IMPORTACIÓN

Si se importa un proyecto con una lista de secuencias (en formato ST.25 o ST.26) o se importan varias secuencias desde un archivo (con formato ST.26, ST.25, RAW, FASTA o de varias secuencias), el informe de importación correspondiente incluirá un cuadro con todos los cambios realizados en los datos importados para ajustarlos al formato adecuado del proyecto.

Si el proceso de importación no genera ningún proyecto o no se ha importado ninguna secuencia al proyecto en curso, en la vista de informe de importación aparecerá el mensaje que se muestra en la Figura 124.

---

<sup>10</sup> La traducción del código de idioma de texto libre seleccionado distinto del inglés que se facilita en el proyecto durante la exportación

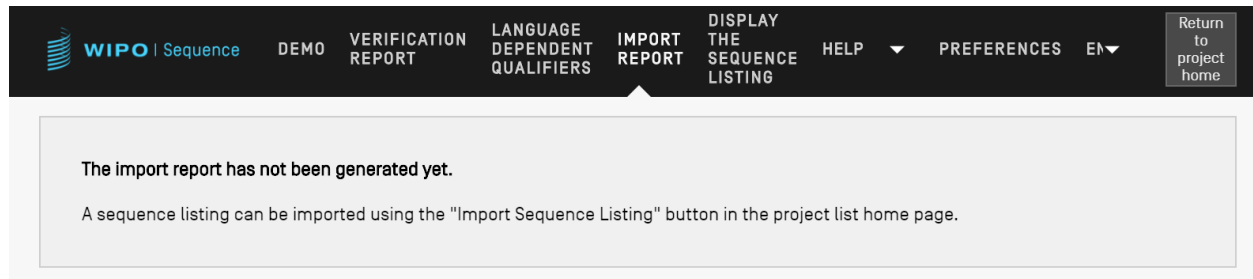


Figura 124. Mensaje de importación no realizada en la vista de informe de importación

Si la importación se completa correctamente y se crea el proyecto, podrán aparecer en la vista los dos cuadros siguientes:

- Un cuadro de informe de importación (véase la subsección **5.4.1**)
- Un cuadro de datos modificados (véase la subsección **5.4.2**)



### 5.4.1 Cuadro de informe de importación

Type of Note	Data Element	Message Text	Detected Sequence
Global	<130>	During import, the 'Applicant File Reference' has been automatically assigned the following value: USPTO; this value can be edited within the project.	
Global	<110>	One organization or person must be selected as the first applicant or one person must be selected as the inventor, together with the appropriate language code.	

Figura 125. Informe de importación generado

El cuadro de informe de importación aparecerá solo cuando se produzcan errores durante la importación de un archivo e incluirá los siguientes datos distribuidos en columnas:

- **Tipo de nota:** “INDIVIDUAL” si el mensaje se refiere a una secuencia concreta o “GLOBAL” si se trata de un mensaje genérico que se refiere a una o varias secuencias;
- **Código de elemento de datos:** del archivo de origen, para las listas de secuencias en formato ST.25;
- **Mensaje:** mensaje con información detallada sobre el problema identificado y los cambios hechos para solucionarlo (de haberse realizado alguno);
- **Secuencia afectada:** identificador de la secuencia importada a la que se refiere el mensaje (cuando el tipo de nota es “INDIVIDUAL”, de lo contrario este campo aparece en blanco).

## 5.4.2 Cuadro de datos modificados

Global	<400>	Three-letter amino acid symbols have been replaced with their corresponding one-letter codes.					
<b>Changed Data</b>							
Origin Tag	Origin Element Name	Origin Element Value	Target Element Name	Target Element Value	Transformation	Origin Sequence ID	Sequence ID Number
<221>	Name/Key		Feature Key	misc_feature	The custom feature key has been replaced with a recommended key [see Annex VII, ST.26].	1	1
<223>	Other information		Qualifier Name	note	A 'note' Qualifier has been created.	1	1

Figura 126. Cuadro de datos modificados

En este cuadro se muestran los datos que han sido transformados o modificados durante el proceso de importación. El cuadro incluye los siguientes datos distribuidos en columnas (véase la Figura 110 **Error! Reference source not found.**):

- **Etiqueta de origen:** código de elemento de datos que indica el tipo de elemento, para las listas de secuencias en formato ST.25;
- **Nombre del elemento de origen:** nombre correspondiente al tipo de elemento;
- **Valor del elemento de origen:** valor correspondiente al elemento de origen en el archivo de origen;
- **Nombre del elemento final:** nombre del elemento equivalente en formato ST.26 en el que se va a almacenar la información del proyecto resultante;
- **Valor del elemento final:** valor que se establecerá para el nombre del elemento final;
- **Transformación:** descripción de las modificaciones o transformaciones realizadas en el elemento;
- **Identificador de secuencia:** identificador de la secuencia correspondiente del elemento transformado en el proyecto.

## 5.5 VISUALIZACIÓN DE LISTA DE SECUENCIAS

WIPO Sequence permite generar la lista de secuencias en un formato más fácil de leer para las personas que el XML. Cuando se accede a la vista de visualización de lista de secuencias a través del enlace “DISPLAY THE SEQUENCE LISTING”, aparece un mensaje sobre fondo azul en el que se indica que el archivo de la lista de secuencias se ha generado correctamente, junto a dos opciones para visualizar la lista de secuencias (en formato .html o .txt) (véase la Figura 127).

Para saber cómo generar una lista de secuencias, véase el apartado 5.1.1.3.

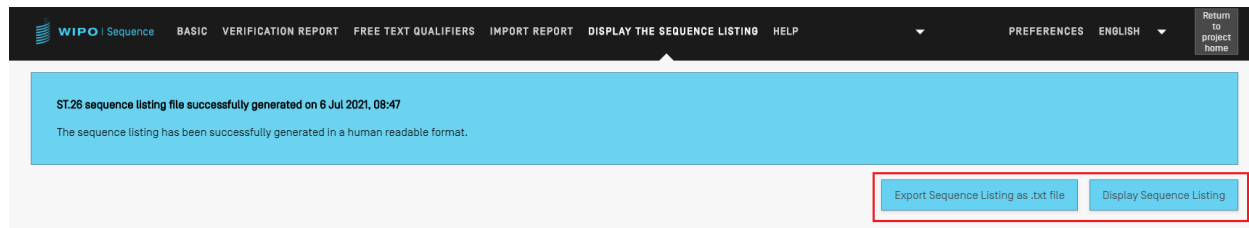


Figura 127. Visualización de lista de secuencia: generada

Si la lista de secuencias no se genera correctamente en un proyecto determinado, en la vista de visualización de lista de secuencias se desactivarán los botones “Display Sequence Listing” y “Export Sequence Listing as .txt file”, y se mostrará el mensaje de error que aparece en la Figura 128.

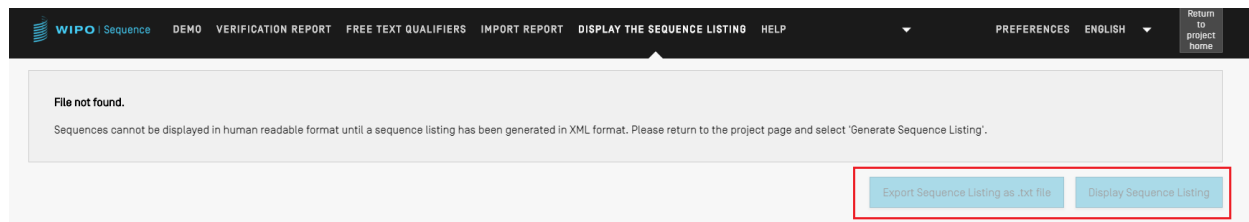
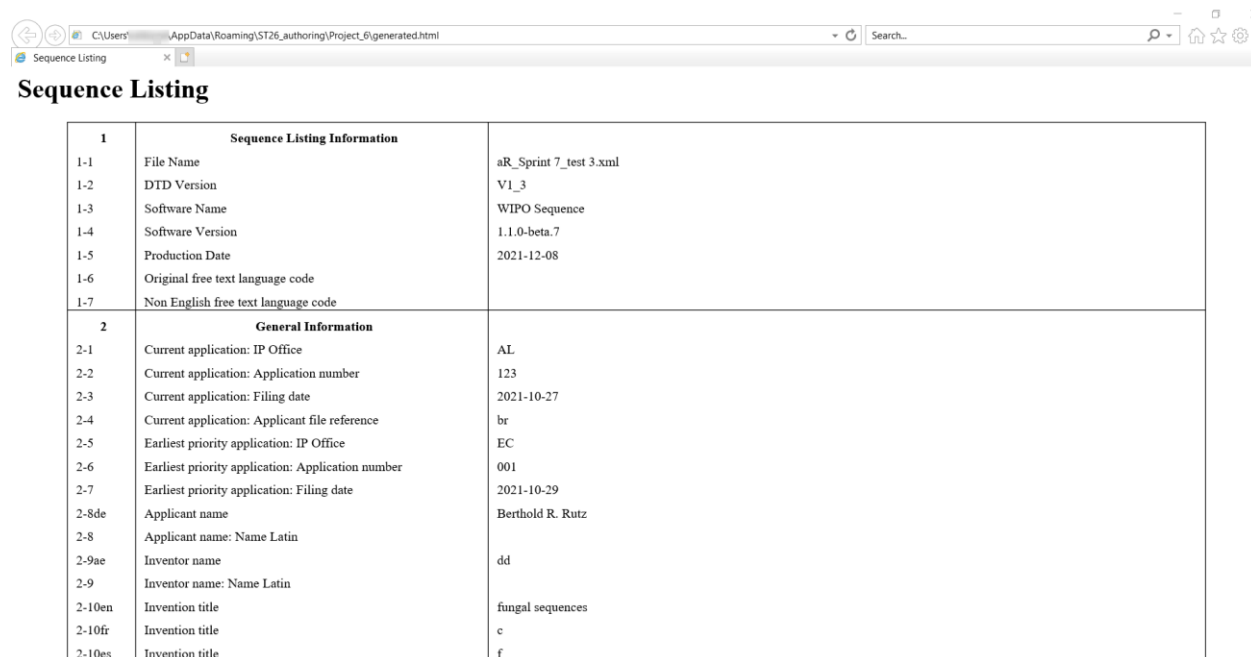


Figura 128. Visualización de lista de secuencias: no generada

Al hacer clic en el botón “Display Sequence Listing”, se abrirá un archivo HTML en el navegador predeterminado en el equipo, y se visualizará el archivo XML ajustado a la Norma ST.26 en un formato que permitirá consultar más fácilmente los valores de determinados campos. En la Figura 129 se muestra un ejemplo.

**Nota:**

*Para que la lista de secuencias se visualice en otro idioma, será necesario volver a generarla. En primer lugar, se debe indicar el nuevo código de idioma de texto libre distinto del inglés en la sección de información general y, a continuación, se repiten los pasos ya descritos.*



1 Sequence Listing Information		
1-1	File Name	aR_Sprint 7_test 3.xml
1-2	DTD Version	V1_3
1-3	Software Name	WIPO Sequence
1-4	Software Version	1.1.0-beta.7
1-5	Production Date	2021-12-08
1-6	Original free text language code	
1-7	Non English free text language code	
2 General Information		
2-1	Current application: IP Office	AL
2-2	Current application: Application number	123
2-3	Current application: Filing date	2021-10-27
2-4	Current application: Applicant file reference	br
2-5	Earliest priority application: IP Office	EC
2-6	Earliest priority application: Application number	001
2-7	Earliest priority application: Filing date	2021-10-29
2-8de	Applicant name	Berthold R. Rutz
2-8	Applicant name: Name Latin	
2-9ae	Inventor name	dd
2-9	Inventor name: Name Latin	
2-10en	Invention title	fungal sequences
2-10fr	Invention title	c
2-10es	Invention title	f

Figura 129. Visualización de lista de secuencias: archivo HTML

**Nota: la ubicación del archivo HTML se mostrará en la barra del navegador, lo que permitirá acceder al archivo y copiarlo en una ubicación diferente si así se desea.**

Cuando se hace clic en el botón “Export Sequence Listing as .txt file”, se abre un archivo txt. De esta manera se ofrece una visualización formateada del archivo XML conforme a la Norma ST.26 para que los valores de determinados campos sean más fáciles de ver. En la Figura 130 puede verse un ejemplo.

```

Sequence Listing Information:
  DTD Version: V1_3
  File Name: validSTS.xml
  Software Name: WIPO Sequence
  Software Version: 1.1.0-beta.7
  Production Date: 2021-07-06
General Information:
  Current application / IP Office: US
  Current application / Application number: 1231123343
  Current application / Filing date: 2019-05-02
  Current application / Applicant file reference: app_file_ref
  Earliest priority application / IP Office: US
  Earliest priority application / Application number: 1231123343
  Earliest priority application / Filing date: 2019-04-30
  Applicant name: Vault Tec
  Applicant name / Language: en
  Inventor name: Vault Tec
  Inventor name / Language: en
  Invention title: FEV ( en )
  Invention title: fdf' ( ru )
  Sequence Total Quantity: 3
Sequences:
  Sequence Number (ID): 1
  Length: 368
  Molecule Type: DNA
  Features Location/Qualifiers:
    - source, 1..368
      > mol_type, other DNA
      > organism, synthetic construct
    - STS, 1
    - STS, 2..4
  Residues:
  atcatgctaa tcatgctagc tagtagctga tgatcatgct agcatcatgc taatcatgct 60
  agctagtagc tgatgatcat gctagctagt agctgatgat catgctagct agtagctgat 120
  gatcatgcta gctagtagct gatgatcatg cttagctagta gctgatgctc atgctagcta 180
  gtagctgatg atcatgctag cttagtagctg atggctagta gctgatgtag tagctgatga 240
  tcatgctagc tagtagctga tgatcatgct agctagtagc tgatgatcat gctagctagt 300
  agctgatgat catgctagct agtagctgat gatcatgcta gctagtagct gatggctagt 360
  agctgatg                                     368

  Sequence Number (ID): 2
  Length: 368
  Molecule Type: RNA
  Features Location/Qualifiers:
    - source, 1..368
      > mol_type, genomic RNA
      > organism, Asaccus elisae
    - gene, 1
    - gene, 2..4

```

Figura 130: Visualización de la lista de secuencias: archivo TXT

Si la lista de secuencias generada, en formato XML, es de un tamaño superior a 100Mb, en lugar de mostrarse la lista en formato HTML, aparecerá la página de la Figure 131.



Figure 131. La lista de secuencias en versión HTML es demasiado grande para poder mostrarse

## 5.6 AYUDA

La herramienta permite visualizar las opciones de ayuda disponibles para obtener asistencia sobre cómo usarla (ver Figura 132).

Las opciones de ayuda remiten a la siguiente información:

- un enlace al Manual de uso<sup>11</sup>
- un enlace a las preguntas frecuentes<sup>12</sup>
- un enlace al formulario de contacto para el equipo de apoyo de WIPO Sequence
- un enlace a la Norma ST.26 de la OMPI<sup>13</sup>
- información básica sobre la herramienta de escritorio de WIPO Sequence

---

<sup>11</sup> En el momento de la publicación, se remite a la versión en inglés del manual, que se facilita fuera de línea o en línea en los otros nueve idiomas del PCT.

<sup>12</sup> En el momento de la publicación, se remite a la base de conocimientos de WIPO Sequence y de la Norma ST.26.

<sup>13</sup> En el momento de la publicación, se remite a la última versión en línea de la Norma, en español, francés o inglés.

**Nota:**

Con la versión 2.1.0 de WIPO Sequence se incluye el manual de usuario y la norma ST.26 de la OMPI solo en inglés. Cuando se selecciona un idioma distinto para la interfaz de usuario, es necesario estar conectado a Internet para poder acceder a las versiones en otros idiomas tanto de la norma como del manual de usuario. No obstante, el enlace proporcionado será a la versión lingüística que coincida con su selección.

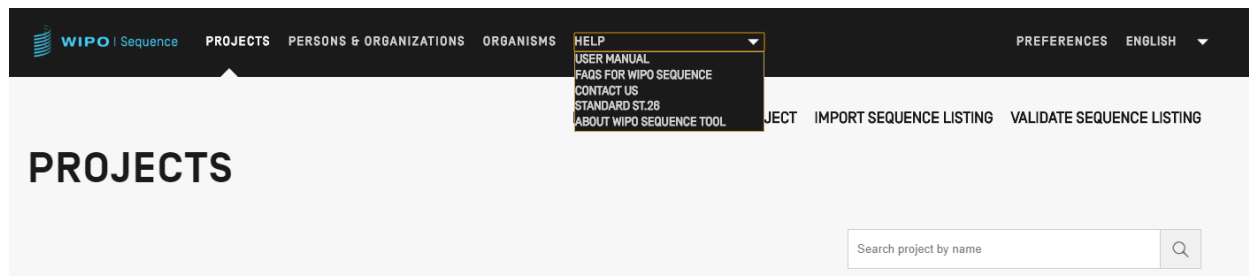


Figura 132. Ayuda

## 5.7 PREFERENCIAS

En la última vista de preferencias se pueden establecer parámetros específicos aplicables a todos los proyectos conforme a la descripción anterior.

Para obtener más información al respecto, véase la sección **4.4**.

## 6 FORMATOS DE ARCHIVO

### 6.1 FORMATO ST.25

Puede encontrarse información detallada sobre el formato de archivo conforme con la Norma ST.25 de la OMPI en:

<https://www.wipo.int/export/sites/www/standards/es/pdf/03-25-01.pdf>

### 6.2 FORMATO DE VARIAS SECUENCIAS

El formato de varias secuencias<sup>14</sup> puede servir para describir una o varias secuencias, junto con su nombre, el tipo de molécula y el nombre del organismo. Es uno de los formatos permitidos para la importación mediante PatentIn.

La primera línea de texto que no está en blanco es la cabecera e incluye los siguientes componentes:

```
<SequenceName; SequenceType; OrganismName>
```

La secuencia comienza en la línea que sigue a la cabecera. Para definir una nueva secuencia, se introduce una línea en blanco en el archivo, después del código genético de la secuencia anterior. A continuación se muestra un ejemplo de un grupo de dos secuencias definidas en formato de varias secuencias.

Ejemplo:

```
<First Sequence; RNA; Albies alba>
```

```
uuuucuuaauguuucuccuacugcuuaucauaaugauugucguaguggcuuccucaucgucucccccaccg  
ccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaaccaacagcauaacaaaaagaugacgaaga  
ggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggaguggcggagggg
```

```
<Second Sequence; DNA; Albies alba>
```

```
attgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuaauuaugtgggtgagututugau  
atguaautgautugtugutattgaugtuagtgauguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuaau  
uaugtgggtgagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

---

14

[https://www.uspto.gov/sites/default/files/patents/resources/tools/checker/patentin351\\_20110214\\_6\\_.pdf](https://www.uspto.gov/sites/default/files/patents/resources/tools/checker/patentin351_20110214_6_.pdf)



### 6.3 FORMATO RAW

Con el formato RAW solo se puede describir una secuencia. Se escribe simplemente el código genético, sin incluir otra información. El tipo de molécula, las características y el nombre tendrán que ser añadidos mediante la herramienta una vez importada la secuencia.

Ejemplo:

```
aggatatagatagttatatgatagttatgatatgatgatgtatgtatagttagttatga
```

### 6.4 FORMATO FASTA

Este formato contiene residuos y una descripción, y, durante la importación, se dispone de la opción de guardar la descripción como un calificador de nota.

#### 6.4.1 Archivo FASTA con una secuencia

```
>AJ011880.1 Artificial oligonucleotide sequence SSR primer (CAC13R)  
CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

Véase <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/3724029?report=fasta> (consultado el 22 de mayo de 2017).

[Fin del documento]