



WIPO Sequence Version 2.3.0

Benutzerhandbuch

Zweck dieses Dokuments ist es, den Benutzern eine Anleitung zur Durchführung grundlegender Vorgänge mit der Desktop-Anwendung WIPO Sequence zur Verfügung zu stellen. Normalerweise handelt es sich bei den Benutzern um einen Patentanmelder oder dessen Vertreter, der eine Patentanmeldung samt einem Sequenzprotokoll einreichen möchte.

WIPO SEQUENCE Version 2.3.0

BENUTZERHANDBUCH

Inhaltsverzeichnis

| | | |
|----------|--------------------------------------|-----------|
| 1 | EINFÜHRUNG | 5 |
| | ÜBERBLICK | 5 |
| | SYSTEMANFORDERUNGEN | 5 |
| | Installation | 7 |
| | Deinstallation | 8 |
| | Automatischer Aktualisierungsprozess | 9 |
| 2 | TOOL-FUNKTIONEN | 10 |
| 3 | TOOL-ÜBERSICHT | 14 |
| | TOOL-HAUPTELEMENTE | 14 |
| | Ansicht 15 | |
| | Abschnitte | 15 |
| | Overlay 15 | |
| | Tabellen | 16 |
| | Bedienfeldansichten | 17 |
| | Bearbeitungsbedienfeld | 17 |
| | Datumsauswahl | 18 |
| | PDF-Reader | 19 |
| | Tastaturnavigation | 19 |
| | PROJEKTE-STARTANSICHT | 21 |
| | PROJEKTSEITE | 22 |
| | PROJEKTDDETAILS | 24 |

| | |
|---|-----------|
| Basisinformationen | 24 |
| HILFE 25 | |
| EINSTELLUNGEN | 26 |
| 4 TOOL-FUNKTIONEN | 27 |
| PROJEKTE-STARTANSICHT | 27 |
| Projekt erstellen | 27 |
| Projekt importieren | 28 |
| Sequenzprotokoll importieren | 31 |
| Sequenzprotokoll validieren | 35 |
| Projekt löschen | 38 |
| PERSONEN & ORGANISATIONEN | 39 |
| Person oder Organisation erstellen | 39 |
| BENUTZERDEFINIERTER ORGANISMEN | 40 |
| Benutzerdefinierten Organismus erstellen | 40 |
| Benutzerdefinierte Organismen exportieren | 41 |
| Benutzerdefinierte Organismen importieren | 42 |
| SYSTEMEINSTELLUNGEN | 44 |
| PROJEKTDDETAILS | 47 |
| Projekt drucken | 47 |
| Projekt exportieren | 48 |
| Informationen aus einem anderen Projekt importieren | 49 |
| Projekt validieren | 51 |
| Sequenzprotokoll generieren | 54 |
| Allgemeine Informationen | 55 |
| Sequenzen | 60 |
| IMPORTBERICHT | 92 |
| Importbericht-Tabelle | 93 |

| | |
|--------------------------------------|-----------|
| Tabelle der geänderten Daten | 94 |
| ANZEIGE DES SEQUENZPROTOKOLLS | 95 |
| 5 DATEIFORMATE | 99 |
| ST.25 | 99 |
| MULTI-SEQUENCE | 99 |
| RAW | 99 |
| FASTA 100 | |
| FASTA-DATEI MIT EINER SEQUENZ | 100 |

1 EINFÜHRUNG

ÜBERBLICK

WIPO Sequence ist ein Desktop-Tool, mit dem ein Benutzer:

- (i) ein Sequenzprotokoll im XML-Format, das dem WIPO-Standard ST.26 entspricht, erstellen/bearbeiten kann**
- (ii) die Übereinstimmung eines Sequenzprotokolls im XML-Format mit den Anforderungen des WIPO-Standards ST.26 überprüfen kann.**

Den WIPO-Standard ST.26 finden Sie unter:

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

Dieses Dokument beschreibt, wie Sie WIPO Sequence als Anmelder oder als Vertreter eines Anmelders nutzen können. Eine Liste der Funktionen des Tools finden Sie in Abschnitt 2 dieses Dokuments.

SYSTEMANFORDERUNGEN

Das WIPO Sequence-Tool wurde für die Unterstützung der folgenden Betriebssysteme entwickelt:

- Windows 10 Version 1803 (32- und 64-Bit-Versionen)
- Linux: Ubuntu Version 18.04 und CentOS 7 Version 1804
- MacOS Version 10.13 (64-Bit-Version)

Neben den oben genannten Versionen unterstützt es auch die folgenden Betriebssysteme:

- Windows 7 und höher (sowohl 32 Bit als auch 64 Bit)
- Ubuntu Version 12.04 und neuer
- MacOS Version 10.9 (64-Bit-Version)

Für das WIPO Sequence-Tool sind die folgenden Hardware-Mindestspezifikationen erforderlich:

- CPU: 1,6 GHz
- RAM: 4 GB
- Freier Festplattenspeicher: 1 GB (eine zusätzliche Festplatte kann für die Speicherung der Sequenzprotokollinformationen erforderlich sein)

- **Bildschirmauflösung: 1366x768**

Installation

Windows

WIPO Sequence bietet eine einzige Installationsdatei sowohl für 32- als auch für 64-Bit-Versionen von Windows. Der Benutzer sollte dem im Installationsassistenten gezeigten Prozess folgen.

Wir müssen darauf hinweisen, dass bei Verwendung der 32-Bit-Version Leistungsprobleme auftreten werden oder das Tool nicht einwandfrei funktionieren wird.

Die Datenbankdateien, die zum Speichern der Projektinformationen zusammen mit dem Protokoll des Tools verwendet werden, werden an folgendem Ort gespeichert:

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

Wenn die Anwendung aktualisiert oder deinstalliert wird, werden diese Dateien nicht entfernt, so dass die Projektdaten bei einer Neuinstallation der Anwendung erhalten bleiben.

Linux

WIPO Sequence wird als "AppImage"-Datei (<https://appimage.org/>) bereitgestellt, die auf den meisten Linux-Distributionen, einschließlich CentOS und Ubuntu, ausgeführt wird. Die Datei kann durch einen Doppelklick oder über die Befehlszeile ausgeführt werden.

Zunächst wird der Benutzer mit einer Nachricht aufgefordert, auszuwählen, ob eine Verknüpfung auf dem Desktop erstellt werden soll.

OSX

WIPO Sequence stellt eine "dmg"-Datei für die Installation der Anwendung auf einem MacOS 64-Bit-Betriebssystem zur Verfügung. Zur Installation sollte der Benutzer auf die Datei doppelklicken und dem Assistenten folgen.

Die Datenbankdateien, die zum Speichern der Projektinformationen zusammen mit dem Protokoll des Tools verwendet werden, werden an folgendem Ort gespeichert:

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

Wenn die Anwendung aktualisiert oder deinstalliert wird, werden diese Dateien nicht entfernt, so dass die Projektdaten bei einer Neuinstallation der Anwendung erhalten bleiben.

Stille Installation (Silent-Installation)

WIPO Sequence unterstützt eine stille Installation durch Verwendung der folgenden Flags bei der Installation (mit der Datei ".exe installer"):

- `/S`: zum Starten einer stillen Installation
- `/allusers`: installiert das Tool, so dass es für alle Windows-Nutzer auf dem Desktop-Computer verfügbar ist (dies muss gestartet werden, wenn Sie als ein "admin user" angemeldet sind).

Deinstallation

Windows

WIPO Sequence verfügt über einen Deinstallationsassistenten, der in Windows unter der Option "Programme hinzufügen oder entfernen" gestartet werden kann.

Um die Protokolldateien und die zum Speichern der Projektinformationen verwendeten Dateien vollständig zu entfernen, muss der folgende Ordner gelöscht werden:

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

Linux

Durch das Entfernen der Linux "Applmage"-Datei wird die Anwendung vom Computer deinstalliert. Zusätzlich kann der Menüeintrag entfernt werden, indem die Desktop-Datei vom folgenden Speicherort gelöscht wird:

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

Um die Protokolldateien und die zum Speichern der Projektinformationen verwendeten Dateien vollständig zu entfernen, muss der folgende Ordner gelöscht werden:

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

OSX

Die Anwendung kann vom Finder auf OSX unter dem Abschnitt 'Programme' deinstalliert werden.

Um die Protokolldateien und die zum Speichern der Projektinformationen verwendeten Dateien vollständig zu entfernen, muss der folgende Ordner gelöscht werden:

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

Automatischer Aktualisierungsprozess

Nach dem Start von WIPO Sequence sucht das Tool nach verfügbaren Aktualisierungen und wird eine gefunden, wird der Benutzer aufgefordert, auf die neuere stabile Version zu aktualisieren.

Es wird empfohlen, die Aktualisierung nicht zu überspringen, um sicherzustellen, dass die verwendete Version der neuesten Version von ST.26 entspricht.

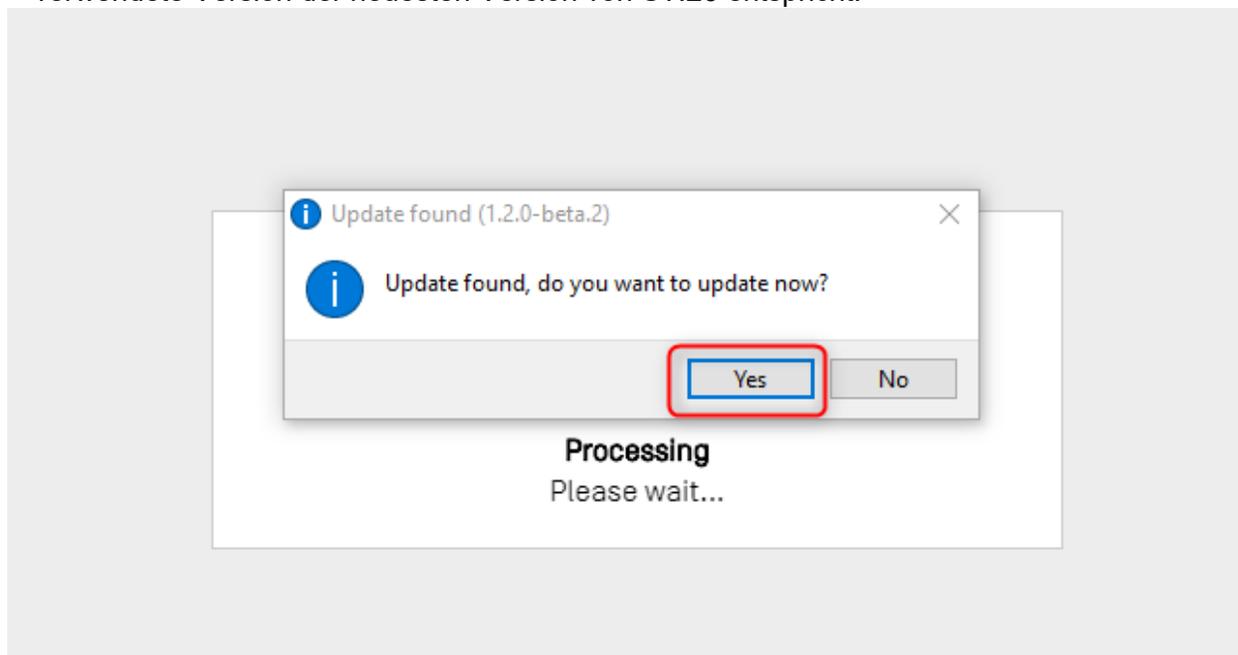


Abbildung 1: Pop-up für die automatische Aktualisierung

Hinweis:

Um die automatische Aktualisierung zu aktivieren, muss der Computer mit dem Internet verbunden sein und das Tool muss über Berechtigungen verfügen, um über HTTP auf die WIPO-Webseite zuzugreifen. Bitte beachten Sie, dass vom Benutzer keine Informationen an den WIPO-Aktualisierungsserver gesendet werden.

Der Benutzer sollte ein wenig Geduld haben, bis die neue Version heruntergeladen und installiert ist und seinen Fokus weiter auf die Anwendung richten.

2 TOOL-FUNKTIONEN

In diesem Abschnitt werden alle vom Tool implementierten Funktionen in der aktuellen Version des Tools beschrieben:

| Kategorie | Funktionen |
|-----------|--|
| Projekte | Erstellen eines Projekts, in dem Daten zu einem Sequenzprotokoll gespeichert sind |
| Projekte | Generieren eines Sequenzprotokolls |
| Projekte | Bearbeiten der Attribute eines Projekts |
| Projekte | Exportieren von Freitext-Qualifiern zum Zweck der Translation im XLIFF-Format |
| Projekte | Exportieren aller in einem Projekt gespeicherten Daten, damit diese später in dieselbe oder eine andere Instanz des Systems importiert werden können (außer Projekt-Metadaten) |
| Projekte | Anzeigen/exportieren des generierten Sequenzprotokolls in einem visuell lesbaren Format (.html und .txt) |
| Projekte | Importieren aller in einer Projektdatei (.zip) gespeicherten Daten in ein neu erstelltes Projekt |
| Projekte | Importieren von Daten aus einer ST.25-Sequenzprotokolldatei in ein neu erstelltes Projekt |
| Projekte | Importieren von Daten aus einer ST.26-Sequenzprotokolldatei in ein neu erstelltes Projekt |
| Projekte | Importieren von Daten aus einer FASTA-Sequenz in ein vorhandenes Projekt |
| Projekte | Importieren von Sequenzdaten aus einer Datei im "Multi-Sequence"-Format |
| Projekte | Importieren der Daten aus einem anderen Projekt (Ausgangsprojekt) in das aktuelle Projekt (Zielprojekt) |
| Projekte | Drucken von Daten aus dem Projekt |

| | |
|--------------------------|---|
| Projekte | Drucken von Daten aus dem generierten ST.26-Sequenzprotokoll |
| Projekte | Aufzeichnen von Daten, die beim Import geändert wurden, in einem Bericht, der die Originaldaten und die neuen geänderten Daten angibt |
| Projekte | Prüfen einer ST.26-Sequenzprotokolldatei und Auflisten der Probleme in einem Prüfbericht mit Warn- und Fehlermeldungen |
| Projekte | Prüfen der in einem Projekt gespeicherten Daten und Auflisten der Probleme in einem Prüfbericht mit Warn- und Fehlermeldungen |
| Projekte | Löschen eines Projekts |
| Allgemeine Informationen | Hinzufügen einer Bezeichnung einer Erfindung und des entsprechenden Sprachcodes zu einem Projekt |
| Allgemeine Informationen | Hinzufügen von Anmeldungsinformationen (vorliegende oder frühere Anmeldung) zu einem Projekt |
| Allgemeine Informationen | Hinzufügen von Anmelder- oder Erfinderinformationen zu einem Projekt |
| Sequenzen | Hinzufügen eines Source-Merkmals und seiner obligatorischen Qualifier zu einer Sequenz |
| Sequenzen | Hinzufügen von Merkmalinformationen zu einer Sequenz |
| Sequenzen | Hinzufügen eines Qualifiers zu einem Merkmal |
| Sequenzen | Erstellen einer Sequenz in einem Projekt |
| Sequenzen | Mengenbearbeitung oder Hinzufügen von Merkmalen zu einem Bereich von Sequenzen |
| Sequenzen | Massenüberspringen einer Reihe von Sequenzen |
| Sequenzen | Massenlöschung eines Bereichs von Sequenzen |
| Sequenzen | Erstellen und/oder Einfügen einer Sequenz an einer anderen Position im Sequenzprotokoll |
| Sequenzen | Importieren einer Sequenz in ein vorhandenes Projekt |

| | |
|-------------------------------|---|
| Sequenzen | Löschen einer Sequenz |
| Sequenzen | Automatisches Erstellen eines Translations-Qualifiers und wahlweise seiner zugehörigen Aminosäuresequenz, identifiziert durch "protein_id" für ein ausgewähltes CDS-Merkmal |
| Sequenzen | Bearbeiten der Qualifier-Daten |
| Sequenzen | Bearbeiten der Sequenzdaten |
| Sequenzen | Bearbeiten der Daten des Merkmalschlüssels |
| Sequenzen | Angaben von Lageinformation für ein ausgewähltes Merkmal |
| Sequenzen | Überprüfen, dass die Reste keine ungültigen Symbole enthalten |
| Sequenzen | Das Molekülattribut einer Aminosäuresequenz auf einen der vordefinierten Werte setzen |
| Sequenzen | Translatieren einer Nukleinsäuresequenz gemäß einer spezifizierten Nummer der genetischen Codetabelle (standardmäßig Genetischer Code 1) |
| Sequenzen | Importieren von Ausgang-Ziel-Paaren für Freitext-Qualifier im XLIFF-Format zum Zweck der Bereitstellung von Translationen in einem Projekt |
| Sequenzen | Mengenbearbeitung von Sequenzannotationen einschließlich dem Qualifier "mol_type" |
| Sequenzen | Massenlöschung eines Bereichs von Sequenzen durch Mengenbearbeitung |
| Sequenzen | Neuordnen der Sequenzen im Sequenzprotokoll |
| Benutzerdefinierte Organismen | Hinzufügen neuer Organismenamen zur Liste der in diesem System gespeicherten Organismenamen |
| Benutzerdefinierte Organismen | Exportieren der Liste der benutzerdefinierten Organismenamen in eine Textdatei, die später in eine andere Instanz von WIPO Sequence importiert werden kann |

| | |
|-------------------------------|--|
| Benutzerdefinierte Organismen | Importieren einer Liste von benutzerdefinierten Organismen aus einer XLIFF-Datei in ein vorhandenes Projekt |
| Person/Organisation | Speichern von Informationen über einen Anmelder oder Erfinder speichern (z.B. Name, den entsprechenden Sprachcode und dessen Übersetzung oder Transliteration in lateinische Schriftzeichen (falls zutreffend), Adresse usw.) im System, damit diese später in verschiedenen Projekten verwendet werden können |
| Person/Organisation | Anlegen eines neuen Personen- oder Organisationsnamens |
| Systemeinstellung | Anpassen bestimmter Tool-Einstellungen, die sich auf alle von dieser Instanz generierten Projekte auswirken |

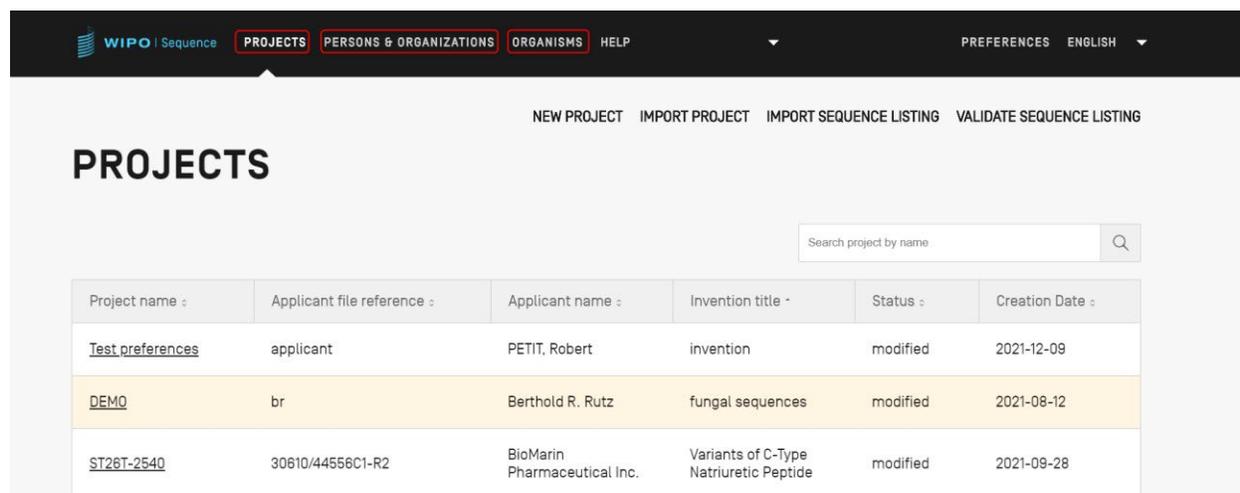
3 TOOL-ÜBERSICHT

TOOL-HAUPTELEMENTE

In diesem Abschnitt werden die Hauptelemente des Tools ausführlich beschrieben, um den Benutzer mit den gebräuchlichsten Komponenten innerhalb des Desktop-Tools vertraut zu machen.

Die Startseite ist der Ausgangspunkt für Ansichten innerhalb des Tools. Es gibt zwei übergeordnete Seiten, welche Ansichten umfassen:

- Hauptseite
 - Projekte-Startansicht
 - Ansicht Personen und Organisationen
 - Ansicht Benutzerdefinierte Organismen
 - Ansicht Voreinstellungen
- Projektseite (über die Ansicht Projekte zugänglich)
 - Ansicht Projektdetails
 - Ansicht Prüfbericht
 - Ansicht Sprachabhängige Qualifier
 - Ansicht Importbericht
 - Ansicht Anzeige des Sequenzprotokolls



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

Abbildung 2: Projekte-Startansicht

Ansicht

Die verschiedenen Anzeigen von Informationen, die auf derselben Seite zu sehen sind, werden als Ansichten bezeichnet.

Abschnitte

Einige Ansichten können Abschnitte aufweisen. Abschnitte bieten eine praktische Möglichkeit, verschiedene Teile einer größeren Ansicht aufzugliedern.

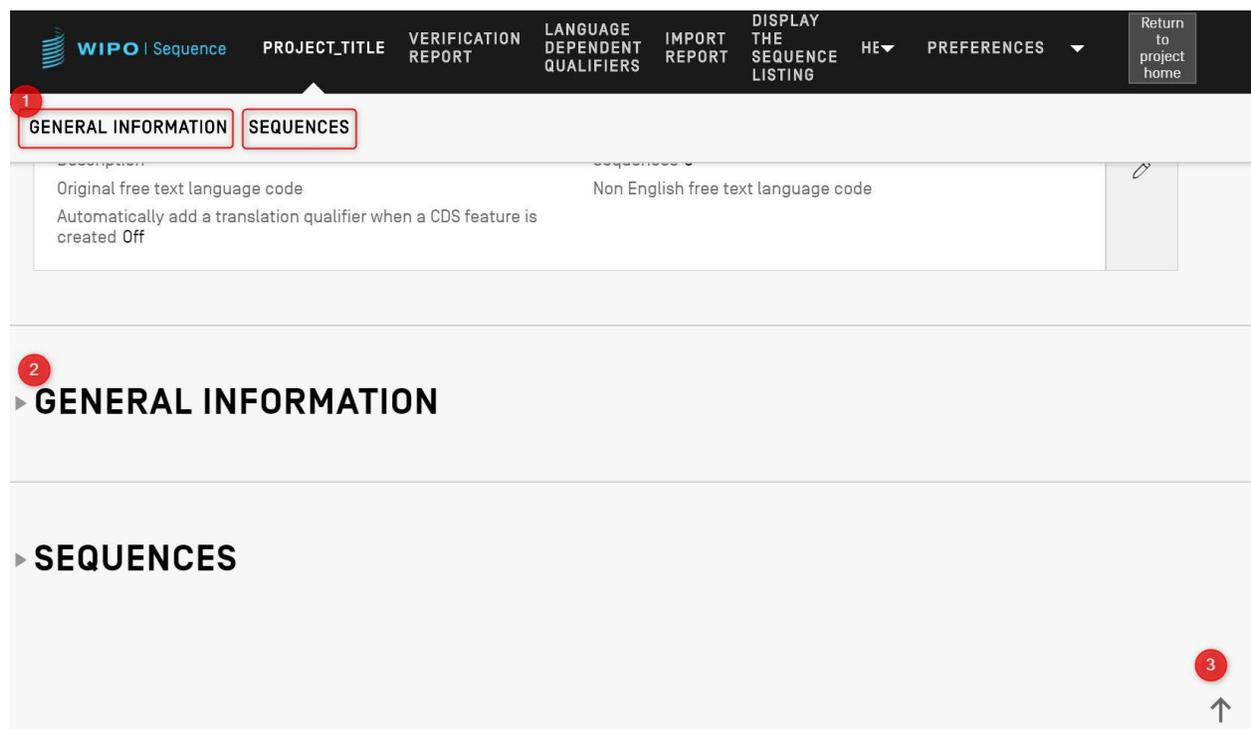


Abbildung 3: Ansicht Projektdetails

In der Ansicht Projektdetails (siehe Abbildung 2) sind zwei ausklappbare Abschnitte zu finden: "General Information" (Allgemeine Informationen) und "Sequences" (Sequenzen). Oben in der Ansicht Projektdetails lassen sich über zwei Links die entsprechenden Abschnitte öffnen (1); jeder Abschnitt kann zur einfacheren Navigation eingeklappt werden (durch Klicken auf das kleine Dreieck auf der linken Seite) (2); durch Klicken auf das Pfeilsymbol kann zum Anfang der Ansicht Projektdetails gescrollt werden (3).

Overlay

Wenn ein Bedienfeld ausgefüllt oder geändert werden muss, erscheint in manchen Fällen ein

Overlay über der aktuellen Ansicht, das den Hintergrund grau hinterlegt, wie im folgenden Beispiel in Abbildung 4 dargestellt.

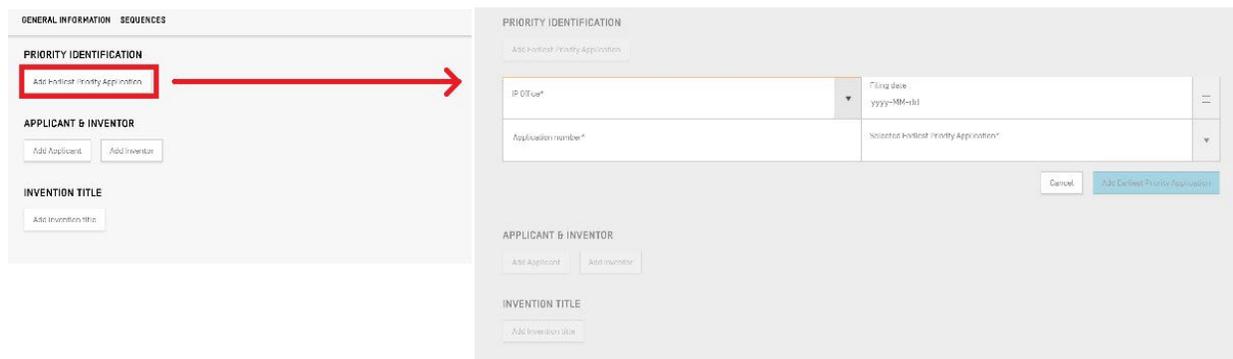


Abbildung 4: Overlay

Ist das Overlay sichtbar, sind alle unter dem Overlay befindlichen Elemente funktionslos, und nur die hervorgehobenen Elemente können geändert werden.

Tabellen

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

Abbildung 5: Beispiel einer Tabelle

Das Beispiel einer Tabelle ist in Abbildung 5 zu sehen. Ist die Suchfunktion für die Tabelle aktiviert, kann der Benutzer einige Suchdaten eingeben und auf das Suchsymbol rechts neben dem Sucheingabefeld klicken (1). Um zur vollständigen Liste der Elemente innerhalb der Tabelle zurückzukehren, muss das Sucheingabefeld gelöscht und auf das Suchsymbol geklickt werden (1).

Falls nicht alle Einträge auf einer Seite Platz haben, kann der Benutzer durch die einzelnen, Zeilen enthaltende Seiten in einer Tabelle navigieren, indem er auf die Schaltflächen unter der Tabelle klickt (2). Ein Eintrag innerhalb einer Tabelle kann durch Klicken auf das Papierkorbsymbol rechts neben der entsprechenden Zeile gelöscht werden (3). Um die Ansicht zur Bearbeitung eines Eintrags in einer Tabelle zu öffnen, muss der Benutzer auf den unterstrichenen Eintrag in der Zeile klicken (Unterstrichenes ist anklickbar) (4).

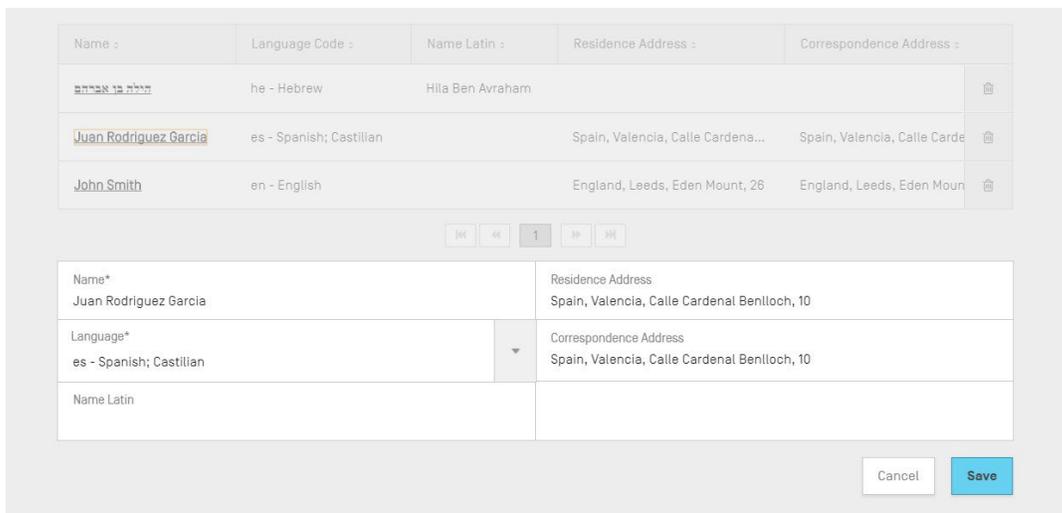


Abbildung 6: Tabelle bearbeiten

Sobald dieser Eintrag ausgewählt wurde, erscheint ein Overlay über dem Bildschirm und ein bearbeitbares Feld öffnet sich unterhalb der Tabelle.

Bedienfeldansichten

Bedienfeldansichten zeigen eine Gruppe von Daten an. Die Elemente in einer Bedienfeldansicht können über mehrere Spalten verteilt sein. Jedes Element hat ein Label und einen (optionalen) Wert.

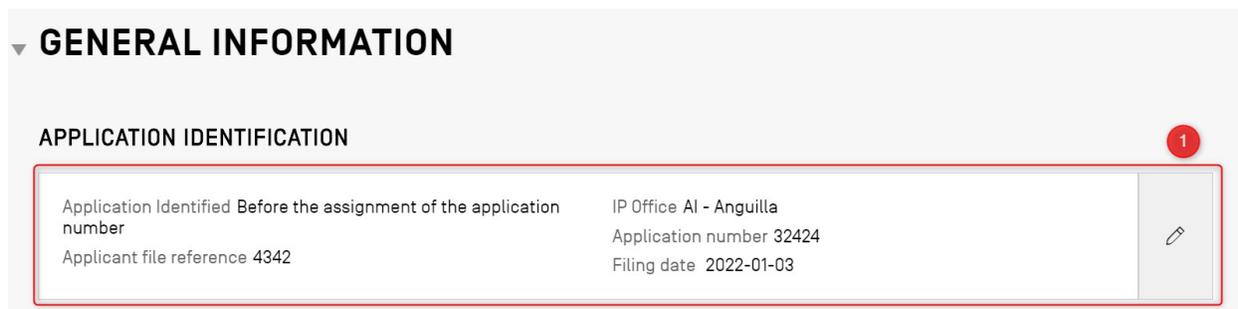


Abbildung 7: Beispiel einer Bedienfeldansicht

Wie in Abbildung 7 dargestellt, wird in der Bedienfeldansicht durch Klicken auf das Stiftsymbol (1) diese durch ein Bearbeitungsbedienfeld ersetzt.

Bearbeitungsbedienfeld

Nach dem Öffnen eines Bearbeitungsbedienfelds werden dem Benutzer die Felder angezeigt, die geändert werden können. Hat der Benutzer die Bearbeitung der Datenelemente abgeschlossen,

kann er die vorgenommenen Änderungen entweder speichern oder verwerfen, indem er auf die Schaltflächen "Save" (Speichern) (1) bzw. "Cancel" (Abbrechen) (2) klickt (siehe Abbildung 8).

Hinweis:

Felder, die nur zur Anzeige dienen und nicht geändert werden können, sind grau hinterlegt.

▼ GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

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

Cancel (2) Save (1)

Abbildung 8: Bedienfeld bearbeiten

Datumsauswahl

Zur Eingabe eines Datums ist die Datumsauswahl-Schnittstelle zu verwenden. Durch Klicken auf das Kalendersymbol (1) wird die Datumsauswahlanzeige (2) geöffnet, wie in Abbildung 9 dargestellt.

Year: 2019, Month: Feb

Calendar grid showing dates from 27 to 02. The 22nd is highlighted in grey, and the 26th is underlined in black.

Filing date: 2019-02-22 (3)

Calendar icon (1)

Abbildung 9: Datumsauswahl

Das ausgewählte Datum ist grau hinterlegt (22.) und das Tagesdatum ist schwarz unterstrichen (26.). Als erster Tag der Woche gilt der Sonntag.

Als Alternative kann der Benutzer auch einfach das gewünschte Datum im entsprechenden

Format eingeben ("JJJJ-MM-TT") (3).

PDF-Reader

Beim Drucken eines Prüfberichts für ein bestimmtes Sequenzprotokoll, eines Importberichts oder von Projektinformationen wird eine PDF-Datei erzeugt und in einem PDF-Reader geöffnet. Um die Datei herunterzuladen und zu speichern, muss der Benutzer auf das Download-Symbol oben rechts im Viewer klicken (1) (siehe Abbildung 10).



Abbildung 10: PDF-Viewer

Tastaturnavigation

WIPO Sequence unterstützt die grundlegende Tastaturnavigation. Mit der "TAB"-Taste navigieren Sie zwischen den Einträgen und mit der "SPACE"-Taste wählen Sie Kontrollkästchen und Optionsfelder aus.

Der Eingabefokus der Navigation ist in Abbildung 11 sichtbar:

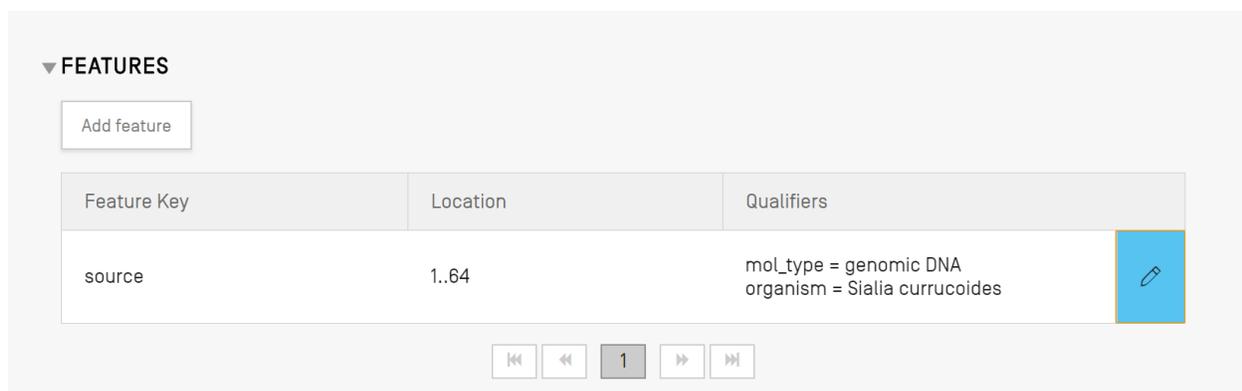
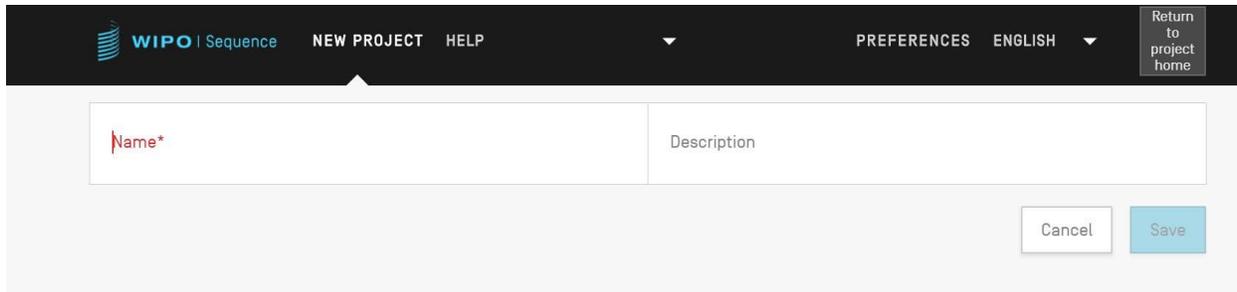


Abbildung 11: Fokus auf Schaltfläche Merkmal bearbeiten

Setzen Sie außerdem den Cursor und den Eingabefokus auf das Eingabefeld oben links.

Wenn Sie z.B. ein neues Projekt erstellen, so gibt es nur ein Pflichtfeld: der Name. Cursor und Fokus sind bereits auf das Feld des Projektnamens ("Name") gesetzt (siehe Abbildung 12 unten):



The screenshot shows the 'NEW PROJECT' form in the WIPO Sequence application. The top navigation bar includes the WIPO logo, 'Sequence', 'NEW PROJECT', 'HELP', 'PREFERENCES', 'ENGLISH', and a 'Return to project home' button. The form consists of two input fields: 'Name*' (required) and 'Description'. The 'Name*' field is currently selected, with a red border and a cursor. Below the fields are 'Cancel' and 'Save' buttons.

Abbildung 12: Cursor-Fokus auf das Pflichtfeld

PROJEKTE-STARTANSICHT

Die Projekte-Startansicht des Tools besteht aus 3 Hauptansichten:

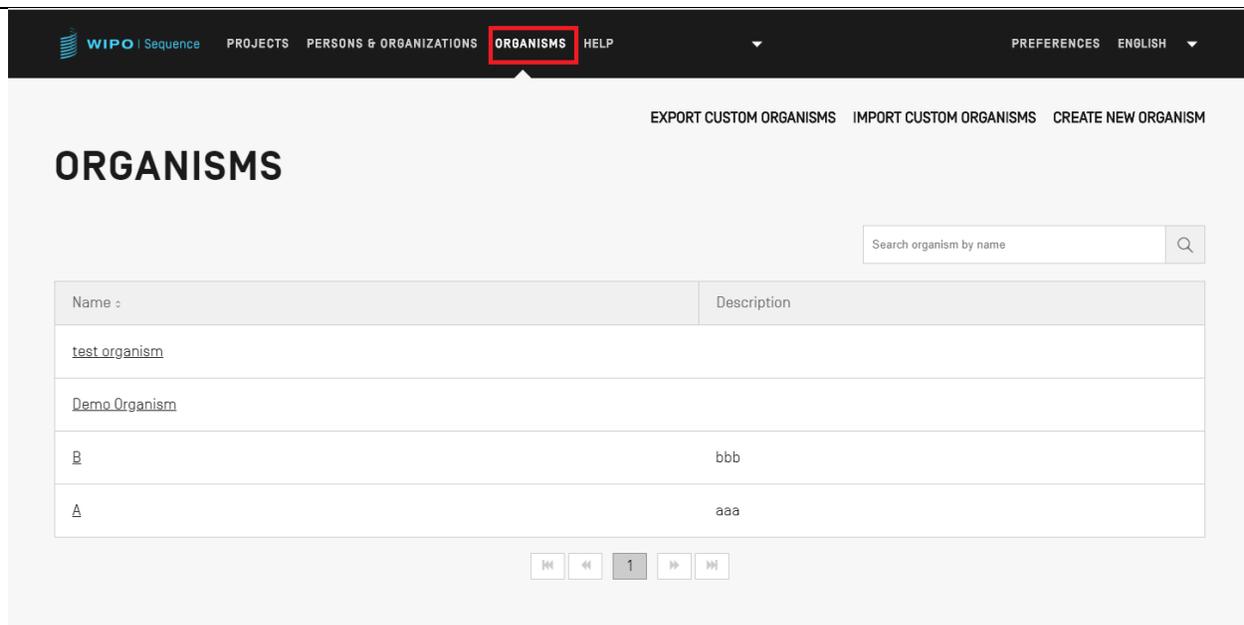
Die **Ansicht Projekte** (Abbildung 13), die Ansicht **Personen und Organisationen** (Abbildung 14) und die **Ansicht Organismen** (Abbildung 15). In der oberen rechten Ecke befinden sich auch die Einstellungen (siehe Abbildung 19), die für alle Projekte gelten.

| Project name : | Applicant file reference : | Applicant name : | Invention title : | Status : | Creation Date : |
|-------------------------------|----------------------------|---------------------|--|----------|-----------------|
| cds_feature | 15123-W0-PCT[2] | Novozymes A/S | Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same | modified | 2021-09-07 |
| 160K_500_SEQ | 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 |
| 160K_100_SEQS | A400: 66076 | University of Tokyo | aaaaaaaaa | modified | 2021-09-06 |
| cds_feature | 15123-W0-PCT[2] | Novozymes A/S | Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same | invalid | 2021-09-02 |
| cdsFeatures | 15123-W0-PCT[2] | Novozymes A/S | Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same | modified | 2021-09-01 |

Abbildung 13: Projekte-Startansicht

| Name : | Language Code : | Name Latin : | Residence Address : | Correspondence Address : |
|------------|-----------------|--------------|---------------------|--------------------------|
| Джо. Смит | | | | |
| Джейн. Эйр | | | | |
| Влад | ru - Russian | test name | | |

Abbildung 14: Ansicht Personen und Organisationen



WIPO | Sequence PROJECTS PERSONS & ORGANIZATIONS **ORGANISMS** HELP PREFERENCES ENGLISH

EXPORT CUSTOM ORGANISMS IMPORT CUSTOM ORGANISMS CREATE NEW ORGANISM

ORGANISMS

Search organism by name

| Name | Description |
|---------------|-------------|
| test organism | |
| Demo Organism | |
| B | bbb |
| A | aaa |

« 1 »

Abbildung 15: Ansicht Organismen

PROJEKTSEITE

Die Projektseite umfasst sechs Ansichten, mit denen Sie zwischen verschiedenen Teilen des Arbeitsablaufs navigieren können (siehe Abbildung 16):

1. Ansicht Projektdetails (1) (gekennzeichnet durch den Namen des Projekts, hier als "Projekt" angezeigt): Hauptansicht, die alle Projektdaten enthält.
2. Ansicht Prüfbericht (2): Hier kann auf den Prüfbericht zugegriffen werden.
3. Ansicht Sprachabhängige Qualifier (3): Hier können auf sprachabhängige Freitext-Qualifier zugegriffen und diese exportiert/importiert werden.
4. Ansicht Importbericht (4): Hier kann auf den Importbericht zugegriffen werden.
5. Anzeige Sequenzprotokolle (5): Hier kann auf visuell lesbare Formate des generierten ST.26-Sequenzprotokolls zugegriffen werden, und
6. Hilfemenü: Es enthält Verweise auf das Benutzerhandbuch, den WIPO-Standard ST.26, WIPO Sequence und die ST.26-Wissensdatenbank (6).
7. Ansicht Einstellungen (7).

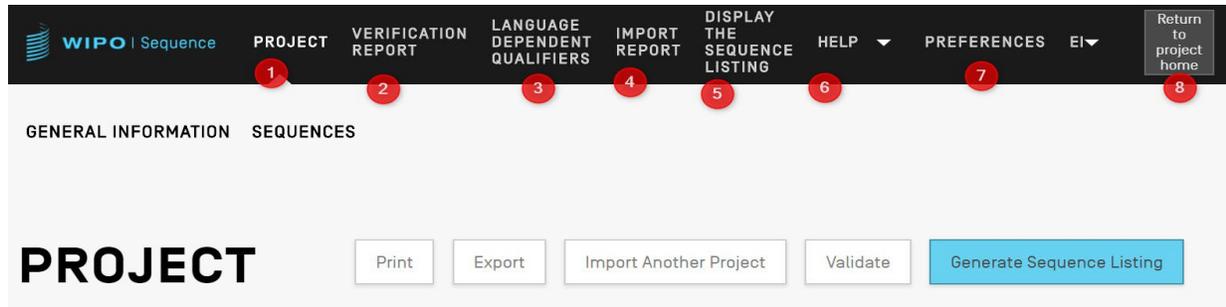


Abbildung 16: Symbolleiste Projektdetails

Um zur Projekte-Startseite zurückzukehren, kann der Benutzer auf die Schaltfläche "Return to project home" (Zurück zur Projekte-Startseite) (8) am rechten Ende der Kopfzeile/Symbolleiste klicken.

PROJEKTDDETAILS

Basisinformationen

In der Ansicht Projektdetails befindet sich oben eine Tabelle mit den Basisinformationen zum Projekt (siehe Abbildung 17).

Diese Tabelle enthält:

- den Projektnamen
- Datum und Uhrzeit der Erstellung des Projekts
- Datum und Uhrzeit der letzten am Projekt vorgenommenen Aktualisierungen
- den Projektstatus (mögliche Werte: 'new'/'modified'/'generated'/'invalid'/'valid'/'warnings' (neu/geändert/erstellt/ungültig/gültig/Warnungen) - Beachten Sie, dass dieses Feld nicht bearbeitet werden kann
- die Beschreibung des Projekts – optional
- den Namen der importierten Datei (falls das Projekt importiert wurde)
- den originalen Freitext-Sprachcode für Freitext-Qualifier
- die Anzahl der Sequenzen (bezeichnet durch 'Sequences')
- ein Kontrollkästchen zum automatischen Hinzufügen eines Qualifiers "translation" wenn ein CDS-Merkmal erstellt wird (eine Funktion auf Projektebene)
- nicht-englischen Freitext-Sprachcode.

| | |
|---|-------------------------------------|
| Project Name ST26T-2136 | Creation date 2023-04-06 10:45 |
| Last modified 2023-04-06 16:39 | Status generated |
| Description | File Name ST26T-2136_3 |
| Original free text language code | Sequences 11 |
| Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created Off | Non English free text language code |

Abbildung 17: Abschnitt Basisinformationen

HILFE

Das Tool zeigt dem Benutzer die verfügbaren Hilfeoptionen an, um ihn bei der Verwendung dieses Tools zu unterstützen (siehe Abbildung 18).

Die Hilfeoptionen führen direkt zu Informationen, die:

- einen Link zur Bedienungsanleitung angeben;¹
- einen Link zur ST.26-Wissensdatenbank angeben;²
- einen Link zum Kontaktformular für das WIPO Sequence Support-Team angeben;
- einen Link zu WIPO ST.26 bereitstellen;³
- grundlegende Informationen über das WIPO Sequence Desktop-Tool bereitstellen.

¹ Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung verweist dies auf die englische Version des Benutzerhandbuchs, die offline oder in den übrigen 9 PCT-Sprachen online zur Verfügung gestellt wird

² Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung verweist dies auf die Wissensbasis von WIPO Sequence und ST.26

³ Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung verweist dies auf die neueste Version des Standards, wie er Online in Englisch, Französisch oder Spanisch veröffentlicht wurde

Hinweis:

In der neuesten Version von WIPO Sequence sind das Benutzerhandbuch und WIPO ST.26 nur in Englisch enthalten. Wird eine andere Sprache für die graphische Benutzeroberfläche (GUI) ausgewählt, muss der Benutzer mit dem Internet verbunden sein, um auf andere Sprachversionen sowohl des Standards als auch des Benutzerhandbuchs zugreifen zu können. Der angegebene Link führt jedoch zu der Sprachversion, die der Auswahl des Benutzers entspricht.

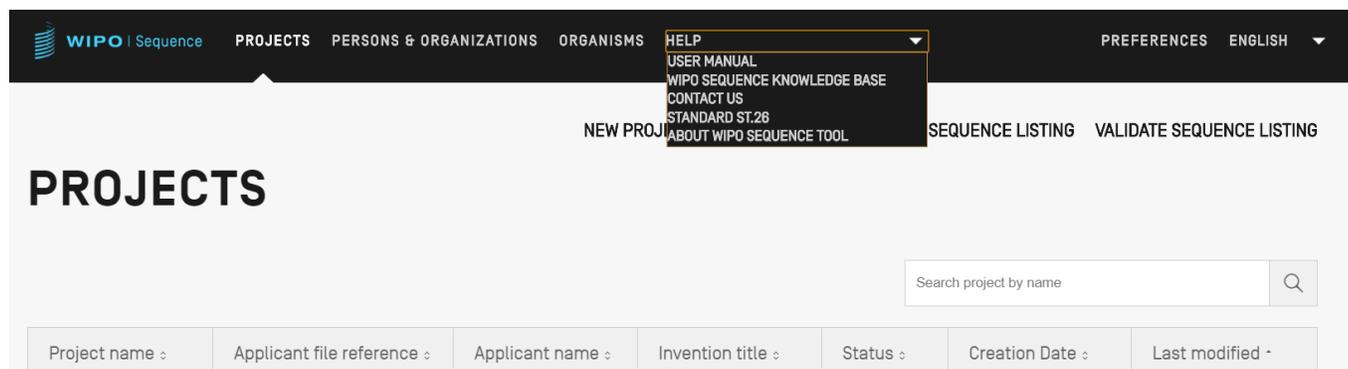


Abbildung 18: Dropdown-Hilfemenü

EINSTELLUNGEN

In der letzten Ansicht kann der Benutzer bestimmte Eigenschaften festlegen, die für alle Projekte gelten (siehe Abbildung 19). Besondere Einzelheiten zu diesen Parametern finden Sie weiter unten im entsprechenden Abschnitt "Tool-Funktionen".

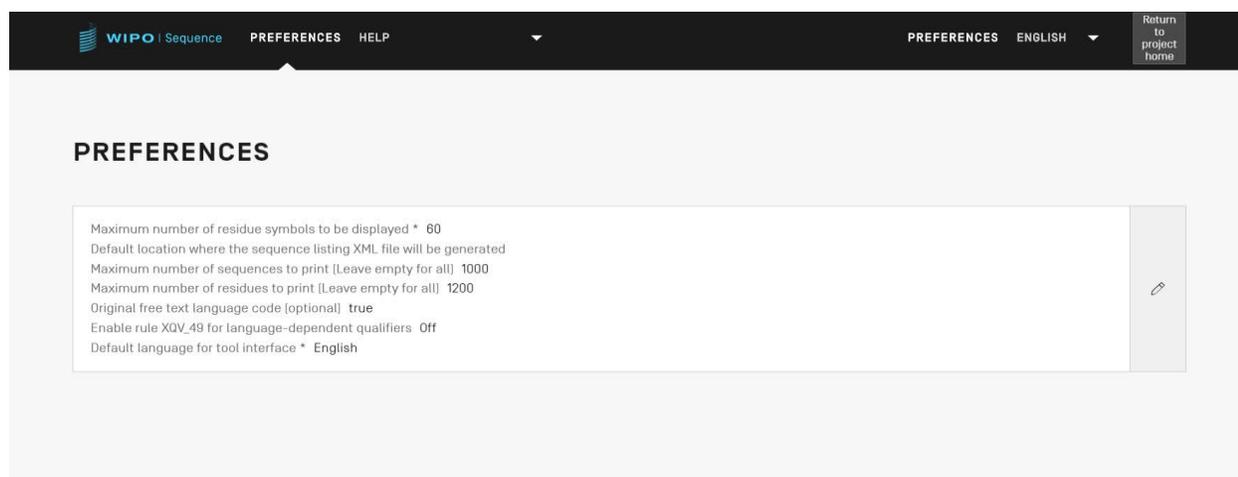


Abbildung 19: Ansicht Einstellungen.

4 TOOL-FUNKTIONEN

PROJEKTE-STARTANSICHT

In diesem Abschnitt werden die verschiedenen, in der Projekte-Startansicht zugänglichen Funktionen genauer beschrieben.

Ein Projekt ist die von dem Tool verwendete Objektstruktur, um die zur Erstellung eines Sequenzprotokolls erforderlichen Daten zu speichern. Nachdem diese Daten als konform mit dem WIPO-Standard ST.26 validiert wurden, verwendet das Tool die im Projekt gespeicherten Daten als Werte innerhalb des generierten Sequenzprotokolls.

In dieser Ansicht wird die Liste der erstellten Projekte angezeigt, in der es möglich ist, zu sortieren oder die Suchfunktion zu verwenden, um nach Projektname, Aktenzeichen des Anmelders, Anmeldername, Bezeichnung der Erfindung, Status oder Erstellungsdatum zu filtern.

Hinweis:

Das Tool zeigt maximal 1000 Projekte an. Wird ein Projekt nicht in der Ansicht Projekte-Startansicht angezeigt, sollte der Benutzer die Suchfunktion verwenden, um das Projekt anhand seines Namens zu identifizieren, da es weiterhin lokal gespeichert und in dieser Ansicht nur nicht sichtbar ist.

Projekt erstellen

Zum Erstellen eines neuen Projekts muss der Benutzer zur Hauptseite der Projekte-Startansicht gehen (siehe Abbildung 20).

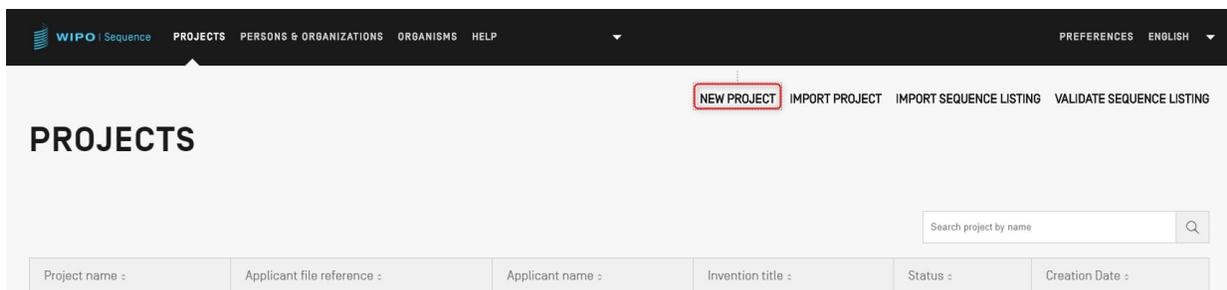


Abbildung 20: Neues Projekt erstellen: Schritt 1

- 1) Klicken Sie auf den oben in der Ansicht befindlichen Link "NEW PROJECT" (Neues Projekt) (siehe Abbildung 20). In der folgenden Ansicht verlangt das Tool einen "Namen" (obligatorisch) und eine "Beschreibung" (optional).

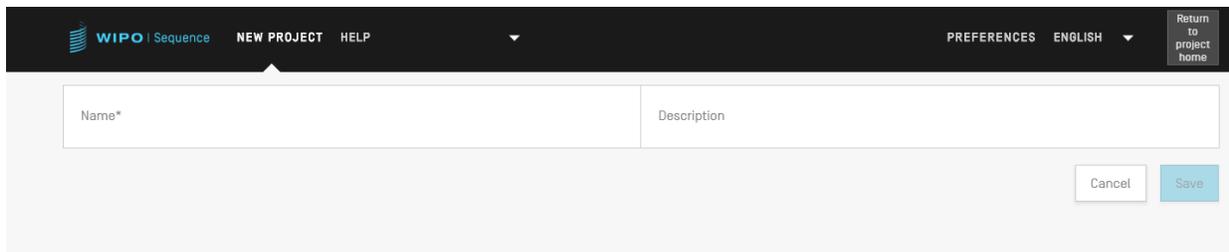


Abbildung 21: Neues Projekt erstellen: Schritt 2

- 2) Bei Eingabe eines Werts in das Namensfeld wird die Schaltfläche "Save" zum Speichern des neuen Projekts aktiviert. Die Projektliste, welche dieses neue Projekt in der Projekte-Startansicht enthält, ist in Abbildung 22 dargestellt.

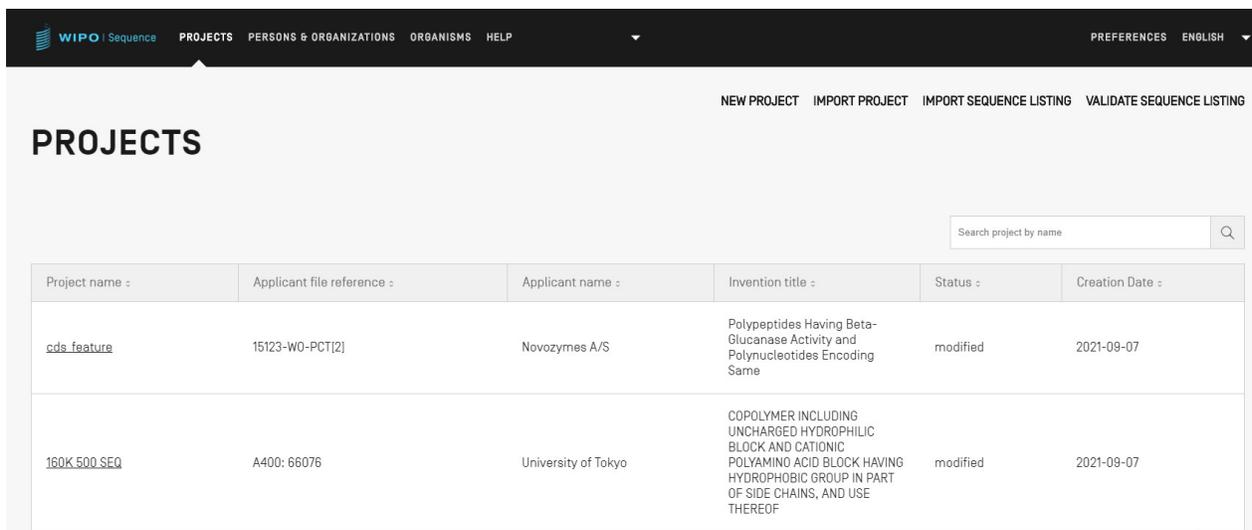


Abbildung 22: Zusammenfassung des neuen Projekts

Projekt importieren

Diese Funktion ermöglicht den Import eines zuvor exportierten Projekts in das Tool (siehe Abbildung 53). Um eine Projektdatei zu importieren, muss der Benutzer in der Projekte-Startansicht beginnen (siehe unten Abbildung 23).

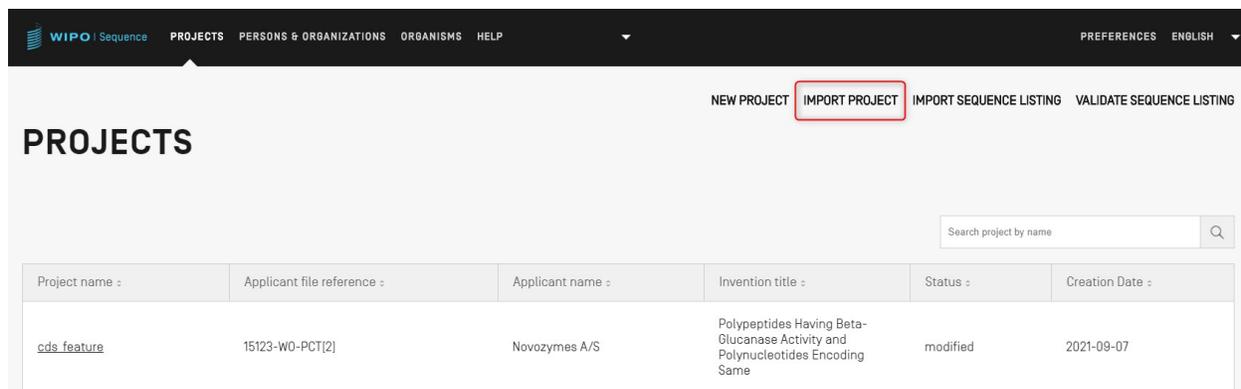


Abbildung 23: Projekt importieren: Schritt 1

- 1) Klicken Sie auf den oben in der Ansicht befindlichen Link "IMPORT PROJECT" (Projekt importieren) (siehe Abbildung 23).

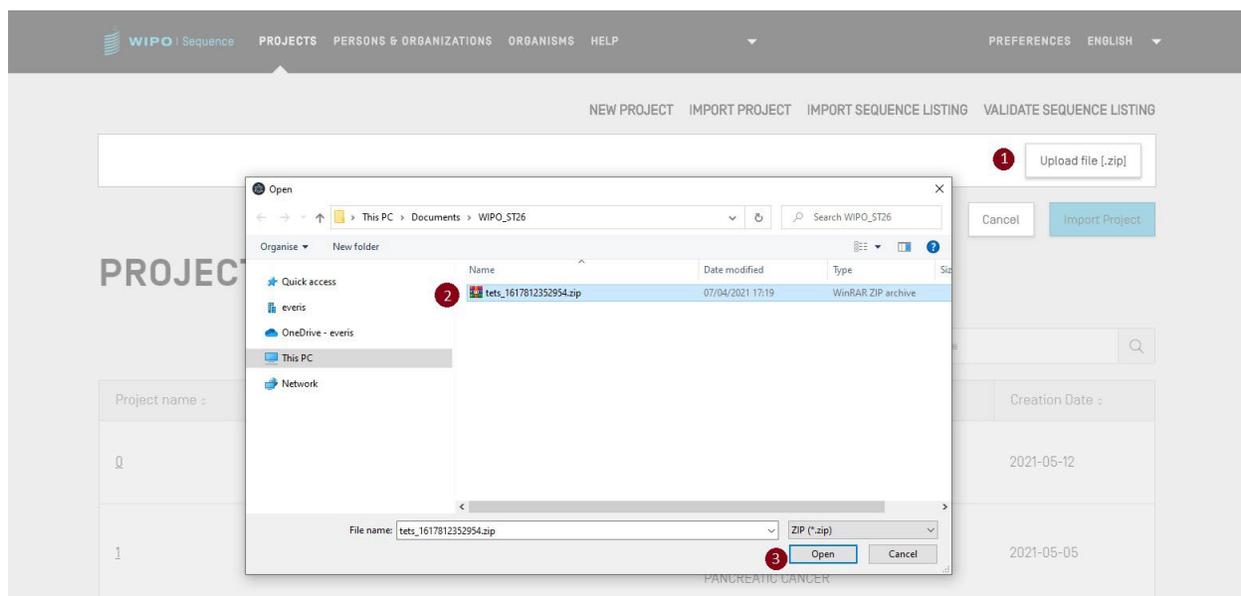


Abbildung 24: Projekt importieren: Dialogbox

- 2) Klicken Sie auf dem in Abbildung 24 gezeigten Overlay-Bildschirm auf "Upload file [.zip]" (1).
- 3) In der sich öffnenden Dialogbox (siehe Abbildung 24) wählen Sie die zu importierende Projektdatei aus (2 & 3).

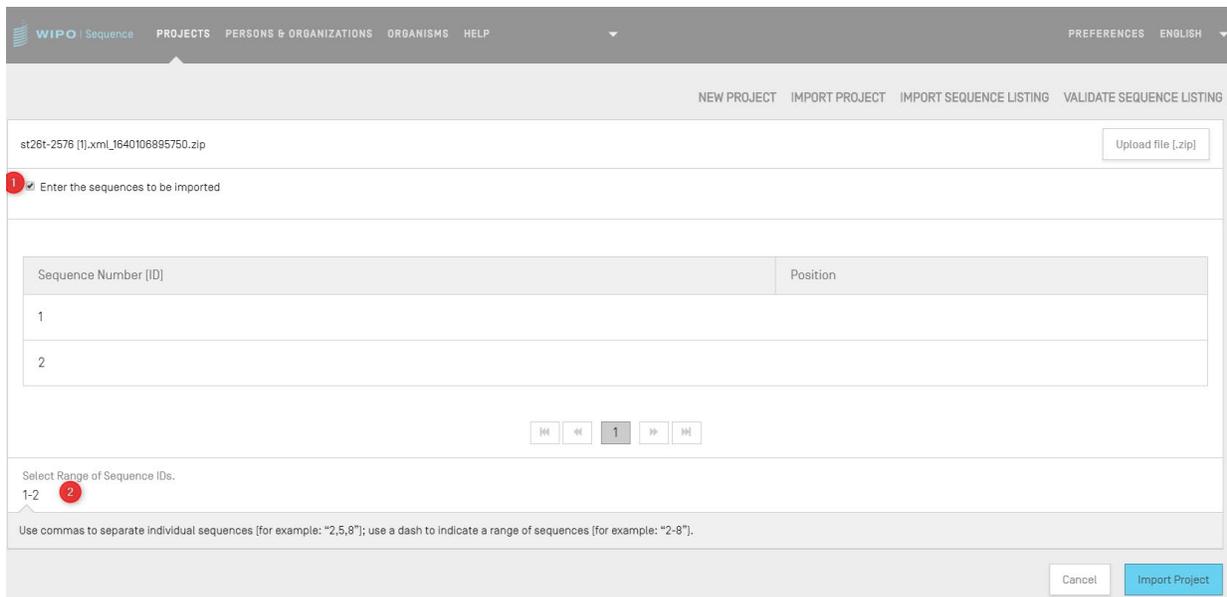


Abbildung 25: Projekt importieren: Sequenzbereich auswählen

- 4) Ist "Select Range Sequences" (Sequenzbereich auswählen) deaktiviert, werden alle Sequenzen importiert. Will man wählen, welche Sequenzen in das Projekt importiert werden sollen, muss das Kontrollkästchen "Select Range Sequences" aktiviert (1) und die ID-Nummern der gewünschten Sequenzen müssen in das entsprechende Feld (2) eingegeben werden (siehe Abbildung 25). Es kann sowohl eine einzelne Sequenz, aber auch eine Liste von durch Kommas getrennten Sequenzen oder ein Sequenzbereich in der Schreibweise $x-y$ eingegeben werden.

Beispiel: "1, 3, 7, 13-20, 30-50"

Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des importierten Projekts als Bereich angezeigt, d.h.: 1- Gesamtzahl von Sequenzen

- 5) Der letzte Schritt ist ein Klick auf die blaue Schaltfläche "Import Project" (Projekt importieren) (3) (siehe Abbildung 25).

Wurde das Projekt erfolgreich importiert, wird das folgende blaue Banner mit einer Meldung oben in der Ansicht angezeigt (siehe Abbildung 26).

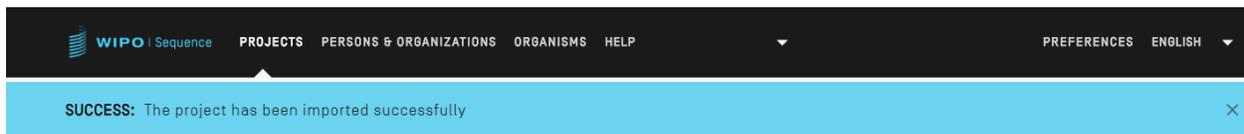


Abbildung 26: Projekt erfolgreich importiert: blaues Banner

Bekanntes Problem: WIPO Sequence kann beim Importieren des Projekts viele unerwartete Fehler verursachen. Die Ursache der Fehler ist nicht klar. Ein Fehler ist meistens auf das Hängen des Tools zurückzuführen. Wenn Sie Probleme haben, versuchen Sie den Importvorgang erneut.

Sequenzprotokoll importieren

In der Projekte-Startansicht kann der Benutzer ausschließlich Sequenzinformationen aus einem ST.26- **oder** ST.25-konformen Sequenzprotokoll importieren. Die Dateiformate hierfür sind jeweils *.xml für das ST.26-Format und *.txt für ST.25-Dateien.

- 1) Klicken Sie zunächst auf die oben in der Ansicht befindliche Schaltfläche "IMPORT SEQUENCE LISTING" (Sequenzprotokoll importieren) (siehe Abbildung 27).

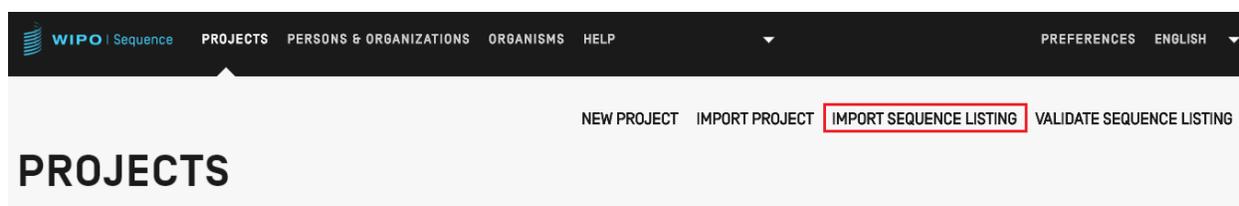


Abbildung 27: Sequenzprotokoll importieren: Schritt 1

- 2) Klicken Sie im sich öffnenden Overlay (siehe Abbildung 28 auf die Schaltfläche "Upload file ST.25 [.txt] or ST.26 [.xml]" (1), und wählen Sie in der sich öffnenden Dialogbox die gewünschte Sequenzprotokolldatei aus (2). Geben Sie dann unter dem im Feld "Project Name" angegebenen Namen einen Namen für das neu zu erstellende Projekt ein (3).

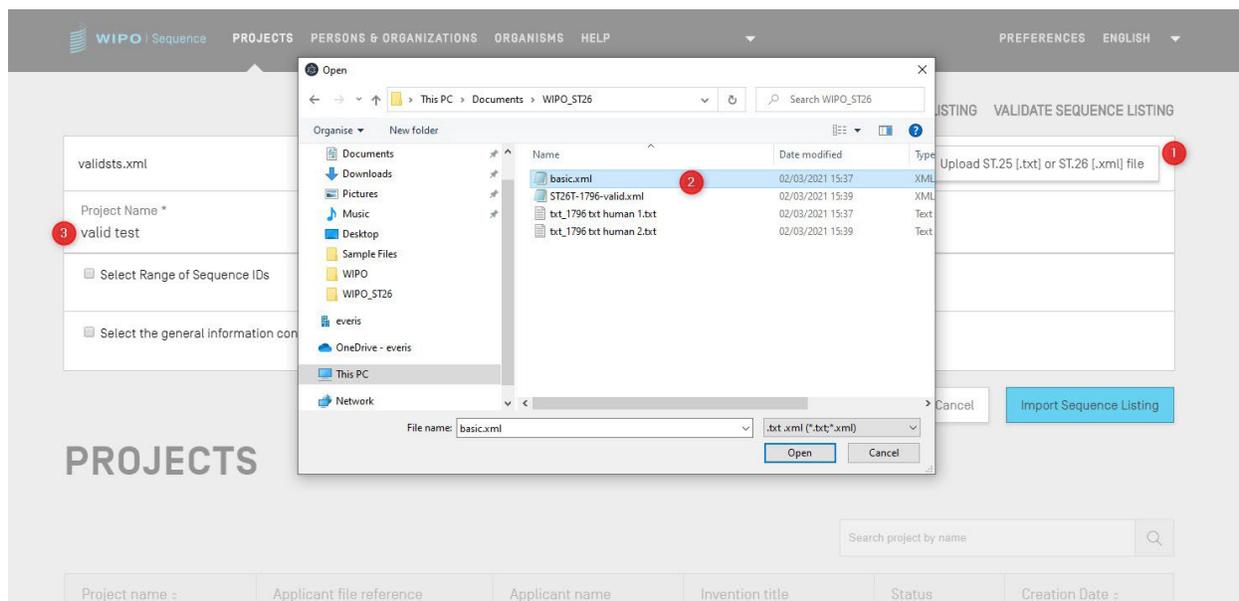


Abbildung 28: Sequenzprotokoll importieren: Dialogbox

Über zwei primäre Kontrollkästchen (siehe Abbildung 29) kann der Benutzer festlegen, welche Abschnitte in das neue Projekt importiert werden sollen: "Select Range of Sequence IDs" (Bereich der Sequenz-ID-Nummern auswählen) und "Select the general information contents to be imported" (Auswählen der zu importierenden Inhalte allgemeiner Informationen).

| Sequence Number [ID] | Position |
|----------------------|----------|
| [1] | 1 |

Abbildung 29: Sequenzprotokoll importieren: Sequenzbereich auswählen

Durch die Aktivierung des ersten Kontrollkästchen kann der Benutzer eingeben, welche bestimmten Sequenzen er aus dem Sequenzprotokoll importieren möchte. Es kann sowohl eine einzelne Sequenz als auch eine Liste von durch Kommas getrennten Sequenzen oder ein Sequenzbereich in der Schreibweise $x-y$ eingegeben werden.

Beispiel: "1, 3, 7, 13-20, 30-50"

Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des importierten Sequenzprotokolls als Bereich angezeigt.

Die in Abbildung 28 gezeigte Tabelle hat zwei Spalten: eine gibt die Sequenz-ID-Nummer zur Identifizierung der entsprechenden Sequenz an und die andere die "Position", an der die Sequenz im Sequenzprotokoll erscheinen wird.

| <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

Cancel Import Project

Abbildung 30: Sequenzprotokoll importieren: Allgemeine Informationen auswählen

Durch die Aktivierung des zweiten Kontrollkästchens erscheint eine Liste zusätzlicher Kontrollkästchen, mit denen der Benutzer individuell auswählen kann, welche Eigenschaften importiert oder ignoriert werden sollen (siehe Abbildung 30).

- 3) Klicken Sie abschließend auf die blaue Schaltfläche "Import Project", um das neue Projekt zu erstellen.

Wurde das Sequenzprotokoll korrekt importiert, wird die in Abbildung 31 gezeigte Tabelle der geänderten Daten angezeigt, die den Benutzer über die automatischen Änderungen informiert, die während des Imports an den ST.25-, Multi-Sequence- und RAW-Daten des Sequenzprotokolls vorgenommen wurden, um sie an die Anforderungen von ST.26 anzupassen.

Hinweis: Beim Importieren eines Sequenzprotokolls wird bei den Merkmalen und Qualifiern zwischen Groß- und Kleinschreibung unterschieden und sie sollten den in Anhang I von WIPO ST.26 angegebenen Werten entsprechen.

Beachten Sie außerdem, dass importierte ST.25-konforme Sequenzprotokolle gültig sein müssen, da sonst die Funktionalität von WIPO Sequence nicht garantiert werden kann.

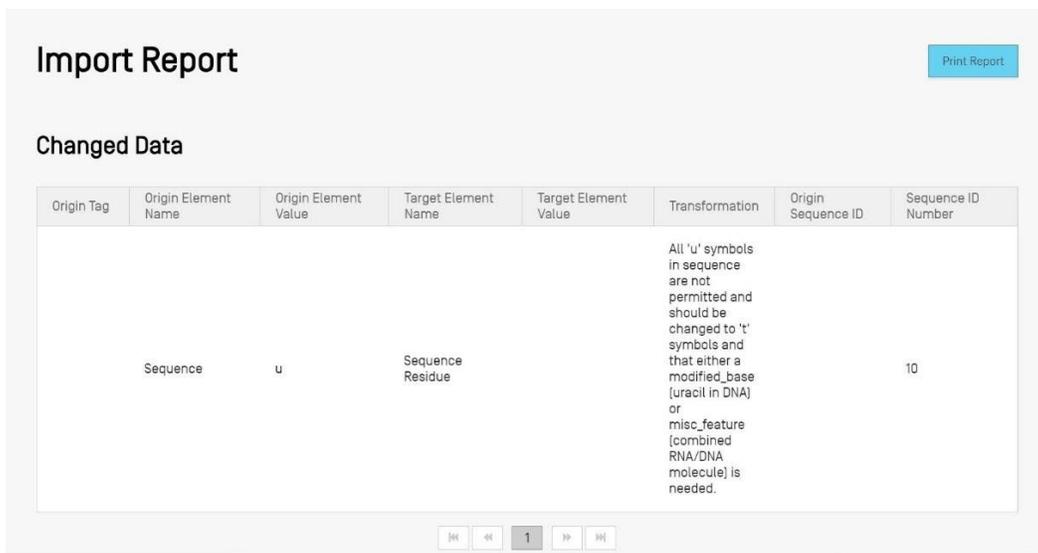


Abbildung 31: Sequenzprotokoll importieren: Geänderte Daten

Im Falle des Dateiformats ST.25 enthält die Ansicht Importbericht zunächst eine Tabelle der Importberichte sowie die Tabelle der geänderten Daten. Das Beispiel eines Berichts geänderter Daten ist in Abbildung 31 und das Beispiel eines Importberichts in Abbildung 32 dargestellt.

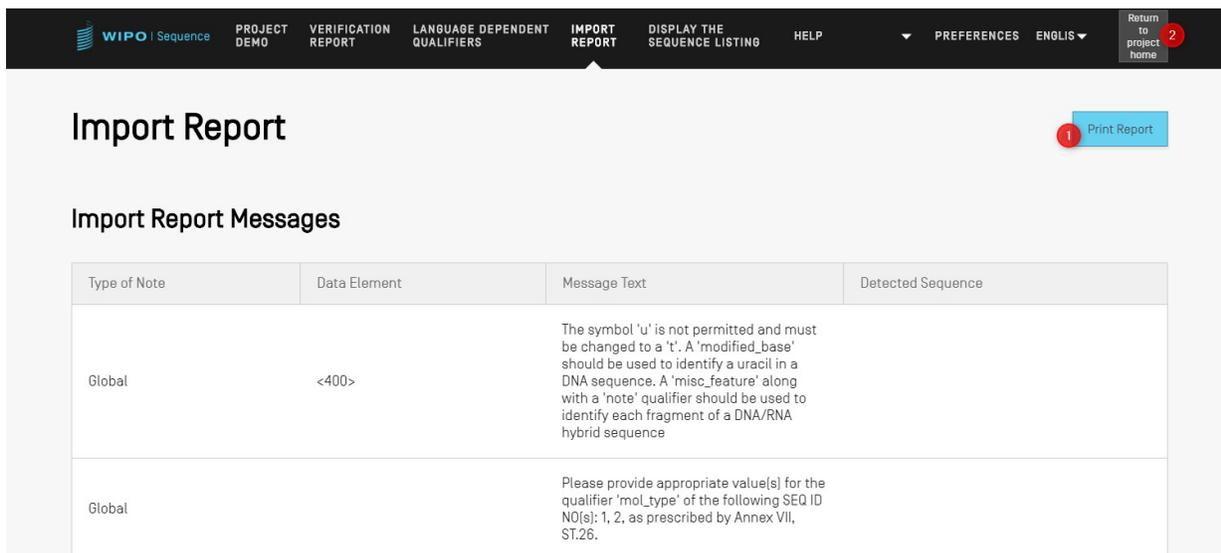


Abbildung 32: Sequenzprotokoll importieren: Importbericht

An dieser Stelle kann der Benutzer zur Projekte-Startansicht zurückkehren (2) oder einen Bericht über diese Änderungen im PDF-Format drucken (1) (siehe Abbildung 32).

Anweisungen zum Herunterladen der PDF-Datei finden Sie in Abbildung 10.

Umgekehrt kann der Importvorgang fehlschlagen, wenn die Sequenzprotokolldatei Fehler enthält.

In diesem Fall wird der Benutzer nach dem Importversuch mit einem roten Banner darauf hingewiesen, dass beim Import ein Fehler aufgetreten ist (siehe Abbildung 33).

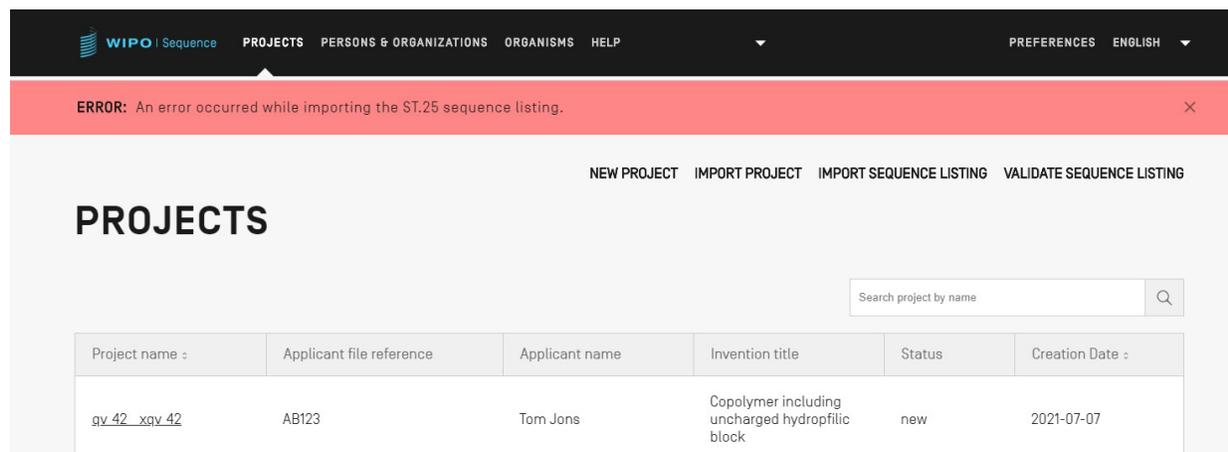


Abbildung 33: ST.25-Sequenzprotokoll importieren: rotes Banner

Darüber hinaus arbeitet das Tool am besten am Grenzwert von 100k Sequenzen. Bei der Bearbeitung umfangreicher Sequenzprotokolle kann der Benutzer die folgende Problemumgehung durchführen: Teilen Sie den Importvorgang in eine Reihe von Schritten auf, indem Sie einen bestimmten Bereich der zu importierenden Sequenzen auswählen und diese Sequenzen dann innerhalb eines Projekts Bereich nach Bereich importieren. Zum Beispiel kann ein Sequenzprotokoll von ~100k Sequenzen in eine Reihe von 10 x 10k Sequenzen aufgeteilt werden, und diese können einzeln importiert werden. Die ersten 10k würden bei der Erstellung des Projekts verwendet.

Sequenzprotokoll validieren

Der Benutzer kann eine ST.26-Sequenzprotokolldatei validieren, indem er auf die Schaltfläche "VALIDATE SEQUENCE LISTING" (Sequenzprotokoll validieren) oben rechts in der Ansicht Projekte klickt (siehe Abbildung 34).

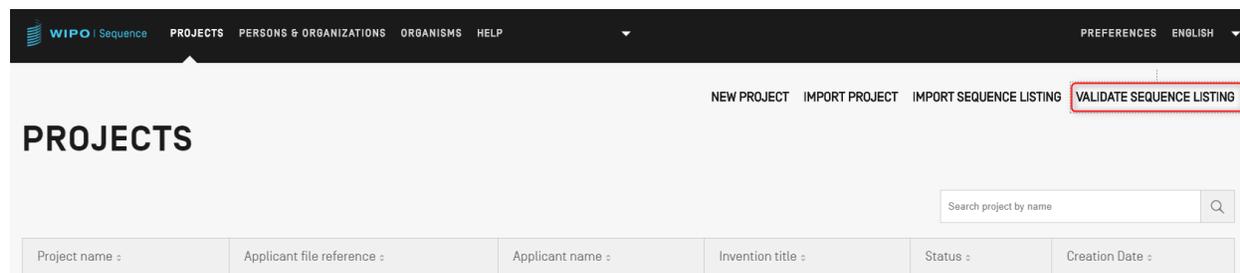


Abbildung 34: Sequenzprotokoll validieren

Als nächstes muss auf die Schaltfläche "Upload file ST.26 [.xml]" (Datei ST.26 [.xml] hochladen) (1) geklickt (siehe Abbildung 35) und anschließend die Datei in der Dialogbox (2) ausgewählt werden. Zuletzt muss auf die Schaltfläche "Validate Sequence Listing" (Sequenzprotokoll validieren) geklickt werden (3).

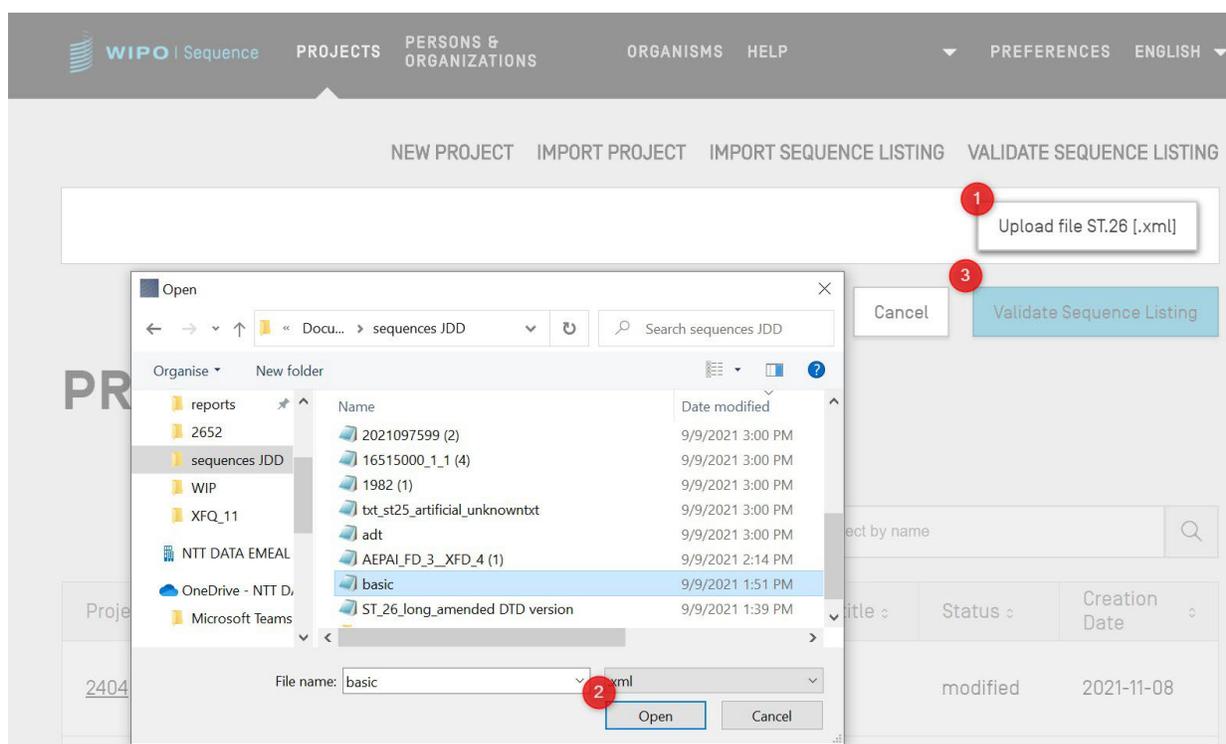


Abbildung 35: Sequenzprotokoll validieren: Dialogbox.

Wird das Sequenzprotokoll validiert, wird ein Banner angezeigt (siehe Abbildung 36):



Abbildung 36: Banner zeigt an, dass die Validierung erfolgreich abgeschlossen wurde

Wenn die Validierung des Sequenzprotokolls fehlschlägt, wird im Browser des Benutzers ein Prüfbericht geöffnet, in dem die Validierungsfehler in einer Tabelle aufgelistet sind (siehe Abbildung 37).

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 |

Abbildung 37: Sequenzprotokoll validieren: Prüfbericht

Der Speicherort der HTML-Datei wird zusammen mit dem XML-Prüfbericht angezeigt (1) & (2), falls der Benutzer die Dateien an einen anderen Ort kopieren möchte (siehe Abbildung 37).

Hinweis: Der Benutzer muss zulassen, dass ein internes Skript auf seinem Computer ausgeführt wird, damit das Format korrekt angezeigt wird: das ActiveX Control im IE-Browser. Dies muss geschehen, damit "allow blocked content" für das Format richtig geladen wird. Andernfalls werden die Sequenzen nicht im Standardformat angezeigt und sind weniger lesbar.

Bitte **beachten Sie**, dass für die Validierung eines Sequenzprotokolls die ST.26-Datei folgende Voraussetzungen erfüllen sollte:

Sie muss in UTF-8 kodiert sein und gültige Zeichen gemäß der XML 1.0-Spezifikation enthalten.

Sie muss eine wie folgt lautende DOCTYPE-Zeile enthalten:

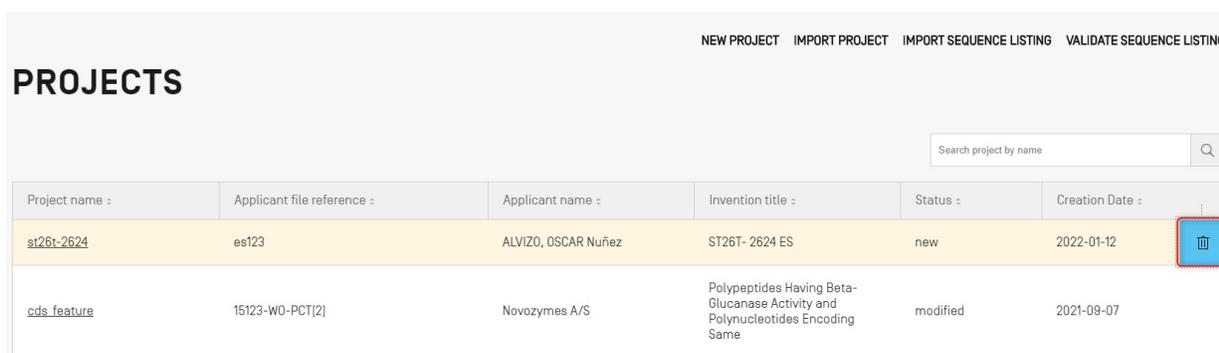
```
<!DOCTYPE ST26SequenceListing PUBLIC "-//WIPO//DTD Sequence Listing 1.3//EN"
"ST26SequenceListing_V1_3.dtd">
```

Das Attribut dtdVersion sollte mit der DTD-Version konform sein.

Die Datei muss der DTD-Datei "ST26SequenceListing_V1_3.dtd" entsprechen⁴.

Projekt löschen

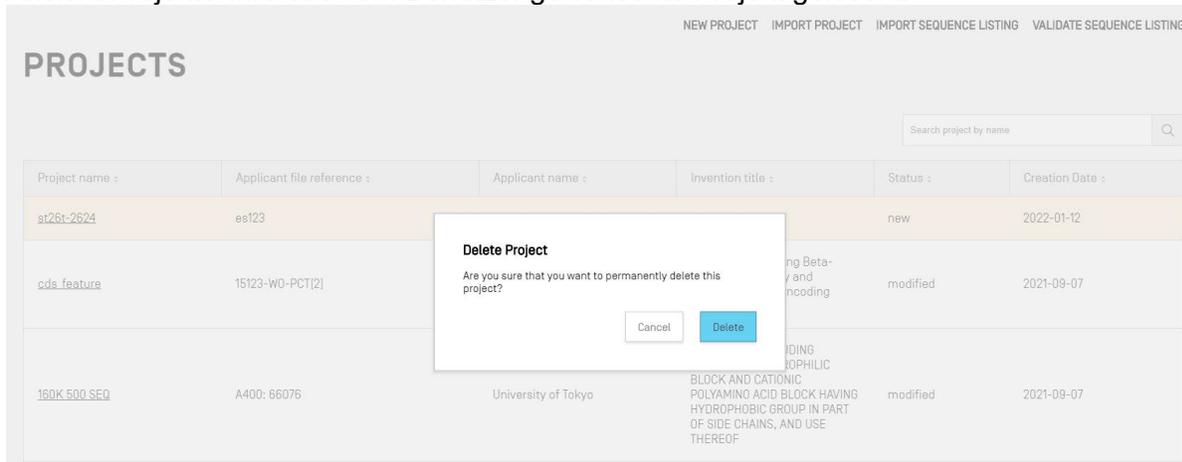
Zum Löschen eines Projekts muss der Benutzer in der Projekte-Startansicht beginnen (siehe Abbildung 38).



| Project name : | Applicant file reference : | Applicant name : | Invention title : | Status : | Creation Date : |
|-----------------------------|----------------------------|---------------------|---|----------|-----------------|
| st26t-2624 | es123 | ALVIZO, OSCAR Nuñez | ST26T- 2624 ES | new | 2022-01-12 |
| cds_feature | 15123-W0-PCT[2] | Novozymes A/S | Polypeptides Having Beta-Glucanase Activity and Polynucleotides Encoding Same | modified | 2021-09-07 |

Abbildung 38: Projekt löschen: Projekte-Startansicht

Durch Klicken auf die Schaltfläche mit dem Papierkorbsymbol in der Zeile der Tabelle der Ansicht Projekte wird das vom Benutzer gewünschte Projekt gelöscht.



| Project name : | Applicant file reference : | Applicant name : | Invention title : | Status : | Creation Date : |
|------------------------------|----------------------------|---------------------|--|----------|-----------------|
| st26t-2624 | es123 | | | new | 2022-01-12 |
| cds_feature | 15123-W0-PCT[2] | | ing Beta- y and ncoding | modified | 2021-09-07 |
| 160K_500_SEQ | A400: 66076 | University of Tokyo | BLOCK AND CATIONIC POLYAMINO ACID BLOCK HAVING HYDROPHOBIC GROUP IN PART OF SIDE CHAINS, AND USE THEREOF | modified | 2021-09-07 |

⁴ Dies ist die aktuelle Version von DTD zum Zeitpunkt der Veröffentlichung dieses Dokuments

Abbildung 39: Projekt löschen: Bestätigungs-Dialogbox

Klicken Sie in der in Abbildung 39 gezeigten Pop-up-Box auf "Delete" (Löschen), um zu bestätigen, dass Sie das ausgewählte Projekt löschen möchten.

PERSONEN & ORGANISATIONEN

In diesem Abschnitt werden die in der Ansicht Personen und Organisationen bereitgestellten Funktionen genauer beschrieben.

Person oder Organisation erstellen

Um eine neue Person oder Organisation zu erstellen, muss der Benutzer in der Ansicht Personen & Organisationen beginnen.

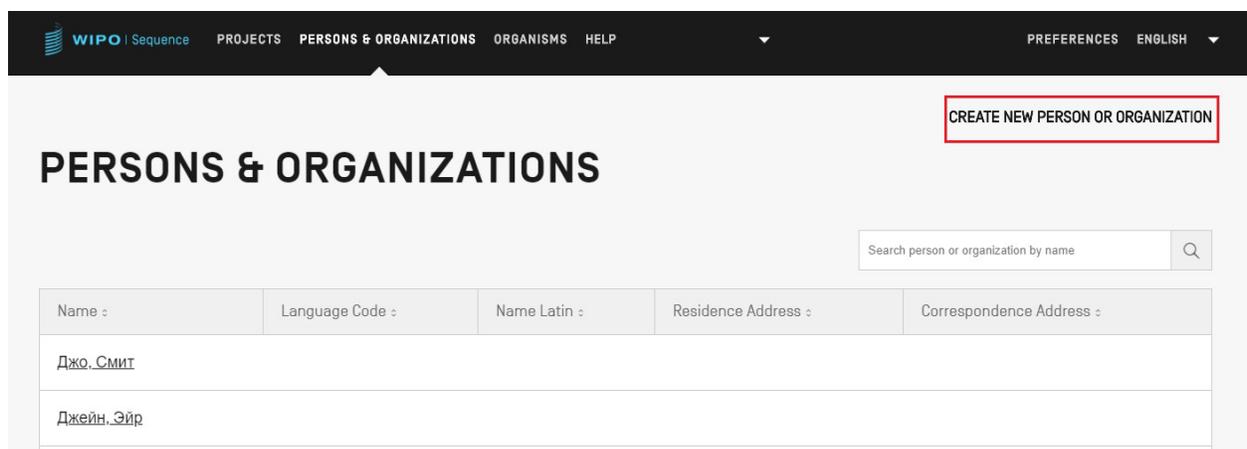


Abbildung 40: Neue Person/Organisation erstellen: Schritt 1

Zunächst muss der Benutzer auf den oben in der Ansicht befindlichen Link "CREATE NEW PERSON OR ORGANIZATION" (Neue Person oder Organisation erstellen) klicken (siehe Abbildung 40).

Abbildung 41: Neue Person/Organisation erstellen: Schritt 2

In der neuen Ansicht muss der Benutzer zumindest die Pflichtfelder (mit einem "*" gekennzeichnet) ausfüllen, die den Angaben zur neuen Person/Organisation entsprechen. Für

den Anmelder/Erfinder ist dies nur der Name (sofern in lateinischen Buchstaben angegeben) und die Sprache.

Liegt der Name der Person/Organisation nicht in lateinischen Schriftzeichen vor, sollte die lateinische Version des Namens im Feld "Name Latin" angegeben werden. Werden diese Informationen nicht angegeben, so wird das Projekt nicht validieren, wenn das ST.26-Sequenzprotokoll validiert oder generiert ist.

BENUTZERDEFINIERTER ORGANISMEN

Um benutzerdefinierte Organismen zu erstellen, bearbeiten, importieren, exportieren oder löschen, muss der Benutzer in der Ansicht Organismen beginnen. Einzelheiten zum Erstellen, Exportieren oder Importieren von benutzerdefinierten Organismen finden Sie unten in Abbildung 42.

Benutzerdefinierten Organismus erstellen

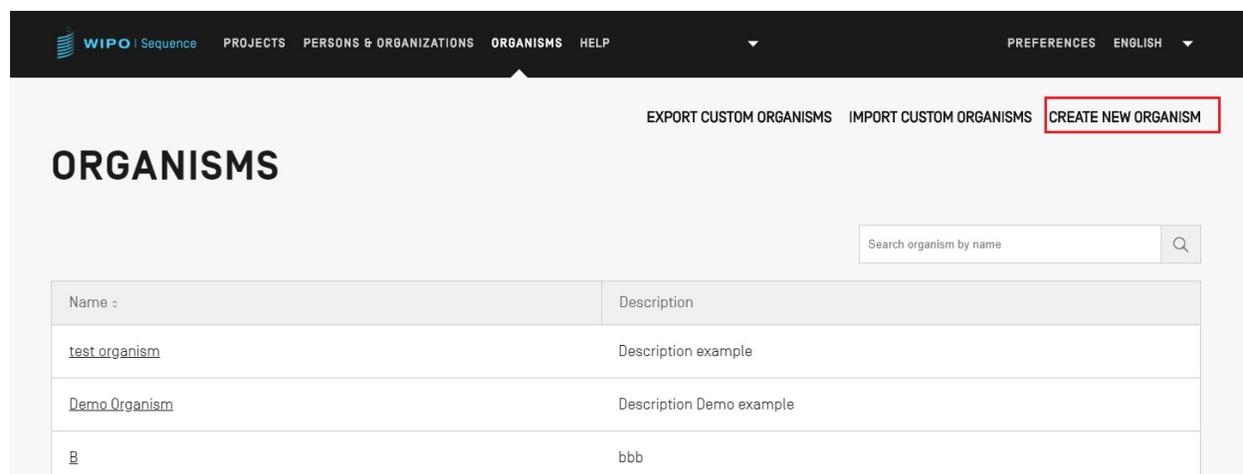


Abbildung 42: Neuen Organismus erstellen: Schritt 1

Zum Erstellen eines neuen benutzerdefinierten Organismus klicken Sie auf den in der Ansicht oben rechts befindlichen Link "CREATE NEW ORGANISM" (Neuen Organismus erstellen) (siehe Abbildung 42). Geben Sie im folgenden Bildschirm (Abbildung 38) den Namen des neuen Organismus ein und klicken Sie auf "Save" (Speichern). Wenn eine Beschreibung dieses benutzerdefinierten Organismus erforderlich ist, kann diese optional wie abgebildet hinzugefügt werden (siehe Abbildung 43).

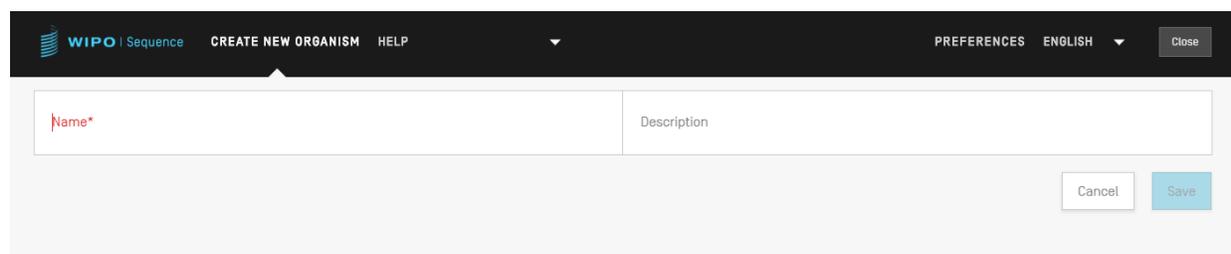


Abbildung 43: Neuen Organismus erstellen: Schritt 2

Benutzerdefinierte Organismen exportieren

Alle benutzerdefinierten Organismen und deren Beschreibung, die im Tool gespeichert sind, können exportiert und in einer Textdatei gespeichert werden, um sie außerhalb des Tools zu ändern oder zu einem späteren Zeitpunkt zu importieren. Um diese Liste zu exportieren, wählen Sie zunächst "EXPORT CUSTOM ORGANISMS" (Benutzerdefinierte Organismen exportieren), wie in Abbildung 44 hervorgehoben:

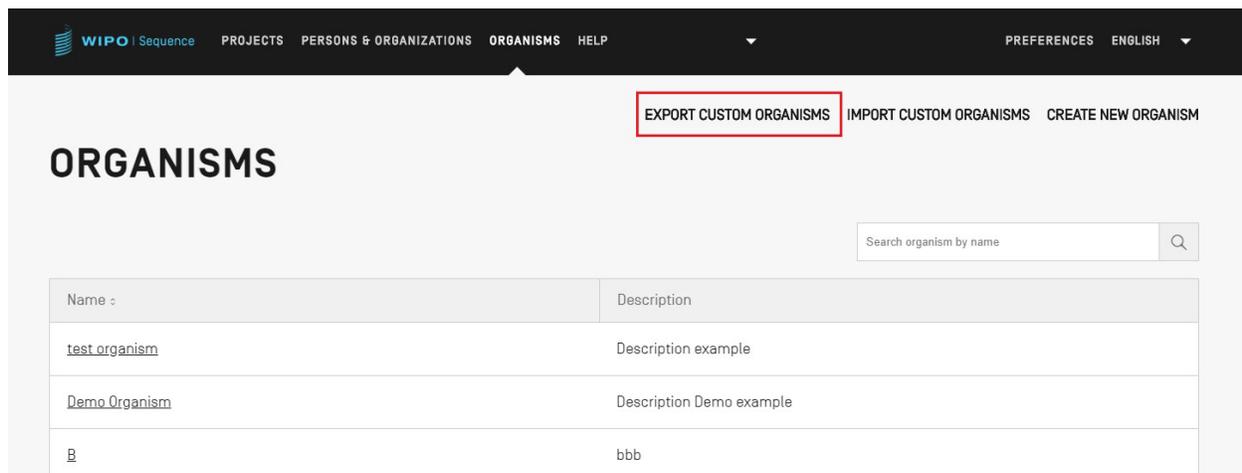


Abbildung 44: Benutzerdefinierte Organismen exportieren: Schritt 1

Als Nächstes öffnet sich eine Dialogbox, in dem der Benutzer den Namen der Datei und den gewünschten Speicherort auswählen kann (siehe Abbildung 45).

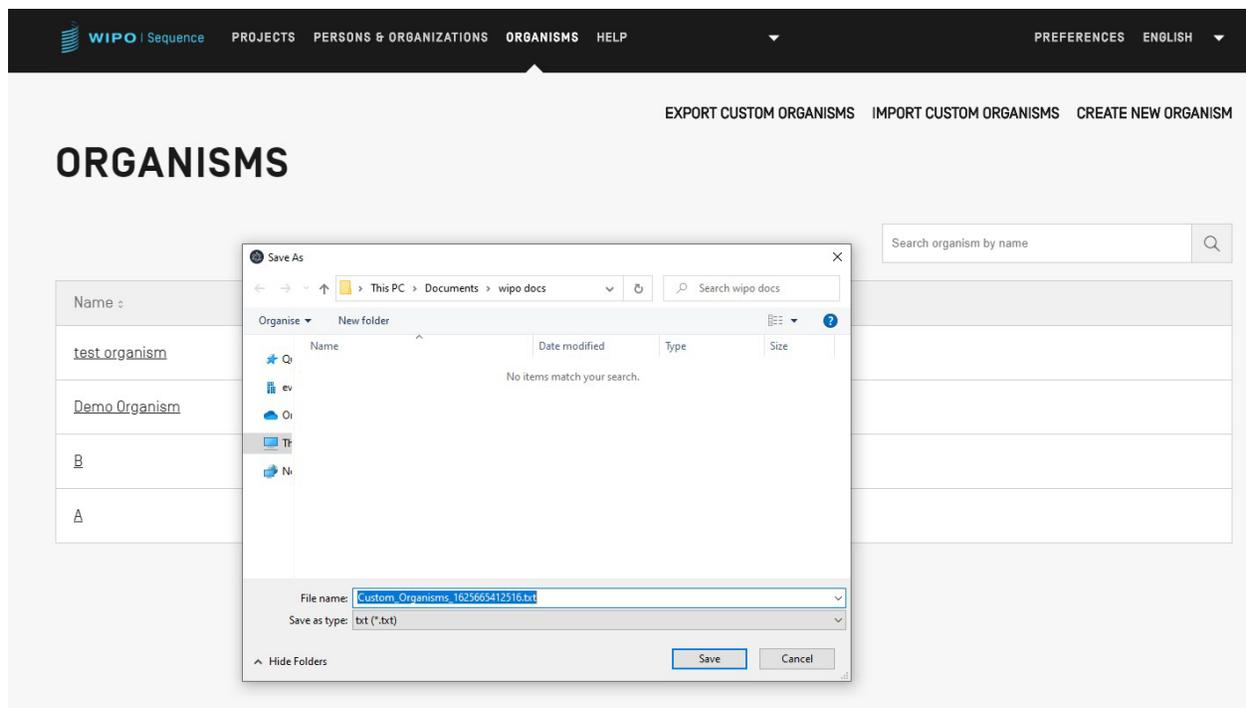


Abbildung 45: Benutzerdefinierte Organismen exportieren: Dialogbox

Die exportierte Datei ist eine .txt-Datei, die sowohl den Namen als auch die Beschreibung des Organismus enthält, der bearbeitet und in das Tool importiert werden könnte (siehe Abbildung 46).

 Custom_Organisms_1625665412516.txt - Notepad

File Edit Format View Help

```
A: aaa  
B: bbb  
Demo Organism: Description Demo example  
test organism: Description example
```

Abbildung 46: Beispiel einer Textdatei von benutzerdefinierten Organismen

Benutzerdefinierte Organismen importieren

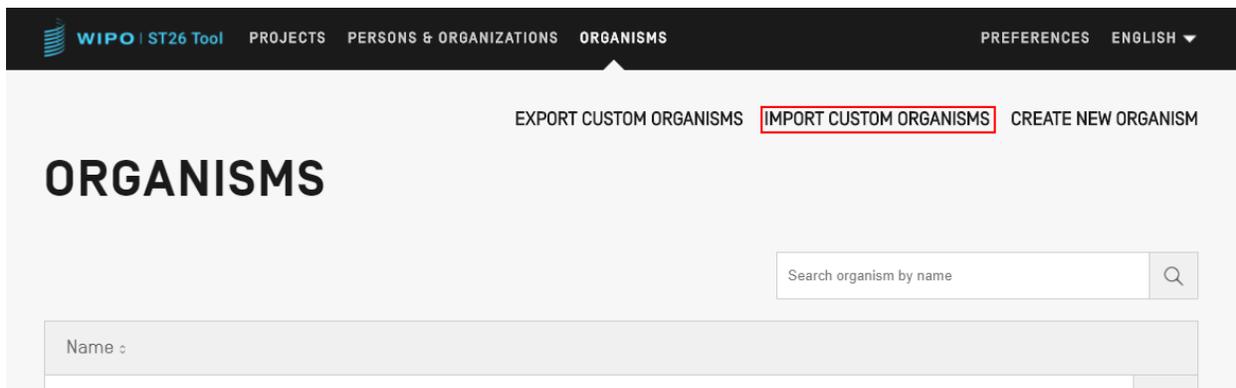


Abbildung 47: Benutzerdefinierte Organismen importieren: Schritt 1

Zum Importieren einer Liste von benutzerdefinierten Organismen muss der Benutzer zunächst auf den in der Ansicht oben befindlichen Link "IMPORT CUSTOM ORGANISMS" (Benutzerdefinierte Organismen importieren) klicken (siehe Abbildung 47). Dadurch wird ein Overlay unterhalb der Tabelle der Organismen geöffnet (siehe Abbildung 48).

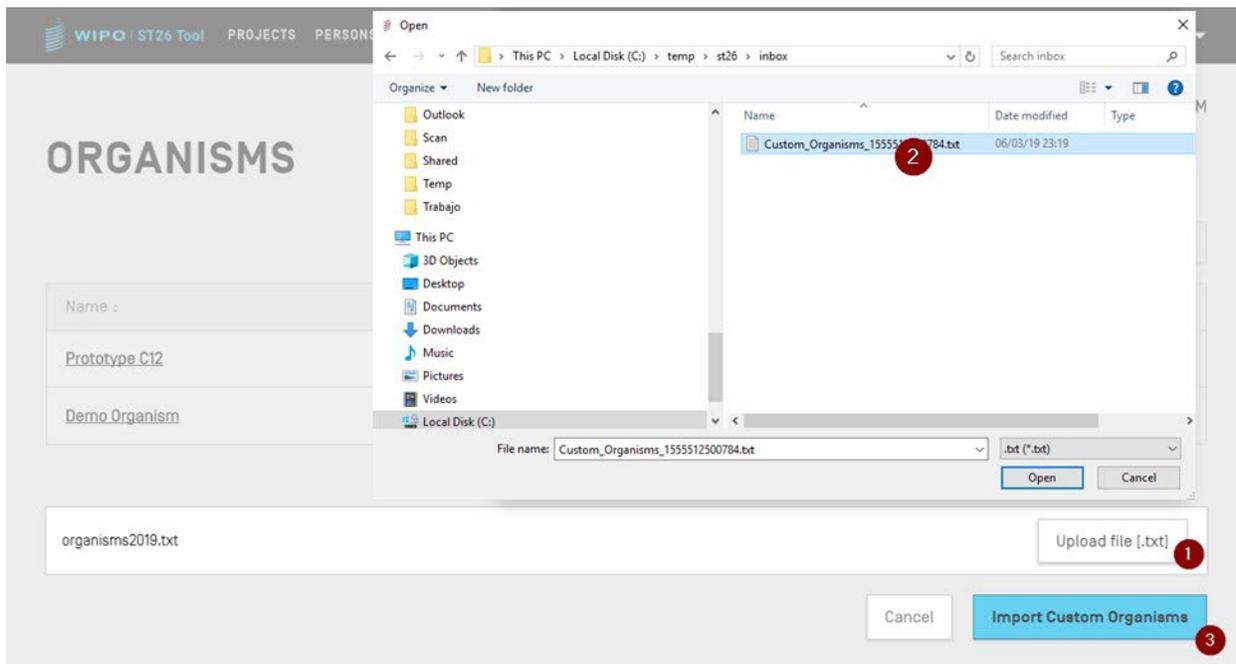


Abbildung 48: Benutzerdefinierte Organismen importieren: Dialogbox

- 1) Klicken Sie auf die Schaltfläche "Upload file [.txt]" (Datei [.txt] hochladen) (1) (siehe Abbildung 48).
- 2) Wählen Sie die Datei mit den benutzerdefinierten Organismen aus dem Dialogfeld aus (2).
- 3) Klicken Sie abschließend auf die blaue Schaltfläche "Import Custom Organisms" (Benutzerdefinierte Organismen importieren) (3).

Hinweis:

Die zu importierende Datei ist eine Textdatei (*.txt) mit einer Liste von benutzerdefinierten Organismenamen in Klartext (UTF-8), wobei jedes Element in einer neuen Zeile steht.

SYSTEMEINSTELLUNGEN

Die Ansicht Systemeinstellungen ermöglicht die Änderung mehrerer Konfigurationsparameter von WIPO Sequence. Diese Parameter gelten für jedes vom Tool erstellte oder bearbeitete Projekt (siehe Abbildung 44).

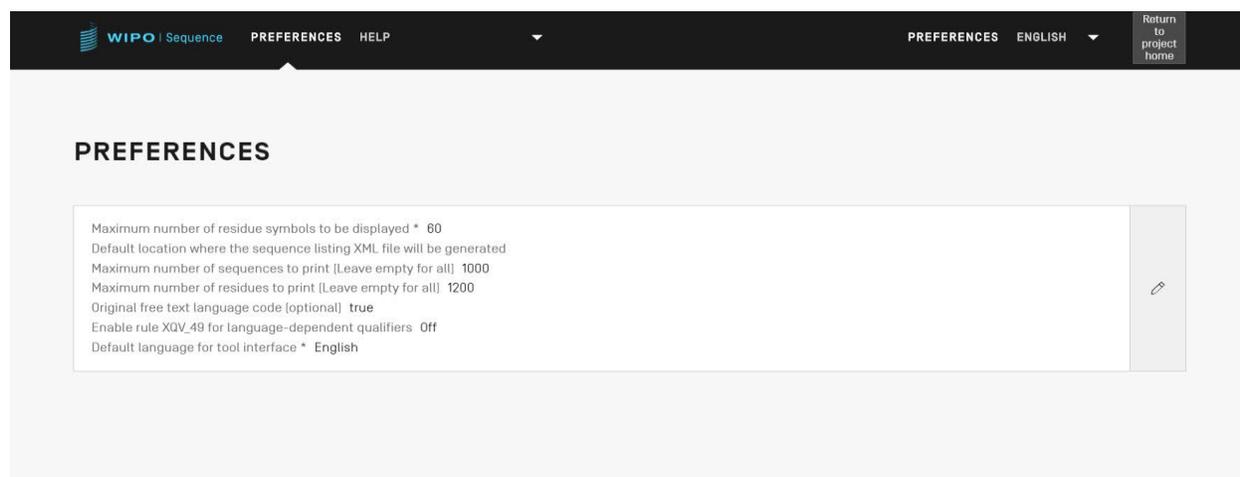
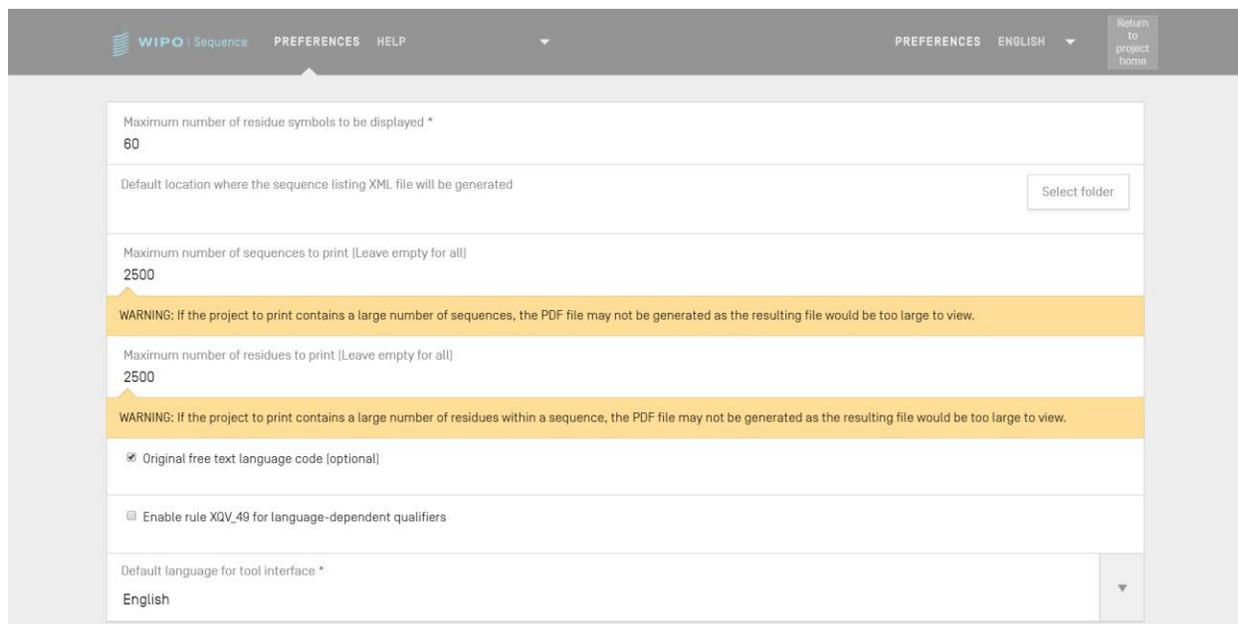


Abbildung 49: Zusammenfassung der Systemeinstellungen

Zum Ändern der Systemeinstellungen sollte der Benutzer auf das oben gezeigte Stiftsymbol klicken, um das in Abbildung 49 gezeigte Bearbeitungsbedienfeld zu öffnen:



WIPO | Sequence PREFERENCES HELP

PREFERENCES ENGLISH Return to project home

Maximum number of residue symbols to be displayed *
60

Default location where the sequence listing XML file will be generated Select folder

Maximum number of sequences to print [Leave empty for all]
2500

WARNING: If the project to print contains a large number of sequences, the PDF file may not be generated as the resulting file would be too large to view.

Maximum number of residues to print [Leave empty for all]
2500

WARNING: If the project to print contains a large number of residues within a sequence, the PDF file may not be generated as the resulting file would be too large to view.

Original free text language code [optional]

Enable rule XQV_49 for language-dependent qualifiers

Default language for tool interface *
English

Abbildung 50: Systemeinstellungen konfigurieren

Die Liste der Konfigurationselemente, die in dieser Ansicht (in der Reihenfolge) geändert werden können, umfasst:

- **Maximale Anzahl der anzuzeigenden Restesymbole:** dieser Parameter legt die Anzahl der Reste fest, die bei der Anzeige einer Sequenz pro Zeile angezeigt werden. Die Standardeinstellung ist 60 Reste.
- **Standardspeicherort, an dem die ST.26-Sequenzprotokolldatei (.xml) generiert wird:** dieser Speicherort muss nicht angegeben werden.
- **Maximale Anzahl der zu druckenden Sequenzen (alle, falls keine Zahl angegeben wird):** die Standardeinstellung ist 1000 Sequenzen.
- **Maximale Anzahl der zu druckenden Reste (alle, falls keine Zahl angegeben wird):** die Standardeinstellung ist 1200 Reste.
- **Originaler Freitext-Sprachcode (Original free text language code):** wenn dieses Kontrollkästchen aktiviert ist, wird bei der Validierung eine Warnung ausgegeben, wenn der originale Freitext-Sprachcode nicht angegeben ist. Diese Option ist standardmäßig deaktiviert.
- **XQV_49 aktivieren (Enable XQV_49):** wenn dieses Kontrollkästchen aktiviert ist, wird eine Warnung ausgegeben, wenn kein englischer Wert für einen sprachabhängigen Freitext-Qualifier angegeben ist. Diese Option ist standardmäßig deaktiviert.
- **Standardsprache der Benutzeroberfläche:** dies ist die Sprache, in der die Benutzeroberfläche beim Starten von WIPO Sequence angezeigt wird. Standardmäßig

ist dies Englisch.

Hinweis:

Der dritte und vierte Parameter sind relevant, wenn das Projekt als PDF gedruckt wird. Bitte beachten Sie, dass bei sehr umfangreichen Sequenzprotokollen das resultierende PDF mehrere tausend Seiten umfassen und nicht angezeigt werden kann.

PROJEKTDDETAILS

In diesem Abschnitt werden die in der Ansicht Projektdetails bereitgestellten Funktionen genauer beschrieben.

Projekt drucken

Zum Drucken eines Projekts muss der Benutzer die Ansicht Projektdetails des gewünschten Projekts aufrufen und in der Ansicht oben auf "Print" (Drucken) klicken (siehe Abbildung 51).

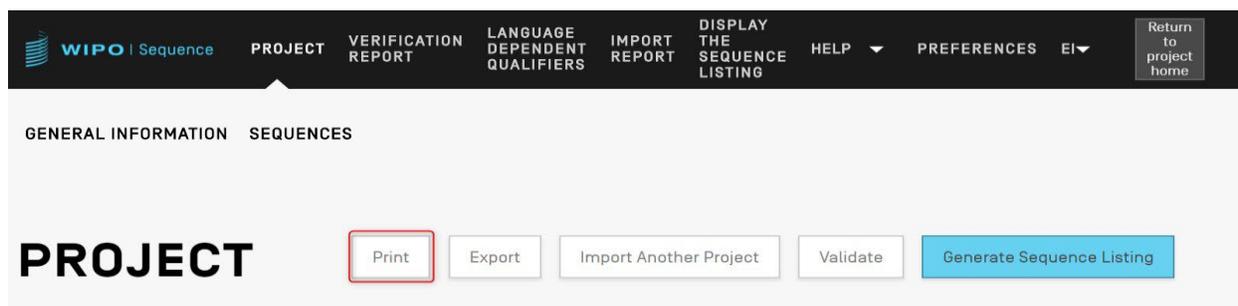


Abbildung 51: Projekt drucken: Schritt 1

Als Nächstes werden dem Benutzer zwei Kontrollkästchen angezeigt, aus denen er wählen kann, welche Informationen aus dem Projekt gedruckt werden sollen: Allgemeine Informationen und/oder Sequenzinformationen (siehe Abbildung 52).

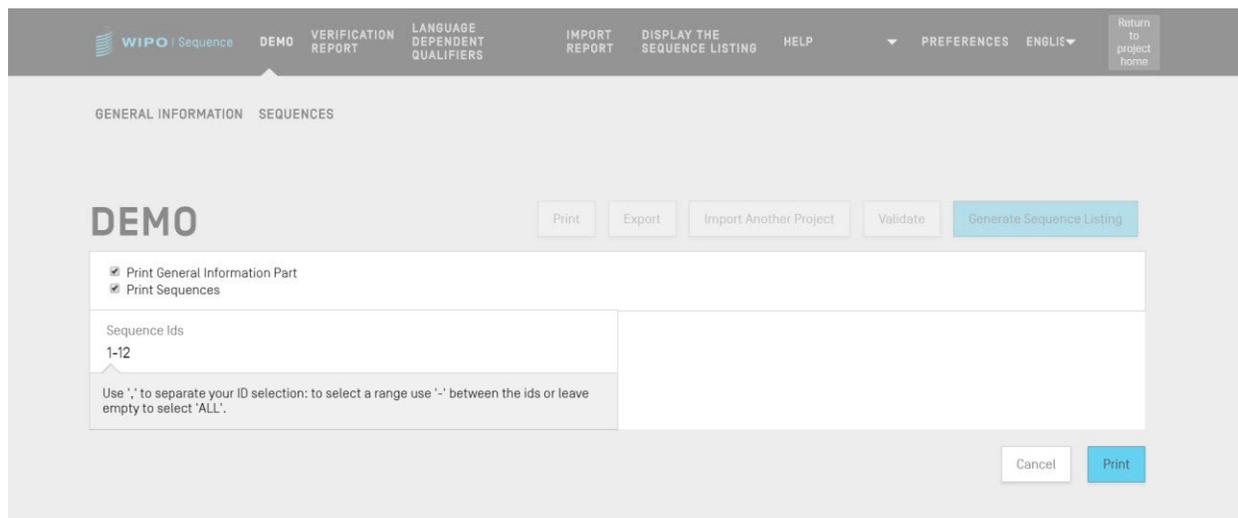


Abbildung 52: Projekt drucken: Schritt 2

Bei der Auswahl von "Print Sequences" (Sequenzen drucken) kann der Benutzer angeben, welche Sequenzen gedruckt werden sollen, indem er den Bereich der ID-Nummern im Feld "Sequence-IDs" angibt, oder er entscheidet sich, alle Sequenzen zu drucken, indem er dieses

Feld leer lässt.

Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des Projekts als Bereich angezeigt. Sobald die blaue Schaltfläche "Print" (Drucken) angeklickt wird, öffnet das Tool bei einer korrekten Erstellung der PDF-Datei die Datei in einem PDF-Reader zur Überprüfung durch den Benutzer.

Anweisungen zum Herunterladen der PDF-Datei finden Sie in Abbildung 9.

Projekt exportieren

Ein Projekt kann in eine .zip-Datei exportiert werden, damit der Benutzer die Projektdaten sichern oder alternativ mit einem anderen Desktop-Computer, auf dem WIPO Sequence installiert ist, importieren kann, indem die Schritte wie im folgenden Abschnitt beschrieben befolgt werden (siehe Abbildung 53).

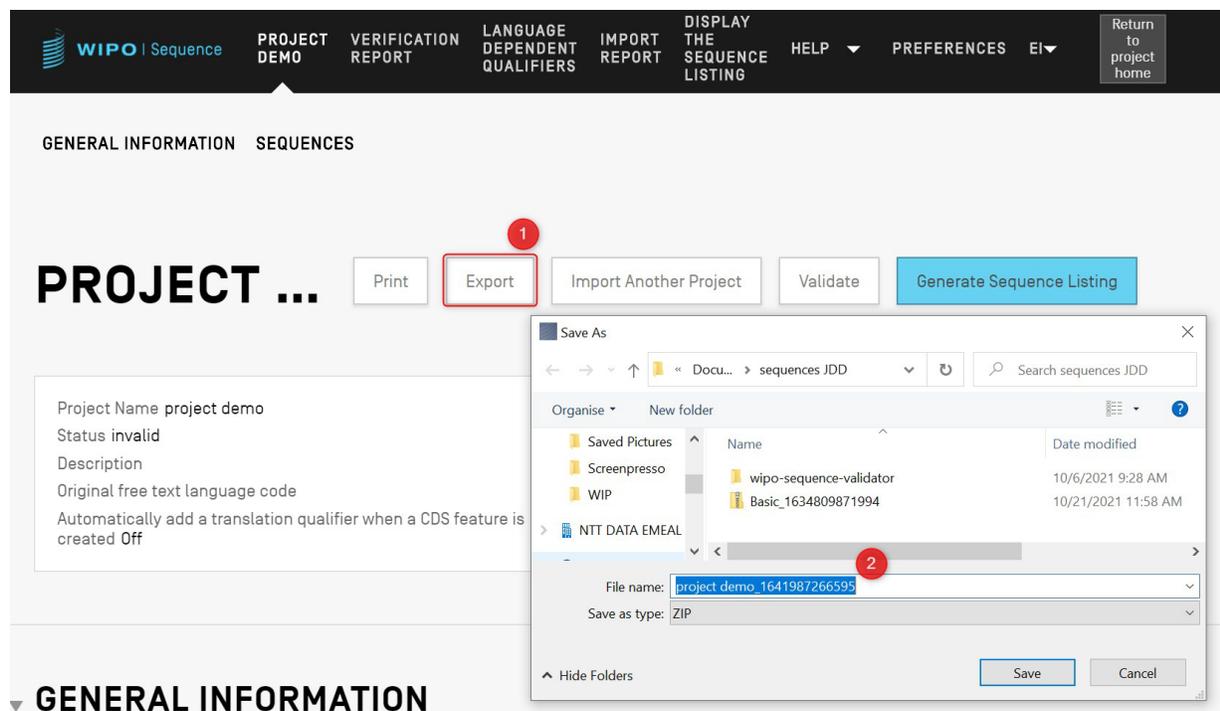


Abbildung 53: Projekt exportieren: Dialogbox

- 1) Klicken Sie oben in der Ansicht Projektdetails auf die Schaltfläche "Export" (Exportieren).
- 2) Wählen Sie im sich daraufhin öffnenden Dialogfeld den Dateinamen und den gewünschten Speicherort für das Projekt aus.

Wurde das Projekt erfolgreich exportiert, erscheint auf dem Bildschirm oben ein blaues Banner mit dem gespeicherten Namen und Speicherort (siehe Abbildung 54).

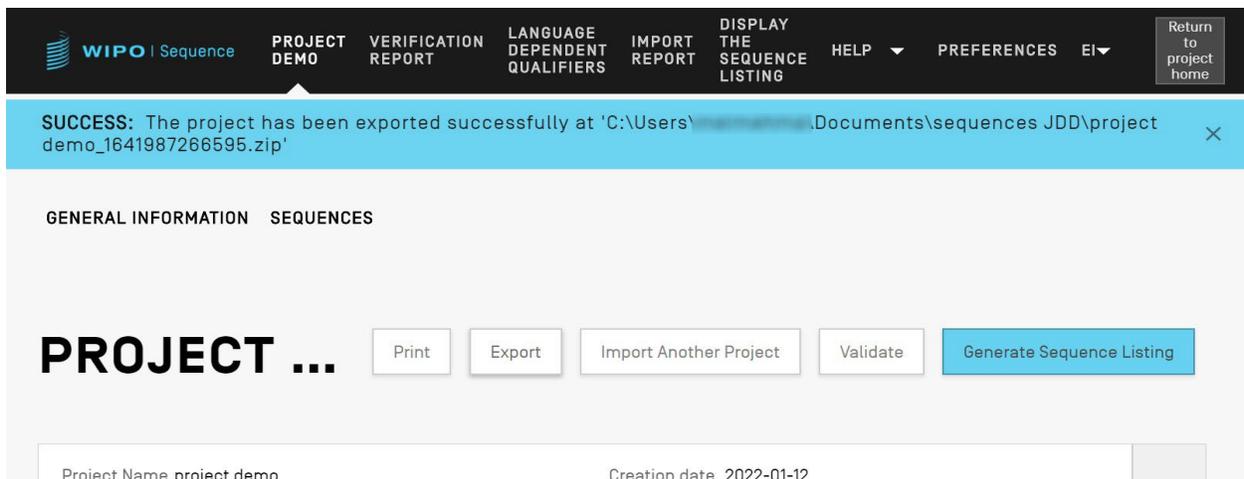


Abbildung 54: Projekt wurde erfolgreich exportiert

Informationen aus einem anderen Projekt importieren

Der Benutzer kann Informationen aus anderen Projekten, die im Tool gespeichert sind, in das aktuell geöffnete Projekt kopieren. Diese importierten Informationen können entweder der Abschnitt "General Information" (Allgemeine Informationen), der Abschnitt "Sequences" (Sequenzen) oder beide sein.

Hinweis: Importierte Allgemeine Informationen ersetzen die derzeit vorhandenen Allgemeinen Informationen im Projekt, während importierte Sequenzen an die aktuelle Liste der Sequenzen im Projekt angehängt werden.

Zu Beginn muss der Benutzer auf die in der Ansicht Projektdetails oben befindliche Schaltfläche "Import Another Project" (Weiteres Projekt importieren) klicken (siehe Abbildung 55).

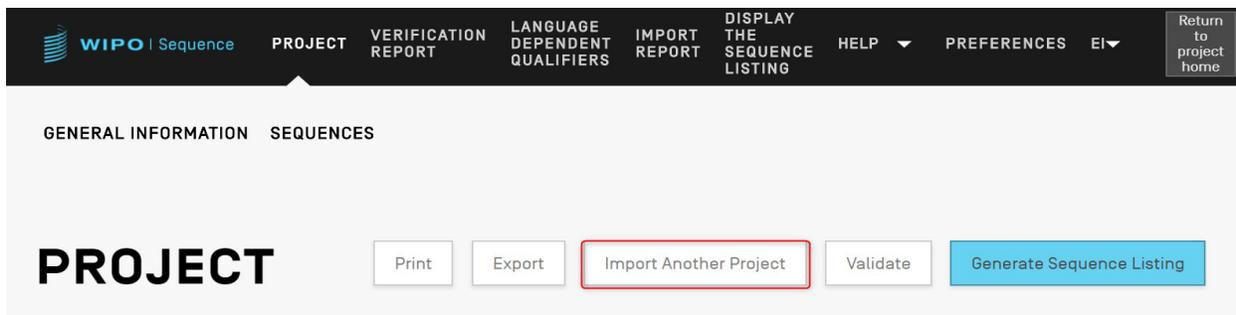


Abbildung 55: Weiteres Projekt importieren: Schritt 1

Das Tool öffnet ein Overlay (siehe Abbildung 56). Der Benutzer muss zuerst das Projekt auswählen, aus dem er Informationen importieren möchte.

BASIC

Project*

Select the general information contents to be imported

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

Cancel Import Project

Abbildung 56: Weiteres Projekt importieren: Schritt 2

Als Nächstes kann der Benutzer auswählen (siehe Abbildung 57), ob er Teile der Angaben im Abschnitt Allgemeine Informationen (1) des Projekts einbeziehen möchte. Will er auch Sequenzen importieren (2), muss er einen Bereich von Sequenz-ID-Nummern angeben (3), um festzulegen, welche der Sequenzen in das Projekt importiert werden sollen.

Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen des Projekts als Bereich angezeigt.

PROJECT DEMO

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.

3 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

Abbildung 57: Weiteres Projekt importieren: Schritt 3

Ist das Kontrollkästchen bezüglich der Allgemeinen Informationen aktiviert, wird eine Tabelle angezeigt, die alle Elemente des Abschnitts Allgemeine Informationen beider Projekte anzeigt: des aktuell ausgewählten (Ausgangs-)Projekts und des Zielprojekts (Ziel).

Hinweis:

Wird das Kontrollkästchen "Select the general information contents to be imported" (Wählen Sie die zu importierenden Allgemeinen Informationen aus) nicht aktiviert, werden keine Allgemeinen Informationen aus dem Sequenzprotokoll in das Projekt importiert.

Der Benutzer muss dann wählen, welche Elemente der Allgemeinen Informationen durch die Allgemeinen Informationen des entsprechenden Zielprojekts ersetzt werden sollen (siehe Abbildung 58).

| <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

Abbildung 58: Weiteres Projekt importieren: Schritt 4

Hat der Benutzer schließlich entschieden, welche Elemente der Allgemeinen Informationen und Sequenzen in das Projekt importiert werden sollen, muss er auf die unten befindliche blaue Schaltfläche "Import Project" (Projekt importieren) klicken (siehe Abbildung 58).

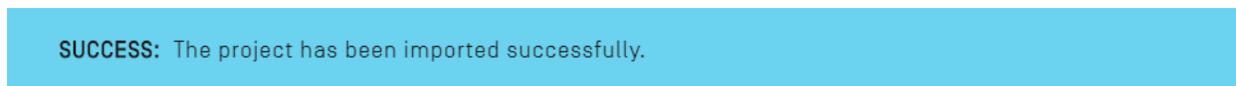


Abbildung 59: Weiteres Projekt wurde erfolgreich importiert

Wie in Abbildung 59 zu sehen, wird ein blaues Banner angezeigt, wenn die Elemente korrekt importiert wurden.

Projekt validieren

Bevor das Sequenzprotokoll als ST.26-konforme XML-Datei erstellt wird, wird ein Projekt zuvor eine Validierungsprüfung durchlaufen. Dieser Schritt wird immer vor der Generierung des Sequenzprotokolls durchgeführt, kann aber auch unabhängig davon erfolgen.

Zur Validierung eines Projekts muss der Benutzer auf die in der Ansicht Projektdetails oben befindliche Schaltfläche "Validate" (Validieren) klicken (siehe Abbildung 60).

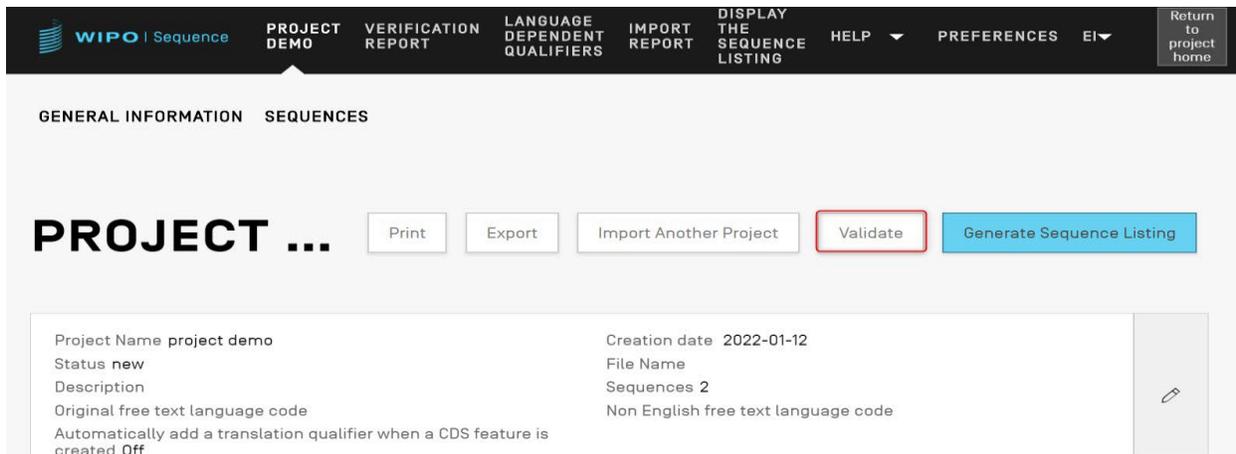


Abbildung 60: Projektvalidierung: Schritt 1

Nach Abschluss der Validierung wird die Ansicht "Verification Report" (Prüfbericht) geöffnet, in der alle eventuell generierten Prüffehler/Warnungen angezeigt werden. Abbildung 61 zeigt die Anzeige im Falle einer erfolgreichen Validierung.



Abbildung 61: Erfolgreiche Projektvalidierung

Werden während des Validierungsprozesses Fehler oder Warnungen festgestellt, so wird ein Prüfbericht mit einer Tabelle erstellt, in der die erkannten Prüffregeln und Richtlinien, gegen die verstoßen wurde, aufgeführt sind. Ein Beispielbericht ist in Abbildung 62 dargestellt. In jeder Zeile wird angegeben, ob es sich um einen Fehler handelt, der korrigiert werden muss, oder um eine Warnung, die vom Benutzer ignoriert werden kann.

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

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

Report generated on 2022-01-12

Delete selected sequences
Print Report

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

Abbildung 62: Projektvalidierung: Fehler/Warnungen

Sequenzprotokoll generieren

Die letzte und vielleicht wichtigste Aktion, die an einem Projekt durchgeführt werden kann, ist die Generierung des Sequenzprotokolls. Um das Sequenzprotokoll zu generieren, muss der Benutzer oben in der Ansicht Projektdetails auf die blaue Schaltfläche "Generate Sequence Listing" (Sequenzprotokoll generieren) klicken, die in Abbildung 63 markiert ist. Dadurch startet automatisch der Validierungsprozess, der zunächst für das Projekt ausgeführt wird.

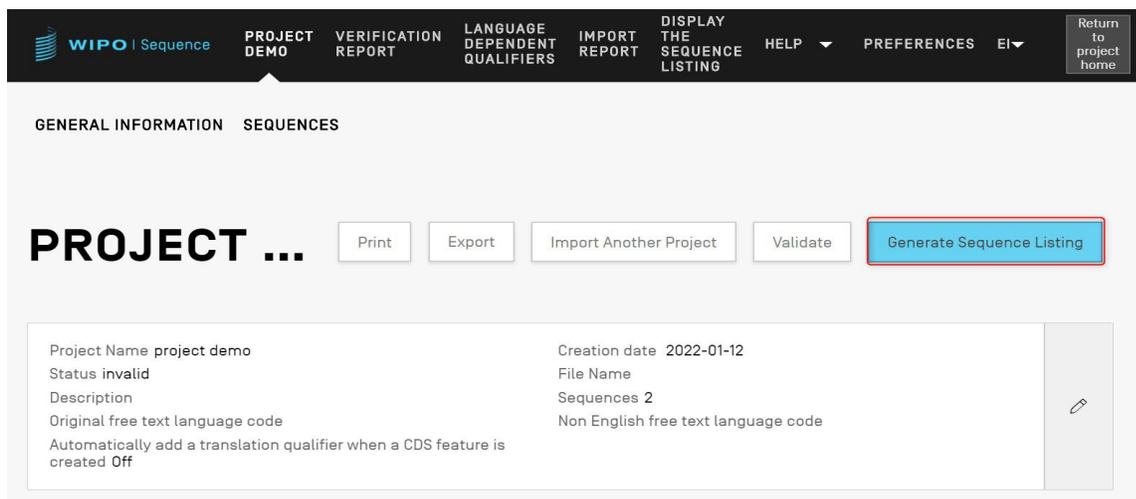


Abbildung 63: Sequenzprotokoll generieren

Wenn das Projekt den Validierungsprozess besteht, öffnet sich eine Dialogbox, in dem der Benutzer auswählen kann, wo das generierte ST.26-konforme Sequenzprotokoll (.xml) gespeichert werden soll, wie in Abbildung 64 markiert.

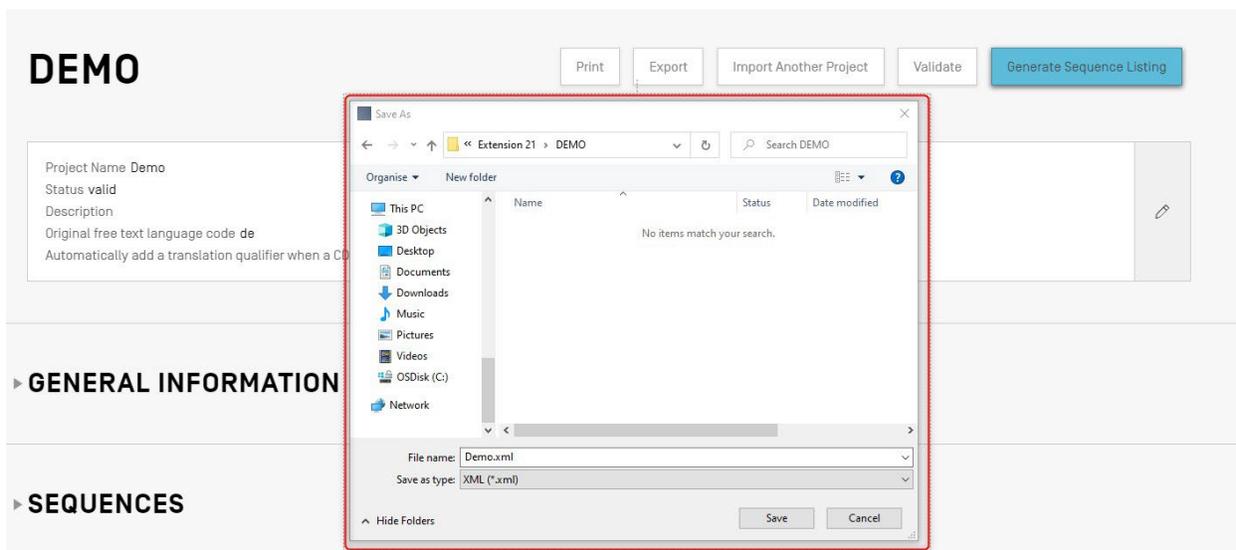


Abbildung 64: Sequenzprotokoll generieren: Dialogbox

Hinweis: Es besteht ein bekanntes Problem bei der Verwendung der Linux-Distribution: In der Standardeinstellung wird zusätzlich "\" beim Vorschlag eines Dateinamens angezeigt. Um dieses Problem zu beheben, entfernen Sie bitte manuell das zusätzliche "\" vor dem Speichern.

Wenn die Validierung des Projekts jedoch fehlschlägt, wird stattdessen die Ansicht Prüfbericht zusammen mit einem roten Banner angezeigt (siehe Abbildung 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 |

Abbildung 65: Sequenzprotokoll generieren: Fehler/Warnungen

Allgemeine Informationen

In diesem Abschnitt kann der Benutzer Informationen in Bezug auf die Patentanmeldung eingeben, die verwendet werden, um das generierte Sequenzprotokoll mit dieser Anmeldung zu verknüpfen.

Identifikation der Anmeldung

Der Unterabschnitt "Application Identification" (Identifikation der Anmeldung) des Abschnitts Allgemeine Informationen bezieht sich auf den Status der Patentanmeldung und Informationen zum ausgewählten Projekt (siehe Abbildung 66).

▼ GENERAL INFORMATION

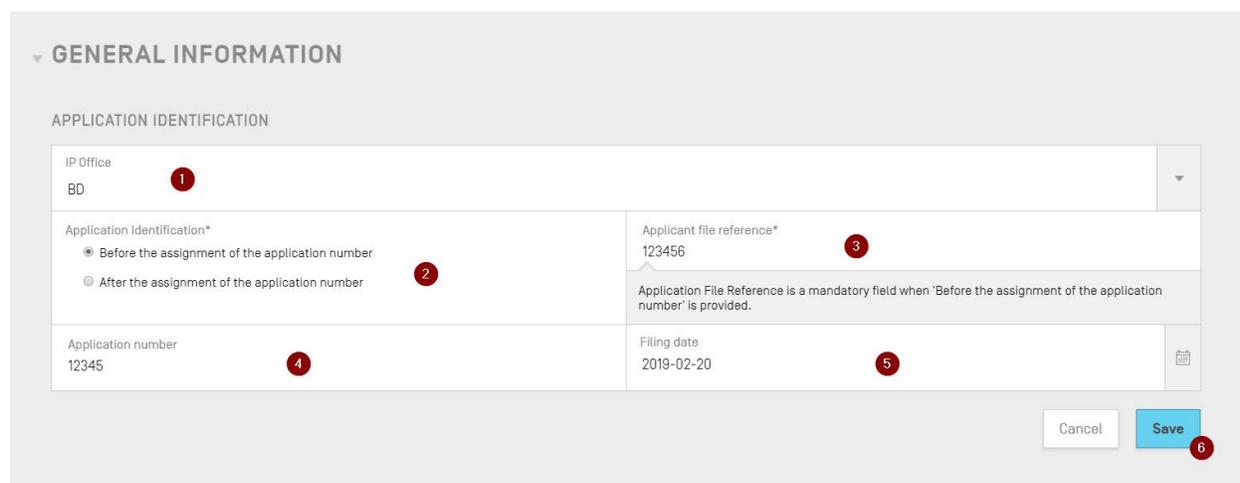
APPLICATION IDENTIFICATION

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

Abbildung 66: Identifikation der Anmeldung bearbeiten

Um Informationen innerhalb des Unterabschnitts "Application Identification" zu bearbeiten, klicken Sie auf das markierte Stiftsymbol rechts neben dem Unterabschnitt. Der Benutzer muss dann Informationen basierend auf den folgenden Schritten angeben (siehe Abbildung 67):

- 1) Wenn der Anmeldung bereits eine Anmeldenummer erteilt wurde, muss der Benutzer den Code des Amtes für geistiges Eigentum ("IP-Office") auswählen, bei dem die Anmeldung eingereicht wurde. Dies ist der WIPO ST.3-Code.
- 2) Durch Auswahl des entsprechenden Optionsfeldes muss der Benutzer angeben, ob ihm die Anmeldenummer bereits mitgeteilt wurde oder nur innerhalb einer Anmelde-datei bereitgestellt wurde.
- 3) Falls die Anmeldenummer nicht vorliegt, MUSS der Benutzer in diesem Feld das Aktenzeichen des Anmelders angeben.
- 4) Wenn bereits eine Anmeldenummer erteilt wurde, sollte der Benutzer die für das Patent vorgesehene Anmeldenummer eingeben.
- 5) Wählen Sie dann das Anmeldedatum der Anmeldung in der Datumsauswahl aus, falls ein Datum erteilt wurde.
- 6) Klicken Sie auf die blaue Schaltfläche „Save“.



▼ GENERAL INFORMATION

APPLICATION IDENTIFICATION

| | |
|---|---|
| IP Office BD 1 | |
| Application Identification* <input checked="" type="radio"/> Before the assignment of the application number 2 <input type="radio"/> After the assignment of the application number | Applicant file reference* 123456 3 <small>Application File Reference is a mandatory field when 'Before the assignment of the application number' is provided.</small> |
| Application number 12345 4 | Filing date 2019-02-20 5 |

6

Abbildung 67: Identifikation der Anmeldung: Bearbeitungsbedienfeld

Hinweis: Unabhängig davon, was eingegeben wird, wird im Prüfbericht immer eine Warnung angezeigt, die darauf hinweist, dass die Anmeldenummer fehlt ("The application identification number is absent. The application number is mandatory if the application number has been assigned."). Die Anmeldenummer ist obligatorisch, falls eine solche erteilt wurde.

Prioritäts-Identifikation

Zum Hinzufügen einer Prioritätsanmeldung zu dem Projekt muss der Benutzer auf die Schaltfläche "Add Priority Application" (Prioritätsanmeldung hinzufügen) im Abschnitt Allgemeine Informationen der Ansicht Projektdetails klicken (siehe Abbildung 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

Abbildung 68: Prioritätsanmeldung bearbeiten/hinzufügen: Schritt 1

Um die aktuell ausgewählte Prioritätsanmeldung als die früheste festzulegen, muss der Benutzer im Dropdown-Menü "Selected Earliest Priority Application" (Ausgewählte früheste Prioritätsanmeldung) die Option "Yes" wählen. Dadurch wird diese Prioritätsanmeldung als die früheste Prioritätsanmeldung festgelegt oder der Status wird zu dieser geändert, wenn das Sequenzprotokoll erstellt wird.

Um den Vorgang abzuschließen, klicken Sie im Overlay auf die blaue Schaltfläche "Add Priority Application" (Prioritätsanmeldung hinzufügen) (siehe Abbildung 69).

PRIORITY IDENTIFICATION

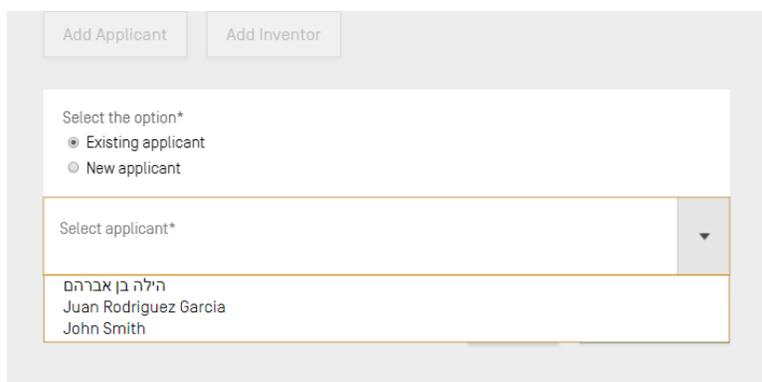
| | | |
|---------------------|---|--|
| IP Office* | Filing date Date | |
| Application number* | Selected Earliest Priority Application* | |

Abbildung 69: Prioritätsanmeldung: Bearbeitungsbedienfeld

Anmelder & Erfinder

Um dem Projekt Daten zu einem neuen Anmelder oder Erfinder hinzuzufügen, muss der Benutzer im Abschnitt Allgemeine Informationen der Ansicht Projektdetails auf die Schaltfläche "Add Inventor" (Erfinder hinzufügen) oder "Add Applicant" (Anmelder hinzufügen) klicken. Die Schritte für beide Aktionen sind identisch, sodass nachfolgend nur allgemeine Anweisungen aufgeführt sind. Dieser Vorgang muss jedoch zweimal wiederholt werden, wenn sowohl ein Anmelder als auch ein Erfinder dem Projekt hinzugefügt werden sollen, selbst wenn der Anmelder auch der Erfinder ist.

Ein Overlay mit zwei Optionsfeldern wird geöffnet (siehe Abbildung 70). Bei der Auswahl "Existing applicant/inventor" (Bestehender Anmelder/Erfinder) kann der Benutzer aus einem Dropdown-Feld wählen, das aktuell gespeicherte Personen und Organisationen innerhalb der lokalen Instanz des Desktop-Tools auflistet. Abbildung 70 zeigt eine Liste mit drei bestehenden Anmeldern, darunter "John Smith".



The image shows a software interface for adding an applicant or inventor. At the top, there are two buttons: "Add Applicant" and "Add Inventor". Below them is a form with the following elements:

- A label "Select the option*" followed by two radio buttons: "Existing applicant" (which is selected) and "New applicant".
- A dropdown menu labeled "Select applicant*" with a downward arrow on the right. The menu is open, showing a list of names: "הילה בן אברהם", "Juan Rodriguez Garcia", and "John Smith".

Abbildung 70: Bestehenden Anmelder/Erfinder hinzufügen

Bei der Auswahl "New applicant/inventor" (Neuer Anmelder/Erfinder) muss der Benutzer das Bearbeitungsbedienfeld auf die gleiche Weise ausfüllen wie beim Erstellen einer neuen Person/Organisation (siehe Abbildung 71).

Hinweis: Nur ein Anmelder ist erforderlich, damit das Sequenzprotokoll als gültig angesehen wird. Daher muss ein Anmelder und/oder Erfinder als Hauptanmelder gekennzeichnet werden. Dies ist der Anmelder/Erfinder, der in dem generierten Sequenzprotokoll erscheint.

Sobald die Details vollständig sind, klickt der Benutzer auf die Schaltfläche "Add Applicant/Inventor" (Anmelder/Erfinder hinzufügen), wie in Abbildung 71 angezeigt. Da die unten gezeigten Pflichtfelder noch nicht ausgefüllt sind, kann der Benutzer den Anmelder nicht hinzufügen und die blaue Schaltfläche "Add Applicant" ist ausgegraut.

| | |
|--|--|
| Select the option* | |
| <input type="radio"/> Existing applicant | |
| <input checked="" type="radio"/> New applicant | |
| Name* | Residence Address |
| Language* | Correspondence Address |
| Name Latin | Mark as primary <input type="checkbox"/> |

Cancel Add Applicant

Abbildung 71: Neuen Anmelder/Erfinder hinzufügen

Bezeichnung der Erfindung

"Invention Title" (Bezeichnung der Erfindung) ist der letzte Unterabschnitt innerhalb des Abschnitts Allgemeine Informationen.

- Um eine neue Bezeichnung der Erfindung hinzuzufügen, klicken Sie auf die Schaltfläche "Add Invention title" (Bezeichnung der Erfindung hinzufügen) (siehe Abbildung 72).

INVENTION TITLE

Add Invention title

| | |
|------------------|-----------|
| Invention title* | Language* |
|------------------|-----------|

Cancel Add Invention title

Abbildung 72: Bezeichnung der Erfindung hinzufügen: Bearbeitungsbedienfeld

- In diesem Overlay muss der Benutzer die Bezeichnung der Erfindung eingeben und außerdem angeben, in welcher Sprache die Bezeichnung bereitgestellt wird.
- Klicken Sie auf die blaue Schaltfläche "Add Invention title".

Hinweis: Gemäß WIPO ST.26 ist es für ein Sequenzprotokoll obligatorisch, dass die Bezeichnung der Erfindung in der Sprache der Einreichung angegeben wird. Ein Projekt kann jedoch optional auch mehr als eine Bezeichnung der Erfindung in zusätzlichen Sprachen enthalten, doch nur eine Bezeichnung der Erfindung pro Sprache. Jede neue Bezeichnung der Erfindung kann mittels der oben erwähnten Schritte hinzugefügt werden.

Sequenzen

Im Abschnitt "Sequences" (Sequenzen) der Ansicht Projektdetails gibt der Benutzer die technischen Informationen zu den Sequenzen selbst an.

Um eine Sequenz zu erstellen/zu importieren/einzufügen/neu zu ordnen, muss der Benutzer nach unten zum Abschnitt "Sequences" am unteren Rand der Ansicht Projektdetails scrollen. In den folgenden Unterabschnitten erhalten Sie weitere Informationen zu den Schritten, die zur Durchführung dieser Aktionen erforderlich sind.

Sequenz erstellen

- 1) Klicken Sie auf die Schaltfläche "Create new sequence" (Neue Sequenz erstellen) (siehe Abbildung 73).

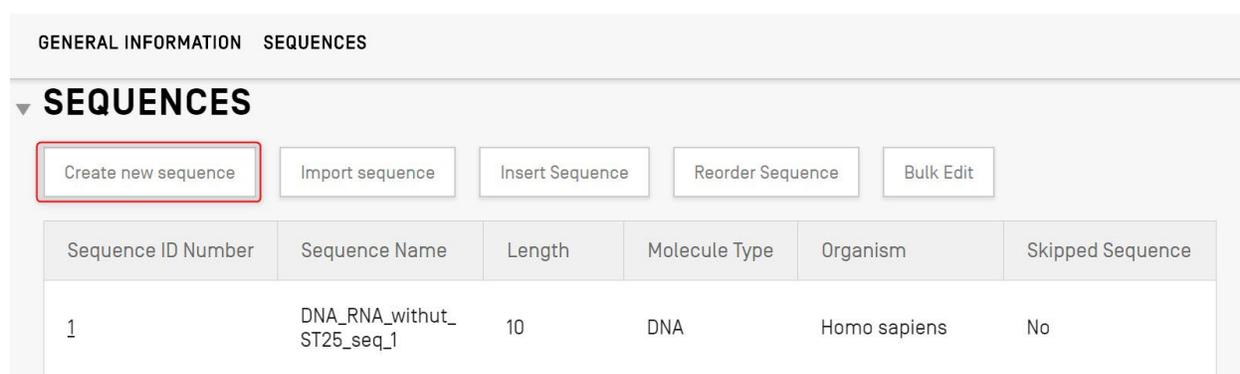


Abbildung 73: Neue Sequenz erstellen: Schritt 1

Die restlichen Schritte sind in Abbildung 74 dargestellt:

- 2) Der Benutzer kann wahlweise einen Namen angeben, indem er einen Wert in das Feld "Sequence name" (Sequenzname) eingibt, um diese Sequenz leichter unterscheiden zu können. Bleibt das Feld leer, vergibt das Desktop-Tool für jede neue Sequenz einen Standardwert mit dem Standardnamen, beginnend mit "Seq" und einer darauf folgenden iterativ aufsteigenden Nummer ("Seq_1", "Seq_2", "Seq_3") (1).

Der Benutzer muss eine der drei in ST.26 zulässigen und in der Dropdown-Box angebotenen Molekülarten auswählen ("DNA", "RNA" & "AA") (2). Die Sequenz selbst muss in das⁵ Textfeld "Residues" (Reste) (3) eingegeben werden. Wenn der Benutzer eine Sequenz sowohl mit DNA- und RNA-Segmenten erstellen möchte, muss DNA als die Hauptmolekülart ausgewählt werden.

Der Benutzer muss auch einen Organismenamen für die zu erstellende Sequenz auswählen, da dies ein Pflichtfeld ist. Dieser kann entweder aus einer Liste vordefinierter

⁵ Siehe WIPO-Standard ST.26 - Anhang I, Abschnitte 1 & 3 für die Tabellen der gültigen Nukleotidsymbole & Aminosäuresymbole

Organismen in der Desktop-ToolDatenbank oder einem der benutzerdefinierten Organismen ausgewählt werden, die vom Benutzer erstellt und lokal gespeichert wurden. Bei Eingabe des Namens des Organismus erscheint eine Dropdown-Liste mit Optionen aus beiden Quellen (4).

Der Benutzer kann den Organismus auch klassifizieren, indem er einen "Qualifier Molecule Type" ⁶ aus einer Dropdown-Box (5) auswählt, die Werte liefert, die je nach der zuvor ausgewählten Molekülart variieren.

Wenn "Mark as an intentionally skipped sequence" (Als absichtlich übersprungene Sequenz markieren) (6) aktiviert ist, werden im Bedienfeld "Sequence" alle Einschränkungen für die Angabe von Werten für Pflichtelemente aufgehoben und die resultierende gespeicherte Sequenz wird bei der Validierung des Projekts und der Erstellung eines Sequenzprotokolls ignoriert (der Wert für die Reste wird als "000" angegeben).

Wenn "The sequence contains both DNA & RNA segments" (die Sequenz enthält sowohl DNA- als auch RNA-Segmente) aktiviert ist (6), erweitert sich das Bedienfeld um Felder, die es dem Benutzer ermöglichen, jedes DNA- und RNA-Segment mit einem "misc_feature"-Merkmal zu beschreiben. Die Position jedes der definierten Segmente wird in einem anderen "misc_feature"-Merkmal (7) der Sequenz gespeichert, zusammen mit einem "note"-Qualifier innerhalb jedes "misc_feature" mit der Molekülart, gefolgt von dem "Further Text"-Textfeldwert in jedem "misc_feature". Ein Benutzer kann so viele dieser Merkmale wie nötig erstellen, indem er auf die Schaltfläche "Add new 'misc_feature' feature" (Neues 'misc_feature'-Merkmal hinzufügen) klickt. Dies muss für alle Segmente in der gesamten Sequenz erfolgen: sowohl für DNA- **als auch** für RNA-Segmente.

⁶ Siehe WIPO-Standard ST.26 – Anhang I, Abschnitte 6 & 8 für die Qualifier-Werte für den "mol type"-Eintrag unter der Nukleotide- bzw. Aminosäurentabelle

Abbildung 74: Neues Sequenz erstellen: Bearbeitungsbedienfeld

- 3) Zum Abschluss kann der Benutzer auf die graue Schaltfläche "Create sequence" (Sequenz erstellen) oder auf die blaue Schaltfläche "Create & Display Sequence" (Sequenz erstellen und anzeigen) klicken.

Durch Klicken auf die blaue Schaltfläche "Create & Display sequence" wird eine zusammenklappbare Sequenzanzeige geöffnet, die nach der Erstellung der Sequenz unter dem Abschnitt "Sequences" in der Ansicht Projektdetails geöffnet wird, damit der Benutzer die Werte überprüfen kann.

Die neu erstellte Sequenz befindet sich an der letzten Position in der Liste der Sequenzen mit der nächsten verfügbaren Sequenz-ID-Nummer. Das Beispiel einer neu erstellten Sequenz ist in Abbildung 75 dargestellt.

Einzelheiten zum Neuordnen der Sequenzliste finden Sie in Abbildung 85 und Abbildung 86.

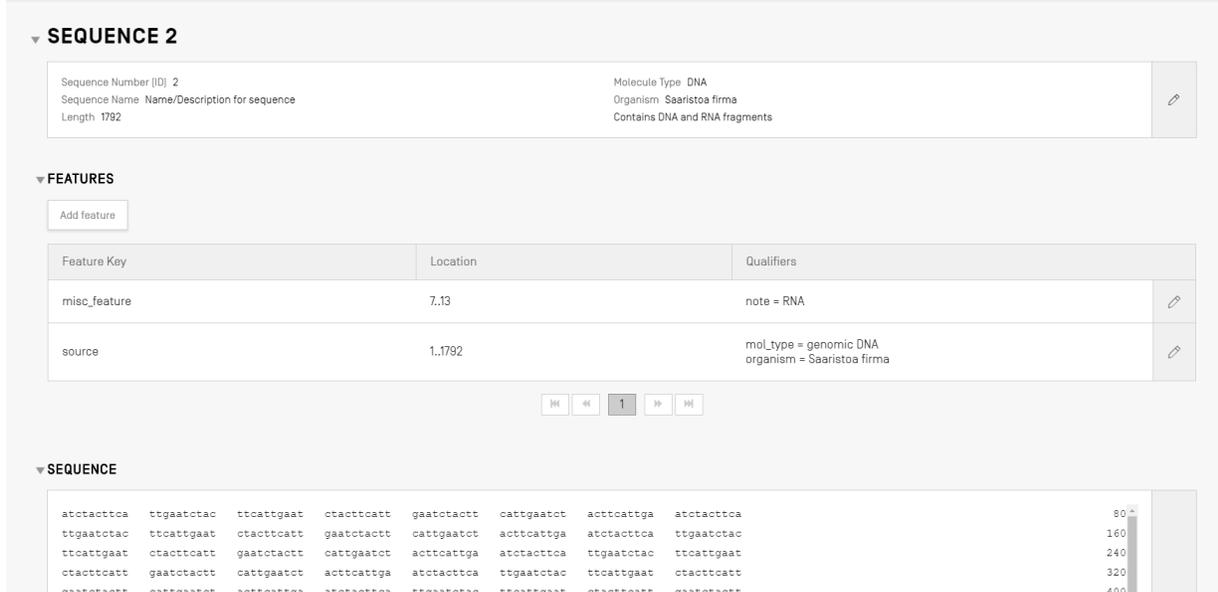


Abbildung 75: Neue Sequenz im Projekt gespeichert

Sequenz importieren

Sequenzen können auch direkt aus Dateien in ein Projekt importiert werden. Die akzeptierten Dateiformate⁷ sind **RAW**, **Multi-Sequence**, **FASTA**, **ST.26** und **ST.25**. Bei Auswahl erkennt WIPO Sequence automatisch das in der Datei verwendete Format.

- 1) Klicken Sie auf "Import sequence" (Sequenz importieren), wie in Abbildung 76 markiert.

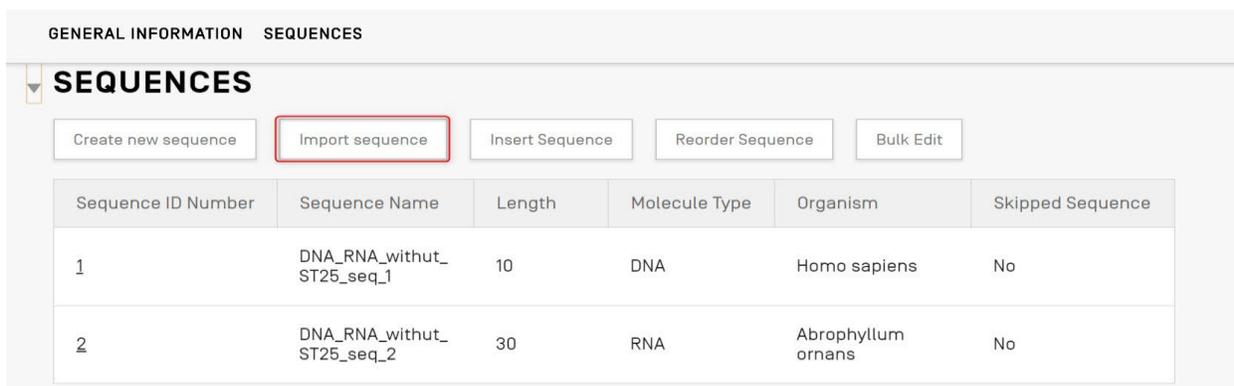


Abbildung 76: Sequenz importieren: Schritt 1

- 2) Klicken Sie auf "Upload file [.txt]" (Datei [.txt] hochladen) (siehe Abbildung 77).

Nach Öffnen des Dialogfelds wählen Sie die Datei mit den zu importierenden Sequenzdaten aus. Das Desktop-Tool erkennt das verwendete Format und führt beim Import einige Validierungsprüfungen durch.

⁷ Siehe Abschnitt Dateiformate dieses Dokuments

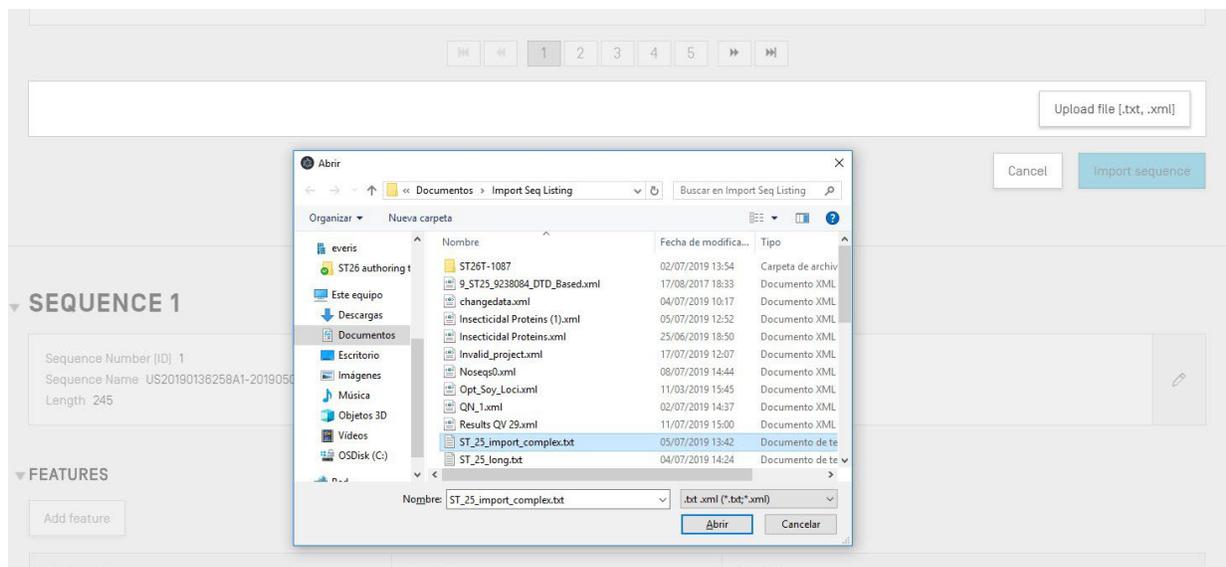


Abbildung 77: Sequenz importieren: Dialogbox

Fünf Formate werden vom Tool zum Importieren von Sequenzen akzeptiert: RAW, Multi-Sequence, FASTA, ST.26 und ST.25. Das Format, in dem diese Dateien bereitgestellt werden müssen, wird im letzten Abschnitt dieses Dokuments beschrieben.

Im Falle der Auswahl einer Datei im ST.25- oder ST.26-Format (siehe Abbildung 78) erscheint zunächst ein Kontrollkästchen "Select Range Sequences" (Sequenzbereich auswählen) (1). Wird dieses Kästchen aktiviert, öffnet sich eine Tabelle (2) mit den Sequenz-ID-Nummern jeder Sequenz in der Datei und der Reihenfolge, in der sie an die Liste der Sequenzen im Projekt angehängt werden.

Will der Benutzer nicht alle Sequenzen in das Projekt importieren, kann er den gewünschten Bereich von Sequenz-ID-Nummern angeben (3).

Es kann sowohl eine einzelne Sequenz, als auch eine Liste von durch Kommas getrennten Sequenzen oder ein Sequenzbereich in der Form $x-y$ eingegeben werden.

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

C:\V\...Downloads\valid1.xml Upload file [.txt, .xml, .FASTA]

1 Enter the sequences to be imported

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

3 Select Range of Sequence IDs.
1-3

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

Abbildung 78: Sequenz importieren: Format ST.25/ST.26

Beim Importieren einer Datei im Multi-Sequence-Format (siehe Abbildung 79) wird dem Benutzer das Kontrollkästchen "Select Range Sequences" (Sequenzbereich auswählen) **(1)** angezeigt, das bei Aktivierung eine Vorschautabelle mit den Sequenz-ID-Nummern der entsprechenden Sequenzen in der Datei sowie die Details jeder Sequenz in der Spalte "Detail" anzeigt **(2)**: einschließlich Sequenzname, Molekülart und Organismusname.

Der Benutzer muss den Bereich der Sequenz-ID-Nummern auswählen, den er in die Liste der Sequenzen innerhalb des Projekts importieren möchte **(3)**. Standardmäßig wird die Gesamtzahl der Sequenzen der ausgewählten Sequenzprotokolldatei als ein Bereich angezeigt.

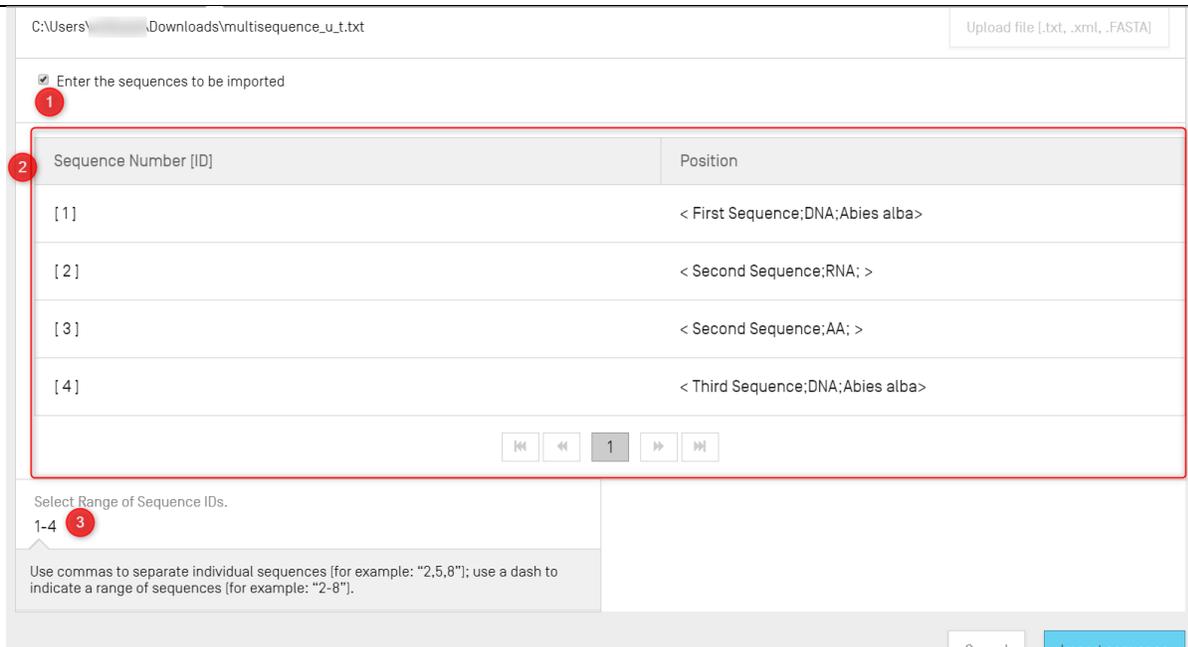


Abbildung 79: Sequenz importieren: Multi-Sequence-Format

Die letzten beiden Formate, die vom Prozess des Sequenzenimports akzeptiert werden, sind die Dateiformate RAW und FASTA (siehe den Abschnitt zu den Dateiformaten). Diese Formate definieren nur eine einzelne Sequenz pro Datei. Wird eine RAW-Datei für den Import ausgewählt, zeigt das Tool das Bearbeitungsbedienfeld wie in Abbildung 80 an, und wird eine FASTA-Datei importiert, zeigt es das Bearbeitungsbedienfeld wie in Abbildung 81 an. Der Benutzer sollte fortfahren und die Pflichtfelder ausfüllen.

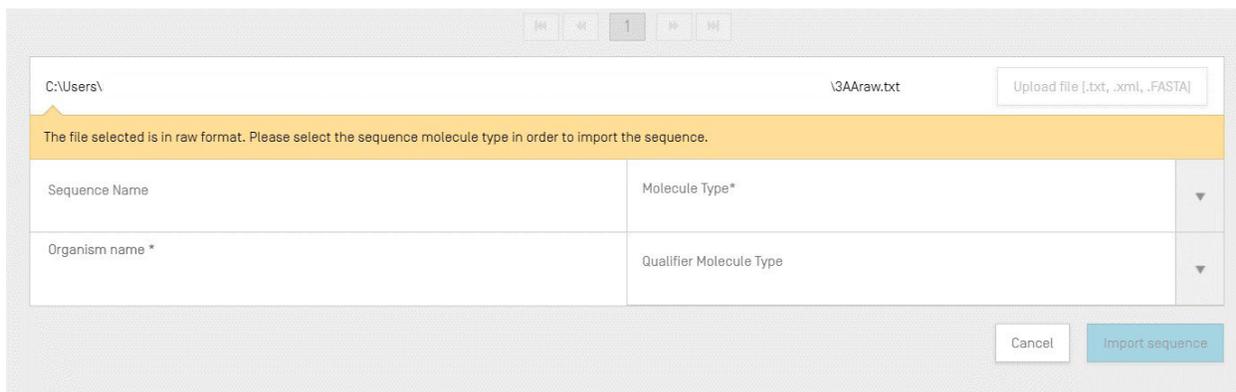


Abbildung 80: Sequenz importieren: RAW-Format

Abbildung 81: Sequenz importieren: FASTA-Format

3) Zum Abschluss auf die blaue Schaltfläche "Import sequence" (Sequenz importieren) klicken.

Nach dem Import navigiert das Tool zur Ansicht "Import Report" (Importbericht) (siehe Abbildung 127).

Sequenz einfügen

Zum Einfügen einer Sequenz an eine bestimmte Position in der Liste der Sequenzen muss der Benutzer im Abschnitt "Sequences" oben auf "Insert Sequence" (Sequenz einfügen) klicken (wie in Abbildung 82 markiert).

SEQUENCES

| 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 | QV_31K_Test_File_seq_4 | 20 | AA | Saccharomyces cerevisiae | Yes |
| 4 | QV_31K_Test_File_seq_5 | 90 | DNA | Saccharomyces cerevisiae | Yes |
| 5 | QV_31K_Test_File_seq_6 | 20 | AA | Saccharomyces cerevisiae | Yes |

Abbildung 82: Sequenz einfügen: Schritt 1

Ein Overlay mit einem Bedienfeld wird angezeigt (siehe Abbildung 83). Der Benutzer muss sämtliche für die Erstellung einer Sequenz erforderlichen Informationen eingeben (siehe Abbildung 73). Zusätzlich muss er oben links im Bedienfeld die Position eingeben, an der die Sequenz in der Sequenzliste erscheinen soll (wie in Abbildung 83 markiert).

Abbildung 83: Sequenz einfügen: Bearbeitungsbedienfeld

Zum Abschluss kann der Benutzer auf die Schaltflächen "Insert sequence" (Sequenz einfügen) oder "Insert & Display Sequence" (Sequenz einfügen & anzeigen) klicken, wie in Abbildung 83 markiert).

▼ 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 |

Abbildung 84: Sequenz an spezifizierter Position eingefügt

Beim Klicken auf die blaue Schaltfläche "Insert & Display Sequence" (Sequenz einfügen & anzeigen) öffnet sich nach dem Erstellen der Sequenz innerhalb der Ansicht Projektdetails eine

ausklappbare Tabelle der Sequenzen unterhalb der Sequenzliste (siehe Abbildung 84).

Sequenz neu ordnen

Mit den folgenden Schritten kann der Benutzer eine Neuordnung vornehmen, d.h. die Reihenfolge der Sequenzen innerhalb der Liste der in einem Projekt bereitgestellten Sequenzen festlegen. Die Änderung der Sequenzreihenfolge ist in Abbildung 85 (Start) bis Abbildung 87 (Ergebnis) dargestellt.

- 1) Klicken Sie auf "Reorder Sequence" (Sequenz neu ordnen) (siehe Abbildung 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 |

Abbildung 85: Sequenz neu ordnen

- 2) Wählen Sie die zu bewegend(e)n Sequenz(en) und die Position aus, an der sie in Bezug auf die aktuelle Reihenfolge der Sequenzliste platziert werden soll(en) (siehe Abbildung 86).

10 20190509- 1458 Artificial sequence
S00001_seq_SEQ ID NO 15

1 2 3 4 5

Sequence Number (ID)*
3

To select a range use "-" between the ids

New Sequence Position
2

Cancel Reorder Sequence

Abbildung 86: Sequenz neu ordnen: Bearbeitungsbedienfeld

- 3) Die Sequenz erscheint nun in Abbildung 87 an zweiter Stelle.

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 |

Abbildung 87: Sequenz/en werden als neu geordnet angezeigt

Bulk-Bearbeitung

Der Benutzer kann "Bulk Edit" (Mengenbearbeitung) verwenden, wenn Änderungen an mehreren Sequenzen vorgenommen werden müssen. Sie können zwar Sequenzen einzeln bearbeiten, dies wäre jedoch für Projekte mit einer großen Anzahl von Sequenzen nicht machbar.

- 1) Klicken Sie auf "Bulk edit" (Mengenbearbeitung) (siehe Abbildung 88):

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 |

Abbildung 88: Mengenbearbeitung: Schritt 1

- 2) Wählen Sie unter "Type of bulk edit" (Art der Mengenbearbeitung) "Qualifier molecule type", "Organism" oder "Feature":

The screenshot shows a web interface for bulk editing. At the top, there are two dropdown menus: 'Type of bulk edit*' and 'Qualifier molecule type'. Below them is a section titled 'Select the type of bulk edit to continue'. To the right, there is a section for 'Select Range of Sequence IDs*' 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"]'. Below this is another dropdown menu for 'Molecule Type*' with 'DNA' selected. To its right is a 'Qualifier Molecule Type*' dropdown. A yellow callout box contains the text: 'Only DNA/RNA sequences allow editing of the qualifier 'mol_type' because for amino acid sequences this qualifier value is automatically set to 'protein''. Below this is a grey box stating: 'The qualifier 'mol_type' of hybrid DNA/RNA sequences, where the 'combinedIndicator' = 'Yes', cannot be bulk edited.' At the bottom, there is a text input field: 'Enter one or more of the following DNA sequences to edit the qualifier 'mol_type''.

Abbildung 89: Mengenbearbeitung: Schritt 2

Wie in Abbildung 89 zu sehen, informiert das System den Benutzer darüber, dass NUR bei Nucleinsäuresequenzen der Wert des Qualifiers "mol_type" bearbeitet werden kann (da der gleiche Wert für die Aminosäuresequenzen vom System automatisch auf "protein" gesetzt wird).

- 3) Nach Auswahl der Molekülart fordert das System den Benutzer auf, die Art der Nucleidsäuresequenzen auszuwählen, auf die die Mengenbearbeitung angewendet werden soll.

The screenshot shows the same bulk edit interface as in Abbildung 89, but with more data. The 'Qualifier molecule type' dropdown is now set to '3,7'. The 'Molecule Type*' dropdown is still 'DNA', and the 'Qualifier Molecule Type*' dropdown is now 'unassigned DNA'. The yellow callout box and grey box are still present. Below the text input field is a table with the following data:

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

Abbildung 90: Mengenbearbeitung: Qualifier "mol_type" identifiziert

Wie in Abbildung 90 dargestellt, warnt das System auch davor, dass der Qualifier "mol_type" für Sequenzen, in denen organism = "synthetic sequence" ist, "other DNA"

oder "other RNA" sein muss. Wenn der Benutzer diese Werte ändert, wird bei der Projektvalidierung ein Fehler generiert.

- 4) Das System zeigt zur Auswahl die Liste der Sequenzen an, die in großen Mengen bearbeitet werden soll.

| 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 |

Abbildung 91: Mengendarstellung: aktualisierter Qualifier "mol_type"

Wenn die Art der Mengendarstellung "Organism" ist:

- 1) Wählen Sie unter "Type of bulk edit" (Art der Mengendarstellung) "Organism" (1) (siehe Abbildung 92). Der Benutzer muss den Bereich der zu bearbeitenden SEQ IDs eingeben (2). Hat der Benutzer z.B. entschieden, den Wert von "Organism" durch "synthetic construct" zu modifizieren, teilt ihm das System mit, dass der Qualifier "mol_type" je nach Molekularart automatisch zu "other DNA" oder "other RNA" geändert wird (3).

Type of bulk edit*
Organism

Select Range of Sequence IDs*
1-3

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").

Organism name*
synthetic construct

The qualifier 'mol_type' value will be automatically changed to 'other DNA' or 'other RNA'.

| Sequence ID Number | Sequence Name | Length | Molecule Type | Organism | Qualifier molecule type |
|--------------------|---------------|--------|---------------|-------------------|-------------------------|
| 1 | Seq_1 | 192 | DNA | Mus musculus | genomic DNA |
| 2 | Seq_2 | 20 | DNA | Homo sapiens | other DNA |
| 3 | Seq_3 | 20 | DNA | Gabaza connectens | other DNA |

Abbildung 92: Mengendarstellung: Organismus Schritt 1

Wenn die Art der Mengendarstellung "Features" (Merkmale) ist:

- 1) Wählen Sie unter "Type of bulk edit" (Art der Mengendarstellung) "Features" (Merkmale) (siehe Abbildung 93) (1). Dann muss angegeben werden, ob vorhandene Merkmale bearbeitet oder neue hinzugefügt werden (2). Der "Molecule Type" (Molekularart) (3) und der Bereich der zu bearbeitenden

Sequenz-IDs (4) muss eingegeben werden. In dem Fall, dass der Benutzer "Edit feature" (Merkmal bearbeiten) auswählt (2), und falls der Benutzer gewählt hat, den Wert der Merkmallage (6) zu "complement(join(1..30,61..90))" zu ändern, aktualisiert das Tool alle vorhandenen CDS-Merkmale (5) für SEQ ID 5 und 8 auf den angegebenen Wert.

| Sequence ID Number | Sequence Name | Length | Molecule Type | Organism | Qualifier molecule type |
|--------------------|------------------------|--------|---------------|---------------------|-------------------------|
| 5 | 40000 sequences_seq_5 | 16 | RNA | Vaccaria hispanica | genomic RNA |
| 8 | 40000 sequences_seq_8 | 16 | RNA | Gabara gigantea | genomic RNA |
| 10 | 40000 sequences_seq_10 | 15 | RNA | Wabasso hilairoides | genomic RNA |

Abbildung 93: Mengenerarbeitung: Merkmal Schritt 1

2) In dem Fall, dass der Benutzer die Art der Mengenerarbeitung als "Add feature" (Merkmal hinzufügen) auswählt (siehe Abbildung 94): ein neues Merkmal "CHAIN" (4) mit Merkmallage "1..13" (5) wird jeder der ausgewählten SEQ IDs 1,2,7 hinzugefügt (3).

| Sequence ID Number | Sequence Name | Length | Molecule Type | Organism | Qualifier molecule type |
|--------------------|-----------------------|--------|---------------|---------------------|-------------------------|
| 1 | 40000 sequences_seq_1 | 15 | AA | Gabara gigantea | protein |
| 2 | 40000 sequences_seq_2 | 16 | AA | Dabovia russelii | protein |
| 7 | 40000 sequences_seq_7 | 15 | AA | Wabasso hilairoides | protein |

Abbildung 94: Mengenerarbeitung Merkmale: Funktion hinzufügen

3) In dem Fall, dass der Benutzer "Bulk Skip" (Mengen überspringen) auswählt (siehe Abbildung 95): der Bereich von zu überspringenden Sequenzen wird als ein Bereich von SEQ IDs identifiziert (1).

The screenshot shows a web interface for bulk editing sequences. At the top, there are navigation buttons and a page number '1'. Below this, there are two main input fields. The first field is labeled 'Type of bulk edit*' and has 'Bulk skip' selected. Below it is a dropdown menu with the text 'Select the type of bulk edit to continue'. The second field is labeled 'Select Range of Sequence IDs*' and contains a red circle with the number '1'. Below it 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"]'. At the bottom right, there are two buttons: 'Cancel' and 'Edit sequences'.

Abbildung 95: Mengendarstellung Merkmale: Mengen überspringen

Sequenzen bearbeiten

Zur Bearbeitung einer Sequenz muss der Benutzer auf die Sequenz-ID-Nummer der entsprechenden zu ändernden Sequenz klicken, wie in Abbildung 96 markiert (Sequenz-ID "1").

Hinweis:

Alle Sequenzprotokolle, die dem WIPO-Standard-ST.26 entsprechen, müssen mit SEQ-ID #1 beginnen und bis zur Sequenzlänge fortlaufend nummeriert sein.

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_without_ST25_seq_2 | 30 | RNA | Abrophyllum ornans | No |
| 2 | DNA_RNA_without_ST25_seq_1 | 10 | DNA | Homo sapiens | No |

Abbildung 96: Sequenz bearbeiten

Dadurch wird ein neuer Abschnitt in der Ansicht Projektdetails unterhalb des Abschnitts "Sequences" geöffnet (siehe Abbildung 97).

Dieser Abschnitt "Sequences" besteht aus dem Bearbeitungsbedienfeld "Basic Information" (Basisinformationen), das markiert und zuerst angezeigt wird, der Tabelle der "Features" (Merkmaltabelle), die als zweites angezeigt wird, und dem Bearbeitungsbedienfeld für "Sequence"-Reste am Ende.

The screenshot displays the 'SEQUENCE 1' editing interface. It includes a 'SEQUENCE 1' section with fields for Sequence Number (ID: 1), Sequence Name (ST25_221_BINDING_edited_seq_1), Length (10), Molecule Type (AA), and Organism (synthetic construct). Below this is a 'FEATURES' table with columns for Feature Key, Location, and Qualifiers. A 'source' feature is listed with Location '1..10' and Qualifiers 'mol_type = protein' and 'organism = synthetic construct'. At the bottom, the 'SEQUENCE' section shows the sequence 'ACKEEWRQXXCC' with a length of 10.

Abbildung 97: Sequenz bearbeiten: Bearbeitungsbedienfeld

Merkmale

Gemäß WIPO ST.26 MUSS jede Sequenz mindestens ein Merkmal haben, das mit ihr verknüpft ist: "source", je nach Molekülart. Jedes "source"-Merkmal muss zwei obligatorische Qualifier aufweisen: "organism" und "mol_type".

Die Merkmaltabelle umfasst drei Spalten: Merkmalschlüssel, Lage des Merkmals innerhalb der genetischen Sequenz und die mit einem einzelnen Sequenzmerkmal verknüpften Qualifier.

Die Merkmallage gibt an, in welchem Segment der Sequenz das Merkmal vorhanden ist. Die zulässigen Formate zum Festlegen der Merkmallage sind in WIPO ST.26 beschrieben und sind wie folgt:

- Einzelne Restnummer: x
- Restnummern, die ein Sequenzintervall begrenzen: $x..y$
- Reste vor der ersten oder nach der letzten angegebenen Restezahl: $<x$, $>x$, $<x..y$, $x..>y$, $<x..>y$
- Eine Stelle zwischen zwei benachbarten Nukleotiden: x^y
- Restnummern, die durch eine ketteninterne Quervernetzung zusammengeführt werden: $x..y$

Lage-Operatoren können verwendet werden, um komplexe Lagebeschreibungen zu bilden:

- **"join (location, location, ... location)":** Die Lagen werden zu einer zusammenhängenden Sequenz verbunden (von einem Ende zum anderen).
- **"order (location, location, ... location)":** Die Elemente werden in der angegebenen Reihenfolge gefunden, aber es ist keine Aussage, ob das Verbinden dieser Elemente sinnvoll ist.
- **"complement (location)":** Zeigt an, dass sich das Merkmal auf dem Strang befindet, der komplementär zu dem durch den Lagedeskriptor angegebenen Sequenzintervall ist, wenn es in 5'- zu 3'-Richtung oder in der Richtung gelesen wird, die die 5'- zu 3'-Richtung nachahmt.

Um der Sequenz ein neues Merkmal hinzuzufügen, klicken Sie im Abschnitt "Features" (Merkmale) der ausgewählten Sequenz auf "Add feature" (Merkmal hinzufügen) (unten in Abbildung 98 markiert).

SEQUENCE 2

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

FEATURES

Add feature

| Feature Key | Location | Qualifiers |
|-------------|----------|---|
| source | 1..41 | mol_type = genomic DNA organism = Wohlfahrtiopsis bishoppi |

Navigation: [Home] [Left] [1] [Right] [End]

SEQUENCE

gatagtagtg atatatagta gtagtagat gatagtagga t 41

Abbildung 98: Merkmal zu einer Sequenz hinzufügen

Wählen Sie als Nächstes in dem sich öffnenden Overlay (siehe Abbildung 99) einen Eintrag für den Merkmalschlüssel aus der ⁸Dropdown-Liste aus und geben Sie die Merkmallage innerhalb der Sequenz an, für die das Merkmal gilt.

⁸ Siehe WIPO-Standard ST.26 – Anhang I, Abschnitte 5 & 7 für Tabellen der Merkmalschlüssel für Nukleotide und Aminosäuren

▼ FEATURES

Add feature

| Feature Key | Location | Qualifiers |
|-------------|----------|---|
| source | 1..23 | molType = 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

Abbildung 99: Merkmal hinzufügen: Overlay

Qualifier können in dieser Phase ebenfalls dem Merkmal hinzugefügt werden, werden aber im nächsten Abschnitt beschrieben.

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](#)

Abbildung 100: Pop-up-Link mit detaillierter Erklärung zur Merkmallage

Ein Link wurde hinzugefügt, um eine detaillierte Erklärung des Formats der Merkmallage zu haben. Der Link befindet sich am Ende des Satzes unter "click here". Der Link ist in Abbildung 100 unterstrichen, um die Identifizierung zu erleichtern.

Klicken Sie zum Abschluss auf die blaue Schaltfläche "Create Feature" (Merkmal erstellen) (siehe Abbildung 99).

CDS-Merkmale

Die CDS-Merkmalsart wird verwendet, um die Codierungssequenz für ein Protein zu

beschreiben⁹. Ein CDS-Merkmal kann optional die Aminosäuretranslation des Segments der Sequenz enthalten, zu der es gehört, und wenn dies erfüllt ist, wird die erforderliche Mindestlänge als eine separate Sequenz innerhalb des Projekts angezeigt. Innerhalb des CDS-Merkmals der Originalsequenz ist eine Referenz zu der Sequenz-ID der translatierten Aminosäuresequenz im Qualifier "protein_id" angegeben.

Beim Erstellen eines "CDS"-Merkmals für eine Sequenz kann der Qualifier "translation" (mit dem Standardwert 1 – "Standard Code" des genetischen Codes) automatisch zum CDS-Merkmal mit einem Qualifier-Wert, der dem translatierten Restanteil der Sequenz entspricht (wie durch die Merkmallage angegeben), hinzugefügt werden. Eine zugehörige "protein-ID" und eine separate Aminosäuresequenz können auch generiert werden, indem das Kontrollkästchen in den Basisinformationen oben auf der Seite Projektdetails aktiviert wird (siehe Abbildung 102). Dieser Qualifier ist jedoch nicht obligatorisch und kann nach der Generierung gelöscht werden. Der Benutzer kann einen Qualifier "translation" und "protein_id" auch manuell erstellen, der auf die zugehörige translatierte Sequenz-ID verweist, die ebenfalls vom Benutzer erstellt wurde.

Hinweis:

Ab Version 2.1.0: Das Kontrollkästchen "Automatically add a translation qualifier" (Automatische Hinzufügung eines Translations-Qualifiers) ist standardmäßig aktiviert.

Automatische CDS-Merkmalerstellung

Die automatische Erstellung eines CDS-Merkmal-Qualifiers umfasst die folgenden Schritte:

- 1) Klicken Sie in der jeweiligen Sequenzanzeige auf die Schaltfläche "Add feature" (Merkmal hinzufügen) und wählen Sie "CDS" als Merkmalschlüssel aus. Wenn das Kontrollkästchen "Automatically add a translation qualifier" (Automatische Hinzufügung eines Translations-Qualifier) in "Basic Information" aktiviert ist, wird automatisch ein "translation"-Qualifier, sein Wert und ein "protein_id"-Qualifier sowie die zugehörige separate Aminosäuresequenz (falls zutreffend) hinzugefügt, wenn ein CDS-Merkmal einer Nucleotidsequenz hinzugefügt wird.
- 2) Der Benutzer hat auch die Möglichkeit, einen "translation"-Qualifier manuell zu erstellen.

⁹ <https://www.ddbj.nig.ac.jp/ddbj/cds-e.html>

Abbildung 101: "translation"-Qualifier erstellen

3) Hat der Benutzer die Bearbeitung des Merkmals und der zugehörigen Qualifiers abgeschlossen, muss er auf "Create Feature" (Merkmal erstellen) klicken, um es zu speichern. Ein resultierendes CDS-Merkmal ist in Abbildung 102 dargestellt.

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

Abbildung 102: Neues CDS-Merkmal in Merkmaltabelle

Das Tool **erstellt dann eine neue Sequenz*** für das Projekt mit den folgenden Attributen:

- **Sequenz-ID-Nummer** = der nächste verfügbare Wert für die Sequenz-ID-Nummer
- **Länge** = Länge der translatierten Sequenz
- **Sequenzname** = der im Feld "Sequence Name" des Qualifiers "translation" angegebene Wert. Wenn kein Name angegeben wurde, wird der Standard-Sequenzname angegeben ("Seq_#").
- **Molekülart** = "AA"
- **Organismusname** = derselbe Wert, der für die Originalsequenz angegeben wurde
- **Molekülart-Qualifier** = "protein"
- **Sequenzreste** = translatierte Werte der Originalsequenz

Ein nach Abschluss dieses Vorgangs resultierendes Beispiel ist in Abbildung 103 dargestellt. Abbildung 103

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 | molType = protein organism = Caballerocotyla klawei | |

Abbildung 103: CDS-Merkmal: generierte Aminosäuresequenz

Hinweis betreffend die Erstellung der translatierten Sequenz:

Die separate translatierte Sequenz wird nur erstellt, wenn sie über mindestens 4 spezifisch definierte Reste verfügt (z.B. AXTG-Zahlen zählt als 3 Zeichen).

Wenn bei der Modifizierung des Qualifiers "translation" der Qualifier-Wert weniger als 4 spezifisch definierte Reste enthält, wird die zugehörige Sequenztranslation entfernt, ebenso wie der Qualifier "protein_id".

WIPO | Sequence PROJECT DEMO VERIFICATION REPORT LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS IMPORT REPORT DISPLAY THE SEQUENCE LISTING HELP ▾ PREFERENCES EI ▾ [Return to project home](#)

| | |
|---|--------------------------------|
| Project Name* project demo | Creation date 2022-01-We |
| Status modified | File Name |
| 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. | |

Abbildung 104: Kontrollkästchen für die automatische Generierung des Translations-Qualifiers: zum Ausschalten deaktivieren

Hinweise zu CDS-Merkmalen bei der Aufnahme eines Qualifiers "pseudo" oder "pseudogen":

Stellen Sie sicher, dass die automatische Translation deaktiviert ist, wenn Sie einem CDS-Merkmal einen Qualifier "pseudo" oder "pseudogen" hinzufügen.

Wenn die automatische Translation nicht abgeschaltet ist (d.h. das Kontrollkästchen in Abbildung 105 ist aktiviert) und ein Qualifier "pseudo" oder "pseudogen" wird einem CDS-Merkmal hinzugefügt, dann wird bei der Aktualisierung des CDS-Merkmals ein Qualifier "translation" automatisch hinzugefügt. Um diesen Fehler zu korrigieren, deaktivieren Sie die automatische Translation für das Projekt, öffnen Sie dann das CDS-Merkmal und löschen die Qualifier "translation" und "protein-id" und aktualisieren Sie dann das Merkmal.

The screenshot shows the 'PROJECT ...' settings page in the WIPO Sequence application. The navigation bar at the top 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 main heading is 'PROJECT ...' followed by buttons for 'Print', 'Export', 'Import Another Project', 'Validate', and 'Generate Sequence Listing'. The project details section includes: 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. A checkbox labeled 'Automatically add a translation qualifier when a CDS feature is created' is checked and highlighted with a red box.

Abbildung 105: Automatische Generierung des Translations-Qualifiers: EIN

Wenn der Benutzer den Translations-Qualifier automatisch generieren möchte, können der Wert der Translationstabelle und der Sequenzname im Bearbeitungsbedienfeld des Qualifiers eingestellt werden. Bei der Erstellung des Merkmals führt das Tool die Translation durch und fügt dann dem Merkmal einen "protein_id"-Qualifier sowie eine neue Sequenz mit dem Translationswert hinzu.

Die Translation wird nur dann ein weiteres Mal durchgeführt, wenn die Merkmallage oder einer der Qualifier "transl_table", "transl_except" oder "codon_start" seine Werte ändert. In diesem Fall wird die verknüpfte Sequenz aktualisiert.

Hinweis:

Wenn der Translationswert geändert wird, wird der Wert der verknüpften Sequenz automatisch aktualisiert. Wird jedoch die verknüpfte Nukleotidsequenz modifiziert, ändert sich der Wert des Translations-Qualifiers nicht. Wird der "protein_id"-Qualifier nach der Erstellung modifiziert, verliert die verknüpfte Sequenz ihre Verknüpfung zur Originalsequenz.

Hinweise zur Verwendung des Stopp-Codons:

Normalerweise sollten Stopp-Codons nur am Ende eines CDS-Merkmals zu finden sein, um den Endpunkt der kodierten Aminosäuresequenz anzuzeigen. Sie sollten niemals in der Mitte eines CDS-Merkmals zu finden sein, außer es gibt einen Qualifier "transl_except", der angibt, dass das Stopp-Codon in eine bestimmte Aminosäure translatiert werden soll.

Wird ein Stopp-Codon in der Mitte eines CDS-Merkmals gefunden (unten in gelb hervorgehoben), und es gibt keinen Qualifier "transl_except", der angibt, dass das Stopp-Codon in eine bestimmte Aminosäure translatiert werden soll (siehe Abbildung 106), sollte das Tool die Translation an dieser Stelle stoppen. Ein rotes Banner mit der Information, dass keine Translation generiert wird, wird angezeigt.

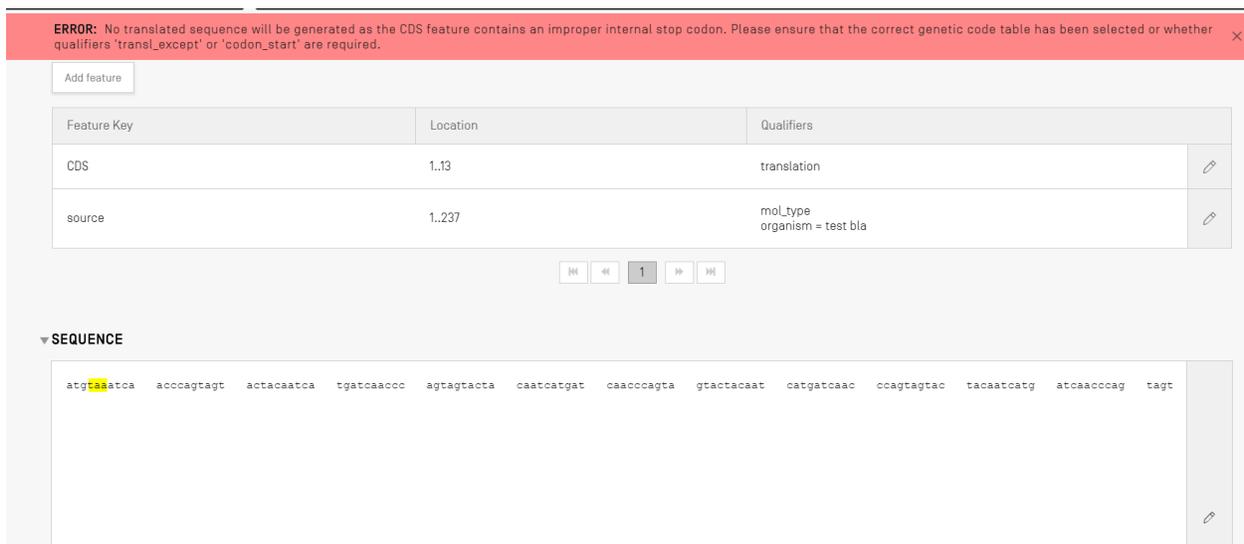


Abbildung 106: Automatische Generierung des Translations-Qualifiers ist EIN und Sequenz mit unzulässigem Stopp-Codon

Im Validierungsbericht sollte ein Fehler aufgeführt werden, um den Benutzer darauf hinzuweisen, dass es ein Problem mit seiner Kodierungssequenz gibt (siehe Abbildung 107).

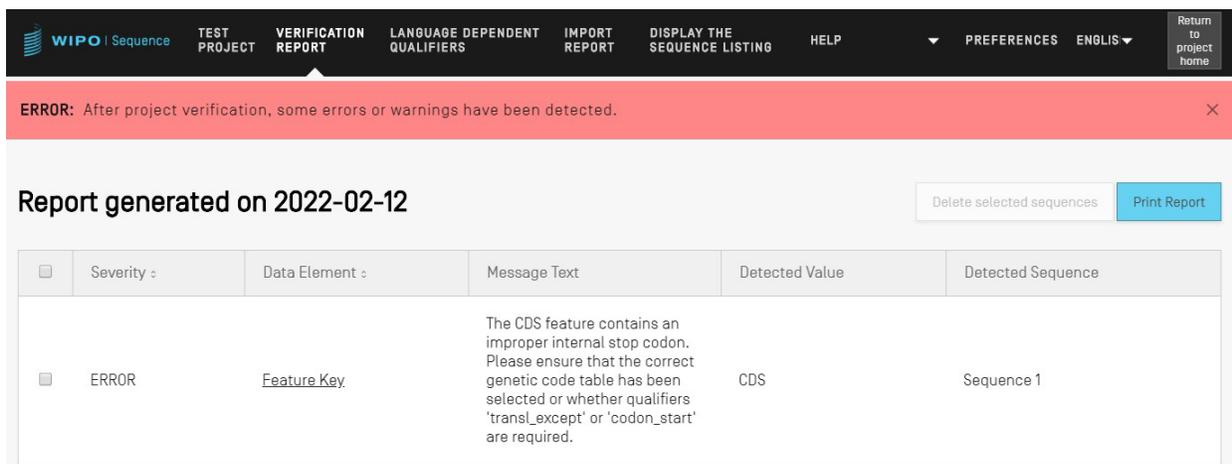


Abbildung 107: CDS-Merkmalfehler für unzulässiges internes Stopp-Codon

Qualifier

Um die Qualifier für ein Merkmal anzuzeigen, muss der Benutzer zunächst das Merkmal aus der Merkmaltabelle der entsprechenden Sequenz auswählen. In dem in Abbildung 108 gezeigten Beispiel ist das Bleistiftsymbol für das Merkmal "source" hervorgehoben.

The screenshot shows the 'SEQUENCE 2' page. Under the 'FEATURES' section, there is a table with the following data:

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

A blue pencil icon is highlighted with a red box in the right-hand column of the 'source' row.

Abbildung 108: Qualifier hinzufügen/bearbeiten: Schritt 1

Durch Klicken auf die in Abbildung 108 hervorgehobene Stiftschaltfläche öffnet sich das folgende Merkmal-Overlay (siehe Abbildung 109).

The screenshot shows the 'Feature 2' overlay form. It contains the following information:

- 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: mol_type
- Qualifier Value: (empty)
- Qualifier Name: organism
- Qualifier Value: Caballerocotyla biparastica
- Buttons: Cancel, Update feature

A red pencil icon with a '1' next to it is visible in the right-hand column of the 'organism' row.

Abbildung 109: Qualifier hinzufügen/bearbeiten: Schritt 2

Vorhandene Qualifier können durch Klicken auf das Stiftsymbol rechts neben jeder Zeile

bearbeitet werden (1), oder der Benutzer kann durch Klicken auf die Schaltfläche "Add qualifier" (Qualifier hinzufügen) einen neuen Qualifier zum aktuell ausgewählten Merkmal hinzufügen (2).

Beim Bearbeiten oder Hinzufügen eines Qualifiers werden die beiden in Abbildung 110 dargestellten Felder angezeigt: "Qualifier name" (Qualifier-Name) (aus einer Dropdown-Liste auszuwählen) und "Qualifier value" (Qualifier-Wert).¹⁰

Abbildung 110: Qualifier: Bearbeitungsbedienfeld

Das Feld "Qualifier Value" (Qualifier-Wert) verhält sich je nach Art des Qualifiers unterschiedlich:

- **Qualifier mit vordefinierten Werten.** Das Wertefeld ist ein Dropdown-Feld, in dem der Benutzer einen der vordefinierten Werte für den Qualifier auswählen kann, wie im Beispiel unten in Abbildung 111:

Abbildung 111: Qualifier mit vordefinierten Werten

- **Qualifier mit Freitext.** Das Wertefeld ist ein Freitext-Feld. Zusätzlich zum Qualifier-Namen und dem Qualifier-Wert, der nur den englischen Wert enthält, werden zwei weitere Felder angezeigt, mit denen der Benutzer sowohl den Sprachcode (z.B. "ru") als auch den entsprechenden Sprachwert im "Non-English Qualifier Value" angeben kann, wie im Beispiel unten in Abbildung 112:

¹⁰ Siehe *WIPO-Standard ST.26 - Anhang I, Abschnitte 6 & 8* für alle möglichen Qualifier für Nukleotide und Aminosäuren

Abbildung 112: Qualifier mit Freitext-Werten

Dem Feld "Language code" (Sprachcode) wird derselbe Wert zugewiesen wie dem Feld "Non English Free text language code" (Nicht-englischer Freitext-Sprachcode) in den Projektdetails.

Der Benutzer kann eine Reihe von nicht-englischen Werten für jede ausgewählte Sprache entweder durch manuelle Eingabe oder durch Importieren der richtigen zugehörigen Sprache aus einer XLIFF-Datei bereitstellen.

- **Qualifier mit vordefiniertem Format.** Das Wertefeld ist ein Freitext-Feld, aber der eingegebene Wert wird validiert, um sicherzustellen, dass er den spezifischen Regeln in WIPO ST.26 Anhang I, Abschnitt 6 entspricht¹¹. In dem in Abbildung 113 gezeigten Beispiel wurde das Datum nicht im richtigen Format angegeben:

Abbildung 113: Qualifier mit vordefiniertem Format

- **Qualifier ohne zulässigen Wert.** Das Feld für den Qualifier-Wert kann nicht bearbeitet werden, wie im Beispiel unten in Abbildung 114:

Abbildung 114: Qualifier ohne zulässigen Wert

Hinweis:

Die Merkmallage für das "source"-Merkmal kann nach der Erstellung nicht mehr bearbeitet werden und die Qualifier "mol_type" und "organism" können nur bearbeitet und nicht gelöscht werden.

Am Ende muss der Benutzer auf die blaue Schaltfläche "Create Qualifier" (Qualifier erstellen) klicken, um den neu erstellten Qualifier hinzuzufügen, oder auf "Save", um die Änderungen am vorhandenen Qualifier zu speichern.

Im letzten Schritt, nachdem der/die Qualifier hinzugefügt/modifiziert wurde(n), muss der Benutzer auf

¹¹ Siehe WIPO-Standard ST.26 - Anhang I, Abschnitt 6 für Regeln bezüglich dieser Qualifier

"Update feature" (Merkmal aktualisieren) am unteren Rand des Merkmal-Overlays klicken (siehe Abbildung 115), um fortzufahren.

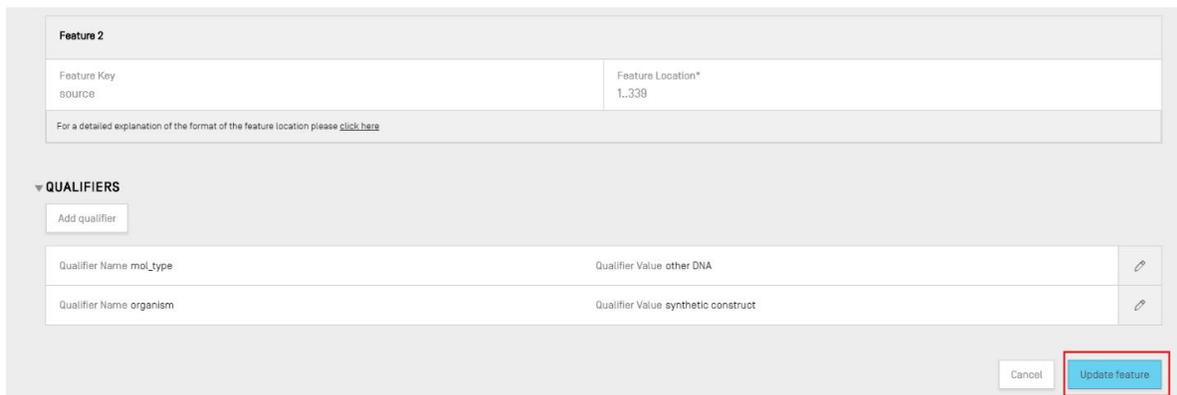


Abbildung 115: Merkmal aktualisieren nach Bearbeitung des Qualifiers

PRÜFBERICHT

Um den Prüfbericht des Sequenzprotokolls eines Projekts zu öffnen, kann der Benutzer in der Ansicht Projektdetails auf den Link "VERIFICATION REPORT" (Prüfbericht) in der Menüleiste oben klicken.

Weitere Einzelheiten zum Erstellen des Prüfberichts finden Sie in Abbildung 34.

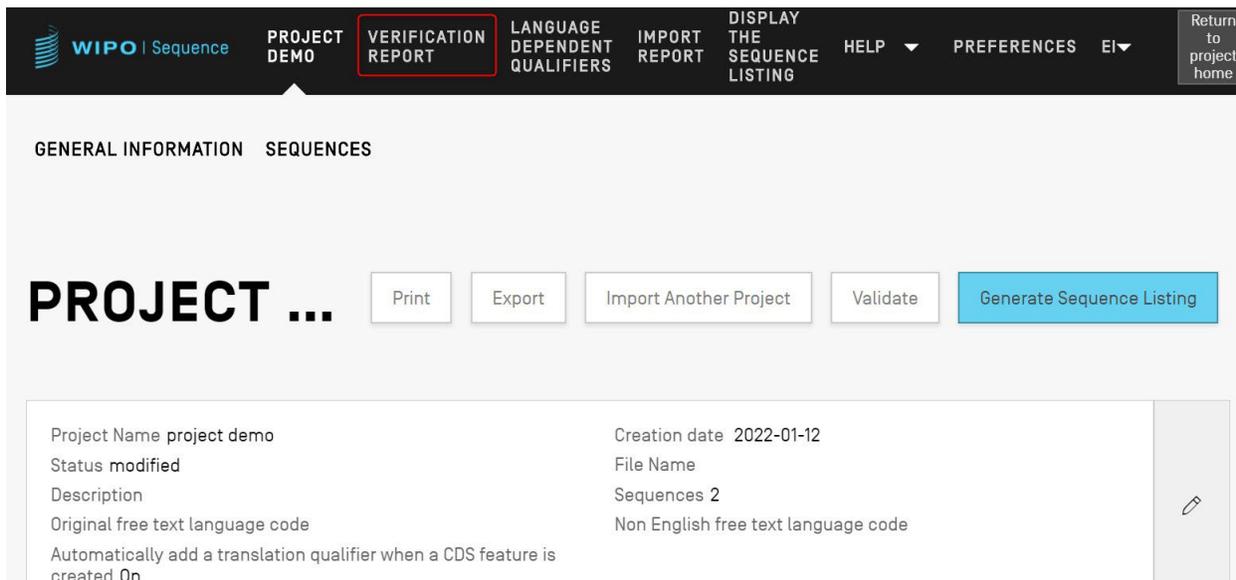
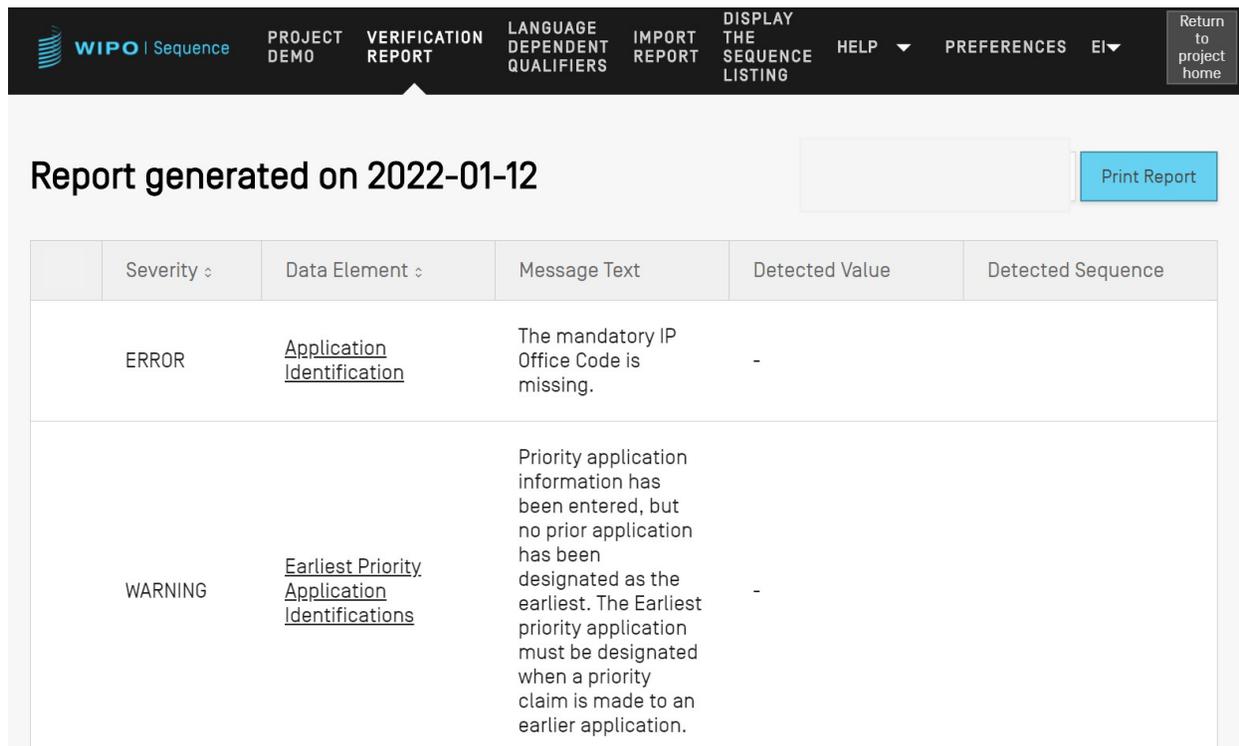


Abbildung 116: Prüfbericht anzeigen: Schritt 1

Je nachdem, ob das Sequenzprotokoll des Projekts validiert wurde oder nicht, gibt es zwei

resultierende Ansichten: Abbildung 117 zeigt ein Beispiel, bei dem Fehler-/Warnmeldungen generiert wurden und Abbildung 118 ein Beispiel nach einer erfolgreichen Validierung.



The screenshot shows the top navigation bar with the following items: WIPO | Sequence, 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, the text 'Report generated on 2022-01-12' is displayed next to a 'Print Report' button. The main content area contains a table with the following data:

| Severity | Data Element | Message Text | Detected Value | Detected Sequence |
|----------|---|--|----------------|-------------------|
| ERROR | Application Identification | The mandatory IP Office Code is missing. | - | |
| WARNING | Earliest Priority Application Identifications | 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. | - | |

Abbildung 117: Beispiel eines Prüfberichts: Fehler/Warnungen

Der Prüfbericht kann als PDF exportiert werden, indem auf "Print Report" (Bericht drucken) in der rechten oberen Ecke geklickt wird (siehe Abbildung 117). Der generierte Bericht wird im PDF-Viewer angezeigt (siehe Abbildung 9).



The screenshot shows the top navigation bar with the following items: WIPO | Sequence, TESTSTRAIN, 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 blue box contains the text: 'Report successfully generated on 2021-10-11' and 'This project does not contain any errors or warnings.'

Abbildung 118: Prüfbericht: keine Fehler/Warnungen

SPRACHABHÄNGIGE QUALIFIER

In diesem Abschnitt werden die in der Ansicht Sprachabhängige Qualifier bereitgestellten Funktionen genauer beschrieben. Die Qualifier, die einen Freitextwert in einem Projekt zulassen, werden in der Ansicht "LANGUAGE DEPENDENT QUALIFIERS" (sprachabhängige Qualifier) auf der Projektseite weiter referenziert.

Immer wenn ein sprachabhängiger Qualifier zum aktuellen Projekt hinzugefügt wird, wird der

Qualifier auch in dieser Ansicht angezeigt (siehe Abbildung 119).

Source language code for free text qualifiers en Target language code for free text qualifiers

| 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 | |

Abbildung 119: Ansicht sprachabhängige Qualifier

Der Benutzer kann den zugehörigen translatierten Freitextwert eines Qualifiers modifizieren, indem er auf den Wert "Qualifier Name" klickt (siehe Abbildung 110), worauf sich ein Overlay mit einem Bearbeitungsbedienfeld unterhalb der Tabelle öffnet.

Der Benutzer muss den Ausgangssprachcode (source language code) und den Zielsprachcode (target language code) für den XLIFF-Dateiexport der Freitext-Qualifier angeben. Nach dem Export müssen translatierte Werte für die Zielwerte von Translatoren bereitgestellt werden, bevor die XLIFF-Datei reimportiert wird.

FREITEXT-QUALIFIER IMPORTIEREN

Durch Klicken auf "IMPORT FREE TEXT QUALIFIERS" (Freitext-Qualifier importieren) öffnet das Tool den Dateimanager und die Ordner können durchsucht werden, um die zu importierende (.XLIFF)-Datei auszuwählen. Mehrere Validierungsschritte werden bereitgestellt, um sicherzustellen, dass die korrekten Zuordnungen zwischen den Ausgangs- und Zielsprachenwerten vorgenommen werden.

Die ausgewählte Datei muss die folgenden Datenelemente enthalten:

- Name des Projekts
- den Zielsprachencode
- den Ausgangssprachencode
- Für jedes XLIFF-Element:
 - die eindeutige ID des Qualifiers (nach dem Format: eine Zahl mit vorangestelltem Buchstaben "q");

- den Qualifier-Wert im Ausgangssprachen-Tag;
- den Qualifier-Wert im Zielsprachen-Tag.

```
<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-1.2.xsd" 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>
```

Abbildung 120: Beispiel einer gültigen XLIFF-Datei

Sobald der Benutzer die zu importierende Datei bestätigt hat, verlangt das Tool vom Benutzer zu prüfen, ob er mit der Bestätigung einer Reihe von Verifizierungsschritten fortfahren will (siehe Abbildung 121 bis Abbildung 125).

- Das System vergleicht den Projektnamen aus der Eingabedatei mit dem Namen des ausgewählten Projekts:

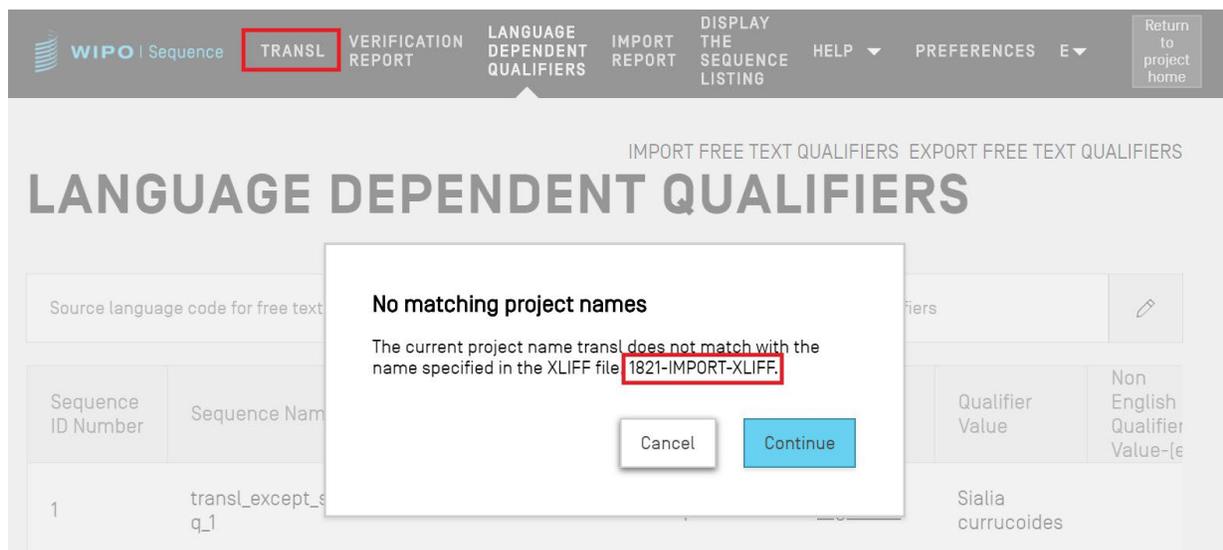


Abbildung 121: Validierung des Projektnamens

- Das System informiert den Benutzer, wenn ein Qualifier nicht zugeordnet werden konnte:

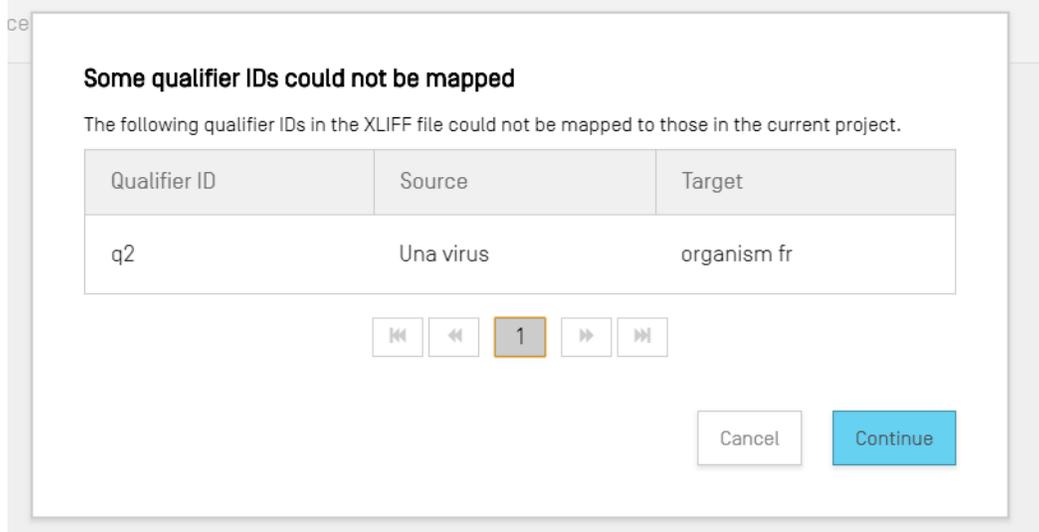


Abbildung 122: Qualifier-Mapping-Validierungsschritt

- Das System informiert den Benutzer über die Änderungen in Bezug auf die Ausgangssprache und die Qualifier-Werte:

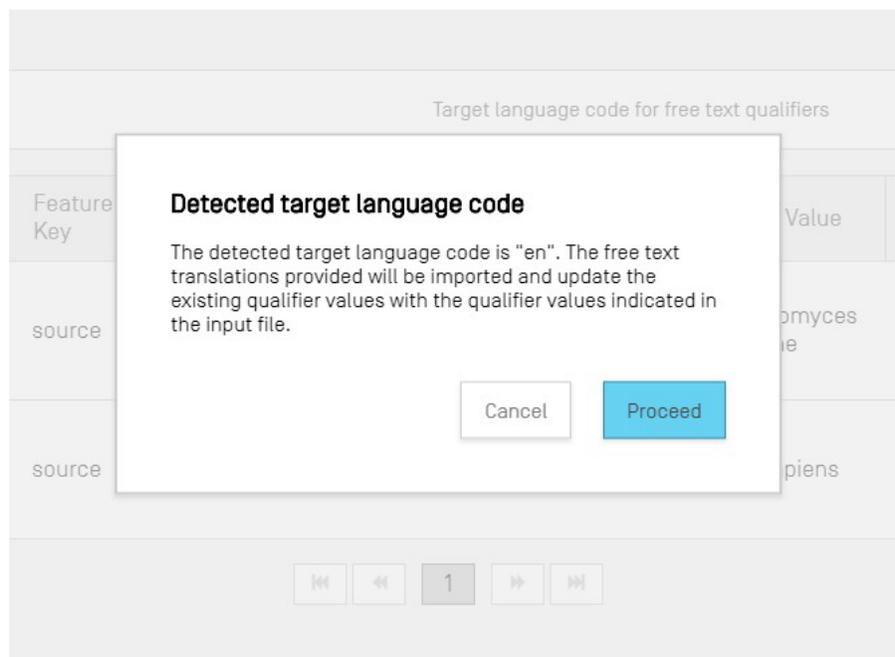


Abbildung 123: Validierungsschritt der Ausgangssprache

- Das System informiert den Benutzer über die Änderungen in Bezug auf die Zielsprache und die translatierten Werte der Qualifier:

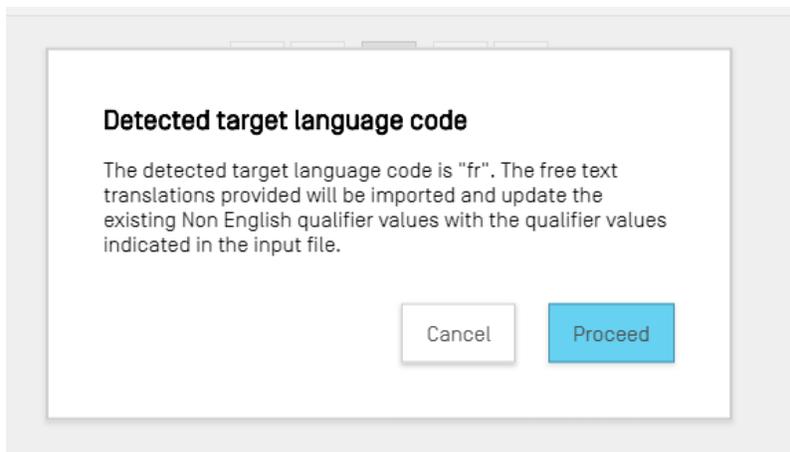


Abbildung 124: Validierungsschritt der Zielsprache

Danach erscheint oben ein blaues Banner mit der Nachricht "SUCCESS: THE FREE TEXT QUALIFIER HAS BEEN IMPORTED SUCCESSFULLY" (der Freitext-Qualifier wurde erfolgreich importiert) zusammen mit einem Importbericht, der im Detail die vorherigen und aktuellen importierten Werte für die sprachabhängigen Freitext-Qualifier anzeigt.

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 | | |

Abbildung 125: Importbericht der Freitext-Qualifier

Der Benutzer kann durch Klicken auf "RETURN TO FREE TEXT QUALIFIERS" (Zurück zu den Freitext-Qualifiern) zur Ansicht Freitext-Qualifier zurückkehren (wie in Abbildung 125 markiert).

FREITEXT-QUALIFIER EXPORTIEREN

Wenn der Benutzer oben in der Ansicht auf die Schaltfläche "EXPORT FREE TEXT QUALIFIERS" (Freitext-Qualifier exportieren) klickt und dann im Dialogfeld den Dateinamen und Speicherort auswählt, um die Qualifier-Textdatei zu speichern, werden **alle** Freitext-Qualifier des Projekts exportiert und in einem XLIFF-Dateiformat gespeichert.

Die Datei enthält:

- die Ausgangssprache des Projekts;
- die Zielsprache des Projekts;
- die Freitext-Qualifier-Werte;
- die translatierten Freitext-Qualifier-Werte¹²;
- die zugehörigen Qualifier- und Merkmal-Informationen (siehe Tabelle in Abbildung 119).

Diese Datei kann angezeigt, bearbeitet und wieder in das Tool importiert werden, nachdem die entsprechende Translation gemäß den in Abbildung 121 - 125 gezeigten Schritten bereitgestellt wurde.

IMPORTBERICHT

In diesem Abschnitt werden die in der Ansicht Projektdetails bereitgestellten Funktionen genauer beschrieben.

Wenn ein Projekt aus einem Sequenzprotokoll (ST.25 oder ST.26) importiert wird oder wenn der Benutzer mehrere Sequenzen aus einer Datei importiert (mit den Formaten ST.26, ST.25, RAW, FASTA oder Multi-sequence), dann enthält der entsprechende Importbericht eine Tabelle mit allen Änderungen an den importierten Daten, um sie an das richtige Format für die Aufnahme in das Projekt anzupassen.

Wurde ein Projekt nicht durch einen Importvorgang erstellt und keine Sequenz in das Projekt importiert, erscheint in der Ansicht Importbericht ein Banner (siehe Abbildung 126).

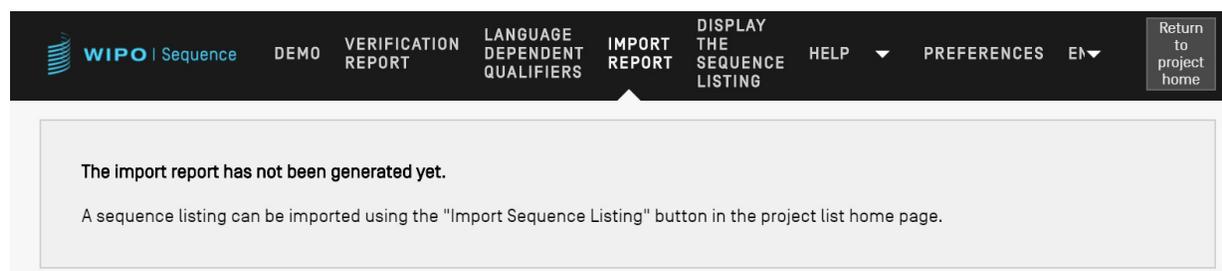


Abbildung 126: Ansicht des Importberichts: kein Import wurde durchgeführt

Wurde ein Import erfolgreich abgeschlossen und das Projekt erstellt, können die beiden folgenden

¹² Die Translation des ausgewählten nicht-englischen Freitext-Sprachcodes, der im Projekt beim Export bereitgestellt wird

Tabellen zur Ansicht gelangen:

- Importbericht-Tabelle (siehe Abbildung 127)
- Tabelle der geänderten Daten (siehe Abbildung 128)

Importbericht-Tabelle

| 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. | |

Abbildung 127: Beispiel eines Importberichts

Die Importbericht-Tabelle wird nur angezeigt, wenn beim Import einer Datei Fehler auftreten. Die Tabelle enthält die folgenden Spalten:

- **Art des Hinweises:** "INDIVIDUAL" für eine Meldung bezüglich einer bestimmten Sequenz, oder "GLOBAL" für eine oder mehrere Sequenzen allgemein;
- **Datenelementcode:** aus der Sourcedatei für ST.25-Sequenzprotokolle;
- **Meldungstext:** Ausführliche Meldung mit Informationen über das betreffende identifizierte Problem und die zur Behebung vorgenommenen Änderungen (falls zutreffend);
- **Detektierte Sequenz:** Sequenznummer der importierten Sequenz in Bezug auf die Meldung (nur wenn der Hinweis "INDIVIDUAL" lautet, sonst bleibt dieses Feld leer).

Tabelle der geänderten Daten

Global <400> Three-letter amino acid symbols have been replaced with their corresponding one-letter codes.

⏪
⏩
1
2
⏪
⏩

Changed Data

| 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 |

Abbildung 128: Beispiel einer Tabelle geänderter Daten

In dieser Tabelle werden alle Daten angezeigt, die während des Importvorgangs eine Transformation oder Änderung erfahren haben. Die folgenden Daten sind in Tabellenspalten dargestellt (siehe Abbildung 127):

- **Origin Tag** (Ursprungstag): Datenelementcode für die Elementart, für ST.25-Sequenzprotokolle;
- **Origin Element Name** (Ursprungselementname): entsprechender Name für die Elementart;
- **Origin Element Value** (Ursprungselementwert): entsprechender Wert des Originalelements in der source-Datei;
- **Target Element Name** (Zielelementname): Äquivalenter ST.26-Elementname, in dem die Informationen im Projekt gespeichert werden;
- **Target Element Value** (Zielelementwert): Wert, der für den Zielelementnamen im Projekt eingestellt wird;
- **Transformation**: Beschreibung der an dem Element vorgenommenen Änderung(en)/Transformation;
- **Sequence ID Number**: Sequenz-ID-Nummer der relevanten Sequenz des transformierten Elements im Projekt.

ANZEIGE DES SEQUENZPROTOKOLLS

In diesem Abschnitt werden die in der Ansicht Anzeige des Sequenzprotokolls bereitgestellten Funktionen genauer beschrieben.

WIPO Sequence ermöglicht es dem Benutzer, ein Sequenzprotokoll in einem visuell besser lesbaren Format als XML zu erstellen. Wird die Ansicht "DISPLAY THE SEQUENCE LISTING" (Anzeige des Sequenzprotokolls) aufgerufen, erscheint zunächst ein blaues Banner, das anzeigt, dass die Sequenzprotokolldatei erfolgreich generiert wurde, zusammen mit zwei Optionen zur Anzeige des betreffenden Sequenzprotokolls im (.html)- oder (.txt)-Format (siehe Abbildung 129).

Weitere Einzelheiten zum Generieren eines Sequenzprotokolls finden Sie in Abbildung 63.



Abbildung 129: Anzeige des Sequenzprotokolls: erfolgreich generiert

Wenn ein Sequenzprotokoll für ein bestimmtes Projekt nicht erfolgreich generiert wurde, werden in der Ansicht "Display Sequence Listing" (Anzeige des Sequenzprotokolls) die Schaltflächen "Display Sequence Listing" und "Export Sequence Listing as .txt file" deaktiviert und der Fehler wird wie in Abbildung 130 angezeigt.

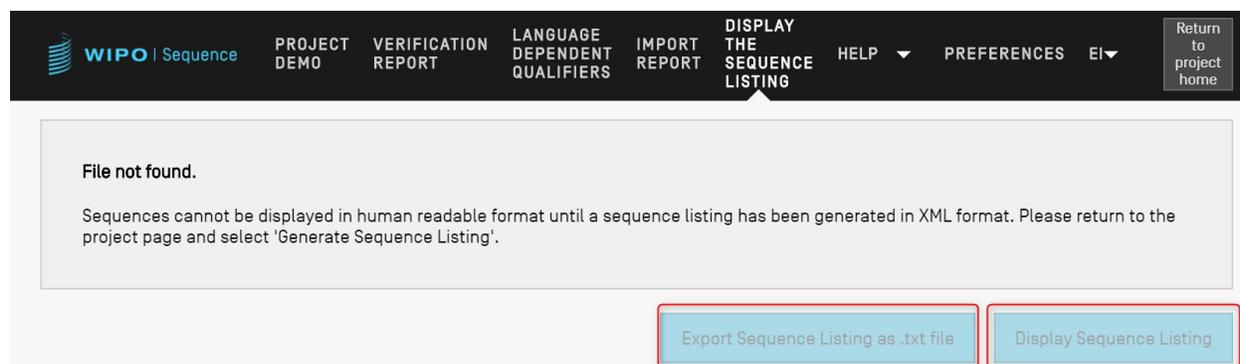


Abbildung 130: Anzeige des Sequenzprotokolls: Datei nicht gefunden

Wenn der Benutzer auf die Schaltfläche "Display Sequence Listing" (Anzeige des Sequenzprotokolls) klickt, wird eine HTML-Datei im Standardbrowser geöffnet. Diese bietet eine formatierte Ansicht der ST.26-konformen XML-Datei, so dass die Werte bestimmter Felder für den Benutzer besser sichtbar sind. Ein Beispiel ist in Abbildung 131 dargestellt.

Hinweis:

Um das Sequenzprotokoll in einer anderen Sprache anzuzeigen, muss das Sequenzprotokoll erneut generiert werden. Zuerst muss der neue nicht-englische Freitext-Sprachcode im Abschnitt "Allgemeine Informationen" angegeben werden, und dann können die oben genannten Schritte wiederholt werden.

| 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 |

Abbildung 131: Anzeige des Sequenzprotokolls: Beispiel HTML

Hinweis: Der Speicherort der HTML-Datei wird in der Navigationsleiste des Browsers des Benutzers angezeigt, falls dieser die Datei an einen anderen Speicherort kopieren möchte.

Wenn der Benutzer auf die Schaltfläche "Export Sequence Listing as .txt file" (Sequenzprotokoll als .txt-Datei exportieren) klickt, wird eine .txt-Datei geöffnet. Diese bietet eine formatierte Ansicht der ST.26-konformen XML-Datei, so dass die Werte bestimmter Felder für den Benutzer besser sichtbar sind. Ein Beispiel ist in Abbildung 130 dargestellt.

```

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 ctagctagta gctgatgata atgctagcta 180
  gtagctgatg atcatgctag ctagtagctg 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
  
```

Abbildung 132: Anzeige des Sequenzprotokolls: Beispiel TXT

Wenn das generierte Sequenzprotokoll im XML-Format größer als 100MB ist, wird anstelle des Sequenzprotokolls im HTML-Format die HTML-Seite (siehe Abbildung 133) angezeigt.



Abbildung 133: Anzeige des Sequenzprotokolls: HTML zu groß für die Anzeige

5 DATEIFORMATE

Die folgenden Dateiformate können in WIPO Sequence importiert werden.

ST.25

Einzelheiten zum Format der WIPO-Standard-ST.25-Dateien finden

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

MULTI-SEQUENCE

Das Multi-Sequence-Format¹³ kann eine oder mehrere Sequenzen beschreiben, zusammen mit ihrem Namen, der Molekülart und dem Namen des Organismus, und ist eines der zulässigen Formate für den Import mit *PatentIn*.

Die erste Zeile mit nicht-leerem Text ist die Kopfzeile und besteht aus den folgenden Komponenten:

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

Die Sequenzdaten beginnen in der Zeile nach der Kopfzeile. Eine neue Sequenz wird durch eine neue Zeile in der Datei, nach dem Ende des genetischen Codes der vorherigen Sequenz, beschrieben. Im Folgenden ein Beispiel für einen Satz von zwei Sequenzen, die im Multi-Sequence-Format definiert sind.

Beispiel:

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

```
uuuucuuauuguuuucuccuacugcuuaucauaaugauugucguaguggcuuccucaucgucucuccccacc  
gccuaccacaacgacugccgcagcggauuacuaauaguaucaccaacagcauaacaaaaagaugacgaa  
gaggguugcugauggugucgccgacggcguagcagaaggaguggcggagggg
```

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

```
attgaugtuagtgauuguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauuaauaugtggtgagututuga  
uatguaautgautugtugutattgaugtuagtgauuguggtautgaugtuagutguagtautgaugtauua  
auaugtggtgagututugauatguaautgautugtugutuagt
```

RAW

¹³ https://www.uspto.gov/sites/default/files/patents/resources/tools/checker/patentin351_20110214_6.pdf

Dieses Format kann nur eine Sequenz beschreiben. Der genetische Code ist in seiner Grundform ohne zusätzliche Informationen geschrieben. Beim Import müssen Molekülart, Merkmale und Name mit Hilfe des Tools zur Sequenz hinzugefügt werden.

Beispiel:

```
aggatagatagatagatatgatagtagtatgatgatgatgtatgtatagtgtagttatga
```

FASTA

Dieses Format enthält Reste und Beschreibungen. Beim Importieren hat der Benutzer die Möglichkeit, die Beschreibung als ein "Note"-Qualifier zu speichern.

FASTA-DATEI MIT EINER SEQUENZ

```
>AJ011880,1 artificial oligonucleotide sequence SSR primer  
(CAC13R)
```

```
CTCAACAATCTGAAGCATCG
```

Siehe <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/3724029?report=fasta> (zugegriffen am 22. Mai 2017)

[Ende des Dokuments]