**NORMA ST.26 - ANEXO VII**

RECOMENDACIÓN PARA LA TRANSFORMACIÓN DE LA LISTA DE SECUENCIAS DE LA NORMA ST.25 CON ARREGLO A LA NORMA ST.26:

EVENTUAL ADICIÓN O SUPRESIÓN DE MATERIA

Proyecto de propuesta presentado para su examen en la sexta sesión del CWS

## INTRODUCCIÓN

Los requisitos para la presentación de secuencias de nucleótidos y aminoácidos difieren de la Norma ST.25 a la Norma ST.26 de la OMPI. Por consiguiente, se ha planteado la cuestión de si la Norma ST.26 exigiría la adición o supresión de materia respecto de una lista de secuencias presentada en virtud de la Norma ST.26 como parte de una solicitud internacional que no esté fundada en una solicitud cuya prioridad se reivindica.

## ALCANCE DEL DOCUMENTO

En el presente documento se examinan los requisitos obligatorios de la Norma ST.26 y las eventuales consecuencias de dichos requisitos. El presente documento no aborda todas las situaciones hipotéticas posibles; si, en virtud de la Norma ST.26, el medio de representación de la información contenida en una lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 no resulta claro, dicha información siempre podrá incluirse en la descripción de la solicitud para evitar la supresión de materia.

## RECOMENDACIONES RELATIVAS A LA EVENTUAL ADICIÓN O SUPRESIÓN DE MATERIA

El examen de las cuestiones recogidas en el presente documento demuestra que la conversión de la Norma ST.25 a la Norma ST.26 no debería dar lugar necesariamente a la adición o supresión de materia, en particular respecto de las listas de secuencias presentadas en virtud de la Norma ST.25 que guardan plena conformidad con ella. No obstante, ciertas situaciones hipotéticas requerirán que el solicitante actúe con cautela. Se han formulado diversas recomendaciones para evitar la necesidad de añadir o suprimir materia.

### Situación hipotética 1

La Norma ST.25 utiliza identificadores numéricos para etiquetar distintos tipos de datos, por ejemplo, <110> para el nombre del solicitante. La Norma ST.26 utiliza términos del idioma inglés, como nombres de elementos y atributos, para el etiquetado de datos.

#### Recomendación

Los términos de la Norma ST.26 describen el tipo de contenido de datos; por lo tanto, la utilización de los nombres de elementos y los atributos de la Norma ST.26 no constituye adición de materia.

### Situación hipotética 2

La Norma ST.26 exige expresamente la inclusión de: a) secuencias ramificadas; b) secuencias con D-aminoácidos D; c) análogos de nucleótidos; y d) secuencias con sitios abásicos. Bajo la Norma ST.25, el requisito relativo a la inclusión o prohibición de dichas secuencias no estaba claro.

#### Recomendación:

La divulgación contenida en la solicitud debería bastar para representar dichas secuencias en una lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 si estas no han sido incluidas en una lista de secuencias conforme con la Norma ST.25. Para determinados tipos de información requerida en virtud de la Norma ST.26, deberá tenerse cuidado de no añadir más materia de la divulgada; véanse, por ejemplo, las explicaciones que figuran más adelante (en la situación hipotética 4) sobre el calificador “mol\_type” para las secuencias de nucleótidos.

### Situación hipotética 3

La Norma ST.26 excluye las secuencias con menos de 10 nucleótidos específicamente definidos (con exclusión del símbolo "n") y menos de 4 aminoácidos específicamente definidos (con exclusión del símbolo "X").

#### Recomendación:

Las secuencias excluidas pueden incluirse en el cuerpo de la solicitud en caso de que no se hayan incluido.

### Situación hipotética 4

La Norma ST.26 prevé las claves de caracterización obligatorias "source", para todas las secuencias de nucleótidos, y "SOURCE", para todas las secuencias de aminoácidos, cada una de las cuales incluye dos calificadores obligatorios. La Norma ST.25 prevé una clave de caracterización correspondiente para las secuencias de nucleótidos (que apenas se utiliza) sin los calificadores correspondientes y no prevé ninguna clave de caracterización correspondiente para las secuencias de aminoácidos.

Secuencias de nucleótidos

Norma ST.26 – clave de caracterización 5.37 “source”; calificadores obligatorios 6.44 “organism” y 6.38 “mol\_type” (*véase* el párrafo 75 de la Norma ST.26)

|  |  |
| --- | --- |
| **Calificador** | **Valor** |
| mol\_type  | genomic DNA |
| genomic RNA |
| mRNA |
| tRNA |
| rRNA |
| other DNA (se aplica a las moléculas sintéticas) |
| other RNA (se aplica a las moléculas sintéticas) |
| transcribed RNA |
| viral cRNA |
| unassigned DNA (se aplica cuando la molécula *in vivo* es desconocida) |
| unassigned RNA (se aplica cuando la molécula *in vivo* es desconocida) |

Secuencias de aminoácidos

Norma ST.26 – clave de caracterización 7.30 “SOURCE”; calificadores obligatorios 8.3 “ORGANISM” y 8.1 “MOL\_TYPE” (*véase* el párrafo 75 de la Norma ST.26)

|  |  |
| --- | --- |
| **Calificador** | **Valor** |
| MOL\_TYPE | protein  |

#### Recomendación:

El único motivo de preocupación radica en los valores del vocabulario controlado asociados con el calificador “mol\_type” para las secuencias de nucleótidos. Algunas de las alternativas de valor indicadas anteriormente pueden no estar suficientemente fundadas en la divulgación. Sin embargo, la adición de materia puede evitarse utilizando el valor más genérico para una secuencia específica, por ejemplo, “other DNA” y “other RNA” para una molécula sintética o “unassigned DNA” y "unassigned RNA" para una molécula *in vivo*.

### Situación hipotética 5

Cuando una secuencia incluye la variable "Xaa", la Norma ST.25 requiere que se incluya más información sobre dicho residuo en el campo <223>, que acompaña a los campos <221> (nombre de característica) y <222> (localización de característica). La Norma ST.25 no prevé un valor por defecto para "Xaa" ("X" en la Norma ST.26). Sin embargo, la Norma ST.26 sí prevé un valor por defecto y, por lo tanto, no siempre se necesita más información. Dos de las anotaciones más utilizadas en las secuencias peptídicas para la variable "Xaa" o "X" son "any amino acid" o "any naturally occurring amino acid". Estos términos podrían interpretarse para incluir aminoácidos distintos de los enumerados en las tablas de aminoácidos que figuran en la Norma ST.25 o ST.26. En virtud de la Norma ST.26, el valor por defecto para "X", sin más anotaciones, es cualquiera de los 22 aminoácidos individuales enumerados en el Anexo I (véase el Cuadro 3 de la Sección 3). Este valor por defecto conforme con la Norma ST.26 puede constituir en sí mismo materia añadida o suprimida y, por lo tanto, afectar negativamente al alcance de una solicitud de patente en su transición de la Norma ST.25 a la Norma ST.26.

#### Recomendaciones:

1. Cuando una lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 contiene un nombre de característica <221>, una localización de característica <222> correspondiente con Xaa e información adicional <223> sobre esta y el nombre de característica <221> es también una clave de caracterización conforme con la Norma ST.26, por ejemplo, “SITE”, “VARIANT” o “UNSURE”, debería utilizarse la clave de caracterización conforme con la Norma ST.26. Además, para evitar la posibilidad de que se suprima materia, la información contenida en el campo <223> deberá incluirse en un calificador "NOTE" conexo.
2. Cuando la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 contiene un nombre de característica <221> y una localización de característica <222> correspondiente a Xaa, y el nombre de característica <221> no es una clave de caracterización conforme con la Norma ST.26, deberían utilizarse las claves de la caracterización “SITE” o “REGION” con arreglo a la Norma ST.26, según corresponda. Además, para evitar la posibilidad de que se suprima materia, la información contenida en el campo <223>, así como el nombre de característica <221> inapropiado, deberán incluirse en el calificador "NOTE" conexo. Por ejemplo, si en virtud de la Norma ST.25 un listado utiliza un nombre de característica que no es conforme con la Norma ST.25 o la Norma ST.26, como “Variable” en el campo <221>, junto con la información adicional “Xaa is any amino acid” en el campo <223>, con arreglo a la Norma ST.26 el valor del calificador “NOTE” sería "Variable – Xaa is any amino acid".
3. Cuando una lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 no contiene ningún campo <221>, <222> o <223> correspondiente a Xaa o cuando se incluyen los campos <221> y <222> correspondientes a Xaa, pero no se incluye ninguna información en el campo <223> conexo (es decir que, si bien se han producido, ninguna de la dos situaciones hipotéticas es conforme con la Norma ST.25), cualquier información contenida en el cuerpo de la solicitud que describa Xaa debería incluirse en el calificador "NOTE" con arreglo a la Norma ST.26 junto con la clave de caracterización apropiada, por ejemplo, “SITE”, “REGION” o “UNSURE”, y su localización.

### Situación hipotética 6

En virtud de la Norma ST.25, el uracilo está representado en la secuencia mediante "u" y la timina está representada mediante "t". En virtud de la Norma ST.26, el uracilo y la timina están representados en la secuencia mediante "t", sin anotaciones adicionales; "t" se interpreta como uracilo en ARN y timina en ADN.

#### Recomendaciones :

1. Cuando una secuencia de ADN contiene uracilo, la Norma ST.26 la considera un nucleótido modificado y exige que el uracilo se represente mediante "t" y se describa con más detalle utilizando la clave de caracterización "modified\_base", el calificativo "mod\_base" con "OTHER" como valor calificador y el calificativo "note" con "uracil" como valor calificador. En virtud de la Norma ST.26, esta anotación no se considera materia añadida cuando la secuencia de ADN conforme con la Norma ST.25 contiene una nucleobase "u".
2. Cuando una secuencia de ARN contiene timina, la Norma ST.26 la considera un nucleótido modificado y exige que la timina se represente mediante "t" y se describa más detalladamente utilizando la clave de caracterización "modified\_base", el calificativo "mod\_base" con "OTHER" como valor calificador y el calificativo "note" con "thymine" como valor calificador. En virtud de la Norma ST.26, esta anotación no se considera materia añadida cuando la secuencia de ARN conforme con la Norma ST.25 contiene una nucleobase "t".

### Situación hipotética 7

Tanto en la Norma ST.25 como en la Norma ST.26, los nucleótidos o aminoácidos modificados deben tener una descripción detallada. En virtud de la Norma ST.26, la identidad de un nucleótido modificado podrá indicarse utilizando una de las abreviaturas que figuran en el Cuadro 2 de la Sección 2 del Anexo I, cuando proceda. En caso contrario, deberá indicarse el nombre completo, no abreviado, del nucleótido modificado. Del mismo modo, la identidad de un aminoácido modificado podrá indicarse utilizando una de las abreviaturas que figuran en el Cuadro 4 de la Sección 4 del Anexo I, cuando proceda. En caso contrario, deberá indicarse el nombre completo, no abreviado, del aminoácido modificado. Por el contrario, si un residuo modificado no figura en ningún cuadro de la Norma ST.25 no será necesario utilizar el nombre completo, no abreviado; con frecuencia en estos casos se utiliza su abreviatura.

#### Recomendaciones:

1. Cuando en la solicitud y en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 solo se ha utilizado una abreviatura que no figura en el Cuadro 2 de la Sección 2 ni en el Cuadro 4 de la Sección 4 del Anexo I para un nucleótido o aminoácido modificado, y se conoce en la técnica de que se trata que la abreviatura se refiere a un nucleótido o aminoácido modificado específico, el uso del nombre completo, no abreviado, no constituirá en sí mismo adición de materia.
2. Cuando en la solicitud y en la lista de secuencias conformes con la Norma ST.25 solo se ha utilizado una abreviatura que no figura en el Cuadro 2 de la Sección 2 ni en el Cuadro 4 de la Sección 4 del Anexo I para un nucleótido o aminoácido modificado (siempre que la solicitud no contenga ninguna estructura química), y no se conoce en la técnica de que se trata que la abreviatura se refiere a un nucleótido o aminoácido modificado específico, es decir, la abreviatura o bien no se conoce en absoluto en la técnica, o bien podría representar distintos nucleótidos o aminoácidos modificados, no sería posible cumplir lo dispuesto en la Norma ST.26 en esta situación sin la adición de materia. En este caso, por supuesto, la solicitud de prioridad y la lista de secuencias serían imprecisas. Para evitar la posible supresión de materia, en un calificador "nota" o "NOTA" con arreglo a la Norma ST.26 debería figurar la abreviatura de la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25, así como el nombre completo, no abreviado, del nucleótido o aminoácido modificado. No se dará prioridad al nombre completo, no abreviado, del nucleótido o aminoácido modificado requerido en la lista de secuencias conforme con la Norma ST. 26 sobre la solicitud anterior. Al redactar la lista de secuencias y la divulgación de la solicitud originales (con arreglo a la Norma ST.25) deberá tenerse cuidado de incluir el nombre no abreviado a fin de evitar problemas en el futuro.

### Situación hipotética 8

La Norma ST.25 prevé varias claves de caracterización que no contempla la Norma ST.26. Por lo tanto, los solicitantes deben tener cuidado de capturar la información contenida en dichas claves de caracterización con arreglo a la Norma ST.25 a fin de que sea conforme con la Norma ST.26 sin necesidad de añadir o suprimir materia.

#### Recomendaciones:

El siguiente cuadro proporciona orientación sobre el modo en que la información contenida en una clave de caracterización con arreglo a la Norma ST.25 guarda conformidad con la Norma ST.26 sin necesidad de añadir o suprimir materia. Los números 1 a 23 corresponden a las claves de caracterización relacionadas con las secuencias de nucleótidos y los números 24 a 43 a las claves de caracterización relacionadas con las secuencias de aminoácidos.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **N.º** | **Clave de caracterización <221> conforme con la Norma ST. 25** | **Equivalente en la Norma ST.26** |
| **Clave de caracterización** | **Calificador** | **Valor calificador** |
| 1 | allele | misc\_feature | allele | valor <223>  |
| 2 | attenuator | regulatory[[1]](#footnote-2) | regulatory\_class1 | “attenuator” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 3 | CAAT\_signal | regulatory1 | regulatory\_class1 | “CAAT\_signal” |
| note *(si <223> está presente)* | <223> value |
| 4 | conflict | misc\_feature | note | “conflict” y valor <223> |
| 5 | enhancer | regulatory1 | regulatory\_class1  | “enhancer”  |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 6 | GC\_signal | regulatory1 | regulatory\_class1 | “GC\_signal” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 7 | LTR | mobile\_element1 | rpt\_type1 | “long\_terminal\_repeat” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 8 | misc\_signal | regulatory1 | regulatory\_class1 | “other” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 9 | mutation | variation | note | “mutation” y valor <223> |
| 10 | old\_sequence | misc\_feature | note | “old\_sequence” y valor <223> |
| 11 | polyA\_signal | regulatory1 | regulatory\_class1 | “polyA\_signal\_sequence” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 12 | promoter | regulatory1 | regulatory\_class1 | “promoter” |
| note *si <223> está presente)* | valor <223> |
| 13 | RBS | regulatory1 | regulatory\_class1 | “ribosome\_binding\_site” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 14 | repeat\_unita) cuando no se utiliza “repeat\_region” | misc\_feature | note | “repeat\_unit” y valor <223> |
| repeat\_unita) cuando se utiliza “repeat\_region” | repeat\_region | rpt\_unit\_range | primer residuo…último residuo |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 15 | satellite | repeat\_region | satellite | “satellite” (o “microsatellite” o“minisatellite” – si se admite) |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 16 | scRNA | ncRNA1 | ncRNA\_class1 | “scRNA” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 17 | snRNA | ncRNA1 | ncRNA\_class1 | “snRNA” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 18 | TATA\_signal | regulatory1 | regulatory\_class1 | “TATA\_box” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 19 | terminator | regulatory1 | regulatory\_class1 | “terminator” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 20 | 3’clip | misc\_feature | note | “3’clip” y valor <223> |
| 21 | 5’clip | misc\_feature | note | “5’clip” y valor <223> |
| 22 | -10\_signal | regulatory1 | regulatory\_class1 | “minus\_10\_signal” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |
| 23 | -35\_signal | regulatory1 | regulatory\_class1 | “minus\_35\_signal” |
| note *(si <223> está presente)* | valor <223> |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 24 | NON\_CONS | Esta característica se refiere a toda región que contenga un número desconocido de residuos en una única secuencia, lo que está prohibido tanto en virtud de la Norma ST.25 (párrafo 22) como de la Norma ST.26 (párrafo 37). Por consiguiente, toda región de residuos específicamente definidos contemplada en el párrafo 7 de la Norma ST.26 deberá figurar en la lista de secuencias como una secuencia distinta y tener su propio identificador de secuencia. Para evitar la eventual adición o supresión de materia, cada una de estas secuencias debería anotarse de manera que indicara que forma parte de una secuencia mayor que contiene una región indefinida. |
| SITE | NOTE | Descripción |
| Descripción – que indica dónde y con qué está enlazada la secuencia, por ejemplo, este residuo presenta un enlace N-terminal a un péptido que tiene un N-terminal Gly-Gly y una región de longitud indefinida. |
| 25 | SIMILAR | REGION | NOTE | “SIMILAR” y valor <223> si está presente |
| 26 | THIOETH | CROSSLNK | NOTE | “THIOETH” y valor <223> si está presente |
| Para más información sobre la localización, véase el Anexo I de la Norma ST.26 - Comentario sobre la clave de caracterización «CROSSLNK» |
| 27 | THIOLEST | CROSSLNK | NOTE | “THIOLEST” y valor <223> si está presente |
| Para más información sobre la localización, véase el Anexo I de la Norma ST.26 - Comentario sobre la clave de caracterización «CROSSLNK»  |
| 28 | VARSPLIC | Examinada en la Situación hipotética 13 más adelante |
| 29 | ACETYLATION | MOD\_RES | NOTE | “ACETYLATION” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 30 | AMIDATION | MOD\_RES  | NOTE | “AMIDATION” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 31 | BLOCKED | MOD\_RES  | NOTE | “BLOCKED” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 32 | FORMYLATION | MOD\_RES | NOTE | “FORMYLATION” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 33 | GAMMA-CARBOXYGLUTAMICACIDHYDROXYLATION | MOD\_RES  | NOTE | “GAMMA-CARBOXYLGLUTAMIC ACID HYDROXYLATION” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 34 | METHYLATION | MOD\_RES  | NOTE | “METHYLATION” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 35 | PHOSPHORYLATION | MOD\_RES  | NOTE | “PHOSPHORYLATION” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 36 | PYRROLIDONECARBOXYLIC ACID | MOD\_RES  | NOTE | “PYRROLIDONE CARBOXYLIC ACID” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 37 | SULFATATION | MOD\_RES  | NOTE | “SULFATATION” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “MOD\_RES” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 38 | MYRISTATE | LIPID  | NOTE | “MYRISTATE” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “LIPID” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 39 | PALMITATE | LIPID  | NOTE | “PALMITATE” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “LIPID” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 40 | FARNESYL | LIPID  | NOTE | “FARNESYL” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “LIPID” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 41 | GERANYL-GERANYL | LIPID | NOTE | “GERANYL-GERANYL” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “LIPID” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 42 | GPI-ANCHOR | LIPID | NOTE | “GPI-ANCHOR” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “LIPID” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |
| 43 | N-ACYLDIGLYCERIDE | LIPID  | NOTE | “N-ACYL DIGLYCERIDE” y valor <223> si está presente |
| NOTE | Información exigida por el comentario sobre la clave de caracterización “LIPID” del Anexo I de la Norma ST.26 (ni necesidad de añadir materia) |

### Situación hipotética 9

Algunas claves de caracterización contempladas en la Norma ST.25 y la Norma ST.26, tanto para las secuencias de nucleótidos como de aminoácidos, tienen calificadores obligatorios conformes con la Norma ST.26, como se indica a continuación. Si bien la Norma ST.25 no contempla ningún calificador, prevé un campo <223> para el texto libre. Cuando la información contenida en un campo <223> conforme a la Norma ST.25 es apropiada como valor para el calificador obligatorio con arreglo a la Norma ST.26, entonces la información debería incluirse tal cual figura. Cuando no se ha proporcionado un campo <223> conforme con la Norma ST.25 o este contiene información que no es apropiada como valor para el calificador obligatorio con arreglo a la Norma ST.26, el solicitante deberá tener cuidado de capturar la información contenida en el campo <223> correspondiente a la clave de caracterización de manera que se ajuste a la Norma ST.26 sin tener que añadir o suprimir materia.

Secuencias de nucleótidos[[2]](#footnote-3)

|  |  |
| --- | --- |
| **Clave de caracterización** | **Calificador obligatorio** |
| 5.12 - misc\_binding | 6.3 - bound\_moiety |
| 5.30 - protein\_bind | 6.3 - bound\_moiety |

#### Recomendaciones:

1. Si el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 falta o es inadecuado y en la descripción de la solicitud se divulga el nombre de una molécula o complejo que puede unirse a la localización de característica del ácido nucleico, dicho nombre debería insertarse en el calificador "bound\_moiety".
2. Toda información contenida en el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 cuya inclusión en el calificador obligatorio “bound\_moiety” no sea apropiada debería insertarse en otro calificador apropiado de la clave de caracterización, por ejemplo, “note”.
3. Si el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 falta o es inapropiado y en la descripción de la solicitud no se divulga el nombre de la molécula o complejo que puede unirse a la localización de característica del ácido nucleico, debería utilizarse en su lugar la clave de caracterización “misc\_feature” de la Norma ST.26 con el calificador "note".
4. Si el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 falta, el valor del calificador "note" debería ser el nombre de la clave de caracterización conforme con la Norma ST.25;
5. Si el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 contiene información inapropiada, el valor del calificador "note" debería ser el nombre de la clave de caracterización conforme con la Norma ST.25 y la información contenida en el campo <223>.

Secuencias de aminoácidos2

|  |  |
| --- | --- |
| **Clave de caracterización** | **Calificador obligatorio** |
| 7.2 – BINDING | 8.2 – NOTE |
| 7.4 – CARBOHYD | 8.2 – NOTE |
| 7.10 – DISULFID | 8.2 – NOTE |
| 7.11 – DNA\_BIND | 8.2 – NOTE |
| 7.12 – DOMAIN | 8.2 – NOTE |
| 7.16 – LIPID | 8.2 – NOTE |
| 7.17 – METAL | 8.2 – NOTE |
| 7.18 – MOD\_RES | 8.2 – NOTE |
| 7.23 – NP\_BIND | 8.2 – NOTE |
| 7.29 – SITE | 8.2 – NOTE |
| 7.39 – ZN\_FING | 8.2 – NOTE |

#### Recomendaciones:

1. Si el valor del campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 falta o es inapropiado y la descripción de la solicitud divulga información específica exigida por el calificador obligatorio, dicha información debería incluirse en el calificador obligatorio "NOTE".
2. Toda información contenida en el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 cuya inclusión en el calificador obligatorio “NOTE” no sea apropiada (véanse la definición y el comentario de la clave de caracterización) debería incluirse en un segundo calificador “NOTE”.
3. Si el valor del campo <223> de la Norma ST.25 falta o es inapropiado y la descripción de la solicitud no divulga la información específica exigida en el calificador obligatorio, debería utilizarse en su lugar la clave de caracterización "SITE" (para un aminoácido) o "REGION" (para un grupo de aminoácidos) conforme con la Norma ST.26 con el calificador "NOTE".
4. Si falta el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25, el valor del calificador "NOTE" debería ser el nombre de la clave de caracterización conforme con la Norma ST.25;
5. Si el campo <223> con arreglo a la Norma ST.25 contiene información inapropiada, el valor del calificador "NOTE" debería ser el nombre de la clave de caracterización conforme con la Norma ST.25 y la información contenida en el campo <223>.

### Situación hipotética 10

En virtud de la Norma ST.25, cada clave de caracterización específica contiene un campo <222> para indicar una localización de característica; sin embargo, no se exige una indicación de la localización respecto de la mayoría de las características ni un formato de información de localización normalizado. Además, la Norma ST.25 no prevé operadores de localización, como "join". La Norma ST.26 contempla descriptores de localización y operadores normalizados y cada característica deberá contener al menos un descriptor de localización. (Las caracterizaciones CDS son un caso especial y se examinan más adelante, en la Situación hipotética 11).

#### Recomendaciones:

1. Si la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.25 contiene el campo <222>, la importación directa o al formato de la Norma ST.26 no conlleva la necesidad de añadir materia.
2. Si la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.25 no contiene el campo <222>, pero la información sobre la ubicación figura en la descripción de la solicitud, la importación directa o al formato ST.26 no conlleva la necesidad de añadir materia.
3. Si ni la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.25 ni la descripción de la solicitud contienen información sobre la localización, es de suponer que la característica se aplica a toda la secuencia. (Indicar una localización que sea menor que la secuencia completa sin apoyo en la descripción de la solicitud probablemente constituirá adición o supresión de materia. Al redactar la lista de secuencias y la divulgación de la solicitud originales (con arreglo a la Norma ST.25) deberá tenerse cuidado de incluir la información sobre la localización en la medida de lo posible a fin de evitar problemas en el futuro.

### Situación hipotética 11

En la Norma ST.25, una secuencia codificante que codifica un único polipéptido contiguo pero que está interrumpida por una o más secuencias no codificantes, por ejemplo, intrones, se indica como múltiples caracterizaciones CDS individuales, como se ilustra a continuación:

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(571)

<220>

<221> CDS

<222> (639)..(859)

Por el contrario, la Norma ST.26 prevé un operador de localización “join*”* que indica que los polipéptidos codificados por las localizaciones indicadas se unen para formar un único polipéptido contiguo. (Nota: tanto la Norma ST.25 como la Norma ST.26 exigen que el codón de terminación se incluya en la localización de la caracterización “CDS”).

#### Recomendaciones:

1. Si en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 o la descripción de la solicitud se indica claramente que las secuencias de polipéptidos codificadas por las múltiples caracterizaciones “CDS” individuales forman un único polipéptido contiguo, deberá representarse una secuencia de codificación interrumpida por un intrón en una única caracterización “CDS” con el operador de localización *“*join*”*, como se ilustra a continuación, de manera que no será necesario añadir materia:

<INSDFeature\_key>CDS</INSDFeature\_key>

<INSDFeature\_location>join(1..571,639..859)</INSDFeature\_location>

1. Si la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 o la descripción de la solicitud no indican que las secuencias de polipéptidos codificadas por las dos caracterizaciones CDS distintas forman un único polipéptido contiguo, es probable que el uso del operador de localización “join” constituya adición de materia.

### Situación hipotética 12

La Norma ST.25 establece que los nombres de característica deben figurar en los Cuadros 5 o 6. Sin embargo, la normativa de los Estados Unidos de América recomienda la utilización de dichos nombres, pero no obliga a ella. Por lo tanto, una secuencia que forme parte de una lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 (y cumpla la normativa de los Estados Unidos) podría tener una clave de caracterización “personalizada” que carezca de la correspondiente clave de caracterización conforme con la Norma ST.26. También es posible que no se haya proporcionado ningún nombre de característica para el campo <221> o que el campo <221> falte. Estas situaciones hipotéticas pueden abordarse de manera similar.

#### Recomendación:

La clave de caracterización "custom" de la Norma ST.25 puede representarse en una lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 sin que sea necesario añadir materia, como se indica a continuación:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Tipo | Clave de caracterización <221> conforme con la Norma ST.25  | Posible equivalente en la Norma ST.26  |
| Clave de caracterización | Calificador | Valor del calificador |
| NA | Clave de caracterización “custom” | misc\_feature | note | Nombre de clave de caracterización “custom” y valor<223> si está presente |
| AA | Clave de caracterización “custom” | SITE o REGION | NOTE | Nombre de clave de caracterización “custom” y valor<223> si está presente |

### Situación hipotética 13

La Norma ST.25 prevé la clave de caracterización "VARSPLIC", definida como "descripción de las variantes de la secuencia producidas por un empalme diferencial". En virtud de la Norma ST.26, "VARSPLIC" se ha sustituido por la clave de caracterización más amplia “VAR\_SEQ”, definida como "descripción de las variantes producidas por empalme diferencial, utilización de promotor alternativo, iniciación alternativa y desplazamiento del marco ribosómico”. Por lo tanto, una lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 no debería utilizar "VAR\_SEQ" como sustituto de "VARSPLIC" sin más explicaciones.

#### Recomendación:

En virtud de la Norma ST.26, la clave de caracterización "VAR\_SEQ" debería utilizarse con el calificador "NOTE", cuyo valor debería incluir una explicación de su ámbito de aplicación más limitado en virtud de la norma ST.25, por ejemplo, "variante de la secuencia producida por un empalme diferencial". Toda información adicional contenida en un campo <223> conexo conforme con la Norma ST.25 debería incluirse también en el calificador "NOTE".

### Situación hipotética 14

Si la fuente de una secuencia es artificial, el campo <213> (Organism) conforme con la Norma ST.25 exige el calificador "Artificial Sequence". En virtud de la Norma ST.26, la clave de caracterización "source" o "SOURCE" exige el calificador "organism" u "ORGANISM", cuyo valor deberá indicarse como "synthetic construct" en lugar de "Artificial Sequence".

#### Recomendación:

En virtud de la Norma ST.26, deberá indicarse "synthetic construct" como valor del calificador "organism" u "ORGANISM". Para evitar la posible supresión de materia, toda información explicativa contenida en el campo requerido <223> con arreglo a la Norma ST.25 debería incluirse como un calificador "note" o "NOTE" (de la clave de caracterización "source" o "SOURCE").

### Situación hipotética 15

Si se desconoce el nombre científico del organismo fuente de una secuencia, el campo <213> (“organism”) conforme con la Norma ST.25 requerirá el calificador "Unknown". En virtud de la Norma ST.26, la clave de caracterización "source" o "SOURCE" requerirá el calificador "organism" u "ORGANISM", cuyo valor deberá indicarse como "unidentified" en lugar de "Unknown".

#### Recomendación:

En virtud de la Norma ST.26, deberá indicarse "unidentified” como valor del calificador "organism" u "ORGANISM". A fin de evitar la posible supresión de indicaciones, toda información explicativa contenida en el campo obligatorio <223> conforme con la Norma ST.25 debería incluirse en un calificador "note" o "NOTE" (de la clave de caracterización "source" o "SOURCE").

### Situación hipotética 16

La Norma ST.25 permite que la enumeración de los aminoácidos pueda tener números negativos contados en forma regresiva desde el aminoácido adyacente al número 1 para los aminoácidos que precedan a la proteína madura, por ejemplo, las presecuencias, las prosecuencias y las preprosecuencias, así como las secuencias señal. La Norma ST.26 no permite que la localización de característica contenga números negativos.

#### Recomendaciones:

1. Si la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 contiene una o más características representadas en un campo <221> y un campo <222> conexo que contiene números negativos y/o positivos, por ejemplo, "PROPEP" y/o "CHAIN", en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 debería utilizarse una clave de característica apropiada, por ejemplo, "PROPEP" y/o "CHAIN". Puede utilizarse un calificador "NOTE" con la información que figura en un campo <223>, si existe, como valor del calificador;
2. Si la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 no contiene una o más características representadas en un campo <221> y un campo <222> conexo, sino que la información relativa a los números negativos y/o positivos figura en la descripción de la solicitud, por ejemplo, "PROPEP" y/o "CHAIN", en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 debería utilizarse la clave de caracterización apropiada, por ejemplo, "PROPEP" y/o "CHAIN". Puede utilizarse un calificador "NOTE" con la información que figura en la descripción de la solicitud, si existe, como valor del calificador;
3. Si ni la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.25 ni la descripción de la solicitud contienen información que explique la razón de la numeración negativa y/o positiva, para evitar la posible supresión de materia de la lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 deberá utilizarse la clave de característica "REGION" cuando la localización de característica abarque la región de la secuencia conforme con la Norma ST.25 con numeración negativa. Además, debería utilizarse un calificador "NOTA" para indicar que la secuencia de aminoácidos está numerada negativamente en la lista de secuencias de la solicitud conforme con la Norma ST.25 cuya prioridad se reivindica.

### Situación hipotética 17

La Norma ST.25 prevé la inclusión de información sobre la publicación en los campos <300> a <313>. La Norma ST.26 no prevé la inclusión de dicha información.

#### Recomendación:

En virtud de la Norma ST.25, la información contenida en los campos <300> a <313> debería incluirse en el cuerpo de la solicitud conexo, si no figura ya en él.

### Situación hipotética 18

La Norma ST.25 no prevé un método normalizado para indicar que una región CDS de una secuencia de nucleótidos debe traducirse utilizando una tabla del código genético distinta de la tabla del código genético normalizada. Por el contrario, la Norma ST.26 prevé el calificador "transl\_table", que puede utilizarse con la clave de caracterización CDS para indicar que la región debe traducirse utilizando una tabla del código genético alternativa. Cuando no se utiliza el calificador "transl\_table" se asume la utilización de la tabla del código genético normalizada.

#### Recomendaciones:

1. Si la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.25 o la descripción de la solicitud indican claramente que una región CDS debe traducirse utilizando una tabla del código genético alternativa, deberá utilizarse el calificador "transl\_table" con el número de la tabla del código genético apropiada como valor calificador. Si no se utiliza el calificador "transl\_table", es probable que constituya adición de materia, ya que por defecto se asumiría la tabla de "Standard Code". La omisión en la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.26 de la información sobre la tabla del código genético alternativa referenciada en la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.25 o la descripción de la solicitud probablemente conllevaría la supresión de materia.
2. Si la lista de secuencias con arreglo a la Norma ST.25 o la descripción de la solicitud no indican que una región CDS debe traducirse utilizando una tabla del código genético alternativa, no debería utilizarse el calificador "transl\_table", o debería utilizarse únicamente con el valor calificador "1", es decir, con la tabla de códigos normalizados. La utilización del calificador "transl\_table" con un valor calificador distinto de "1" probablemente conllevaría la supresión o adición de materia.

### Situación hipotética 19

La Norma ST.25 no prevé un método normalizado para indicar la localización de una característica, en particular, una contenida en un sitio o región que se extiende más allá del residuo o de la serie de residuos que se ha especificado, por ejemplo, una región CDS de una secuencia de nucleótidos que se extiende más allá de uno o ambos extremos de una secuencia divulgada. Por el contrario, el descriptor de localización de la característica con arreglo a la Norma ST.26 prevé un método normalizado para indicar la localización de dicho sitio o región utilizando los símbolos "<" o ">". Por ejemplo, la localización de característica "CDS" deberá incluir el codón de terminación, incluso cuando este no esté incluido en la propia secuencia divulgada, por ejemplo, indicando la localización 1..>321.

#### Recomendaciones:

1. Cuando la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 no indica explícitamente que la localización de una característica se extiende más allá de la secuencia, pero dicha localización está fundamentada en la divulgación o se desprende claramente de la propia secuencia, por ejemplo, el codón de terminación de una característica “CDS” que no esté contenido en la secuencia, pueden utilizarse los símbolos "<" o ">" en la lista de secuencias con arreglo a la ST.26 sin necesidad de añadir materia.
2. Cuando la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 no indica explícitamente que la localización de una característica se extiende más allá de la secuencia y dicha localización no esté fundamentada en la divulgación ni se desprenda claramente de la propia secuencia, el cumplimiento de la Norma ST.26 puede no ser posible si no se añade materia. En esta situación, la solicitud de prioridad y la lista de secuencias podrían considerarse incompletas y la descripción de la localización de característica en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 no tendrá prioridad sobre la solicitud anterior. Al redactar la lista de secuencias y la divulgación de la solicitud originales (con arreglo a la Norma ST.25) deberá tenerse cuidado de incluir la información completa sobre las características.

### Situación hipotética 20

El Apéndice I de la Norma ST. 25 exige que, cuando una secuencia de nucleótidos contiene tanto fragmentos de ADN como de ARN, el valor en el campo <212> será "ADN" y la molécula combinada de ADN/ARN deberá describirse con más detalle en la sección de características, en los campos <220> a <223>; sin embargo, la naturaleza exacta de dicha descripción detallada no está clara y este requisito no se sigue de forma rutinaria. El párrafo 55 de la Norma ST.26 exige que cada segmento (la Norma ST.26 utiliza el término "segmento" en lugar de "fragmento" en aras de la coherencia interna) de ADN y ARN de la molécula combinada se describa con la clave de caracterización "misc\_feature", que incluye la localización del segmento, y el calificador "note", que indica si el segmento es ADN o ARN.

#### Recomendaciones:

1. Si en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 se describen los segmentos de ADN y ARN mediante una o más características utilizando la variable “misc\_feature” en el campo <221>, las localizaciones apropiadas en el campo <222> y las indicaciones que identifican qué segmentos son ADN o ARN en el campo <223>, la adaptación de esa información al formato de la Norma ST.26 utilizando “misc\_feature” para cada segmento de ADN y de ARN no debería conllevar la necesidad de añadir materia.
2. Si en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 se describen los segmentos de ADN y ARN mediante una o más características utilizando una clave de caracterización distinta de “misc\_feature” en el campo <221>, las localizaciones apropiadas en el campo <222> y las indicaciones que identifican qué segmentos son ADN o ARN en el campo <223>, la adaptación de esa información al formato de la Norma ST.26 utilizando la función “misc\_feature” para cada segmento de ADN y ARN y un calificador "note" adicional con la clave de caracterización original en el campo <221> no debería conllevar la necesidad de añadir materia.
3. Si la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 prevé que la identidad (ADN o ARN) y la localización de cada segmento se incluya en un campo <223> que no esté asociado a los campos <221> y <222>, por ejemplo, para representar una secuencia artificial, la adaptación de esa información al formato de la Norma ST.26 utilizando la función “misc\_feature” para cada segmento de ADN y ARN no debería conllevar la necesidad de añadir materia.
4. Si la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 describe la molécula en el cuadro de características utilizando “misc\_feature” en los campos <221> y <223> para indicar que la molécula es una molécula combinada de ADN/ARN, pero no proporciona información sobre la localización de cada segmento, y
5. si en la descripción figuran las localizaciones de cada segmento de ADN y ARN, la adaptación de dicha información al formato de la Norma ST.26 utilizando “misc\_feature” para cada segmento de ADN y ARN no debería conllevar la necesidad de añadir materia.
6. Si en la descripción no figura la información sobre la localización de cada segmento de ADN y ARN, quizás no sea posible cumplir con las disposiciones de la Norma ST.26 sin añadir materia. En este caso, la solicitud de prioridad y la lista de secuencias podrían considerarse incompletas y las descripciones de localización de características contenidas en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 no tendrán prioridad sobre la solicitud anterior. Al redactar la lista de secuencias y la divulgación de la solicitud originales (con arreglo a la Norma ST.25) deberá tenerse cuidado de incluir la información completa sobre las características.
7. Si la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 describe una molécula utilizando una clave de caracterización distinta de “misc\_feature” en el campo <221> e indicando que dicha molécula es una molécula combinada de ADN/ARN en el campo <223>, pero no proporciona información sobre la localización de cada segmento, y
8. si en la descripción se indica la localización de cada segmento de ADN y ARN, la adaptación de dicha información al formato de la Norma ST.26 utilizando una variable “misc\_feature” para cada segmento de ADN y ARN y un calificador "note" adicional con la clave de caracterización original como valor en el campo <221>, ello no debería conllevar la necesidad de añadir materia;
9. si la descripción no contiene la información sobre la localización de cada segmento de ADN y ARN, quizás no sea posible cumplir los requisitos de la Norma ST.26 sin añadir materia. En esta situación, la solicitud de prioridad y la lista de secuencias podrían considerarse incompletas y las descripciones de localización de las características mencionadas en la lista de secuencias conformes con la Norma ST.26 no tendrán prioridad sobre la solicitud anterior. Al redactar la lista de secuencias y la divulgación de la solicitud originales (con arreglo a la Norma ST.25) deberá tenerse cuidado de incluir la información completa sobre las características.
10. Si en la lista de secuencias conforme con la Norma ST.25 se indica que la molécula es una molécula combinada de ADN/ARN en un campo <223>, por ejemplo, para representar una secuencia artificial, pero no se proporciona ninguna clave de caracterización ni información sobre la localización de cada segmento, y
11. si en la descripción se indican las localizaciones de cada segmento de ADN y ARN, la incorporación de dicha información al formato de la Norma ST.26 utilizando “misc\_feature” para cada segmento de ADN y ARN no debería conllevar la necesidad de añadir materia;
12. Si la descripción no contiene información sobre la localización de cada segmento de ADN y ARN, quizás no sea posible cumplir los requisitos de la Norma ST.26 sin añadir materia. En este caso, la solicitud de prioridad y la lista de secuencias podrían considerarse incompletas y las descripciones de localización sobre las características de la lista de secuencias conforme con la Norma ST.26 no tendrán prioridad sobre la solicitud anterior. Al redactar la lista de secuencias y la divulgación de la solicitud originales (con arreglo a la Norma ST.25) deberá tenerse cuidado de incluir la información completa sobre las características.

[Fin del Anexo VII y del documento]

1. La Norma ST.26 puede exigir que una característica específica de la Norma ST.25, por ejemplo, “TATA\_signal”, sea sustituida por una clave de caracterización, un calificador o un valor más amplios, por ejemplo, “regulatory”, “regulatory\_class” o “TATA\_box”. En tal caso, la característica conforme con la Norma ST.25 más restrictiva tendrá prioridad sobre la solicitud anterior. No obstante, no se dará prioridad sobre la solicitud anterior a todo el alcance de la clave de caracterización o el calificador conforme con la Norma ST.26, por ejemplo, “regulatory” o “regulatory\_class”. [↑](#footnote-ref-2)
2. Las referencias numéricas de la tabla siguiente remiten a los números de las claves de caracterización y los calificadores que figuran en el Anexo I de la Norma ST.26 - Vocabulario controlado. [↑](#footnote-ref-3)